

Analyse, Design, Entwicklung und Evaluation eines  
selbstkonfigurierenden Entity Resolution Frameworks  
für Streaming-Daten

---

Kevin Sapper

*04.03.2017*

Version: 0.3



Hochschule RheinMain



Hochschule **RheinMain**

DCSM - Design Informatik Medien  
Informatik (M.Sc.)

Masterarbeit

**Analyse, Design, Entwicklung und Evaluation eines  
selbstkonfigurierenden Entity Resolution Frameworks für  
Streaming-Daten**

Kevin Sapper

*Referent*      **Prof. Dr. Adrian Ulges**  
Hochschule RheinMain  
DCSM - Design Informatik Medien

*Koreferent*    **Prof. Dr. Reinhold Kröger**  
Hochschule RheinMain  
DCSM - Design Informatik Medien

*Betreuer*      **Thomas Strauß**  
Universum Group

04.03.2017

**Kevin Sapper**

*Analyse, Design, Entwicklung und Evaluation eines selbstkonfigurierenden Entity Resolution Frameworks  
für Streaming-Daten*

Masterarbeit, 04.03.2017

Referenten: Prof. Dr. Adrian Ulges und Prof. Dr. Reinhold Kröger

Betreuer: Thomas Strauß

**Hochschule RheinMain**

Informatik (M.Sc.)

DCSM - Design Informatik Medien

Kurt-Schumacher-Ring 18

65197 Wiesbaden

## Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Grundlagen</b>	<b>3</b>
2.1	Entity Resolution . . . . .	3
2.2	Blocking . . . . .	6
2.2.1	Statisches Blocking . . . . .	6
2.2.2	Dynamisches Blocking . . . . .	10
2.2.3	Blocking Schema . . . . .	15
2.3	Ähnlichkeitsmaße . . . . .	17
2.4	Klassifikatoren . . . . .	21
2.4.1	Distanzbasierende Verfahren . . . . .	21
2.4.2	Überwachtes bzw. semi-überwachtes Lernen . . . . .	23
2.4.3	Aktives Lernen . . . . .	25
2.5	Messen von Qualität- und Komplexität . . . . .	25
2.5.1	Qualitätsmaße . . . . .	28
2.5.2	Effizienzmaße . . . . .	30
2.6	Datensätze . . . . .	31
2.6.1	CORA . . . . .	32
2.6.2	Abt-Buy & Amazon-GoogleProducts . . . . .	32
2.6.3	DBLP-ACM & DBLP-Scholar . . . . .	32
2.6.4	Restaurant . . . . .	33
2.6.5	NCVR . . . . .	33
2.6.6	Febrl . . . . .	33
<b>3</b>	<b>Analyse</b>	<b>35</b>
3.1	DySimII . . . . .	35
3.1.1	Problem: DNF-Blocking . . . . .	35
3.1.2	Problem: Kandidatenmenge . . . . .	35
3.2	Problem: Weak Labels . . . . .	36
3.3	Ähnlichkeitsmetriken . . . . .	36
3.3.1	Edit-distance . . . . .	36
3.4	Berechnung der Metriken für Real-time ER . . . . .	37
<b>4</b>	<b>Selbstkonfigurierendes System</b>	<b>39</b>
4.1	Engine . . . . .	39

4.1.1	Vorverarbeitung . . . . .	41
4.1.2	Fit-Phase . . . . .	42
4.1.3	Build-Phase . . . . .	44
4.1.4	Query-Phase . . . . .	46
4.1.5	Nachverarbeitung . . . . .	47
4.2	Komponenten . . . . .	47
4.2.1	Label Generator . . . . .	47
4.2.2	Blocking Schema Generator . . . . .	49
4.2.3	Indexer . . . . .	50
	<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>53</b>
	<b>Abbildungsverzeichnis</b>	<b>57</b>
	<b>Auflistungsverzeichnis</b>	<b>59</b>
	<b>Tabellenverzeichnis</b>	<b>61</b>
	<b>Erklärung</b>	<b>63</b>

# Einleitung

[TODO Einleitung schreiben! Aktueller Text nur Lorem Ipsum]

Im Rahmen der Thesis soll ein Entity Resolution Framework für Datensatzströme entstehen. Als Basis soll ein (Event) Stream Processing Framework genutzt werden. Das Framework soll eine Reihe von Matchern, sowie Kombinationsfunktionen der Matcher unterstützen. Hauptaugenmerk ist jedoch die Skalierbarkeit. Gelöst werden soll das Data Skew Problem bei verschiedenen Blocking Strategien. Eine weitere Schwierigkeit ist, dass die Datenmenge nicht statisch ist, sondern neue Datensätze jederzeit hinzukommen können. Beim Erweitern des Suchraums soll beachtet werden, dass kein Data Skew auftritt. Dadurch soll vermieden werden, dass der Durchsatz innerhalb des Clusters signifikant sinkt. Idealerweise soll der Durchsatz, sowie die Qualität der Suchergebnisse, mit bereits bekannten Veröffentlichungen verglichen werden. Das Framework soll dabei kein Domainwissen eines bestimmten Entitätstypen berücksichtigen.

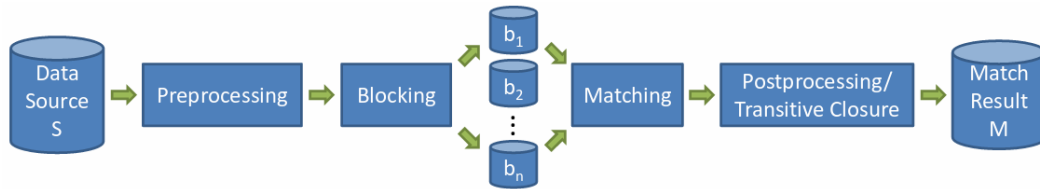




## 2.1 Entity Resolution

Die Methoden zur Duplikatserkennung stammen ursprünglich aus dem Gesundheitsbereich und wurden erstmal 1969 von Felegi & Sunter [1] formal formuliert. Je nach Fachgebiet gibt es unterschiedliche Fachbegriffe. Statistiker und Epidemiologen sprechen von *record* oder *data linkage*, während Informatiker das Problem unter *entity resolution*, *data* oder *field matching*, *duplicate detection*, *object identification* oder *merge/purge* kennen. Identifiziert werden sollen dabei beliebige Entitäten, welche oft in Form von Datensätzen einer Datenbank vorliegen. Die Schwierigkeit dabei ist allerdings, dass Entitäten nicht durch ein einzigartiges Attribut identifiziert werden können, beispielsweise Produkte, bibliografische Einträge oder selbsterfasste Onlineauskünfte. Zudem sind die Datensätze oft fehlerhaft, beispielsweise durch Rechtschreibfehler, welche durch Tippfehler, Hörfehler oder OCR-Fehler entstehen. Eine andere Fehlerquelle sind unterschiedliche Konventionen, beispielsweise bei Endungen von Strassennamen *strasse*, *straße* oder *str.* Auch denkbar sind Fehler aufgrund von Betrug. Die Methoden zur Entity Resolution (ER) vergleichen meist eine oder mehrere Datenbanken, indem Datensatzpaare gebildet werden. Als Ergebnis wird eine Menge von übereinstimmenden Datensatzpaaren, d.h. zwei Datensätze, welche die selbe Entität beschreiben, geliefert. Damit eine Übereinstimmung zwischen zwei oder mehr Entitäten festgestellt werden kann, müssen diese verglichen werden und ein Ähnlichkeitswert (engl. similarity score) bestimmt werden. Dieser Ähnlichkeitswert gibt die Intensität der Übereinstimmung an. Das ER Problem wird Formal von Köpcke & Rahm in [2] folgendermaßen beschrieben. Gegeben sind zwei Mengen von Entitäten  $A \in S_A$  und  $B \in S_B$  zweier Datenquellen  $S_A$  und  $S_B$ , welche semantisch dem selben Entitätstypen entsprechen. Das ER Problem ist es, alle Übereinstimmungen in  $A \times B$  zu finden, welche derselben Entität entsprechen. Als Spezialfall ist dabei die Suche in einer Datenquelle  $A = B, S_A = S_B$  zu betrachten. Eine Übereinstimmung  $u = (e_i, e_j, s)$  verknüpft zwei Entitäten  $e_i \in S_A$  und  $e_j \in S_B$  mit einem Ähnlichkeitswert  $s \in [0, 1]$ .

In der klassischen Variante arbeitet Entity Resolution auf statischen Daten, d.h. das während des ER-Prozesses keine neuen Daten hinzukommen. Hierbei werden die zwei Disziplinen Deduplizierung und Entity-Linking unterschieden. Die Deduplizierung wird auf einer Datenquelle durchgeführt und hat den Zweck alle Duplikate in dieser Datenquelle zu finden. Anschließend werden die gefundenen Duplikate automatisch oder manuell



**Abbildung 2.1** Vereinfachter Entity Resolution Workflow aus [3]. Die Datenquelle  $S$  wird vorverarbeitet und in kleinere Submengen gegliedert. Innerhalb dieser werden Datensatzpaare miteinander verglichen und paarweise bestimmt, ob diese der selben Entität entsprechen. Abschließend werden aus Paaren Gruppen von Duplikaten ermittelt und als Ergebnisse  $M$  geliefert.

zusammengeführt. Entity Linking hingegen wird auf mindestens zwei verschiedenen Datenquellen durchgeführt. Das Ziel ist es, nicht Duplikate zusammenzuführen, sondern Entitäten zwischen den Datenquellen zu verlinken. Damit die Links eindeutig sind, wird vorausgesetzt, dass die einzelnen Datenquellen dedupliziert sind.

Die Ausführung der Vergleichsmethoden ist enorm teuer, da diese das Kreuzprodukt zweier Mengen bilden müssen. Dies führt zu einer quadratischen Komplexität bei einem Vollvergleich, welcher dafür sorgt, dass bei großen Datenmengen die Ausführungszeit unakzeptabel lang wird. Um die Ausführungszeit zu reduzieren wird versucht den Suchraum auf die wahrscheinlichsten Duplikatsvorkommen zu begrenzen. Diese Vorgehen werden als Blocking oder Indexing bezeichnet.

Abbildung 2.1 zeigt einen vereinfachten typischen Entity Resolution Workflow. Zunächst werden die Datensätze einer Datenquelle  $S$  vorverarbeitet, um typische Fehler zu entfernen. Dazu gehört das Korrigieren von Rechtschreibfehler, ignorieren von Groß- bzw. Kleinschreibung, beispielsweise durch Konvertierung in Kleinschreibung, und das Ersetzen von bekannten Abkürzungen. Durch die Vorverarbeitung kann die Qualität des Matchings verbessert, indem verhindert wird, dass offensichtliche Abweichungen den Ähnlichkeitswert beeinflussen. Der nächste Schritt, das Blocking, teilt die Gesamtmenge in Submengen  $b_1, b_2, \dots, b_n$  zur Reduzierung der Gesamtkomplexität, da nur die jeweiligen Blöcke voll verglichen werden. In Abschnitt 2.2 werden detailliert verschiedene Blockingverfahren erläutert. Auf das Blocking folgt das Matching, hierbei werden innerhalb der Submengen von Datensatzpaaren Ähnlichkeitswerte bestimmt. Die Möglichkeiten der Ähnlichkeitsbestimmung werden in Abschnitt 2.3 beschrieben. Anhand der Ähnlichkeitswerte wird anschließend für jedes Datensatzpaar entschieden, ob es sich um ein Match, beide Datensätze beschreiben dieselbe Entität, oder ein Non-Match, die Datensätze beschreiben unterschiedliche Entitäten, handelt. Diese Klassifikation wird genauer in Abschnitt 2.4 erklärt. Abschließend findet noch die Berechnung der transitiven Hülle statt, um beispielsweise aus Paaren von Matches Gruppen zu bilden, welche derselben Entität entsprechen  $M = (a, b), (b, c) \implies M = (a, b, c)$ .

Laut Köpcke & Rahm [2] gibt es keine Methode zur Entity Resolution, welche allen anderen überlegen ist. Vielmehr ist der Erfolg unterschiedlicher Methoden domänenabhängig. Deshalb wurde Anfang der 00er Jahre begonnen Frameworks zu entwickeln, welche verschiedene Methoden miteinander kombinieren. Einen Vergleich dieser Frameworks wurde durch Köpcke & Rahm [2] durchgeführt. Ein Framework besteht hierbei aus verschiedenen Matchern. Ein Matcher ist dabei ein Algorithmus, welcher die Ähnlichkeit zweier Datensätze ermittelt. Köpcke & Rahm unterscheiden zwischen attributs- und kontextbasierenden Matchern. Als Kontext bezeichnen Sie die semantische Beziehung bzw. Hierarchie zwischen den Attributen, beispielsweise in Graphstrukturen, welche es erlauben Ähnlichkeitswerte über Kanten zu propagieren. Um die Matcher miteinander zu kombinieren nutzen die Frameworks mindestens eine Matching Strategie. Durch die Match-Strategie werden verglichene Datensatzepaare in die Mengen Matches und Non-Matches klassifiziert.

Ein Großteil der Forschung in Entity Resolution konzentriert sich auf die Qualität der Vergleichsergebnisse. Die von Köpcke & Rahm verglichenen Frameworks konzentrieren sich alle darauf zwei statische Mengen zu miteinander vergleichen. Bei großen Datenmengen kann dies durchaus mehrere Stunden dauern. Daher gibt es in den letzten Jahren einige Ansätze und Frameworks, welche MapReduce Algorithmen zum Skalieren nutzen [4]. Einen Ansatz die Laufzeit für Anwendungen mit Laufzeitanforderungen zu optimieren präsentieren Whang et al. [6]. Anstatt eine Übereinstimmungsmenge nach Abschluss eines Algorithmus zu liefern, zeigen Sie Möglichkeiten partielle Ergebnisse während der Laufzeit des Algorithmus zu erhalten. Dabei modifizieren Sie die Blockingalgorithmen so, dass zunächst die wahrscheinlichsten Kandidaten miteinander verglichen werden. Dabei wird in relativ kurzer Zeit ein Großteil der Duplikate gefunden.

Neben den statischen Verfahren gibt es zunehmend Bedarf an dynamischen Verfahren. Dynamisch bedeutet hier, dass während der Laufzeit neue Datensätze hinzugefügt werden können. Das Finden gleicher Entitäten erfolgt dabei auf Anfrage, weshalb die gesamte Datenmenge vorab nicht bekannt ist. Beispielsweise müssen Kreditauskunfteien auf Anfrage prüfen, ob ein Kunde kreditwürdig ist. Dazu müssen die passenden Entitäten möglichst schnell gefunden werden, um eine Entscheidung treffen zu können. Zudem ist es notwendig eine Historie der unveränderten Anfragen aller Entität vorzuhalten, da diese Beweise über frühere Anfragen liefern. Ramadan et al. [7] formulieren die Problemstellung für dynamische ER-Verfahren folgendermaßen. Für jeden Anfragedatensatz  $q_j$  eines Anfragestroms  $Q$  sollen alle Datensätze  $M_{q_j}$  in  $R$  gefunden werden, welche dieselbe Entität wie  $q_j$  beschreiben.

$$M_{q_j} = \{r_i | r_i.eid = q_j.eid, r_i \in R\}, M_{q_j} \subseteq R, q_j \in Q,$$

{#eq:dyer} wobei  $eid$  ein eindeutiger Identifier einer Entität ist, welcher so nicht existiert. Die Herausforderung für dynamische ER-Verfahren ist weiter nach Ramadan et al.

Indexing-Verfahren zu entwickeln, welche es erlauben den Index dynamische zu erweitern und eine kleine Zahl qualitativer Ergebnisse in nahe Echtzeit (Subsekundenbereich) zu liefern. Ein dynamisches ER System ist ähnlich einer Suchmaschine, doch anstatt einer gewerteten Liste möglicher Treffer, soll es alle gleichen Entitäten finden, welche zur Anfrage passen. Das bedeutet insbesondere, dass die Anfrage die gleiche Datenstruktur haben muss, wie die zu durchsuchende Datenquelle. Zudem kann eine Anfrage während der Abfrage als neuer Datensatz aufgenommen werden. Erste Ergebnisse Entity Resolution in nahe Echtzeit zu erreichen, präsentieren Christen & Gayler in [8], unter Verwendung von Inverted Indexing Techniken, welche normalerweise bei der Websuche Anwendung finden. Die dynamischen Verfahren werden in Abschnitt 2.2.2 behandelt.

## 2.2 Blocking

Blocking dient der Reduzierung der quadratischen Komplexität eines ER Verfahrens. Im Folgenden werden Verfahren unterschieden, die entwickelt wurden, um auf statischen oder dynamischen Datenquellen angewandt zu werden.

### 2.2.1 Statisches Blocking

Für die Duplikatserkennung in zwei Datenquellen  $A$  und  $B$  sind  $|A| \cdot |B|$  Paarvergleiche notwendig. Bei einer einzelnen Datenquelle  $A$  müssen  $\frac{1}{2} \cdot |A| \cdot (|A| - 1)$  Vergleiche durchgeführt werden. In beiden Fällen ist die Anzahl der Vergleiche quadratisch zur Eingabemenge [3]. In der Studie [9] zeigen Köpcke et al., dass das kartesische Produkt für große Datenmengen nicht skaliert. Aus diesem Grund reduzieren moderne Entity Resolution Frameworks den Suchraum auf die wahrscheinlichsten Kandidaten, die sogenannten Match-Kandidaten. Diese Methoden zur Reduzierung des quadratischen Suchraum werden übergreifend als Blockingmethoden bezeichnet. Neben Blocking werden auch Windowing- und Indexing Verfahren eingesetzt. Während Blockingverfahren die Anzahl der notwendigen Vergleiche drastisch reduzieren, indem Non-Matches ausgeschlossen werden, besteht dennoch die Gefahr, dass fälschlicherweise tatsächliche Matches ausgefiltert werden. Daher ist es notwendig die Güte des Blockingverfahrens zu bestimmen. Dazu werden zwei Kennziffern erhoben. Zum einen die *Reduction Ratio*, welche die Reduzierung der Vergleiche im Gegensatz zum Kartesischen Produkt ausdrückt, sowie die *Pairs Completeness*, welche den Anteil der tatsächlich ausgewählten Duplikate, die sich nach dem Blocking in der Kandidatenmenge befinden, beschreibt. Eine detaillierte Beschreibung der Komplexitätsmaße für Blocking wird in Abschnitt 2.5 vorgenommen.

Prinzipiell erfolgt Blocking entweder durch Gruppierung oder Sortierung. Dadurch sollen sich mögliche Duplikate in der "Nähe" voneinander einfinden. Zur Durchführung der Gruppierung oder Sortierung müssen sog. Block- bzw. Sortierschlüssel für jeden

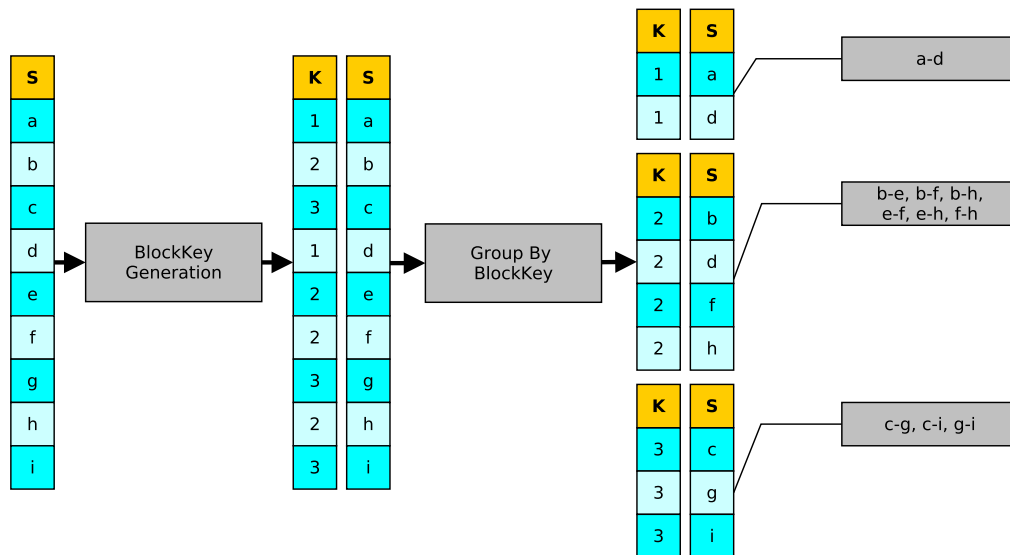
Datensatz erzeugt werden. Diese Schlüssel werden von den Attributswerten oder einem Teil der Attributswerte abgeleitet und stellen eine Signatur des Datensatzes dar. Eine beliebte Variante für Schlüssel sind etwa phoenitische Enkodierung.

