

Dispense per il corso di algoritmica per il web

Sebastiano Vigna

7 novembre 2022

Contents

1	Notazione e definizioni di base	4
2	Crawling	7
2.1	Il crivello	7
2.2	I filtri di Bloom	8
2.2.1	Dimostrazione dell'efficacia dei filtri di Bloom	9
2.3	Crivelli basati su database NoSQL	12
2.4	Un crivello offline	14
2.5	Il crivello di Mercator	15
2.6	Gestione dei quasi duplicati	16
2.7	Gestione della politeness	17
2.8	La coda degli host	17
2.9	Tecniche di programmazione concorrente lock-free	18
3	Tecniche di distribuzione del carico	20
3.1	Permutazioni aleatorie	20
3.2	Min hashing	21
3.3	Hashing Coerente	22
3.4	Note generali	22
4	Codici istantanei	24
4.1	Codici istantanei per gli interi	26
4.2	Caratteristiche matematiche dei codici	28
4.3	Codifiche alternative	28
4.3.1	PFOR-DELTA	28
4.3.2	Sistemi di numerazione asimmetrica (approfondimento)	29
4.4	Distribuzioni intese	29
4.5	Codici per gli indici	30
4.6	Problemi implementativi	30
4.7	Salti	31
5	Gestione della lista dei termini	32
5.1	Firme	33
5.2	Ottimizzazioni	34
5.3	Auto-firma	34
6	Risoluzione delle interrogazioni	36
6.1	Indici distribuiti	37
7	Centralità	40
7.1	Misure di centralità geometriche	40
7.1.1	Indegree	40
7.1.2	Closeness	41
7.1.3	Centralità armonica	41
7.1.4	Betweenness	42

7.2	Misure di centralità spettrale	42
7.2.1	L'autovettore dominante sinistro	43
7.2.2	Indice di Seeley	44
7.2.3	Indice di Katz	44
7.3	PageRank	45
8	Una nozione astratta di sistema per il reperimento di informazioni	47
9	Punteggi endogeni	48

1 Notazione e definizioni di base

Il prodotto cartesiano degli insiemi X e Y è l'insieme $X \times Y = \{\langle x, y \rangle \mid x \in X \wedge y \in Y\}$ delle coppie ordinate degli elementi X e Y . La definizione si estende per ricorsione a n insiemi. Al prodotto cartesiano $X_1 \times X_2 \times \dots \times X_n$ sono naturalmente associate le *proiezioni* $\pi_1, \pi_2, \dots, \pi_n$ definite da

$$\pi_i(\langle x_1, x_2, \dots, x_n \rangle) = x_i \quad (1)$$

poniamo

$$X^n = \overbrace{X \times X \times \dots \times X}^{n \text{ volte}} \quad (2)$$

e $X^0 = \{*\}$ (qualunque insieme con un solo elemento). La *somma disgiunta* degli insiemi X e Y è, intuitivamente, un'unione di X e Y che però tiene separati gli elementi comuni, quindi evita i conflitti. Formalmente:

$$X + Y = X \times \{0\} \cup Y \times \{1\} \quad (3)$$

Di solito ometteremo, con un piccolo abuso di notazione, la seconda coordinata. Una *relazione* tra gli insiemi X_1, X_2, \dots, X_n è un sottoinsieme R del prodotto cartesiano $X_0 \times X_1 \times \dots \times X_n$. Se $n = 2$ si tende a scrivere $x R y$ per $\langle x, y \rangle \in R$. Una relazione tra due insiemi è detta *binaria*. Se R è una relazione binaria tra X e Y , X è detto *dominio* di R , ed è denotato da $\text{dom}(R)$, mentre Y è detto *codominio* di R , ed è denotato da $\text{cod}(R)$. Il *rango* o *insieme di definizione* di R è l'insieme $\text{ran}(R) = \{x \in X \mid \exists y \in Y, x R y\}$, e in generale può non coincidere con il dominio di R . L'*immagine* di R è l'insieme $\text{imm}(R) = \{y \in Y \mid \exists x \in X, x R y\}$, e in generale può non coincidere con il codominio di R . Una relazione binaria R tra X e Y è *monodroma* se per ogni $x \in X$ esiste al più un $y \in Y$ tale che $x R y$. È *totale* se per ogni $x \in X$ esiste un $y \in Y$ tale che $x R y$, cioè se $\text{ran}(R) = \text{dom}(R)$. È *iniettiva* se per ogni $y \in Y$ esiste al più un $x \in X$ tale che $x R y$. È *suriettiva* se per ogni $y \in Y$ esiste un $x \in X$ tale che $x R y$, cioè se $\text{imm}(R) = \text{cod}(R)$. È *biiettiva* se la relazione è sia iniettiva che suriettiva. Una *funzione* da X a Y è una relazione monodroma e totale tra X e Y (notate che l'ordine è rilevante¹); in tal caso scriviamo $f : X \rightarrow Y$ per dire che f "va da X a Y ". Se f è una funzione da X a Y è uso scrivere $f(x)$ per l'unico $y \in Y$ tale che $x f y$, diremo che f *mappa* x in $f(x)$ o, in simboli, $x \mapsto f(x)$. Le nozioni di dominio, codominio, iniettività, suriettività e biiettività vengono ereditate dalle relazioni. Se una funzione $f : X \rightarrow Y$ è biiettiva, è facile verificare che esiste una funzione inversa f^{-1} , che soddisfa le equazioni $f(f^{-1}(y)) = y$ e $f^{-1}(f(x)) = x$

¹Secondo la mia interpretazione, una funzione è monodroma e totale perché una funzione è definita come una relazione in cui ogni elemento del dominio è mappato in uno e un solo elemento del codominio, dunque:

- monodroma garantisce che ogni elemento dell'insieme di definizione ha un'unica immagine.
- Totale garantisce che $\text{dom}(R) = \text{ran}(R)$.

per ogni $x \in X$ e $y \in Y$. Una *funzione parziale* (che tecnicamente non é una funzione perché non é definita sull'intera del suo dominio) da X a Y é una relazione monodroma tra X e Y ; una funzione parziale può non essere definita su elementi del suo dominio, fatto che denotiamo con la scrittura $f(x) = \perp$ (" $f(x)$ é indefinito" o " f é indefinita su x "), che significa che $x \notin \text{ran}(f)$. Date funzioni parziali $f : X \rightarrow Y$ e $g : Y \rightarrow Z$, la *composizione* $g \circ f$ di f con g é la funzione definita da $(g \circ f)(x) = g(f(x))$. Si noti che, per convenzione, $f(\perp) = \perp$ per ogni funzione parziale f . Dati gli insiemi X e Y , denotiamo con $Y^X = \{f \mid f : X \rightarrow Y\}$ l'insieme delle funzioni da X a Y . Si noti che per insiemi finiti² $|Y^X| = |Y|^{|X|}$.

Denoteremo con n l'insieme $\{0, 1, \dots, n-1\}$.

Dato un insieme X , il *monoide libero* su X , denotato da X^* , é l'insieme di tutte le sequenze finite, (inclusa quella vuota, normalmente denotata da ε) di elementi di X , dette *parole* su X , dotate dell'operazione di concatenazione, di cui la parola vuota é l'elemento neutro. Denoteremo con $|w|$ il numero di elementi di X della parola $w \in X^*$. Dato un sottoinsieme A di X , possiamo associargli la sua *funzione caratteristica* $\chi_A : X \rightarrow 2$ definita da:

$$\chi_A = \begin{cases} 0, & \text{se } x \notin A \\ 1, & \text{se } x \in A \end{cases} \quad (4)$$

Per contro, a ogni funzione $f : X \rightarrow 2$ possiamo associare il sottoinsieme di X dato dagli elementi mappati da f in 1, cioè l'insieme $\{x \in X \mid f(x) = 1\}$; tale corrispondenza é inversa alla precedente, ed é quindi naturalmente equivalente considerare sottoinsiemi di X o funzioni di X in 2. Date due funzioni $f, g : \mathbb{N} \rightarrow \mathbb{R}$, diremo che f é di *ordine non superiore* a g , e scriveremo che $f \in \mathcal{O}(g)$ (" f é \mathcal{O} -grande di g ") se esiste una costante $a \in \mathbb{R}$ tale che $|f(n_0)| \leq |ag(n_0)|$ definitivamente. Diremo che f é di *ordine non inferiore* a g , e scriveremo che $f \in \Omega(g)$ se $g \in \mathcal{O}(f)$. Diremo che f é *dello stesso ordine* di g e scriveremo $f \in \Theta(g)$, se $f \in \mathcal{O}(g)$ e $g \in \Omega(f)$.

Un *grafo semplice* G é dato da un insieme finito di vertici V_G e da un insieme di lati $E_G \subseteq \{\{x, y\} \mid x, y \in V_G \wedge x \neq y\}$; ogni lato é cioè una coppia non ordinata di vertici distinti. Se $\{x, y\} \in E_G$, diremo che x e y sono vertici *adiacenti* in G . Un grafo può essere rappresentato graficamente disegnando i suoi vertici come punti sul piano, e rappresentato i lati come segmenti che congiungono vertici adiacenti. Per esempio, il grafo con insieme di vertici 4 e insieme di lati $\{\{0, 1\}, \{1, 2\}, \{2, 0\}, \{2, 3\}\}$ può essere rappresentato come segue:

L'*ordine* di G é il numero naturale $|V_G|$. Una *cricca* o una *clique* di G é un insieme di vertici $C \subseteq V_G$ mutualmente adiacenti (nell'esempio in figura $\{0, 1, 2\}$ é una cricca). Dualmente, un *insieme indipendente* di G é un insieme di vertici $I \subseteq V_G$ mutualmente non adiacenti. Un *cammino* di lunghezza n in G é una sequenza di vertici x_0, \dots, x_n tale che x_i é adiacente a x_{i+1} con $(0 \leq i < n)$. Diremo che il cammino va da x_0 a x_n . Nell'esempio in figura, 0, 1, 2 é un

²Si noti che l'uguaglianza é vera in generale, utilizzando i cardinali cantoriani

cammino, 1, 3 non lo é.

Un grafo *orientato* G é dato da un insieme di nodi N_G e un insieme di archi A_G e da funzioni $s_G, t_G : A_G \rightarrow n_G$ (*source, target*) che specificano l'inizio e la fine di ogni arco. Due archi a e b tali che $s_G(a) = s_G(b)$ e $t_G(a) = t_G(b)$ sono detti *paralleli*. Un grafo senza archi paralleli é detto *separato*. Il *grado positivo* od *outdegree* $d^+(x)$ di un nodo x é il numero di archi uscenti da x , cioè $|s_G^{-1}(x)|$. Dualmente, il *grado negativo* o *indegree* $d^-(x)$ di un nodo x é il numero di archi entranti in x , cioè $|t_G^{-1}(x)|$. In un grafo orientato G un *cammino* di lunghezza n é una sequenza di vertici e archi $x_0, a_0, x_1, a_1, \dots, a_{n-1}, x_n$ tale che $s_G(a_i) = x_i$ e $t_G(a_i) = x_{i+1}$ per $0 \leq i < n$. Diremo che il cammino va da x_0 a x_n . Definiamo la relazione di *raggiungibilit *: $x \rightsquigarrow y$ se esiste un cammino da x a y . La relazione di equivalenza \sim é ora definita da $x \sim y \iff x \rightsquigarrow y \wedge y \rightsquigarrow x$. Le classi di equivalenza di \sim sono dette *componenti fortemente connesse* di G , G é *fortemente connesso* quando é costituito da una sola componente.

La funzione $\lambda(x)$ denota il bit pi  significativo dell'espansione binaria di x : quindi $\lambda(1) = \lambda(1_2) = 0$, $\lambda(2) = \lambda(10_2) = 1$ etc...

Per convenzione $\lambda(0) = -1$. Si noti che per $x > 0$ si ha $\lambda(x) = \lfloor \log x \rfloor$.

2 Crawling

Il *crawling* é l'attività di scaricamento delle pagine web. Un *crawler* é un dispositivo software che visita, scarica e analizza i contenuti delle pagine web a partire da un insieme di pagine dato, detto *seme*. Il crawler procede nel suo processo di visita seguendo i collegamenti ipertestuali contenuti nelle varie pagine.

Le pagine web durante il processo di crawl si dividono in tre:

- L'insieme delle pagine *visitare*, V , che sono già state scaricate e analizzate;
- La *frontiera*, F , che é l'insieme delle pagine conosciute ma che non sono ancora state visitate;
- L'insieme U degli URL sconosciuti.

Le differenze tra l'attività di crawling e una banale visita all'interno di un grafo sono molto importanti, prima di tutto c'è il fatto che un crawl ha una dimensione ignota, non conosciamo $|V_G|$; secondariamente la frontiera é un enorme problema, in quanto la sua dimensione tende a crescere molto più velocemente dell'insieme dei visitati.

In generale l'operazione di crawling parte caricando il seme in frontiera e, finché la frontiera non é vuota, viene estratto un URL dalla frontiera, secondo determinate politiche, l'URL viene visitato (e quindi scarica la pagina corrispondente), lo analizza derivandone nuovi URL tramite i collegamenti ipertestuali contenuti all'interno della pagina e sposta l'URL nell'insieme dei visitati. I nuovi URL vengono invece aggiunti alla frontiera se sono sconosciuti, e quindi non sono in $V \cup F$.

Diverse politiche di prioritizzazione della frontiera possono poi dare luogo ad approcci diversi al processo di crawling, posso per esempio estrarre prima degli URL a cui si arriva partendo da pagine che contengono determinate parole chiave.

2.1 Il crivello

Il crivello é la struttura dati di base di un crawler, questo accetta in ingresso URL potenzialmente da visitare e permette di prelevare URL pronti alla visita. Ogni URL viene estratto una e una sola volta in tutto il processo di crawling, indipendentemente da quante volte é stato inserito all'interno della struttura. In questo senso il crivello unisce le proprietà di un dizionario a quelle di una coda con priorità e rappresenta al tempo stesso la frontiera, l'insieme dei visitati e la coda di visita. Combinare questi aspetti in una sola struttura é un lavoro complesso ma permette risparmi notevoli dal punto di vista pratico³.

Una prima osservazione é che spesso, per mantenere l'informazione di quali URL sono stati già visitati ($V \cup F$) é preferibile sostituire gli URL con delle *firme*, cioè con il risultato del calcolo di $h(u)$, dove h é una funzione di hash definita

³Si noti che é possibile riordinare ulteriormente gli URL *dopo* l'uscita dal crivello

sulle stringhe e restituisce un hash di dimensione arbitraria, per esempio 64 bit. Questo ha due grandi benefici:

- Risparmio di spazio non trascurabile, molti URL possono essere di grandi dimensioni e salvarli sempre in un centinaio⁴ si rivela una buona fonte di risparmio
- Uniformiamo le lunghezze degli URL a un valore standard

Il drawback di una soluzione del genere è che accettiamo il fatto che vi siano delle collisioni, è dunque possibile che due URL diversi vengano mappati sullo stesso valore di hash. Questo fenomeno è inevitabile, però se abbiamo una funzione di hash che lavora su un numero di bit abbastanza grande, la probabilità d'incontrare una collisione sarà così bassa da essere trascurabile.

Github.com implementa una soluzione del genere, viene impiegato SHA-1 (funzione di hash a 160bit) per calcolare un hash dell'URL di ciascuna delle repository nei loro database, la probabilità di collisione è così bassa che è sostanzialmente impossibile. Adesso sembra che vogliano muoversi verso SHA-256.

