

HOCHSCHULE ...

STUDIENGANG ...

---

Masterthesis

**Aufbau einer Plattform zur  
forensischen Analyse basierend auf dem  
Apache Hadoop<sup>®</sup> Framework**

---

Zur Erlangung des akademischen Grades  
Master of Science

vorgelegt im Sommersemester 2018

von  
Johannes Busam

Erstbetreuung: ...

Zweitbetreuung: ...

# Inhaltsverzeichnis

<b>1 Einleitung</b>	<b>3</b>
1.1 Allgemeines . . . . .	3
1.2 Problemstellung . . . . .	3
1.3 Zielsetzung . . . . .	4
1.4 Weitere Aspekte der Thesis . . . . .	5
1.5 Aufbau . . . . .	6
<b>2 Vorgehen</b>	<b>7</b>
2.1 Projektplanung . . . . .	7
2.2 Entwicklungsumgebung . . . . .	12
2.3 Testdatengenerierung . . . . .	14
<b>3 Grundlagen von Apache Hadoop®</b>	<b>15</b>
3.1 Apache Hadoop® Framework . . . . .	15
3.2 Apache Hadoop HDFS . . . . .	17
3.3 Apache Hadoop YARN . . . . .	19
3.4 Apache Spark . . . . .	21
3.5 Apache HBASE . . . . .	24
3.6 Apache ZooKeeper . . . . .	27
3.7 Apache Solr und Lucene . . . . .	29
<b>4 Datenspeicherung</b>	<b>32</b>
4.1 Allgemeiner forensischer Analyseprozess . . . . .	32
4.2 Herkömmliches Analysevorgehen . . . . .	35
4.3 Umsetzung in der Hadoop Analyse-Plattform . . . . .	38
4.3.1 Variante 1 - Datenträgerabbild im HDFS speichern . . . . .	38
4.3.2 Variante 2 - Logische Dateien im HDFS speichern . . . . .	40
4.3.3 Variante 3 - Speicherung in Dateicontainer . . . . .	44
4.3.4 Variante 4 - Speicherung mit HBASE und HDFS . . . . .	46
4.4 Fachliche Probleme bei den Daten . . . . .	51
4.4.1 Symbolische Links . . . . .	51
4.4.2 Zugriffsrechte . . . . .	51
<b>5 Datenverarbeitung</b>	<b>54</b>
5.1 Herkömmliches Analysevorgehen . . . . .	54
5.2 Verarbeitung Apache Spark™ . . . . .	55
5.2.1 Praxisbeispiele und deren Optimierungen . . . . .	55
5.3 Anwendungsfälle der Datenverarbeitung . . . . .	57

5.3.1	Hashsummen ermitteln . . . . .	57
5.3.2	Dateityp erkennen mit Apache Tika . . . . .	57
5.3.3	Dateien indizieren . . . . .	57
<b>6</b>	<b>Forensische Anforderungen</b>	<b>59</b>
6.1	Plattform absichern . . . . .	59
6.1.1	Authentifizierung . . . . .	59
6.1.2	Datenverschlüsselung . . . . .	59
<b>7</b>	<b>Visualisierung der Ergebnisse</b>	<b>61</b>
<b>8</b>	<b>Zusammenfassung</b>	<b>62</b>
<b>9</b>	<b>Ausblick</b>	<b>63</b>
<b>A</b>	<b>Anhang A</b>	<b>68</b>
A.1	Analyse ähnlicher Projekte und Produkte . . . . .	68
A.2	Lizenzierungen in dieser Arbeit . . . . .	69
<b>B</b>	<b>Hadoop Konfigurationen</b>	<b>70</b>
B.1	Aufsetzen des aktuellen Hadoop-Frameworks . . . . .	70

# 1 Einleitung

## 1.1 Allgemeines

## 1.2 Problemstellung

Die forensische Analyse von digitalen Beweismitteln ist in der heutigen Zeit ein wichtiger Aspekt, um in der Strafverfolgung rechtswidriges Verhalten aufzudecken oder nachzuweisen. In vielen Fällen werden informationstechnische Systeme am Tatort gefunden oder zur Tatbegehung genutzt. Einschlägig sind hierbei Angriffe auf kritische Infrastrukturen durch Computersabotage oder das Ausspähen von Daten. Aber auch Urheberrechtsverletzungen durch die Weitergabe von geschützten Medien oder Verstöße gegen das Wettbewerbsrecht werden mit Informationstechnik begangen. Je nach Dauer und Umfang der Strafhandlung werden gerade auch im Bereich der Wirtschaftskriminalität dutzende Beweismittel von informationstechnischen Systemen erhoben. Beispielsweise werden beteiligte Computer und Mobiltelefone sichergestellt. Oder es werden logische Sicherungen von Netzwerkspeichern durchgeführt.

Bei der Analyse dieser Beweismittel möchte ein forensischer Ermittler möglichst schnell einen Überblick über die sichergestellten Daten erhalten. Darauf aufbauend kann er entscheiden, welche Spuren in den Daten zum Nachweis konkreter Tathandlungen dienen und welche potentielle Beweismittel nicht weiter analysiert werden müssen.

Der kritischste Aspekt hierbei ist, in kürzester Zeit die richtigen Informationen aus allen Daten zu extrahieren. Denn gerade in der Strafverfolgung ist eine schnelle und zielgerichtete Aufarbeitung der Ermittlungsfälle erforderlich. Darüber hinaus werden während der Analyse oftmals weitere Indizien gefunden, welche wiederum zur Sicherung neuer Beweismittel führen können. Je mehr Zeit jedoch für die Analyse benötigt wird, desto höher ist die Gefahr, dass noch nicht sichergestellte Daten endgültig gelöscht werden. Beispielsweise werden Telekommunikationsverbindungsdaten nicht über längere Zeiträume gespeichert.

Zur Analyse stehen dem Forensiker etliche kommerzielle und Open Source Programme zur Auswahl. Allerdings sind im forensischen Open Source Bereich viele Programme durch die Ressourcen des Analyserechners beschränkt. Sie bieten keine Möglichkeiten rechenintensive Aufgaben performant auf mehreren Computern zu skalieren.

Aus fachlicher Sicht wäre eine Plattform sinnvoll, die anfallende Analyseaufgaben automatisiert auf allen Daten durchführt. Das System sollte die Ergebnisse unter Berücksichtigung verfügbarer Ressourcen schnellstmöglich ermitteln und dem forensischen Ermittler in einer aufbereiteten Form darstellen. Auf Basis dieser Ergebnisse könnte sich der Forensiker möglichst frühzeitig einen Überblick aller Beweismittel verschaffen, um dann bestimmte Daten

und Informationen auch in anderen spezialisierten Analysetools weiterzuverarbeiten.

### 1.3 Zielsetzung

Zur Lösung der Problemstellung soll in dieser Masterthesis eine Plattform zur forensischen Analyse entwickelt werden. Diese Plattform soll durch eine automatisierte Analyse und Aufbereitung forensisch relevanter Informationen dem Nutzer helfen, sich einen Überblick zu verschaffen. Der Forensiker soll dadurch effizient und zielgerichtet Datenanalysen durchführen können. Als Basis dieser Plattform soll das Apache Hadoop® Framework genutzt werden. Hierbei sollen Vor- und Nachteile dieser Art der Datenverarbeitung im forensischen Kontext herausgearbeitet werden.

Apache Hadoop ist ein etabliertes Open Source Framework zur verteilten Speicherung und Verarbeitung von Daten. Durch die Verwendung paralleler Algorithmen eignet sich ein Hadoop-Cluster für große Datenmengen im Terabyte-Bereich. Ein zugrunde liegendes Paradigma ist hierbei, dass die Programmausführung dort stattfindet wo auch die Daten liegen, um kostspielige Datentransporte weitgehend zu vermeiden. Aufgrund dieser Beschaffenheit könnte diese Art der Datenverarbeitung auch Geschwindigkeitsvorteile bei forensischen Analysen bieten. Das Framework selbst besteht aus mehreren Komponenten, welche spezifische Aufgaben der Datenverarbeitung übernehmen.

Die Basis bildet das verteilte Dateisystem *HDFS*<sup>1</sup>, welches die Daten redundant auf allen Knoten des Computer-Clusters speichert. Der Zugriff auf die Daten kann über unterschiedliche Komponenten erfolgen.

So findet beispielsweise meist Apache Spark™ bei der Prozessierung und Analyse der Daten Anwendung. Auch in der Masterthesis soll Apache Spark für anfallende Analysezwecke verwendet werden. Hierbei übernimmt der Ressourcenmanager *YARN*<sup>2</sup> die Bereitstellung und Verteilung von verfügbarer Rechenleistung.

Ein Knackpunkt der Masterthesis ist die Aufbereitung der Daten für die Analyse im Hadoop-Cluster. Beispielsweise könnten die Dateien von sichergestellten Datenträgern direkt in das HDFS kopiert werden. Hierbei muss auf die Unversehrtheit der Dateiinhalte und Metadaten beim Kopieren geachtet werden.

Im Rahmen dieser Thesis soll die reine Datenanalyse vorerst auf grundlegende Operationen basieren. Unter anderem sollen beispielsweise folgende Informationen zu einzelnen Dateien ermittelt werden: Name, vollständiger Pfad, Hashsumme, Dateityp, Größe, Zeitpunkt der letzten Änderung und Erstellung.

Es soll auch eine Volltextsuche auf den Daten möglich sein. Darauf aufbauend soll der Nutzer beispielsweise gleiche Dateien und Verbindungen zwischen den einzelnen Beweismitteln erkennen können.

Optional könnte die Analyseplattform gezielt nach IP-Adressen, URLs, E-Mail-Adressen oder Positionsdaten<sup>3</sup> suchen. Diese Operationen sollen erst implementiert werden, wenn im Rahmen der Thesis noch weitere Bearbeitungszeit vorhanden ist. Sie sind vorerst nicht

---

<sup>1</sup>HDFS ist die Abkürzung für *Hadoop Distributed File System*.

<sup>2</sup>YARN ist die Abkürzung für *Yet Another Resource Negotiator*.

<sup>3</sup>Beispielsweise könnten Geopositionen oder Ortsnamen aus Dateien extrahiert werden. Diese Daten könnten dann mit ihrem geografischen Bezug auf einer Karte dargestellt werden.

Gegenstand der Thesis.

Die Resultate durchgeföhrter Datenanalysen sollen dem Nutzer bereitgestellt werden. Hierzu soll eine prototypische Implementierung entwickelt werden, deren grafische Oberfläche die fachlichen Aspekte der forensischen Analyse widerspiegelt. Der Forensiker soll Analyseaufgaben konfigurieren und starten können. Nach der Prozessierung soll er die Resultate der Analysen direkt einsehen können.

Allerdings ist es nicht das Ziel dieser Thesis, detaillierte Konfigurationsmöglichkeiten und unterschiedlichste Visualisierungen zu implementieren. Dies würde den Rahmen der Arbeit übersteigen. Der Fokus dieser Fachanwendung liegt bei der schlichten Anzeige der Analyseergebnisse. In diesem Kontext soll auch geprüft werden, ob existierende Programme zur Datenvisualisierung im Hadoop-Umfeld wiederverwendet werden können.

Nachfolgende Abbildung soll den den groben Aufbau dieser Plattform skizzieren. Der Forensiker importiert die forensischen Rohdaten in das Hadoop-Cluster. Darauf hat er die Möglichkeit diverse Analysen auf den Daten durchzuführen. Zuletzt kann er die Ergebnisse über eine entsprechende Oberfläche einsehen und hat die Möglichkeit die Daten innerhalb oder außerhalb des Hadoop-Clusters weiterzuverarbeiten.

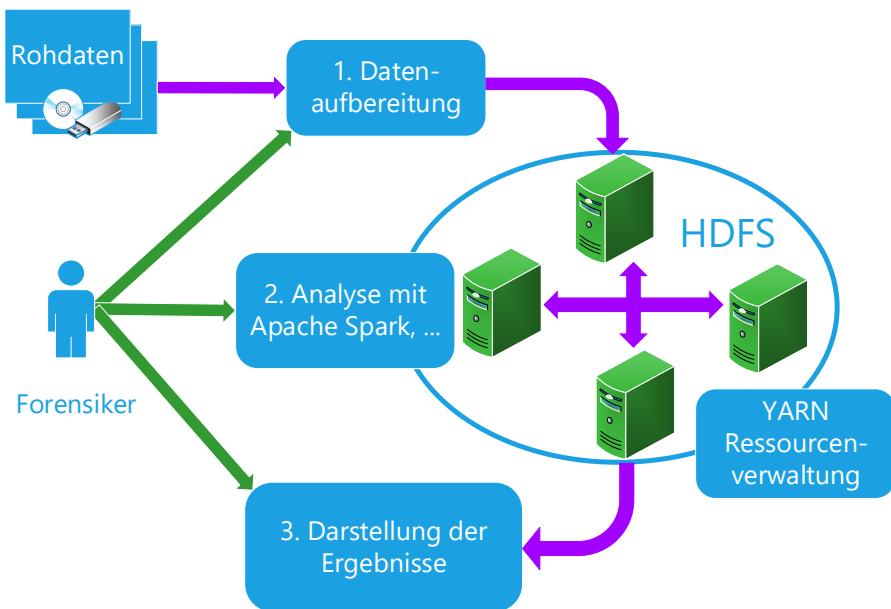


Abbildung 1.1: Datenverarbeitung im Hadoop-Umfeld

Das Ziel dieser Masterthesis ist es, dem forensischen Ermittler schnellstmöglich einen Überblick zu den einzelnen Beweismitteln und deren Zusammenhänge im Kontext einer Fallanalyse zu liefern.

#### 1.4 Weitere Aspekte der Thesis

Bei einer realen forensischen Analyse gibt es weitere Anforderungen, die das Analysesystem erfüllen sollte. Im Rahmen der Masterthesis soll geprüft werden, ob diese Anforderungen

durch die Nutzung des Apache Hadoop Frameworks abgedeckt werden und welche technischen oder organisatorischen Regelungen getroffen werden müssen.

Das System muss gegen fremden Zugriff gesichert sein. Es muss zu jeder Zeit ersichtlich sein, welche Personen zu welchem Zweck auf das System zugreifen.

Da in vielen Fällen hochsensible personenbezogene Daten und Geschäftsgeheimnisse verarbeitet werden, müssen auch entsprechende Regelungen getroffen werden, wie nach der Analyse alle Daten restlos aus dem System gelöscht werden können.

Ein weiterer Aspekt in der Analyse ist die lückenlose Erstellung einer Beweismittelkette (Chain of Custody). Für jedes forensische Analyseergebnis müssen die Herkunft und die Verarbeitungsschritte transparent nachvollziehbar sein.

Auch die Korrektheit der Analyseergebnisse muss verifiziert werden. Hierfür sollen im Rahmen der Masterthesis entsprechende Testdaten erstellt oder beschafft werden, welche die Funktionsfähigkeit der Plattform prüfen.

Aus organisatorischer Sicht soll die Analyseplattform als Open Source Projekt bereitgestellt werden. Hierzu soll der Source-Code, die Konfiguration des Systems und die Dokumentation in einem öffentlich zugänglichen Repository verfügbar sein.<sup>4</sup>

## 1.5 Aufbau

In Kapitel 1 wird die grundlegende Problemstellung bei der forensischen Analyse beschrieben, welche diese Masterthesis lösen soll. Darauf folgt die Zielsetzung der Thesis, welche als möglicher Lösungsvorschlag zur beschriebenen Problemstellung gilt.

In Kapitel 2 folgt das allgemeine Entwicklungsvorgehen. Darin ist auch der aktuelle Projektplan enthalten, welche die Arbeitspakete definiert. Zusätzlich wird der Umgang mit Quellcode und Konfigurationsdateien als Open-Source Projekt beschrieben.

In Kapitel 3 erfolgt eine Darstellung der Apache Hadoop Plattform inklusive theoretischen Grundlagen zur Arbeitsweise des Frameworks. Des Weiteren werden darauf aufbauend Projekte Apache Spark, Apache Hive und Apache HBase und deren Einsatzbereiche erläutert.

In Kapitel ?? werden die angewendeten Tools für eine herkömmliche fachliche Analyse eines Beweismittels beschrieben. Parallel hierzu wird bei jedem herkömmlichen Programm geprüft, wie das gleiche Ergebnis mit der Analyseplattform erzielt werden kann. Diese Kapitel soll sozusagen die Überleitung von der herkömmlichen Analyse auf einem Computer hin zu Analyse im Hadoop-Cluster beschreiben. Als Ergebnis soll anschaulich dargestellt werden, welche fachliche Analyse-Schritte mithilfe eines Hadoop-Cluster sinnvoll und performant durchgeführt werden können.

Zuletzt erfolgt in Kapitel 8 eine Zusammenfassung der erarbeiteten Ergebnisse. Offene Punkte und Verbesserungen des Systems werden in Kapitel 9 diskutiert.

---

<sup>4</sup>Sicherheitskritische Informationen, wie beispielsweise Zugangsdaten, müssen unkenntlich gemacht werden.

# 2 Vorgehen

## 2.1 Projektplanung

Abbildung 2.1 zeigt die Aufteilung Masterthesis in einzelne Arbeitspakete. Das Ziel der Einarbeitungsphase ist ein grundlegendes Verständnis über die Datenverarbeitung im Hadoop-Framework zu erhalten. Zusätzlich soll eine Entwicklungsumgebung inklusive öffentlicher Versionsverwaltung eingerichtet werden. Darauf erfolgt der Aufbau eines eigenen Hadoop-Clusters und die Beschaffung von Testdaten.<sup>1</sup> Für die Einarbeitung und den Aufbau sind vier Wochen eingeplant (siehe Abbildung 2.2).<sup>2</sup>

Der zweite Teil behandelt die Rohdatenspeicherung im HDFS und eine Datenaufbereitung. Es soll geprüft werden, welche Struktur der Daten für eine optimale Speicherung und Verarbeitung im Hadoop-Framework erforderlich ist. Dieser Teil beansprucht abermals vier Wochen. Am Ende dieses Arbeitspakets soll ein erster Zwischenbericht erstellt werden, welcher die bisherigen Ergebnisse enthält (sieh Abbildung 2.2).

Nach der Speicherung der Rohdaten erfolgt im dritten Arbeitspaket die Datenanalyse mit Apache Spark. Hier sollen die Daten nach anwendungsbezogenen Problemstellungen analysiert werden. Das Ergebnis ist eine Sammlung von Programmen, welche mit Apache Spark auf den Daten ausgeführt werden können. Dariüber hinaus soll ermittelt werden, welche Möglichkeiten zur Ausführung dieser Spark-Anwendungen bestehen.<sup>3</sup> Ein weiterer Aspekt der Datenanalyse beschäftigt sich mit den Möglichkeiten, wie die Ergebnisse persistiert werden können.<sup>4</sup> Im Anschluss soll die Performanz der Algorithmen geprüft werden. Hier bietet sich der Vergleich zu herkömmlichen Analyseprogrammen an. Denn schließlich hat diese Thesis auch das Ziel, bei großen Datenmengen schneller Ergebnisse zu liefern als die herkömmlichen Analysewerkzeuge auf einem einzelnen Analysecomputer. Für dieses Arbeitspaket sind sieben Wochen eingeplant (siehe Abbildung 2.3). Darauf folgt ein zweiter Zwischenbericht.

Im letzten Drittel der Masterthesis sollen die querschnittlichen Aspekte in der bestehenden Datenverarbeitung berücksichtigt werden. Hierbei geht es um das Absichern der Analyseplattform, die Dokumentation der Chain of Custody und das Löschen von nicht mehr verwendeten personenbezogenen Daten. Für dieses Arbeitspaket sind vier Wochen einge-

---

<sup>1</sup>Auch ein Zugriff auf einen bestehendes Hadoop-Cluster ist möglich.

<sup>2</sup>Die referenzierten Gantt-Diagramme wurden mit der JavaScript-Bibliothek *dhtmlxGantt* erstellt. Der Quellcode ist unter der *GNU GPLv2*-Lizenz lizenziert. Weiter Informationen können in Kapitel A.2 im Anhang nachgelesen werden.

<sup>3</sup>Hier könnte beispielsweise das Projekt Apache Livy nützlich sein.

<sup>4</sup>Hier könnten die Projekte Apache Hive und Apache HBase zur Speicherung von strukturierten und unstrukturierten Daten untersucht werden.

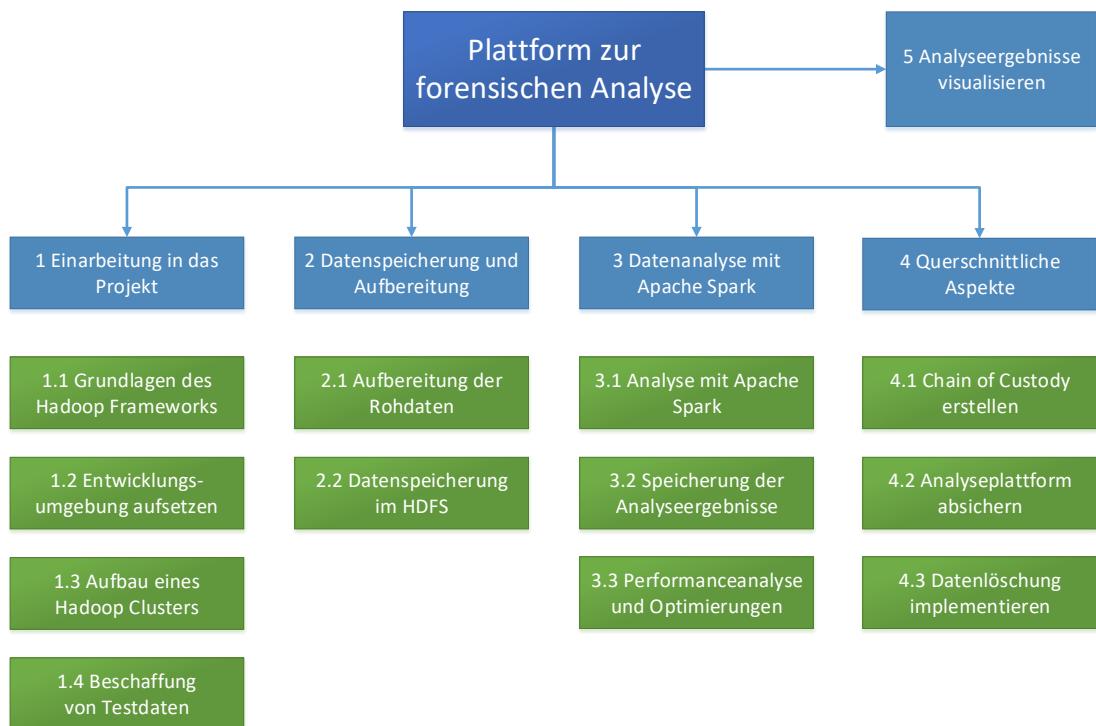


Abbildung 2.1: Arbeitspakete der Masterthesis

plant (siehe Abbildung 2.4).

Das letzte Arbeitspaket enthält ein prototypische Visualisierung der Analyseergebnisse. Hierbei soll geprüft werden, welche Möglichkeiten zur Darstellung der Ergebnisse existieren. Der Forensiker soll auf möglichst einfache Art und Weise die Ergebnisse ansehen können. Für diese Arbeit sind drei Wochen eingeplant (siehe Abbildung 2.4).