### Standard Blocking

Standard Blocking ist eine der ersten und populärsten Blockingmethoden [1]. Die Idee des Verfahrens ist eine Menge von Datensätzen in disjunkte Partitionen (genannt Blöcke) zu teilen. Anschließend werden nur die Datensätze des jeweiligen Blocks miteinander verglichen. Dazu wird jedem Datensatz ein Blockschlüssel zugeordnet. Die Qualität des Blockingverfahrens hängt daher maßgeblich vom gewählten Blockschlüssel ab, da dieser die Anzahl und Größe der Partitionen bestimmt. In einer Menge von Personen ist ein schlechter Blockschlüssel etwa das Geschlecht. Da dieser die Menge lediglich in zwei große Partitionen teilt. Ein besserer Blockschlüssel ist beispielsweise die Postleitzahl oder die ersten Ziffern der Postleitzahl [10]. Abbildung 2.2 zeigt die Ausführung des Blockingverfahrens beispielhaft an einer Datenquelle  $S$ . Zunächst wird jedem Datensatz (a - i) ein Blockschlüssel (hier 1, 2, 3) zugeordnet. Anschließend wird anhand dieses Schlüssels gruppiert. Die Größe der einzelnen Blöcke bestimmt die Reduktion Ratio. Diese hängt allerdings immer von der Datenquelle ab und kann daher nicht pauschalisiert werden. Bei der Generierung der Blockschlüssel können fehlerhafte Werte einzelner Attribute dazu führen, dass Duplikate in unterschiedlichen Blöcken landen. Damit diese Duplikate dennoch gefunden werden, kann für jeden Datensatz mehrere Blockschlüssel, anhand unterschiedlicher Attribute, generiert werden. Dieser Ansatz nennt sich Multi-pass Blocking [3]. Im Folgenden werden mit Q-gram Indexing und Suffix Array Indexing zwei Verfahren diskutiert, die ein unscharfes Matching der Schlüssel erlauben und dadurch etwa Tippfehler auflösen können.

### Q-gram Indexing

Das Q-gram Indexing basiert auf der Idee Datensätze unterschiedlicher aber ähnlicher Blockschlüssel miteinander zu vergleichen. Ein Blockschlüssel wird dazu in eine Liste  $G$  von q-Grammen überführt. Ein q-Gram ist ein Substring der Länge  $q$  des ursprünglichen Blockschlüssels. Beispielsweise erzeugt  $q = 2$  angewendet auf den Blockschlüssel **banana** die Liste  $G = ba, an, na$ . Alle Kombinationen der q-Gram Liste mit einer Mindestlänge  $l = \max(1, \lfloor \#G \cdot t \rfloor)$  werden konkateniert und dienen als Schlüssel der Blöcke, wobei  $t$  ein Schwellwert zwischen 0 und 1 ist. Für  $t = 0.9$  werden die Sublisten  $(ba, an)$ ,  $(ba, na)$ ,  $(an, na)$ ,  $(ba, an, na)$  der Längen 2 und 3 gebildet. Dabei werden Datensätze mehreren Blöcken zugewiesen. Dieses Verfahren kann als Alternative zum Multi-pass Verfahren beim Standard Blocking genutzt werden. Ist  $t = 1$  wird lediglich ein Blockschlüssel erzeugt, was dem Standard Blocking entspricht. Der große Nachteil ist der hohe Aufwand bei der Berechnung aller möglichen Sublisten. Ein Blockschlüssel



**Abbildung 2.2** Beispielhafte Standard Blocking Ausführung nach [3]. Für jeden Datensatz in  $S$  wird ein Blockschlüssel  $K$  erzeugt. Anhand dessen werden Blöcke erzeugt und innerhalb der Blöcke werden Paare gebildet.

mit  $n$  Zeichen muss in  $k = n - q + 1$   $q$ -Gramme zerlegt werden. Insgesamt müssen dadurch  $\sum_{i=\max\{1, [k \cdot t]\}}^k \binom{k}{i}$  Sublisten berechnet werden [11].

### Suffix Array Indexing

Das Suffix Array Indexing [12] leitet, ähnlich wie Q-gram Indexing, mehrere Schlüssel aus einem Blockschlüssel ab. Grundidee ist es alle Suffixe mit einer Mindestlänge von  $l$  zu bestimmen. Ein Datensatz mit Blockschlüssellänge  $n$  wird in  $n - l + 1$  Blöcke eingeordnet. Ist  $n < l$  wird der Ausgangsschlüssel als einziger Schlüssel verwendet. Durch die größere Menge an Kandidatenpaaren ist i.Allg. die *Pair Completeness* höher (vgl. Multi-pass). Zudem ist der Aufwand der Berechnung der Schlüssel im Gegensatz zu Q-grammen deutlich geringer. Im Gegensatz zum Standard Blocking ist die Menge an Kandidatenpaaren jedoch deutlich höher. Dadurch ist auch die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Datensätze unnötigerweise mehrfach miteinander verglichen werden hoch. Deshalb werden aus Blöcken, welche einen bestimmten Schwellwert überschreiten alle Datensätze entfernt, die min. einen weiteren längeren Blockschlüssel haben.

### Sorted Neighborhood

Das Sorted Neighborhood Verfahren, ist ein Sortiervorgang, welches 1995 von Hernández & Stolfo [13] zur Erkennung von Duplikaten in Datenbanktabellen vorgestellt wurde. Es besteht aus drei Phasen. Zunächst bekommt jeder Datensatz einen Sortierschlüssel

zugewiesen. Dabei muss der Sortierschlüssel nicht einzigartig sein. Um die Berechnung des Schlüssels gering zu halten, soll dieser durch Verkettung von Attributen bzw. Teilen der Attribute bestimmt werden. Attribute die vorne im Schlüssel stehen haben dadurch eine höhere Priorität. In der zweiten Phase werden die Datensätze anhand des Schlüssels sortiert. In der dritten Phase wird ein Fenster (engl. Window) über die sortierten Datensätze geschoben und alle Datensätze innerhalb des Windows werden miteinander verglichen. Dieses Verfahren eignet sich besonders gut zur Erkennung von Duplikaten innerhalb einer Datenquelle. Sollen Duplikate in mehreren Datenquellen gefunden werden, müssen die Einträge beim Sortieren gemischt werden. Dadurch besteht allerdings die Gefahr, dass vorrangig Datensätze einer Datenquelle miteinander verglichen werden. Der Vorteil gegenüber dem Standard Blocking ist, dass die Anzahl der Vergleiche lediglich von der Größe der Datenquelle und der gewählten Fenstergröße abhängen. Ein großer Nachteil ist, dass Datensätze die sich in der ersten Stelle des Schlüssels unterscheiden, weit voneinander entfernt sind und dadurch nicht als Matches identifiziert werden. Um dennoch eine hohe Pairs Completeness zu erreichen, werden mehrere Schlüssel pro Datensatz generiert und ein Fenster mit kleiner Größe über die verschieden sortierten Listen geschoben. Dieses Verfahren entspricht im Grunde dem Multi-pass Verfahren beim Standard Blocking.

Ein großes Problem bei der klassischen und der Multi-pass Variante des Sorted Neighborhood Verfahrens ist, dass die zu wählende Fenstergröße  $w$  größer als die Anzahl der Datensätze mit dem am häufigsten vorkommenden Sortierschlüssel sein muss, um eine gute Pair Completeness zu erreichen. Sei  $n$  die Menge an Datensätzen mit dem am häufigsten vorkommenden Schlüssel  $k$  und  $m$  die Menge der Datensätze des darauffolgenden Schlüssels  $k + 1$ , dann ist  $w = n + m$ . Nur dadurch kann sichergestellt werden, dass alle Datensätze aus  $n$  mit den "nahen" Datensätzen aus  $m$  verglichen werden. Da Sortierschlüssel für gewöhnlich nicht gleichverteilt sind, gibt es meist wenige große und viele kleine Mengen an Datensätzen mit dem gleichen Sortierschlüssel. Dadurch werden Datensätze mit seltenen Sortierschlüsseln unnötig oft mit "weit" entfernten Datensätzen verglichen. Zudem dominiert der am häufigsten vorkommenden Schlüssel, genauso wie beim Standard Blocking, die Ausführungszeit des Algorithmus.

In [10] schlagen Draisbach & Naumann eine optimierte Variante des Sorted Neighborhood Verfahrens vor. Dabei zeigen Sie, dass Standard Blocking und Sorted Neighborhood zwei extreme von Überlappungen bei Partitionen sind. Gegeben sind zwei Partitionen  $P_1$  und  $P_2$ , dann ist die Überlappung  $U_{P_1, P_2} = P_1 \cap P_2$  und  $u = |U_{P_1, P_2}|$ . Ihre Idee ist es diese Überlappung zu optimieren. Dabei soll die Überlappung groß genug sein, um tatsächliche Matches zu finden, aber gering genug, um die Menge der Vergleiche zu reduzieren. Zunächst wird wie beim klassischen Verfahren sortiert. Danach werden angrenzende Datensätze in disjunkte Partitionen zerlegt und schließlich wird ein Überlappungsfaktor  $u$  gewählt. Innerhalb jedes Blockes wird analog zum Standard Blocking jeder Datensatz mit jedem anderen verglichen. Innerhalb des



Overlap-Window  $w = u + 1$ , wird jeweils das erste Element mit allen anderen verglichen. Ist  $w = 0$  entspricht das Verfahren dem Standard Blocking und hat jede Partition nur ein Element entspricht es der Sorted Neighborhood Methode. Um zu vermeiden, dass eine Partition dominiert, können größere Partitionen in Subpartitionen geteilt werden.

### Canopy Clustering

Cohen & Richman [14] schlagen ein Clustering-Verfahren zum Blocken, auf Basis von Canopies, vor. Die Idee von Canopy Clustering ist es, Datensätze anhand einer einfachen Vergleichsmetrik in überlappende Cluster (=Canopies) zu partitionieren. Zur Generierung wird eine Kandidatenliste gebildet, welche initial als allen Datensätzen besteht. Dann wird zufällig ein Zentroid eines neuen Clusters gewählt und alle Datensätze innerhalb des Mindestabstandes  $d_1$  zugewiesen. Zusätzlich werden alle Datensätze dieses Clusters mit einem weiteren Mindestabstandes  $d_2 < d_1$  aus der Kandidatenliste entfernt. Dieser Algorithmus wird wiederholt, bis die Kandidatenliste leer ist. Die *Pair Completeness* hängt hierbei stark der gewählten Abstandsfunktion ab. Anschließend werden alle Datensätze eines Cluster miteinander verglichen.

## 2.2.2 Dynamisches Blocking

Für die Duplikatserkennung in einer Datenquelle  $A$ , sind bei einer Anfrage  $|A|$  Vergleiche notwendig. Da dies zu ungewollt hohen Latenzen führen würde, werden auch im dynamischen Fall Blocking Verfahren eingesetzt. Besonders wichtig für dynamische Verfahren ist, dass Anfragen möglichst schnell beantwortet werden. Dies wird erreicht, indem Verfahren einen Teil der Vergleiche vorausberechnen. Des Weiteren sollen die Antwortzeiten möglichst gleich sein, um zu verhindern dass manche Anfragen ein vielfaches länger benötigen. Das bedeutet, dass die Kandidatenpaare die pro Anfrage in Frage kommen möglichst gleich sein müssen.

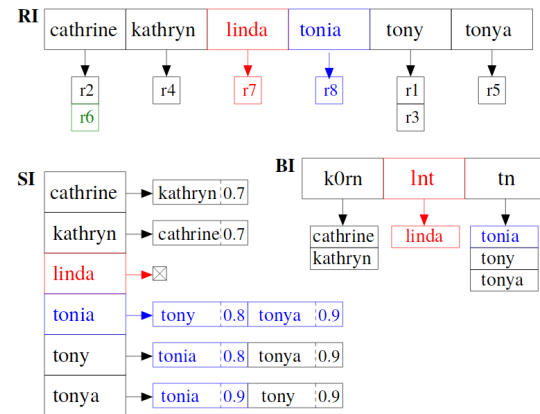
### DySimII

DySimII [15] ist die dynamische Variante des Similarity Aware Index von Christen & Gayler [8], welcher es zusätzlich erlaubt den Index während der Laufzeit zu erweitern. Dabei ist die Grundidee die benötigten Ähnlichkeiten vorauszuberechnen, um während der Laufzeit diese nur nachschlagen zu müssen.

Der Index besteht aus drei Teilen. Dem **Record Identifier Index (RI)**, welcher alle Attribute speichert und diese ihren Datensätzen zuordnet, dem **Block Index (BI)**, welcher Attribute anhand einer Enkodierungsfunktion gruppiert und zuletzt dem **Similarity In-**



Record ID	First name	Double-Metaphone
r1	tony	tn
r2	cathrine	k0rn
r3	tony	tn
r4	kathryn	k0rn
r5	tonya	tn
r6	cathrine	k0rn
r7	linda	lnt
r8	tonia	tn



**Abbildung 2.3** Ein DySimII-Index, welcher aus der Tabelle links erzeugt worden ist. Die Beispieldatensätze enthalten das Namensattribut und eine Double-Metaphone Enkodierung, welche als Blockingschlüssel genutzt wird. **RI** ist der Record Identifier Index, **BI** der Block Index und **SI** der Similarity Index. Das Beispiel ist aus [15] entnommen.

**dex (SI)**, welcher dieselben Schlüssel wie der Record Identifier Index verwendet und die Ähnlichkeiten der Attribute im gleichen Block hält. Abbildung 2.3 zeigt ein Beispiel eines DySimII Index. Im RI wurden die Datensatzidentifier von Tony (r1, r3) und Cathrine (r2, r6) als Attributsübereinstimmung gruppiert. Anschließend wurden im BI über die Double-Metaphone Enkodierung, welche einen identischen String für gleich klingende Wörter erzeugt, ähnliche Schreibweisen von Tony und Cathrine zusammengeführt, was dem Standard Blocking entspricht. Im SI wurden die Ähnlichkeiten von (Tony, Tonia und Tonya) bzw. (Cathrine, Kathryn), welche sich in einen gemeinsamen Block befinden, untereinander mit ihren berechneten Ähnlichkeiten verknüpft. Dabei wird für jedes Attribut eines Datensatzes ein eigenes Tripel RI, BI und SI genutzt, um zu verhindern, dass sich Werte unterschiedlicher Attribute vermischen.

Das Verfahren unterscheidet zwei Phasen. Die Bauphase (Build-Phase), in welcher der Index aus einem initialen Datenbestand erzeugt wird und die Anfragephase (Query-Phase), welche Anfragen aus einem Datenstrom beantwortet.

**Build Phase.** Das Einfügen von Datensätzen läuft nach folgendem Schema ab. Zunächst werden alle Attribute mit Verweis auf den Datensatzidentifier im Record Identifier Index gespeichert. Falls ein Attribut dort schon existiert wird lediglich der Identifier angefügt. Anschließend wird für jedes Attribut eine Enkodierung bestimmt. Anhand dieser Enkodierung werden die Attribute in jeweils einen Block im Block Index eingefügt. Beinhaltet der Block mehr als ein Attribut wird zu allen bereits im Block befindlichen Attributen die Ähnlichkeit bestimmt. Die Ähnlichkeiten gegenüber dem eingefügten Attribute werden unter dem eingefügten Attribute im Similarity Index eingefügt. Gleichzeitig werden die bestimmten Ähnlichkeiten zum eingefügten Attribute auch zu allen Attributen im Block im Similarity Index ergänzt.

**Query Phase.** Bei einer Anfrage wird zunächst der neue Datensatz dem Index hinzugefügt. Anschließend werden aus dem RI alle Identifier ausgelesen, welche ein gleiches Attribute besitzen und werden in einen Akkumulator mit dem Ähnlichkeitswert 1 aufgenommen. Bei mehreren gleichen Identifiern werden die Ähnlichkeitswerte addiert. Anschließend werden die Attribute des Anfragedatensatzes im Similarity Index nachgeschlagen und alle Attribute des gleichen Blockes mit ihrer Ähnlichkeit ausgelesen. Zu diesen Attributen werden aus dem RI die Identifier abgefragt und mit ihrer Ähnlichkeit aus dem Similarity Index in Akkumulator aufgenommen.

Im Gegensatz zum Standard Blocking können Anfragen deutlich schneller beantwortet werden, da im Optimalfall keine Ähnlichkeitsberechnung stattfinden muss und lediglich Werte nachgeschlagen werden. Auf der negativen Seite steht hingegen der deutlich erhöhte Speicherbedarf, welcher durch das Halten der Ähnlichkeitswerte zurückzuführen ist.

#### Similarity-Aware Index with Local Sensitive Hashing (LSH)

Dieses Verfahren ist eine Erweiterung des DySimII durch LSH, welches von Li et al. [16] vorgestellt wurde. Die hier genutzte Variante des Local Sensitive Hashing nutzt das Minhash Verfahren. Minhashing ist eine effiziente Abschätzung der Überlappung zweier Mengen bekannt als Jaccard-Ähnlichkeit. Mittels des Minhash-Algorithmus ist es möglich für jeden Datensatz  $n$  Signaturen der Länge  $k$  zu generieren. Dazu werden  $n$  verschiedene zufällig gewählte Hashfunktionen genutzt. Um die Wahrscheinlichkeit zu erhöhen, dass nur gleiche Paar dieselbe Signatur haben wird eine Technik namens Banding genutzt. Dazu werden  $l$  Signaturen zu einem Band zusammengefügt und damit verundet. Mehrere Bänder sind logisch gesehen eine Veroderung. Auch dieses Verfahren teilt sich in Bau- und Anfragephase.

**Build Phase.** Beim Erzeugen des Index werden zunächst die Minhash Signaturen erzeugt und zu Bändern verundet. Anschließend werden die Datensatzidentier wird mit den erzeugten Bändern verknüpft. Dazu wird ein Index erstellt, welcher als Schlüssel zunächst die verschieden Bänder hat. Innerhalb der Bänder gibt es weitere Subindices, welche als Schlüssel die Minhash Signaturen haben. Den jeweiligen Signaturen innerhalb der Bänder wird der Datensatzidentier zugewiesen. Dadurch sind gleiche Signaturen durch die Bänder getrennt, was die Wahrscheinlichkeit erhöht, dass unähnliche Datensätze eine gemeinsame Signatur im Index haben. Der LSH Index ersetzt dadurch den Record Index. Die Schritte zum Einfügen in den Block Index bzw. den Similarity Index sind analog zum DySimII.

**Query Phase.** Für die Beantwortung einer Anfrage werden zunächst für den neuen Datensatz die Minhash Signaturen und Bänder erzeugt und mit Datensatzidentier in den

LSH Index eingefügt. Danach werden die Datensatzidentifizierer mit gleichen Signaturen in den gleichen Bändern als Kandidatenmenge ausgelesen. Nun müssen die Attribute der Kandidaten aus einer Datenquelle geladen werden. Mit diesen Attributen können aus dem Similarity Index die Ähnlichkeitswerte jedes Kandidaten bestimmt werden. Die Kandidaten, welche aus dem LSH Index erhalten wurden haben allerdings nicht zwingend Attribute in denselben Blöcken im Block Index wie der Anfragedatensatz. Deshalb können zu einigen Attributen keine vorberechneten Ähnlichkeiten aus dem Similarity Index bezogen werden. Da das Berechnen zur Laufzeit zu lange dauert, werden diese mit dem Ähnlichkeitswert 0 miteinberechnet. Dies mindert zwar die Genauigkeit etwas, sorgt dennoch für gute Latenzen.

Im Gegensatz zum DySimII ist die Berechnung des Index aufwendiger, da für jeden Datensatz die Minhash Signaturen und Bänder berechnet werden müssen. Allerdings ist die Kandidatenmenge potentiell deutlich geringer als beim DySimII, wodurch die Anfragen schneller beantwortet werden.

## DySNI

Das DySNI Verfahren von Ramadan et al. [7] ist eine dynamische Umsetzung des Sorted Neighborhood Verfahren aus dem statischen Blocking. Anstatt eines Arrays wird eine Baumstruktur verwendet, um Datensätze möglichst effizient zu selektieren. Der gewählte Baum ist ein BraidedTree (BRT), welcher eine Erweiterung eines balancierter binären AVL-Baums ist. Dieser unterscheidet sich, indem zusätzlich innerhalb des Baumes jeder Knoten jeweils einen Verweis auf seinen Vorgänger und seinen Nachfolger hat. Die Sortierung erfolgt alphabetisch nach einem gewählten Sortierschlüssel. Ein Knoten besteht dabei aus einem Sortierschlüsselwert (Sorting Key Value, kurz: SKV) und einer Liste an von Datensätzen mit diesem SKV.

**Build Phase.** Beim Einfügen eines neuen Datensatzes wird zunächst dessen SKV erzeugt. Wenn der SKV noch nicht im BRT-Baum vorhanden ist, wird ein neuer Knoten erzeugt und der Datensatzidentifizierer angehängt. Ist der Knoten bereits vorhanden, wird lediglich der Datensatzidentifizierer zum existierenden Knoten hinzugefügt. Zusätzlich wird der Datensatz in einen Inverted Index  $D$  eingefügt, um ihn zum Attributvergleich mit anderen Datensätzen schnell selektieren zu können.