Supponiamo ora di avere in memoria n firme, la probabilità che una nuova firma collida con una di quelle esistenti è n/u , dove u è la dimensione dell'universo delle possibili firme. Nel caso di un sistema a 64 bit $u = 2^{64}$, e quindi possiamo memorizzare 100 miliardi di URL con una probabilità di falsi positivi nell'ordine di $10^{11}/2^{64} < 2^{37}/2^{64} = 1/2^{27} < 1/10^8$, quindi avremo meno di un errore ogni 100 milioni di URL.

Anche un semplice dizionario di firme in memoria che rappresenta $V \cup F$, accoppiato a una coda o pila su disco che tiene traccia di F , è sufficiente per un'attività di crawling di piccole dimensioni. Per dimensioni più grandi è necessario ingegnarsi e impiegare delle strutture dati, in parte, o completamente su disco, che consentano di mantenere l'occupazione totale di memoria centrale costante.

Questo è un compromesso tipico delle attività di crawling - strutture che si espandono in memoria centrale proporzionalmente alla frontiera sono troppo fragili e quindi rischiano di mandare in crash il processo o di sovraccaricare il sistema di gestione della memoria virtuale.

Solitamente le strutture dati impiegate in ambiti di crawling importanti dovrebbero entrare in un processo di *degrado grazioso*, riducendo le performance, ma senza interrompere all'improvviso il funzionamento del programma.

2.2 I filtri di Bloom

La prima struttura che vedremo con queste proprietà è il *filtro di Bloom*. Un filtro di Bloom [Blo70] è una semplicissima struttura dati probabilistica a falsi positivi che rappresenta un dizionario, cioè un insieme di elementi da un universo dato. Permette di aggiungere elementi all'insieme e chiedere se un elemento è presente o meno nell'insieme.

⁴valore d'esempio arbitrario

Un filtro di Bloom con universo X è rappresentato da un vettore \mathbf{b} di m bit e da d funzioni di hash f_0, \dots, f_d da X in m . Per aggiungere un elemento al filtro è necessario calcolare i valori per tutte le d funzioni di hash e mettere a 1 il bit $d_{f_i(x)}$ con $0 \leq i < d$. Per sapere se un elemento è presente all'interno del filtro è comunque necessario calcolare tutte le d funzioni di hash, qualora esista $i \in [0, d) \mid d_{f_i(x)} = 0$ allora il valore non è presente nella struttura, altrimenti la risposta è positiva.

Intuitivamente, ogni volta che un elemento viene aggiunto al filtro la conoscenza della presenza dell'elemento viene sparsa in d bit a caso, che vengono interrogati quando è necessario sapere se quell'elemento è stato memorizzato: è però possibile che i d bit siano stati messi a 1 a seguito di una serie d'inserimenti precedenti, quindi la risposta a un'interrogazione per un elemento che non è presente nell'insieme risulta essere ugualmente positiva. Questo implica che a causa di collisioni sulle varie funzioni di hash noi possiamo avere dei *falsi positivi*, questo significa che il filtro dà risposta positiva sebbene l'elemento non sia stato inserito nella struttura.

I filtri di Bloom sono chiamati in questa maniera perchè sono molto utili come filtri per strutture dati più lente che stanno su disco. Se si prevede che la maggior parte delle richieste avrà risposta negativa, un filtro di Bloom può ridurre significativamente gli accessi alla struttura sottostante; oltre a questo il filtro tende a rispondere molto velocemente a richieste che hanno risposta negativa, basta infatti che una sola delle posizioni indicate dalle funzioni di hash abbia bit a 0 per rispondere falso, mentre è necessario controllare tutte le posizioni e accedere alla struttura dati sottostante nel caso in cui la risposta sia positiva.

Di fatto, i filtri di Bloom sono risultati estremamente pratici per mantenere insiemi di grandi dimensioni in memoria, in particolare quando le dimensioni delle chiavi sono significative (e.g. degli URL).

Andiamo ora a vedere qual è la probabilità di un falso positivo. Con un'analisi ragionevolmente precisa (quella che presenta Bloom in [Blo70]) saremo in grado di fornire valori ottimi di m e d data la probabilità di falsi positivi desiderata e il massimo numero di elementi memorizzabili nel filtro. In questo modo saremo in grado di scegliere la struttura dati meno ingombrante per ottenere una probabilità di falsi positivi scelta a piacere.

2.2.1 Dimostrazione dell'efficacia dei filtri di Bloom

Per calcolare l'efficacia dei filtri di Bloom, come detto in precedenza, si considererà la probabilità di osservare un falso positivo. Una prima semplificazione lecita (seguendo l'analisi di [Blo70]) è quella di andare a calcolare la probabilità di un positivo qualunque dopo n inserimenti, che è ovviamente una maggioranza del caso dei falsi positivi. Supponiamo di avere un vettore di m posizioni e d funzioni di hash uniformemente distribuite e indipendenti. Dopo l' n -esimo

inserimento, la probabilità che un bit sia 0 è data da:

$$P[\mathbf{b}[i] = 0 \mid N = n] = 1 - P[\mathbf{b}[i] = 1 \mid N = n] = \left(1 - \frac{1}{m}\right)^{dn}$$

Si ottiene un positivo quando tutte le posizioni controllate sono a 1, ciò avviene con probabilità

$$\varphi = \left(1 - \left(1 - \frac{1}{m}\right)^{dn}\right)^d$$

siccome $(1 + \alpha/n)^n \rightarrow e^\alpha$ per $n \rightarrow \infty$

$$\varphi = \left(1 - \left(1 - \frac{1}{m}\right)^{-m \frac{-dn}{m}}\right)^d \sim \left(1 - e^{-\frac{dn}{m}}\right)^d$$

Sia ora $p = e^{-\frac{dn}{m}}$, allora

$$\begin{aligned}\ln(p) &= -\frac{dn}{m} \\ m \ln(p) &= -dn \\ d &= -\frac{m \ln(p)}{n}\end{aligned}$$

Voglio ora minimizzare la probabilità di ottenere un positivo φ , quindi prendo $\left(1 - e^{-\frac{dn}{m}}\right)^d$ e sostituisco p , quindi $(1 - p)^{m/n \cdot \ln(p)}$.

Riscrivo come esponenziale:

$$e^{\ln(1-p)^{m/n \cdot \ln(p)}} = e^{m/n \cdot \ln(1-p) \ln(p)}$$

Faccio la derivata rispetto a p che viene:

$$-\frac{m}{n} \cdot \left(\frac{1}{p} \ln(1-p) - \frac{1}{1-p} \cdot \ln(p)\right) \cdot e^{m/n \cdot \ln(1-p) \ln(p)}$$

Il punto stazionario è quello per cui la parte tra parentesi si annulla, l'esponenziale è sempre > 0 quindi:

$$\begin{aligned}\frac{1}{p} \ln(1-p) - \frac{1}{1-p} \cdot \ln(p) &= 0 \\ (1-p) \cdot \ln(1-p) &= p \cdot \ln(p)\end{aligned}$$

Se $1-p = p$ allora $p = 1/2$, questa è l'unica soluzione, come prova del 9 si studi $g(p) = p \ln(p) - (1-p) \ln(1-p)$ e risulterà che agli estremi la funzione vale 0 dato che:

$$\lim_{p \rightarrow 0} p \ln(p) = \lim_{p \rightarrow 0} \frac{\ln(p)}{1/p} = \lim_{p \rightarrow 0} \frac{1/p}{-1/p^2} = \lim_{p \rightarrow 0} -p = 0$$

la derivata invece è $g'(p) = \ln(1-p) + \ln(p) + 2$.

Chiaramente va a meno infinito in 0 e 1, ma in $p = 1/2$ è positiva, ed è l'unico punto di massimo (dato che la derivata seconda ha un solo zero in $p = 1/2$). Concludiamo che $g(p)$ ha esattamente un massimo e un minimo in $[0, 1]$, e quindi esattamente uno zero in $(0, 1)$. Per concludere, se $p = 1/2$ allora $d = -\frac{m \ln(p)}{n} = \frac{m \ln 2}{n}$ per quanto riguarda la probabilità di avere uno in tutti i punti che andiamo a controllare all'interno del vettore:

$$\varphi = \left(1 - e^{-\frac{dn}{m}}\right)^d = \left(1 - e^{-\ln 2}\right)^d = \left(1 - \frac{1}{2}\right)^d = 2^{-d}$$

Alla fine, la probabilità di (falsi) positivi è minimizzata da $d \approx \frac{m \ln 2}{n}$, e in tal caso la probabilità di un (falso) positivo è 2^{-d} . Vale a dire che aumentando linearmente il numero delle funzioni di hash impiegate e il numero di bit della struttura a $m \approx dn / \ln 2 \approx 1.44dn$, si ha una riduzione esponenziale del numero di (falsi) positivi che possono essere incontrati. Passiamo ora a fare alcune osservazioni tecniche:

- È abbastanza intuitivo, ed è possibile dimostrare, che per avere falsi positivi con probabilità 2^{-d} occorre utilizzare almeno d bit per elemento. Quindi un filtro di Bloom perde 44% in spazio rispetto al minimo possibile.
- In linea di principio il filtro di Bloom ha una modalità di accesso alla memoria pessima, a causa dei d accessi casuali al vettore, che possono causare d fallimenti in cache.
- Ciononostante, il dimensionamento ottimo di un filtro di Bloom è lineare nel numero di chiavi attese. Questo fa sì che se dividiamo le chiavi in k segmenti utilizzando una funzione di hash e costruiamo un filtro per segmento, l'occupazione in spazio non aumenta. Dimensionando k in modo che i segmenti abbiano la dimensione di una o due linee di cache si può abbattere il numero di fallimenti di cache dei positivi (questa implementazione è detta *block*). In questo caso però l'approssimazione che abbiamo utilizzato perde di precisione; inoltre, la divisione delle chiavi in segmenti non è mai uniforme ma ha una distribuzione binomiale negativa. Questi fattori peggiorano la probabilità di errore [Sin10].
- Dall'analisi che abbiamo effettuato, $1/2$ è anche la probabilità di un bit a 0, quindi, come si diceva all'inizio del paragrafo, un filtro di Bloom è molto più efficace nel riportare il fatto che un elemento non è presente nel filtro piuttosto che a riportarne la presenza.
- In teoria per utilizzare un filtro di Bloom dobbiamo calcolare d funzioni di hash diverse, il che può essere molto costoso in termini di tempo. In realtà Kirsch e Mitzenmacher hanno dimostrato che estraendo due numeri interi a 64 bit a e b tramite una funzione di hash, i numeri $ai + b$, $0 \leq i < d$

sono d hash sufficienti a replicare l'analisi condotta utilizzando funzioni indipendenti e pienamente casuali.

- Se un filtro di Bloom viene utilizzato per rappresentare gli URL già visti, soddisfa pienamente le nostre richieste: utilizza una quantità di memoria centrale costante, è relativamente veloce e affidabile e degrada graziosamente, man mano che il vettore si riempie la probabilità di falsi positivi aumenterà fino a diventare 1.

2.3 Crivelli basati su database NoSQL

Un modo più sofisticato e con degrado più grazioso di implementare un crivello è quello di utilizzare un cosiddetto *database NoSQL*, che consiste semplicemente in una struttura parzialmente su disco che permette di memorizzare coppie chiave/valore utilizzando una quantità limitata di memoria centrale.

Uno degli esempi classici di database NoSQL è il BerkeleyDB, che permette di memorizzare coppie/chiave valore in maniera non ordinata od ordinata tramite una hash table e un B-tree parzialmente su disco. La memoria centrale è utilizzata come cache per accelerare le operazioni su disco.

Un approccio più sistematico, implementato inizialmente a Google sotto il nome di BigTable, è l'LSM tree [O'N96]. BigTable è stato successivamente reimplementato come progetto open-source, LevelDB, che è poi stato utilizzato come base per altri database NoSQL come RocksDB, l'implementazione di Facebook, che è utilizzata da commoncrawler, un crawler open-source.

Gli LSM tree sono basati su un concetto relativamente semplice, ma necessitano di un'implementazione accurata che sfrutti parallelismo e concorrenza per essere efficienti.

Un LSM-tree è diviso in vari livelli, ognuno dei quali contiene un sottoinsieme delle coppie chiave/valore che si intende rappresentare. Ogni livello ha una dimensione di base che cresce di un fattore dato rispetto al livello precedente, ma ha una certa elasticità nel dimensionamento (può essere, ad esempio, grande il doppio rispetto alla sua dimensione di base).

Il primo livello è sempre in memoria centrale e ha dimensione limitata a priori, solitamente è implementato tramite un normale dizionario ordinato (RB-tree o B-tree).

I livelli successivi sono memorizzati sotto forma di *log* e sono una successione immutabile di coppie chiave/valore ordinate. Il primo aspetto importante di un LSM-tree è che una chiave può comparire in più livelli, il valore associato è quello che compare nel livello più alto in cui è possibile trovare la chiave. Un'interrogazione in lettura consiste quindi in una ricerca della chiave a partire dal primo livello, non appena la chiave viene trovata si sa il suo valore.

La parte interessante è quella di scrittura: la coppia chiave/valore viene inizialmente inserita nel primo livello. Se a questo punto il primo livello eccede la sua dimensione massima, si esegue l'operazione di *scarico* in cui un gruppo di chiavi viene estratto dal primo livello e aggiunto al secondo, in modo da riportare il primo livello alla sua dimensione naturale.

A questo punto l'operazione di scarico continua ricorsivamente verso il basso fino a quando, se accade, anche l'ultimo livello eccede la propria dimensione massima, ed esegue un'operazione di scarico su un nuovo livello dell'albero.

Si noti che tutte le operazioni su disco avvengono sequenzialmente, e che tutti i dati memorizzati su disco sono *immutabili*. Queste due caratteristiche rendono le fusioni estremamente efficienti nelle architetture moderne, e semplificano notevolmente la gestione degli accessi paralleli.

Per cancellare una associazione chiave valore viene inserita una coppia con la stessa chiave e un valore arbitrario noto come *lapide*; la tecnica è simile a quella utilizzata per le tabelle di hash. La lapide viene trattata come ogni altro valore, ma in fase di ricerca, se troviamo una lapide, ci fermiamo e consideriamo la chiave come assente dall'albero. Se una lapide arriva all'ultimo livello dell'albero, questa viene scartata.

Ci sono a questo punto numerose e importanti questioni ingegneristiche e implementative da considerare:

- Il formato in cui vengono memorizzati i livelli può non essere uniforme, e può dipendere dalla tipologia di memoria di massa sottostante. Ad esempio, un metodo di memorizzazione per nastri non può essere efficace per dischi elettromagnetici.
- Ogni livello può essere frammentato in file più piccoli per permettere di selezionare più liberamente le chiavi da fondere, e per rendere più semplice operare le fusioni in parallelo. In questo caso ogni chiave compare in un solo frammento.
- Ogni frammento può essere arricchito con un dizionario approssimato a filtri positivi a bassa precisione (come un filtro di Bloom) che evita l'accesso al file nel caso in cui la chiave che stiamo cercando non sia all'interno del file. La bassa precisione fa sì che l'occupazione in memoria del filtro non sia particolarmente rilevante.
- Ogni frammento può contenere un indice sparso che memorizza le posizioni di un sottoinsieme di chiavi campionate a intervalli regolari; in questo modo, in fase di ricerca è possibile identificare rapidamente la zona del frammento che potenzialmente contiene la chiave, per poi procedere con una ricerca binaria o lineare. La scelta della frequenza di campionamento consente di bilanciare lo spazio occupato dalla struttura e l'efficacia del processo di ricerca.
- Anche in assenza di fusioni di livelli, in generale in un LSM-tree vengono lasciati in esecuzione dei thread che si occupano di fare il *compattamento* della struttura:
 - Controllano che il numero di copie per chiave non sia eccessivo
 - Rimuovono eventuali lapidi in eccesso

- Infine, tutte le operazioni di fusione non vengono effettuate veramente durante gli inserimenti, ma piuttosto vengono svolte con continuità da processi concorrenti.