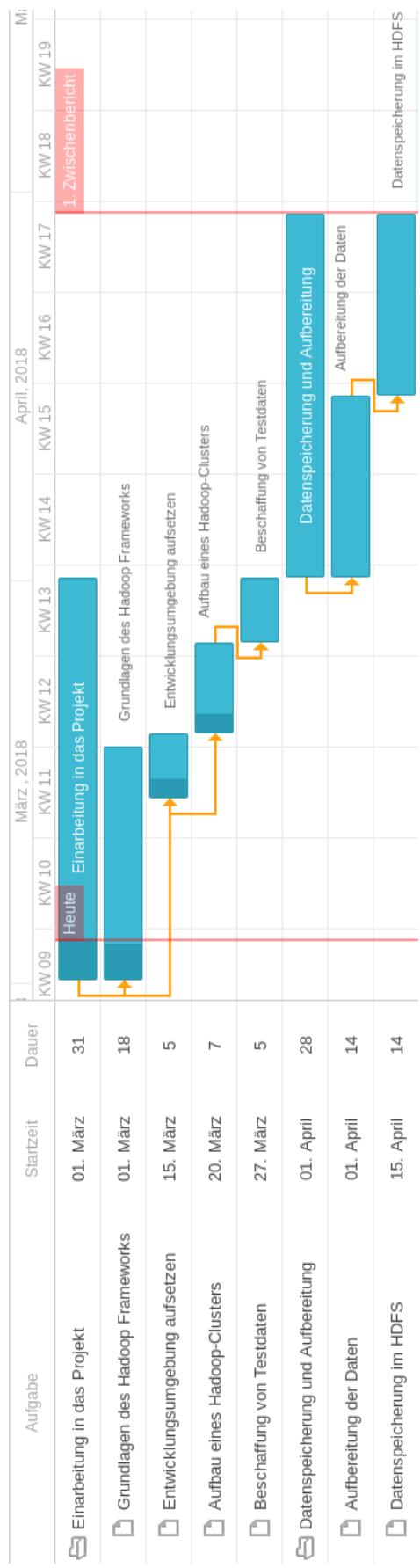


Abbildung 2.2: Projektplan Teil A - Einarbeitung und Rohdatenspeicherung (siehe Kapitel A.2)

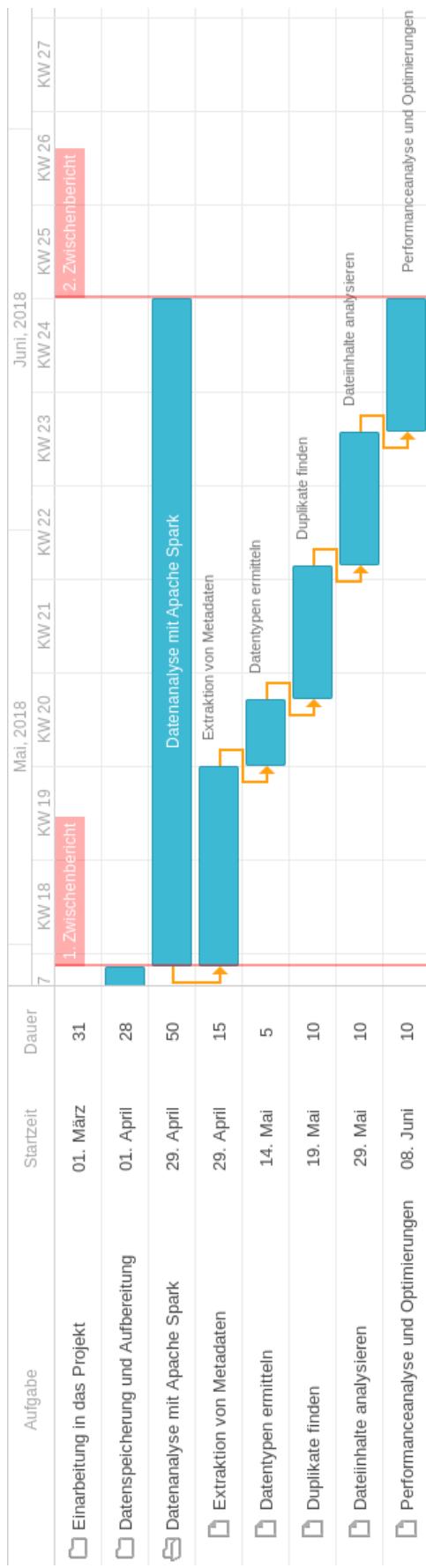


Abbildung 2.3: Projektplan Teil B - Datenanalyse (siehe Kapitel A.2)

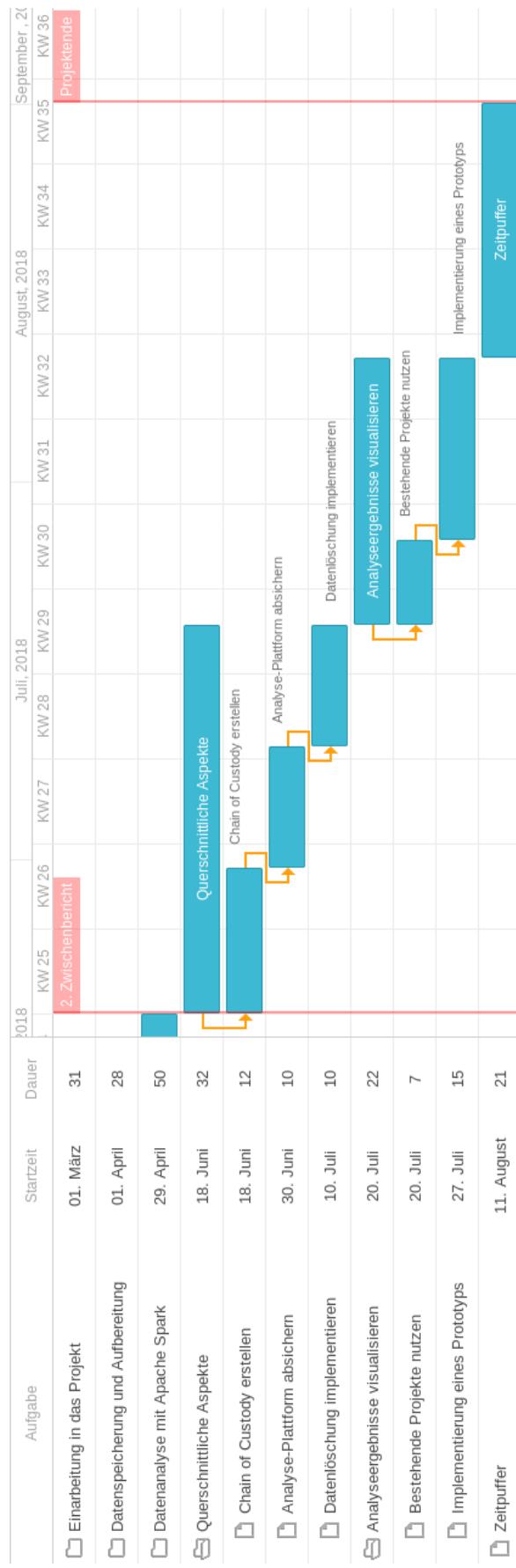


Abbildung 2.4: Projektplan Teil C - Querschnittliche Aspekte und Visualisierung (siehe Kapitel A.2)

## 2.2 Entwicklungsumgebung

Der Aufbau einer Test- und Entwicklungsumgebung ist ein wichtiger Bestandteil dieser Thesis. Einerseits sollen Anwendungsprogramme zur Datenverarbeitung schnell und lokal ausführbar sein. Andererseits soll die Testumgebung auf einem physikalischen Apache Hadoop Cluster basieren, um mögliche Infrastrukturprobleme identifizieren zu können und die Performanz zu testen.

TODO: IntelliJ Idea + Kotlin aufnehmen!

Abbildung 2.5 skizziert die Komponenten der Entwicklungsumgebung. Zentraler Bestandteil ist ein Entwicklungsrechner mit der Linux-Distribution *Fedora* in der Version 27 64-bit.

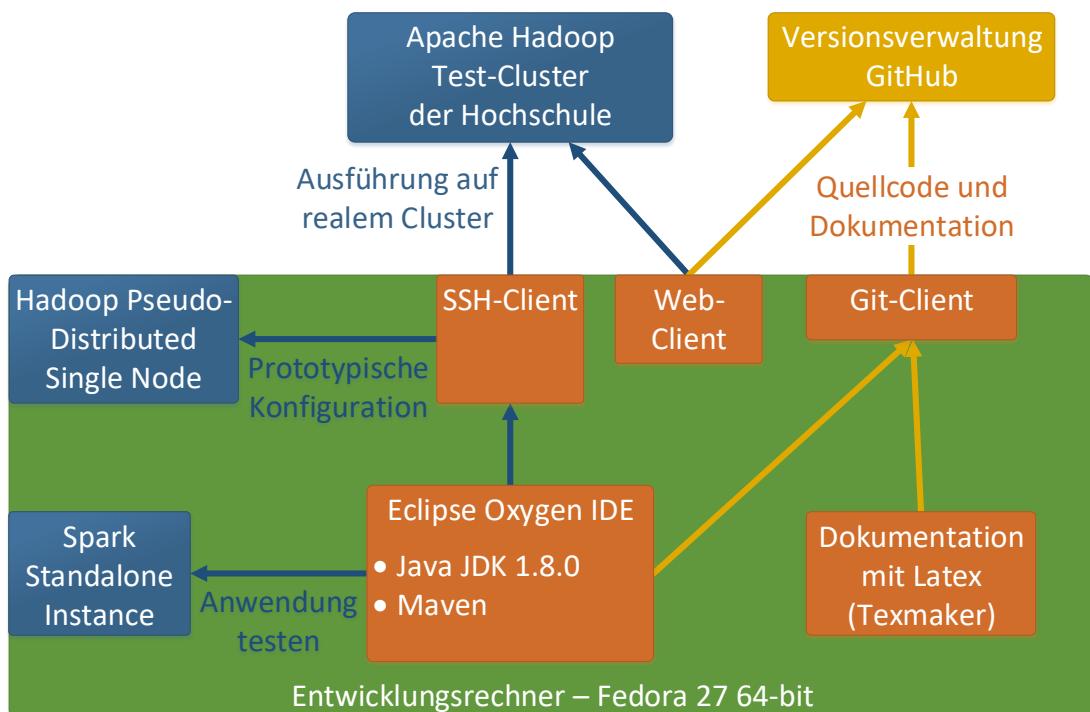


Abbildung 2.5: Komponenten der Entwicklungsumgebung

Zur Entwicklung der forensischen Analyseprogramme wird *Eclipse Oxygen* genutzt. Die Anwendungen selbst werden in Java geschrieben.<sup>5</sup> Zum Bauen der ausführbaren Java-Archive (JAR-Dateien) wird *Maven* verwendet. Mit Maven können weitere Java-Bibliotheken in eigenen Programmen auf einfache Weise wiederverwendet werden.<sup>6</sup>

Um die gebauten Java-Programme zur Datenanalyse schnell testen zu können, kann auf dem lokalen Entwicklungsrechner eine Apache Spark Standalone Instanz gestartet werden. Diese dient ausschließlich zur simplen Ausführung von Spark-Applikationen. Hierbei arbeitet die Instanz direkt auf dem lokalen Dateisystem und nutzt kein HDFS. Darauf hinaus wird nicht YARN, sondern ein bei Apache Spark mitgelieferter Ressourcenmanager

<sup>5</sup> Wobei auch Python oder Scala als Programmiersprache genutzt werden kann.

<sup>6</sup> Diese können über ein zentrales Repository, dem sogenannten *Maven Central Repository* aus dem Internet geladen werden (siehe <https://search.maven.org/>).

genutzt.<sup>7</sup>

Analog zur Spark Standalone Instanz kann auch ein Hadoop Pseudo-Distributed Single Node auf dem lokalen Rechner gestartet werden.<sup>8</sup> Mithilfe dieser Single-Nodes können spezifische Konfiguration des HDFS oder des Ressourcenmanagers YARN ausprobiert werden. Letztendlich kommen diese lokale Hadoop und Spark Instanzen aber schnell an ihre Grenzen. Daher werden spezifische Konfigurationen und fertiggestellte Analyseprogramme auch auf einem realen Apache Hadoop Test-Cluster durchgeführt. Dort kann das Zusammenspiel zwischen Hadoop und Spark nachvollzogen werden. Auch entsprechende Last- und Performance-Tests sind nur auf dem Hadoop Test-Cluster sinnvoll.

Um mit dem Test-Cluster arbeiten zu können, wird ein SSH-Client benötigt. Zusätzliche gibt es auch eine Web-Oberfläche basierend auf Apache Ambari zur Konfiguration und Anzeige des aktuellen Systemzustandes.

Alle selbst erstellten Anwendungsprogramme, Konfigurationsdateien und die Dokumentation dieser Thesis sollen als Open-Source Projekte in einem öffentlichen Repository zugänglich sein. Aus fachlicher Sicht ist es gerade in der Forensik sehr wichtig dem Nutzer die Möglichkeit zu geben, den Quellcode der Analyseprogramme einsehen zu können und notfalls auf spezielle Bedürfnisse anzupassen. Darüber hinaus kann die Datenverarbeitung transparent nachvollzogen werden. Daher werden die einzelne Projekte mithilfe eines Git-Clients auf GitHub versioniert.

Nachfolgende Auflistung zeigt die Aufteilung der Projekte:

- Das Projekt *foam-thesis*<sup>9</sup> enthält die schriftliche Ausarbeitung der Thesis und den Quellcode als Latex-Projekt. Als Entwicklungsumgebung wird *Texmaker* genutzt. Über den Link <https://github.com/jobusam/foam-thesis> ist der aktuelle Stand der Arbeit jederzeit einsehbar.<sup>10</sup>
- Das Projekt *foam-processing-spark* enthält den Quellcode zur Auswertung mit Apache Spark<sup>TM</sup>. Unter <https://github.com/jobusam/foam-processing-spark> befindet sich ein Maven-Projekt, welches wiederum die Java-Anwendung baut. Es werden auch entsprechende Skripte zum Starten von Spark-Anwendungen auf dem lokalen Rechner bereitgestellt.
- Das Projekt *foam-storage-hadoop* enthält alle Konfigurationsdateien zum Aufsetzen eines Hadoop-Cluster auf einem einzelnen Knoten im *Pseudo-Distributed Mode*.<sup>11</sup> Zusätzlich existieren Shell-Skripte zum Starten des Hadoop-Clusters auf einem einzelnen Knoten.<sup>12</sup> Das Hadoop-Cluster besteht nur aus dem HDFS und dem Ressourcenmanager YARN. Mithilfe der Skripte aus dem *foam-processing-spark* Projekt können damit Spark-Anwendungen auf einem lokalen Knoten innerhalb eines HDFS mit YARN ausgeführt werden.

---

<sup>7</sup>Siehe Kapitel 3 für eine detaillierte Erklärung von Apache Hadoop.

<sup>8</sup>Hierfür muss der Entwicklungsrechner entsprechende Ressourcen bereitstellen. Es sollten mindestens eine Quad-Core-CPU, 16 GB Arbeitsspeicher und eine SSD zur Verfügung stehen, um halbwegs performant arbeiten zu können.

<sup>9</sup>Die Abkürzung *foam* oder auch *foAm* steht für *forensische Analyseplattform*

<sup>10</sup>Das kompilierte PDF-Dokument zum jeweiligen Stand wird im gleichen Projekt versioniert und ist unter dem Link <https://github.com/jobusam/foam-thesis/blob/master/main.pdf> verfügbar.

<sup>11</sup>Siehe <https://github.com/jobusam/foam-storage-hadoop/tree/master/hadoop.standalone.configuration>

<sup>12</sup>Siehe <https://github.com/jobusam/foam-storage-hadoop/tree/master/hadoop.standalone.setup>

Derzeit ist die Lizenzierung beider Projekte noch nicht klar. Sehr wahrscheinlich wird die Thesis-Dokumentation unter der *GNU Free Documentation License (GFDL)* lizenziert, wohingegen der restliche Quellcode unter der *GNU Affero General Public License Version 3 (AGPLv3)* oder alternativ unter der Apache License 2.0 veröffentlicht werden soll. Es soll jedem möglich sein, den Quellcode einzusehen und nach belieben ändern zu können.

Aus organisatorischen Gründen, wird darauf geachtet, dass während der Ausarbeitungszeit der Thesis nur Änderung von dem Autor selbst in dem entsprechenden Repository gehostet werden.

## 2.3 Testdatengenerierung

**TODO: Kapitel überarbeiten...** Für den Aufbau einer forensischen Analyseplattform sollen entsprechende Testdaten generiert werden. Hierbei gibt es zwei unterschiedliche Falldaten. Der erste Fall wäre ein kleines Image kleiner 10 GB. Dieses Image könnte für lokale Tests genutzt werden.

Im zweiten Fall müssen größere Images erzeugt werden, um ein passendes Szenario für das Hadoop Test-Cluster zu erzeugen. Der zweite Fall könnte 2 PCs und ein Server enthalten. Die Images der PCs sollten mindestens 100 GB groß sein, wohin gegen der Server 250 GB groß sein könnte. Ein zusätzlicher USB-Stick mit 64 GB Daten könnte auch dazu passen. Die Images dieser PCs und des Servers könnten virtualisiert erstellt werden. Folgende Applikationen könnten genutzt werden: Thunderbird, Firefox, Owncloud, Apache HTTP Server. Es soll herausgefunden werden, wann welche Daten zwischen den drei Rechnern ausgetauscht wurden.

Für lokale Tests und den Aufbau der Plattform bietet sich beispielsweise auch das Testszenario *Data Leakage Case* an, welches auf der Website *Computer Forensic Reference Data Sets* verfügbar ist.<sup>13</sup>

Diese Images könnten auf verdächtige Querverweise untersucht werden.

---

<sup>13</sup>Siehe [https://www.cfreds.nist.gov/data\\_leakage\\_case/data-leakage-case.html](https://www.cfreds.nist.gov/data_leakage_case/data-leakage-case.html), letzter Stand 28.3.2018.

# 3 Grundlagen von Apache Hadoop<sup>®</sup>

## 3.1 Apache Hadoop<sup>®</sup> Framework

Apache Hadoop ist ein etabliertes Java-Framework zur verteilten Speicherung und Verarbeitung von Daten. Durch die parallele Ausführung von Algorithmen eignet sich ein Hadoop-Cluster für rechenaufwendige Datenanalysen. Ein primäres Paradigma ist das Konzept der *Datenlokalität*. Die auszuführenden Programme werden auf die Knoten verteilt, auf welchen auch die Daten liegen. Ressourcenintensive Datentransporte sollen weitgehend vermieden werden.[4, S. 20 ff.]

Das Framework ist für die Ausführung auf Standardhardware konzeptioniert. Es wird also keine verhältnismäßig teure Spezialhardware benötigt. Das Cluster besteht aus vielen einzelnen Knoten mit Standardhardware, welche im Verhältnis zu Spezialhardware günstiger und leicht ersetzbar ist. Der Ausfall einzelner Knoten ist die Regel und wird bei der Datenhaltung entsprechend berücksichtigt.

Das Apache Hadoop<sup>®</sup> selbst besteht aus mehreren Komponenten, welche spezifische Aufgaben übernehmen. Abbildung 3.1 stellt eine grobe Skizzierung der Komponentenlandschaft von Apache Hadoop dar.<sup>1</sup>

Die Basis bildet das verteilte Dateisystem *Hadoop Distributed File System (HDFS)*, welches die Daten redundant auf allen Knoten des Computer-Clusters speichert. Hierbei besteht das Computer-Cluster selbst aus mehreren Knoten, auf welchen vorzugsweise ein Linux-Betriebssystem, wie beispielsweise CentOS, arbeitet.

Der Ressourcenmanager *YARN (Yet Another Resource Negotiator)* ist für die Verteilung und Bereitstellung von verfügbarer Rechenleistung verantwortlich.

Die dritte Komponente ist das *Hadoop<sup>®</sup> Map-Reduce Framework*. Hadoop Map-Reduce kann zur Datenverarbeitung genutzt werden. Hierbei werden Algorithmen parallel auf den Knoten prozessiert und die Ergebnisse im Anschluss zusammengetragen. Die einzelnen Zwischenergebnisse werden alle im HDFS abgelegt.<sup>2</sup>

Das verteilte Dateisystem HDFS und der Ressourcenmanager YARN bilden den Kern des Hadoop-Clusters. Darauf aufbauend können andere Komponenten die Daten verarbeiten

---

<sup>1</sup>In der Abbildung 3.1 werden Logos der einzelnen Apache Projekte verwendet. Diese sind Handelsmarken der *Apache Source Foundation* (siehe <https://www.apache.org/>). In Kapitel A.2 im Anhang werden die Logos und deren Herkunft nochmals aufgelistet.

<sup>2</sup>Sogenannte Map-Reduce Jobs bildeten in den Anfängen von Hadoop den primären Weg, Daten verteilt zu verarbeiten. Mittlerweile wurde diese Art der Datenverarbeitung in den Hintergrund verdrängt, da andere Projekte, wie beispielsweise Apache Spark, die Daten schneller verarbeiten können oder andere Ansätze zur Verarbeitung nutzen. Dies ist beispielsweise auch der Grund, weshalb Hadoop Map-Reduce in dieser Masterthesis nicht explizit verwendet wird.

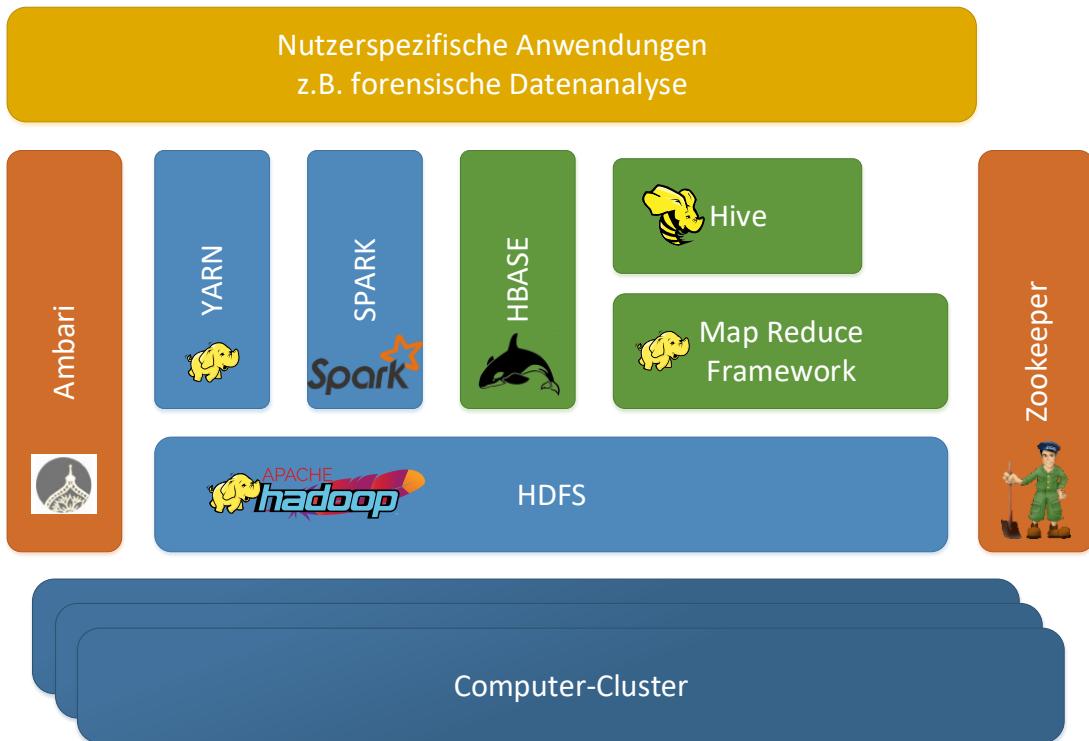


Abbildung 3.1: Apache Hadoop Ökosystem (Vgl. [4],[11]. Siehe Kapitel A.2)

oder spezielle Aufgaben durchführen.

So wird beispielsweise in dieser Thesis *Apache Spark<sup>TM</sup>* bei der Prozessierung und Analyse der Daten genutzt. Der Vorteil von Apache Spark ist eine performante Datenverarbeitung, da einerseits die Daten verteilt verarbeitet werden und andererseits Zwischenergebnisse und temporäre Daten im Arbeitsspeicher der einzelnen Rechenknoten gehalten werden.<sup>3</sup> Des Weiteren bietet *Apache Hive<sup>TM</sup>* eine Möglichkeit Dateien im HDFS mithilfe einer SQL ähnlichen Syntax<sup>4</sup> abzufragen. Hierbei nutzt die Komponente wiederum das Map-Reduce Framework von Hadoop. Apache Hive ist jedoch keine reine Datenbank, sondern arbeitet auf den Dateien im HDFS.

*Apache HBASE<sup>®</sup>* hingegen ist eine spaltenorientierte Key-Value Datenbank. Sie wurde eigens für Apache Hadoop implementiert, um große Datenmengen performant zu speichern.

Das Hadoop-Ökosystem als Ganzes muss auch konfiguriert und überwacht werden. Um die Verfügbarkeit einzelner Instanzen zu gewährleisten und gegebenenfalls redundante Verarbeitungswägen anzubieten, wird *Apache ZooKeeper<sup>TM</sup>* genutzt. Mit ZooKeeper ist es auch möglich Konfigurationen und Änderungen im Cluster zu verteilen. Zum eigentlichen konfigurieren und überwachen des Hadoop-Clusters wird *Apache Ambari<sup>TM</sup>* genutzt.

Zusätzlich existieren weitere Projekte im Hadoop-Ökosystem, welche für die forensische Analyseplattform von Verwendung sein können. Hierzu gehören:

<sup>3</sup>Durch das In-Memory Computing ist Apache Spark deutlich schneller als das bereits vorgestellte Hadoop Map-Reduce.

<sup>4</sup>Dem sogenannten HiveQL.

- *Apache Livy* zur Ausführung von Apache Spark Anwendung über eine REST-Schnittstelle.<sup>5</sup>
- *Apache NiFi* ermöglicht das Aufbereiten von Daten und organisiert Datenimporte.
- *Apache UIMA<sup>TM</sup>* zur Analyse von unstrukturierten Daten, wie beispielsweise Texte und Mediadateien. **TODO: Kann UIMA überhaupt in Hadoop eingesetzt werden.**
- *Apache Accumulo<sup>®</sup>* als Alternative zu Apache HBASE?

Prinzipiell sind viele Komponenten unabhängig voneinander. So kann ein HDFS ausschließlich zur Datenhaltung aufgebaut werden, ohne eine Komponente zur Datenverarbeitung verwenden zu müssen. Umgekehrt lassen sich Komponenten zur Datenverarbeitung, wie Apache Spark, auch ohne das HDFS und YARN nutzen und könnten damit auch in andere Umgebungen integriert werden. Die einzelnen Komponenten entfalten jedoch gerade durch die Kombination miteinander ihre Potential zur performanten Datenanalyse.

Es gibt einige Unternehmen, die sich speziell daruf spezialisiert haben dieses Apache Hadoop Ökosystem und weiter noch nicht erwähnte Komponenten zu einzelnen Analyseplattformen zusammenzufassen. Sie bieten hierfür entsprechender kostenpflichtiger Support, wobei diese Plattformen im reinen Betriebe kostenfrei sind. So wird im Praxisteil der Masterthesis beispielsweise die *Hortonworks Data Platform (HDP)* des Unternehmes *Hortonworks* genutzt.

### 3.2 Apache Hadoop HDFS

Das Hadoop Distributed Filesystem (HDFS) ist ein verteiltes Dateisystem, welches die Grundlage zu Speicherung von Daten im Hadoop-Ökosystem bietet. Nachfolgende Zwecke soll es erfüllen.

Es soll ausfallsicher sein. In der Standardkonfiguration wird jede Datei dreifach auf unterschiedlichen physikalischen Knoten gespeichert. Damit kann selbst bei einem Ausfall von zwei Knoten immer noch auf die Datei zugegriffen werden. Darauf hinaus verteilt das HDFS die Dateien automatisch und regeneriert sich selbst nach Ausfällen von Knoten. In großen Computer-Clustern mit mehreren hunderten Knoten ist ein Ausfall eines Knoten kein Sonderfall sondern die Regel. Daher muss sich das HDFS selbst heilen können, um auch ohne manuelle Administration weiter verfügbar zu sein.

Das HDFS (und auch Hadoop im allgemeinen) soll horizontal skalierbar sein. Wird mehr Speicher benötigt, sollen einfach noch Knoten hinzugefügt werden können.

Das HDFS ist auf hohen Datendurchsatz und die Speicherung großer Datenmengen ausgelegt. So können einzelne Dateien mehrere Gigabyte bis hin zu Terrabyte groß seind und es können mehrere Millionen Dateien im HDFS gespeichert werden. Die Optimierung auf einen möglichst hohen Datendurchsatz geht mit einer schlechteren Reaktionszeit im Vergleich zu herkömmlichen Dateisystemen einher.

Das Prinzip *Write-once-Read-many* wird im HDFS implementiert. Wenn Daten einmal geschrieben wurden, dann werden sie normalerweise nicht mehr geändert. Dies ermöglicht ein einfacheres Kohärenzmodell. Dies fördert den Lesedurchsatz indem die Unterstützung der Modifikation von Daten stark eingechränkt wird. Ein wahlfreies Schreiben in eine existierende Datei wird beispielsweise nicht unterstützt. Änderungen an Daten, welche von

---

<sup>5</sup> *Representational State Transfer (REST)* bezeichnet ein Programmierparadigma in verteilten Systemen. Hierbei werden Ressourcen über HTTP angefordert, gespeichert und verarbeitet.