**Query Phase.** Zunächst wird der Anfragedatensatz, nach dem Vorgehen aus der Build Phase, eingefügt. Der Knoten in welchen der Anfragedatensatz eingefügt wurde, heißt Anfrageknoten  $N_q$ . Ausgehend von  $N_q$  wird ein Fenster über die benachbarten Knoten gespannt. Alle Datensätze, welche in Knoten innerhalb des Fensters gespeichert sind, werden als Kandidatenmenge  $C$  selektiert. Aus  $D$  werden dann für jeden Kandidaten seine Attribute geholt und anschließend in einem Paarvergleiche mit dem Anfrageda-

tensatz die Ähnlichkeit ermittelt. Für die Erzeugung des Fensters werden vier Methoden vorgestellt, welche sich an Varianten des statischen Sorted Neighborhood Verfahrens orientieren.

- **Fixed Window Size (DySNI-f)** ist das einfachste Verfahren, bei welchem das Fenster um einen festen Wert  $w$  in Vorgänger- und Nachfolgerichtung aufgespannt wird.
- **Candidates-Based Adaptive Window (DySNI-c)** erweitert das Fenster abwechselnd in Vorgänger- und Nachfolgerichtung, solange bis eine Mindestanzahl an Kandidaten gefunden wurde.
- **Similarity-Based Adaptive Window (DySNI-s)** nutzt die Ähnlichkeit zwischen SKVs. Dabei wird ein Fenster in eine Richtung solange erweitert bis die Ähnlichkeit zwischen dem SKV von  $N_q$  und dem nächsten Vorgänger bzw. Nachfolger eine Mindestähnlichkeit  $\Delta$  unterschreitet.
- **Duplicate-Based Adaptive Window (DySNI-d)** erweitert das Fenster aus Basis gefundener Matches in beide Richtungen unabhängig. Dabei wird das Fenster um jeweils einen Knoten erweitert und zwischen dem Anfragedatensatz und den Datensätzen des neuen Knoten der Ähnlichkeitswert ermittelt, sowie klassifiziert, ob es sich um ein Match oder Non-Match handelt. Sinkt der Anteil an gefunden Matches unter eine Schranke  $\delta$ , wird das Fenster in diese Richtung nicht weiter vergrößert.

Damit Ähnlichkeiten zwischen den Datensätzen nicht jedes Mal neu berechnet werden müssen, wird je nach gewählter Fensterberechnung, die Ähnlichkeit der SKVs zu berechnen und in den beteiligten Knoten abzuspeichern. Dadurch wird allerdings die Auswahl an SKVs auf Konkatenation von Attributen beschränkt. Attribute, die nicht im SKV genutzt wurden, müssen bei diesem Verfahren trotzdem jedes Mal neu berechnet werden. Des Weiteren ist auch dieses Verfahren sensitiv auf Fehler am Anfang des SKV. Um dies zu korrigieren wird, ähnlich zum Multi-pass Verfahren des Sorted Neighborhood Verfahrens, vorgeschlagen mehrere BRT-Bäume mit unterschiedlichen SKVs zu erstellen.

In ihrer Auswertung zeigen die Ramadan et al., dass das *DySNI-d* Verfahren im BRT-Baum nicht funktioniert, weil ein Großteil der Duplikate im Anfrageknoten  $N_q$  landet und damit eine Erweiterung des Fensters nicht zustande kommt. Die besten Recall Ergebnisse wurden mit dem *DySNI-s* Verfahren erreicht, da der Baum nach den SKVs sortiert wurde und dieses Fenster sich am besten aufspannt. Die beiden anderen Verfahren *DySNI-f* und *DySNI-c* erzielen, ebenfalls gute Ergebnisse. Zusätzlich haben die Verfahren den Vorteil, dass sich das Fenster und damit die Anzahl der Kandidaten gut kontrollieren lässt und dadurch auch die Latenzen.

### 2.2.3 Blocking Schema

Die Qualität aller Verfahren, ob statisch oder dynamische, hängt maßgeblich von der Auswahl der richtigen Blockschlüssel bzw. Sortierschlüssel ab. Ein Verbund aus mindestens einem Blockschlüssel für einen Entitätentypen nennt man Blocking Schema. Wie genau diese Schemata auszuwählen ist, wird von vielen Blocking Verfahren offen gelassen. Die meisten Verfahren schränken jedoch ein, dass zu einem Datensatz nur ein Blockschlüssel oder Sortierschlüssel erzeugt werden darf. Bei der Verwendung von Multi-pass Ansätzen werden dementsprechend verschiedene Schema gefordert. Ein adäquates Schema zu finden ist oft, auch von Domainexperten, nur durch ausprobieren herauszufinden. Oft genutzt werden phonetische Enkodierung und Konkatenation von Attributen. Weitere Beispiele sind Q-Gramme oder Suffixe aus den vorgestellten statischen Verfahren.

#### DNF-Blocking Schema

Um die Probleme des manuellen Auswählens von Block- und Sortierschlüsseln zu umgehen schlagen Kejriwal & Miranker [17] ein Verfahren vor, welches ein Blocking Schema in Disjunktiver Normalform erzeugt. Dieses Schema besteht aus den folgenden vier Komponenten.

**Indizierungsfunktion.** Das kleinste Element eines Blocking Schema ist eine *Indizierungsfunktion*  $h_i(x_t)$ . Diese akzeptiert einen Attributswert  $x_t$  eines Datensatzes und erzeugt eine Menge  $Y$ , welche 0 oder mehr Blockschlüssel (engl. *blocking key value*, kurz BKV) beinhaltet. Ein BKV identifiziert einen Block, welchem ein Datensatz zugeordnet wird. Ein Beispiel einer Indizierungsfunktion ist Tokens. Mit der Funktion Tokens wird ein Eingabestring, beispielsweise 'Marios Pizza', in eine Menge von Token mittels eines Trennzeichens getrennt, beispielsweise durch eine Leerzeichen in  $Y = \{\text{'Marios'}, \text{'Pizza'}\}$ .

**General Blocking Predicate.** Das allgemeine Blockingprädikat (engl. *general blocking predicate*)  $p_i(x_{t_1}, x_{t_2})$  nimmt zwei Attribute unterschiedlicher Datensätze  $t_1$  und  $t_2$  und nutzt die  $i^{\text{te}}$  Indizierungsfunktion, um zwei Mengen von BKV  $Y_1$  und  $Y_2$  zu erzeugen. Das Prädikat ist wahr, wenn beiden Mengen eine gemeinsame Schnittmenge haben  $Y_1 \cap Y_2 \neq \emptyset$ . Angenommen die  $i^{\text{te}}$  Indizierungsfunktion ist Tokens, dann ist das zugehörige Prädikat EnthältGemeinsamenToken, welches Wahr ist, wenn zwei Attribute mindestens einen gemeinsamen Token haben. Beispielsweise  $p_{\text{egt}}(\text{'Marios Pizza'}, \text{'Tonys Pizza'}) = \text{Wahr}$ , weil  $Y_1 = \{\text{'Marios'}, \text{'Pizza'}\}$  und  $Y_2 = \{\text{'Tonys'}, \text{'Pizza'}\}$  woraus folgt das  $Y_1 \cap Y_2 = \{\text{'Pizza'}\}$  und damit ist das Prädikat erfüllt.

**Specific Blocking Predicate.** Das spezifische Blockingprädikat (engl. *specific blocking predicate*) ist ein Paar  $(p_i, f)$ , dass ein allgemeines Blockingprädikat  $p_i$  mit einem Attribute  $f$

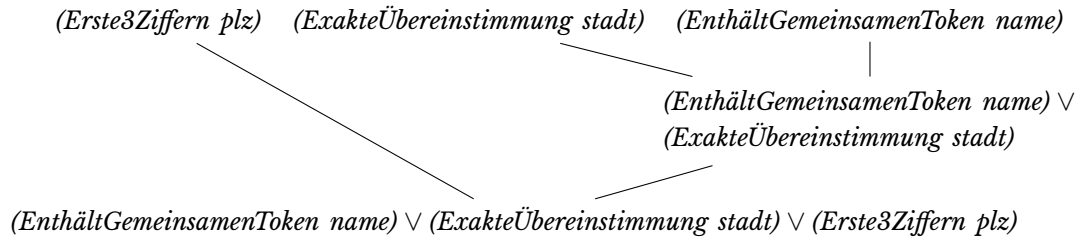
verbindet. Dazu nimmt das spezifische Blockingprädikat zwei Datensätze  $t_1$  und  $t_2$  und wendet  $p_i$  auf die entsprechenden Attribute  $f_1$  und  $f_2$  der Datensätze an. Ein solches Paar ist beispielsweise (EnthältGemeinsamenToken, PLZ). Dieses spezifische Predikat ist wahr, wenn die Postleitzahl zweier Datensätze einen gemeinsamen Token enthält.

**DNF Blocking Schema.** Das DNF Blocking Schema  $f_P$  ist eine Funktion, welche in der Disjunktiven Normalform ohne Negation durch eine Menge von  $P$  Ausdrücken erzeugt wird. Jeder Ausdruck in  $f_P$  besteht aus mindestens einem spezifischen Blockingpredikat, beispielsweise (EnthältGemeinsamenToken, Name)  $\vee$  (ExakteÜbereinstimmung, Stadt). Mehrere spezifische Blockingpredikat in einem Ausdruck werden durch eine Konjunktion verbunden. Das DNF Blocking Schema ist dementsprechend Wahr, wenn einer seiner Ausdrücke Wahr ist. Ist ein Blocking Schema für zwei Datensätze Wahr, haben beide mindestens einen gemeinsamen Blockschlüsselwert. Für den Blockschlüssel entspricht die Konjunktion eines Ausdrucks dem Konkatenieren von Strings. Gegeben sei folgendes Blocking Schema  $f_P = (\text{ExakteÜbereinstimmung, Name}) \wedge (\text{ExakteÜbereinstimmung, Stadt})$  und der Datensatz  $r = (\text{'Peter', 'Frankfurt'})$ . Daraus erzeugt  $f_P$  den Blockschlüssel 'PeterFrankfurt'. Die Disjunktion der Ausdrücke kann bei vielen Verfahren als Multi-pass Ansatz implementiert werden. Des Weiteren ist zu beachten, dass das Blocking Schema potentiell mehrere Schlüssel pro Datensatz erzeugt.

#### Lernen des DNF-Blocking Schema

Bevor das Verfahren von Kejriwal & Miranker [17] automatisiert ein Blocking Schema bestimmen kann, wird angenommen, dass eine Menge von bekannten Matches und Non-Matches vorhanden ist. Der erste Schritt zum Lernen eines DNF-Blocking Schema ist, eine Liste an spezifischen Blockingprädikaten zu benennen. Beispielsweise EnthältGemeinsamenToken und ExakteÜbereinstimmung für Strings und Erste3Ziffern für numerische Attribute. Anschließend wird für jedes Match bzw. Non-Match ein boolescher Featurevektor über die spezifischen Blockingprädikate erzeugt, welcher Wahr ist, wenn das Paar das Prädikat erfüllt. Dabei wird die Menge positiver Vektoren mit  $P_f$  und negativer Vektoren mit  $N_f$  bezeichnet.

Anschließend werden die Ausdrücke des Blocking Schema erzeugt. Da exponentiell viele Ausdrücke erzeugt werden können, muss der Anwender die Tiefe, d.h. Anzahl der Prädikate pro Ausdruck, beschränken. Abbildung 2.4 zeigt wie aus den Einzelausdrücken (EnthältGemeinsamenToken, name), (ExakteÜbereinstimmung, stadt) und (Erste3Ziffern, plz) ein zweistelliger und ein dreistelliger Ausdruck erzeugt werden. Zwei Ausdrücke  $a_1$  und  $a_2$  mit ihren Featurevektoren  $P_{f,a_1}, N_{f,a_1}$  und  $P_{f,a_2}, N_{f,a_2}$  werden zu einem neuen Ausdruck  $a_{1-2}$  konjugiert, indem die Vektoren verundet werden  $P_{f,a_{1-2}} = P_{f,a_1} \wedge P_{f,a_2}$ , respektive  $N_{f,a_{1-2}} = N_{f,a_1} \wedge N_{f,a_2}$ . Dadurch wird vermieden



**Abbildung 2.4** Konjunktion der drei Ausdrücke (EnthältGemeinsamenToken, name), (ExakteÜbereinstimmung, stadt) und (Erste3Ziffern, plz) zu einem zweistelligen und dreistelligen Ausdruck.

die teuren Prädikatoperationen auf jeden Ausdruck anwenden zu müssen. Danach wird die Qualität der einzelnen Ausdrücke bewertet. Dazu nutzen Kejriwal & Miranker die Fisher-Score. Die Idee der Fisher-Score nach [18] ist, eine Untermenge von Features (hier: Ausdrücke) zu finden, sodass die Datenpunkte der Klassen (hier: Matches und Non-Matches) möglichst weit voneinander entfernt und gleichzeitig die Datenpunkte innerhalb der Klasse möglichst nahe zusammen sind. Die Formel zur Berechnung der Fisher-Score des  $i^{\text{ten}}$  Ausdrucks sieht folgendermaßen aus

$$\rho_i = \frac{|P_{f,i}|(\mu_{p,i} - \mu_i)^2 + |N_{f,i}|(\mu_{n,i} - \mu_i)^2}{|P_{f,i}|\sigma_{p,i}^2 + |N_{f,i}|\sigma_{n,i}^2},$$

dabei ist  $\mu_{p,i}$  bzw.  $\mu_{n,i}$  der Anteil der wahren Werte in  $P_{f,i}$  und  $N_{f,i}$ . Weiterhin ist  $\mu_i$  der Anteil wahrer Werte in  $P_{f,i}$  und  $N_{f,i}$  zusammen und  $\sigma$  ist die positive bzw. negative Varianz.

Anhand der bewerteten Ausdrücke wird das DNF Blocking Schema gebildet. Dazu werden die Ausdrücke nach ihrer Fisher-Score sortiert. Anschließend werden die Ausdrücke zur DNF Blocking hinzugefügt, solange ein Ausdruck mindestens ein weiteres Match erfasst. Dies wird wiederholt, bis ein Minimum an Matches noch nicht erfasst wurden oder alle Ausdrücke verarbeitet sind.

## 2.3 Ähnlichkeitsmaße

In Abschnitt 2.2 wurde beschrieben wie Kandidaten für einen Vergleich gruppiert und selektiert werden. Über Ähnlichkeitsmaße (engl. similarity measures) wird die Ähnlichkeit zweier Datensätze bestimmt. Genauer wird die Ähnlichkeit der einzelnen Attribute bestimmt, aus welcher sich die Gesamtähnlichkeit der Datensätze bestimmen lässt. Die meisten Fehler, welche zu unterschiedlichen Datensätzen führen sind typographische Variationen von Strings. Weshalb sich entsprechend viele Ansätze für den Vergleich von Stringattributen finden. Attributsähnlichkeiten werden nach Elmagarmid et al. [19] in vier Kategorien geordnet:



- zeichenbasierend
- tokenbasierend
- phonetisch
- numerisch

zusätzlich werden noch die kernelbasierend Methoden betrachtet.

### Zeichenbasierende Ähnlichkeit

Wie sich die Ähnlichkeit von Strings bestimmen lässt, wird seit den 60er Jahren [20] intensiv erforscht. Die Stärke von zeichenbasierten Ähnlichkeiten sind das Erkennen von typografischen Fehlern.

Der älteste und wohl auch bekannteste Algorithmus ist die Levenshtein Distanz [20]. Die Levenshtein Distanz ist eine **Editierdistanzen**, welche die minimalen Schritte berechnet, die benötigt werden um einen String  $\sigma_1$  in einen anderen  $\sigma_2$  umzuwandeln. Diese Schritte beinhalten das Einfügen, das Löschen, das Ersetzen und mit der Modifikation von Damerau [21] auch das Vertauschen von Zeichen. Je weniger Schritte für die Transformation notwendig sind, desto ähnlicher sind zwei Strings. Da potentiell alle Zeichen beider Strings miteinander verglichen werden ist die Komplexität  $O(|\sigma_1| \cdot |\sigma_2|)$ . Needleman und Wunsch [22] erweitern die originale Editierdistanz dahingehend, dass bestimmte Operationen anders gewichtet werden. Dazu können die Kosten für die einzelnen Schritte, welche in der einfachsten Form 1 sind, auf einen beliebigen Gleitkommawert angepasst werden. Beispielsweise können Transpositionen, welche auf einen Tippfehler zurückgeführt werden können, niedriger gewichtet werden. In dieser Variante entspricht das Lösen der Editierdistanz dem Traveling Salesmen Problem und ist daher NP-schwer.

Eine weitere Modifikation der Editierdistanz ist es Lücken zu erkennen [23], beispielsweise wenn ein Wort abgekürzt wurde, etwa *John R. Smith* statt *Johnathan Richard Smith*. Dementsprechend können Kosten für das Öffnen und das Erweitern einer Lücke festgelegt werden. Eine andere ist Fehler am Anfang oder am Ende des String mit geringeren Kosten zu versehen [24].

Eine weitere gängige Alternative ist die Jaro-Distanz, welche die Anzahl der gemeinsamen Zeichen  $m$  berechnet, wobei eine Verschiebung von  $\frac{1}{2} \cdot \min(|\sigma_1|, |\sigma_2|)$  zugelassen wird. Von den gemeinsamen Zeichen werden anschließend die Transpositionen  $t$  berechnet, d.h. wie viele gemeinsame Zeichen nicht in der gleichen Reihenfolge sind. Daraus berechnet sich die Jaro-Distanz  $d_j = \frac{1}{3} \left( \frac{m}{|\sigma_1|} + \frac{m}{|\sigma_2|} + \frac{m-t}{m} \right)$ .



Die tokenbasierende Ähnlichkeit bietet, im Gegensatz zu den zeichenbasierenden, den Vorteil, dass Vertauschungen von Wörtern erkannt werden. Beispielsweise bei Vorname und Nachname.

Monge und Elkan [25] schlagen einen Algorithmus auf Basis atomarer Strings vor. Für zwei Strings  $\sigma_1, \sigma_2$  werden alle Token aus  $\sigma_1 = (\sigma_{1_{t_1}}, \dots, \sigma_{1_{t_i}})$  mit allen Token aus  $\sigma_2 = (\sigma_{2_{t_1}}, \dots, \sigma_{2_{t_j}})$  verglichen. Zum Vergleich wird eine beliebige zeichenbasierende Ähnlichkeit *sim* gewählt werden. Dadurch kann dieser Algorithmus auch typographische Fehler erkennen. Anschließend wird für jeden Token  $t$  in  $\sigma_1$  die Ähnlichkeit mit  $s_t = \max(\text{sim}(\sigma_{1_t}, \sigma_{2_{t_1}}), \dots, \text{sim}(\sigma_{1_t}, \sigma_{2_{t_j}}))$  berechnet. Die Gesamtähnlichkeit ist der Durchschnitt der Tokenähnlichkeiten  $m = \text{avg}(s_{t_1}, \dots, s_{t_i})$ . Das Problem dieses Algorithmus ist seine Komplexität, welche quadratisch zur Tokenmenge und damit zu *sim* ist.

Eine weitere Möglichkeit Token zu bilden sind Q-Gramme. Diese erlauben es ebenfalls neben Vertauschungen von Wörtern auch typographische Fehler zu erkennen. Über Q-Gramme wird ein String  $\sigma$  in  $k$  überlappende Token der Länge  $n$  zerlegt. Dazu wird ein Fenster der Länge  $n$  von Position 1 bis  $|\sigma| - (n - 1)$  geschoben. Um aus Q-Grammen eine Ähnlichkeit zu bestimmen gibt es viele Möglichkeiten.

Eine deutlich einfachere und schnellere Möglichkeit die Ähnlichkeit von Token zu berechnen, ist der *Jarcard-Koeffizienten*. Dieser gibt die Ähnlichkeit zweier Mengen  $A, B$  mit  $J(A, B) = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|}$  an. Ein ähnliches Maß bietet der *Simpson-Koeffizienten*, welcher die Überlappung zweier Mengen  $S(A, B) = \frac{|A \cap B|}{\min(|A|, |B|)}$  bestimmt.

Ein weiteres Vorgehen auf Basis atomarer Strings ist WHIRL von Cohen [26]. Es kombiniert die Kosinus-Ähnlichkeit mit dem TF/IDF Gewichtungsschema. Dabei ist TF die Vorkommenshäufigkeit (engl. term frequency) und gibt an wie häufig ein Token in einem String vorkommt. IDF ist die Inverse Dokumenthäufigkeit (engl. inverse document frequency) und gibt an wie oft ein Token in den bekannten Strings eines Vokabulars  $D$  vorkommt. Für alle atomaren Strings  $w$  wird ein Gewicht berechnet

$$\nu_\sigma(w) = \log(tf_w + 1) \cdot \log(idf_w).$$

Die Kosinus-Ähnlichkeit zweier String  $\sigma_1, \sigma_2$  ist dementsprechend definiert als

$$\text{sim}(\sigma_1, \sigma_2) = \frac{\sum_{j=1}^{|D|} \nu_{\sigma_1}(j) \cdot \nu_{\sigma_2}(j)}{\|\nu_{\sigma_1}\| \|\nu_{\sigma_2}\|}$$

Mit WHIRL ist es möglich vertauschungssicher die Ähnlichkeit von Strings zu bestimmen. Ein großer Vorteil dieses Algorithmus ist, dass nach Erheben des TF/IDF Index, die

Ähnlichkeit in  $O(1)$  berechnet werden kann, da lediglich Werte nachgeschlagen werden müssen. Dem entgegen steht, dass typographische Fehler nicht erkannt werden. Deshalb haben Gravano et. al [27] WHIRL erweitert und nutzen statt atomare Strings Q-Gramme. Dadurch lassen sich bei gleicher Komplexität auch Rechtschreibfehler erkennen, da ein Großteil der Q-Gramme gleich ist. Allerdings geht zu zugunsten von Speicherkosten, da der TF/IDF Index dementsprechend größer wird.