Ci sono anche soluzioni ibride, che reinseriscono parzialmente gli alberi bilanciati negli LSM tree. Questo tipo di tecnologia è in continua evoluzione, anche perchè diverse implementazioni o politiche di aggiornamento possono essere adatte a diversi carichi di lavoro.

Si noti che al crescere della frontiera l'LSM-tree continua a occupare la stessa quantità di memoria centrale e non ha decrementi di precisione, però il crivello rallenta e occupa più memoria di massa.

2.4 Un crivello offline

Un modo meno *responsive* ma molto più semplice di implementare il crivello che effettua una visita in ampiezza e richiede memoria centrale costante senza utilizzare strutture dati, consiste nel tenere traccia, in ogni istante, di tre file:

- Un file Z di URL già visitati ($V \cup F$), in ordine lessicografico.
- Un file F di URL ancora da visitare, quindi la frontiera, in ordine di scoperta.
- Un file A , di lunghezza limitata a priori, che accumula temporaneamente gli URL incontrati durante la visita.

All'inizio dell'attività di crawl, Z e F sono inizializzati utilizzando il seme, e A è vuoto. Durante il crawl, gli URL da visitare vengono estratti da F (eventualmente alterandone l'ordine secondo qualche politica), e i nuovi URL che vengono incontrati vengono accumulati in A .

Quando F è vuoto o quando A raggiunge la dimensione massima si procede a eseguire l'operazione di *fusione*:

- A viene ordinato (lessicograficamente) e deduplicato, il risultato è A' .
- Z e A' vengono fusi per ottenere un file Z' che andrà a rimpiazzare Z .
- Durante la fusione, gli URL che sono in A' ma non in Z vengono accodati a F .

La fusione di Z e A' può procedere in maniera sequenziale perchè i due file sono ordinati. È evidente che ogni URL che viene incontrato dal crawler viene accodato a F esattamente una volta, e cioè durante la fusione che avviene dopo la prima volta che compare in A . Questo tipo di organizzazione non è particolarmente performante se viene effettuata sulla macchina che sta eseguendo l'attività di crawling, sebbene l'ordinamento di A si possa effettuare in memoria costante. Se però è possibile ordinare e fondere file utilizzando un framework di ordinamento distribuito, come MapReduce [Ghe08], o la sua implementazione

open-source, Hadoop, le prestazioni possono essere molto migliorate, e la semplicità del codice può giocare a favore di questa scelta.

Va notato che l'ordinamento effettuato su A altera l'ordine di accodamento. Per recuperare l'effetto di una visita in ampiezza è necessario recuperare l'ordine originale degli URL. Questo risultato si può ottenere, per esempio, memorizzando in A , oltre agli URL, la posizione ordinale della loro prima occorrenza, e riordinando i nuovi URL scoperti in tale ordine prima di accodarli a F . È anche possibile tenere A quando si crea A' , e durante la fusione mantenere invece di una lista di URL scoperti una lista di *posizioni* in A di URL scoperti. A quel punto è sufficiente ordinare la lista di posizioni e scandirla in parallelo con A per estrarre sequenzialmente e nell'ordine di accodamento in A gli URL scoperti.

Infine, da un punto di vista pratico è conveniente mantenere in Z non gli URL già visti, ma le loro firme. Per fare funzionare correttamente il passo di fusione è però a questo punto necessario ordinare e deduplicare A utilizzando come chiavi le firme degli URL.

Si noti che al crescere della frontiera il crivello offline diventa più lento e occupa più memoria di massa, ma l'utilizzo di memoria centrale resta costante e non si hanno decrementi di precisione.

2.5 Il crivello di Mercator

Mercator è un crawler [Naj99] il cui crivello è una versione parzialmente in memoria del crivello offline descritto in precedenza. Le firme degli elementi in A vengono mantenute in un vettore in memoria, evitando di eseguire ordinamenti su disco.

Il crivello è formato da un vettore \mathbf{S} , di dimensione fissata n , in memoria centrale che contiene firme di URL, inizialmente vuoto, ed è riempito incrementalmente. Su disco, invece, teniamo un file Z che contiene tutte le firme degli URL sinora mai incontrati e un file ausiliario A , inizialmente vuoto.

Ogni volta che un URL u viene inserito nel crivello, aggiungiamo $h(u)$ a \mathbf{S} e u al file A . Il punto chiave è che cosa succede quando \mathbf{S} raggiunge la massima dimensione; operiamo allora uno *scarico* nel seguente modo:

1. Ordino \mathbf{S} indirettamente, cioè creo il vettore \mathbf{V} contenente gli indici i associati ai valori $\mathbf{S}[i]$, ordino stabilmente \mathbf{V} utilizzando come chiave le firme in \mathbf{S} . Al termine del processo, le firme $\mathbf{S}[\mathbf{V}[i]]$ sono in ordine crescente al crescere di i ⁵.
2. Deduplico \mathbf{S} , quindi elimino le occorrenze successive alla prima per ogni firma.
3. $Z' = Z \cup \mathbf{S}$ marchiamo utili le firme in \mathbf{S} che non compaiono in Z .

⁵Si supponga per esempio che $\mathbf{S}=\{\text{C, F, B, A, A, E, D}\}$, allora il vettore associato a \mathbf{S} sarà banalmente $\mathbf{V}=\{0, 1, 2, 3, 4, 5, 6\}$. Eseguendo l'ordinamento di \mathbf{V} con le firme in \mathbf{S} come chiave darà il seguente risultato (provare per credere) $\mathbf{V}=\{3, 4, 2, 0, 6, 5, 1\}$, che risulta effettivamente essere un ordinamento *stabile* delle posizioni associate alle firme in \mathbf{S} .

4. Scandiamo ogni entry di **S** e **A** in parallelo (sono entrambi ordinati) e diamo in output gli URL in **A** corrispondenti alle entry marcate come utili al passo precedente.
5. **S** e **A** vengono svuotati e **Z** viene sostituito da **Z'**.

Innanzitutto, si noti che **Z**, alla fine di uno scarico, contiene di nuovo le firme di tutti gli URL mai incontrati. Inoltre in output abbiamo dato tutti e soli gli URL la cui firma non era parte di **Z**, dunque si trattava di URL che non erano ancora stati visitati. Infine, gli URL in output sono stati ovviamente emessi nell'ordine di accodamento in **A**.

2.6 Gestione dei quasi duplicati

Durante l'attività di crawling è comune trovare pagine che sono quasi identiche (varianti dello stesso sito, calendari, immagini, etc...). In dipendenza dal tipo di crawling (quali sono le politiche del processo di crawling?), queste pagine andrebbero considerate duplicate e non ulteriormente elaborate.

Un modo semplice ma efficace di gestire il problema in memoria centrale è quello di analizzare una forma normalizzata del documento, rimuovendo marcatura, date e altri dati che sono standard ma che potrebbero risultare differenti sulla base di meccanismi automatici. Il documento dovrebbe poi essere memorizzato in un filtro di Bloom.

Metodi molto più sofisticati per la rilevazione dei duplicati possono essere utilizzati offline prima del processo di indicizzazione.

Un metodo efficace di gestione online del problema, che è stato utilizzato per qualche tempo dal crawler di Google [Sar07], è quello di porre in un dizionario (eventualmente approssimato) uno hash generato dall'algoritmo di SimHash di Charikar [Cha02]. L'algoritmo genera hash che sono simili (nel senso che hanno distanza di Hamming bassa) per pagine simili. In particolare, si può usare l'identità di SimHash come definizione di quasi-duplicato.

Per calcolare SimHash dobbiamo prima di tutto stabilire il numero b di bit dello hash, e fissare una buona funzione di hash h che mappa stringhe in hash di b bit. A un maggiore numero di bit corrisponderà una nozione più accurata di somiglianza. A questo punto il testo della pagina, in forma normalizzata, viene trasformato in un insieme di segnali S : un modo banale è utilizzare le parole del testo come segnali, ma è più accurato considerare i cosiddetti *shingles* (segmenti di testo di 3-5 caratteri).

A ogni segnale $s \in S$ associamo ora uno hash $h(s)$. Il SimHash del testo ha il bit i ($0 \leq i < b$) impostato a 1 se e solo se:

$$|\{s \in S \mid h(s)[i] = 1\}| > |\{s \in S \mid h(s)[i] = 0\}|$$

Due documenti che hanno lo stesso SimHash sono molto simili, e la somiglianza diventa sempre meno significativa se si permettono distanze di Hamming superiori. Si noti che è banale *pesare* i segnali in modo che alcuni siano più importanti di altri.

Trovare elementi a breve distanza di Hamming è un problema interessante una cui soluzione pratica per distanze piccole è descritta in [Sar07].

2.7 Gestione della politeness

Un altro dei problemi pratici che rende l'attività di crawling diversa da una semplice visita è la gestione della *politeness*: non si dovrebbe eccedere nella quantità di tempo dedicato allo scaricamento da un singolo sito (pena, in genere, email furiose o taglio del traffico dal vostro IP).

Ci sono due modi fondamentali di operare questa limitazione:

- Limitare il tempo tra una richiesta e l'altra.
- Limitare il rapporto tra il tempo di scaricamento e quello di non scaricamento.

Nel primo caso, dato un intervallo di tempo t , diciamo, quattro secondi, siamo costretti ad aspettare t tra la fine di una richiesta e l'inizio della successiva per lo stesso sito. Nel secondo caso, data una frazione p e un tempo di scaricamento massimo s (diciamo, di un secondo) dobbiamo fare in modo che la proporzione tra il tempo di scaricamento e quello di non-scaricamento sia p . Si noti che questa condizione contempla anche una misurazione effettiva del tempo di scaricamento, dato che risorse particolarmente lente potrebbero richiedere un tempo maggiore di s .

La seconda soluzione è più interessante, perchè permette di sfruttare una caratteristica della versione 1.1 del protocollo HTTP: è possibile cioè effettuare richieste multiple attraverso la stessa connessione TCP, evitando la (lenta) apertura e chiusura di una connessione per ogni risorsa scaricata. Le attività di scaricamento terminano non appena si supera la soglia s , con tempo di scaricamento effettivo s' , e a questo punto si aspetta per tempo s'/p , in maniera da forzare la gentilezza. Per implementare questo tipo di politica, però è necessario alterare l'ordine di visita, dato che visitando gli URL nell'ordine in cui escono dal crivello si potrebbe incorrere in attese a vuoto consistenti.

2.8 La coda degli host

Un altro problema finora lasciato in parte è il ruolo della concorrenza. Certamente vorremo scaricare contemporaneamente da più siti: per farlo, possiamo istanziare molti flussi (sotto forma di migliaia di *visiting thread*) di esecuzione che si occupano di scaricare i dati, e saranno quindi sempre occupati in attività di I/O. Le pagine scaricate possono essere poi analizzate da un gruppo di flussi più ridotto (i *parsing thread*). Si noti che, al di là delle questioni di politeness, non possiamo permetterci che due flussi accedano allo stesso sito.

Questi problemi vengono risolti riorganizzando gli URL che escono dal crivello. Consideriamo una *coda con priorità* contenente i siti noti al crawler. A ogni sito assegniamo come priorità il primo istante di tempo in cui sarà possibile scaricare

dal sito senza violare la politeness. Si tratta di una coda di min-priorità, dunque in cima alla coda c'è il minimo.

Per ogni sito manteniamo una coda (FIFO nel caso della visita in ampiezza). Quando degli URL vengono emessi dal crivello, vengono accodati alla coda del sito cui appartengono.

Ogni flusso del crawler procede iterativamente nel seguente modo:

1. Estrae il sito in cima alla coda (eventualmente aspettando il tempo necessario a far sì che questo sia scaricabile).
2. Procede a scaricare una o più risorse.
3. Riaccoda il sito aggiustando il timestamp di "readiness" secondo la politica di gestione della politeness.

Se c'è un URL disponibile allo scaricamento, il sito deve essere già stato reso pronto per lo scaricamento prima del tempo corrente. Quindi o è in cima alla coda, o in cima alla coda c'è un sito che era pronto per lo scaricamento ancora prima. Il punto è che la cima della coda è sempre scaricabile.

Questo meccanismo rende automatica l'esclusività del download tra flussi: gli elementi della coda agiscono come *token*, quando un elemento è in cima alla coda, il thread ha in possesso un token per scaricare da quel sito fino allo scadere del tempo.

Il costo della coda è logaritmico e l'aggiunta e la rimozione sono operazioni relativamente costose (al più polilogaritmiche) ma possono diventare problematiche in momenti di concorrenza intensa.

Infine, nel caso sia necessaria una politica di gentilezza da applicare agli indirizzi IP possiamo organizzare gli IP in una lista come quella descritta sopra. Rimanendo lungo il solco tracciato dalla metafora del token: quando un thread trova in cima alla lista un IP e un URL significa che il thread è in possesso del token per scaricare i dati associati a quell'URL per quello specifico indirizzo IP per una quantità limitata di tempo.

2.9 Tecniche di programmazione concorrente lock-free

Nella gestione delle strutture dati che abbiamo discusso è possibile che l'elevata concorrenza renda le strutture stesse poco efficienti. Se il numero di host è molto grande, per esempio, i flussi di scrittura e lettura potrebbero rimanere fermi per molto tempo ai punti di sincronizzazione o sui semafori che proteggono le zone di mutua esclusione.

È possibile alleviare il conflitto tra i flussi utilizzando delle tecniche di programmazione non bloccante, dette *lock-free*. Una struttura dati lock-free non utilizza semafori: utilizza invece istruzioni hardware che permettono implementazioni efficienti. Quella che useremo è CAS (*compare-and-swap*): dato un indirizzo p e due valori a e b , la CAS controlla che il valore memorizzato in p sia a e in questo caso lo sostituisce atomicamente con b , restituendo vero se la sostituzione è avvenuta.

Per dare un'idea delle tecniche lock-free, l'algoritmo 1 mostra come aggiungere concorrentemente un nodo a una lista con puntatori: l'implementazione é dovuta a Harris.

La correttezza dell'algoritmo é banale, ma si noti anche che se l'istruzione CAS fallisce, un altro flusso ha eseguito l'inserimento: quindi, per ogni ciclo eseguito da uno dei flussi concorrenti c'è stato *progresso* nell'aggiornamento della struttura. Detto altrimenti: non é possibile dire quante volte uno specifico flusso debba eseguire il ciclo prima di avere successo nell'inserimento, ma a ogni fallimento corrisponde un successo di un altro flusso. L'algoritmo per la can-

Algorithm 1 Algoritmo lock-free per aggiungere un nodo (n) a una lista (dopo p)

```
do
    t ← p.next
    n.next ← t
while !CAS(&p.next, t, n)
```

cellazione é più complesso: l'idea di utilizzare la stessa tecnica non funziona perché é possibile cancellare un nodo mentre sta venendo inserito un successore, cancellando così l'effetto dell'inserimento.

Si noti che non é richiesta nessuna sincronizzazione in lettura: la lista non é mai in uno stato incoerente, per cui può essere scandita tramite lo stesso algoritmo utilizzato per una normale lista collegata. Inoltre, in pratica, per evitare che in condizioni di elevata concorrenza il numero di volte che l'operazione CAS fallisce divenga troppo importante, si può utilizzare una tecnica di *exponential backoff* che consiste nel mettere in attesa thread che falliscono per un tempo che ha una crescita esponenziale.

Molti linguaggi moderni offrono strutture lock-free pronte per l'uso, come la `ConcurrentLinkedQueue` di Java, che implementa l'algoritmo di Michael e Scott.