Algorithmen vorgenommen werden, resultieren in neuen Datensätzen. Darüber hinaus gilt das Prinzip der Datenlokalität. Algorithmen werden dort ausgeführt, wo die Daten liegen, um das Verschieben von Daten über das Netzwerk zu vermeiden.[16]

Der Aufbau eines HDFS bildet eine Master-Slave Architektur aus *NameNodes* und *Data-Nodes*. Der NameNode ist einmalig im verteilten System vorhanden und enthält alle Metainformationen zu den Dateien. Eine Datei selbst wird in ein oder mehrere Blöcke aufgeteilt und auf mehreren DataNodes gespeichert. Der NameNode organisiert diese Speicherung und bestimmt, wo welche Daten persistiert werden. Über den NameNode selbst fließen aber keine Rohdaten von Dateiinhalten. Auf Dateisystemebene ist das HDFS wie gängige Dateisystem hierarchisch organisiert. Jede Datei wird über einen absoluten Pfad eindeutig bestimmt und erhält entsprechende Metadaten, wie Dateirechte und Zeitstempel.

Abbildung 3.2 verdeutlicht die Struktur im HDFS. Angenommen es soll die Datei `/home/foo.txt` gespeichert werden. Dies kann mit dem Terminalprogramm `hdfs` durchgeführt. Das Programm selbst ist hier der HDFS-Client und hat Zugang zum Hadoop-Cluster. Der HDFS-Client speichert zuerst die Metadaten der Datei auf dem Name Node. Der Name Node bekommt die Größe der Datei auch mit und entscheidet dann, in wie viele Blöcke sie unterteilt werden sollen. Darauf hin ermittelt für jeden einzelnen Block, auf welchen Data Nodes dieser Block gespeichert werden soll. Diese Blockaufteilung und die Zuordnung zu den Data Nodes werden an den HDFS-Client zurückgeschickt. Dieser übermittelt die Blöcke an einen der Data Nodes. Sobald der erste Data Node einen Block hat, sorgt er dafür die Blöcke an die anderen Data Nodes weiterzuleiten. Die Data Nodes selbst stehen auch in Kontakt zum Name Node und reporten ihren Zustand und die momentan gespeicherten Blöcke. Der Name Node bekommt darüber auch mit, wenn ein Data Node ausfällt. Ein Block hat in der Standardkonfiguration 128 MB. Er kann aber auch bis zu 512 MB Größe konfiguriert werden. Dies wirft die Frage auf, ob das HDFS gerade für sehr kleine Dateien, wie sie bei der Analyse von Datenträgern auch vorkommen, nicht zu viel Speicher verschwendet.

Hierbei wird der gleiche Block immer in unterschiedlichen Data Nodes angelegt. Es ist nicht erlaubt den gleichen Block mehrmals im gleichen Data Node zu replizieren. Daher ist die Anzahl der Replikationen auch kleiner gleich der Anzahl Data Nodes im System. Wichtig hierbei ist auch, dass im Produktivsystem auf jedem physikalischen Knoten auch nur ein DataNode oder ein NameNode läuft. Denn würden beispielsweise mehrere Data-Nodes auf dem gleichen physikalischen Knoten laufen, so wäre bei einem Ausfall nicht mehr garantiert, dass die Dateiinhalte auch noch auf mindestens zweien anderen Knoten laufen. Denn der Replikationsmechanismus im HDFS kann nicht erkennen, ob jeder Knoten physikalisch unabhängig arbeitet. Allerdings hat Hadoop eine sogenannte *Rack-Awareness*. So ist es möglich zu bestimmen, welche physikalischen Server in einem gemeinsamen Rack laufen. Abhängig davon, versucht das HDFS die Daten teilweise im selben Rack redundant zu speichern aber auch einige Replikationen außerhalb des Racks anzulegen. So kann auch der Ausfall eines Racks im Notfall kompensiert werden.

In Testumgebungen ist aber schön möglich sogar NameNode und mehrere DataNodes auf einem Knoten laufen zu lassen. Allerdings greifen die Mechanismen für eine Toleranz gegenüber Hardwareausfällen dann nicht mehr.

Wie oben ersichtlich, ist der Name Node die Schlüsselstelle im HDFS-Cluster. Dieser bildet einen *Single Point of Failure*. Denn bei einem Ausfall wäre das HDFS nicht mehr einsatzbereit. Es existiert ein sogenannter *Secondary Name Node*. Dieser erhält die Me-

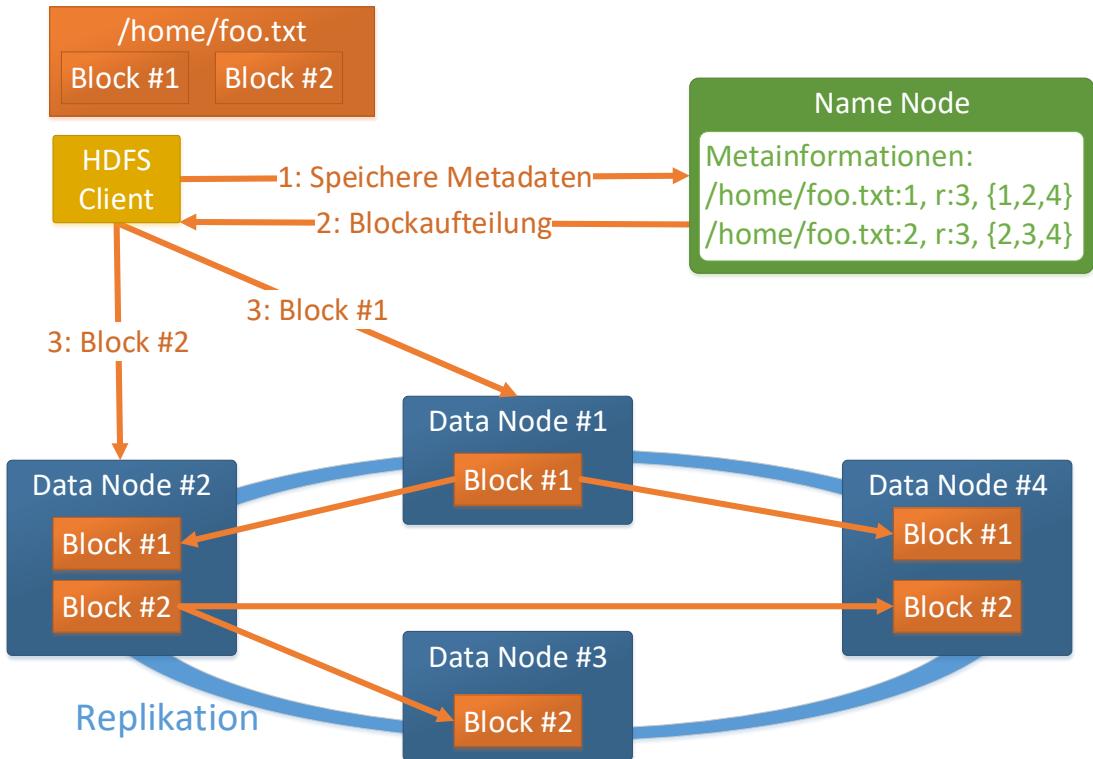


Abbildung 3.2: HDFS - Datenspeicherung im Verbund (Vgl. [16],[11])

tainformationen und erstellt daraus regelmäßig Checkpoints. Der Name Node hält die Metainformationen im Arbeitsspeicher. Es existiert aber auch eine Datei *FsImage* und ein *EditLog*, welche persistent auf der Festplatte gespeichert sind. Das *FsImage* selbst beschreibt einen Zustand der Dateisystemmetainformationen zu einem gewissen Zeitpunkt. Im *EditLog* befinden sich alle Änderungen seit dem letzten Checkpoint bis zum aktuellen Zeitpunkt. Der Secondary Name Node erstellt aus dem *FsImage* und dem *EditLog* regelmäßig neue Checkpoints, die dann der produktive Name Node bei einem möglichen Neustart wiederverwenden kann. Der *Secondary Name Node* unterstützt also den (First) Name Node, er kann ihn aber nicht ersetzen.

Daher ist es möglich auch einen sogenannten *Standby Name Node* zu konfigurieren. Dieser kann einspringen, sobald der erste Name Node ausgefallen ist. Allerdings muss dieser extra konfiguriert werden. Dafür kann aber dann der Secondary Name Node deaktiviert werden.[11, S. 88] **TODO: prüfen ob das wirklich stimmt!**

Das HDFS selbst kann über mehrere Wege genutzt werden. Es gibt eine Kommandozeile-schnittstelle, die sogenannte *FS Shell*. Es ist möglich über eine Java oder C++ - Schnittstelle Datenzugriff zu erhalten. Oder das Dateisystem kann über eine REST-Schnittstelle via HTTP(S) genutzt werden. Auch das Mounten als *Network File System (NFS)* ist möglich?

### 3.3 Apache Hadoop YARN

YARN ist ein Ressourcenmanager, welcher die verfügbaren Ressourcen innerhalb des Hadoop Clusters organisiert und die Ausführungsreihenfolge von Jobs plant und überwacht.

Es gibt einen *Resource Manager*, welcher nur die Ressourcen verwaltet. Auf jedem Knoten, welcher auch Datenverarbeitungen durchführt, ist ein *Node Manager* aktiv. Zuletzt gibt es noch einen *Application Manager* für jeden einzelnen Job, der ausgeführt werden soll. Der Application Manager kontrolliert die Ausführung des Jobs.

Abbildung 3.3 zeigt die Komponenten von YARN im Cluster.

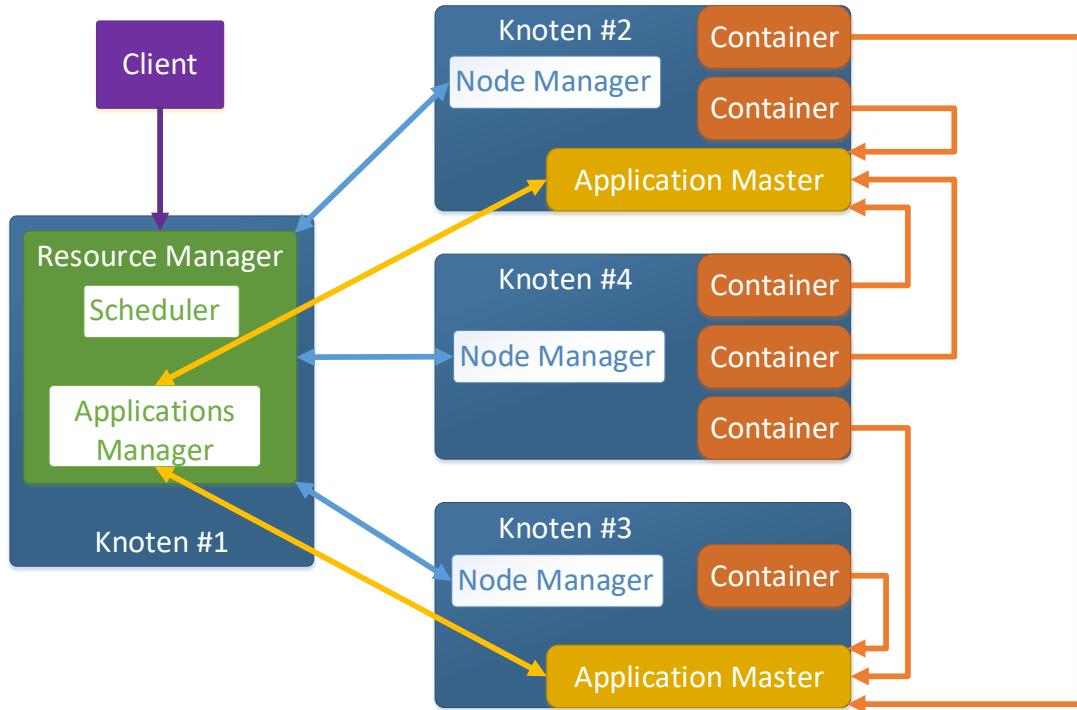


Abbildung 3.3: Ressourcenverteilung mit YARN (Vgl. [15],[11])

Ein Job oder eine Anwendung besteht aus mehreren Tasks. Diese Tasks können parallel in mehreren sogenannten Container ausgeführt werden. Ein Container ist eine abstrakte parallele Verarbeitungseinheit, welche bestimmte CPU- und Speicher-Ressourcen enthält. Es können mehrere dieser Container auf einem Knoten innerhalb des Clusters ausgeführt werden. Beispielsweise werden bei einem Knoten mit einer Quad-Core CPU und Hyperthreading (mit insgesamt 8 ausführbaren Threads) bis zu 8 Container erstellt. Bei 32 GB Arbeitsspeicher könnten dann jedem Container 4 GB zugeteilt werden.<sup>6</sup> Derzeit werden für den Container die Anzahl der CPU-Cores (Ausführbare CPU-Threads) und die Größe des nutzbaren Arbeitsspeichers definiert.[11, S. 48 ff.]

Wenn nun eine Anwendung über YARN im Cluster ausgeführt werden soll, dann sendet ein Client eine Anfrage an den Resource Manager. Für jeden auszuführenden Job erstellt der Resource Manager den ersten Container. In diesem Container wird dann der Application Manager gestartet, welcher sich dann im weiteren Verlauf um die Ausführung des Jobs kümmert. Der Resource Manager selbst kennt die Anwendung nicht, noch weiß er wie

<sup>6</sup>In der Praxis ist es meistens weniger, da entsprechende Ressourcen für das darunter liegende Betriebssystem und YARN selbst reserviert werden.

diese ausgeführt werden. Er ist nur dafür zuständig Ressourcen zu verteilen. Der Application Master hingegen ist sehr spezifisch. Wird zum Beispiel eine Apache Spark Anwendung mit YARN ausgeführt, so ist der Application Master der sogenannte *Spark App Master*. Nachdem nun der Application Master mit im ersten erzeugten Container gestartet wurde, kann dieser wiederum neue Ressourcen beim Resource Manager anfordern. An dieser Stelle zeigt sich der Vorteil von YARN in Kombination mit dem HDFS. Denn bei der Anforderung von Ressourcen gibt der Application Manager an, wieviele Container (inklusive Arbeitsspeicher und CPU) er benötigt. Zusätzlich übermittelt er die Dateiblöcke, welche er aus dem HDFS braucht und an welchen Knoten er welche Container gerne starten würde. So würde der Application Manager 1 auf dem Knoten 2 (siehe Abbildung 3.3) einen Container auf dem Knoten 2 und zwei Container auf dem Knoten 4 mit beispielsweise 1 GB Arbeitsspeicher und 1 Core anfordern. Denn der Application Master weiß, dass dort die benötigten Datenblöcke im HDFS gespeichert sind. Hierbei ist es wichtig zu verstehen, dass die Knoten aus Abbildung 3.3 den Data Nodes aus Abbildung 3.2 entsprechen.<sup>7</sup>

Der Application Master erhält dann die Zustimmung vom Resource Manager, nachdem der Scheduler die geforderten Ressourcen entsprechend eingeteilt hat. Darauf fordert der Application Manager den Node Manager auf den jeweiligen Knoten auf, entsprechende Container zu erstellen.

Die einzelnen Node Manager stehen in Kontakt zum Resource Manager und reporten ihm den aktuellen Status des Knoten und dessen Auslastung.

Nach der Ausführung der einzelnen Tasks innerhalb der Container und dem Abschluss des Jobs, schickt der Application Manager die Ergebnisse direkt zurück zum Client.<sup>8</sup>. Danach meldet er sich beim Resource Manager ab. Zuletzt kümmert sich der Resource Manager dann über das Freigeben von allokierten Ressourcen.

Ähnlich wie beim Prozessscheduling in einem herkömmlichen Betriebssystem, gibt es auch für YARN unterschiedlicher Algorithmen, die festlegen, in welcher Reihenfolge und Zeitdauer die einzelnen Jobs ausgeführt werden. Bekannte Scheduler sind der *Fair Scheduler* und der *Capacity Scheduler*. Abhängig von der genutzten Plattform/Distribution einzelner Hersteller ist für YARN ein anderer Scheduler konfiguriert. In etlichen Fällen wird der Capacity Scheduler als Standard konfiguriert, da dieser versucht alle Knoten möglichst effizient auszusteuren um den höchstmöglichen Datendurchsatz durch erreichen. Der Fair-Scheduler prüft hingegen, dass jedem Job die gleichen Ressourcen zugewiesen werden, um möglichst alle Jobs parallel bedienen zu können. **TODO: Scheduling prüfen!**

In großen Clustern wird die Prozessierung in mehrere Sub-Cluster mit eigenen Resource Managern aufgeteilt. Diese Struktur wird in der Literatur als *Federated YARN* beschrieben und soll die Skalierbarkeit von YARN in großen Clustern ermöglichen.

### 3.4 Apache Spark

*Apache Spark*<sup>TM</sup> ist ein Projekt zur verteilten Prozessierung von großen Datenmengen. Mit Apache Spark können verschiedene Algorithmen und Verarbeitungsschritte über eine einheitliche Programmierschnittstelle auf gespeicherte Daten angewendet werden. Spark selbst kümmert sich um die Verteilung, Ausführung und Überwachung der Applikationen

---

<sup>7</sup>Wobei ein physikalischer Knoten, auf welchem ein Data Node läuft nicht zwingend auch für die Datenverarbeitung mit YARN verwendet werden muss. Beziehend auf das Paradigma der Datenlokalität ist dies aber der Normalfall, dass ein Knoten, welcher Daten persistiert, auch Daten verarbeiten wird.

<sup>8</sup>Hierbei werden die fachlichen Ergebnisse, meistens als Datei im HDFS gespeichert.

zur Datenverarbeitung.[6, S. 2]

Apache Spark ist mittlerweile schon fast der Standard, wenn es im Hadoop-Umfeld um die Datenverarbeitung geht. Es löst damit auch das ursprünglich verwendete MapReduce-Framework von Hadoop ab, denn Spark bietet einen enormen Geschwindigkeitsvorteil gegenüber dem MapReduce-Framework. Dies lässt auf einer intelligenten Ausführung einzelner Verarbeitungsschritte und diversen Optimierungen zurückführen.[11, S. 148 ff.]

Ein anderer Aspekt sind auch die vielseitigen Einsatzzwecke von Spark. So wird die klassische Datenverarbeitung von statischen Datenmengen<sup>9</sup> unterstützt auch die Verarbeitung von dynamischen Datenmengen (Streaming-Data) <sup>10</sup>. Auch die Prozessierung von Graphen-Strukturen und das maschinelle Lernen werden unterstützt.[11, S. 152] Darüber hinaus steht es dem Anwender frei, ob er seine Applikationen in Scala, Python oder Java schreibt. Gerade bei den Interpreter-Sprachen Scala und Python gibt es sogar ein Spark-Shell zur interaktiven Datenverarbeitung und Analyse. Diese Vielseitigkeit macht sich auch in unzähligen Projekten und Programm-Bibliotheken bemerkbar, welche rund um Apache Spark entwickelt werden.

Es existieren diverse Anbindungen zu Datenspeichern, die sogenannten *Spark-Connectoren*. Damit können beliebige Datenspeicher als Datenquelle verwendet werden. Beispielsweise können Daten aus dem HDFS geladen werden, aber auch direkt aus Datenbanken wie HBASE, Cassandra, Neo4j oder Elasticsearch, welches zur Datenindexierung genutzt wird.

Abbildung 3.4 zeigt die Ausführung einer Spark-Applikation innerhalb eines Hadoop-Clusters mit YARN und skizziert den physikalischen Kontext im Cluster. Dieser Aufbau beschreibt im Kontext der Thesis den primären Anwendungsfall zur Datenverarbeitung. Apache Spark könnte auch vollständig unabhängig von dem Hadoop-Framework in einem eigenen Spark-Cluster ausgeführt werden und bietet dafür auch einen eigenen Ressourcenmanager. Allerdings wird innerhalb des Hadoop-Umfelds die Spark-Ausführung mit dem bereits erwähnten Ressourcenmanager YARN durchgeführt (siehe Kapitel 3.3). Dies hat auch den Vorteil, dass YARN die Ressourcen auf den einzelnen Knoten besser verwaltet kann. Denn wenn der Spark-Ressourcenmanager parallel zu YARN auf den gleichen Knoten genutzt werden würde, so könnte dies zu Ressourcen-Engpässen führen. Denn die Ressourcenmanager würden nicht miteinander kommunizieren und die Last der ausgeführten Anwendungen im Cluster könnte nicht gleichmäßig verteilt werden. Aus diesem Grund ist es ratsam YARN auch die Ausführung von Spark-Anwendungen im Cluster zu überlassen.

Wie in Abbildung 3.4 ersichtlich, wird die Ausführung einer Spark-Anwendung über den YARN-Ressourcenmanager gestartet. Es gibt hierbei unterschiedliche Wege, wie eine Spark-Anwendung ausgeführt werden kann. Im konkreten Fall wird das *Spark-Submit* Kommando genutzt. Letztlich handelt es sich hierbei um einen Konsolenbefehl, welcher die Anwendung<sup>11</sup> selbst entgegennimmt und über diverse Parameter konfiguriert werden kann. So

---

<sup>9</sup>In diesem Kontext ist das einfache Ausführen einer Anwendung auf eine bereits existierende Datenmenge gemeint, welches am Ende an definiertes Ergebnis liefert.

<sup>10</sup>Bei der Datenverarbeitung von Streaming-Data wächst die zu verarbeitende Datenmenge dynamisch und die ausgeführte Anwendung verarbeitet die neu hinzugekommenen Daten. Ein Beispiel wäre das Filtern von Tweets auf Twitter nach bestimmten Merkmalen, wobei auch neu hinzukommende Tweets bearbeitet werden und nicht nur die Tweets, welche beim Ausführungszeitpunkt der Anwendung bereits existierten.

<sup>11</sup>Beispielsweise ist dies bei einer Spark-Anwendung in Java ein herkömmliches *Java Archiv* im *JAR*-Dateiformat.

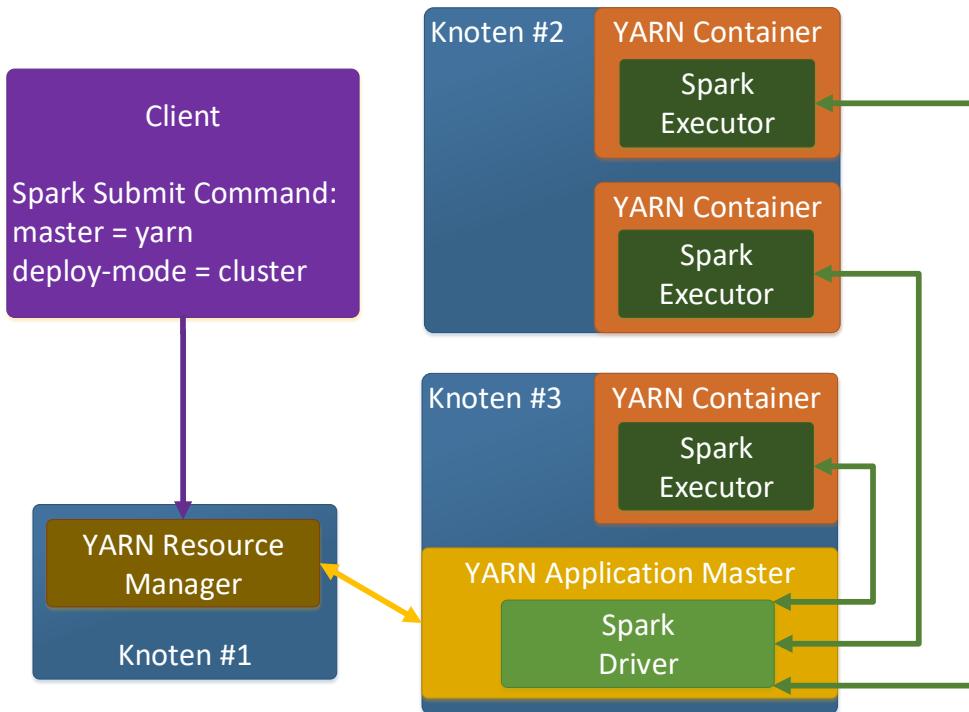


Abbildung 3.4: Spark Datenverarbeitung im Cluster

kann unter anderem der Master und Deploy Mode so konfiguriert werden, dass YARN die Ressourcen der Applikation verwaltet. Wie in Abbildung 3.3 (siehe Kapitel 3.3) bereits beschrieben, wird bei YARN ein Application Master erstellt, welcher wiederum diverse Ausführungscontainer auf den einzelnen Knoten anfordert und dieser überwacht. Bei der Ausführung einer Spark-Anwendung werden diese Komponenten wiederverwendet und kapseln letztlich die fachlichen Komponenten von Spark.

So gibt es bei Spark einen sogenannten *Driver*, welcher im Yarn Application Master läuft und wiederum die sogenannten *Executor* aussteuert. Diese laufen wiederum gekapselt in einzelnen YARN Containern auf den Knoten. Ein Spark Executor entspricht aus Betriebssystemsicht eines Knotens im Cluster der Ausführung einer Java Virtual Machine (JVM) in einem eigenständigen Prozess. Aufgrund der Kapselung durch YARN können die einzelnen JVM-Prozesse überwacht werden und zur Not auch beendet werden, falls sie zu viel Ressourcen auf den Knoten anfordern.

Hierzu muss Spark und YARN aber entsprechend konfiguriert werden, damit die Anwendungen auch korrekt im Cluster skaliert werden können. Nachfolgende Beispiel zeigt hier Konfigurationsmöglichkeiten.

Bei YARN und auch Spark beziehen sich die Ressourcen auf die Anzahl der genutzten CPU-Cores<sup>12</sup> und die Größe des genutzten Arbeitsspeichers.

<sup>12</sup>Hierbei geht es um die virtuell verfügbaren CPU-Cores. So verfügt beispielsweise eine Intel CPU mit vier physikalischen Cores und Hyperthreading über insgesamt 8 virtuelle Cores zur parallelen Ausführung von Prozessen.

## **TODO:** Configurations Parameter in Cluster!

Gerade wenn YARN einzelne Application-Container stoppt, weil sie zu viel Arbeitsspeicher benötigen deutet dies auf eine falsche Konfiguration oder falsche Programmierung der Spark-Anwendungen hin. Oftmals wird gerne der nutzbare Arbeitsspeicher pro Executor höher konfiguriert. Diese ist in den meisten Fällen jedoch der falsche Ansatz, da hierdurch kritische Probleme in der Programmlogik der Anwendung oftmals nur kaschiert werden. Daher ist es auf jeden Fall auch sinnvoll bei der Anwendungsentwicklung relativ kleine Cluster mit geringen Ressourcen zu nutzen, denn auch dort müssen die Anwendungen fehlerfrei ausführbar sein. Lediglich die Ausführungsgeschwindigkeit sollte sich in kleinen Clustern verlangsamen.

Aus diesem Grund werden im Rahmen dieser Thesis auch die Spark-Anwendungen auf einem einzelnen Knoten getestet, um Programmfehler besser und frühzeitiger erkennen zu können.

Einzelheiten zu den Programmierparadigmen und den grundlegenden Datenstrukturen können in Kapitel 5 nachgelesen werden.