### Phonetische Ähnlichkeit

Die phonetische Ähnlichkeit ist sowohl zeichen- als auch tokenbasiert. Es werden jedoch nicht die Zeichen oder Token miteinander verglichen, sondern die Sprechlaute von Wörtern. So ist es möglich gleich gesprochene Wörter mit unterschiedlicher Schreibweise zu finden. Dies ist vor allen Dingen bei Namen sehr nützlich, da es hier eine besonders hohe Dichte an gleich klingenden Worten mit kleinen Variationen in der Schreibweise gibt. Phonetische Enkodierungsschemata funktionieren allerdings meist nur für eine Sprache oder einen Akzent. Bekannt Beispiele für englisch Sprache sind Soundex und NYSIIS, sowie Metaphone und Double Metaphone, welche sich zum Teil auch auf nicht englische Sprachen anwenden lassen. Ein Methode für die deutsche Sprache ist die Kölner Phonetik.

### Numerische Ähnlichkeit

Während es für Strings eine Vielzahl an Vergleichsmöglichkeiten gibt ist die Anzahl bei den numerischen überschaubar. Die offensichtlichste Methode ist eine Nummer als String zu behandeln und entsprechende Algorithmen zu verwenden. Andere eher primitive Vorgehensweisen sind etwa, die ersten  $n$  oder letzten  $m$  Ziffern miteinander zu vergleichen, beispielsweise bei einer Postleitzahl. Für Mengenangaben zwischen zwei Werten  $n_1$  und  $n_2$  kann die maximale absolute Differenz genutzt werden  $sim_{d_{max}} = 1.0 - \left( \frac{|n_1 - n_2|}{d_{max}} \right)$ .

### Kernel Ähnlichkeit

Anhand zweier gegebener Strings gibt es keine offensichtliche Antwort auf die Frage: Wie ähnlich sind  $\sigma_1$  und  $\sigma_2$ ? Im Gegensatz dazu kann dies für Vektoren in  $\mathbb{R}^d$  eindeutig, beispielsweise über die Kosinus-Ähnlichkeit  $\frac{\sigma_1 \cdot \sigma_2}{\|\sigma_1\| \|\sigma_2\|}$  berechnet werden [28]. Kernel-funktionen werden unter anderem in Support Vector Machines (SVM) eingesetzt. Diese Kernel weisen eine Reihe statistischer interessanter Eigenschaften auf, beispielsweise dass ihre Performanz unabhängig von der Dimensionalität ist, auf welcher die Berechnung stattfindet. Dadurch ist es möglich in hohen Dimensionalitäten zu arbeiten ohne Überanzupassen [29].

Der einfachste und meist genutzte String Kernel ist der Bag-of-Words Kernel. Dabei werden die Anzahl der vorkommenden Worte in  $\sigma$  gezählt und in einem dünnbesetzten Vektor, über die Menge aller bekannten Worte aller bekannten Strings, erzeugt. Wie bereits bekannt sind atomare String anfällig für typographische Fehler. Aus diesem Grund gibt es auch Variationen des Kernels, welcher Q-Gramme nutzen, um dieses Problem zu umgehen.

Lodhi et al. stellen eine Kernelfunktion vor, um Strings im Feature Space miteinander zu vergleichen, ohne diese vorher in Vektoren zu zerlegen. Der sogenannte String Subsequence Kernel (SSK) vergleicht Strings, indem er Stringvektoren erzeugt, welche einen bestimmten Substring beinhalten oder nicht. Dabei wird jedes Vorkommen eines Substrings anhand der Übereinstimmung gewichtet. Die Übereinstimmung erlaubt beispielsweise auch Lücken, sodass der Substring 'c-a-r' in den beiden Wörtern 'card' und 'custard' mit unterschiedlicher Gewichtung vorkommt.

## 2.4 Klassifikatoren

Die Aufgabe von Klassifikatoren oder Matching-Strategien (vgl. Köpcke & Rahm [2]) ist es, Datensatzpaare in zwei Mengen Matches und Non-Matches kategorisieren. Im Gegensatz zu den Attributesähnlichkeitsmaßen bewerten diese einen kompletten Datensatz, welcher im Normalfall aus mehreren Attributen besteht. Klassifikatoren können nach Elmagarmid et al. [19] in zwei Kategorien einordnen werden.

- Vorgehen die *Trainingsdaten* benötigen, um zu Lernen welche Datensätze übereinstimmen. Hierzu gehören überwachte, semi-überwachte, aktive und unüberwachte Lernstrategien.
- Vorgehen die *Domänenwissen* oder *generische Distanzmaße* nutzen, um Übereinstimmungen zu finden.

### 2.4.1 Distanzbasierende Verfahren

Nachdem die Ähnlichkeit zwischen den Attributen der Kandidatenpaaren berechnet wurden, gibt es für jedes Kandidatenpaar  $(t_1, t_2)$  einen Ähnlichkeitsvektor  $(sim(t_{1,a_1}, t_{2,a_1}), \dots, sim(t_{1,a_n}, t_{2,a_n}))$  über die Attribute  $a_1, \dots, a_n$  beider Datensätze. Dieser Vektor wird von den nachfolgenden Verfahren genutzt, um eine Match-Entscheidung zu treffen.

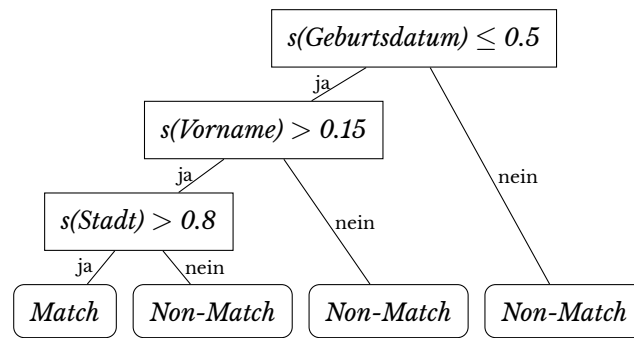
Die naivste Art und Weise zu klassifizieren sind nach Christen [30, Kap. 6] Schwellenwerte. Dazu werden die Ähnlichkeitsvektoren zu einer Gesamtähnlichkeit  $g$  aufsummiert. Anschließend werden je nach Ausprägung bis zu zwei Schwellen festgelegt. In der Variante mit einer Schwelle  $t$ , werden die Kandidatenpaare in zwei Klassen mit  $g \geq t$  als Matches und  $g < t$  als Non-Matches klassifiziert. Werden zwei Schranken  $t1$  und  $t2$  genutzt, wird in drei Klassen gegliedert, Matches mit  $g \geq t1$ , Non-Matches mit  $g \leq t2$  und zusätzlich gibt es noch den Bereich  $t2 < g < t1$ , welcher ein potientiell Match bedeutet und manuelle klassifiziert werden muss. Der Nachteil dieser Methodik ist, dass beim Mitteln des Vektors alle Attribute mit gleichem Gewicht zum endgültigen Wert beitragen. Dadurch wird die Wichtigkeit der unterschiedlichen Attribute und ihre Wertstellung innerhalb des Datensatzes verworfen. Um dem entgegenzuwirken, können für jedes Attribut Gewichte vergeben werden, mit welchen die Wertstellung der Attribute angegeben werden kann. Dennoch gehen beim Aufsummieren von Ähnlichkeiten detaillierte Informationen über die einzelnen Ähnlichkeiten verloren.

### Regelbasierend

Christen [30, Kap. 6] beschreibt die regelbasierende Klassifikation als Anwendung der Prädikatenlogik erster Stufe (PL1). Dabei wird ein Klassifikationspredikat in konjunktiver Normalform mit disjunktiven Ausdrücken geschrieben.

$$\begin{aligned} ((sim(name)[r_i, r_j] \geq 0.9) \wedge (sim(stadt)[r_i, r_j] = 1.0)) \\ \vee (sim(plz)[r_i, r_j] \geq 0.7) \implies [r_i, r_j] \rightarrow Match \end{aligned} \quad (2.1)$$

Formel 2.1 zeigt eine beispielhafte Regel, wobei  $sim(\cdot)$  einer Attributsähnlichkeit entspricht und  $r_i, r_j$  zwei Datensätze sind. Diese Regel klassifiziert ein Paar als Match, wenn entweder der Ähnlichkeitswert für Name größer 0.9 und die Stadt gleich ist, oder der Ähnlichkeitswert der Postleitzahl größer 0.7 ist. Der Vorteil gegenüber den schwellenbasierenden Verfahren ist, dass Ausdrücke auf Attribute angewendet werden und dadurch die Informationen der einzelnen Attributsähnlichkeiten nicht verloren gehen. Mit der regelbasierten Klassifikation kann in beliebig viele Klassen kategorisiert werden. Typischerweise werden entweder zwei Klassen Match und Non-Match oder zusätzlich potientiell Match klassifiziert. Bei Match und Non-Match ist nur ein Prädikat  $P_m$  notwendig, da alle wahren Paare als Matches und alle falschen Paare als Non-Matches klassifiziert werden. Für potentielle Matches wird ein weiteres Prädikat  $P_{pm}$  benötigt, dementsprechend sind Attribute Non-Matches, wenn sowohl  $P_m$  als auch  $P_{pm}$  falsch ist. Für die Bestimmung der Prädikate gibt es zwei Möglichkeiten. Die erste ist einen Domänenexperten das Prädikat festlegen zu lassen. Dies ist allerdings ein sehr zeitintensiver Prozess, welcher bei aller Expertise in den meisten Fällen durch ausprobieren gelöst werden muss.



**Abbildung 2.5** Beispiel eines Decision Tree. Der Baum tested an jedem Knoten den Ähnlichkeitswert eines bestimmten Attributes, durch die Funktion  $s(\cdot)$ . Die Blattknoten bestimmen das Klassifikationsergebnis Match oder Non-Match.

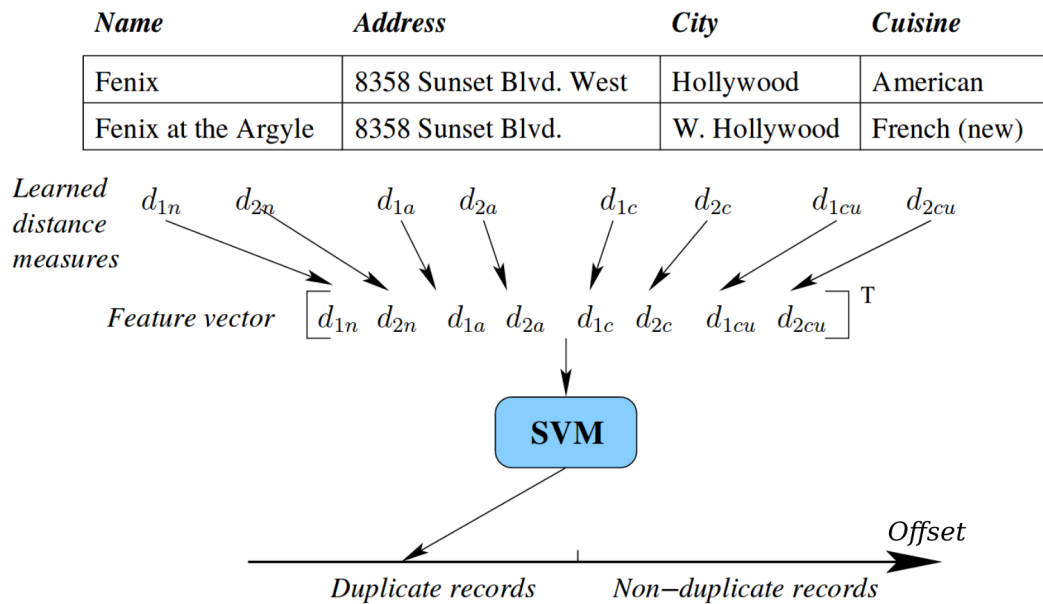
Die Alternative ist ein Prädikat zu Lernen, was ähnlich zum Lernen eines Blocking Schema (vgl. Abschnitt 2.2.3) funktioniert.

## 2.4.2 Überwachtes bzw. semi-überwachtes Lernen

Die Verfahren für überwachtes und semi-überwachtes Lernen benötigen eine Menge von klassifizierten Daten in der Form von Matches und Non-Matches. Anhand dieser Trainingsdaten kann ein Klassifikationsmodell erstellt werden. Soll das Model Datensätze nur in die zwei Klassen Matches und Non-Matches ordnen, wird ein binärer Klassifikatoren gesucht.

### Decision Trees

Decision Trees sind als Klassifikatoren sehr beliebt, da ihre Funktionsweise anschaulich ist. Zudem kann ein Modell übersichtlich visualisiert werden, sodass es intuitiv, auch von Laien, interpretiert werden kann. Ähnlich zu dem regelbasierten Verfahren prüft auch der Decision Tree den Ähnlichkeitswert eines bestimmten Attributes, welches einem Wert im Vektor entspricht. Dementsprechend kann ein Model eines Decision Tree direkt in einem Prädikat formuliert werden. Abbildung 2.5 zeigt ein Beispiel eines Decision Tree. An jedem Knoten, ausgehend von Wurzelknoten, wird der Ähnlichkeitswert eines bestimmten Attributes über die Funktion  $s(\cdot)$  geprüft. Weißt das Geburtsdatum zweier Datensätze eine Ähnlichkeit kleiner 0.5 auf wird diese durch den darauffolgenden Blattknoten als Non-Match klassifiziert. Damit ein Blattknoten einen Datensatz als Match klassifiziert müssen zusätzlich noch der Vorname ähnlicher als 0.15 und die Stadt ähnlicher als 0.8 sein.



**Abbildung 2.6** Datensatzklassifikation nach [32]. Der Featurevektor für die Klassifikation wird aus den Attributsähnlichkeiten von Name, Address, City und Cuisine erzeugt. Eine SVM klassifiziert diesen Vektor anschließend in Match (duplicate records) oder Non-Match (Non-duplicate records).

## Support Vector Machines

Support Vector Machines wurden von Boser et al. [31] eingeführt. In ihrer einfachsten Form lernen SVMs eine separierende Hyperebene zwischen einer Menge von Punkten, welche den Abstand zwischen der Hyperebene und den nächsten Punkten der jeweiligen Klassen maximiert. Eine Kernelfunktion berechnet das innere Produkt zwischen Punkten im Hyperraum (Feature Space) [29].

Bilenko & Mooney [32] stellen ein Lernverfahren auf Basis der TF/IDF Ähnlichkeit von Cohen vor, welches einen SVM-Klassifikator nutzt. Dazu wird ein Vektor erzeugt, indem die Kosinus-Ähnlichkeit zwischen den Attributen eines Datensatzpaares berechnet wird. Dabei werden die Komponenten der bekannten Summe  $\frac{x_i \cdot y_i}{\|x\| \|y\|}$ , welche zum  $i^{\text{ten}}$  Element des Vokabulars gehören, einem  $d$ -dimensionalen Vektor zugeordnet  $\mathbf{p}(x, y) = \langle \frac{x_i \cdot y_i}{\|x\| \|y\|} \rangle$ . In Abbildung 2.6 sind zwei Datensätze gezeigt. Jedes Attributspaar ist dabei ein Teil eines Vektors. Die Vektoren werden dann von einem SVM-Model in Matches und Non-Matches klassifiziert. Trainiert wird das SVM-Model anhand von Match und Non-Match Vektoren.

Christen [33] erweitert dieses Verfahren, indem mehrere SVM Modelle trainiert werden. Die initiale SVM wird mit der Mengen der offensichtlichen Matches und Non-Matches der Gesamttrainingsmenge trainiert. Bei offensichtlichen Matches sind die Werte der Vektoren sehr nahe an 1 und bei offensichtlichen Non-Matches sehr nahe bei 0. Alle

nicht offensichtlichen Vektoren der Trainingsmenge werden anschließend mit der initialen SVM klassifiziert. Je nach Klassifizierungsergebnis werden diejenigen, welche am weitesten von der separierenden Hyperebene entfernt sind, zur Menge der offensichtlichen Matches bzw. Non-Matches hinzugefügt. Die zweite SVM wird dann mit den erweiterten Trainingsmengen trainiert. Diese Schritte werden solange wiederholt, bis ein Stopkriterium erfüllt ist.

### 2.4.3 Aktives Lernen

Ein großer Nachteil der überwachten Lernverfahren ist, dass die Trainingsmenge viele Beispiele benötigt und dass diese repräsentativ für die zu Gesamtmenge von Entitäten sein muss. Wie Trainingsdaten akquiriert werden wird in Abschnitt 2.5 diskutiert. Als Alternative dazu gibt es die aktiven Lernverfahren, welche initial nur eine sehr kleine Trainingsmenge (*seed*) benötigen. Auf Basis des initialen Modells werden in Interaktion mit einem erfahrenen Benutzer Datensatzpaare selektiert, die helfen das Klassifikationsmodell zu verbessern. Ein initiales Modell kann relativ einfach über offensichtliche Matches und Non-Matches erzeugt werden. Anschließend ist aktives Lernen ein iterativer Prozess. Zunächst wird die Trainingsmenge mit dem Modell klassifiziert. Anschließend ist aktives Lernen ein iterativer Prozess. Zunächst wird die Trainingsmenge mit dem Modell klassifiziert. Aus der Menge klassifizierte Daten werden die Interessantesten ausgewählt, die manuell von einem Benutzer klassifiziert werden. Anschließend werden diese zu den initialen Daten hinzugefügt und es wird ein neues Modell trainiert. Diese Schleife wird solange wiederholt bis ein Stopkriterium (Anzahl von Iterationen oder minimale Genauigkeit) erreicht wurde.

Arasu et al. [34] kombinieren ein aktives Lernvorgehen mit einem Blockingmechanismus, welcher entweder mit einem Decision Tree oder einer SVM funktioniert. Dabei gibt der Benutzer als Stopkriterium die Mindestpräzision (siehe Abschnitt 2.5) an, welcher das finale Modell entsprechen muss. Der Lernprozess versucht dann ein Modell zu finden, welches einen hohen Recall liefert und gleichzeitig die Anzahl der manuell zu klassifizierenden Paare gering hält.

## 2.5 Messen von Qualität- und Komplexität<sup>1</sup>

Aus den bis hier vorgestellten Verfahren zu Entity Resolution stellt sich die Frage: Wie kann die Qualität und Komplexität dieser Verfahren gemessen werden? Dies soll dazu dienen, ein Verfahren zu bewerten und gleichzeitig eine Vergleichbarkeit zwischen anderen Verfahren bieten. Damit die Qualität und die Komplexität der ER-Verfahren über-

<sup>1</sup>Dieser Abschnitt bezieht sich auf Analysen und Erklärungen zu Qualität und Komplexität von Entity Resolution Systemen aus Christen [30].

prüft werden kann, ist es unerlässlich über die Ground Truth Daten (auch Gold Standard Daten) zu verfügen. Die Ground Truth beschreibt eine Menge gekennzeichneten Daten, welcher einer oder mehreren Klassen angehören. Für Entity Resolution sind die Datensatzpaare und die Klassen Matches und Non-Matches. Damit die Ground-Truth repräsentativ für die zu überprüfenden Daten ist, sollte diese möglichst deren Charakteristik widerspiegeln. Daraus entsteht die nächste Frage: Woher kommen die Ground Truth Daten?

- Wird versucht einen entwickelten Algorithmus/Verfahren zu bewerten, dann empfiehlt es sich einen der frei verfügbaren Datensätze zu nehmen, zu welchen bereits Ground Truth Daten existieren und beispielsweise von Wissenschaftlern oder Domainexperten manuell klassifiziert wurden. Das Problem ist, dass viele dieser Datensätze nur wenige Einträge (meist  $< 10.000$ ) haben und daher kaum Bezug zu Realdaten haben. Diese Datensätze werden in Abschnitt 2.6 diskutiert.
- Soll ein Verfahren auf Daten einer Domäne angewendet werden, zu welcher keine Ground Truth existiert, müssen diese manuell erzeugt werden. Dabei werden Datensatzpaare zufällig erzeugt und müssen anschließend von einem Prüfer in Matches und Non-Matches klassifiziert. Ein großer Nachteil dieser Methode ist, selbst wenn ein Blockingverfahren angewendet wurde, dass die Zahl der zu klassifizierenden Paare riesig ist. Hinzu kommt, dass die Anzahl der Matches nur einen Bruchteil der Paare betrifft, weshalb die Ground Truth ein deutliches Ungleichgewicht aufweisen wird. Ein weiteres Problem ist, dass in diesem Prozess Fehler gemacht werden. Dabei entstehen die Fehler nicht bei den offensichtlichen Match und Non-Matches, sondern meist in Paaren, die auch für den Menschen nur schwer zu bewerten sind. Des Weiteren kann es zu unterschiedlichen Klassifizierungen je nach Prüfer kommen und auch derselbe Prüfer kann je nach Gemütslage und Konzentrationslevel unterschiedliche Aussagen über dasselbe Paar treffen.