3 Tecniche di distribuzione del carico

Per coordinare un insieme A di agenti indipendenti che effettuano attività di crawling é necessario assegnare in qualche modo ciascun URL a uno specifico agente: denoteremo con $\delta_A(-) : U \rightarrow A$ la funzione che, dati l'insieme dei agenti A e l'universo degli URL U , assegna a ciascun URL l'agente che ne é responsabile. Assumiamo qui che gli agenti in A siano identici, in particolare che abbiano a disposizione le stesse risorse.

Una richiesta banale ma necessaria é che la funzione sia *bilanciata*, ovvero che:

$$|\delta_A(-)^{-1}| \approx \frac{|U|}{|A|}$$

Quindi ogni agente deve gestire, all'incirca, lo stesso numero di URL.

Nel caso in cui l'insieme degli agenti sia statico, basta ad esempio numerare gli agenti a partire da zero, fissare una funzione di hash h applicabile agli URL, e dato un URL u assegnargli l'agente $h(u) \bmod |A|$.

La questione é piú interessante quando l'insieme degli agenti varia nel tempo. In questo frangente non vogliamo solo che la funzione di assegnamento sia bilanciata, deve anche essere *controvariante*.

Una funzione si dice controvariante quando, dato un insieme $B \supseteq A$ e $a \in A$

$$|\delta_B(a)^{-1}| \subseteq |\delta_A(a)^{-1}|$$

Questo significa che se B é un insieme di agenti piú grande (al piú uguale) di A , l'insieme di URL associato a ciascuno degli agenti in B sará piú piccolo (al piú uguale) dell'insieme di URL associato al corrispettivo agente in A . In particolare, se si aggiunge un agente, nessuno degli agenti preesistenti si vede assegnare nuovi URL.

Questo problema é comune ad altri contesti, come il caching nelle *content delivery network* e i sistemi di calcolo distribuito *peer-to-peer*. É facile convincersi che una strategia come quella proposta per l'ambito statico risulterà disastrosa. Vedremo adesso tre modi diversi per gestire la questione.

3.1 Permutazioni aleatorie

Il primo approccio che esploreremo si basa sulle permutazioni aleatorie. Assumiamo vi sia un universo P di possibili agenti. A ogni istante dato l'insieme di agenti effettivamente utili é un insieme $A \subseteq P$. Per semplicitá assumiamo che P sia formato dai primi $|P|$ numeri naturali (anche se in realtà é solo necessario che P sia totalmente ordinato).

Fissiamo una volta per tutte un generatore di numeri pseudocasuali. La strategia é ora la seguente: dato un URL u , inizializziamo il generatore utilizzando u (per esempio, passando u attraverso una funzione di hash prefissata) e utilizziamolo per generare una permutazione aleatoria di P scelta in maniera uniforme. A questo punto, l'agente scelto é il primo agente in A nell'ordine indotto dalla permutazione cosí calcolata.

Chiaramente, dato che le permutazioni vengono generate in maniera uniforme approssimativamente la stessa frazione di URL viene assegnata a ogni agente. Inoltre, se consideriamo un insieme $B \supseteq A$ le uniche variazioni di assegnazione consistono nello spostamento di URL verso elementi di $B \setminus A$, spostamento che avviene esattamente quando uno di tali elementi precede tutti quelli di A nella permutazione associata all'URL.

In sostanza, la permutazione fornisce un ordine di preferenza per assegnare u all'interno dell'insieme degli agenti possibili P . Il primo agente effettivamente disponibile (cioé, in A) sarà responsabile per il crawling di u . Dato che la permutazione é generata tramite un generatore comune a tutti gli agenti e utilizza lo stesso seme (u) tutti gli agenti calcolano lo stesso ordine di preferenza.

Si noti che é possibile generare una tale permutazione in tempo e spazio lineare in $|P|$. La tecnica, nota come *Knuth shuffle* o *Fisher-Yates shuffle* (lo pseudocodice viene mostrato nell'Algoritmo 2), consiste nell'inizializzare un vettore di $|P|$ elementi con i primi $|P|$ numeri naturali (o con gli elementi di P , nel caso generale).

A questo punto si eseguono $|P|$ iterazioni: all'iterazione di indice i (a partire da zero) si scambia l'elemento i -esimo con uno delle seguenti $|P| - i$ scelto a caso uniformemente (si noti che i stesso é una scelta possibile). Alla fine dell'algoritmo, il vettore contiene una permutazione aleatoria scelta in maniera uniforme. In

Algorithm 2 Fisher-Yates shuffle

Require: vettore di n posizioni **array**

```

for  $i \in \{0, \dots, n - 2\}$  do
     $j \leftarrow i + \text{UNIFORM}(n - i)$ 
    SWAP(array[ $i$ ], array[ $j$ ])
end for
```

realta non é necessario generare l'intera permutazione: non appena completiamo l'iterazione i , se troviamo in posizione i un elemento di A possiamo restituirlo, dato che nei passi successivi non verrà piú spostato. Inoltre, tutte le modifiche ad A avvengono in tempo costante (dato che non c'é nulla da fare).

3.2 Min hashing

Il secondo approccio non richiede che ci sia un universo predeterminato o ordinato. Fissiamo una funzione di hash aleatoria $h(-, -)$ a due argomenti che prende un URL e un agente. L'agente $a \in A$ responsabile dell'URL u é quello che realizza il minimo tra tutti i valori $h(u, a)$.

Di nuovo, assumendo che h sia aleatoria, il bilanciamento é banale. Ma anche la proprietá di controvarianza é elementare: se $B \supseteq A$, gli unici URL che cambiano assegnamento sono quegli URL u per cui esiste un $b \in B \setminus A$ | $h(b, u) < h(a, u) \forall a \in A$. Si noti che questo metodo richiede tempo di calcolo proporzionale a A , e spazio costante (basta tenere traccia del minimo elemento trovato). Anche in questo caso, le modifiche a A richiedono tempo costante, dato che non c'é nulla da fare.

3.3 Hashing Coerente

L'ultimo approccio é il piú sofisticato. Consideriamo idealmente una circonferenza di lunghezza unitaria e una funzione di hash aleatoria h che mappa gli URL nell'intervallo $[0 \dots 1)$ (cioé sulla circonferenza unitaria). Fissiamo inoltre un generatore di numeri pseudocasuali.

Per ogni agente $a \in A$, utilizziamo a per inizializzare il generatore e scegliere C posizioni pseudoaleatorie sul cerchio (ad esempio, in pratica, $C = 300$): queste saranno le *repliche* assegnate all'agente a . A questo punto per trovare l'agente responsabile di un URL u partiamo dalla posizione $h(u)$ e proseguiamo in senso orario finché non troviamo una replica: l'agente associato é quello responsabile per u .

In pratica, il cerchio viene diviso in segmenti massimali che non contengono repliche. Associamo a ogni segmento la replica successiva in senso orario, e tutti gli URL mappati sul segmento avranno come agente responsabile quello associato alla replica. La funzione cosí definita é ovviamente controvariante. L'effetto di aggiungere un nuovo agente é semplicemente quello di spezzare tramite le nuove repliche i segmenti preesistenti: la prima parte verrà mappata sul nuovo agente, la seconda continuerá a essere mappata sull'agente precedente.

La parte delicata é, in questo caso, il bilanciamento: se C viene scelto sufficientemente grande (rispetto al numero di agenti possibili; si veda) i segmenti risultano cosí piccoli da poter dimostrare che la funzione é bilanciata con alta probabilità.

Si noti che la struttura può essere realizzata in maniera interamente discreta memorizzando interi, che rappresentano (in virgola fissa) le posizioni delle repliche, in un dizionario ordinato (come un b-tree). A questo punto, dato un URL u é sufficiente generare uno hash intero e trovare il minimo maggiorante presente nel dizionario (eventualmente debordando alla fine dell'insieme e restituendo quindi il primo elemento).

Questo metodo richiede spazio lineare in $|A|$ e tempo logaritmico in $|A|$. Aggiungere o togliere un elemento ad A richiede, contrariamente ai casi precedenti, tempo logaritmico in $|A|$.

3.4 Note generali

In tutti i metodi che abbiamo delineato c'é una componente pseudoaleatoria. Questo fa sí che la distribuzione degli URL agli agenti non sia veramente bilanciata, ma segua piuttosto una distribuzione binomiale negativa. Considerato però il grande numero di elementi in gioco, il risultato approssima bene una distribuzione bilanciata.

Sia il min hashing che lo hashing coerente possono presentare *collisioni* - situazioni in cui non sappiamo come scegliere l'output perché due minimi, o due repliche, coincidono - in tal caso, é necessario disambiguare deterministicamente il risultato (imponendo, ad esempio, un ordine arbitrario sugli agenti).

Tutti i metodi permettono (eventualmente con uno sforzo computazionale aggiuntivo) di sapere quale sarebbe il prossimo agente responsabile per un URL, se

quello corrente non fosse presente (l'agente designato é crashato). Nel caso delle permutazioni aleatorie é sufficiente progredire nello shuffle, cercando l'elemento successivo in A . Nel caso del min hashing é necessario tenere traccia di due valori: il minimo e il valore immediatamente successivo. Infine, nel caso dell'hashing coerente, basta continuare a procedere in senso orario fino a giungere alla replica di un nuovo agente.

4 Codici istantanei

Un *codice* é un insieme $C \subseteq 2^*$, cioè un insieme di parole binarie. Si noti che per ovvie ragioni di cardinalità C é al piú numerabile.

Definiamo l'*ordinamento per prefissi* delle sequenze in 2^* come segue:

$$x \preceq y \iff \exists z \mid y = xz \quad (5)$$

Cioé $x \preceq y$ se e solo se x é un prefisso di y . Ricordiamo che in un *ordine parziale* due elementi sono inconfrontabili se nessuno dei due é minore dell'altro.

Un codice é detto *istantaneo* o *privo di prefissi* se ogni coppia di parole distinte del codice é inconfrontabile. L'effetto pratico di questa proprietà é che a fronte di una parola w formata da una concatenazione di parole del codice, non esiste una diversa concatenazione che dá w . In particolare, leggendo uno a uno i bit di w é possibile ottenere in maniera istantanea le parole del codice che lo compongono.

Ad esempio, il codice $\{0, 1\}$ é istantaneo, mentre $\{0, 1, 01\}$ non lo é. Se prendiamo ad esempio la stringa 001 e la confrontiamo con il primo codice sappiamo che é formata da 0, 0, 1, ma nel secondo caso possiamo scegliere tra 0, 0, 1 e 0, 01.

Un codice si dice *completo* o *non ridondante* se ogni parola $w \in 2^*$ é confrontabile con qualche parola del codice (esiste quindi una parola del codice di cui w é prefisso o una parola del codice che é un prefisso di w). Il primo dei due codici summenzionato é completo, mentre il secondo non lo é.

Quando un codice istantaneo é completo, non é possibile aggiungere parole al codice senza perdere la proprietà di istantaneità; inoltre, qualunque parola *infinita* é decomponibile in maniera unica come una sequenza di parole del codice, qualunque parola *finita* é decomponibile in maniera unica come sequenza di parole del codice piú un prefisso di qualche parola del codice.

Teorema 1. *Sia $C \subseteq 2^*$ un codice, se C é istantaneo, allora*

$$\sum_{w \in C} 2^{-|w|} \leq 1$$

C é completo se e solo se l'uguaglianza vale. Inoltre, data una sequenza, eventualmente infinita, $t_0, \dots, t_{n-1}, \dots$ che soddisfa:

$$\sum_{i \in \mathbb{N}} 2^{-t_i} \leq 1$$

esiste un codice istantaneo formato da parole $w_0, \dots, w_{n-1}, \dots$ tali che $|w_i| = t_i$

Prima di cominciare la dimostrazione facciamo un preambolo utile a eseguirla in modo veloce.

Un *diadico* é un razionale della forma kw^{-h} . A ogni parola $w \in 2^*$. Possiamo associare un sottointervallo semiamperato di $[0 \dots 1)$ con estremi diadici come segue:

- Se w é la parola vuota, l'intervallo é $[0 \dots 1)$
- Se w privata dell'ultimo bit ha $[x \dots y)$ come intervallo associato, se l'ultimo bit é 0 allora l'intervallo di w é $[x \dots (x + y)/2)$, altrimenti l'intervallo di w é $[(x + y)/2 \dots y)$

Per poter visualizzare quanto segue é utile costruire qualche esempio semplice e inserire le parole del codice in un albero, in cui ogni nodo ha al piú due figli etichettati 0 e 1. Si possono fare le seguenti **osservazioni**:

1. L'intervallo associato a una parola di lunghezza n ha lunghezza 2^{-n}
2. se $v \preceq w$ l'intervallo associato a v contiene quello associato a w
3. Due parole sono inconfrontabili se solo i corrispondenti intervalli sono disgiunti; infatti, se v e w sono inconfrontabili e z é il loro massimo prefisso comune, assumendo senza perdita di generalitá che $z_0 \preceq v$ e $z_1 \preceq w$ l'intervallo di v sará contenuto in quello di z_0 e l'intervallo di w in quello di z_1 : dato che gli intervalli di z_0 e z_1 sono disgiunti per definizione, lo sono anche quelli di v e w
4. Dato un qualunque intervallo diadico $[k2^{-h} \dots (k+1)2^{-h})$ esiste un'unica parola di lunghezza h a cui é associato l'intervallo, vale a dire, la parola formata dalla rappresentazione binaria di k allineata ad h bit; questo é certamente vero per $h = 0$, e data una parola w con $|w| = h+1$ se l'intervallo associato a w privato dell'ultimo carattere é $[k2^{-h} \dots (k+1)2^{-h})$ l'intervallo associato a w é $[(2k)2^{-h-1} \dots (2k+1)2^{-h-1})$; se l'ultimo carattere di w é 0, $[(2k+1)2^{-h-1} \dots 2(k+1)2^{-h-1})$

Fatte le dovute premesse possiamo passare alla dimostrazione del Teorema 1.

Proof. Sia ora C un codice istantaneo. La sommatoria contenuta nell'enunciato del Teorema 1 é la somma delle lunghezze degli intervalli associati alle parole di C ; questi intervalli sono disgiunti e la loro unione forma un sottoinsieme di $[0 \dots 1)$ che ha necessariamente lunghezza minore o uguale di 1.

(\Rightarrow) Se la sommatoria é strettamente minore di 1 deve esserci per forza un intervallo scoperto, diciamo $[x \dots y)$. Questo intervallo contiene necessariamente un sottointervallo della forma $[k2^{-h} \dots (k+1)2^{-h})$ per qualche h, k . Ma allora la parola associata a quest'ultimo potrebbe essere aggiunta al codice (essendo inconfrontabile con le altre [osservazione 3]). Che quindi risulta essere incompleto.

(\Leftarrow) D'altra parte, se il codice é incompleto l'intervallo corrispondente a una parola inconfrontabile con tutte quelle del codice é necessariamente scoperto, e rende la somma strettamente minore di 1.

Andiamo ora a dimostrare l'ultima parte dell'enunciato, assumendo, senza perdita di generalitá, che la sequenza $t_0, \dots, t_{n-1}, \dots$ sia monotona non decrescente.

Genereremo le parole $w_0, \dots, w_{n-1}, \dots$ in maniera *miope*. Sia d l'estremo sinistro della parte di intervallo unitario correntemente coperta dagli intervalli associati dalle parole già generate: inizialmente, $d = 0$. Manterremo vero l'invariante che prima dell'emissione della parola w_n si ha $d = k2^{-t_n}$ per qualche k , il che ci permetterà di scegliere come w_n l'unica parola di lunghezza t_n il cui intervallo ha estremo sinistro d . Dato che l'intervallo associato a ogni nuova parola è disgiunto dall'unione dei precedenti, le parole generate saranno tutte incontrfrontabili.