## 3.5 Apache HBASE

*Apache HBASE*<sup>13</sup> ist eine spaltenorientierte *NoSQL*-Datenbank. Sie entstand auf den Grundlagen der *BigTable*-Datenbank von Google und wurde für das Speichern von Daten im Hadoop-Umfeld entwickelt.<sup>13</sup>

Der Begriff *NoSQL*-Datenbank steht hierbei für *Not only SQL* und beschreibt letztlich Datenbanken, welche Daten vorwiegend nicht in herkömmlichen relationalen Datenbankschemata speichern. Größtenteils sind diese Datenbanken schemafrei und können horizontal skaliert werden. Diese Bedingungen sind optimal zur Speicherung großer unstrukturierter Datenmengen.

Anhand des sogenannten *CAP-Theorems* können diese Datenbanken kategorisiert werden. Das CAP-Theorem besteht aus den Eigenschaften Konsistenz, Verfügbarkeit und Partitionstoleranz und besagt, dass maximal zwei dieser drei Eigenschaften von einer Datenbank garantiert werden können. Konsistenz beschreibt hier die Garantie, dass alle Knoten im verteilten System den gleichen Datenstand haben. Die Verfügbarkeit bezieht sich auf die dauerhafte Erreichbarkeit der Daten. Wohingegen die Partitionstoleranz die Funktionsfähigkeit selbst bei Ausfall einzelner Knoten im Datenbank-Verbundsystem garantiert. Apache HBASE garantiert hierbei die Eigenschaften der Partitionstoleranz und der Konsistenz. Dies führt dazu, dass die Verfügbarkeit der Daten weniger stark ausgeprägt ist. [4, S. 189 ff.]

Während herkömmliche relationale Datenbanken die Daten zeilenweise speichern, werden in spaltorientierten Datenbanken die Daten spaltenweise gespeichert. Hierbei werden die Daten der einzelnen Spalten gruppiert in sogenannten *Column Families* abgespeichert. Der Vorteil dieser Speicherart hängt stark von deren fachlichen Nutzung ab. Wenn alle Daten einer Spalte abgefragt werden, dann können diese Daten effizienter gelesen werden da sie zusammen persistiert wurden. Bei einer relationalen Datenbank hingegen wird bei solchen Anfragen die ganze Zeile mit allen Feldern gelesen, obwohl nur ein kleiner Teil dieser Daten wirklich benötigt wird.

Apache HBASE basiert eben auf dieser Spaltenorientierung. Die Datenbank wird im Rah-

---

<sup>13</sup>Der Name *HBASE* basiert auf der Kombination von *Hadoop* und *Database*.

men dieser Thesis für das Speichern beliebiger Dateiinhalte und Dateimetadaten verwendet. Ein vereinfachtes Beispiel einer möglichen Datenstruktur wird in Abbildung 3.5 dargestellt.

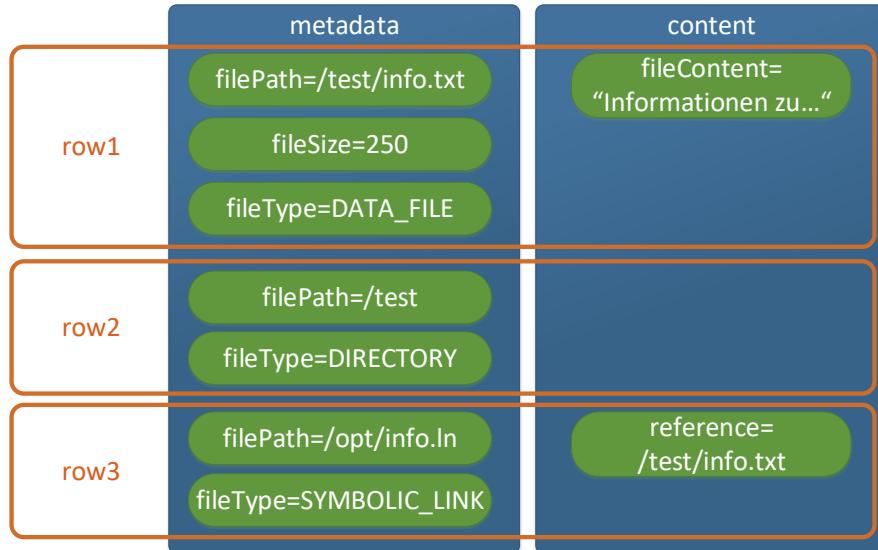


Abbildung 3.5: Schema-Beispiel einer HBASE Tabelle nach [4]

Anhand der Abbildung werden einige Eigenschaften von HBASE sichtbar. So existieren zwei *Column Families* mit den Namen *metadata* und *content*. Die Column Family *metadata* enthält wiederum die Spalten *filePath*, *fileSize* und *fileType*. Die Werte werden alle als Binär-Inhalt gespeichert. Eine Zeile hat dann jeweils einen eindeutigen Spaltenschlüssel, wie zum Beispiel *row1*. Über diesen Schlüssel können die spezifischen Inhalte der einzelnen Spalten für eine bestimmte Zeile erfragt werden. Interessant hierbei ist, dass die Spaltenwerte optional sind und nicht für jede Zeile existieren müssen. So hat beispielsweise eine Datendatei, einen konkreten Inhalt, welcher in der Spalte *fileContent* der Spaltenfamilie *content* gespeichert werden. Ein Verzeichnis hingegen hat keinen Dateinhalt. Daher ist in der zweiten Zeile auch kein Inhalt in der Spalte *fileContent* abgelegt. In der dritten Zeile hingegen, wird ein symbolischer Link gespeichert. Dieser wiederum hat auch keinen Inhalt in der Spalte *fileContent*. Dafür wird aber die Referenz auf die Originaldatei in einer weiteren Spalte gespeichert. Aufgrund der Gruppierung und Speicherung in Column Families benötigen leere Spaltenwerte auch keinen Speicherplatz. Ein einzelne Zelle beschreibt letztlich den Wert einer Spalte für eine konkrete Zeile. Hierbei wird zu jeder Zelle auch ein Zeitstempel gespeichert. Mithilfe dieses Zeitstempels können auch ältere Werte einer Zelle ausgelesen werden. So wird bei einer Modifikation einer konkreten Zelle der Wert inklusive eines neuen Zeitstempels geschrieben. Es ist jedoch immer noch möglich, ältere Zustände der Zelle zu lesen.

Aus Nutzersicht von Vorteil ist, dass die einzelnen konkreten Spalten innerhalb einer Spaltenfamilie nicht schon bei der Erstellung einer Tabelle angegeben werden müssen. Lediglich die Spaltenfamilien müssen initial angegeben werden und können später auch nicht mehr geändert werden. Somit kann nachträglich die Tabelle um weitere Spalten erweitert werden.[10, S. 577]

Die Skalierbarkeit und die Partitionstoleranz wurden bei der Entwicklung von HBASE berücksichtigt. Es baut auf dem Hadoop HDFS auf und speichert darin die Daten. Analog zu HDFS, YARN oder Spark existiert auch hierbei eine Master-Slave Architektur über alle Knoten hinweg. Abbildung 3.6 zeigt die physikalische Aufteilung.

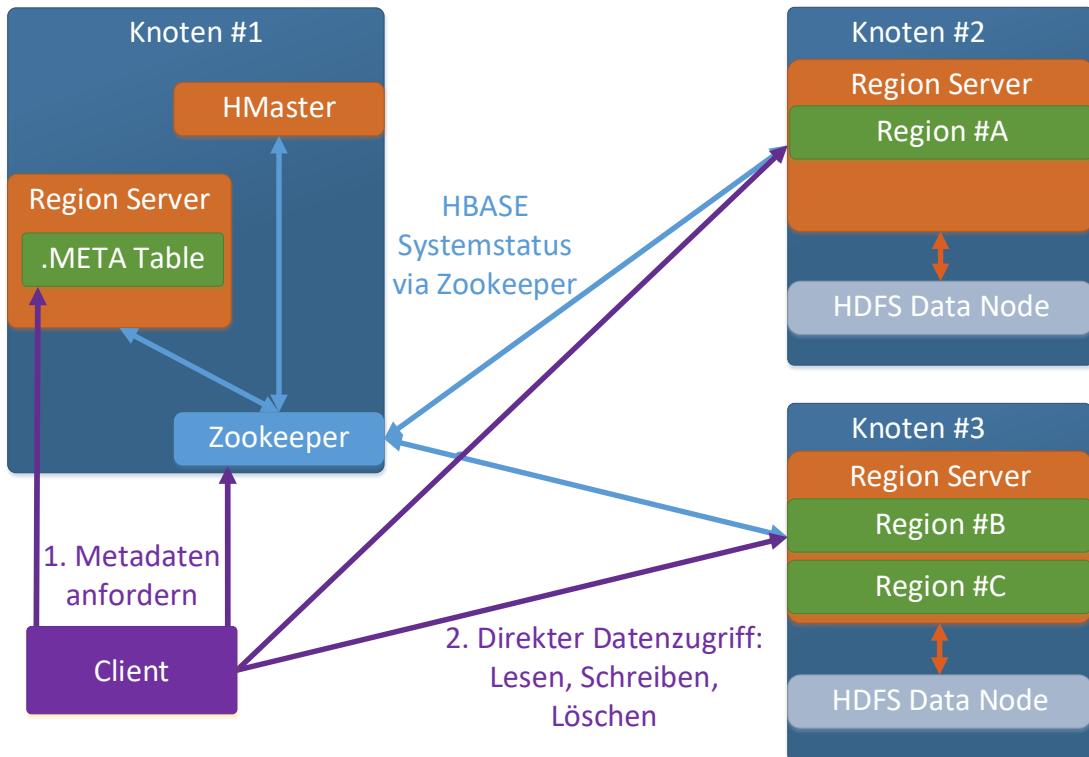


Abbildung 3.6: HBASE Datenspeicherung im Cluster

Auf den einzelnen Knoten im Computer-Cluster laufen sogenannte *Region Server*. Diese Region Server speichern jeweils unterschiedliche Teile der in HBASE angelegten Tabellen. Eine Tabelle selbst wird hierbei anhand der Zeilenschlüssel in mehrere Bereiche, den sogenannten *Regions* unterteilt. Beispielsweise könnte die Region A (siehe Abbildung 3.6) alle Daten einer Tabelle der Zeilen 1 bis 3000 enthalten. Die Region B wiederum enthält alle Daten der gleichen Tabelle aber von den Zeilen 3001 bis 8540. Und die Region C könnte die Daten der Zeilen 1 bis 22300 von einer anderen Tabelle enthalten. Somit kann ein Region Server mehrere Regions von gleichen oder auch unterschiedlichen Tabellen verwalten. Das Prinzip der Datenlokalität greift auch bei HBASE. So sollte auf jedem Knoten, auf dem ein RegionServer läuft, auch ein HDFS Data Node existieren. Dieser speichert die Daten der einzelnen Regions als Dateien im HDFS.

Wenn neue Tabellen erstellt werden, oder einzelne Regions zu groß werden, dann koordiniert eine übergeordnete Instanz die Umverteilung von Daten und die Erstellung neuer Regions. Diese Instanz ist bei HBASE der sogenannte *HMaster*. Es ist ein leichgewichtiger Prozess, welcher auf einem beliebigen Knoten im Cluster läuft und über Apache ZooKeeper auch den Status der einzelnen Region Server überwacht.<sup>14</sup> Um die Ausfallsicherheit

<sup>14</sup>Die Funktionsweise von Apache ZooKeeper wird in Kapitel 3.6 näher erläutert.

zu gewährleisten ist auch dieser Prozess redundant ausgelegt.<sup>15</sup> Darüber hinaus kümmert sich der HMaster-Prozess auch um die Restrukturierung bei Teilausfällen einzelner Region Server.

Wenn nun ein Client auf die Daten einer Tabelle zugreifen möchte, muss dieser wissen, auf welchem Knoten die Daten abgelegt sind. Hierfür verbindet sich der Client zuerst mit ZooKeeper und erfährt hierüber, welcher Region Server die sogenannte *Meta-Tabelle* speichert.[10, S. 579]

Diese Meta-Tabelle enthält Informationen über alle Tabellen in HBASE inklusive der Region-Server und deren Regions die sie bereitstellen. Anhand dieser Metadaten kann der Client dann direkt die benötigten Daten an den entsprechenden Region Servern anfordern. Dieses Vorgehen scheint für den Zugriff auf wenige Daten etwas aufwendig. Es skaliert aber sehr gut bei großen Datenmengen, da kein Flaschenhals vorhanden ist. Normalerweise speichert der Client die angeforderte Meta-Tabelle temporär, so dass er bei nachfolgenden Anfragen direkt zu den entsprechenden Region Servern zugreifen kann.

Im Rahmen dieser Thesis wird HBASE beispielsweise verwendet um Metadaten zu speichern. Diese werden wiederum mit Apache Spark ausgelesen und verarbeitet. Hierbei kann das Prinzip der Datenlokalität sehr gut genutzt werden. Denn in der Theorie ist es durchaus möglich die HDFS Data Nodes, die Spark Worker und die HBASE Region Server getrennt auf unterschiedlichen Knoten auszuführen. Aber gerade dies macht keinen Sinn, da sonst immer wieder Daten über das Netzwerk transportiert werden müssen und dieses dann zum Flaschenhals der Verarbeitung wird.

Sinnvoll ist es nämlich HDFS Data Nodes auf den Knoten auszuführen, wo auch die Region Server ausgeführt. Darauf aufbauend sollten dann gerade auch die Spark Worker auf den Knoten die Datenverarbeitung ausführen, auf welchen die Region Server laufen. Dadurch können im besten Fall die Daten, welche durch Apache Spark benötigt werden, direkt von dem lokalen HBASE Region Server bereitgestellt werden. Dieser erhält die Daten wiederum von dem lokal laufendem Data Node. Somit können die Daten direkt auf dem Knoten verarbeitet werden, wo sie auch gespeichert sind und müssen nicht über das Netzwerk an andere Knoten gesendet werden.<sup>16</sup> Die Koordinierung ist aber entsprechend komplex und viel wichtiger ist noch, dass jede einzelne Implementierung zur Prozessierung der Daten auch das Prinzip der Datenlokalität unterstützt.

TODO: Erstellung eines adäquaten Zeilenschlüssels und dessen Auswirkungen (numerische Sortierung, Hot Spot, ...) -> Dies könnte aber dann in Kapitel 4 oder 5 beschrieben werden!

### 3.6 Apache ZooKeeper

Innerhalb eines Computer-Clusters zur verteilten Datenverarbeitung existiert oftmals das Problem, dass sich die einzelnen Komponenten koordinieren müssen. Beispielsweise teilt HBASE die Daten auf mehrere RegionServer auf, welche wiederum auf den einzelnen Knoten laufen. Doch welche Instanz koordiniert diese Aufteilung? Ein anderes Problem ist der Datenzugriff. Ein Client möchte eine Zeile einer bestimmten Tabelle auslesen. Woher weiß der Client, welchen konkreten Knoten er anfragen muss, um genau diese Zeile zu erhalten? In den meisten Fällen existiert hierzu eine bestimmte Instanz, welche die Koordinierung

---

<sup>15</sup>Über ZooKeeper kann immer der primäre HMASTER-Prozess ermittelt werden. Ist der aktive HMaster nicht mehr erreichbar, schaltet sich ein Backup-HMaster ein.

<sup>16</sup>Sie auch Kapitel 3.3 und Kapitel 3.4.

der Knoten übernimmt. Beispielsweise gibt es bei HBASE den HMaster, welcher die Koordinierung übernimmt. Das Problem ist hierbei, dass auch der Knoten auf dem diese Master-Instanz läuft ausfallen kann und das komplette System zum erliegen bringt. Diese Master-Instanzen im allgemeinen sind kritische Komponenten und können als Single-Point-of-Failure zu einem Stillstand des kompletten Systems führen. Um solche Totalausfälle zu vermeiden, müssen bestimmte Automatismen definiert werden, wie sich die Knoten selbst organisieren können, um einen Ausfall beliebiger Knoten zu überstehen.

An dieser Stelle bietet *Apache ZooKeeper<sup>TM</sup>* Mechanismen an, wie sich die einzelnen Knoten in einem verteilten System organisieren und Informationen verteilt synchronisieren können. Aus logischer Sicht stellt ZooKeeper einen Service zu Verfügung. Dieser Service ermöglicht das Speichern von Informationen strukturiert als Verzeichnis mit einzelnen Dateien. Bei den Informationen handelt sich normalerweise um wichtige Konfigurationen, welche im Cluster verteilt werden müssen und zentral über ZooKeeper aktualisiert werden können. Jeder Client, der sich mit ZooKeeper innerhalb des Computer-Clusters verbindet, sieht die gleiche Konfiguration und kann bei Bedarf auch bestimmte Konfigurationen ändern.[12, S. 4 ff]

Aus Sicht des Entwicklers, stellt dieser Service immer die aktuellen Informationen im Cluster zu Verfügung. Wie der Service dies bewerkstelligt ist ein Implementierungs-Detail. Neben dem bereits erwähnten Konfigurationsmanagement bietet ZooKeeper auch einen Naming-Service oder auch die Möglichkeit den Live-Status einzelner Knoten zu überwachen.[5]

Wie bei HBASE in Kapitel 3.5 bereits erwähnt, kann ein Client sich mit ZooKeeper verbinden und erhält über ZooKeeper den aktuellen Knoten, welcher die Metadaten zu allen Tabellen in HBASE Speichert. Ein anderes Beispiel zeigt die Backup-Instanz des HMaster-Prozesses. Dieser prüft über ZooKeeper den Status des primären HMaster-Prozesses und wird informiert, wenn letzterer nicht mehr verfügbar ist. Daraufhin propagiert sich die Backup-Instanz als neuen HMaster-Prozess im Cluster, um so die Funktionsfähigkeit von HBASE aufrecht zu erhalten. Abbildung 3.7 zeigt die Verzeichnisstruktur, welche stark an ein Unix-Verzeichnis erinnert. Wobei die einzelnen Einträge sogenannten *ZNodes* entsprechen.<sup>17</sup>

```
[zk: localhost:2181(CONNECTED) 5] ls /hbase
[replication, meta-region-server, rs, splitWAL, backup-masters, table-lock,
 flush-table-proc, region-in-transition, online-snapshot, master, running,
 recovering-regions, draining, namespace, hbaseid, table]
```

Abbildung 3.7: Gespeicherte Informationen von HBASE in ZooKeeper

Normalerweise ist Zookeeper auf mehreren Knoten im Cluster installiert. Sie bilden ein sogenanntes *ZooKeeper Ensemble* und bestehen zumeist aus 3 oder 5 Einzelinstallationen auf beliebigen Knoten. Ein ZooKeeper Ensemble, welches für die gleiche Anwendungsdomäne zuständig ist, wird auch *Quorum* genannt. Innerhalb eines Quorums gibt es einen Leader und mehrere Follower, die sich die gleichen Konfigurationsinformation teilen. Fällt der Leader aus, können die Follower einen neuen Leader bestimmen.[5]

---

<sup>17</sup>Siehe auch <http://zookeeper.apache.org/doc/r3.5.4-beta/zookeeperOver.html>, Stand: 26.7.2018

### 3.7 Apache Solr und Lucene

*Apache Solr<sup>TM</sup>* ist eine skalierbare und performante Plattform zur Datensuche. Die Daten werden vorher indexiert und können extrem schnell durchsucht werden.[8]

Dadurch kann der forensische Analyse im Rahmen der Thesis schnell und einfach Millionen von Datensätzen nach bestimmten Stichwörtern durchsuchen.

Solr besitzt einen *Cloud-Mode*, welcher es ermöglicht die indexierten Daten verteilt auf mehreren Rechnern zu speichern. Dieser Cloud-Mode wird auch bei der Integration in die Analyseplattform genutzt. Die Hortonworks Dataplatform, welche auf dem Computer-Cluster, installiert ist liefert ein optionales Solr-Paket mit. Primär wird dieses Paket genutzt, um eine performante Suche im HDFS-Dateisystem zu ermöglichen. Jedoch können beliebige Daten in der Solr-Cloud indexiert werden, sobald diese einmal im Computer-Cluster installiert wurde. Darüber hinaus nutzt Solr im Cloud-Mode das bereits beschriebene Zookeeper-Projekt<sup>18</sup> zur Koordinierung und Überwachung der einzelnen Knoten. Innerhalb des Cloud-Modes werden die oben beschriebenen Indizes in mehrere sogenannte *Shards* aufgeteilt. Ein einzelner Shard ist hierbei ein Teil des Indexes, welcher unabhängig von den anderen Shards durchsucht werden kann. So kann bei einer Suchanfrage die Suche parallel auf alle Shards verteilt werden. Einzelne Shards können wiederum auf anderen Knoten repliziert werden, um die Ausfallsicherheit zu gewährleisten. Solr spricht hierbei von Cores. Ein Core ist die physikalische Representation eines logischen Shards auf einem konkreten Knoten. Alle logischen Shards bilden zusammen den Index, welcher bei Solr als sogenannte *Collection* dargestellt wird.[3]

Jedes Dokument, welches in einer Collection indexiert werden soll, wird genau einmal in eines der logischen Shards aufgeteilt. Hierbei wird zuerst anhand einer Strategie, wie beispielsweise mittels Hashwertermittlung eines eindeutigen Dokument-Keys, entschieden in welchen Shard das Dokument aufgenommen werden sollen. Ein logischer Shard wird abermals aufgeteilt in mehrere Replicas, den bereits erwähnten Cores auf den einzelnen Knoten. Für jeden logischen Shard wird ein *Leader*-Knoten bestimmt.<sup>19</sup> Dieser Leader-Knoten speichert einen physikalischen Core des logischen Shards und indexiert im nächsten Schritt das Dokument. Sobald der Index neu aufgebaut wurde, wird die Aktualisierung an die anderen Knoten weitergesendet, welche wiederum eine Replica (Core) des logischen Shards speichern.[17, S. 867 ff]

Abbildung 3.8 skizziert die Skalierung im Computer-Cluster.

Im Allgemeinen ist ein Suchsystem in mehrere Analyseschritte aufgeteilt. Ein Großteil dieser Verarbeitungsschritte wird nicht von Solr selbst übernommen. Vielmehr baut Solr auf dem Open-Source Projekt *Apache Lucene<sup>TM</sup>* auf und erweitert Lucene letztlich um eine skalierbare Infrastruktur und diverse Schnittstellen zur Verarbeitung der Daten.

Zu Beginn liegen beliebige Daten in Form von Dateien oder Dokumenten vor. Diese Daten durchlaufen eine textuelle Aufbereitung bevor sie indexiert werden können.

Bei der Textanalyse wird der relevante Text aus den Daten extrahiert. Hierbei hängt die Extraktion der Daten auch davon ab, ob die Daten strukturiert, semistrukturiert oder unstrukturiert sind. Anhand der Dateiformate können dann diverse Bibliotheken genutzt werden, um Daten zu extrahieren. Beispielsweise kann mithilfe von *Apache PDFBox<sup>®20</sup>*

---

<sup>18</sup>Siehe Kapitel 3.6.

<sup>19</sup>Diese Leader werden mittels Zookeeper im Cluster propagiert.

<sup>20</sup>Siehe <https://pdfbox.apache.org/>, letzter Zugriff: 01.08.2018

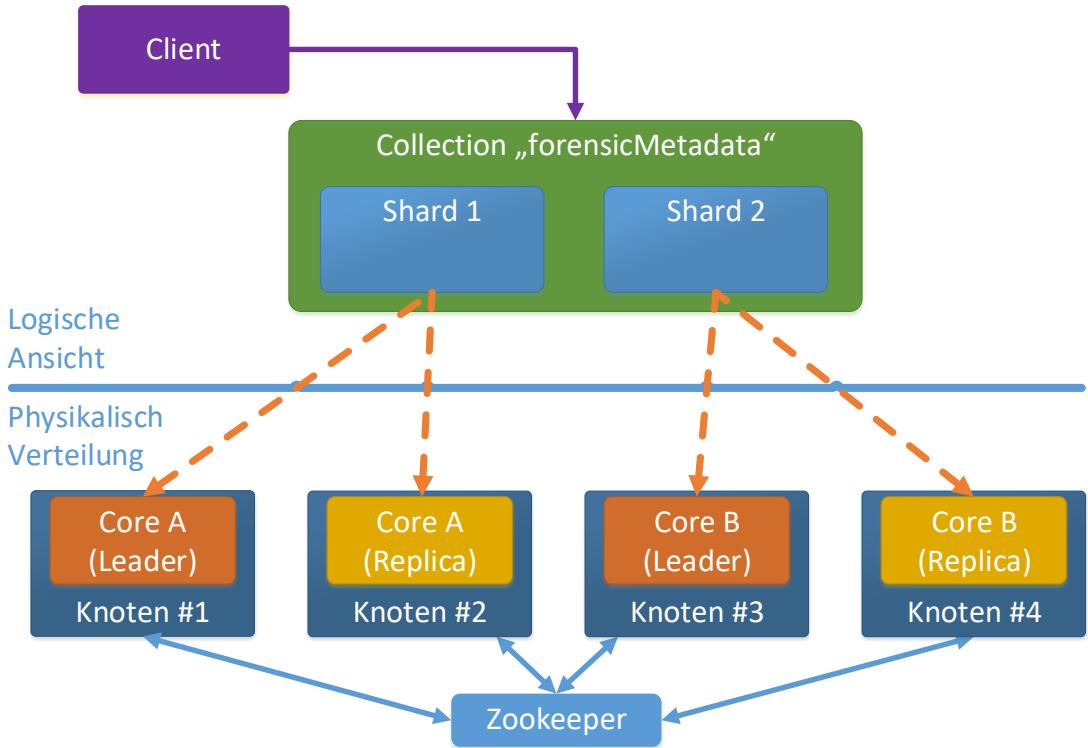


Abbildung 3.8: Solr Cloud-Mode im Cluster

Text aus PDF-Dokumenten extrahiert werden. Mithilfe der *Geospatial Data Abstraction Library (GDAL)*<sup>21</sup> können Geo-Positionen aus den EXIF-Metadaten von JPEG-Bildern extrahiert werden. Oder mithilfe *Tesseract OCR*<sup>22</sup> könnte auch lesbarer Text direkt aus Bildern extrahiert werden.[8, S. 39]

Im nächsten Schritt wird dieser extrahierte Text aufbereitet. Diese Aufbereitung hängt auch stark von dem spezifischen Anwendungsfall und den Daten selbst ab. Im Allgemeinen werden Satzzeichen und überflüssige Füllwörter entfernt und Großbuchstaben werden in Kleinbuchstaben umgewandelt. Darüber hinaus kann auch eine Stammformreduktion durchgeführt werden. Darauf aufbauend kann der Text weitergehend analysiert werden. Beispielsweise könnten Redewendungen erkannt oder Synonyme einzelner Wörter identifiziert werden.[8, S. 44]

Nach der Aufbereitung des Textes erfolgt die Erstellung eines sogenannten *Inverted Indexes*. Ein *Inverted Index* ist ähnlich aufgebaut, wie ein Stichwortverzeichnis. Jedes Wort wird darin mit den Verweisen zu den Vorkommen in den einzelnen Dokumenten versehen. Auf Basis dieses Indexes können sehr schnell alle Dokumente gefunden werden, welche das gesuchte Wort enthalten.[8, S. 47]

Im nächsten Schritt können nun Suchanfragen auf die erstellten Indizes durchgeführt werden. Aber auch hier gibt es unterschiedliche Modelle, wie die relevanten Dokumente ermittelt werden und vor allem auch in welcher Reihenfolge die Ergebnismenge zurückgeliefert

<sup>21</sup>Siehe <https://pdfbox.apache.org/>, letzter Zugriff: 01.08.2018

<sup>22</sup>Siehe <https://github.com/tesseract-ocr/tesseract>, letzter Zugriff: 01.08.2018

wird.