Vogel et al. [35] haben deshalb einen sogenannten *Annealing Standard* entwickelt, welcher das Erstellen einer Ground Truth über einen iterativen Prozess vereinfachen sollen. Dabei wird zunächst mit einem Klassifikatoren eine Baseline erzeugt, die den Annealing Standard darstellt. Anschließend werden mit einem weiteren Klassifikatoren, welcher der vorherige mit anderen Parametern sein kann, Paare erzeugt und mit der Baseline verglichen. Die Übereinstimmung der beiden bildet den neuen Annealing Standard. Die übrigen Paare werden zu manueller Inspektion Prüfern vorgelegt und die dadurch erzeugten Matches und Non-Matches werden mit dem Annealing Standard verschmolzen. Diese Iteration wird solange wiederholt, bis das Delta der Klassifikatoren einen bestimmten Maximalwert an Paaren unterschreitet.



Ein weiteres Verfahren haben Kejriwal & Mirankern [17] entwickelt. Ihre Idee ist es eine Menge schwach klassifizierter Daten zu generieren. Dabei werden sowohl positive, als auch negative Datensatzpaare klassifiziert. Über zwei Schranken kann der Benutzer festlegen wie ähnlich (obere Schranke  $ut$ ) bzw. wie verschieden (untere Schranke  $lt$ ) die Paare sein sollen. Anschließend wird ein Blocking der Daten per Standard Blocking und Sorted Neighborhood durchgeführt. Zunächst werden dazu alle Attribute jedes Datensatzes in Token zerlegt. Anhand der Token wird das Standard Blocking durchgeführt, wobei jeder Datensatz in mehreren Blöcken vertreten sein kann. Um innerhalb der Blöcke den Paarvergleichsaufwand zu reduzieren, wird zusätzlich ein Fenster der Größe  $c$  über den Block geschoben, was der Sorted Neighborhood entspricht. Nachdem das Fenster über jeden Block geschoben wurde, steht die Menge möglicher Kandidatenpaare fest. Diese Paare werden nun mit der TF/IDF-Ähnlichkeit ( $sim$ ) [12] verglichen. Diese ermöglicht, nachdem die TF/IDF Statistik über die kompletten Daten erfasst wurde, eine Komplexität von  $O(1)$ , da lediglich die Werte des Paares nachgeschlagen werden müssen. Ist  $sim \geq ut$  wird das Paar positiv klassifiziert. Ebenso, ist  $sim < lt$  wird ein Paar negativ klassifiziert. Damit die Menge der klassifizierten Daten nicht beliebig groß wird, kann der Anwender festlegen, wie viele positive  $max_p$  bzw. negative Paare  $max_n$  maximal erzeugt werden sollen. Von allen positiven Paaren werden abschließend die besten  $d$  ausgewählt, aber maximal  $max_p$ . Analog werden ebenfalls die besten  $nd$  negative Paare gewählt. Bei den negativen Paaren soll dadurch verhindern, dass lediglich Paare mit  $sim \approx 0.0$  ausgewählt werden, da diese für gewöhnlich zu niedrigen Klassifikationsraten führen. Die Gesamtkomplexität des Algorithmus ist  $O(n + nm + nm)$ , welcher sich in die Erzeugung der TF/IDF Statistik ( $O(n)$ ), die Erzeugung der Blöcke über  $m$  Attribute ( $O(nm)$ ) und die Erzeugung der Kandidatenpaare  $O(nm)$  gliedert.

- Werden schnell große Datensätze mit entsprechender Ground Truth benötigt, bieten sich synthetisch generierte Datensätze an. Damit diese repräsentativ sind, sollten Sie die gleichen Attribute haben wie die echten Datensätze. Dazu wird eine Datenbank möglicher Attributswerte benötigt, welche der Generator verwenden soll. Zusätzlich gibt es Parameter, um die Größe des Datensatzes und Anzahl der Duplikate, die Häufigkeitsverteilung der einzelnen Attribute und die Modifikationen der Duplikate gegenüber dem Original, in typographische, OCR oder phonetisch Fehler, zu bestimmen. Beispiele solcher Datensätze finden sich in Abschnitt 2.6.
- Anstatt synthetische Datensätze zu generieren und anschließend Fehler einzufügen, ist stattdessen auch möglich in einen bestehenden Datensatz Fehler einzubauen und diese als entsprechende Ground Truth zu verwenden. Dadurch werden allerdings die tatsächlichen Matches unterschlagen, was zu Konflikten bei der Entity Resolution führen kann.

		Predicted classes	
		Match	Non-Match
Actual	Match	True Positives (TP)	False Negatives (FN)
Matches	Non-Match	False Positives (FP)	True Negatives (TN)

**Tabelle 2.1** Matrix mit den vier Klassifikationszuständen. TP wenn tatsächliches und klassifiziertes Match, FN wenn tatsächlich Non-Match, aber klassifiziert als Match, FP wenn tatsächlich Match, aber klassifiziert als Non-Match und TN wenn tatsächliches und klassifiziertes Non-Match.

### 2.5.1 Qualitätsmaße

Ist zu einem Datensatz die Ground-Truth verfügbar, so können die klassifizierten Datensätze einer der Kategorien in Tabelle 2.1 zugeordnet werden.

- True Positives (TP), sind alle Paare, die als Matches klassifiziert wurden und nach Ground Truth tatsächlich Matches sind.
- False Positives (FP), sind alle Paare, die als Matches klassifiziert wurden aber keine sind.
- False Negatives (FN), sind alle Paare, die als Non-Matches klassifiziert wurden aber tatsächlich Matches sind.
- True Negatives (TN), sind alle Paare, die als Non-Matches klassifiziert wurden und auch tatsächlich zwei verschiedene Entitäten identifizieren.

Das Ergebnis eines idealen Klassifikators ist, dass so viele Matches wie möglich True Positives sind und die Anzahl der False Positives, sowie False Negatives klein ist. Auf Basis der vier Klassifikationsklassen können Qualitätsmaße bestimmt werden. Die folgende Liste zeigt die beliebtesten Methoden und erklärt ihre Stärken und Schwächen.

- *Accuracy*.

$$acc = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN} \quad (2.2)$$

Die Genauigkeit ist ein weit verbreitetes Qualitätsmaß für Binär- und Multi-Klassen Probleme im Maschine-Learning Bereich. Die Accuracy ist nützlich in Situationen, in welchen die Klassen möglichst gleich verteilt sind. Für Entity Resolution ist dieses Maß daher nur bedingt geeignet, da zwischen Matches und Non-Matches fast immer ein Ungleichgewicht zugunsten von Non-Matches besteht. Daher sind die meisten klassifizierten Ergebnisse True Negatives, welche die

Gleichung dominieren. Ein naiver Klassifikator der ausschließlich Non-Matches klassifiziert erhält dadurch eine hohe Genauigkeit.

- *Precision.*

$$prec = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2.3)$$

Precision wird oft als Qualitätsmaß vor Suchergebnisse genommen, da es den Anteil der True Positives in den Matches berechnet. Für Entity Resolution misst die Precision den Anteil von korrekt bestimmten Matches.

- *Recall.*

$$rec = \frac{TP}{TP + FN} \quad (2.4)$$

Recall misst den Anteil der tatsächlichen Matches (TP + FN), welche korrekt (TP) als Matches klassifiziert wurden. Zwischen Recall und Precision gibt es einen Kompromiss. Beispielsweise kann der Recall verbessert werden, indem die Precision abgesenkt bzw. die Precision verbessert indem der Recall gesenkt wird.

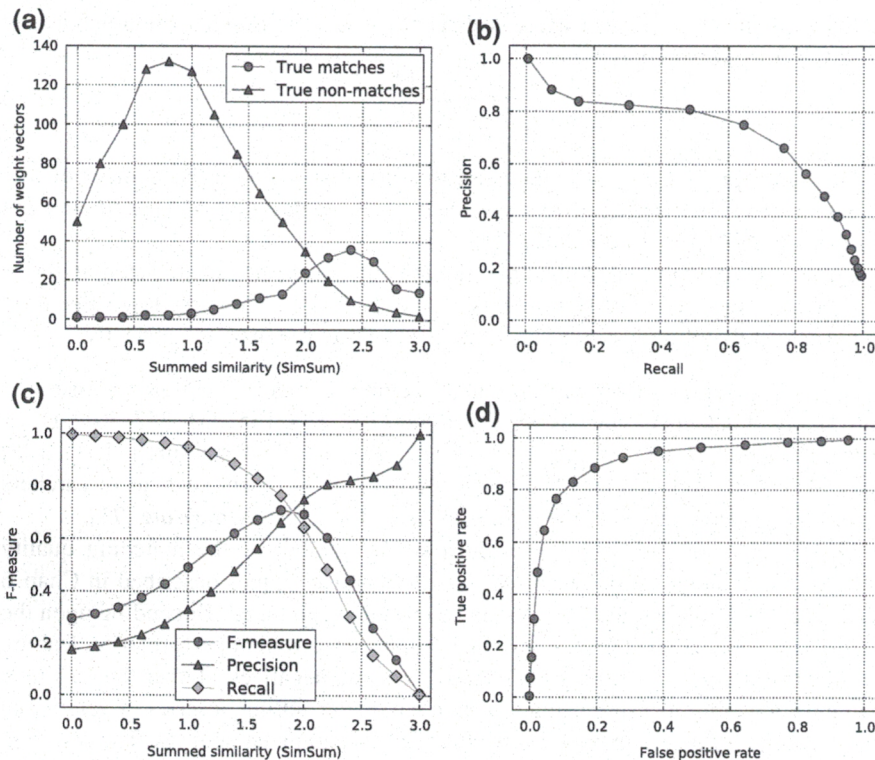
- *F-measure.* Auch bekannt als *f-score* oder *f<sub>1</sub>-score*.

$$fmeas = 2 \cdot \left( \frac{prec \cdot rec}{prec + rec} \right) \quad (2.5)$$

Das F-measure berechnet das harmonische Mittel zwischen Precision und Recall. Eine guter F-measure Wert ist daher ein Kompromiss zwischen den beiden.

Die oben genannten Qualitätsmaße berechnen alle einen exakten Wert für die Qualität eines Klassifikators. Aus den bekannten Verfahren für Blocking, Vergleich und Klassifizierung geht hervor, dass diese eine Reihe von Parametern haben, um das Ergebnis zu kalibrieren. Deshalb ist es sinnvoll eine Reihe von Werten zu erzeugen, um diese miteinander zu vergleichen. Ein solcher Vergleich funktioniert am einfachsten per Visualisierung. Die folgenden drei Visualisierungen werden dazu oft verwendet:

- *Precision-recall Graph.* Diese Visualisierung zeigt den Kompromiss zwischen Precision und Recall (siehe Abbildung 2.7[b]). Für jede Parametereinstellung eines Klassifikators wird ein Punkt im Graph erzeugt. Dabei ist die X-Achse stets der Recall und die Y-Achse die Precision. Durch den Kompromiss startet die Kurve meist in der oberen rechten Ecke mit hoher Precision und niedrigen Recall und endet in der linken unteren Ecke mit entgegengesetzten Werten. Dabei ist das Ziel die Kurve möglichst Nahe an die linke obere Ecke zu bekommen, in welcher Precision und Recall maximal sind.
- *F-measure Graph.* Anstatt zwei Qualitätsmaße gegeneinander zu zeichnen, kann man diese auch zusammen im Bezug auf einen bestimmten Parameter darstellen (siehe Abbildung 2.7[c]). Der F-measure Graph, beispielsweise plottet Precision, Recall



**Abbildung 2.7** Beispiele von Qualitätsgraphen aus [30]. b. Precision-Recall, c. F-measure, d. ROC Kurve. [TODO Ersetzen durch eigene Graphen!]

und F-measure gegen einen Parameter, wie etwa die akkumulierte Gesamtwahrscheinlichkeit bei den schwellenbasierten Klassifikatoren genutzt. Darüber kann dann abgelesen werden, bei welchem Wert (z.B. Schwelle) die beste Precision, der beste Recall und das beste F-measure erreicht wird.

- *ROC Kurve.* Wie der Precision-recall Graph vergleicht die Receiver-Operating-Characteristic (ROC) Kurve zwei Qualitätsmaße. In diesem Fall die auf der X-Achse die False-Positive-Rate und auf der Y-Achse der Recall (siehe Abbildung 2.7[d]). Obwohl die ROC Kurve robust gegen ungleichgewichtige Klassen ist, so ist diese mit Vorsicht für Entity Resolution zu genießen, da die False Positive Rate die True Negatives miteinbezieht, hat die Kurve das Problem etwas zu optimistisch zu sein. Verschiedene ROC Kurven verschiedener Klassifikatoren mit unterschiedlichen Parametern zu vergleichen, kann dennoch nützlich sein, um deren Qualität zu bewerten.

## 2.5.2 Effizienzmaße

Neben der Qualität bestimmt auch die Effizienz wie gut Entity Resolution Systeme funktionieren. Die offensichtlichste Art Effektivität zu messen ist, die Laufzeit des Verfahrens zu messen und miteinander zu vergleichen. Allerdings ist dieser Ansatz abhängig

von der genutzten Hardware und bietet keinen plattformübergreifenden Vergleich. Für die folgenden Maße müssen zunächst einige Mengen definiert werden. Zunächst wird in die Menge aller tatsächlichen Matches  $n_M$  und die Menge aller tatsächlichen Non-Matches  $n_N$  gegliedert. Dementsprechend ist  $n_M + n_N = m \cdot n$  für Entity-Linking und  $n_M + n_N = m(m-1)/2$  für Deduplizierung. Die Menge der durch Blocking gruppierten Datensatzpaare wird ebenso in Matches und Non-Matches geteilt und mit  $s_M$  bzw.  $s_N$  bezeichnet, wobei  $s_M + s_N \leq n_M + n_N$ .

- *Reduction Ratio*. Dieses Maß gibt an wie viele Datensatzpaare von einem Blockingverfahren generiert worden sind und setzt diese ins Verhältnis mit der Anzahl aller möglichen Datensatzpaaren, welche ohne Blocking generiert worden wären. Das Reduction Ratio ist definiert als

$$rr = 1 - \left( \frac{s_M + s_N}{n_M + n_N} \right). \quad (2.6)$$

- *Pairs completeness*. Dieses Maß berechnet den Anteil der möglichen Matches. Es wird berechnet mit

$$pc = \frac{s_M}{n_M}. \quad (2.7)$$

Pairs completeness ist mit dem Recall aus Formel 2.4 verwandt. Je geringer die Pairs completeness ist, desto geringer ist auch die Matchingqualität, da dieses Maß eine Obergrenze für einen möglichen Recall bestimmt. Denn tatsächliche Matches, die von einem Blocking Mechanismus nicht selektiert werden, können auch nicht klassifiziert werden. Zwischen Reduction Ratio und Pairs Completeness gibt es einen offensichtlichen Kompromiss, je mehr Datensatzpaare erzeugt werden, desto mehr tatsächliche Matches können gefunden werden.

- *Pairs quality*. Dieses Maß berücksichtigt die Qualität eines Blockingverfahren, indem es selektierten tatsächlichen Matches in Relation mit mit allen selektierten Paaren stellt. Es wird berechnet mit

$$pq = \frac{s_M}{s_M + s_N}. \quad (2.8)$$

Die Pairs quality ist verwandt mit der Precision aus Formel 2.3. Eine hohe Pairs quality bedeutet, dass ein Blockingverfahren hauptsächlich Paare erzeugt, welche tatsächlich Matches sind. Auch hier gibt es ähnlich zu Precision und Recall einen Kompromiss zwischen Pairs completeness und Pairs quality.

## 2.6 Datensätze

**Tabelle 2.2** Überblick der Datensätze aus wissenschaftlichen Veröffentlichungen.

Datensatz	Einträge	Duplikatspaare	Attribute
Abt-Buy	2.171	1.096	4
Amazon-GoogleProducts	4.587	1.299	4
Cora	1.879	64.577	5
DBLP-ACM	4.908	2.223	4
DBLP-Scholar	66.877	5.346	4
NCVR	8.261.839	155.470	17
Restaurant	864	112	4

### 2.6.1 CORA

Der CORA Datensatz beinhaltet 1879 bibliographische Einträge über wissenschaftliche Veröffentlichungen aus dem Maschine Learning Bereich. Die Einträge bestehen aus Autoren, Titel, Publikationsjahr und Konferenz bzw. Journal. Insgesamt beinhaltet dieser Datensatz 64.577 Duplikate. Dieser Datensatz ist besonders schwierig zu Deduplizieren, da teilweise nur Initialen der Autoren vorhanden sind bzw. Attribute zusammengefügt oder getauscht wurden.

### 2.6.2 Abt-Buy & Amazon-GoogleProducts

Diese beiden Datensätze beinhalten Produkte aus dem Onlinehandel verschiedener Plattformen mit Name, Beschreibung, Hersteller und Preis. Der Abt-Buy Datensatz beinhaltet 2171 Einträge mit 1096 Duplikaten. Im Amazon-GoogleProducts Datensatz sind es 4587 Einträge mit 1299 Duplikaten.

### 2.6.3 DBLP-ACM & DBLP-Scholar

Diese beiden Datensätze beinhalten bibliografische Einträge mit Titel, Autor(en), Konferenz, und Jahr. Der DBLP-ACM Datensatz beinhaltet 4908 Einträge und 2223 Duplikate. Im DBLP-Scholar Datensatz sind 66877 Einträge mit 5346 Duplikaten. Dabei ist zu beachten, dass der DBLP-ACM Datensatz einfach zu klassifizieren ist, da ein Großteil der Daten durch eine Instanz gepflegt wird.

#### 2.6.4 Restaurant

Der Restaurant Datensatz ist ein kleiner mit lediglich 864 Einträgen, welche aus Restaurantname, Adresse, Telefonnummer und der Küchenart bestehen. Es gibt insgesamt 112 Restaurantduplikate, welche doppelt vorkommen.

#### 2.6.5 NCVR

Der NC Voter Registration (NCVR) Datensatz beinhaltet ca. 6 mio Datensätze aus dem Wählerverzeichnis des Bundesstates North Carolina in den USA. Eine genaue Analyse des Datensatzes wurde von Christen [36] durchgeführt. Der Datensatz beinhaltet ca. 145.000 Duplikate zwischen zwei Einträgen, sowie 3.500 zwischen drei und mehr Einträgen. Die Zuordnung der Duplikate wurde dabei über die Wählerregistriernummer getätigt. Weitere Attribute sind Namenspräfix, Vorname, Zweiter, Vorname, Nachname, Namenssuffix, Alter, Geschlecht, Rassenziffer, Ethnizitätsziffer, Strasse + Hausnummer, Stadt, Bundesland, Postleitzahl, Telefonnummer, Geburtsort und Registrierdatum.

#### 2.6.6 Febrl

Die Febrl-Datensätze wurden synthetisch durch den Febrlgenerator erzeugt. Die Attributsdaten dafür liefert ein australisches Telefonbuch. Die generierten Einträge haben folgende Attribute: Kultur, Geschlecht, Alter, Geburtsdatum, Titel, Vorname, Nachname, Bundesland, Vorort, Postleitzahl, Hausnummer, Straße und Telefonnummer.

Zum Entwickeln:

- Febrl-4k-1k: 5.000 Einträge mit 1.000 Duplikaten zwischen zwei Datensätzen
- Febrl-9k-1k: 10.000 Einträge mit 1.000 Duplikaten zwischen zwei Datensätzen
- Febrl-90k-10k: 100.000 Einträge mit 10.000 Duplikaten zwischen zwei Datensätzen

Zum Evaluieren:

- 5.000.000 Einträge 100.000 Duplikate zwischen zwei und mehr und Attributsverteilung (Uniform, Poisson, Zipfian).





## Analyse

### 3.1 DySimII

#### 3.1.1 Problem: DNF-Blocking

Vermeiden von Blöcken mit max 1 var 1 und Kandidatenmenge max 1 var 1, da diese keinen Mehrwert bringen.

#### 3.1.2 Problem: Kandidatenmenge

Der DySimII Index hat das Problem, dass er die Kandidatenmenge nicht gut kontrollieren kann. Daher müssen die Attribute, welche durch den DySimII indiziert werden sollen, mit bedacht gewählt werden. Attribute wie das Geschlecht, Nationalität oder Bundesland führen dazu, dass über den Record Index eine riesige Anzahl an Kandidatenpaaren selektiert werden. So werden beispielsweise, beim Überprüfen eines Datensatzes mit Deutscher Nationalität alle Deutschen als Kandidaten gewählt. Dadurch wird die Reduction Ratio des DySimII Algorithmus dramatisch verschlechtert.

Beispiel: Restaurant, Ferbl-9k, Ferbl-90k

Zwar kann über die Eingrenzung auf die Besten  $n$  bzw. durch das Setzen einer Schranke für die Mindestähnlichkeit ein Großteil der Kandidaten ausgeschlossen werden, dennoch muss bleibt die Reduction Ratio gleich, da jeden einzelnen die Ähnlichkeit aus dem Index geholt und abgeglichen werden muss

**Lösung 1:** Die offensichtlichste Lösung ist, Attribute, welche riesige Kandidatenmengen erzeugen nicht zu indizieren. Allerdings kann es durchaus vorkommen, dass die Konjunktion im DNF-Schema mit anderen Attributen Block Key Values erzeugt, die eine hohe Präzision ermöglichen. In diesem Fall landet das Attribut zwangsweise im Record Index.