L'invariante è ovviamente vero quando $n = 0$. Dopo aver generato w_n , d viene aggiornato sommandogli 2^{-t_n} e diventa quindi $(k+1)2^{-t_n}$. Ma dato che $(k+1)2^{-t_n} = ((k+1)2^{t_{n+1}-t_n})2^{-t_{n+1}}$ e $t_{n+1} \geq t_n$, l'invariante viene mantenuto. \square

4.1 Codici istantanei per gli interi

Alcuni dei metodi più utilizzati per la compressione degli indici utilizzano codici istantanei per gli interi. Questa scelta può apparire a prima vista opinabile per il fatto che i valori che compaiono in un indice hanno delle limitazioni superiori naturali e sono facili da calcolare, e quindi potrebbe essere più efficiente calcolare un codice istantaneo per il solo sottoinsieme di interi effettivamente utilizzato.

In realtà se si lavora con collezioni documentali di grandi dimensioni la semplicità teorica e implementativa dei codici per gli interi li rende molto interessanti.

Innanzitutto si noti che un codice istantaneo per gli interi è numerabile. L'associazione tra interi e parole del codice va specificata di volta in volta, anche se, in tutti i codici che vedremo, l'associazione è semplicemente data dall'ordinamento prima per lunghezza e poi lessicografico delle parole. Inoltre assumeremo che le parole rappresentino numeri naturali, e quindi la parola minima (cioè lessicograficamente minima tra quelle di lunghezza minima) rappresenti lo zero⁶. La rappresentazione più elementare di un intero n è quella *binaria*, che però non è istantanea (le prime parole sono 0, 1, 10, 11, 100). È possibile rendere il codice istantaneo facendo un allineamento a k bit. La lunghezza di una parola di codice binario (non allineato) è $\lambda(n) + 1$ ⁷.

Chiameremo *rappresentazione binaria ridotta* di n la rappresentazione binaria di $n+1$ alla quale viene rimosso il bit più significativo; anch'essa non è istantanea. La lunghezza della parola di codice per n è $\lambda(n+1)$. Le prime parole sono ε , 0, 1, 00, 01, 10.

Un ruolo importante nella costruzione dei codici istantanei è svolto dai *codici binari minimali* - codici istantanei e completi per i primi k numeri naturali che utilizzano un numero variabile di bit. Esistono diverse possibilità per le scelte

⁶Questa scelta non è uniforme in letteratura, e in effetti si possono trovare nello stesso libro due codici per gli interi che, a seconda della bisogna, vengono numerati a partire da zero o da uno

⁷Ricordo che: $\lambda(n) = \lfloor \log(n) \rfloor$

delle parole del codice⁸, ma in quanto segue diremo che il codice binario minimale di n (nei primi n naturali) é definito come segue: sia $s = \lceil \log(k) \rceil$; se $n < 2^s - k$ é codificato dall' n -esima parola binaria (in ordine lessicografico) di lunghezza $s - 1$; altrimenti, n é codificato utilizzando la $(n - k + 2^s)$ -esima parola binaria di lunghezza s .

La base di tutti i codici istantanei per gli interi é il codice *unario*. Il codice unario rappresenta il naturale n tramite n uno seguiti da uno 0⁹. Le prime parole del codice sono 0, 10, 110, La lunghezza di una parola in unario é banalmente $n + 1$. Il codice é sia istantaneo e completo.

Il codice γ codifica un intero n scrivendo il numero di bit della rappresentazione ridotta in unario, seguito dalla rappresentazione binaria ridotta di n . Le prime parole del codice sono 1, 010, 011, 00100, 00101, La lunghezza della parola di codice é quindi $2\lambda(n+1) + 1$ e il codice é sia istantaneo che completo, questo si deve al fatto che l'unario é istantaneo e completo.

Analogamente, il codice δ codifica un intero n scrivendo il numero di bit della rappresentazione binaria ridotta di n in γ , seguito dalla rappresentazione binaria ridotta di n . Le prime parole del codice sono 1, 0100, 0101, 01100, 01101, La lunghezza della parola di codice per n é quindi $2\lambda(\lambda(n+1)+1) + 1 + \lambda(n+1)$ e il fatto che il codice sia istantaneo e completo deriva dal fatto che il γ lo sia. Si potrebbe provare a continuare in questa direzione, ma come vedremo, senza vantaggi significativi.

Il *Codice di Golomb di modulo k* codifica un numero intero n scrivendo il quoziente della divisione di n per k in unario, seguito dal resto in binario minimale. Le prime parole del codice per $k = 3$ sono 10, 110, 111, 010, La lunghezza della parola di codice per n é quindi $\lfloor n/k \rfloor + 1 + \lambda(x \bmod (k)) + [x \bmod (k) \geq 2^{\lceil \log(k) \rceil} - k]$ e il fatto che sia istantaneo e completo deriva dal fatto che lo sono sia il codice unario che il codice binario minimale.

Infine conviene ricordare i *codici a blocchi di lunghezza variabile*, come il codice variabile a nibble o a byte. L'idea é che ogni parola é formata da un numero variabile di blocchi di k bit (4 nel caso dei nibble e 8 nel caso dei byte). Il primo bit non é codificante ed é noto come *bit di continuazione*, se posto a 1 il blocco che stiamo considerando non é quello finale, se posto a 0 abbiamo raggiunto il blocco terminale.

In fase di codifica un intero n viene scritto in notazione binaria, allineato a un multiplo di $k - 1$ bit, diviso in blocchi di $k - 1$ bit, e rappresentato tramite una sequenza di suddetti blocchi, ciascuno preceduto dal bit di continuazione. La lunghezza della parola di codice é pari a $\lceil (\log(x) + 1)/k \rceil (k + 1)$. I codici a lunghezza variabile sono ovviamente istantanei ma non completi, questo perché sequenze di 0 che sono piú lunghe di un blocco non sono confrontabili con nessuna delle parole del codice. Uno standard alternativo per questo tipo

⁸In realtà, un codice binario minimale é semplicemente un codice ottimo per la distribuzione uniforme, il che spiega perché sono possibili scelte diverse per le parole del codice

⁹Nelle note originali il professore definisce l'unario all'incontrario e mette in una nota quello che ho definito io, ma é evidente che questa definizione é piú importante all'atto pratico per il semplice fatto che fa coincidere ordine lessicografico e l'ordine dei valori rappresentati

di codici é quello implementato da UTF-8, che anziché perdere il primo bit di ogni blocco per i bit di continuazione, sfrutta il primo blocco dell'intera parola per codificare quanti saranno i blocchi costituenti la parola.

4.2 Caratteristiche matematiche dei codici

Esistono delle caratteristiche intrinseche dei codici istantanei per gli interi che permettono di classificarli e distinguerne il comportamento. In particolare, un codice é *universale* se per qualunque distribuzione p sugli interi monotona non crescente ($p(i) \leq p(i+1)$) il valore atteso della lunghezza di una parola rispetto a p é minore o uguale dell'entropia di p a meno di costanti additive e moltiplicative indipendenti da p . Ciò significa che se $l(n)$ é la lunghezza della parola di codice per n e $H(p)$ é l'entropia di una distribuzione p (nel senso di Shannon), esistono c, d costanti tali che:

$$\sum_{x \in \mathbb{N}} l(n)p(n) \leq cH(p) + d$$

Un codice é detto *asintoticamente ottimo* quando a destra il limite superiore é della forma $f(H(p))$ con $\lim_{n \rightarrow \infty} f(n) = 1$.

Il codice unario e i codici di Golomb non sono universali, mentre lo sono γ e δ inoltre, quest'ultimo, é anche asintoticamente ottimo.

4.3 Codifiche alternative

É possibile utilizzare tecniche standard quali la codifica di Huffman o la codifica aritmetica per la codifica di ogni parte di un indice. Ci sono però delle considerazioni ovvie che mostrano come questi metodi, utilizzati direttamente, non siano di fatto implementabili. La codifica di Huffman richiederebbe un numero di parole di codice esorbitante, e le parole dovrebbero essere calcolate separatamente per ogni termine. La codifica aritmetica richiede alcuni bit di scarico prima di poter essere interrotta, e quindi non si presta a essere inframezzata da altri dati (come i conteggi e le posizioni). Inoltre, per quanto efficientemente implementata, é estremamente lenta.

4.3.1 PFOR-DELTA

Un approccio che ha rivoluzionato il modo di memorizzare le liste é quello proposto in [1], comunemente chiamato PFOR-DELTA o FOR. L'idea é molto semplice: si sceglie una dimensione di blocco B (di solito 128 o 256), e per ogni blocco consecutivo di B scarti si trova l'intero b tale per cui il 90% dei valori possono essere rappresentati con b bit.

A questo punto viene scritto un vettore di B interi a b bit, che descrive correttamente il 90% dei valori, quelli che non possono essere espressi in b bit sono dette *eccezioni* e vengono scritte in un vettore di eccezioni a parte con il minimo numero di bit necessari per descrivere la massima eccezione. Gli scarti vengono memorizzati in ordine in B , quando incontriamo un'eccezione inseriamo una sequenza di escape (tipo $b+1$) che consente di capire che lì é presente

un'eccezione, è dunque possibile in fase di decodifica rimpiazzare il valore di escape con l'eccezione corrispondente; siccome tutti e due i vettori sono ordinati l'operazione può essere eseguita sequenzialmente.

In fase di decodifica, si copiano i primi B valori a b bit in un vettore di interi. Quest'operazione è molto veloce, in particolare se vengono creati dei cicli srotolati diversi¹⁰ per ogni possibile valore di b . A questo punto si passa attraverso la lista delle eccezioni, che vengono copiate dal secondo vettore nelle posizioni corrette.

Questo approccio fa sì che il processore esegua dei cicli estremamente prevedibili, e riesce a decodificare un numero di scarti al secondo significativamente più alto delle tecniche basate su codici. Le performance di compressione sono di solito buone, anche se è difficile dare garanzie teoriche. Lo svantaggio (che può risultare significativo) è che è sempre necessario decodificare B elementi.

4.3.2 Sistemi di numerazione asimmetrica (approfondimento)

4.4 Distribuzioni intese

Ogni codice istantaneo completo per gli interi definisce implicitamente una *distribuzione intesa* sugli interi che assegna a w la probabilità $2^{-|w|}$. Il codice, in effetti, risulta *ottimo* per la distribuzione associata. La scelta di un codice istantaneo può quindi essere ricondotta a considerazioni sulla distribuzione statistica degli interi che si intendono rappresentare.

Al codice unario è associata una distribuzione geometrica.

$$\frac{1}{2^{x+1}}$$

mentre la distribuzione associata a γ è

$$\frac{1}{2^{2\lceil \log(x+1) \rceil + 1}} \approx \frac{1}{2(x+1)^2}$$

e quella associata a δ è

$$\frac{1}{2^{\lceil \log(\lceil \log(x+1) \rceil + 1) + 1 + \lceil \log(x+1) \rceil}} \approx \frac{1}{2(x+1)(\log(x+1) + 1)^2}$$

Il codice di Golomb ha, naturalmente, una distribuzione dipendente dal modulo, che però è geometrica:

$$\frac{1}{2^{\lfloor x/k \rfloor + \log(k) + \lfloor x \bmod (k) \geq 2^{\lceil \log(k) \rceil} - k \rfloor}} \approx \frac{1}{k \left(\sqrt[k]{2}\right)^x}$$

Infine, sebbene i codici a lunghezza variabile non siano completi, a meno di un fattore di normalizzazione è comunque possibile osservarne la distribuzione intesa:

$$\frac{1}{2^{\lceil \log(x)/k \rceil (k+1)}} \approx \frac{1}{(x+1)^{1+1/k}}$$

¹⁰Unrolling loops, significa semplicemente scrivere un'istruzione per ogni valore del loop, richiede di scrivere migliaia di righe di codice che però possono essere generate automaticamente.

4.5 Codici per gli indici

Nella scelta dei codici istantanei da utilizzare per la compressione di un indice è fondamentale la conoscenza della distribuzione degli interi da comprimere. In alcuni casi è possibile creare un modello statistico che spiega la distribuzione empirica riscontrata.

Per quanto riguarda frequenze e conteggi, la presenza significativa degli *hapax legomena* rende il codice γ quello usato più di frequente.

La questione degli scarti tra puntatori documentali è più complessa. Il modello *Bernoulliano* di distribuzione prevede che un termine con frequenza f compaia in una collezione di N documenti con probabilità $p = f/N$ indipendentemente in ogni documento. L'assunzione di indipendenza ha l'effetto di semplificare enormemente la distribuzione degli scarti, che risulta una geometrica di ragione p : lo scarto $x > 0$ compare cioè con probabilità $p(1 - p)^{x-1}$.

Abbiamo già notato come il codice di Golomb abbia distribuzione intesa geometrica: si tratta quindi di trovare il modulo adatto a p , un risultato importante di teoria dei codici dice che il codice ottimo per una geometrica di ragione p è un Golomb di modulo

$$k = \left\lceil -\frac{\log(2 - p)}{\log(1 - p)} \right\rceil \quad (6)$$

Una controindicazione può essere però la *correlazione* tra documenti adiacenti. Per esempio, se i documenti della collezione provengono da un crawl e sono nell'ordine di visita, è molto probabile che documenti vicini contengano termini simili. Questo fatto sposta significativamente da una geometrica la distribuzione degli scarti.

Per quanto riguarda le posizioni, non esistono modelli noti e affidabili degli scarti, si usa pertanto un codice dalle buone prestazioni come il δ . È anche possibile utilizzare Golomb, assumendo un modello Bernoulliano anche per le posizioni, ma per calcolare il modulo è necessario avere la lunghezza del documento, che quindi deve essere disponibile in memoria centrale. Alla fine, in ogni caso, considerazioni come la facilità di implementazione, velocità di decodifica, e altri fattori, possono essere forze determinanti nella scelta delle tecniche di codifica.

4.6 Problemi implementativi

I codici istantanei comprimono in maniera ottima rispetto alle distribuzioni intese. Riducono quindi la dimensione dell'indice in maniera significativa, cosa particolarmente utile se l'indice verrà caricato in tutto o in parte in memoria centrale. In effetti, esperimenti condotti all'inizio dell'attività di ricerca sugli indici inversi hanno mostrato che un indice compresso è significativamente più veloce di un indice non compresso, dato che l'I/O è ridotto in maniera significativa e il prezzo da pagare nella decodifica è di pochi cicli macchina per intero. L'implementazione della lettura dei codici istantanei va però effettuata con una certa cura se si vogliono ottenere prestazioni ragionevoli. L'idea più importante è quella di mantenere in un *bit buffer* che contiene una finestra sul file delle

liste di affissioni. Le manipolazioni relative alla decodifica dei codici dovrebbero essere confinate al bit buffer nella stragrande maggioranza dei casi. In particolare, un numero significativo di prefisso (per esempio, 2^{16}) può essere decodificato tramite una tabella che contiene, per ogni prefisso, il numero di bit immediatamente decodificabili e l'intero corrispondente, o l'indicazione che è necessario procedere a una decodifica manuale.

4.7 Salti

Non è possibile ottenere in tempo costante un elemento arbitrario di una lista compressa per scarti: è necessario decodificare gli elementi precedenti. In realtà, più problematica è l'impossibilità di saltare rapidamente dal primo elemento della lista maggiore o uguale a un limite inferiore b , operazione detta comunemente *salto*. I salti sono fondamentali, come vedremo, per la risoluzione veloce delle interrogazioni congiunte.