Hier existiert das sogenannte *Boolean Model* auf Basis der booleschen Algebra. Beispielsweise könnte eine forensische Suchanfrage lauten: Suche alle Bilder oder Videos, welche das Wort *Unfall* im Dateinamen haben aber nicht kleiner sind als 1 MB. Diese Suchanfrage wird in einen booleschen Ausdruck überführt und die Dateien werden zurückgeliefert. Allerdings liefert dieses Modell keine Aussage über die Reihenfolge der Ergebnismengen. Hierzu gibt es komplexere Suchmodelle, wie das sogenannte *Vector Space Model*. Es basiert auf gewichtete Faktoren und ermöglicht es für jedes Dokument der Ergebnismenge die Trefferwahrscheinlichkeit zu ermitteln. Nach dieser Bewertung wird die Reihenfolge der Ergebnisse ermittelt. Beispielsweise sollte ein Dokument eine höhere Bewertung erhalten, wenn das gesuchte Wort mehrfach im Dokument vorhanden ist.[8, S. 47 ff]

Apache Solr und Lucene sind beide in Java implementiert. Daher gibt es auch einen Java Client, zur Durchführung von Suchanfragen. Andererseits existiert auch eine REST-Schnittstelle. Damit können Anfragen simpel und schnell in beliebige Websites integriert werden, oder direkt mit dem Kommandozeilentool *curl* durchgeführt werden. Hierbei können die Anfragen in XML oder JSON formatiert sein. Ein simples Beispiel zeigt nachfolgende Anfrage (siehe Abbildung 3.9).

```
> curl "http://localhost:8983/solr/forensicMetadata/query?q=*shot*"
{
  "responseHeader": {
    "status": 0,
    "QTime": 20,
    "params": {
      "q": "*shot*"
    }
  },
  "response": {
    "numFound": 1,
    "start": 0,
    "maxScore": 1.0,
    "docs": [
      {
        "filePath": ["Screenshot from 2018-05-13 05-55-23.png"],
        "fileType": ["DATAFILE"],
        "fileSize": [360377],
        "owner": ["johannes"],
        "group": ["johannes"],
        "permissions": ["[OWNER_READ, GROUP_WRITE, OWNER_WRITE, OTHERS_READ, GROUP_READ]"],
        "lastModified": ["2018-05-13T03:55:31.613Z"],
        "lastAccessed": ["2018-05-13T03:55:31.613Z"],
        "created": ["2018-05-13T03:55:31.613Z"],
        "mediaType": ["image/png"],
        "fileHash": ["c894fcc169d7971bfc4fc6fee973a852333db485fcf1ac772fd2e573f9701fa7baa9c7180d0c1ad402efd89ae1aed4e873e1d4d02b024b4cffae415dacc25fcf"]
      }
    ],
    "id": "row4",
    "_version_": 1607729961236430848
  }
}
```

Abbildung 3.9: Solr-Suchanfrage via *curl*

Die Solr-Instanz ist unter `localhost:8983` erreichbar ist. Die Suchanfrage selbst wird auf der Collection `forensicMetadata` ausgeführt. Es soll in allen Feldern nach einem Vorkommen von dem Wort *shot* (`q=*shot*`) gesucht werden. Die Antwort ist im JSON-Format definiert. Unter anderem wird die Anzahl der Treffer (`numFound:1`) mitgeliefert. Bei dieser konkreten Anfrage, wurde ein Bild mit dem Dateinamen *Screenshot...* gefunden.

# 4 Datenspeicherung

## 4.1 Allgemeiner forensischer Analyseprozess

Im Praxisteil dieser Arbeit soll eine Analyseplattform auf Basis von Apache Hadoop aufgebaut werden. Diese Analyseplattform dient zur Auswertung sichergestellter Beweismittel und dem Auffinden von Beweisen in großen Datenmengen. Hierbei behandelt die Analyseplattform aber nur einen Teil der Arbeitsvorgänge während einem forensischen Analyseprozess.

Abbildung 4.1 skizziert einen allgemeinen forensischen Analyseprozess für digitale Beweismittel.[14, S.16] Die grün hinterlegten Schritte definieren den Arbeitsbereich, bei welchen die hier entwickelte forensische Analyseplattform den Forensiker unterstützen kann.

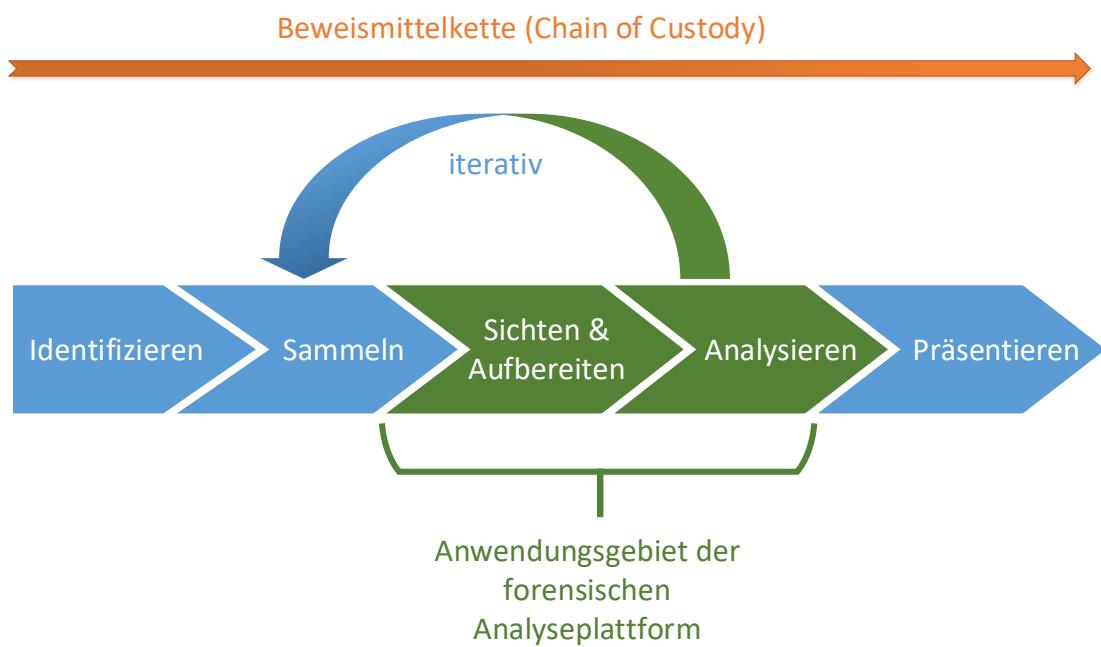


Abbildung 4.1: Forensischer Analyseprozess für digitale Beweismittel (Vgl. [14, S.16])

Zu Beginn existiert ein Vorfall oder ein Tatverdacht für eine Straftat. In einem nachfol-

genden Schritt ermittelt beispielsweise die Staatsanwaltschaft. Im Ermittlungsverlauf wird darauf der Tatort untersucht oder auch bei Tatverdächtigen nach Hinweisen für die Tat und gegebenenfalls deren Tathergang gesucht. Dieser Schritt beschreibt die Identifikationsphase aus Abbildung 4.1. Hierbei geht es um die Identifikation von möglichen Beweismittel, welche sichergestellt oder beschlagnahmt werden sollen.[14, S. 17-24].

In der Forensik wird häufig hypothesenbasiert vorgegangen. So entwickelt der Ermittler eine Hypothese, wie eine möglich Straftat begangen wurde und wer diese begangen haben könnte. Darauf aufbauend überlegt er sich welche Spuren für oder gegen diese Hypothese sprechen und welche möglichen Beweismittel eben diese Spuren enthalten könnten (z.B. Kommunikationsdaten auf dem PC oder Bildmaterial auf einem Mobiltelefon).

Im zweiten Schritt aus Abbildung 4.1 geht es um das Vereinnahmen von potentiellen Beweismitteln. Hierbei werden dann die identifizierten Datenträger und Geräte sichergestellt oder beschlagnahmt. In dieser Phase werden beispielsweise auch schon forensisch korrekte Datenträgerabbilder erstellt, auf welchen dann später eine Datenanalyse ausgeführt werden kann.[14, S. 24-33]. In vielen Fällen, beispielsweise bei Unternehmensservern, werden nicht die Geräte selbst sichergestellt sondern nur wichtige Daten forensisch korrekt kopiert. Auch hier findet teilweise schon eine Vorselektion statt, welche Daten benötigt werden und welche Daten im konkreten Fall irrelevant sind.

Die dritte Phase aus Abbildung 4.1 behandelt das Sichten und Aufbereiten der sichergestellten Daten. Gerade bei großen unstrukturierten Datenmengen erfolgt in dieser Phase auch eine Vorselektion, um die Datenmenge nochmals einzuschränken. Dies kann automatisiert oder auch manuell erfolgen.[14, S. 33-39]. An dieser Stelle beginnt das Anwendungsgebiet der hier entwickelten forensische Analyseplattform. So können alle gesammelten Daten in die forensische Analyseplattform importiert und prozessiert werden. Darauf kann über eine allgemeine Suche nach spezifischen Stichworten, Hashsummen oder Zeitpunkten gesucht werden. Dies soll dem Ermittler das Auffinden von fallrelevanten Daten erleichtern. Die meisten bekannten forensischen Analysetools bieten ebenfalls Stichwortsuche an, weil eben dadurch große Datenmengen schnell nach bestimmten Kriterien gefiltert werden können.[2, S. 116-123]

In dieser Phase werden aber auch gelöschte, verschlüsselte oder verschleierte Daten wiederhergestellt oder entschlüsselt, sofern dies möglich ist. Eine klassische Methode ist beispielsweise auch das sogenannte *File Carving* auf Datenträgern.[14, S. 38-39]<sup>1</sup> Diese Art von Datenaufbereitung beherrscht die hier entwickelte forensische Analyseplattform derzeit noch nicht.<sup>2</sup>

Auch in der anschließenden Analysephase kann die hier entwickelte forensische Analyseplattform genutzt werden (siehe Abbildung 4.1). In dieser Phase werden die aufbereiteten Daten detailliert analysiert, um Informationen zu erhalten, die für oder gegen einen bestimmten Tathergang sprechen.[14, S. 39-45] Anhand dieser Informationen werden die eingangs beschriebenen Hypothesen zu möglichen Tathergängen verifiziert. Bei einer Analyse werden aus den Daten komplexe Zusammenhänge und Beziehungen erarbeitet. Bei-

<sup>1</sup>Beim File Carving wird versucht logisch zusammenhängende Daten allein anhand des Dateiinhalts zu rekonstruieren, ohne die Dateisystemmetadaten zu nutzen. Die Methode wird gerne angewendet, wenn das Dateisystem nicht wiederherstellbar ist oder wenn gelöschte Dateien auf bereits freigegebenen Speicherbereichen gesucht werden.

<sup>2</sup>Es wäre aber durchaus möglich diverse Methoden der Datenaufbereitung zu implementieren. Siehe auch Kapitel 9.

spielsweise werden aus den Rohdaten Kommunikationsverläufe auf Basis von E-Mails oder zeitliche Abläufe basierend auf Zeitstempelanalysen erstellt.[14, S. 33-39]

Hierbei geht es auch darum die Aussagekraft eines potentiellen Beweismittels zu ermitteln. So könnte beispielsweise urheberrechtsverletzendes Material auf einem Datenträger eines PCs gefunden werden. Allerdings kann die Aussagekraft dieses potentiellen Beweismittels sehr gering sein, wenn das System bereits durch Schadsoftware kompromittiert wurde. Einige Analyseschritte können automatisiert werden und sind daher prädestiniert für die hier entwickelte Analyseplattform (siehe auch Kapitel 5).

Bei der Analyse können auch wieder Verbindungen zu neuen potentiellen Beweismitteln gefunden werden, welchen dann wieder über den forensischen Analyseprozess vereinnahmt und aufbereitet werden. Daher ist der Prozess auch iterativ anzusehen. Gerade durch die Nutzung der forensischen Analyseplattform sollen diese Iterationen verkürzt werden, indem durch die parallelisierte Prozessierung Zeit eingespart werden soll.

In der letzten Phase des Analyseprozesses müssen die Ermittlungsergebnisse visuell aufbereitet werden, um sie auch vor Gericht präsentieren zu können. Letztlich muss ein Analysebericht erstellt werden, welcher einerseits die Ergebnisse enthält und andererseits nachvollziehbar beschreibt, wie diese Analyseergebnisse zustande gekommen sind.<sup>3</sup>[14, S. 45-47]. Viele Analysetools, unter anderem auch das hier genutzt Referenztool *Autopsy*, ermöglichen die semi-automatische Erstellung von Analyseberichten. Die hier entwickelte Analyseplattform kann dies derzeit noch nicht. Bei einer Weiterentwicklung der Analyseplattform wäre diese Funktionalität aber durchaus brauchbar.

Ein primärer Aspekt bei dem allgemeinen forensischen Analyseprozess aus Abbildung 4.1 ist letztlich die Dokumentation der Beweismittelkette. Mit ihr steht und fällt die Aussagekraft der Ergebnisse aus einer forensischen Analyse.<sup>4</sup> Daher muss bei der Dokumentation der Beweismittel lückenlos festgehalten werden, was mit letzteren passiert ist. Nachfolgende Liste lieferte hierzu wichtige Kriterien, die festgehalten werden müssen:

- Die Ermittler, welche das Beweismittel sichergestellt und später analysiert haben.
- Die Prozesse, Datenaufbereitungen und Analysen, welche durchgeführt wurden.
- Die Zeitpunkte der Sicherstellung, Aufbereitung und der Analyse.
- Die Umstände, wie das Beweismittel sichergestellt wurde.
- Gründe, wieso das Beweismittel sichergestellt wurde.
- Transportwege und Lagerstätten der Beweismittel.
- Personen die Zugang zu den Beweismittel hatten und allgemeine Informationen, wie die Beweismittel vor unbefugten Zugriff geschützt wurden.

Ein sehr wichtiger Punkt bei der Dokumentation der Beweismittelkette ist Verifikation der Datenintegrität des Beweismittels während des gesamten Analyseprozesses. Dies wird primär durch die Prüfung mittels kryptografischer Hashes erreicht. Letztlich dienen diese

---

<sup>3</sup>Der Bericht sollte so geschrieben sein, dass andere Parteien oder Ermittler die gleichen Ergebnisse reproduzieren können.

<sup>4</sup>In der Vergangenheit gab es immer wieder Fälle, bei welchen eine fehlerhaft dokumentierte Beweismittelkette zu sehr fragwürdigen Aussagen auch bei ursprünglich eindeutigen Beweislagen führte.

zum Schutz vor einer unbeabsichtigten oder beabsichtigten Modifikation des Beweismittels. Das Ändern von Beweismittel oder deren Kopien sollte eigentlich immer vermieden werden. In vielen Fällen ist dies jedoch notwendig, um beispielsweise defekte Datenstrukturen wiederherstellen zu können. Bei solchen bewussten Datenänderungen ist eine entsprechende Dokumentation notwendig.

Bei der Analyse mit der hier entwickelten Analyseplattform muss auch die Beweismittelkette entsprechend dokumentiert werden. Diese Thematik wird im Rahmen dieser Thesis zumindest in der Theorie nochmals diskutiert. Die derzeitige Implementierung der forensischen Analyseplattform behandelt diesen Aspekt derzeit noch nicht. Aber auch hier könnte in einer Weiterentwicklung eine Beweismittelkette erstellt werden, welche die einzelnen Verarbeitungsprozesse, Zeitpunkte und Nutzerzugriffe dokumentiert.

## 4.2 Herkömmliches Analysevorgehen

Um die fachlichen Anforderungen an das Analyse-System herauszuarbeiten, soll das herkömmliche Analysevorgehen mit einem vergleichbaren Open-Source Analysewerkzeug betrachtet werden.

Die Ausgangslage liefern einige Datenträgerabbilder aus diversen Testszenarien. Diese Datenträgerabbilder sind bezogen auf den forensischen Analyseprozess aus Abbildung 4.1 die Grundlage für die dritte Phase - dem Sichten und Aufbereiten der Daten.

Bei gängigen Analysevorgehen werden beispielsweise die Datenträgerkopien mit Betriebssystemprogrammen unter Linux oder mithilfe des Open-Source Analysetools *Autopsy*<sup>5</sup> unter Windows analysiert. Im kommerziellen Bereich existieren etliche weitere Analyse-Tools mit größerem Funktionsumfang. Nachfolgend wird Autopsy als Referenzsystem unter Windows betrachtet, da es eines der bekanntesten Analysewerkzeuge unter den kostenfreien Open-Source Programmen ist.

Die Datenträgerabbilder können in unterschiedlichen Dateiformaten vorliegen. Mithilfe klassischer Opensource-Tools wie beispielsweise *dd*<sup>6</sup> kann damit ein Image im sogenannten *RAW*-Format erstellt werden. Von *dd* existiert auch eine forensische Variante *dcfldd* welche beim Kopieren auch noch Hashsummen zur Verifikation berechnet.[7] Andere Tools, wie beispielsweise *FTK-Imager* können auch Datenträgerabbilder in speziellen Containerformaten erstellen und lesen. Beispielsweise gibt es das *EnCase Physical*-Format mit der Dateiendung *.e01*, oder das *Advanced Forensic Format* mit der Endung *.aff*.<sup>7</sup> Diese Formate unterstützen eine bessere Extraktion von Metadaten oder bieten eine zusätzliche Datenkompression oder Verschlüsselung der darin gespeicherten Dateien an.[14, S. 35]

Es wird auch unterschieden, ob es sich um ein vollständiges Datenträgerabbild handelt oder um ein logisches Dateiarchiv. Bei dem vollständigen Datenträgerabbilder werden auch nicht allokierte Speicherbereiche innerhalb des Dateisystems, der Partition oder des Datenträgers gesichert. Hier können sich potentiell versteckte und gelöschte Dateifragmente befinden. Auf diesen Datenträgerabbilder kann auch das bereits beschriebene File Carving

---

<sup>5</sup>Siehe <https://www.sleuthkit.org/autopsy/>. Hierbei wird die Version 4.7.0 in der 64-bit Variante unter Windows 10 Pro genutzt.

<sup>6</sup>*dd* ist ein bekanntes Werkzeug zum Kopieren von Daten, welches unter den meisten Unix-basierten Betriebssystemen läuft. Damit können auch ganze Partitionen in einzelne logische Dateien kopiert werden.

<sup>7</sup>Siehe <https://support.accessdata.com/hc/en-us/articles/222778608-What-Image-Formats-Do-AccessData-Products-Support->, Stand: 4.4.2018.

ausgeführt werden, um gelöschte Dateien wiederherzustellen.

Ein logisches Dateiarchiv hingegen enthält wirklich nur die Dateien auf einer logischen Ebene und keine unallokierten Speicherbereiche. Von Vorteil hierbei ist eine geringere Speichergröße. Allerdings tritt durch die logische Sicherung ein potentieller Informationsverlust auf, da unallokierte Speicherbereiche nicht berücksichtigt werden, die aber dennoch potentiell auswertbare Informationen liefern könnten. Vertreter logischer Dateiarchive sind die allseits bekannten Archiv-Formate wie beispielsweise ZIP oder TAR.

Letztlich werden die Beweismittel in unterschiedlichsten Formaten auf dem lokalen Analyse-Rechner gespeichert. Darauf aufbauend können die Daten in spezifische Formate konvertiert werden. Dies hängt aber meistens davon ab, wie sie weiter verarbeitet werden sollen und welche Werkzeuge zu dieser Verarbeitung genutzt werden.

Im konkreten Testszenario ist das Datenträger-Abbild eines Linux-Rechners im RAW-Format auf dem lokalen Analyse-Rechner gespeichert. Das Abbild selbst kann ein oder mehrere Partitionen enthalten. Innerhalb der Partition werden Daten mithilfe unterschiedlicher Dateisysteme strukturiert gespeichert. Diese Dateisysteme können unter Windows mit dem Werkzeug *X-Mount* oder unter Linux direkt mit dem Befehl *mount* schreibgeschützt gemountet werden. Darauf wird das Dateisystem vom Betriebssystem interpretiert und als logisches Volume auf dem Analyse-Rechner bereitgestellt. Nun können die Dateien mit beliebigen Werkzeugen analysiert werden.

In der Praxis hat das einfache schreibgeschützte Mounten den Vorteil, dass der Analyst relativ schnell im Dateisystem beliebige Dateien finden und dessen Inhalt mit diversen Tools anzeigen kann. Gerade für eine schnelle Vorprüfung ist dies sinnvoll. Im nachfolgenden Kapitel sollen nun Möglichkeiten zur Speicherung und Aufbereitung des Datenträgerabbildes mithilfe der forensischen Analyse-Plattform untersucht werden.

Nachfolgend wird nun gezeigt wie ein Datenträgerabbild in einem konkreten Beispiel mit Autopsy (Version 4.7.0 64-bit) unter Windows 10 geöffnet und analysiert wird.

Zu Beginn wird bei Autopsy ein neuer Fall erstellt. Hierbei kann ein Name für den Fall angegeben werden und ein Verzeichnis, worin Autopsy die Anwendungsdaten der Analyse speichert. Danach können noch einige optionale Informationen, wie beispielsweise der Bearbeiter, Adressdaten, die Organisation und eine kurze Beschreibung angegeben werden (siehe Abbildung 4.2). Bei der Erstellung des Falles wird unter anderem eine neue Falldatenbank angelegt. Diese Datenbanken werden alle lokal auf dem Analyserechner gespeichert.

Im nächsten Schritt kann nun eine neue Datenquelle dem Fall hinzugefügt werden. Es werden folgende Typen von Datenquellen unterstützt:

- Ein Datenträgerabbild im *RAW-Format*-Format, Encase-Format oder ein Abbild einer virtuellen Maschine (z.B. von Virtual Box).
- Ein lokales Laufwerk (z.B. eine externe Festplatte).
- Logische Dateien aus einem verfügbaren Dateisystem (z.B. ein beliebiger Ordner).
- Ein Abbild eines beliebigen Speicherbereiches in einer Datei.

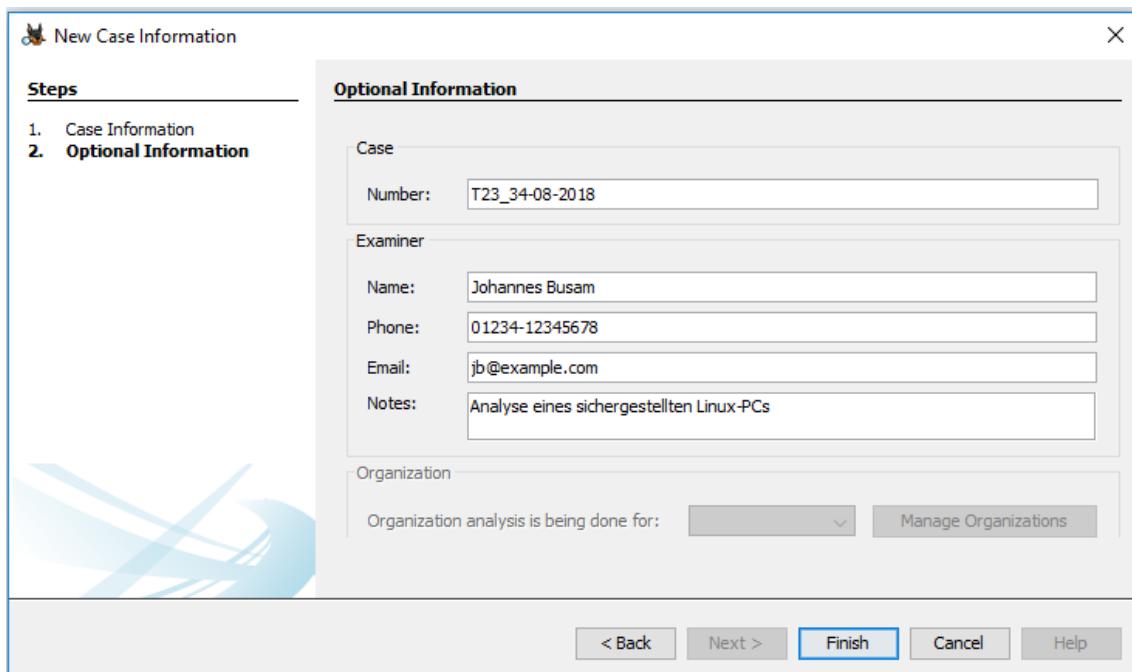


Abbildung 4.2: Erstellung eines neuen Falles mit Autopsy

Im konkreten Fall wird ein Datenträgerabbild als Datenquelle hinzugefügt. Dabei muss auch noch eine Zeitzone angegeben werden. Diese Zeitzone kann entscheidend für die Analyse der Zeitstempel auf einem Datenträger sein. In einem *ext*-Dateisystem bei gängigen Linux-PCs werden die Zeitstempel als Anzahl der Sekunden seit dem 1. Januar 1970 in der Zeitzone UTC gerechnet.[1, S. 326]<sup>8</sup> Bei den älteren *FAT*-Dateisystemen hingegen wird die Zeit ohne Zeitzone gespeichert.[1, S. 192-194] Je nachdem in welcher Zeitzone das Betriebssystem konfiguriert wurde, welches die Dateien in dem *FAT*-Dateisystem änderte, ergeben sich zeitliche Unterschiede. Daher muss bei Zeitstempeln auch später bei der Anzeige der Analyseergebnisse immer auch auf die Zeitzone geachtet werden.<sup>9</sup>

Im nächsten Schritt können diverse Module zur Datenaufbereitung aktiviert werden. Diese Module dienen zur automatischen Datenaufbereitung und werden ausführlich in Kapitel 5.1 beschrieben. In dem Kapitel erfolgt dann auch der Vergleich zur der automatisierten Auswertung mit der hier entwickelten Analyseplattform.