Vgl.[8][15] State mit Sicherheit nicht gewählt!

**Lösung 2:** Die zweite Lösung setzt voraus, dass die Blockschlüssel so gewählt wurden, dass Kandidatenmengen nicht zu groß werden können. Das Löschen des Record Index ist keine Option, da dadurch die Zuordnung zu den eigentlichen Datensätzen wegfällt. Um dennoch den Einträge im Record Index zu minimieren wird dieser in den Blocking Index verschoben. D.h. jedes Attribut eines Blockes verweist nun auf die Datensätze, welche nicht lediglich das gleiche Attribute haben, sondern den gleichen Blockschlüssel. Statt pauschal alle Deutschen bei einer Anfrage als Kandidaten zu selektieren, werden dadurch beispielsweise nur die Deutschen, die in der selben Stadt wohnen und den gleichen Nachnamen haben ausgewählt.

Beispiel/Bild/Pseudo-Code

Dieses Verfahren erhöht zwar die Komplexität etwas von  $O(?)$  auf  $O(?)$  erhöht aber gleichzeitig die Reduction Ratio dramatisch.

Vgl. MDySimII, MDySimIII

## 3.2 Problem: Weak Labels

Dabei empfiehlt es sich die Daten vorher zu sortieren, um deterministische Ergebnisse zu erzielen.

## 3.3 Ähnlichkeitsmetriken

Aus der Vielfalt der möglichen Ähnlichkeitsmaße gibt es keines das allen anderen klar überlegen ist. Es ist daher sehr domainabhängig, welcher Algorithmus gute Ergebnisse liefert. Beim Vergleich von Datensätzen sind diese Domänen meist durch die unterschiedlichen Attribute getrennt. Daher ist es notwendig herauszufinden, für welches Attribute welche Ähnlichkeitsmetric besonders gut funktioniert. Daraus folgt das Problem der Vergleichbarkeit der Ähnlichkeitsmetriken. Für zwei Strings  $a$  und  $b$  liefert der Jaccard-Koeffizient beispielweise Werte zwischen 0 und 1, die Levenshtein-Distanz hingegen Werte zwischen 0 und  $maxlen(a, b)$ . Deshalb ist es notwendig die verschiedenen Ähnlichkeitsmaße zu normalisieren. Dafür wird das Intervall von 0 bis 1 gewählt, wobei 1 totale Übereinstimmung und 0 keine Übereinstimmung bedeutet.

### 3.3.1 Edit-distance

Die Edit-distance ist eine der beliebtesten und meistgenutzten Metriken, um die Ähnlichkeit zweier Strings zu bestimmen. Dabei bestimmt die Edit-distance die benötigten

Schritte um einen String in einen anderen zu überführen. Dafür werden die Transformationen einfügen, löschen und ersetzen im klassischen Verfahren von Levenshtein und zusätzlich transponieren in der Erweiterung von Damerau eingesetzt. Das Ergebnis sind die Anzahl der benötigten Transformationen. Diese Anzahl alleine ist noch kein genaues Maß zur Bestimmung der Ähnlichkeit, da zwei Transformationen in einem kürzeren String kritischer sind als in einem langen. Um die Ähnlichkeit zu normalisieren gibt es zwei Möglichkeiten. Entweder auf Basis des Transformationspfades oder der Stringlänge. Es ist zu beachten das beide Methoden nicht der Dreiecksungleichung stand halten.

Eine Erweiterung der Edit-distance ist die Transformationen zu gewichten. Dazu wird jedem Transformationstyp ein positiver reeller Kostenfaktor zugewiesen, mit welchem die Anzahl seiner Transformationen gewichtet wird. Durch die Gewichtung ist es allerdings nicht mehr möglich wie bei uniformer Gewichtung zu Normalisieren. Eine Möglichkeit, welche aus die Dreiecksungleichung erfüllt stellen Yujian & Bo in [37] vor.

Durchprobieren der Gewichte, welche Ergebnisse liefert das? Ist es überhaupt Aussagekräftig?

### 3.4 Berechnung der Metriken für Real-time ER

Können nicht pauschal auf den Index berechnet werden, sondern sind Kennziffern, die kontinuierlich, mit dem verarbeiten von Anfragen, berechnet und akkumuliert werden.

- Pair Completeness
- Reduction Ratio



## Selbstkonfigurierendes System

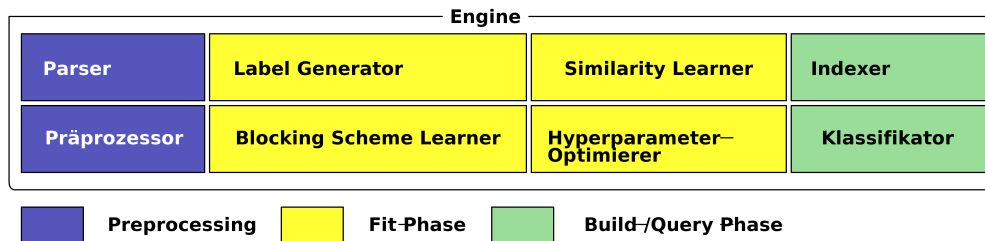
In Kapitel 2 und 3 betrachtete Verfahren und Algorithmen haben gemeinsam, dass alle eine Reihe von Parametern haben, um die Algorithmen auf die Eingabedaten zu optimieren. Beispielsweise verlangt der DySimII, aus Abschnitt 2.2.2, pro Attribut einen Blockschlüssel und eine Ähnlichkeitsfunktion. Bei einem Datensatz mit fünf Attributen, sind dies bereits 10 Parameter. Hinzu kommen Parameter für die Ähnlichkeitsfunktionen, welche auf das Attribut optimiert werden. Bei einem Attribut pro Ähnlichkeitsfunktion kommen nochmal 5 Parameter hinzu. Wird nun lediglich ein einfacher Schwellenwertklassifikator mit einer Schwelle genutzt, hat dieses ER-System bereits 16 Parameter. Diese Parameter manuell zu bestimmen, ist auch mit einem cleveren Samplingverfahren sehr zeit- und kostenintensiv. Besonders bei großen Datenmengen kann dieses Trial and Error Verfahren sehr lange dauern, da das Ausprobieren mehrere Stunden, wenn nicht Tage dauern kann. Noch schwieriger wird es, wenn keine Ground Truth Daten vorhanden sind. Denn dann wird das Einstellen der Parameter zum Glückspiel.

In diesem Kapitel wird ein Design für ein selbstkonfigurierendes Entity Resolution System für Anfrageströme vorgestellt. Das Ziel ist es, mit und ohne Ground Truth, die Daten aller Parameter bestmöglichst auf die Eingabedatenmenge zu optimieren, ohne dass der Benutzer manuell Einstellungen tätigen muss. Die einzigen erlaubten Parameter sind Laufzeitoptimierungen beim Erlernen der Konfiguration des Systems. Damit kann der zeitliche Aufwand für große Datenmengen auf Bedürfnisse des Benutzers angepasst werden, da eine besonders gründliche Selbstkonfiguration durchaus einige Tage dauern kann.

### 4.1 Engine

Die Engine ist das Herzstück des selbstkonfigurierenden Systems und besteht aus einzelnen Komponenten, welche wie in einem Steckkastensystem ausgetauscht werden. Die 8 Komponenten der Engine sind in Abbildung 4.1 dargestellt.

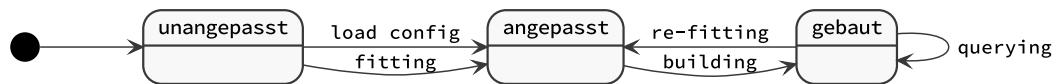
- **Parser.** Der Parser liest Datensätze aus einer Datenquelle.
- **Präprozessor.** Der Präprozessor vorverarbeitet jedes Attribut in einer Pipeline mit einer Reihe von Operationen.



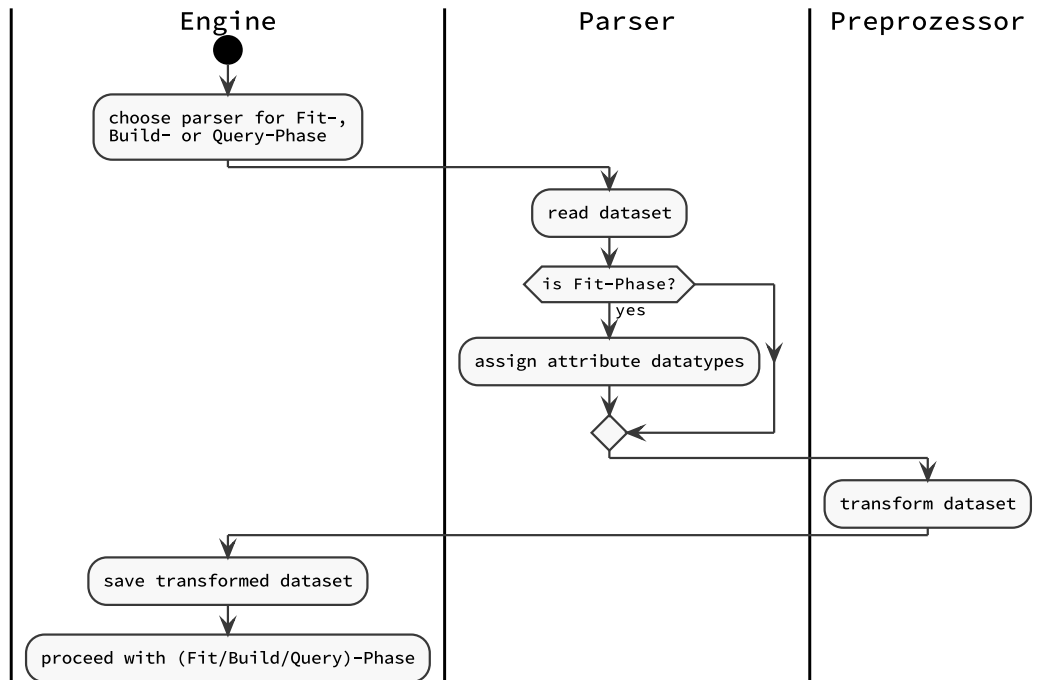
**Abbildung 4.1** Engine des selbstkonfigurierenden Systems. Bestehend aus 8 Komponenten. In Gelb sind der Ground Truth Generator, der Blocking Scheme Lerner, der Similarity Lerner und der Hyperparameter Optimierer, welche für das Erlernen der Konfiguration nötig sind. In Grün ist der Indexer, welcher aus anhand der gelernten Konfiguration gebaut wird und der Klassifikator. In Blau ist der Parser, um Daten einer Datenquelle zu laden und der Präprozessor, um die geladenen Daten für Entity Resolution zu manipulieren

- **Label Generator.** Der Label Generator erzeugt eine Ground Truth von Matches und passende Non-Matches.
- **Blocking Schema Lerner.** Der Blocking Schema Lerner erzeugt eine Blocking Schema in distributiver Normalform nach [17].
- **Similarity Lerner.** Der Similarity Lerner bestimmt für jedes Attribut eine geeignete Ähnlichkeitsfunktion.
- **Hyperparameter-Optimierer.** Der Hyperparameter-Optimierer lernt die besten Parameter für den Klassifikator und trainiert das Klassifikationsmodell.
- **Indexer.** Der Indexer wendet ein Blocking Verfahren auf die Eingabedaten an und ermöglicht es diese anzufragen.
- **Klassifikator.** Der Klassifikator sortiert die Kandidatenmenge einer Indexanfrage in Matches und Non-Matches.

Die Interaktionen zwischen den Komponenten wird von der Engine gesteuert, indem Daten von einer Komponente zur nächsten weitergereicht bzw. Rückgabewerte für die nächste Komponente zunächst aufbereitet werden. Die Engine dient weiterhin als die Schnittstelle für den Benutzer. Dabei kann der Benutzer die Engine in drei Zustände versetzen (siehe Abbildung 4.2). Eine neu erzeugte Engine ist *unangepasst* und kann durch das Lernen der Konfiguration (engl. fitting) in den Zustand *angepasst* wechseln. Alternativ kann eine bereits gelernte Konfiguration geladen werden. Anhand dieser Konfiguration kann der Index gebaut (engl. building) werden, wonach sich die Engine im Zustand *gebaut* befindet. In diesem Zustand kann die Engine mit Datensätzen angefragt (engl. querying) werden. Mit jeder Anfrage wächst der Datenbestand des Index. Liegen genügend neue Daten vor, kann die Engine anhand der veränderten Datenmenge erneut eine Konfiguration erlernen und wechselt anschließend zurück in den Zustand *angepasst*. Die drei Phasen zum Wechseln der Zustände werden im Folgenden als *Fit-Phase*, *Build-Phase* und *Query-Phase* bezeichnet.



**Abbildung 4.2** Zustandsdiagramm der Engine. Lernen der Konfiguration versetzt die Engine von unangepasst nach angepasst. Wurde der Index gebaut, ist die Engine im Zustand gebaut und kann Anfrage entgegennehmen.



**Abbildung 4.3** Aktivitätsdiagramm der Vorverarbeitung. Der Parser liest einen Datensatz, welcher vom Präprozessor transformieren wird. Der transformierte Datensatz wird von der Engine abgespeichert.

#### 4.1.1 Vorverarbeitung

Die Vorverarbeitung der Daten ist in allen drei Phasen notwendig und macht die Datensätze robuster gegenüber Missklassifikationen, während der Entity Resolution. In Abbildung 4.3 sind die beteiligten Komponenten Parser und Präprozessor (Abbildung 4.1 in blau) mit ihren Aktivitäten visualisiert. Jede Phase beginnt mit der Auswahl des korrekten Parsers durch die Engine.

**Parser.** Der Parser ist eine einfache Komponente, welche Datensätze aus einer Datenquelle liest und eine Liste von Datensätzen, mit mindestens einem Datensatz, zurückgibt. Je nach Phase kann die Datenquelle ein beliebiges Format haben, weshalb für jede Phase ein eigener Parser bestimmt werden kann. Für *Fit-* und *Build-Phase*, wo große Datenmengen bearbeitet werden, liest der Parser beispielsweise aus einer CSV-Datei oder einer Datenbank. Währenddessen in der *Query-Phase* nur einzelne oder kleine Daten-

mengen gelesen werden, weshalb der Parser hier aus einer Message Queue (MQ) Datensätze erhalten könnte. Während der *Fit-Phase* hat der Parser zudem dafür Sorge zu tragen, dass der Engine die Attribute des Datensatzes, sowie deren Datentypen bekannt gemacht werden.

**Präprozessor.** Der Präprozessor bzw. die Präprozessor-Pipeline besteht aus einer Reihe von Funktionen, die nacheinander auf die Attribute aller Datensätze angewandt werden, welche vom Parser zurückgegeben wurden. Je nach Datentyp des Attributs wird dabei eine andere Pipeline verwendet. Der Präprozessor wird in allen drei Phasen verwendet, um einen Datensatz für die Entity Resolution vorzubereiten und robuster zu machen. Typische Funktionen sind die Konvertierung in Kleinschreibweise und das Entfernen von Stopwörtern (z.B. *und*, *oder*). Je nach Domäne der Daten kann der Benutzer weitere Funktionen in die Pipeline einfügen, beispielsweise eine Überprüfung der postalischen Adresse. Neben weiteren Funktionen kann der Benutzer auch die Reihenfolge der Funktionen bestimmen. Beispielweise zunächst die Rechtschreibprüfung und anschließend die Konvertierung in Kleinschreibweise, da durch die Rechtschreibprüfung diese Konvertierung in teilen wieder aufgehoben wird.

Die Liste der transformierten Datensätze des Präprozessors wird abschließend von der Engine gespeichert, bevor die Abarbeitung der eigentlichen Phase beginnt.

#### 4.1.2 Fit-Phase

In der Fit-Phase nimmt die Engine die Konfiguration des Systems vor. In Abbildung 4.1 sind die hierfür benötigten Komponenten gelb hervorgehoben. Bei großen Datensätzen kann diese Phase sehr lange dauern, weshalb die Engine die Rückgabewerte aller Komponenten sichert. Dadurch kann die Fit-Phase im Falle eines Abbruchs, z.B. durch einen Systemneustart, fortgesetzt werden. Wurde die Fit-Phase abgeschlossen, ist es möglich die ermittelte Konfiguration einzulesen. Wodurch die Fit-Phase übersprungen wird. Abbildung 4.4 zeigt das Aktivitätsdiagramm der Fit-Phase.

**Label Generator.** Der Label Generator erzeugt die für später in der Fit-Phase folgenden Komponenten die nötige Ground Truth in Form von klassifizierten Matches und Non-Matches. Dazu liest er die, in der Vorverarbeitung transformierten, Trainingsdaten ein und bildet Datensatzpaare. Dabei gibt es zwei Ausprägungen. In der ersten Ausprägung erhält der Label Generator eine Ground Truth für den gegebenen Datensatz. Aufgrund der Verteilung von Matches und Non-Matches, die fast immer ein deutliches Ungleichgewicht zugunsten der Non-Matches aufweist, werden für einen Datensatz mit Ground Truth in fast allen Fällen nur die Matches angegeben. Dementsprechend sind alle Datensatzpaare, welche kein bekanntes Match sind, Non-Matches. Aus der riesigen Menge der Non-Matches selektiert der Label Generator eine repräsentative Untermenge. In





der zweiten Ausprägung stehen dem Label Generator keine vorklassifizierten Matches zur Verfügung. Weshalb die Ground Truth vollständig automatisiert bestimmt werden muss. Klar ist, dass die Konfiguration auf Basis der zweiten Ausprägung, in den meisten Fällen schlechter ist, als die der ersten Ausprägung. Ein Label Generator kann beide Ausprägungen implementieren, ist jedoch nur die erste Ausprägung implementiert werden zwangsweise vorklassifizierte Matches benötigt. Sollte nur die zweite Ausprägung vorhanden sein, werden die vorklassifizierten Matches ignoriert.

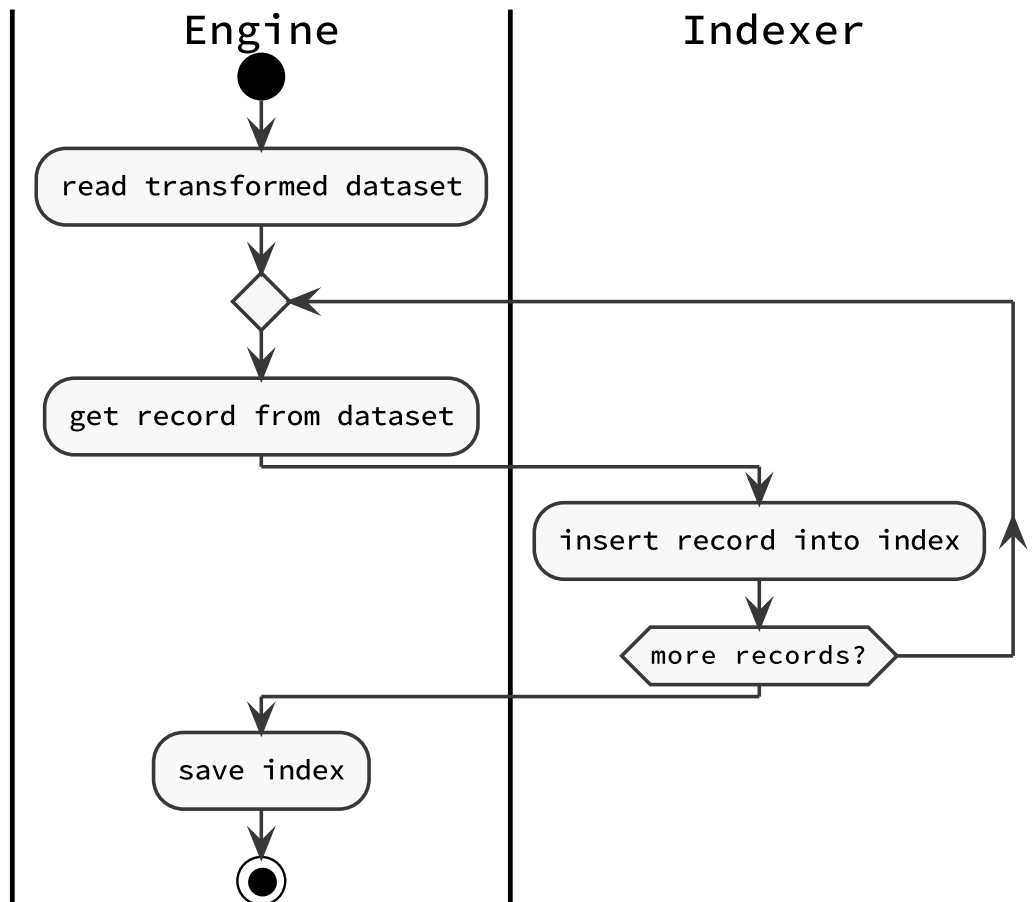
**Blocking Schema Lerner.** Der Blocking Schema Lerner ermittelt ein Blocking Schema in disjunktiver Normalform nach [17], welches in `{#sec:blk_scheme}` vorgestellt wurde. Dafür benötigt der Blocking Schema Lerner die vorverarbeiteten Trainingsdaten, sowie die Ground Truth Daten des Label Generators. Das Lernen eines Schemas ist ein rechenintensiver Job, weshalb der Benutzer über Laufzeitparameter die maximale Anzahl an Konjunktionen innerhalb der Ausdrücke, sowie die maximale Anzahl an Disjunktionen von Ausdrücken angeben kann.