La tecnica di base per ovviare a questo inconveniente è quella di memorizzare, insieme alla lista di affissioni, una *tabella di salto* che memorizza, dato un *quanto* q , il valore degli elementi di indice $iq, i > 0$, e la loro posizione (espressa in bit) nella lista di affissioni. Quando si vuole effettuare un salto, e più precisamente quando si vuole trovare minimo valore maggiore o uguale a b , si cerca nella tabella (per esempio tramite una ricerca dicotomica o una *ricerca esponenziale*) l'elemento di posto $iq \leq b$, e si comincia a decodificare la lista per cercare il minimo maggiorante di b . Al più q elementi dovranno essere decodificati, e q deve essere scelto sperimentalmente in modo da, al tempo stesso, non accrescere eccessivamente la dimensione dell'indice e fornire un significativo aumento di prestazioni.

Si noti che una volta che è possibile saltare all'interno della lista dei puntatori ai documenti, è necessario mettere in piedi strutture di accesso per conteggio e posizioni, se presenti e memorizzate separatamente. Se cioè è possibile accedere in modo diretto ai puntatori documentali di indice iq , deve essere possibile accedere allo stesso modo alle parti rimanenti dell'indice.

5 Gestione della lista dei termini

La lista dei termini di un indice può essere molto ingombrante. Esistono diversi metodi per rappresentarla: in questo contesto, ne vedremo uno piuttosto sofisticato, che ha il grosso vantaggio di essere in grado, data una lista di stringhe, di restituire il numero ordinale di qualunque elemento della lista, ma di *non memorizzare la lista stessa*: in effetti, l'occupazione di memoria sarà di $1,23n$ interi di $\log(n)$ bit, dove n è il numero delle stringhe.

Una funzione di hash per un insieme di chiavi $X \subseteq U$, dove U è l'universo di tutte le chiavi possibili, è una funzione da $f : X \rightarrow m$. Se:

- la funzione è iniettiva¹¹, si dice che lo hash è *perfetto*.
- Se $|X| = m$, lo hash è detto *minimale*.
- Se esiste un ordine lineare su X e si ha $x \leq y \iff f(x) \leq f(y)$, lo hash *preserva l'ordine*.

Il nostro scopo è quello di costruire, per un insieme di stringhe arbitrario, una funzione di hash minimale, perfetta, e che preservi l'ordine. (si noti che di per sè non stiamo chiedendo qual è il risultato di f su $U \setminus X$: questo problema verrà risolto a parte).

Esistono numerose tecniche per la costruzione di hash perfetti. Quello che andiamo a descrivere è basato sulla teoria dei grafi casuali, e utilizza la randomizzazione per la costruzione della struttura dati. Quella che descriveremo è in effetti una tecnica completamente generale per memorizzare una funzione statica (immutabile) $f : X \rightarrow 2^b$ dall'insieme X all'insieme dei valori 2^b . Scegliendo $b = \lceil \log(n) \rceil$ e mappando ogni termine in un indice al suo rango lessicografico, otterremo il risultato richiesto.

L'idea della costruzione è la seguente: prendiamo due funzioni di hash aleatorie $h : U \rightarrow m$ e $g : U \rightarrow m$, dove $m \geq n$ e n è la cardinalità di X , e consideriamo un vettore \mathbf{w} di interi a b bit che sia soluzione del sistema

$$w_{h(x)} \oplus w_{g(x)} = f(x) \quad x \in X$$

Chiaramente, memorizzando h , g e il vettore \mathbf{w} abbiamo memorizzato f : per calcolare $f(x)$ basta semplicemente risolvere il sistema, che è di n equazioni con w_i incognite, che, però, potrebbe non avere soluzione. Possiamo rappresentare i vincoli imposti dal sistema come segue: costruiamo un grafo G non orientato con m vertici e n lati in cui, per ogni $x \in X$, abbiamo che $h(x)$ è adiacente a $g(x)$ tramite un lato etichettato da x .

Andiamo ora a eseguire l'operazione di *esfoliazione* del grafo così costruito: partendo da una qualunque foglia v (un vertice di grado 0 o 1), la rimuoviamo dal grafo. Se questa è adiacente a un altro vertice, rimuoviamo anche il lato l che li connette, a questo punto mettiamo la coppia $\langle v, l \rangle$ dentro uno stack.

¹¹Ricordo: una funzione è iniettiva se per ogni elemento nel codominio esiste al più un elemento nel dominio, tale che xRy . In questo caso significa che la funzione di hash non presenta collisioni.

Il processo continua fino a quando il grafo non è vuoto o non si incontra un ciclo. Se non incontriamo alcun ciclo, significa che il sistema può essere risolto, questo perchè ogni equazione del sistema comparirà una sola volta nello stack. Se risolviamo l'equazione associata a ogni elemento $\langle v, l \rangle$ sfruttando il fatto che $v = h(x) \vee v = g(x)$, e v non è stato certamente assegnato precedentemente, dato che ogni vertice in una coppia non compare mai in coppie successive. Essenzialmente stiamo *triangolando* la matrice associata al sistema (si vedano i lucidi animati online).

Ora, assumendo che h e g siano casuali e indipendenti, il grafo che andiamo a costruire è un grafo casuale di m vertici con n archi, e un risultato importante di teoria dei grafi casuali dice che per n sufficientemente grande, quando $m > 2.09n$ il grafo è quasi sempre privo di cicli (questo significa che il rapporto tra il numero di grafi privi di cicli e quelli totali tende a 1). In sostanza, scegliendo bene h e g quasi tutti i grafi che otterremo permetteranno di risolvere il sistema.

Il caso ora descritto non è in realtà ottimo. La teoria degli ipergrafi casuali ci dice che utilizzando 3-ipergrafi (cioè un insieme di sottoinsiemi di ordine 3 dell'indice dei vertici) è possibile dare una nozione di aciclicità che permette di risolvere i sistemi nel caso di *tre* funzioni di hash, ma in questo caso il limite che garantisce l'aciclicità è $m > 1.23n$ - un miglioramento netto rispetto al caso di ordine 2. Alla fine, per memorizzare la funzione statica $f : X \rightarrow 2^b$ dovremo utilizzare solo 1.23 bit per elemento.

5.1 Firme

La funzione così costruita, per quanto sia minimale, perfetta e preservi l'ordine non permette di riconoscere se un elemento fa parte di X o no. Per ovviare all'inconveniente utilizziamo un insieme di *firme* associato all'insieme X delle chiavi. Consideriamo cioè una funzione $s : U \rightarrow 2^r$ che associ a ogni chiave possibile una sequenza di r bit "casuale", nel senso che la probabilità che $s(x) = s(y)$ se x e y sono presi uniformemente a caso da U è 2^{-r} (per esempio una buona funzione di hash). Consideriamo l'enumerazione ordinata $x_0 \leq x_1 \leq \dots \leq x_{n-1}$ degli elementi di X . Oltre a f , memorizziamo ora una tabella di n firme a r bit $S = \langle s(x_0), \dots, s(x_{n-1}) \rangle$.

Per interrogare la struttura risultante su input $x \in U$, agiamo come segue:

1. Calcoliamo $f(x)$ (che è un numero in n).
2. Recuperiamo $S_{f(x)}$.
3. Se $S_{f(x)} = s(x)$, restituiamo $f(x)$; altrimenti restituiamo -1 (a indicare che x non fa parte di X).

Si noti che se $x \in X$, $f(x)$ è il suo rango in X , e quindi $S_{f(x)}$ conterrà, per definizione, $s(x)$. Se invece $x \notin X$, $S_{f(x)}$ sarà una firma arbitraria, e quindi restituiremo quasi sempre -1, tranne nel caso ci sia una collisione tra firme, il che avviene, come detto, con probabilità 2^{-r} . Tarando il numero r di bit delle firme, è quindi possibile bilanciare spazio occupato e precisione della struttura.

5.2 Ottimizzazioni

È possibile migliorare ulteriormente l'occupazione in spazio, quando b non è troppo piccolo, utilizzando un *vettore compatto* per memorizzare i valori della soluzione del sistema. In effetti, per come abbiamo descritto il processo di risoluzione, non è possibile che vengano poste a valori diversi da 0 più di n variabili. Se potessimo memorizzare, con una piccola perdita di spazio, *solo i valori diversi da zero* potremmo ridurre l'occupazione di memoria a quasi nb bit.

Per farlo consideriamo un vettore di bit \mathbf{b} che contiene in posizione i un uno se la variabile corrispondente w_i è diversa da zero, e zero altrimenti. Definiamo l'operazione *rank*

$$\text{rank}(\mathbf{b}, i) = |\{j < i \mid b_j \neq 0\}|$$

che conta il numero di uno che compaiono a sinistra della posizione corrente. Chiaramente se mettiamo in un vettore \mathbf{c} i valori delle variabili w_i diversi da zero avremo che:

$$w_i = \begin{cases} 0 & \text{se } b_i = 0 \\ \mathbf{c}[\text{rank}(\mathbf{b}, i)] & \text{se } b_i \neq 0 \end{cases}$$

Quanto spazio occorre per calcolare rapidamente il rango? Esistono soluzioni molto sofisticate che occupano spazio $o(n)^{12}$, ma qui proporremo un metodo molto semplice: scelto un quanto q , memorizziamo in una tabella R i valori $\text{rank}(\mathbf{b}, kq)$. Per calcolare il rango in posizione p , basta recuperare $R[\lfloor p/q \rfloor]$ e completare il calcolo contando gli uno dalla posizione $q \lfloor p/q \rfloor$ alla posizione p (utilizzando le istruzioni di conteggio efficiente per le CPU moderne). Per q fissato, il tempo del calcolo è costante. Lo spazio occupato dipende anch'esso da q , che permette quindi di bilanciare lo spazio occupato e la velocità.

Alla fine, la funzione occuperà $nb + 1.23n$ bit, più il necessario per la struttura di rango (supponendo $q = 512$ saranno necessari altri $0.125n$ bit). Si noti che è impossibile scrivere una funzione in meno di n^2 bit, dato che esistono $(2^b)^n$ funzioni da un insieme di n a un insieme di 2^b elementi.

5.3 Auto-firma

Un utilizzo interessante delle funzioni che abbiamo descritto è quello di memorizzare efficientemente un dizionario statico approssimato. Per farlo, consideriamo un insieme $X \subseteq U$ che vogliamo rappresentare, e una funzione di firma $s : U \rightarrow 2^r$. Possiamo utilizzare la tecnica generale di rappresentazione delle funzioni per scrivere in $nr + 1.23n$ bit la funzione $f : X \rightarrow 2^r$ data da $f(x) = s(x)$. La funzione f , cioè, mappa ogni chiave nella propria firma. Il dizionario viene a questo punto interrogato come segue:

1. Calcoliamo $f(x)$

¹²Un esempio non banale di strutture efficienti per la memorizzazione del rango è la struttura di Jacobson.

2. Se $f(x) = s(x)$, restituiamo "appartiene a X "; altrimenti, restituiamo "non appartiene a X ".

Si noti che, se $x \in X$, $f(x)$ è la sua firma $s(x)$, e quindi restituiremo "appartiene a X ". Se invece $x \notin X$, $f(x)$ sarà un valore arbitrario, e quindi restituiremo "appartiene a X ". Se invece $x \notin X$, $f(x)$ sarà un valore arbitrario, e quindi restituiremo "non appartiene a X ", tranne nel caso in cui ci sia una collisione tra firme, il che avviene con probabilità 2^{-r} . Tarando il numero r di bit delle firme è quindi possibile bilanciare spazio occupato e precisione della struttura. Rispetto a un filtro di Bloom, un dizionario di questo tipo è molto più compatto (un filtro di Bloom, per avere una precisione di 2^{-r} richiede 1.44 bit per elemento) e molto più veloce (le funzioni sono valutabili con al più tre fallimenti di cache, contro gli r del filtro di Bloom). Per contro, non è modificabile.

6 Risoluzione delle interrogazioni

La risoluzione di un'interrogazione dipende fondamentalmente da due fattori:

- Il linguaggio di interrogazione e la corrispondente semantica.
- Il tipo di dati contenuti nelle affissioni dell'indice.

Per il momento, ci concentreremo sulla risoluzione di interrogazioni *booleane*, cioè in cui gli unici operatori sono la congiunzione, la disgiunzione e la negazione logica. Una formula del linguaggio di interrogazione è: un termine oppure la congiunzione, disgiunzione o negazione di formule.

Per quanto riguarda la semantica:

- La semantica di una formula è una lista di documenti.
- La semantica di un termine è data dalla lista di documenti in cui il termine compare.
- La semantica della congiunzione è data dall'intersezione delle liste.
- La semantica della disgiunzione è data dalla fusione delle liste.
- La semantica della negazione è data dalla complementazione rispetto all'intera collezione documentale.

Chiaramente, per risolvere un'interrogazione Booleana è sufficiente che le affissioni contengano i puntatori documentali. Inoltre, se l'indice contiene i puntatori in ordine crescente, è possibile ottenere intersezione e unione di liste in tempo lineare nel numero di puntatori.

È di grande interesse operare in maniera *pigra* (document-at-a-time) - leggere cioè dalle liste in input solo i puntatori necessari a emettere un certo prefisso dell'output. Questo permette di gestire in maniera efficiente la *early termination*, tecnica con cui il calcolo della semantica viene arrestato sulla base di stime della qualità dei documenti già rinvenuti.

Per fondere liste in tempo lineare (con perdita logaritmica nel numero di liste in ingresso) è sufficiente una *coda di priorità indiretta* che contiene puntatori alle liste, prioritizzate secondo il documento corrente. A ogni passo, il prossimo documento restituito sarà il documento corrente della lista in cima alla coda (cioè quella che correntemente è posizionata sul documento più piccolo). Una volta deciso il documento, avanziamo la lista in cima alla coda e aggiustiamo la coda stessa finchè la lista in cima alla coda non è posizionata su un documento diverso. Si noti che in questo modo siamo anche in grado di sapere *quali* liste contengono il documento corrente.

Per quanto riguarda l'intersezione, sebbene in linea di principio il limite inferiore lineare non sia superabile, esistono diverse euristiche che permettono di accelerare la computazione nel caso l'indice fornisca la possibilità di effettuare *salto*.

In linea di principio, potremmo sempre tenere conto tramite una coda di priorità indiretta del documento minimo corrente, come nel caso precedente, ma

tenere al tempo stesso traccia del massimo puntatore in una variabile¹³. Quando coincidono, il puntatore sta nell'intersezione e può essere restituito (e immediatamente dopo, una qualunque lista viene fatta avanzare). Altrimenti la lista che realizza il minimo viene fatta saltare fino al massimo e la coda viene aggiornata. Dato che viene effettuato al più un aggiornamento per avanzamento, il tempo richiesto è lineare nella dimensione di input, con una perdita logaritmica nel numero di input.

Da un punto di vista pratico, però, è spesso più efficiente utilizzare una soluzione che ha in linea teorica un comportamento molto peggiore (la perdita nel numero di input è *lineare*). L'idea è di far avanzare in maniera miope le liste in ordine fino al massimo corrente m (all'inizio, il primo puntatore della prima lista) finché non sono tutte allineate. Al primo disallineamento (che causa un incremento di m) si ricomincia ad allineare la prima lista. Quando si arriva ad allineare l'ultima lista, si ha un puntatore da restituire.

L'aspetto interessante di questo approccio è che ordinando le liste in ordine di frequenza crescente (quando è nota - per esempio nel caso di termini) la maggior parte degli avanzamenti verrà giocato dalle prime liste, che essendo quelle di minima frequenza genereranno poche allineamenti. Le liste più dense subiranno pochi avanzamenti molto consistenti, che potranno essere gestiti in maniera efficienti tramite un sistema di salti. È anche possibile implementare una versione adattiva che mano a mano che scandisce le liste in input (non necessariamente liste di termini) ne stima la frequenza e le riordina al volo.

Si noti che nel caso le liste siano interamente caricabili in memoria, il problema diventa completamente diverso, ed esistono soluzioni molto sofisticate per il problema dell'intersezione. L'osservazione fondamentale è che intersecare due liste, se una è molto più corta dell'altra (per esempio esponenzialmente più corta), può essere conveniente cercare con una ricerca dicotomica gli elementi della lista più corta in quella più lunga.