Nachdem die entsprechende Module ausgewählt wurden, beginnt Autopsy die Datenquelle zu analysieren. Dies läuft vollständig im Hintergrund ab und der Nutzer kann parallel hierzu die Datenquelle manuell analysieren.

Das Importieren einer Datenquelle bei Autopsy besteht letztlich aus dem Erstellen eines Falls und der Angabe einiger Konfigurationsmöglichkeiten. Die eigentliche Datenquelle wird hierbei nicht in einen internen Anwendungsordner kopiert sondern wird während der

<sup>8</sup>Diese Zeitdefinition entspricht der sogenannten Unixzeit.

<sup>9</sup>Ein weiteres interessantes Problem ergibt sich auch bei der Sicherung der Beweismittel an einem Tatort. Auch dort ist nie garantiert, dass alle gesicherten Beweismittel überhaupt zeitlich synchronisiert sind. Gerade in Kombination mit Netzwerkverbindungsdaten können bei einer fehlenden Zeitsynchronisation kritische Abläufe zeitlich versetzt sein. Daher muss gerade die Aussagekraft von Zeitstempel immer kritisch betrachtet werden.

Analyse auf dem Rechner bereitgestellt (entweder als Datenträgerabbild oder direkt als externer Datenträger). In den Anwendungsordner selbst werden Metainformationen, wie beispielsweise die Indexierung bestimmter Daten, abgespeichert um während der Analyse schneller darauf zugreifen zu können. Prinzipiell ist dieses Vorgehen sehr gut, da der Ermittler direkt mit der Arbeit beginnen kann und keine Daten mehr kopieren muss.<sup>10</sup>

### 4.3 Umsetzung in der Hadoop Analyse-Plattform

Im vorangegangen Kapitel wurde bereits beschrieben, wie bei Autopsy Datenträgerabbilder als sogenannte Datenquellen in die Analysesoftware importiert werden. Wie erwähnt wird das Datenträgerabbild oder der extern angeschlossene Datenträger nicht in einen internen Anwendungsordner kopiert. Autopsy arbeitet direkt auf den Daten um ein unnötiges Kopieren von Daten und dessen Ressourcenaufwand zu vermeiden.

Im Vergleich hierzu arbeitet die hier entwickelte forensische Analyseplattform auf einem eigenen Computer-Cluster basierend auf mehreren Knoten und nicht nur auf einem einzelnen Analyserechner. Daher müssen die forensisch relevanten Daten zuerst über das Netzwerk in die Analyseplattform importiert werden.

Da die Analyseplattform auf dem Hadoop-Framework aufbaut, bildet der Kern der Datenspeicherung das Hadoop Distributed File System (HDFS)<sup>11</sup>. Hierbei geht es nicht nur darum, wie die Daten im Hadoop-Framework verwaltet werden, sondern vielmehr um die Art und Weise, wie Daten forensisch korrekt gespeichert werden können.

Zur Speicherung der Daten des Datenträgerabbildes im Hadoop-Framework gibt es mehrere Möglichkeiten, deren Vor- und Nachteile nachfolgend dargestellt werden sollen.

### 4.4 Variante 1 - Datenträgerabbild im HDFS speichern

Die naheliegende Variante zur Speicherung der Beweismittel, wäre die Datenträgerabbilder direkt im HDFS abzuspeichern. Allein die Größe der Abbilder wäre nicht problematisch. Um eine entsprechende Aufteilung kümmert sich das HDFS. Allerdings hat die Lösung den entscheidenden Nachteil, bei der Weiterverarbeitung der Daten.

Auf Betriebssystemebene können solche Datenträger mit mehreren Partitionen und unterschiedlichen Dateisystemen interpretiert und eingebunden werden. Dabei liegen die Dateien als fragmentierte Blöcke in einer spezifischen Datenstruktur vor, welche das Dateisystem des Abbildes beschreiben. Je nachdem, ob ein Datenträgerabbild direkt von einer Partition eines Datenträgers oder vom ganzen Datenträger erstellt wurde, sind in dem Abbild unter Umständen auch mehrere Partitionen samt Partitionstabelle enthalten. Von diesen Partition kann wiederum jede einzelne Partition ein eigenes Dateisystem, wie beispiels FAT, ext4, oder NTFS enthalten. Dieses Dateisystem enthält dann die eigentlichen Dateien, welche logisch zusammengesetzt werden müssen.

Viele Betriebssysteme bieten hier bereits eine weitreichende Unterstützung zum Lesen und Schreiben dieser Dateisysteme. Hierzu können die Dateisysteme einzelner Partitionen des Datenträgerabildes *gemountet* werden.

---

<sup>10</sup>Das Erstellen eines Datenträgerabbildes aus dem originalen Asservat wurde hierbei schon vorher durchgeführt.

<sup>11</sup>Sieh auch Kapitel 3.2.

Aber innerhalb des Hadoop-Frameworks findet sich keine Unterstützung zum Lesen von beliebigen Dateisystemen. Denn normalerweise nutzen JAVA-Applikationen eine definierte Schnittstelle auf Basis von Dateien, die wiederum vom Betriebssystem bereitgestellt werden. Um die logischen Dateien aus dem Datenträgerabbild extrahieren zu können, müsste für jedes einzelne Dateisystem eine eigene Implementierung in Java geschrieben werden. Und diese Implementierung müsste dann auch noch für das HDFS-Dateisystem optimiert sein.

Darüber hinaus wäre das Extrahieren der Dateien aus einem Dateisystem auf einem Datenträgerabbild auch nicht wirklich performant. Angenommen das Auslesen würde mit Apache Spark durchgeführt werden. Aufgrund der eingangs beschriebenen Datenlokalität (siehe Kapitel 3) wären auf jedem Knoten einzelne Blöcke von beispielsweise 128 MB Größe vorhanden. Um dann im ext4-Dateisystem eine Datei lesen zu können, sollten zumindest die Dateisystemmetadaten verfügbar sein. Darüber hinaus kann der Dateiinhalt einer einzelnen Datei verstreut innerhalb des Dateisystems liegen. Je nach Grad der Fragmentierung des Dateisystems, müsste dann auf einem Data-Node innerhalb des Clusters schlimmstenfalls dutzende weitere Blöcke anderer Knoten nachgeladen werden, um den Inhalt einer einzelnen Datei zu verarbeiten. Dies würde das Prinzip der Datenlokalität aushebeln. Abbildung 4.3 skizziert diese verstreute Aufteilung einer Datei im physikalischen Hadoop-Cluster.

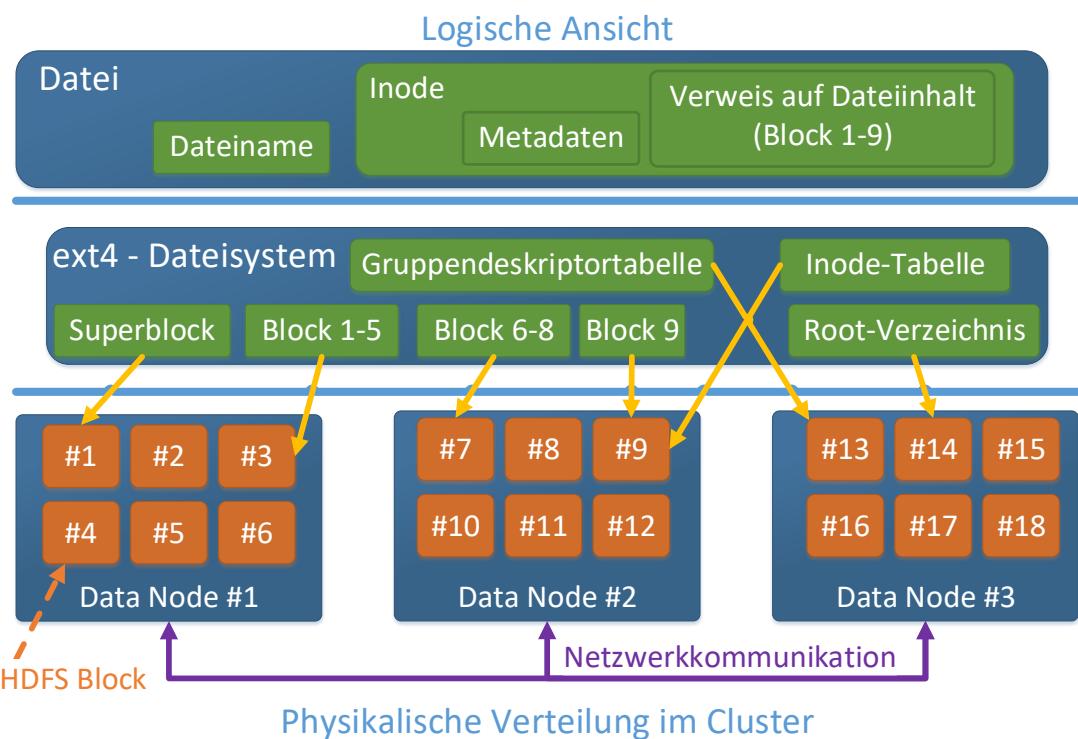


Abbildung 4.3: Aufteilung der Daten des Datenträgerabbildes im Hadoop-Cluster

Das Abbild zeigt eine Datei, welche aus logischer Sicht einen Dateinamen, Metadaten (beispielsweise Zugriffsrechte) und einen Inhalt besitzt. Der Inhalt ist in 9 Blöcken zu jeweils

2048 Byte aufgeteilt.<sup>12</sup> Um nun den Inhalt aus dem ext4-Dateisystem einer Datei auszulesen. Wird zuerst der Superblock benötigt. Dieser enthält allgemeine Informationen zum Dateisystem. Darauf wird die Gruppendedeskriptortabelle benötigt, um auf einzelne Blockgruppen zuzugreifen.<sup>13</sup> Über eine Blockgruppe kann wiederum auf die Inode-Tabelle zugegriffen werden. Diese speichert die Metadaten einzelner Dateien als sogenannte *Inodes* ab. Ein Inode-Eintrag hält wiederum Verweise auf die Blöcke, welche den Dateinhalt beschreiben. Der Dateiname ist wiederum in dem logisch übergeordneten Verzeichnis gespeichert. Das oberste Verzeichnis, ist das Wurzelverzeichnis. Dieses enthält die Namen der Kind-Dateien und entsprechende Verweise zum Inode.

Beim Auslesen einer Datei müssen nun etliche Speicherstellen innerhalb des Dateisystems gelesen und interpretiert werden. Angenommen, dass ein konkretes ext4-Dateisystem in einer 100 GB großen Partition gespeichert wird, so wird diese große Datei im HDFS-Dateisystem in 800 große Blöcke zu je 128 MB aufgeteilt und auf den einzelnen Knoten des Clusters gespeichert. Hierbei kann aber kein Einfluss darauf genommen werden, wo welche Blöcke mit welchem Inhalt gespeichert werden. Letztlich bedeutet dies wiederum, wenn in einem Apache Spark Executor zu Verarbeitung der Daten eine Datei des Knotens gelesen werden soll, müssen schlimmstenfalls etliche Datenblöcke von anderen Knoten angefordert werden. Dieses Problem wird in Abbildung 4.3 ersichtlich. Dort werden die benötigten Daten zum Auslesen der einen logischen Datei auf drei unterschiedlichen Data Nodes gespeichert. Und dadurch wird auf Netzwerkebene unnötig viel Last erzeugt. Letztlich gilt für das Prinzip der Datenlokalität, dass die einzelnen Blöcke im HDFS möglichst unabhängig von einander verarbeitet werden können. Diese Problematik trifft übrigens nicht nur bei der Ext-Dateisystemfamilie auf sondern auch bei anderen Dateisystemen.

Aus den oben genannten Gründen ist die Speicherung von Datenträgerabbilder als eine einzige logische Datei im HDFS nicht geeignet für die Analyse im Hadoop-Cluster.

## 4.5 Variante 2 - Logische Dateien im HDFS speichern

In dieser Variante wird das Beweismittel auf dem lokalen Analyserechner gemountet. Darauf aufbauend werden alle Dateien auf logischer Ebene direkt in das HDFS importiert. Damit ist die gesamte Dateisystemstruktur aus dem Datenträgerabbild im HDFS abgelegt. Einzelne Dateien aus dem Datenträgerabbild sind nun auch als einzelne Dateien im HDFS gespeichert und können unabhängig voneinander prozessiert werden. Darüber hinaus ist die Datenstruktur im HDFS unabhängig von dem Dateisystem des importierten Datenträgerabbildes.

Damit sind die Nachteile der vorangegangen ersten Variante aus Kapitel 4.4 behoben. Allerdings ist das bereits erwähnte File Carving, beziehungsweise das Auffinden von gelöschten Dateien nun nicht mehr im Hadoop-Framework möglich. Denn bei dieser Variante werden ja nur die Dateien aus dem Dateisystem in das Hadoop-Framework importiert und nicht allokierte Speicherbereiche werden nicht weiter untersucht. Theoretisch wäre es aber auch möglich zusätzlich das vollständige Datenträgerabbild in das HDFS zu importieren, um dann später freie Speicherbereiche analysieren zu können. Im Rahmen dieser Thesis wird diese Einschränkung jedoch vorerst akzeptiert. Eine File Carving ist daher mit der hier

---

<sup>12</sup>Die Blockgröße wird hierbei vom Ext4-Dateisystem bestimmt und ist die kleinste allozierbare Einheit im Dateisystem. In der physikalischen Aufteilung im HDFS Dateisystem gibt es auch Blöcke, welche aber beispielsweise eine Größe von 128 MB aufweisen (orange in Abbildung 4.3).

<sup>13</sup>Das Dateisystem selbst in mehrere autarke Bereiche unterteilt, welche für sich genommen eigenständig Daten einer Teilmenge aller Dateien vorhalten. Dies sind die sogenannten Blockgruppen.

entwickelten forensischen Analyseplattform noch nicht möglich. Andererseits können nun in Analogie zur Referenzsoftware Autopsy auch beliebige Verzeichnisse als Datenquelle in die Analyseplattform geladen werden.<sup>14</sup>

Interessant an dieser Variante ist das Verhalten des HDFS-Dateisystems bezüglich der Metadaten und der unterschiedlichen Größen von Dateien. Zur Analyse der Dateien auf dem Datenträger werden auch die Metadaten zu den Dateien benötigt. Beim Importieren muss darauf geachtet werden, dass alle Metadaten des lokalen Dateisystems im Datenträgerabbild unverändert in das HDFS kopiert werden. Im HDFS werden auch Metadaten zu den einzelnen Dateien gespeichert. Möglicherweise könnten diese Dateiattribute wiederverwendet werden, um die Metadaten aus dem originalen Dateisystem zu speichern. Welche Metadaten bereits im HDFS mit angelegt werden, zeigt Abbildung 4.4 anhand eines Ausschnitts aus der Web-Repräsentation eines HDFS.

## Browse Directory

<input type="checkbox"/>	Permission	Owner	Group	Size	Last Modified	Replication	Block Size	Name
<input type="checkbox"/>	drwxr-xr-x	johannes	supergroup	0 B	Apr 04 06:38	0	0 B	<a href="#">DiagrammeUndRessourcen</a>
<input type="checkbox"/>	-rw-r--r--	johannes	supergroup	12.9 MB	Apr 04 06:38	1	128 MB	<a href="#">M105 Studienbriefe.pdf</a>
<input type="checkbox"/>	-rw-r--r--	johannes	supergroup	2.06 MB	Apr 04 06:38	1	128 MB	<a href="#">M107-windows10-05-31.pdf</a>

Abbildung 4.4: HDFS - Dateieigenschaften

Daraus ist ersichtlich, dass jede Datei entsprechende Dateirechte hat und einem Nutzer und einer Gruppe zugeordnet ist. Zusätzlich wird die Größe und der Zeitstempel der letzten Änderung gespeichert.<sup>15</sup> Die Anzahl der Replikationen und die Blockgröße sind spezifisch für das HDFS. Jede Datei kann auf einer unterschiedlichen Anzahl von Knoten repliziert sein. Die Standardkonfiguration definiert 3 Replikationen im realen Cluster, wobei Verzeichnisse nur logisch auf dem Name Node abgelegt werden und damit auf keinem DataNode explizit repliziert werden. Auch die Blockgröße ist in der Standardkonfiguration auf 128 MB festgelegt. Wie im Grundlagenkapitel 3.2 erwähnt, werden die Dateien in mehreren Blöcken zu maximal 128 MB gespeichert und auch repliziert.<sup>16</sup>

Bezogen auf klassische Dateisysteme entspricht ein Block im HDFS einem Block im Ext4-Dateisystem oder einem Cluster im NTFS-Dateisystem. Es ist letztlich die kleinste allozierbare Dateneinheit im Dateisystem.[1, S.129-140] Dies bedeutet allerdings nicht, dass für jede Datei im HDFS auf den jeweiligen Data Nodes immer mindestens 128 MB Speicher belegt werden. Denn die reale Speicherbelegung auf dem Data Node beschränkt sich auch auf die reale Größe der Datei im lokalen Dateisystem des Data Nodes.[12, S. 16-17]

<sup>14</sup>Siehe Kapitel 4.2.

<sup>15</sup>Bei Dateiverzeichnissen ist die Größe 0 Byte.

<sup>16</sup>Diese Blockgröße kann aber konfiguriert werden.

Mit dem Befehl aus Listing 4.1 können Dateien von einem lokalen Verzeichnis in das HDFS importiert werden.

```
1 # hdfs dfs -put [source] [destination]
2 hdfs dfs -put test.pdf /test.pdf
```

Listing 4.1: Befehl zum Speichern einer Datei im HDFS

Hierbei werden die ursprünglichen Metadaten der Datei nicht übernommen. So beschreibt der oben erwähnte Modifikationszeitstempel den Zeitpunkt, zu dem die Datei im HDFS das letzte Mal geändert wurde. Dies entspricht initial dem Import-Zeitpunkt. Auch werden Nutzer und Gruppenrechte nicht übernommen. Prinzipiell wäre es aber möglich die Metadaten aus dem lokalen Dateisystem mit in das HDFS zu übernehmen.<sup>17</sup> Ratsam ist dies jedoch nicht, da der Nutzer, die Gruppe und die dazugehörigen Zugriffsrechte in einem produktiven HDFS-Cluster verwendet werden, um Zugriffsbeschränkungen einzelner Nutzer und Anwendungen auf Dateien im HDFS einzusetzen. Die Metadaten des originalen Dateisystems sollten daher mit einer anderen Methode im HDFS gespeichert werden.

Eine bessere Möglichkeit bietet das HDFS mithilfe von erweiterten Dateiattributen. Diese können beliebige Informationen zu einer Datei speichern. Mit nachfolgenden Befehlen kann beispielsweise der Zeitstempel der Erstellung einer Datei aus dem ursprünglichen Dateisystem im HDFS als erweitertes Attribut gespeichert und ausgelesen werden. Hierbei kann der Name des Attributs (*user.ntfs.creationtime*) und dessen Inhalt (*2018-04-07T11:14:42,798583789+02:00*) frei gewählt werden.

```
1 # Create custom file attribute
2 hdfs dfs -setfattr -n user.ntfs.creationtime -v "2018-04-07T11
   :14:42,798583789+02:00" /test.pdf
3
4 # Read custom file attribute
5 hdfs dfs -getfattr -d -n user.ntfs.creationtime /test.pdf
```

Listing 4.2: Befehl zum Hinzufügen und Auslesen von Metadaten

Mit dem obigen Befehl ist es also prinzipiell möglich, alle Metadaten des ursprünglichen Dateisystems als erweiterte Dateiattribute im HDFS zu speichern. Allerdings müssen diese Metadaten zur Weiterverarbeitung zuerst für jede Datei im HDFS eingetragen werden. Zusätzlich müssen beim Verarbeiten der Daten mit Apache Spark die Metadaten auslesbar sein. Dieses Auslesen ist umständlich aber möglich.<sup>18</sup>

Es gibt jedoch zwei entscheidende Nachteile bei dieser Variante die beide den gleichen Ursprung haben. Der erste Nachteil ist, dass jede einzelne Datei aus dem ursprünglichen Dateisystem als getrennte eigenständige Datei in das HDFS hochgeladen werden muss. In einem einzigen Dateisystem können Millionen kleine Dateien gespeichert sein, die alle auch in das HDFS importiert werden müssen. Allerdings ist das HDFS primär für größere Dateien (in der Größenordnung einer Blockgröße von 128 MB) ausgelegt und kann viele kleine Dateien nicht wirklich effizient speichern und bereitstellen. Dies ist dem Umstand

<sup>17</sup>Hierzu kann dem *put*-Befehl aus Listing 4.1 der Parameter *-p* mit übergeben werden.

<sup>18</sup>Siehe Metadaten-Extraktion im Projekt *foam-processing-spark* unter <https://github.com/jobusam/foam-processing-spark>.

geschuldet, dass alle Metadaten auf dem Name Node gespeichert werden und nur der Dateiinhalt im Cluster aufgeteilt wird.[12, S. 16] Wenn nun viele kleine Dateien gespeichert werden, dann steigt der Speicherverbrauch im NameNode an und beeinträchtigt die Performance des Systems. Der zweite Nachteil verstärkt dieses Problem. Denn wenn nun auch noch die Metadaten aus dem ursprünglichen Dateisystem als erweiterte Metadatenattribute im HDFS gespeichert werden, dann benötigt der Name Node noch mehr Ressourcen. Darüber hinaus wäre beispielsweise die Verarbeitung der Metadaten mit Apache Spark nur bedingt parallelisierbar, da diese Daten immer zuerst an den einen Name Node angefordert und über das Netzwerk zu den einzelnen Spark Executoren gesendet werden müssten. Erst dann könnten letztere Executoren die Daten parallel verarbeiten. Abbildung 4.5 skizziert nochmals den Datenfluss bei dieser Lösung.

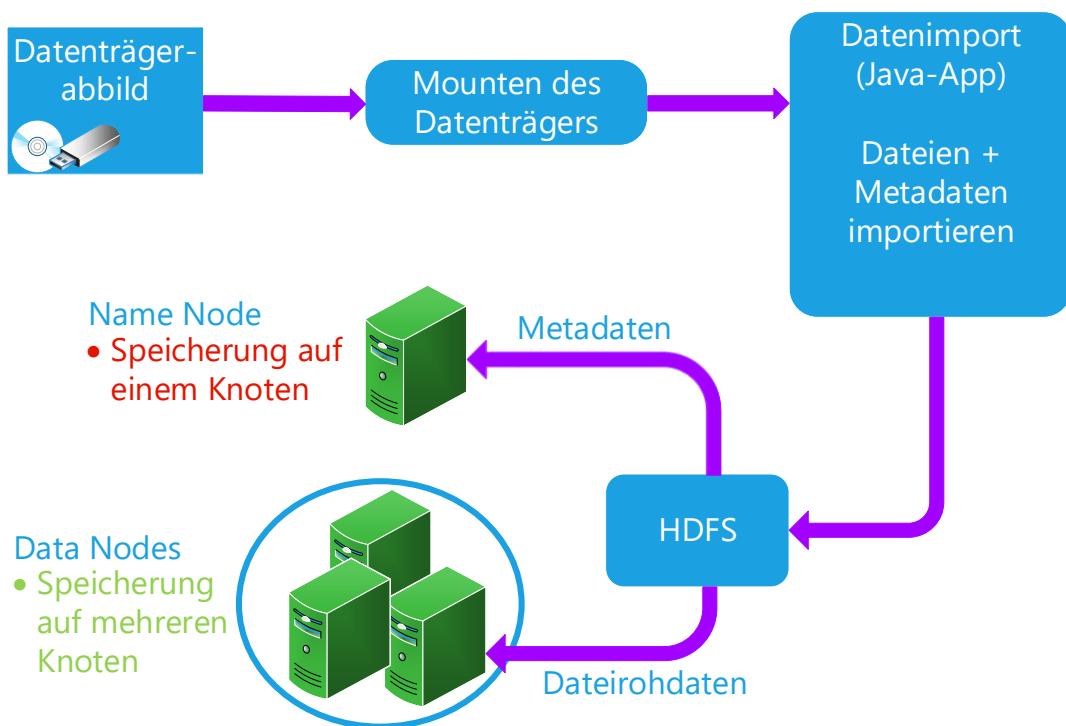


Abbildung 4.5: Datenspeicherung mit erweiterten Dateiattributen im HDFS

Das Fazit der Variante 2 lautet daher, dass die Dateimetadaten des originalen Datenträgerabbildes höchstens als erweiterte Attribute im HDFS abgelegt werden könnten. Beim Importieren müssten diese Metadaten bei jeder einzelnen Datei explizit nachgetragen werden. Nicht zuletzt werden alle Datei-Metadaten physikalisch im Name Node gespeichert. Dadurch benötigt der Name Node mehr Speicher und könnte zu einem Flaschenhals im System werden. Zudem wäre die parallelisierte Datenverarbeitung eingeschränkt, da die Metadaten immer zuerst von dem Name Node angefordert werden müssen. Aus diesen Gründen ist die Variante 2 nicht akzeptabel.

## 4.6 Variante 3 - Speicherung in Dateicontainer

Die vorangegangene Variante überzeugt nicht, da die Speicherung vieler kleiner Dateien nicht effizient im HDFS durchgeführt werden kann. Da alle Metadaten einer Datei im Name Node abgelegt werden, bildet der Name Node bei vielen kleinen Dateien ein Flaschenhals. Zur Lösung dieser Problematik existieren im Hadoop-Umfeld diverse Dateicontainer. Diese Dateicontainer können mehrere Dateien in einem strukturierten Format speichern. In Analogie zu bekannten Dateicontainern, wie beispielsweise *ZIP*-Archiven oder *TAR*-Archiven existieren im Hadoop-Umfeld *Sequence Files*, *RC/ORC Files*, *Avro-Files* oder *Parquet-Files*.<sup>[11, S. 296]</sup>

Das Hauptziel dieser Dateiformate ist viele kleine Daten auch auch Dateien in größere Dateien zu speichern, um eine bessere Parallelisierung und eine effiziente Speicherung in Hadoop zu ermöglichen. Oftmals unterstützen diese Formate auch eine Datenkompression, um gegebenenfalls Speicherplatz sparen zu können. Viel wichtiger ist jedoch die Teilbarkeit dieser Dateiformate. Wie bereits beschrieben, werden Dateien im HDFS in größere Blöcke geteilt und im HDFS auf unterschiedlichen Knoten gespeichert. Innerhalb eines Blocks muss es also möglich sein, einzelne Einträge beziehungsweise Datensätze lesen zu können. Die oben erwähnten Hadoop Dateiformate unterstützen eben diese Teilbarkeit.<sup>19</sup>

Nachfolgend soll das *Sequence File*-Format in Abbildung 4.6 näher betrachtet werden.<sup>20</sup> Das Sequence File Format besteht aus einem Header und mehreren Einträgen. Diese Einträge wiederum sind eigenständige Schlüsselwertpaare, welche die eigentlichen Daten beinhalten. Ein Schlüsselwertpaar, in Abbildung 4.6 auch *Record* genannt, enthält einen eindeutigen Schlüssel (*Key*) und einen Inhalt (*Value*). Zusätzlich wird am Anfang die Gesamtlänge des Schlüsselwertpaars und die Länge des Schlüssels in Bytes angegeben. Damit ist es möglich den Schlüssel sowie den Inhalt innerhalb des Sequence Files zu bestimmen. Allerdings ist dadurch noch nicht klar, wie der Schlüssel oder Inhalt zu interpretieren ist. Daher sind im Header des Sequence File Formats jeweils die Namen der Java-Klassen in den Feldern *Key Class* und *Value Class* gespeichert, die den Datentyp definieren. Im Header befinden sich auch Informationen, ob und in welcher Form eine Datenkompression auf die Daten angewendet wurde.