**Similarity Lerner.** Der Similarity Lerner bestimmt für jedes Attribut eines Datensatzes die geeignetste Ähnlichkeitsfunktion. Dazu werden die Datensatzpaare der Grund Truth bewertet. Bevor die Ground Truth an den Similarity Lerner übergeben wird, filtert die Engine die Datensatzpaare heraus, welche nicht vom Blocking Schema erfasst werden. Das sind diejenigen Datensatzpaare, welche von einem Blocking Verfahren nicht zusammen gruppiert werden und daher kein Paar werden können.

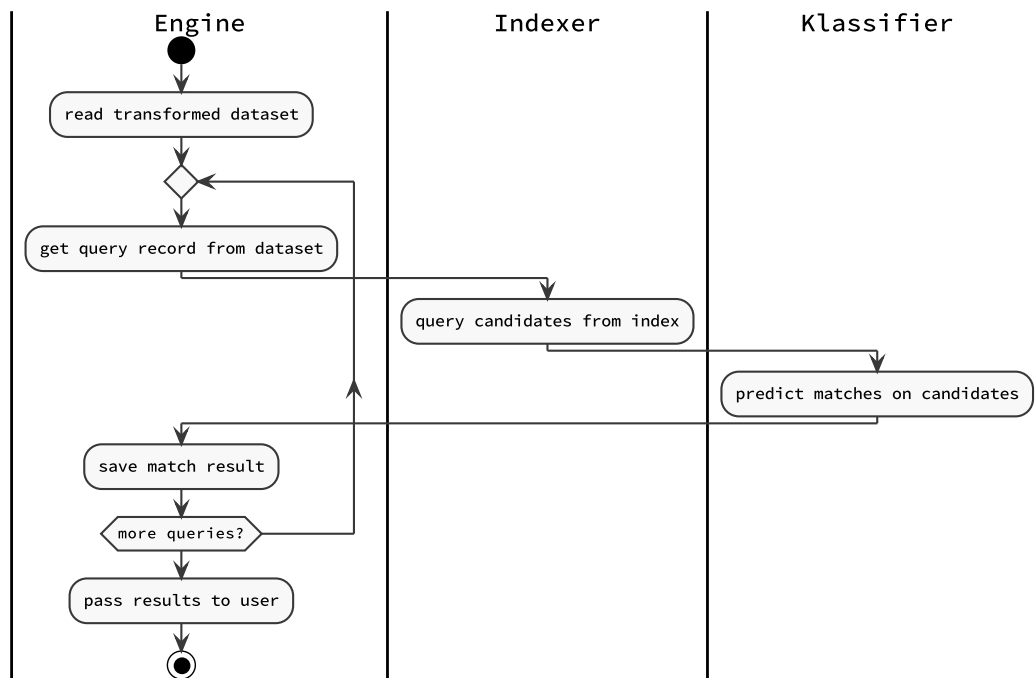
**Hyperparameter-Optimierer.** Der Hyperparameter-Optimierer ermittelt für einen gegebenen Klassifikator die Parameter, die auf der Ground Truth das Modell mit der beste F-measure erzeugen. Bevor der Hyperparameter-Optimierer aufgerufen werden kann, erzeugt die Engine für jedes Ground Truth Paar, anhand der Ähnlichkeitsfunktionen des Similarity Lerner, einen Ähnlichkeitsvektor pro Paar. Die Ähnlichkeitsvektoren werden dann vom Hyperparameter-Optimierer genutzt, um ein Modell mit gegebenen Parametern zu trainieren. Die Parameter, die zur Optimierung in Frage kommen, müssen von der Klassifikatorkomponente bereitgestellt werden. Ein einfacher Hyperparameter-Optimierer ist eine Grid-Search, welche im Brute-Force Stil alle Parameterkombinationen ausprobiert.

### 4.1.3 Build-Phase

In der Build-Phase wird auf dem aktuellen vorverarbeiteten Datenbestand ein Blocking-Verfahren durchgeführt. Der **Indexer** ist ein Blocking Mechanismus, der zum einen mit dynamischen Daten umgehen können muss und zum anderen das Blocking anhand des DNF-Blocking Schemas durchführt. In Abbildung 4.5 wird die Build-Phase erläutert. Die Engine liest zunächst alle vorverarbeiteten Datensätze ein und fügt diese anschließend



**Abbildung 4.5** Aktivitätsdiagramm der Build-Phase. Der liest alle vorverarbeiteten Datensätze einer initialen Datensatzes ein und fügt diese seinem Index hinzu.



**Abbildung 4.6** Aktivitätsdiagramm der Query-Phase.

dem Index hinzu. Dabei besteht die Möglichkeit, dass der Index während des Einfügens anhand der gelernten Ähnlichkeitsfunktionen bestimmte Ähnlichkeiten vorausberechnet. Das Bauen des Index kann einige Minuten, eventuell sogar Stunden, dauern. Deshalb wird der Index nach dem Bauen gespeichert. Im Falle eines Neustarts der Engine müssen dann nur die Datensätze eingefügt werden, welche während der letzten Query-Phase hinzugekommen sind.

#### 4.1.4 Query-Phase

In der Query-Phase (siehe Abbildung 4.6) erhält die Engine von einem Query-Parser eine Menge von Anfragedatensätzen. Nachdem diese vorverarbeitet wurden, wird jeder Datensatz einzeln dem Indexer übergeben. Dieser erzeugt für den übergebenen Datensatz eine Kandidatenmenge möglicher Matches. Anschließend wird diese Kandidatenmenge dem Klassifikator übergeben. Das Modell des **Klassifikators** wurde während der *Fit-Phase* von dem Hyperparameter-Optimierer trainiert und kann nun in der *Query-Phase* genutzt werden, um die Kandidatenliste des Indexers in Matches und Non-Matches zu klassifizieren. Für den Hyperparameter-Optimierer stellt der Klassifikator eine Liste von Parametern bereit, welche für die Eingabedaten als Optimierung zur Verfügung stehen sollen. Um einen optimalen Klassifikator für die Eingabedaten zu bekommen ist es abgesehen von der Parameterliste möglich eine Liste von verschiedenen Klassifikatoren anzugeben, beispielsweise DecisionTree und SVM. Das Ergebnis der Klassifi-

kation speichert die Engine zwischen, bis alle Datensätze verarbeitet wurden. Abschließend werden die Ergebnisse gesammelt an den Benutzer übergeben.

#### 4.1.5 Nachverarbeitung

Die Auswertung der Qualität und der Effizienz ist ein wichtiges Indiz wie gut die gewählte Konfiguration funktioniert. Des Weiteren ist es dadurch möglich das Zusammenspiel der Komponenten untereinander zu bewerten, indem beispielsweise eine alternative Komponente eingesetzt wird, um die Auswirkungen der neuen Komponente in den Metriken zu überprüfen werden. Von den Metriken, welche in Abschnitt 2.5 beschrieben wurden, kann die Engine für das Blocking die Pairs Completeness, Pairs Quality und Reduction Ratio aufzeichnen, sowie für den Klassifikator Recall, Precision und F-measure messen. Des Weiteren werden die Daten zum Zeichnen eines F-measure Graphen und einer Precision-Recall Kurve bereitgestellt. Darüber hinaus kann die Engine messen, wie lange einzelne Operationen einer Komponente benötigen. Beispielsweise wird die gemessen, wie lange es dauert einen Datensatz in den Index einzufügen bzw. zu einem Anfragedatensatz die Kandidatenliste zu erhalten. Dadurch kann die Performanz, beispielsweise in Anfragen pro Sekunde auf einer Testhardware angegeben werden.

## 4.2 Komponenten

In diesem Abschnitt werden die konkreten Komponenten für die Engine detailliert beschrieben.

### 4.2.1 Label Generator

Für den Label Generator wurden beide Ausprägungen implementiert. Zunächst wird die Variante ohne Ground Truth beschrieben und anschließend die Variante mit Ground Truth, welche die erste Ausprägung modifiziert.

#### Ohne Ground Truth

Der Label Generator ohne Ground Truth implementiert den WeakLabel Algorithmus vom Kejriwal & Miranker [17] zur Erzeugung von schwachen Labels. Dabei werden die Parameter automatisch auf gute Grundwerte gesetzt. Die obere Schelle  $ut$  beträgt 0.6 und die untere Schwelle  $lt$  0.1. Die maximalen Matches  $max_p$  werden anhand der Datensatzgröße ermittelt  $max_p = |D| * 0.025$ . Die maximalen Non-Matches sind Faktor 5 der Matches  $max_n = max_p * 5$ . Der Algorithmus besteht aus vier Teilen (Algorithmus 1). Zunächst wird die TF/IDF Statistik über  $D$  erzeugt (Zeile 4). Anschließend wird jeder

---

**Algorithm 1** WeakTrainingSet w/o Ground Truth

---

**Input:**

- Dataset:  $D$
- Upper Threshold:  $ut$
- Lower Threshold:  $lt$
- Blocking Window Size:  $c$
- Maximum Duplicate Pairs:  $d$
- Maximum Non-Duplicate Pairs:  $nd$

**Output:**

- A set of positive samples:  $P$
- A set of negative samples:  $N$

```
1: Initialize set  $P = ()$ 
2: Initialize set  $N = ()$ 
3: Initialize set of tuple pairs  $C = ()$ 
4: Generate TFIDF statistics of  $D$ 
5: for fields  $f \in D$  do
6:   for records  $r \in D$  do
7:     Tokenize  $r_f$ 
8:     Block  $r$  on generate tokens
9:   end for
10: end for
11: for block  $B$  generate in previous step do
12:   Slide a window of size  $c$  over tuples in  $B$ 
13:   Generate all possible pairs within window and
14:   add to  $C$ 
15: end for
16: for pairs  $(t_1, t_2) \in C$  do
17:   Compute TFIDF similarity  $sim$  of  $(t_1, t_2)$ 
18:   if  $|P| \geq ut$  then
19:     if  $|P| < d$  then
20:       add  $(t_1, t_2)$  to  $P$ 
21:     continue
22:   end if
23:   if  $sim > \text{lowest } sim \text{ in } P$  then
24:     Replace pair with lowest  $sim$  in  $P$  with  $(t_1, t_2)$ 
25:   end if
26: end if
27: if  $sim < lt$  then
28:   if  $|N| < nd$  then
29:     add  $(t_1, t_2)$  to  $N$ 
30:   continue
31: end if
32: if  $sim > \text{lowest } sim \text{ in } N$  then
33:   Replace pair with lowest  $sim$  in  $N$  with  $(t_1, t_2)$ 
34: end if
35: end if
36: end for
37: Return  $P$  and  $N$ 
```

---

---

**Algorithm 2** WeakTrainingSet with Ground Truth

---

**Input:**

- Dataset:  $D$
- Ground Truth  $GT$
- Blocking Window Size:  $c$

**Output:**

- A set of positive samples:  $P$
- A set of negative samples:  $N$

```
1: Initialize set  $P = ()$ 
2: Initialize set  $N = ()$ 
3: Initialize set of tuple pairs  $C = ()$ 
4: Generate TFIDF statistics of  $D$ 
5: for fields  $f \in D$  do
6:   for records  $r \in D$  do
7:     Tokenize  $r_f$ 
8:     Block  $r$  on generate tokens
9:   end for
10: end for
11: for block  $B$  generate in previous step do
12:   Slide a window of size  $c$  over tuples in  $B$ 
13:   Generate all possible pairs within window and
14:   add to  $C$ 
15: end for
16: for pair  $(t_1, t_2) \in GT$  do
17:   Add  $(t_1, t_2)$  to  $P$ 
18: end for
19: Initialize dictionary  $M = \{\}$ 
20: for pairs  $(t_1, t_2) \in C$  do
21:   Compute TFIDF similarity  $sim$  of  $(t_1, t_2)$ 
22:    $M[(t_1, t_2)] = sim$ 
23: end for
24: Calculate probability distribution over  $M$ 
25:  $max_n = |GT| * 5$ 
26: for  $i = 1$  to  $max_n$  do
27:   Choose a pair  $p$  from  $M$  based on probability distribution
28:   Add  $p$  to  $N$ 
29: end for
30: Return  $P$  and  $N$ 
```

---

Datensatz per Attribute in Token zerlegt, nach welchen ein Standard Blocking durchgeführt wird (Zeilen 5-10). Danach wird eine Kandidatenmenge generiert, indem ein Fenster der Größe  $c$  über jeden einzelnen Block geschoben wird (Zeile 11 -15). Abschließend wird für jedes Paar die TF/IDF-Ähnlichkeit (aus Cohen [26]) bestimmt und je nach Schwellenwertklassifikation in das Set der Matches oder Non-Matches aufgenommen (Zeilen 16-36).

### Mit Ground Truth

Die Implementierung des Label Generators mit Ground Truth, ist eine Modifikation des WeakLabel-Algorithmuses von Kejriwal & Miranker (Algorithmus 2). Dabei sind die ersten drei Schritte gleich zum ursprünglichen Algorithmus. Nachdem die Kandidatenmenge erzeugt wurde, werden alle Ground Truth Paare nach  $P$  übernommen (Zeilen 16-18). Anschließend werden die TF/IDF-Ähnlichkeit ermittelt und in  $M$  zwischengespeichert (Zeilen 19-23). Danach wird die Wahrscheinlichkeitsverteilung der Ähnlichkeiten in  $M$  durch ein Histogramm ermittelt (Zeile 24). Aus den Behältern des Histogramms wird anschließend zufällig ein Paar gezogen (Zeile 27). Dabei erfolgt die Ziehung nach der Wahrscheinlichkeitsverteilung, d.h. aus ein Behälter mit vielen Paaren wird mit höhe-

re Wahrscheinlichkeit ein Paar ausgewählt, als aus einem Behältnis mit wenigen Paaren. Die Ziehen wird  $max_n$  mal wiederholt bzw. solange bis keine Paare mehr übrig sind (Zeilen 26-29).

## 4.2.2 Blocking Schema Generator

### Blocks DNF Generator

Der Blocks DNF Generator erzeugt ein Blocking Schema in disjunktiver Normalform. Dazu bildet er Ausdrücke und bewertet die Qualität und Effektivität mit Algorithmus 4. Zur Evaluierung eines Ausdrucks  $t$  benötigt der Algorithmus den Datensatz  $D$ , die Matches  $P$  und die Non-Matches  $N$ , sowie den von der Engine eingesetzten Indexer  $IX$ . Der Ausdruck  $t$  wird dem Indexer  $IX$  als Blocking Schema übergeben, wodurch dieser in der Lage ist seinen Index  $I$  über  $D$  zu bauen (Zeile 1). Anschließend werden alle Blöcke aus  $I$  einzeln betrachtet (Zeile 4). Für jeden Block wird zunächst die Paarkombination aller dem Block zugehöriger Datensätze ermittelt, welche der Menge  $C$  hinzugefügt werden (Zeile 5). Zudem wird mittels der Match  $P$  und Non-Matches  $N$  die Anzahl der true positives, false positives und true negatives ermittelt und global in  $TP$ ,  $FP$  und  $FN$  aufsummiert (Zeile 6). Damit Ausdrücke untereinander verglichen werden können werden zwei Arrays  $y_{true}$  und  $y_{pred}$  mit der Länge  $|P \cup N|$  erzeugt mit deren Hilfe das F-measure bestimmt werden kann.  $y_{true}$  gibt an welcher Klasse ein Paar  $p$  angehört: Match, wenn  $p \in P$  oder Non-Match, wenn  $p \in N$ .  $y_{pred}$  bestimmt, ob ein Datensatzpaar einen gemeinsamen Block in  $I$  hat  $y_{pred}[p] = True$  oder nicht  $y_{pred}[p] = False$  (Zeilen 10-27). Durch die von den Blöcken aufsummierten  $TP$ ,  $FP$ ,  $FN$  wird als Bewertung für  $t$  der F-measure Wert  $f$  bestimmt. Die Werte für F-measure,  $y_{true}$  und  $y_{pred}$  werden zum Schluss an den Aufrufer zurückgegeben.

Der Algorithmus zur Bestimmung des Blocking Schemas ist in Algorithmus 3 dargestellt. Dieser bekommt als Eingangsdaten die spezifischen Blockingprädikate  $S$ . Da die maximale Konjunktion der Blockingprädikate bzw. die maximale Disjunktion potentiell unendlich groß ist, wird diese über die Parameter  $k$  für die Konjunktionen und  $d$  für die Disjunktionen begrenzt. Aus Erfahrung zeigt sich, dass Werte  $> 3$  keine wesentliche Verbesserung bieten. Ein weiterer Grund die Konjunktionen bzw. Disjunktionen nicht beliebig zu erhöhen ist, dass der Indexer deutlich komplexere Blöcke bauen muss, was sich in der Effektivität niederschlägt. Der Algorithmus beginnt die Ausdrücke für die DNF zu erzeugen, indem alle Kombinationen der Menge spezifischer Blockingprädikate  $S$  bis zur Länge  $k$  der maximalen Konjunktionen berechnet werden (Zeilen 3-5). Anschließend wird jeder Ausdruck  $t$  durch Algorithmus ?? evaluiert. Ist der F-measure Wert, der für  $t$  bestimmt wurde, gleich 0, indiziert dies einen ungeeigneten Block und der Ausdruck wird entfernt (Zeile 9). Aus den noch in  $T$  vorhandenen Ausdrücken werden durch Disjunktion bis zur Länge  $d$  mögliche Kandidaten eines Blocking Schemas generiert (Zeilen

---

**Algorithm 3** DNF Blocking Schema

---

**Input:**

- Set of specific blocking predicates:  $S$
- Maximum conjunctions per term:  $k$
- Maximum disjunctions of terms:  $d$

**Output:**

- Blocking Scheme:  $BS$

```
1: Initialize set of blocking scheme candidates  $BS_C = ()$ 
2: Initialize set of terms  $T = ()$ 
3: for  $i = 1$  to  $k$  do
4:   Generate combination of  $S$  with depth  $i$  and
    add to  $T$ 
5: end for
6: for term  $t \in T$  do
7:    $fmeasure, y_{true}, y_{pred} = evaluateTerm(t)$   $\triangleright$ 
    Algorithm 4
8:   if  $fmeasure = 0$  then
9:     Remove  $t$  from  $T$ 
10:  end if
11: end for
12: for  $i = 1$  to  $d$  do
13:   Generate combination  $C$  of  $T$  with depth  $i$ 
14:   Add  $C$  to  $BS_C$ 
15: end for
16: for Blocking scheme  $bs \in BS_C$  do
17:   Initialize array  $y_{true}$  with length  $|P \cup N|$ 
18:   Initialize array  $y_{pred}$  with length  $|P \cup N|$ 
19:   for term  $t \in bs$  do
20:      $y_{true} \vee t.y_{true}$ 
21:      $y_{pred} \vee t.y_{pred}$ 
22:   end for
23:   Score  $s = fmeasure(y_{true}, y_{pred})$ 
24:   if  $s > top\_score$  then
25:      $BS = bs$ 
26:   end if
27: end for
28: return  $BS$ 
```

---

---

**Algorithm 4** Evaluate Term

---

**Input:**

- Term:  $t$
- Dataset:  $D$
- Indexer:  $IX$
- Set of positive pairs:  $P$
- Set of negative pairs:  $N$

**Output:**

- F-measure:  $f$
- Labels:  $y_{true}$
- Predictions:  $y_{pred}$

```
1: Build Index  $I$  over  $D$  using Indexer  $IX$  and Term  $t$ 
2: Initialize set of pairs  $C = ()$ 
3: Initialize  $TP = 0, FP = 0, FN = 0$ 
4: for block  $b \in I$  do
5:   Generate pair combinations  $pc$  for records in  $b$ 
    and add them to  $C$ 
6:   According to  $P$  and  $N$  calculate number of true
    positives, false positives and false negatives and
    sum them up with  $TP, FP$  and  $FN$ .
7: end for
8: Initialize array  $y_{true}$  with length  $|P \cup N|$ 
9: Initialize array  $y_{pred}$  with length  $|P \cup N|$ 
10: for  $i = 1$  to  $|P|$  do
11:   Pair  $p = P[i]$ 
12:    $y_{true} = True$ 
13:   if  $p \in C$  then
14:      $y_{pred} = True$ 
15:   else
16:      $y_{pred} = False$ 
17:   end if
18: end for
19: for  $i = |P| + 1$  to  $|N|$  do
20:   Pair  $p = N[i]$ 
21:    $y_{true} = False$ 
22:   if  $p \in C$  then
23:      $y_{pred} = True$ 
24:   else
25:      $y_{pred} = False$ 
26:   end if
27: end for
28: Calculate F-measure  $f$  according to  $TP, FN, FP$ 
29: return  $f, y_{true}, y_{pred}$ 
```

---

12-14). Ein Blocking Schema wird ausgewählt, indem die  $y_{pred}$  und  $y_{true}$  Arrays der Ausdrücke in jedem potentiellen Blocking Schema verodert werden (Zeilen 19-22) und daraus das F-measure berechnet wird (Zeile 23). Das potentielle Blocking Schema mit dem höchsten F-measure wird abschließend ausgewählt und an die Engine zurückgegeben.