Questa osservazione permette di risolvere rapidamente in memoria centrale, in maniera non pigra (term-at-a-time), intersezioni di liste. È sufficiente ordinare le liste in ordine di frequenza (questo è sempre possibile, essendo l'algoritmo non pigro) e procedere a ridurre, una lista alla volta, il numero di candidati e dalla lunghezza della lista in cui li dobbiamo trovare, ma la speranza è che quando arriveremo alle liste più lunghe (le ultime) i candidati siano così pochi che sia possibile utilizzare tecniche di intersezione come quelle summenzionate.

6.1 Indici distribuiti

Le dimensioni degli indici del web sono tali da rendere poco pratica la memorizzazione dell'intero indice in una sola macchina. È quindi necessario *segmentare* l'indice complessivo in sottoindici, detti *segmenti*, le cui risposte verranno poi opportunamente combinate. È sottointeso che i segmenti saranno in genere memorizzati su un gruppo di macchine collegate in rete, e che un opportuno

¹³Supponendo che la coda a priorità indiretta sia implementata tramite uno Heap (per esempio) recuperare il massimo puntatore documentale richiede tempo e spazio costante perché il valore più a destra nella struttura è sempre il massimo corrente.

protocollo di comunicazione permetterà di accedere al contenuto dei segmenti in una macchina remota.

In linea di principio, un indice può essere partizionato tramite una funzione che assegna a ogni affissione un segmento destinazione. A ogni segmento saranno associati i termini per i quali compare almeno un'affissione.

In pratica però è più comune scegliere un singolo criterio di partizionamento - *lessicale* o *documentale* - su cui basare il processo. In un partizionamento documentale, la collezione documentale viene divisa in blocchi (non necessariamente contigui) e a ogni blocco viene assegnato un segmento. Tutte le affissioni relative a un blocco andranno a finire nel suo segmento, e al segmento saranno associati i termini che compaiono nel blocco. Di norma, lo stesso termine comparirà in più segmenti (si pensi a termini comuni come le congiunzioni), mentre gli *hapax legomena* compariranno esattamente in un solo segmento.

In alternativa, è possibile partizionare la collezione documentale lessicalmente: viene scelto un criterio per dividere l'insieme dei termini in più blocchi (non necessariamente lessicograficamente contigui), e a ogni blocco viene associato un segmento: la lista di affissioni relativa a un termine sarà interamente contenuta nel segmento relativo.

La ricostruzione delle liste di affissione a partire da una segmentazione lessicale è banale: basta individuare il segmento che contiene il termine e interrogarlo. L'individuazione del segmento può non essere un problema banale se, ad esempio, i blocchi di termini non sono lessicograficamente consecutivi. Nel caso peggiore, l'unica soluzione è l'interrogazione di tutti i segmenti.

La ricostruzione delle liste di affissione a partire da una segmentazione documentale è più delicata, dato che nella maggior parte dei casi sarà necessario leggere vari frammenti della lista complessiva e combinarli. Questo richiede *in primis* di interrogare tutti i segmenti per sapere quali possiedono una lista di affissione per il termine dato. Le liste vanno poi combinate - con una semplice concatenazione e rinumerazione se i blocchi di documenti sono consecutivi, o con una fusione di liste in caso contrario.

In entrambi i casi precedenti può essere utile filtrare le richieste ai segmenti tramite dei dizionari approssimati, che possono rappresentare in maniera molto compatta l'insieme presente in ogni segmento. Dimensionando i dizionari a seconda della memoria disponibile è possibile ridurre il numero di richieste inutili fatte ai segmenti.

Va notata una caratteristica importante del partizionamento documentale: è possibile cioè risolvere *direttamente* un'interrogazione complessa a livello di segmento. Questo fatto può portare a un miglioramento netto delle prestazioni, perchè ad esempio, in presenza di un'interrogazione congiunta di termini, alcuni segmenti, pur contenendo tutti i termini dell'interrogazione, potrebbero non restituire nessun documento. Nel caso di un'interrogazione disgiunta, non c'è in ogni caso riduzione delle prestazioni. Va però fatto notare che se il processo di risoluzione della query restituisce artefatti (quali valori di ranking, calcolo della prossimità, etc...) il protocollo di rete con cui ci si connette all'indice dovrà essere in grado di trasmetterli. Detto altrimenti, risolvendo e trasmettendo solo liste di affissioni, il protocollo dipenderà solo dalla struttura dell'indice, mentre

la risposta a interrogazioni con punteggio lo renderà dipendente dal meccanismo di assegnamento del punteggio.

D'altra parte, il partizionamento lessicale offre un'interessante possibilità: quella cioè di tenere in memoria centrale la parte dell'indice corrispondente ai termini più interessanti in qualche senso, o che risultano più utilizzati da una rilevazione empirica.

7 Centralità

La centralità è un argomento fondamentale nel campo dell'analisi delle reti. Partendo da un grafo G , vogliamo associare a ogni nodo un *punteggio* che definisce l'importanza del nodo in un grafo. Immaginiamo che i nodi corrispondano a qualche tipo di entità, e che un arco da x in y rappresenti una *relazione* tra l'entità x e l'entità y . Questa relazione può misurare l'appoggio, ad esempio " x crede in y tanto così", o il punteggio di x contro y , come nel caso di " x batte y ". Il primo caso è comune nel campo della psicometria e della sociometria, mentre il secondo è comune nel caso dei tornei.

Molti *indici di centralità* sono basati su semplici somme basate sulle righe o le colonne delle matrici di adiacenza e sono comuni da molto tempo nel campo della psicometria e della sociometria. Un esempio banale, consiste nell'utilizzare il *degree* (indegree od outdegree) come misura di centralità. Il problema principale con il degree è che è una misura interamente locale - non tiene conto del modo in cui è costruito il grafo.

Più in generale, se si considerano *grafi pesati*, in cui un peso è associato a ogni arco, è possibile considerare il grafo come la matrice di adiacenza M che gli è associata.

7.1 Misure di centralità geometriche

Chiamiamo *geometriche* quelle misure che vedono la centralità come dipendente dalla distanza di un nodo o un arco dagli altri elementi del grafo. Più precisamente, una centralità geometrica dipende unicamente da quanti nodi esistono a ogni distanza. Queste sono alcune delle misure più antiche definite in letteratura.

7.1.1 Indegree

L'indegree è il numero di archi che entrano in un determinato nodo, è denotato come $d(x)$ e può essere considerata una misura di centralità geometrica. Si tratta semplicemente del numero di nodi a distanza 1¹⁴. L'indegree è probabilmente una delle più vecchie misure di centralità, in quanto è equivalente alla maggioranza dei votanti alle elezioni ($x \rightarrow y$ se x ha votato per y), il vincitore delle elezioni è quello che ha preso più voti, quindi quello che ha l'indegree più alto.

L'indegree ha una serie di problematiche evidenti (e.g. è facile da aggirare), ma

¹⁴La maggioranza delle misure di centralità proposte in letteratura sono state descritte solo per grafi non direzionati e connessi. Siccome lo studio del grafo del web e delle reti sociali elettronicamente mediate ha posto il problema di estendere i concetti di centralità a reti che sono direzionate, e possibilmente non fortemente connesse, nel resto di questo articolo considereremo le misure dipendenti dal numero di archi entranti di un nodo (e.g. percorsi entranti, autovettori dominanti sinistri, distanze da tutti i nodi verso un nodo specifico). Se necessario, queste misure possono essere chiamate "positive", in opposizione alle misure "positive" ottenute considerando percorsi uscenti, o (equivalentemente trasponendo il grafo)

è un buon punto di partenza, e in alcuni casi ha raggiunto risultati migliori di tecniche più sofisticate (si veda, ad esempio).

7.1.2 Closeness

Bavelas ha introdotto il concetto di closeness alla fine degli anni quaranta in ; la closeness di x è definita come segue

$$\frac{1}{\sum_y d(y, x)} \quad (7)$$

L'intuizione che sta dietro al concetto di closeness è che nodi più centrali dovranno avere distanze più piccole da tutti gli altri nodi, avendo pertanto un denominatore più piccolo e quindi una centralità più grande. È importante notare che, affinché la notazione abbia senso, il grafo deve essere fortemente connesso. In mancanza di questa condizione, alcuni dei denominatori andranno a infinito, risultando in una definizione di closeness nulla per tutti quei nodi che non possono raggiungere tutti i nodi del grafo.

Non era probabilmente nelle intenzioni di Bavelas di applicare la misura ai grafi direzionati, e ancora meno di applicarla a grafi con distanze infinite, ma spesso la closeness viene patchata rimuovendo i nodi che non possono essere raggiunti nel modo seguente

$$\frac{1}{\sum_{d(y,x) < \infty} d(y, x)}$$

e assumendo che i nodi con un insieme di nodi raggiungibili banale abbiano centralità 0 per definizione: questa è, in realtà, la definizione che useremo nel resto dell'articolo. Questi aggiustamenti, apparentemente innocui, inducono una forte polarizzazione nella rete verso quei nodi che hanno un insieme di nodi raggiungibili di piccole dimensioni. Nel 2016 un gruppo di scienziati a Facebook ha calcolato l'inverso della closeness per tutti gli utenti¹⁵

7.1.3 Centralità armonica

Come abbiamo notato il problema della closeness sta nel fatto che vi sono coppie di nodi non raggiungibili. Prendiamo quindi ispirazione da Marchiori e Latora : presentatogli il problema di offrire una nozione sensata di "lunghezza media del percorso più breve" per un grafo direzionato generico, hanno proposto di rimpiazzare la media delle distanze con la *media armonica di tutte le distanze*¹⁶. In generale, per ogni nozione teorica sui grafi basata sulla media aritmetica o la massimizzazione ve n'è una definizione alternativa basata sulla media armonica. Se consideriamo la closeness il reciproco di una media denormalizzata delle

¹⁵

¹⁶Definiamo media armonica per un gruppo di valori a_0, \dots, a_{n-1} il seguente valore

$$\left(\frac{\sum_i^n a_i^{-1}}{n} \right)^{-1}$$

distanze, è naturale considerare anche una media armonica denormalizzata delle distanze. Definiamo dunque la *centralità armonica* di x come segue

$$\sum_{y \neq x} \frac{1}{d(y, x)} = \sum_{d(y, x) < \infty, y \neq x} \frac{1}{d(y, x)} \quad (8)$$

la differenza tra quest'ultima equazione e (7) potrebbe apparire minima, però si tratta di un cambiamento radicale. La centralità armonica è fortemente legata alla closeness in reti semplici, ma la prima è in grado di tenere da conto automaticamente anche dei nodi y che non sono in grado di raggiungere x . Quindi può essere applicata a grafi che non sono fortemente connessi.

7.1.4 Betweenness

La *betweenness* è stata introdotta da Anthonisse per gli archi, ed è stata poi ripresa da Freeman per i nodi. L'idea è quella di misurare la probabilità che un cammino breve a caso passi attraverso un determinato nodo: sia σ_{xy} il numero di cammini brevi che vanno da x a y e $\sigma_{xy}(z)$ il numero di cammini brevi che vanno da x a y e passano per z , definiamo la *betweenness* di x come

$$\sum_{x, y \neq z, \sigma_{xy} \neq 0} \frac{\sigma_{xy}(x)}{\sigma_{xy}}$$

L'intuizione che sta dietro la betweenness, è che se una grande parte dei cammini minimi passa da z , allora z deve essere un punto di articolazione importante all'interno del grafo.

7.2 Misure di centralità spettrale

Verso la metà del XIX secolo i risultati di un torneo di scacchi furono rappresentati tramite una matrice M popolata di 0, 1 e $1/2$, rappresentando sconfitta, vittoria e pareggio. La diagonale di tali matrici doveva per forza essere zero, e la somma di entry simmetriche avrebbe fatto sempre 1. Le somme sulle righe, ovvero $M\mathbf{1}^T$, erano un modo facile di fornire un punteggio globale per un giocatore, dal quale il suo rank poteva essere calcolato, in modo tale da poter assegnare premi o dividere i soldi in maniera proporzionale.

Per incrementare la precisione del sistema, lo scacchista austriaco Oscar Gelbfuhs propose nel 1873 di iterare la procedura, ovvero di calcolare $M^2\mathbf{1}^T$, raffinando i punteggi precedenti. Essenzialmente, partendo da un punteggio iniziale di 1 dato a tutti i giocatori, ciascuno avrebbe ottenuto un nuovo punteggio, risultato della somma di:

- metà dei punteggi dei giocatori con cui avessero pareggiato.
- L'interezza dei punteggi di coloro con cui avessero vinto.

La procedura sarebbe stata ripetuta per ottenere i punteggi dei turni successivi. Edmund Landau notò nel primo articolo che pubblicò che se uno considera il

processo iterato proposto da Gelbfuhs, il risultato non è attendibile, in quanto il ranking dipende dal numero di iterazioni k . Egli propose dunque di calcolare un vettore di punteggio \mathbf{r} che soddisfacesse la seguente equazione

$$M\mathbf{r}^T = \lambda\mathbf{r}^T \quad (9)$$

dunque \mathbf{r} sarebbe dovuto essere un autovettore destro, la cui direzione e verso sono fissati durante la procedura, mentre il modulo viene moltiplicato per una costante. Questa è stata la prima apparizione del *ranking spettrale* - che usa gli autovettori di una qualche matrice, solitamente derivata da un grafo, per calcolare una misura di centralità.

7.2.1 L'autovettore dominante sinistro

Un *autovalore dominante* è un autovalore di modulo massimo. Un autovettore associato all'autovalore dominante è noto come *autovettore dominante*. Nella maggior parte dei casi pratici di ranking spettrale l'autovalore di modulo massimo è unico¹⁷. La prima ovvia misura spettrale è l'autovettore dominante sinistro della matrice di adiacenza associata al grafo. L'idea realizza l'intuizione di Landau: assumiamo \mathbf{e}_i sia una base di autovettori per la matrice M con autovalori λ_i tali che $|\lambda_0| > |\lambda_1| > \dots$. Se consideriamo un vettore \mathbf{x} e lo vediamo come combinazione lineare dei vettori dell'autobase

$$\mathbf{x} = \sum_i \alpha_i \mathbf{e}_i$$

possiamo scrivere $M^k \mathbf{x}^T$ come segue

$$M^k \mathbf{x}^T = M^k \sum_i \alpha_i \mathbf{e}_i = \sum_i \alpha_i \lambda_i^k \mathbf{e}_i$$

Banalmente vero, posso portare la potenza k -esima della matrice dentro la sommatoria perchè è indipendente dalla variabile di somma, inoltre:

$$M\mathbf{v} = \lambda\mathbf{v}$$

continuando

$$\sum_i \alpha_i \lambda_i^k \mathbf{e}_i = \lambda_0^k \left(\alpha_0 \mathbf{e}_0 + \sum_{i>0} \alpha_i \left(\frac{\lambda_i}{\lambda_0} \right)^k \mathbf{e}_i \right)$$

È chiaro che per $k \rightarrow \infty$ tutti i termini $\frac{\lambda_i}{\lambda_0}$ tenderanno a 0, fintanto che $\alpha_0 \neq 0$ il risultato dell'iterazione tenderà verso l'autovettore dominante \mathbf{e}_0 .

Abbiamo dunque provato che il *metodo della potenza* per calcolare l'autovettore dominante funziona sotto le ipotesi fatte in precedenza.

Gli autovettori dominanti non si comportano come ci aspetteremmo quando il grafo in questione non è fortemente connesso. In base all'autovalore dominante della componente fortemente connessa, l'autovettore dominante potrebbe o potrebbe non essere diverso da zero per componenti terminali (un discorso più completo può essere trovato in). Un esempio recente di applicazione di centralità basata su autovettori dominanti può essere trovato in .