Zuletzt werden in unregelmäßigen Abständen sogenannte Sync-Felder abgespeichert. Diese dienen zur Unterstützung der eingangs erwähnten Teilbarkeit des Dateiformats. Eine Anwendung kann sich mithilfe der Sync-Felder von einer beliebigen Stellen aus innerhalb der Datei auf den Anfang eines Schlüsselwertpaars synchronisieren. Damit können auch Schlüsselwertpaare aus einem beliebigen HDFS-Block interpretiert werden.<sup>21</sup>

Prinzipiell können damit sehr kleine Dateien (z.B. kleiner 10 MB) in mehrere Sequence Files strukturiert im HDFS gespeichert werden. Diese Variante enthält aber noch einige Hindernisse. Zuerst stellt sich hier die Frage, wie diese Sequence Files erstellt werden sollen. Hierbei müsste die Anwendung zum Datenimport auf dem Analyse-Rechner die Sequence Files zuerst lokal auf dem Rechner erstellen und danach in das HDFS hochladen. Gege-

<sup>19</sup> Im Gegensatz hierzu sind beispielsweise die meisten Dateisysteme in einer Partition eben nicht teilbar. Denn wenn ein Block in der Mitte des Dateisystems ausgelesen werden soll, so können die Daten nicht ohne die Dateisystemmetadaten interpretiert werden. Daher ist auch die erste Variante aus Kapitel 4.4 eben nicht im HDFS anwendbar.

<sup>20</sup> Siehe auch [10, S. 134] und <https://hadoop.apache.org/docs/r2.7.5/api/org/apache/hadoop/io/SequenceFile.html>, Stand 18.8.2018.

<sup>21</sup> Voraussetzung hierbei ist allerdings, dass die Anwendung vorher schon die Datentypen der Schlüsselwertpaare kennt.

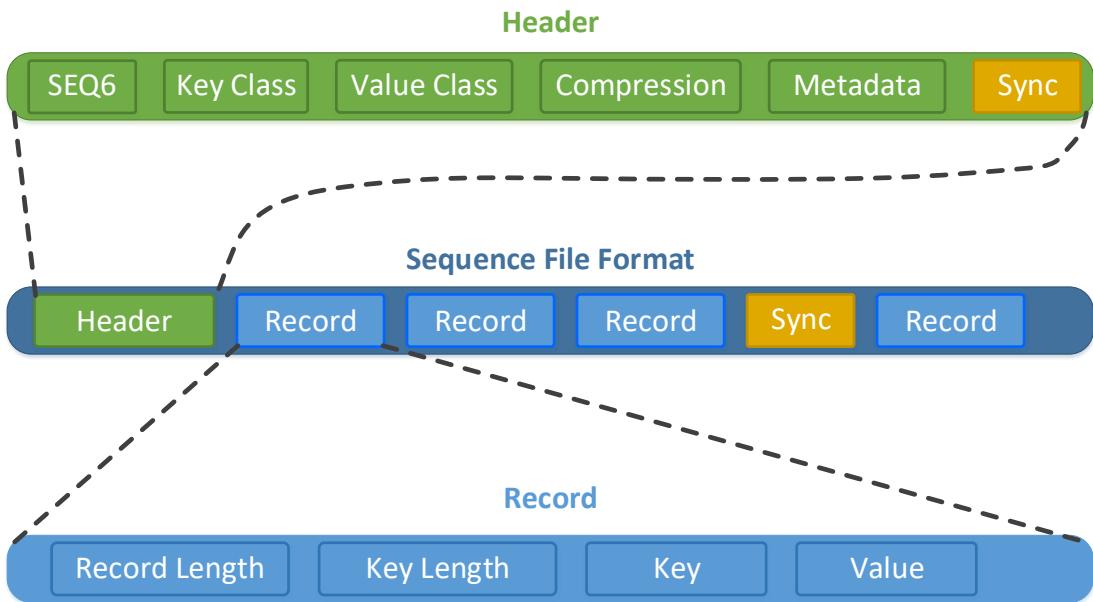


Abbildung 4.6: Sequence File Format (Vgl. [10, S. 134])

benenfalls müssten diese Sequence Files sogar noch auf dem lokalen Rechner persistent zwischengespeichert werden. Die Datenimport-Anwendung würde entsprechend mehr Ressourcen benötigen.

Ein interessanteres Problem ist aber die Datenverarbeitung im HDFS. Angenommen es existieren nun Sequence Files mit den Dateiinhalten und den Metadaten in den Dateien. Mit Apache Spark können diese Sequence Files gelesen werden und beispielsweise die Hashtsummen und die Medientypen ermittelt werden.<sup>22</sup> Allerdings müssten beim Schreiben die Daten in neue Sequence Files geschrieben werden. Denn im HDFS ist es nicht möglich existierende Dateien wahlfrei zu modifizieren.[11, S. 42] Es können maximal neue Daten an das Dateiende einer Datei geschrieben werden. Damit müssten bei der Datenverarbeitung nochmals alle Daten neu geschrieben werden. Dies führt zu unnötigem Ressourcenverbrauch. Andererseits könnten die Rohdaten und die Metadaten in getrennte Sequence Files gespeichert werden. Damit müssten dann nur Sequence Files mit den Metadaten neu geschrieben werden. Es wäre auch denkbar alle neu gewonnenen Metadaten in eigenständige neue Sequence Files zu schreiben.

Allerdings könnte dies wiederum zu einer Art von Fragmentierung von logisch zusammenhängenden Daten führen. Denn nun sind die Metadaten und Rohdaten in mehrere Sequence Files aufgeteilt. Schlimmstenfalls könnten dadurch die Metadaten und Rohdaten, welche eine logische Datei repräsentieren, auf unterschiedlichen Knoten im Hadoop-Cluster liegen. Dies würde das Prinzip der Datenlokalität in gewissem Maße beeinträchtigen. Dies hängt aber auch stark davon ab, wie die Daten für die Verarbeitung angefordert werden. Ist es notwendig die Metadaten und die Rohdaten einer logischen Datei gemeinsam zu verarbei-

---

<sup>22</sup>Siehe auch Kapitel 5.

ten, oder können diese auch unabhängig voneinander auf getrennten Knoten prozessiert werden?

Zusammengefasst ist diese Variante technisch möglich. Allerdings besteht eben diese Problematik beim Speichern von neu gewonnenen Informationen. Letztlich ist es durchaus sinnvoll wenn die Rohdaten, die originalen Metadaten aus dem ursprünglichen Dateisystem und die neu gewonnenen Metadaten bei der Datenanalyse für eine logische Datei auch physikalisch zusammen gespeichert werden.<sup>23</sup>

Ein anderer Aspekt ist auch die Komplexität der Anwendung. Bei der praktischen Implementierung dieser Variante müsste immer betrachtet werden, wo nun welche Informationen liegen und wie letztlich alle Informationen zu einer Datei aus den Sequence Files zusammengesetzt werden müssen. Meiner Ansicht nach wäre die Implementierung hierbei schon entsprechend komplex. Darüber hinaus sollen ja nur kleine Dateien in Sequence Files abgelegt werden. Große Dateien hingegen könnten ja direkt im HDFS gespeichert werden. Dies würde die Anwendungskomplexität weiter erhöhen. Daher überzeugt auch diese Variante nicht zur Datenspeicherung.<sup>24</sup>

## 4.7 Variante 4 - Speicherung mit HBASE und HDFS

Die vorherige Variante beschreibt einen möglichen Ansatz zu Speicherung von kleinen Dateien. Allerdings wurde die Speicherung der Metadaten noch nicht optimal gelöst. Zumal beachtet werden sollte, dass während der Datenverarbeitung weitere Metadaten aus den Rohdaten ermittelt und gespeichert werden.<sup>25</sup>

Da es sich bei den Metadaten um strukturierte Daten handelt, wäre die Speicherung in einer Datenbank naheliegend. Im Hadoop-Umfeld kann hierzu die spaltenorientierte *NoSQL*-Datenbank *Apache HBASE* verwendet werden.<sup>26</sup>

Auch die Speicherung von kleinen Dateien könnte von HBASE übernommen werden. Große Dateien hingegen könnten direkt im HDFS gespeichert werden.

### 4.7.1 Speicherung kleiner Dateien

Diese Problematik von kleinen und großen Dateien wurde bereits in den vorherigen Varianten angesprochen. An dieser Stelle soll diese Thematik nochmals näher betrachtet werden. Nicht zuletzt soll anhand einiger Datenträgeranalysen ein Grenzwert ermittelt werden, nach welchem die Analyseplattform die Dateien entweder in HBASE oder im HDFS ablegt.

Wie bereits beschrieben, kann das HDFS mit großen und kleinen Dateien umgehen. Letztlich ist die Speicherung in große Dateien der primäre Anwendungsfall. Im Gegensatz dazu können viele kleine Dateien nicht effizient gespeichert werden. Es geht aber nicht darum, dass eine einzelne kleine Datei weniger effizient abgespeichert werden kann als eine große Datei. Vielmehr kann der Informationsgehalt einer einzeln großen Datei (beispielsweise als Sequence File) effizienter gespeichert werden, als der gleiche Informationsgehalt aufgeteilt in dutzende kleine Dateien. Dies liegt daran, dass für jede Datei Metadaten gespeichert

---

<sup>23</sup>Zumindest sollten die Daten auf dem gleichen Knoten liegen, um Netzwerkverkehr zu vermeiden.

<sup>24</sup>Diese Entscheidung, diese Variante nicht zu verfolgen, basiert nur auf den theoretischen Vorüberlegungen. Auf eine prototypische Implementierung dieser Variante wurde verzichtet, weil mit der vierten Variante zur Datenspeicherung ein Ansatz gefunden wurde, der auch schon in der Theorie mehr überzeugt also die Variante mit Sequence Files.

<sup>25</sup>Siehe Kapitel 5.

<sup>26</sup>Siehe Kapitel 3.5.

werden. Und diese Metadaten werden auf dem Name Node gespeichert und auch im Arbeitsspeicher vorgehalten.[16] Ein Eintrag ist beispielsweise ungefähr 150 bis 200 Bytes groß. Für eine Datei wird ein Metadateneintrag und ein Blockeintrag im Name Node angelegt (insgesamt 300-400 Byte). Wenn nun ein Million kleine Dateien abgespeichert werden, dann werden 300-400 MB an Arbeitsspeicher benötigt. Dies klingt eigentlich nach einem vertretbaren Ressourcenverbrauch. Letztlich geht es aber auch um die Netzwerklast. Denn bei der Verarbeitung der Daten werden auch eine Million Aufrufe an den Name Node gesendet, da nur er weiß, wo der Dateinhalt liegt. Wenn nun diese eine Million Dateien in ein einzelnes Sequence File gepackt werden, dann benötigt der Name Node nur 300-400 Byte Arbeitsspeicher und zur Datenverarbeitung werden weniger Netzwerkressourcen benötigt.

Nun stellt sich die Frage, ob eine Million Dateien realistisch anzusehen sind und wie groß den kleinen Dateien sind. Nachfolgende Abbildungen zeigen hier die Resultate einer Analyse der Dateigröße von diversen Datenträgerabbildern. Abbildung 4.7 zeigt hier die kumulierte Häufigkeit der Dateien unterteilt in mehrere Dateikategorien. Diese Kategorien sind logarithmisch nach dem dekadischen Logarithmus aufgeteilt.<sup>27</sup> Eine Kategorie beschreibt die Anzahl aller Dateien in einem Datenträgerabbild, welche kleiner als die Kategorie ist. Zum Beispiel existieren auf dem Datenträgerabbild des Windows Systems knapp 400.000 Dateien die kleiner 10 Kilobyte sind.

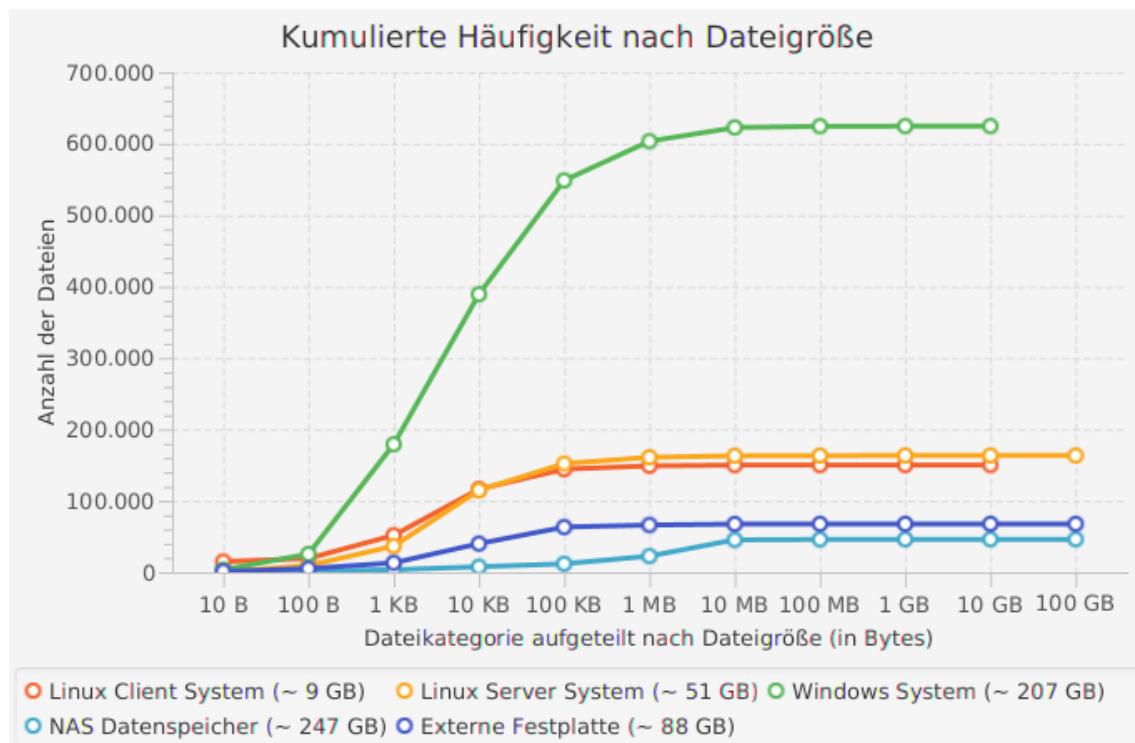


Abbildung 4.7: Kumulierte Häufigkeit nach Dateigröße

Nachfolgend werden die Testdaten beschrieben:

<sup>27</sup>Hierbei wurde die Ergebnismenge der Kategorien linear interpoliert. Der Quellcode zur Berechnung dieser Diagramme wurde unter <https://github.com/jobusam/foam-data-analysis-ui> bereitgestellt.

- Das *Linux Client System* ist ungefähr 9 GB<sup>28</sup> groß und enthält ein Ubuntu-Betriebssystem. Es wurde als Testdatenträgerabbild im Rahmen Masterthesis erstellt. Das Abbild enthält 150.229 Dateien.<sup>29</sup>
- Das *Linux Server System* ist ungefähr 51 GB groß und enthält ein CentOS-Betriebssystem. Das System ist ein Name Node eines kleinen Hadoop-Clusters. Das Abbild enthält 163.555 Dateien.
- Das *Windows System* ist ungefähr 207 GB groß und ist ein reales Nutzersystem, welches seit mehreren Monaten eingesetzt wird. Das Abbild enthält 624.650 Dateien.
- Der *NAS Datenspeicher* entspricht einem QNAP-System mit ungefähr 257 GB an realen Rohdaten. Hierbei ist auf dem Datenträgerabbild kein Betriebssystem installiert. Es handelt sich hauptsächlich um Dokumente und Mediendateien. Das Abbild enthält 46.215 Dateien.
- Die *Externe Festplatte* mit ungefähr 90 GB Daten, wird als Backup für diverse Mediendateien genutzt. Das Abbild enthält 67.809 Dateien.

Da die forensische Analyseplattform mehrere Datenträgerabbilder speichern kann, sollte das System durchaus mehrere Millionen Dateien verarbeiten können. Abbildung 4.8 relativiert die Ergebnisse der einzelnen Abbilder.

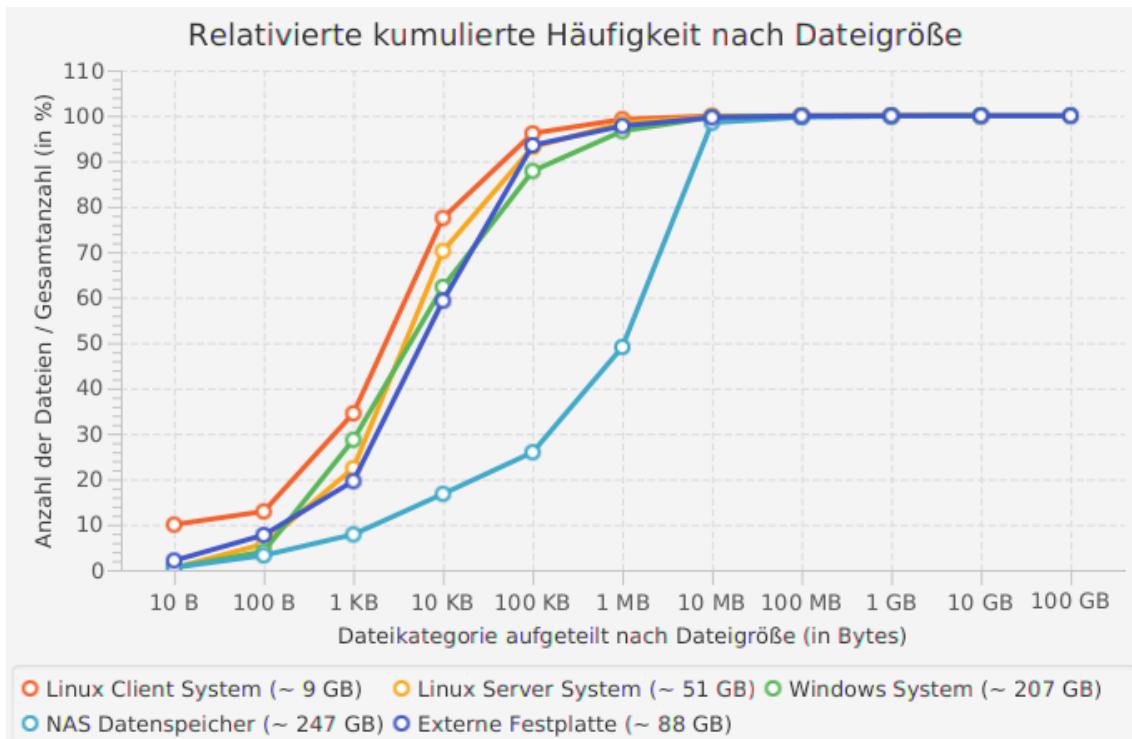


Abbildung 4.8: Relativierte kumulierte Häufigkeit nach Dateigröße

<sup>28</sup>Die Größenangaben entsprechen den reinen Rohdaten der Dateien. Verzeichnisse und Dateisystemmetadaten sind nicht inkludiert.

<sup>29</sup>Es handelt sich ausschließlich um Datendateien. Verzeichnisse, Symbolische Links und Spezielle Dateien wurden nicht berücksichtigt.

Anhand der relativierten kumulativen Häufigkeit aus Abbildung 4.8 wird klar, dass fast 80-90 % der Dateien kleiner 100 Kilobyte sind und mehr als 95% der Dateien kleiner 10 Megabyte sind. Allerdings sind diese Angaben mit Vorsicht zu genießen, denn je nach Anwendungsfall können Datenträger beliebige Dateien unterschiedlicher Größe speichern. Ist beispielsweise ein Betriebssystem auf dem Datenträger installiert, existieren allein durch das Betriebssystem tausende von Dateien mit minimaler Dateigröße. Umgekehrt enthält das Datenträgerabbild des NAS-Datenspeichers sehr viele Dateien zwischen 1 und 10 MB. Dies liegt daran, dass von den 46.215 Dateien ungefähr 30.000 Dateien Fotos sind. Diese wiederum sind für gewöhnlich 500 Kilobyte bis 10 Megabyte groß. Die Kurve könnte allerdings anders aussehen, wenn beispielsweise auch Filme und Videos auf dem NAS gespeichert wären.

Die nachfolgende Abbildung 4.9 und die Abbildung 4.10 zeigen die absolute und relativierte kumulative Kategoriegröße der einzelnen Kategorien an. Die Kategoriegröße beschreibt die Gesamtgröße aller Dateien einer spezifischen Kategorie. Beispielsweise sind bei dem Windows System ungefähr 80 Gigabyte der Gesamtdatengröße in Dateien kleiner 10 Megabyte gespeichert.

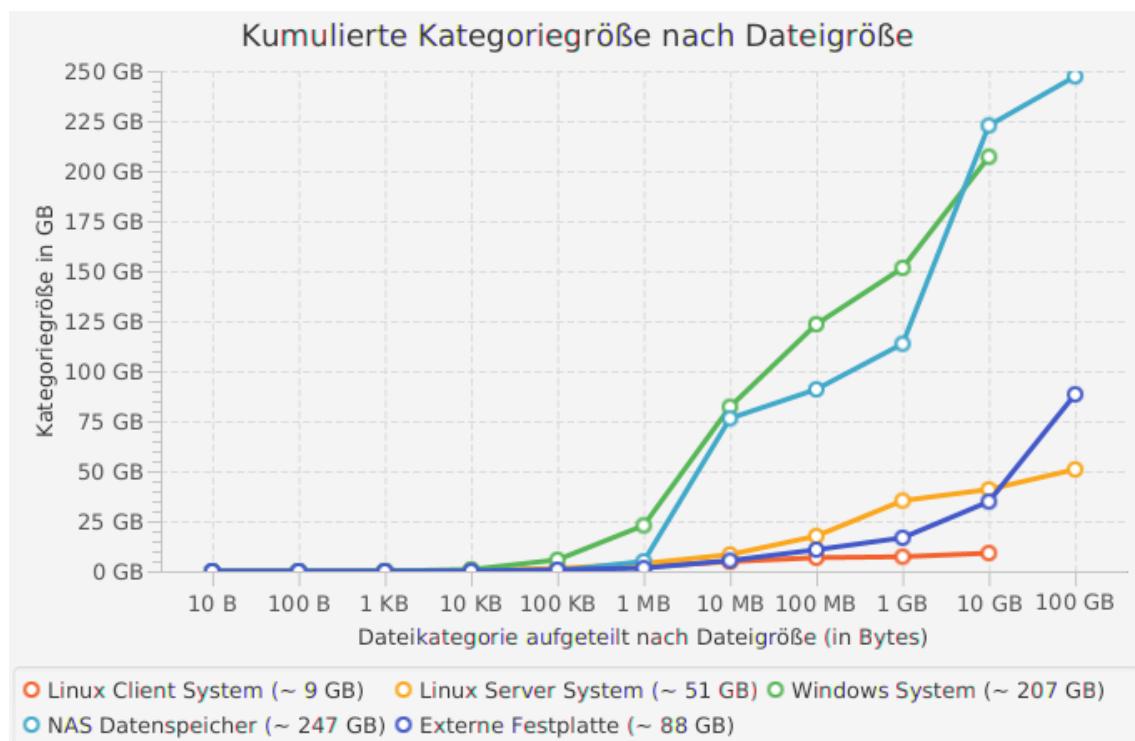


Abbildung 4.9: Kumulierte Kategoriegröße nach Dateigröße

Die relativierte kumulative Kategoriegröße in Abbildung 4.10 verdeutlicht den Kontrast in Bezug auf die relativierte kumulative Häufigkeit aus Abbildung 4.8. Während mehr als 95% aller Dateien kleiner 10 Megabyte sind, beansprucht dieser Anteil doch nur ungefähr 10 bis 55 % der Gesamtspeichergröße.

Anhand der Diagramme empfiehlt es sich den Grenzwert der Dateigröße zwischen 1 und 10 Megabyte zu definieren. Für die Implementierung im Rahmen der Thesis wird der

Grenzwert für die forensische Analyseplattform auf 10 Megabyte gesetzt. Dies bedeutet, dass alle Dateien kleiner 10 Megabyte direkt in HBASE gespeichert werden. Darunter fallen beispielsweise auch größtenteils Fotos und Dokumente. Und nur die wenigen großen Dateien (größer 10 Megabyte) werden direkt im HDFS gespeichert.