### 4.2.3 Indexer

#### MDySimII

Der MDySimII Indexer ist eine Erweiterung des DySimII (vgl. Abschnitt 2.2.2), der in der Lage ist ein DNF Blocking Schema, statt einzelner Blockschlüssel, zu nutzen. Dadurch ergeben sich einige Unterschiede zur ursprünglichen Umsetzung. Die Idee des DySimII, die Ähnlichkeit aller Attribute vorauszuberechnen, basiert auf der Annahme, dass es für jedes Attribut eine Enkodierungsfunktion gibt, die Blockschlüssel für ein Attribut erzeugt. Durch das DNF Blocking Schema ist es jedoch nicht mehr garantiert, dass jedes Attribut beim Blocking berücksichtigt wird. Im schlimmsten Fall besteht das Blocking Schema nur aus einem einstelligen Ausdruck, dadurch wird das Blocking lediglich auf einem Attribut durchgeführt. Dementsprechend muss bei einer Anfrage, zwischen den, im Blocking Schema nicht enthaltenen Attribute, immer die Ähnlichkeit ermittelt wer-



---

**Algorithm 5** DNF Similarity-Aware Index - Build

---

**Input:**  
- Data set:  $D$   
- DNF Blocking Scheme:  $BS$   
- Fields used in  $BS$  as:  $F$   
- Similarity functions:  $S_i, i = 1 \dots n$

**Output:**  
- Index data structures:  $RI, BI, SI$

```
1: for fields  $f \in F$  do
2:   Initialize  $RI_f = \{\}, BI_f = \{\}, SI_f = \{\}$ 
3: end for
4: for records  $r \in D$  do
5:   for fields  $f \in F$  do
6:     insert  $r.id$  into  $RI_f[r.f]$ 
7:   end for
8:   for terms  $t \in BS$  do
9:      $bkvs = \text{blocking\_key\_values}(t, r)$ 
10:    for  $bkv \in bkvs$  do
11:      for fields  $f \in t.fields$  do
12:         $bi = BI_f[bkv]$ 
13:        Append  $r.f$  to  $bi$ 
14:         $BI_f[bkv] = bi$ 
15:        Initialize inverted index list  $si = ()$ 
16:        for  $v \in bi$  do
17:          if  $v \notin SI_f$  then
18:             $sim = S_f(r.f, v)$ 
19:             $oi = SI_f[v]$ 
20:            Append  $(r.f, sim)$  to  $oi$ 
21:             $SI_f[v] = oi$ 
22:            Append  $(v, sim)$  to  $si$ 
23:          end if
24:           $SI_f[r.f] = si$ 
25:        end for
26:      end for
27:    end for
28:  end for
29: end for
```

---

---

**Algorithm 6** DNF Similarity-Aware Index - Query

---

**Input:**  
- Query record:  $q$   
- DNF Blocking Schema:  $BS$   
- Fields used in  $BS$  as:  $F$   
- Similarity functions:  $S_i, i = 1 \dots n$

**Output:**  
- Matches:  $M$

```
1: Initialize dictionary  $M = \{\}$ 
2: Insert  $q$  into Index
3: for fields  $f \in F$  do
4:    $ri = RI_f[q.f]$ 
5:   for  $r.id \in ri$  do
6:      $M[(r.id, field)] = 1.0$ 
7:   end for
8:    $si = SI_f[q.f]$ 
9:   for  $(r.f, sim) \in si$  do
10:     $ri = RI_f[r.f]$ 
11:    for  $r.id \in ri$  do
12:       $M[(r.id, field)] = sim$ 
13:    end for
14:  end for
15: end for
```

---

den und kann nicht im Index nachgeschlagen werden. Eine weitere Änderung ist, dass das DNF Blocking Schema zu einem Attribut mehrere Blockschlüssel erzeugen kann, wodurch ein Datensatz pro Feld in mehrere Blöcke eingefügt werden kann. Des Weiteren erhalten bei Ausdrücken mit zwei oder mehr spezifischen Blockingprädikaten zwei oder mehr Attribute dieselben Blockschlüssel und müssen entsprechend eingeordnet werden. Als Ergebnis einer Anfrage wurde von der ursprünglichen DySimII Implementierung eine Kandidatenliste mit der aufsummierten Gesamtwahrscheinlichkeit der Kandidaten zurückgegeben. Der MDySimII hingegen gibt für jeden Kandidaten einen Vektor mit den einzelnen Attributsähnlichkeiten zurück.

In Algorithmus 5 ist, die für den MDySimII angepasste, *Build-Phase* beschrieben. Zunächst werden die Index Datenstrukturen Record Index, Block Index und Similarity Index für jedes, in der DNF vorkommende Attribute, erzeugt (Zeilen 1-3). Die im Algorithmus genannten *fields* die Positionen der Attribute in einem Datensatz  $r = [a_1, \dots, a_n]$ . Anschließend werden alle Datensätze in  $D$  nacheinander eingefügt. Dazu wird zunächst der Datensatzidentifizier, in alle oben erzeugte RIs, unter dem entsprechenden Attribute eingefügt (Zeilen 5-7). Anschließend werden alle Ausdrücke der DNF einzeln betrachtet. Zu jedem Ausdruck werden für den Datensatz  $r$  die Blockschlüsselwerte erzeugt (Zeile 9). Für jedes abgedeckte Attribut des aktuellen Ausdrucks, werden die Attributswerte von  $r$  unter dem Blockschlüssel  $bkv$  in den entsprechenden Block Index eingefügt (Zeilen 12-14). Nachdem ein Attribut in einen Block eingefügt wurde, werden analog zum ursprünglichen DySimII Verfahren die Ähnlichkeiten der Attribute ermittelt und gegenseitig im Similarity Index ergänzt bzw. eingefügt (Zeilen 17-24).

Die *Query-Phase* des MDySimII wird in Algorithmus 6 beschrieben. Zunächst wird die Kandidatenliste  $C$  initialisiert (Zeile 1). Dann wird der Anfragedatensatz nach Algorithmus ?? in den Index eingefügt (Zeile 2). Sollte der Datensatz sich schon im Index befinden wird dieser Schritt übersprungen. Für jedes Attribut aus  $q$ , das vom dem Blocking Schema  $BS$  abgedeckt wird, wird zunächst alle Kandidaten mit übereinstimmenden Attribut aus dem RI geholt und mit dem Ähnlichkeitswert 1.0 in die Kandidatenliste übernommen (Zeilen 4-7). Anschließend werden für das Attribute alle Kandidaten im selben Block mit ihrer vorberechneten Ähnlichkeit aus dem SI geholt. Die Identifier der Attribute im selben Block werden über den RI aufgelöst und anschließend mit dem Ähnlichkeitswert aus dem SI in die Kandidatenlist übernommen (Zeilen 8-14).

# Literaturverzeichnis

- [1] Fellegi, Ivan P.; Sunter, Alan B.: A Theory for Record Linkage. In: *Journal of the American Statistical Association* Bd. 64 (1969), Nr. 328, S. 1183–1210
- [2] Köpcke, Hanna; Rahm, Erhard: Frameworks for Entity Matching: A Comparison. In: *Data & Knowledge Engineering* Bd. 69 (2010), Nr. 2, S. 197–210
- [3] Kolb, Lars: *Effiziente MapReduce-Parallelisierung von Entity Resolution-Workflows*, University of Leipzig, Dissertation, 2014
- [4] Kolb, Lars; Rahm, Erhard: Parallel Entity Resolution with Dedoop. In: *Datenbank-Spektrum* Bd. 13 (2013), Nr. 1, S. 23–32
- [5] Malhotra, Pankaj; Agarwal, Puneet; Shroff, Gautam: Graph-Parallel Entity Resolution Using LSH & IMM. In: *EDBT/ICDT Workshops*, 2014, S. 41–49
- [6] Whang, S. E.; Marmaros, D.; Garcia-Molina, H.: Pay-As-You-Go Entity Resolution. In: *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering* Bd. 25 (2013), Nr. 5, S. 1111–1124
- [7] Ramadan, Banda; Christen, Peter; Liang, Huizhi; Gayler, Ross W.: Dynamic Sorted Neighborhood Indexing for Real-Time Entity Resolution. In: *J. Data and Information Quality* Bd. 6 (2015), Nr. 4, S. 15:1–15:29
- [8] Christen, Peter; Gayler, Ross: Towards Scalable Real-Time Entity Resolution Using a Similarity-Aware Inverted Index Approach. In: *Proceedings of the 7th Australasian Data Mining Conference - Volume 87, AusDM '08*. Darlinghurst, Australia, Australia : Australian Computer Society, Inc., 2008 — ISBN 978-1-920682-68-2, S. 51–60
- [9] Köpcke, Hanna; Thor, Andreas; Rahm, Erhard: Evaluation of Entity Resolution Approaches on Real-World Match Problems. In: *Proceedings of the VLDB Endowment* Bd. 3 (2010), Nr. 1-2, S. 484–493
- [10] Draisbach, Uwe; Naumann, Felix: A Comparison and Generalization of Blocking and Windowing Algorithms for Duplicate Detection. In: *Proceedings of the International Workshop on Quality in Databases (QDB)*, 2009, S. 51–56
- [11] Christen, P.: A Survey of Indexing Techniques for Scalable Record Linkage and Deduplication. In: *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering* Bd. 24 (2012), Nr. 9, S. 1537–1555
- [12] Aizawa, A.; Oyama, K.: A Fast Linkage Detection Scheme for Multi-Source Information Integration. In: *International Workshop on Challenges in Web Information Retrieval and Integration*, 2005, S. 30–39
- [13] Hernández, Mauricio A.; Stolfo, Salvatore J.: The Merge/Purge Problem for Large Databases. In: *Proceedings of the 1995 ACM SIGMOD International Conference on Management of Data, SIGMOD '95*. New York, NY, USA : ACM, 1995 — ISBN 978-0-89791-731-5, S. 127–138

- [14] Cohen, William W.; Richman, Jacob: Learning to Match and Cluster Large High-Dimensional Data Sets for Data Integration. In: *Proceedings of the Eighth ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, KDD '02*. New York, NY, USA : ACM, 2002 — ISBN 978-1-58113-567-1, S. 475–480
- [15] Ramadan, Banda; Christen, Peter; Liang, Huizhi; Gayler, Ross W.; Hawking, David: Dynamic Similarity-Aware Inverted Indexing for Real-Time Entity Resolution. In: *Pacific-Asia Conference on Knowledge Discovery and Data Mining* : Springer, 2013, S. 47–58
- [16] Li, Shouheng; Liang, H.; Ramadan, Banda; others: *Two Stage Similarityaware Indexing for Large Scale Realtime Entity Resolution* : AusDM, 2013 – Maßstab
- [17] Kejriwal, M.; Miranker, D. P.: An Unsupervised Algorithm for Learning Blocking Schemes. In: *2013 IEEE 13th International Conference on Data Mining*, 2013, S. 340–349
- [18] Gu, Quanquan; Li, Zhenhui; Han, Jiawei: Generalized Fisher Score for Feature Selection. In: *arXiv preprint arXiv:1202.3725* (2012)
- [19] Elmagarmid, A. K.; Ipeirotis, P. G.; Verykios, V. S.: Duplicate Record Detection: A Survey. In: *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering* Bd. 19 (2007), Nr. 1, S. 1–16
- [20] Levenshtein, Vladimir I.: Binary Codes Capable of Correcting Deletions, Insertions, and Reversals. In: *Soviet Physics Doklady*. Bd. 10, 1966, S. 707–710
- [21] Damerau, Fred J.: A Technique for Computer Detection and Correction of Spelling Errors. In: *Communications of the ACM* Bd. 7 (1964), Nr. 3, S. 171–176
- [22] Needleman, Saul B.; Wunsch, Christian D.: A General Method Applicable to the Search for Similarities in the Amino Acid Sequence of Two Proteins. In: *Journal of Molecular Biology* Bd. 48 (1970), Nr. 3, S. 443–453
- [23] Waterman, Michael S.; Smith, Temple F.; Beyer, William A.: Some Biological Sequence Metrics. In: *Advances in Mathematics* Bd. 20 (1976), Nr. 3, S. 367–387
- [24] Smith, T. F.; Waterman, M. S.: Identification of Common Molecular Subsequences. In: *Journal of Molecular Biology* Bd. 147 (1981), Nr. 1, S. 195–197
- [25] Monge, Alvaro E.; Elkan, Charles; others: The Field Matching Problem: Algorithms and Applications. In: *KDD*, 1996, S. 267–270
- [26] Cohen, William W.: WHIRL: A Word-Based Information Representation Language. In: *Artificial Intelligence* Bd. 118 (2000), Nr. 12, S. 163–196
- [27] Gravano, Luis; Ipeirotis, Panagiotis G.; Koudas, Nick; Srivastava, Divesh: Text Joins in an RDBMS for Web Data Integration. In: *Proceedings of the 12th International Conference on World Wide Web, WWW '03*. New York, NY, USA : ACM, 2003 — ISBN 978-1-58113-680-7, S. 90–101
- [28] Sonnenburg, Sören; Rätsch, Gunnar; Rieck, Konrad: Large Scale Learning with String Kernels. In: *Large Scale Kernel Machines* (2007), S. 73–103
- [29] Lodhi, Huma; Saunders, Craig; Shawe-Taylor, John; Cristianini, Nello; Watkins, Chris: Text Classification Using String Kernels. In: *Journal of Machine Learning Research* Bd. 2 (2002), Nr. Feb, S. 419–444
- [30] Christen, Peter: *Data Matching: Concepts and Techniques for Record Linkage, Entity Resolution, and Duplicate Detection* : Springer Science & Business Media, 2012 – Maßstab

- [31] Boser, Bernhard E. ; Guyon, Isabelle M. ; Vapnik, Vladimir N.: A Training Algorithm for Optimal Margin Classifiers. In: *Proceedings of the Fifth Annual Workshop on Computational Learning Theory, COLT '92*. New York, NY, USA : ACM, 1992 — ISBN 978-0-89791-497-0, S. 144–152
- [32] Bilenko, Mikhail ; Mooney, Raymond J.: Adaptive Duplicate Detection Using Learnable String Similarity Measures. In: *Proceedings of the Ninth ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, KDD '03*. New York, NY, USA : ACM, 2003 — ISBN 978-1-58113-737-8, S. 39–48
- [33] Christen, Peter: Automatic Record Linkage Using Seeded Nearest Neighbour and Support Vector Machine Classification. In: *Proceedings of the 14th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining* : ACM, 2008, S. 151–159
- [34] Arasu, Arvind ; Götz, Michaela ; Kaushik, Raghav: On Active Learning of Record Matching Packages. In: *Proceedings of the 2010 ACM SIGMOD International Conference on Management of Data* : ACM, 2010, S. 783–794
- [35] Vogel, Tobias ; Heise, Arvid ; Draisbach, Uwe ; Lange, Dustin ; Naumann, Felix: Reach for Gold: An Annealing Standard to Evaluate Duplicate Detection Results. In: *Journal of Data and Information Quality* Bd. 5 (2014), Nr. 1-2, S. 1–25
- [36] Christen, Peter: Preparation of a Real Temporal Voter Data Set for Record Linkage and Duplicate Detection Research (2013)
- [37] Yujian, L. ; Bo, L.: A Normalized Levenshtein Distance Metric. In: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* Bd. 29 (2007), Nr. 6, S. 1091–1095



# Abbildungsverzeichnis

2.1	Vereinfachter Entity Resolution Workflow aus [3]. Die Datenquelle $S$ wird vorverarbeitet und in kleinere Submengen gegliedert. Innerhalb dieser werden Datensatzpaare miteinander verglichen und paarweise bestimmt, ob diese der selben Entität entsprechen. Abschließend werden aus Paaren Gruppen von Duplikaten ermittelt und als Ergebnisse $M$ geliefert. . . . .	4
2.2	Beispielhafte Standard Blocking Ausführung nach [3]. Für jeden Datensatz in $S$ wird ein Blockschlüssel $K$ erzeugt. Anhand dessen werden Blöcke erzeugt und innerhalb der Blöcke werden Paare gebildet. . . . .	8
2.3	Ein DySimII-Index, welcher aus der Tabelle links erzeugt worden ist. Die Beispieldatensätze enthalten das Namensattribut und eine Double-Metaphone Enkodierung, welche als Blockingschlüssel genutzt wird. <b>RI</b> ist der Record Identifier Index, <b>BI</b> der Block Index und <b>SI</b> der Similarity Index. Das Beispiel ist aus [15] entnommen. . . . .	11
2.4	Konjunktion der drei Ausdrücke ( <code>EnthältGemeinsamenToken, name</code> ), ( <code>ExakteÜbereinstimmung, stadt</code> ) und ( <code>Erste3Ziffern, plz</code> ) zu einem zweistelligen und dreistelligen Ausdruck. . . . .	17
2.5	Beispiel eines Decision Tree. Der Baum tested an jedem Knoten den Ähnlichkeitswert eines bestimmten Attributes, durch die Funktion $s(\cdot)$ . Die Blattknoten bestimmen das Klassifikationsergebnis Match oder Non-Match. . . . .	23
2.6	Datensatzklassifikation nach [32]. Der Featurevektor für die Klassifikation wird aus den Attributsähnlichkeiten von Name, Address, City und Cuisine erzeugt. Eine SVM klassifiziert diesen Vektor anschließend in Match (duplicate records) oder Non-Match (Non-duplicate records). . . . .	24
2.7	Beispiele von Qualitätsgraphen aus [30]. <b>b.</b> Precision-Recall, <b>c.</b> F-measure, <b>d.</b> ROC Kurve. <b>[TODO Ersetzen durch eigene Graphen!]</b> . . . . .	30

4.1	Engine des selbstkonfigurierenden Systems. Bestehend aus 8 Komponenten. In Gelb sind der Ground Truth Generator, der Blocking Scheme Lerner, der Similarity Lerner und der Hyperparameter Optimierer, welche für das Erlernen der Konfiguration nötig sind. In Grün ist der Indexer, welcher aus anhand der gelernten Konfiguration gebaut wird und der Klassifikator. In Blau ist der Parser, um Daten einer Datenquelle zu laden und der Präprozessor, um die geladenen Daten für Entity Resolution zu manipulieren . . . . .	40
4.2	Zustandsdiagramm der Engine. Lernen der Konfiguration versetzt die Engine von unangepasst nach angepasst. Wurde der Index gebaut, ist die Engine im Zustand gebaut und kann Anfrage entgegennehmen. . . . .	41
4.3	Aktivitätsdiagramm der Vorverarbeitung. Der Parser liest einen Datensatz, welcher vom Präprozessor transformieren wird. Der transformierte Datensatz wird von der Engine abgespeichert. . . . .	41
4.4	Aktivitätsdiagramm der Fit-Phase. Die Engine kontrolliert den Datenfluss zwischen den Komponenten, speichert Zwischenstände und breitet Daten für Komponenten auf. Parser und Präprozessor lesen die Trainingsdaten und transformieren diese. Der Label Generator erzeugt die Ground Truth, durch welche ein DNF-Blocking Schema vom BS-Lerner erzeugt wird. Auch auf der Ground Truth werden die Ähnlichkeitsvektoren anhand der gelernten Funktionen erzeugt, wodurch die Hyperparameter bestimmt und abschließend das Model trainiert wird. . . . .	43
4.5	Aktivitätsdiagramm der Build-Phase. Der liest alle vorverarbeiteten Datensätze einer initialen Datensatzes ein und fügt diese seinem Index hinzu. . . . .	45
4.6	Aktivitätsdiagramm der Query-Phase. . . . .	46



## Auflistungsverzeichnis



## Tabellenverzeichnis

2.1	Matrix mit den vier Klassifikationszuständen. TP wenn tatsächliches und klassifiziertes Match, FN wenn tatsächlich Non-Match, aber klassifiziert als Match, FP wenn tatsächlich Match, aber klassifiziert als Non-Match und TN wenn tatsächliches und klassifiziertes Non-Match. . . . .	28
2.2	Überblick der Datensätze aus wissenschaftlichen Veröffentlichungen. . . . .	32



# Erklärung

Erklärung gem. ABPO, Ziff. 6.4.3

Ich versichere, dass ich die Master-Thesis selbstständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Hilfsmittel benutzt habe.

*Wiesbaden, 04.03.2017*

---

Kevin Sapper

Hiermit erkläre ich mein Einverständnis mit den im Folgenden aufgeführten Verbreitungsformen dieser Master-Thesis:

Verbreitungsform	ja	nein
Einstellung der Arbeit in die Bibliothek der Hochschule RheinMain	✓	
Veröffentlichung des Titels der Arbeit im Internet	✓	
Veröffentlichung der Arbeit im Internet	✓	

*Wiesbaden, 04.03.2017*

---

Kevin Sapper