¹⁷Questo significa che la soluzione del polinomi caratteristico ha molteplicità 1

7.2.2 Indice di Seeley

Un altro passo fondamentale verso il ranking spettrale fu fatto mezzo secolo dopo da John R. Seeley, il quale non era al corrente del lavoro fatto da Landau: notò che gli indici basati su somme di righe o colonne non avevano chissà quale significato a causa del fatto che non prendevano in considerazione l'importante fatto che bisogna piacere a chi piace a molti, e così via. In altre parole, un indice di importanza, di centralità o di autorità, dovrebbe essere definito in maniera *ricorsiva*, così che il mio punteggio sia uguale alla somma dei punteggi di tutti quelli che mi sostengono. In notazione matriciale

$$\mathbf{r} = \mathbf{r}M$$

Ovviamente, ciò non è sempre possibile. A ogni modo, Seeley, considera una matrice non negativa senza matrici nulle e normalizza le righe così che abbiamo norma l_1 unitaria (e.g. dividi ogni entry per la somma sulla riga cui appartiene); le sue righe hanno sempre entry diverse da 0, quindi è sempre possibile, e l'equazione indicata sopra ha soluzione, questo perchè $M\mathbf{1}^T = \mathbf{1}^T$. Dunque 1 è autovalore di M , e il suo / i suoi autvettore(i) sinistro(i) fornisce(ono) soluzioni per l'equazione. L'unicità è una questione più complicata che Seeley non discute e che può essere facilmente analizzata impiegando la teoria di Perron-Frobenius, che mostra anche che 1 è il raggio spettrale, quindi \mathbf{r} è un autovettore dominante, e vi sono soluzioni positive¹⁸.

È interessante notare che le motivazioni dei due lavori citati (Landau e Seeley) sono profondamente diverse: il primo era interessato al limite di un processo iterato per migliorare un punteggio, e definisce il limite ricorsivamente; Seeley vuole definire direttamente un punteggio ricorsivo.

La matrice risultante dal processo di normalizzazione l_1 è stocastico, quindi il punteggio può essere interpretato come uno stato terminale di una catena di Markov. In particolare, se il grafo sottostante è simmetrico allora l'indice di Seeley collassa al degree (normalizzato) a causa del noto carattere della distribuzione stazionaria nel caso di una camminata casuale all'interno di un grafo simmetrico.

Anche l'indice di Seeley non gestisce molto bene la mancanza di connettività forte: gli unici nodi con un punteggio non zero sono quelli che appartengono a componenti terminali che non sono formate da un singolo nodo di outdegree 0.

7.2.3 Indice di Katz

Katz ha introdotto il suo celebre indice usando la somma su tutti i percorsi entranti in un nodo, ma pesando ciascun cammino di modo che la somma avesse un valore finito. L'indice di Katz può essere espresso come

$$\mathbf{k} = \mathbf{1} \sum_{i=0}^{\infty} \beta^i A^i \quad (10)$$

¹⁸In realtà, Seeley espone l'intera questione in termini di equazioni lineari. Il calcolo matriciale viene impiegato solamente per risolvere un sistema lineare tramite la regola di Cramer

grazie alle interazioni tra le potenze della matrice di adiacenza e del numero di cammini che collegano due nodi. Perchè la somma sia positiva è necessario che il fattore di attenuazione β_i sia di valore minore di $1/\lambda_0$, dove λ_0 è autovalore dominante di A .

Katz notò immediatamente che l'indice poteva essere espresso usando operatori classici dell'algebra lineare:

$$\mathbf{k} = \mathbf{1}(1 - \beta A)^{-1} \quad (11)$$

una semplice generalizzazione (consigliata da Hubbell in) rimpiazza il vettore $\mathbf{1}$ con un vettore di preferenze \mathbf{v} affinché i cammini vengano pesati in maniera differente sulla base del nodo di partenza.

7.3 PageRank

PageRank é una delle centralità spettarli oggi in uso piú discusse, essenzialmente sembrerebbe essere usata all'interno dell'algoritmo di ranking di Google¹⁹. Per definizione PageRank é l'unico vettore \mathbf{p} soddisfacente

$$\mathbf{p} = \alpha \mathbf{p} \bar{A} + (1 - \alpha) \mathbf{v} \quad (12)$$

Dove \bar{A} é ancora la matrice di adiacenza del grafo l_1 -normalizzata, $\alpha \in [0 \dots 1]$ é un *damping factor*, come quello visto per l'indice di Katz, \mathbf{v} é un vettore di preferenza (che deve essere una distribuzione). Questa definizione appare nel paper di Brin e Page su Google ; gli autori affermano che il punteggio ricavato con PageRank é una distribuzione di probabilità sulle pagine del web, ciò significa che ha norma l_1 unitaria, ma non é necessariamente vero se A ha righe nulle. Successivi articoli scientifici hanno provato a patchare la matrice \bar{A} per renderla stocastica, il che avrebbe garantito $\|\mathbf{p}\|_1 = 1$. Una soluzione comune é quella di andare a rimpiazzare ogni riga nulla con il vettore di preferenza \mathbf{v} stesso, ma altre soluzioni sono state proposte (e.g. aggiungere un ciclo a tutti i nodi che di outdegree 0), portando a diversi punteggi. Questo problema non é certamente accademico, dato che nella maggior parte degli snapshot del web una parte significativa dei nodi avrà sempre outdegree zero (sono noti come *dangling nodes*).

É interessante notare, a ogni modo, che nel preprint scritto in collaborazione con Motwani e Winograd e comunemente citato come definizione di PageRank . Brin e Page stessi proposero una ricorrenza lineare diversa ma essenzialmente equivalente a quella dell'indice di Hubbell , e dichiararono che \bar{A} poteva avere righe nulle, nel qual caso l'autovalore dominante di \bar{A} sarebbe potuto essere piú piccolo di 1, dunque un processo di normalizzazione sarebbe stato necessario per ottenere norma l_1 pari a 1.

L'equazione (12) può essere risolta anche senza patch, infatti

$$\mathbf{p} = (1 - \alpha) \mathbf{v} (1 - \alpha \bar{A})^{-1} \quad (13)$$

¹⁹Il lettore dovrebbe essere a conoscenza, a ogni modo, del fatto che la letteratura riguardante l'efficacia di PageRank nel campo dell'information retrieval é alquanto povera, ed é composta essenzialmente di risultati negativi quali e

dunque

$$\mathbf{p} = (1 - \alpha)\mathbf{v} \sum_{i=0}^{\infty} \alpha^i \bar{A}^i$$

Il che mostra immediatamente che PageRank e l'indice di Katz differiscono semplicemente per il fattore $1 - \alpha$ che, tra l'altro, é costante e per il la l_1 -normalizzazione applicata alla matrice A , similmente alla differenza tra l'autovettore dominante e l'indice di Seeley.

Se A non ha righe nulle, o \bar{A} é stata patchata di modo da essere stocastica, PageRank puó essere definito in modo equivalente alla distribuzione stazionaria (i.e. l'autovettore dominante) della catena di Markov con matrice di transizione

$$\alpha \bar{A} + (1 - \alpha)\mathbf{1}^T \mathbf{v}$$

che é analoga all'equazione (11). Del Corso, Gullí e Romani hanno mostrato che i punteggi risultanti (che hanno sempre norma l_1 unitaria) differiscono dal vettore PageRank definito in (12) solo per un fattore di normalizzazione, a patto che le righe nulle della matrice di transizione della catena di Markov siano state rimpiazzate con \mathbf{v} . Se A non avesse righe null, i punteggi sono, ovviamente, identici in quanto l'equazione (13) puó essere facilmente derivata dalla matrice di transizione di cui sopra.

Entrambe le definizioni sono state utilizzate in letteratura: la ricorrenza lineare mostrata in (12) é particolarmente utile qualora vi sia bisogno di dipendenza lineare da \mathbf{v} come in .La definizione basata su catene di Markov non é meno comune, nonostante il problema di dover patchare le righe nulle.

8 Una nozione astratta di sistema per il reperimento di informazioni

Nella sua accezione più generale, un sistema di reperimento di informazioni (*information retrieval system*) è dato da una collezione documentale D (insieme di documenti) di dimensione N , da un insieme Q di interrogazioni, e da una funzione di ranking $r : Q \times D \rightarrow \mathbb{R}$ che assegna a ogni coppia data da un'interrogazione e un documento, un punteggio (un numero reale). L'idea è che a fronte di un'interrogazione, a ogni documento viene assegnato un punteggio: i documenti con punteggio nullo non sono considerati rilevanti, mentre quelli a punteggio non nullo sono tanto più rilevanti quanto più il punteggio è alto.

Fissata un'interrogazione q il sistema assegna un rango (cioè una graduatoria) tra i documenti rilevanti, ordinandoli per punteggio; il rango è essenziale per restituire i documenti in un ordine specifico, in particolare quando la collezione documentale è di grandi dimensioni.

I criteri per assegnare punteggi si dividono in *endogeni* ed *esogeni*. I due termini (non completamente formali) distinguono punteggi che utilizzano il contenuto del documento (cioè l'interno) da quelli che utilizzano la struttura esterna (per esempio, il grafo dei collegamenti ipertestuali tra i documenti). I criteri si dividono ulteriormente in *statici* (o indipendenti dall'interrogazione) e *dinamici* (o dipendenti dall'interrogazione). Nel primo caso, il punteggio assegnato a ciascun documento è fisso. Tutte le misure di centralità che abbiamo discusso possono essere utilizzate come punteggi esogeni, e quindi ci concentreremo su quelli endogeni.

La valutazione di un *information retrieval system* è basata sull'assunzione che a ogni interrogazione q sia assegnato un insieme di documenti *rilevanti* - quelle che un ipotetico utente considererebbe risposte valide all'interrogazione stessa. Il concetto può essere raffinato assumendo un ordine (totale o parziale) sui documenti rilevanti, che deve essere il più possibile coincidente con il punteggio assegnato dal sistema.

9 Punteggi endogeni

I punteggi endogeni utilizzano il contenuto di un documento. Possono essere statici o dinamici (quindi dipendere o meno dall'interrogazione). Ci occuperemo dei metodi piú classici, che si basano su un'interrogazione espressa come *bag of words*. In questo modello, un'interrogazione é semplicemente un insieme di termini: non ci sono operatori booleani. Di solito viene utilizzata un'interpretazione implicita *disgiunta* (i documenti rilevanti sono quelli che contengono almeno uno dei termini), ma é anche possibile seguire un'interpretazione congiunta.

Il criterio piú banale per assegnare un punteggio a un documento é quello di *conteggio*: assegnamo a un documento il punteggio dato dalla somma dei conteggi dei termini dell'interrogazione che compaiono nel documento stesso. In questo modo, i documenti in cui i termini compaiono piú di frequente avranno un punteggio elevato (questo perché se contengono con alta frequenza un termine desiderato devono essere piú rilevanti). Se $c_{t,d}$ é il conteggio per un certo termine in un certo documento e Q é l'insieme dei termini contenuti nella query, in formule

$$r(d) = \sum_{t \in Q} c_{t,d}$$

Il conteggio é un metodo molto primitivo: innanzitutto si presta molto facilmente a manipolazione. Inoltre non tiene conto del fatto che alcuni termini occorrono con grande frequenza non perché rilevanti, ma perché altamente frequenti all'interno di ogni documento. Per esempio, nell'interrogazione "Romeo e Giulietta" il metodo di conteggio valuterá in maniera estremamente positiva documenti contenenti un gran numero di "e", ignorando il fatto che potrebbero essere semplicemente documenti molto lunghi riguardanti tutt'altro.

Per ovviare a questi inconvenienti sono stati sviluppati degli *schemi di pesatura* che aggiustano il punteggio assegnato a ogni termine in ogni documento in modo da ovviare agli inconvenienti del conteggio.

Il primo e piú classico metodo é TF/IDF (*term frequency / inverse term frequency*). Esso normalizza il conteggio dividendolo per il massimo conteggio all'interno del documento o per la lunghezza del documento stesso, e inoltre lo attenua moltiplicandolo per l'inverso della frequenza del termine, o, piú frequentemente, per il logaritmo del numero di documenti diviso per la frequenza (cioé per il logaritmo dell'inverso della frequenza in senso probabilistico). Se l é la lunghezza de documento e f é la frequenza di t nella collezione documentale, in formule

$$r(d) = \frac{c_{t,d}}{l} \log\left(\frac{N}{f}\right)$$

Come accennato, al posto di l é possibile utilizzare il massimo conteggio di un termine che compare in d . Sono possibili molte altre varianti (come applicare un logaritmo a $c_{t,d}$).

Tornando all'esempio precedente, il termine "e" comparirá in quasi tutti i documenti, e verrá quindi pressoché ignorato dallo schema TF/IDF, dato che $N/f \approx 1$. La normalizzazione sulla lunghezza del documento, per contro, cerca

di tenere conto del fatto che in documenti lunghe é naturale che un termine compaia piú volte. Si noti che, comunque, il termine di conteggio compare in maniera lineare, ed é quindi facilmente soggetto a manipolazione.

Lo studio degli schemi di pesatura é parte arte, parte scienza e parte magia. Numerosi schemi sono stati inventati in maniera puramente euristica, e si sono dimostrati efficaci alla prova dei fatti. Uno degli schemi piú celebri é BM25 (stando agli autori, il 25-esimo tentativo), uno schema di pesatura basato sul *modello probabilistico*. BM25 pesa un termine come segue

$$\frac{(1 + k_1)c_{t,d}}{k_1((1 - b) + bl/L) + c_{t,d}} \log \left(\frac{N - f + 0.5}{f + 0.5} \right)$$

dove b e k_1 sono dei parametri liberi che devono essere tarati sulla collezione documentale, e l é la lunghezza media di un documento nella collezione. La parte dentro al logaritmo é una versione del punteggio IDF. Si noti che la formula non é piú lineare in c . In effetti, la formula cresce monotonicamente in c , ma ha limite asintotico $k_1 + 1$ (quindi un numero eccessivo di ripetizioni del termine non influisce piú di tanto).

Si noti che se $k_1 = 0$ la forma si riduce alla parte IDF, mentre per k_1 molto grande la formula é approssimativamente lineare in c (nelle applicazioni reali k_1 é in genere tra 1 e 3).

Il termine b serve a controllare l'influenza della lunghezza del documento rispetto alla lunghezza media.

References

- [Blo70] Burton H. Bloom. Space-time trade-offs in hash coding with allowable errors. *Communications of the ACM*, 13(7):422–426, 1970.
- [Cha02] Moses Charikar. Similarity estimation techniques from rounding algorithms. *In STOC*, pages 380–388, 2002.
- [Ghe08] Jeffrey Dean Sanjay Ghemawat. Mapreduce: Simplified data processing on large clusters. *Commun. ACM*, 51(1):107–113, 2008.
- [Naj99] Allan Heydon Marc Najork. Mercator: A scalable, extensible web crawler. *World Wide Web*, pages 219–229, December 1999.
- [O’N96] Patrick O’Neil Edward Cheng Dieter Gawlick Elizabeth O’Neil. The log-structured merge-tree (lsm-tree). *Acta Informatica*, 33(4):351–385, 1996.
- [Sar07] Gurmeet Singh Manku Arvind Jain Anish Das Sarma. Detecting near-duplicates for web crawling. *In Proceedings of the 16th international conference on World Wide Web*, pages 141–150, 2007.
- [Sin10] Felix Putze Peter Sanders Johannes Singler. Cache-, hash-, and space-efficient bloom filters. *Journal of Experimental Algorithmics (JEA)*, 14, 2010.