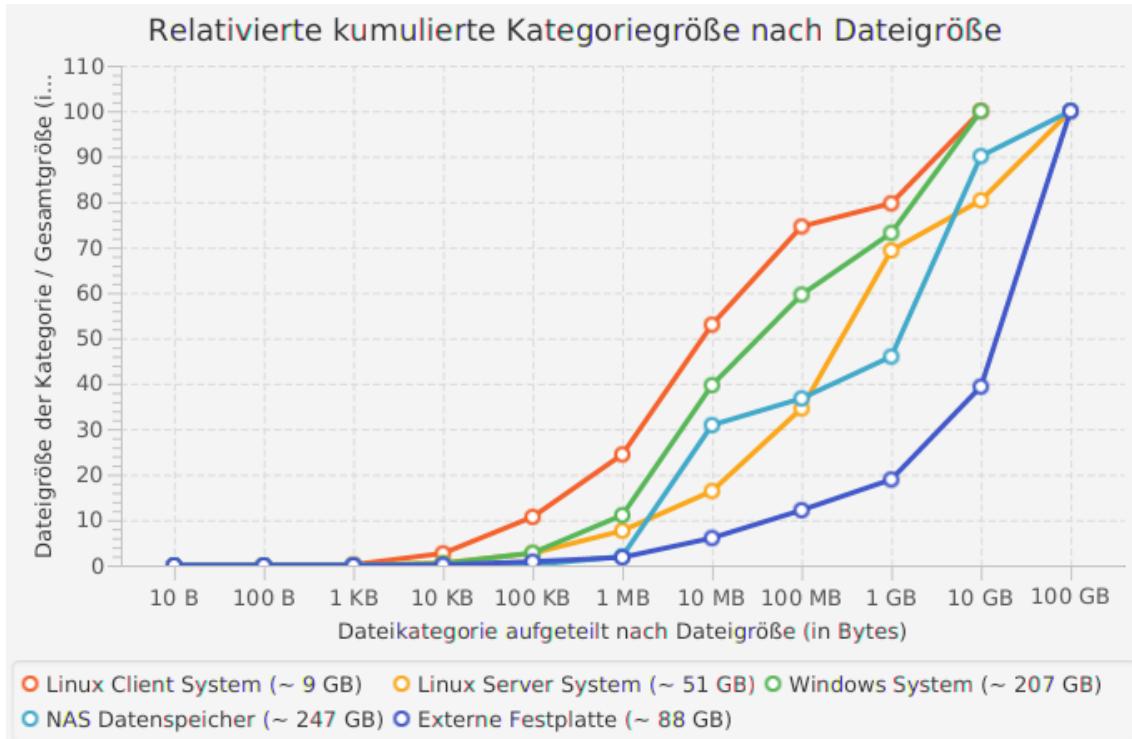


Abbildung 4.10: Relativierte kumulierte Kategoriegröße nach Dateigröße

#### 4.7.2 Anwendungimplementierung

Die Variante zu Datenspeicherung im HDFS-Dateisystem und der HBASE-Datenbank wurde im Rahmen dieser Thesis implementiert. Das GitHub-Projekt *foam-data-import* enthält diese Anwendung.<sup>30</sup> Abbildung 4.11 skizziert die Datenaufbereitung und Speicherung in HBASE und im HDFS.

Der Datenimport ist aufgeteilt in zwei Schritte. Der erste Schritt ist das Mounten des Datenträgerabbildes (siehe Abbildung 4.11). Darüber hinaus müssen die Zugriffsrechte geprüft werden. Die eigentliche Datenimport-Applikation sollte aus sicherheitstechnischen Gründen nicht mit erhöhten Privilegien ausgeführt werden. Daher müssen beim Mounten der Abbilder entsprechende Vorkehrungen getroffen werden. Dieser Vorgangs des Mountens muss derzeit manuell mit Betriebssystemwerkzeugen durchgeführt werden. Dieser Vorgang unter Berücksichtigung der Zugriffsrechte wird detailliert in Kapitel 4.8.2 beschrieben.

Im zweiten Schritt wird die Datenimport-Anwendung genutzt, um die Daten zu importieren. Die Applikation importiert ein vorgegebenes Verzeichnis. Dies kann entweder ein gemountetes Datenträgerabbild sein, oder aber auch ein beliebiges logisches Verzeichnis.<sup>31</sup>

<sup>30</sup>Siehe <https://github.com/jobusam/foam-data-import>.

<sup>31</sup>Damit können analog zu Autopsy unterschiedliche Datenquellen importiert werden. Beispielsweise

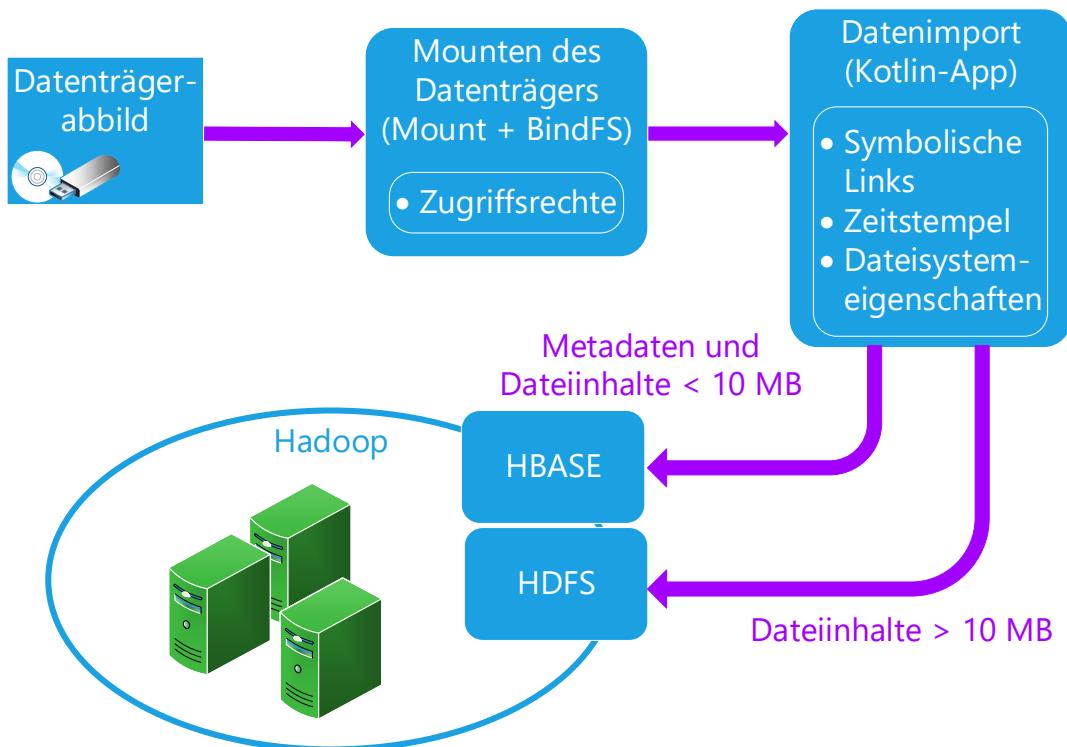


Abbildung 4.11: Datenimport in HBASE und HDFS

Beim Importieren wird jede einzelne Datei des vorgegebenen Verzeichnisses analysiert. Es werden allgemeine Metadaten, wie Name, Größe, Zeitstempel, Zugriffsrechte und Dateityp ermittelt. Das Datenmodell wird detailliert in Kapitel 4.7.3 beschrieben. Abhängig von dem Datentyp handelt es sich um ein Verzeichnis, eine Datendatei oder um eine spezielle Datei, wie beispielsweise einen symbolischen Link. Wenn es eine Datendatei ist, dann wird die Dateigröße geprüft. Ist die Datendatei größer als 10 MB dann wird sie direkt im HDFS unter einem vorher konfigurierten Dateipfad abgelegt. Ist die Datei kleiner oder gleich groß, dann wird sie zusammen mit den Metadaten in HBASE gespeichert.

Die Applikation selbst parallelisiert die Metadatenextraktion und den Datenversand über das Netzwerk. Dennoch kann es bei großen Datenträgern durchaus lange dauern, da hier auch die Bandbreite des Netzwerks und vor allem auch die Lesegeschwindigkeit des Datenträgers eine Rolle spielen. Befindet sich beispielsweise das zu importierende Verzeichnis auf einem herkömmlichen Festplattenlaufwerk mit Magnetscheiben, ist die Lesegeschwindigkeit und damit auch der Datenimport oftmals um ein Vielfaches geringer als der Import von einer *Solid State Disk* (SSD).

Die Anwendung selbst wurde in *Kotlin* implementiert. Kotlin ist eine statisch typisierte Programmiersprache zur Anwendungsentwicklung auf verschiedenen Plattformen.<sup>32</sup> Sie ist interoperabel mit Java. Die Anwendungen können in der *Java Virtual Machine* (JVM) ausgeführt werden. Gegenüber Java bietet sie diverse Sprachkonstrukte zur Optimierung

könnte dies ein gemountetes Datenträgerabbild, ein lokaler Datenträger oder einfach nur ein beliebiges Verzeichnis sein. Siehe Kapitel 4.2.

<sup>32</sup>Siehe <https://kotlinlang.org/>, Stand: 24.8.2018.

des Programmcodes an. Darüber hinaus können alle Bibliotheken aus dem Java-Umfeld auch in Kotlin genutzt werden.

Kotlin wurde zur Entwicklung der Datenimport-App gewählt, weil eben die Vorteile von Java vollständig genutzt werden können. So ist die entwickelte Applikation interoperabel und kann unter mehreren Betriebssystemen ausgeführt werden. Es muss lediglich ein *Java Runtime Environment* (JRE) installiert sein. Auch die Anbindung zum HDFS und zu HBASE kann einfach realisiert werden, da für beide Implementierung eine Java-Bibliothek bereitsteht. Darüber hinaus kann mit diversen Logging-Implementierungen recht einfach ein Anwendungslog erstellt werden. Und letztlich ist es möglich alle benötigten Dateisystemmetadaten auch mit Java und somit mit Kotlin auszulesen. Prinzipiell hätte die Anwendung auch in Java entwickelt werden können. Doch letztlich wurde Kotlin gewählt, um die Vorteile der relativ jungen Sprache kennenzulernen und neue Wege bei der Anwendungsentwicklung auszuprobieren.

Zur Entwicklung wurde die Entwicklungsumgebung *IntelliJ IDEA* in der kostenlosen Community Variante genutzt.<sup>33</sup>

Zum Bauen der Anwendung wurde *Gradle* genutzt. Dies ermöglicht eine einfache Handhabung von Third-Party-Bibliotheken und deren Versionierung. Darüber hinaus kann mithilfe von Gradle der Quellcode auch ohne Entwicklungsumgebung schnell und einfach gebaut werden. Somit könnte der forensische Analyst schnell und einfach die aktuellste Version aus der Versionsverwaltung unter <https://github.com/jobusam/foam-data-import> herunterladen und mit Gradle bauen.

Das Build-Artefakt selbst ist ein Dateiarchiv (ZIP/TAR). Dies kann auf einem Analyserechner entpackt und ausgeführt werden. Hierbei wurde der Datenimport als Konso- lenanwendung implementiert. Über mehrere Parameter kann der Import gesteuert werden. Auf eine grafische Oberfläche wurde bewusst verzichtet. Durch die Ausführung als Konso- lenanwendung kann das Programm beispielsweise auch sehr gut in andere Analyse-Skripte eingebettet werden.

Nachfolgende Abbildung 4.12 zeigt hier die Hilfeseite und listet alle konfigurierbaren Pa- rameter auf.<sup>34</sup>

Beschreibung der Parameter:

- Bei dem Datenimport wird mindestens das Verzeichnis (*Input Directory*) angegeben, welches importiert werden soll.
- Mit der Option *-o*, *--hdfsBaseDirectory* kann angegeben werden, in welches HDFS-Verzeichnis die Dateien größer 10 MB gespeichert werden sollen.<sup>35</sup>
- Die Option *-x*, *--hbaseSiteXml* gibt den Dateipfad zur Konfigurationsdatei von HBA-SE an. Diese Datei kann von einem existierenden Hadoop-Cluster auf den lokalen Analyserechner kopiert werden und definiert eine Gruppe von Zookeeper-Endpunkten (Hostname inklusive Port), damit über Zookeeper die HBASE-Instanzen ermittelt werden können.<sup>36</sup>

---

<sup>33</sup>Siehe auch Kapitel 2.2 zum allgemeinen Entwicklungsvorgehen.

<sup>34</sup>Die Interpretation der Parameter wurde mit der Kotlin-Bibliothek *CLIKT* durchgeführt. Siehe <https://ajalt.github.io/clikt/index.html>, Stand: 24.8.2018.

<sup>35</sup>Hierbei muss der aktuelle Nutzer des Analyserechners auch die Berechtigungen für das Schreiben in das angegebene HDFS-Verzeichnis besitzen.

<sup>36</sup>In Kapitel B.1 im Anhang wird eine minimale Konfigurationsdatei dargestellt.

- Die Option `-y, --hdfsCoreXml` gibt Analog zur HBASE-Konfiguration eine HDFS-Konfiguration des Cluster an. Auch hier muss wiederum der Endpunkt zum HDFS angegeben werden.<sup>37</sup>
- Mit der Option `-c, --caseNumber` kann eine Fallnummer angegeben werden. Damit können mehrere Asservate zu einem bestimmten Fall zugeordnet werden (siehe Kapitel 4.7.3).
- Mit der Option `-d, --caseName` kann eine zusätzlich ein Fallname angegeben werden.
- Die Option `-e, --examiner` kann den Namen des forensischen Analysten enthalten. Aktuell muss kein Namen angegeben werden. Allerdings wäre dies später für eine automatische Generierung eines Reports zur Beweismittelkette (*Chain of Custody*) sinnvoll.<sup>38</sup>
- Mit der Option `-f, --exhibitname` kann eine zusätzlich ein Name des Asservats angegeben werden.

```
Usage: forensicdataimport [OPTIONS] INPUTDIRECTORY

Options:
  -v, --verbose           enable verbose mode
  -o, --hdfsBaseDirectory VALUE
                        contains the base directory in HDFS where
                        large files will be stored. The default is
                        /data/
  -x, --hbaseSiteXml VALUE
                        contains file path to hbase-site.xml
                        configuration file. If not given use
                        localhost:2181 for connecting to Zookeeper
  -y, --hdfsCoreXml VALUE
                        contains file path to Hadoop core-site.xml
                        configuration file. If not given use default
                        hdfs uri hdfs://localhost:9000
  -c, --caseNumber INT   To which case this exhibit belongs
  -d, --caseName TEXT    Descriptive name of the case
  -e, --examiner TEXT   The name of the examiner
  -f, --exhibitName TEXT
                        The name of the exhibit (e.g: Windows System
                        Image
  -h, --help              Show this message and exit

Arguments:
  INPUTDIRECTORY  contains the path to local source directory that shall be
                  imported into forensic analysis platform
```

Abbildung 4.12: Datenimport-Ausführung in der Konsole

#### 4.7.3 Datenmodell

In Abbildung 4.13 wird das Datenmodell der forensischen Analyseplattform beschrieben. Dieses Modell wird in drei Tabellen in HBASE aufgeteilt. Es enthält neben der Speicherung der Metadaten auch das Datenmodell einer rudimentären Fallverwaltung.

Die Fallverwaltung ist notwendig um den Analysten die Möglichkeit zu geben, mehrere Asservate (z.B. Datenträgerabbilder) in die forensische Analyseplattform zu importieren.

<sup>37</sup>Siehe Kapitel B.1 im Anhang.

<sup>38</sup>Diese Funktionalität wurde im Rahmen der Thesis jedoch nicht implementiert.

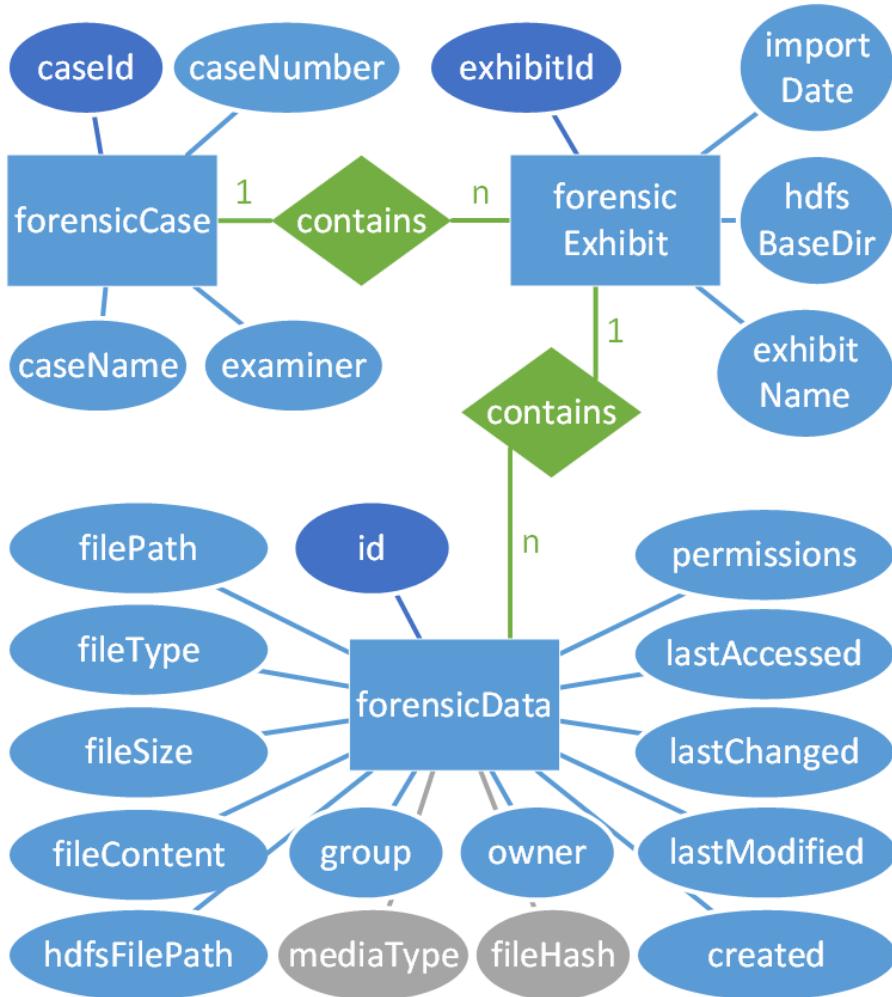


Abbildung 4.13: Datenmodell der forensischen Analyseplattform

Dies ist ein wichtiger Bestandteil um Beziehungen zwischen den Asservaten identifizieren zu können. Ein Fall (*forensicCase*) besteht hierbei aus einer Fallnummer, einem Fallnamen und dem Namen des Auswerters. Die Fallnummer kann beim Datenimport als Parameter angegeben werden. Hierdurch kann der Analyst mehrere Asservate zu einem Fall importieren. Ein Fall kann daher auch mehrere Asservate (*forensicExhibit*) enthalten. Für diese Asservate kann wiederum ein beschreibender Name beim Import angegeben werden. Zusätzlich wird der Zeitpunkt beim Datenimport und das angegebene Basisverzeichnis im HDFS mit abgespeichert. Das Basisverzeichnis wird später bei der Datenverarbeitung ausgewertet um die Dateien größer 10 MB im HDFS lokalisieren zu können.

Ein Asservat kann wiederum mehrere Daten (*forensicData*) enthalten. Dies sind die einzelnen Dateien und ihre Metadaten. Hierbei hat jeder Eintrag eine eindeutige Id, welche als Zeilenschlüssel in HBASE genutzt wird.<sup>39</sup> Das Attribut *filePath* enthält hierbei den vollständigen Dateipfad inklusive Dateinamen. Im Attribut *fileType* wird gespeichert, ob es sich um eine Datendatei, ein Verzeichnis, einen symbolischen Link und um eine andere spezielle Datei handelt. Abhängig von der Dateigröße wird bei kleinen Dateien der Datei-

<sup>39</sup>In Abbildung 4.13 sind diese Zeilenschlüssel dunkelblau hinterlegt.

inhalt direkt in dem Attribut *fileContent* gespeichert. Bei großen Dateien hingegen, wird nur im Attribut *hdfsFilePath* auf den Dateipfad im HDFS referenziert, wo die Datei gespeichert wird. Der Dateipfad im HDFS hingegen ist eine Kombination aus dem angegebenen *hdfsBaseDir* und dem Zeilenschlüssel (*id*) des Dateneintrags. Dadurch ist es auch möglich über eine Datendatei im HDFS deren Metadaten in HBASE zu identifizieren. Denn der Zeilenschlüssel in der HBASE-Tabelle *forensicData* ist innerhalb der forensischen Analyseplattform global eindeutig.

Des Weiteren werden noch die Zugriffsrechte, die Besitzer, die Gruppe und die Zeitstempel abgespeichert. Je nach spezifischem Dateisystem des Asservats sind allerdings nicht immer alle Metadaten vorhanden.

Bei der anschließenden Datenverarbeitung in Kapitel 5 wird das bestehende Datenmodell um neue Metadaten erweitert.<sup>40</sup>

## 4.8 Fachliche Probleme bei den Daten

### 4.8.1 Symbolische Links

Es gibt einige Hürden beim Importieren der Datenträger in das HDFS. Wie bereits erwähnt werden die Daten auf logischer Dateiebene in das Hadoop-System importiert. Hierbei müssen spezielle Dateitypen berücksichtigt werden. Ein Beispiel ist die Verarbeitung von symbolischen Links, welche gerade unter Linux-basierten Betriebssystemen beziehungsweise in der EXT-Dateisystemfamilie auftreten können. Denn wenn symbolische Links in einem Dateisystem gespeichert werden und letzteres im Analysesystem gemountet wird, so können diese Links auch auf Dateien außerhalb des Dateisystems verweisen. Denn letztlich interpretiert das Betriebssystem diese symbolischen Links. Bei der forensischen Analyse könnte diese aber zu schwerwiegenden Fehlern der Analyseergebnisse führen, wenn beispielsweise Inhalte des Analyserechners verarbeitet werden, welche ursprünglich nicht auf dem Asservat vorhanden waren. Daher muss beim Import auf geprüft werden, ob die Datei einem symbolischen Link entspricht. Ist dies der Fall darf, der symbolische Link nicht interpretiert werden.

### 4.8.2 Zugriffsrechte

Ein weiterer Aspekt ist die Beschränkung der Dateizugriffe auf Basis der vorgegebenen Zugriffsrechte. Angenommen es wird ein Datenträgerabbild auf einem Analysesystem gemountet. Dann kann dies im Normalfall nur mit Root-Rechten durchgeführt werden. Der forensische Analyse benötigt also zumindest auf seinem Analyse-Rechner privilegierte Ausführungsrechte.

Beim Import von Dateien auf eben diesem gemounteten Dateisystem des Datenträgerabbildes sind jedoch die Dateizugriffsrechte weitaus interessanter. Denn das Analyse-Betriebssystem berücksichtigt diese Zugriffsrechte. Während diese Problematik beispielsweise bei NTFS-Dateisystemen eine untergeordnete Rolle spielt, so werden hingegen bei EXT-Dateisystemen die Unix-Dateirechte gespeichert und auch auf dem Analysesystem interpretiert. Daher kann der Nutzer und dessen ausgeführte Programme, welche die Daten aus dem Dateisystem auslesen, nicht in allen Fällen auf alle Dateien zugreifen.

Die einfachste Möglichkeit um die Problematik der Zugriffsrechte zu umgehen, wäre das Ausführen der Datenimport-Applikation mit Root-Rechten. Andererseits sollte die Datenimport-

---

<sup>40</sup>Hierzu gehören die Attribute *mediaType* und *fileHash*, welche in Abbild 4.13 grau hinterlegt sind.

Applikation aber nicht mit Root-Rechten ausgestattet werden, da dies zu Sicherheitslücken und unvorhergesehenen Rechteausweiterungen im Fehlerfall führen könnte. Darüber hinaus kann bei einem Fehlverhalten der Anwendung das Analysesystem beschädigt werden. Letztlich braucht die Anwendung zum Datenimport nur die Berechtigungen zum Lesen von Dateien mit Root-Rechten. Dies würde dem *Need-to-know-Prinzip* genügen.

Eigentlich müsste beim Mounten des Dateisystems dem Betriebssystem mitgeteilt werden können, dass die Dateirechte des gemounteten Dateisystems ignoriert werden sollen. Diese Option ist aber nicht möglich<sup>41</sup>.

Eine weitere Alternative wäre die Möglichkeit mit Access Control Lists (ACL) zu arbeiten und dem nichtprivilegiertem Nutzer Rechte zum Lesen der Dateien zu geben. Oder umgekehrt alle Dateien dem nichtprivilegierten Nutzer zuzordnen, welcher wiederum den Datenimport startet. Hierzu müsste die Datenträgerkopie schreibend gemountet werden, damit die Rechte jeder Datei angepasst werden können. Dies würde wiederum dazu führen, dass das Datenträgerabbild als sichergestelltes Asservat geändert werden würde. Daher ist diese Lösung auch nicht geeignet.

Eine weitere Alternative ist die Nutzung von Posix Capabilities<sup>42</sup>. Dies scheint unter CentOS/Fedora wohl die beste Variante zu sein. Zum Lesenden Zugriff auf Dateien müsste die Posix Capability *CAP\_DAC\_READ\_SEARCH* gesetzt werden.

Mit nachfolgenden Kommando könnte diese Capability dem Analyseprogramm gesetzt werden. Damit könnte dann auch ein nicht-privilegierte Nutzer lesenden Zugriff auf privilegierte Dateien erhalten.

```
1 setcap CAP_DAC_READ_SEARCH /bin/forensic_import
```

Listing 4.3: Befehl zum Setzen von Posix Capabilities

Allerdings funktioniert diese Art hauptsächlich bei Binärprogrammen aber nicht bei Shell-Skripten oder Java-Anwendungen. Ein ähnliche Alternative zu Posix Capabilities ist das Setzen des SUID-Bits als Unix-Dateirecht für die Programmdatei. Aber auch gilt wieder, dass dies für Binärprogramme funktioniert aber nicht für interpretierte Skripte oder Java-Anwendungen, welche wiederum in der Java Virtual Machine laufen.

Die Nutzung von SELINUX empfiehlt sich hier auch nicht. SELINUX ist eine Erweiterung des Linux-Kernels um detaillierte Zugriffskontrollen zu setzen. Diese Erweiterung ermöglicht eine detaillierte Definition, welche Anwendung oder Nutzer auf einzelne Dateien zugreifen dürfen. Allerdings werden auch unter SELINUX immer zuerst die Unix-Dateirechte und zusätzlich die in SELINUX definierten Zugriffskontrollen geprüft. Daher kann auch mit SELINUX das Problem nicht behoben werden.

Zuletzt gibt es noch eine Variante, welche die Problematik mit den Dateirechten lösen kann. Mit dem Projekt *bindfs*<sup>43</sup> können unter Linux Dateisystemverzeichnisse neu gemountet werden und ihre Zugriffsrechte verändert werden. Der nachfolgende Befehl mountet das existierende Verzeichnis mit den enthaltenden Dateien in einem neuen Verzeichnis und setzt beispielsweise bei jeder Datei die aktuelle ID des Nutzers als Datei-Owner und Group.

<sup>41</sup>Zumindest konnte keine funktionierende Variante gefunden werden (siehe Man-Page des Mount-Befehls).

<sup>42</sup>Siehe Manpages mit folgendem Befehl: *man 7 capabilities*.

<sup>43</sup>Siehe <https://bindfs.org/>.

```
1 sudo bindfs -u $(id -u) -g $(id -g) src_dir/ target_dir/
```

Listing 4.4: Nutzung von Bindfs zum Ändern von Dateirechten

Der Befehl selbst benötigt Root-Rechte. Jedoch kann der Nutzer danach alle Dateien des Zielverzeichnisses lesen. Der einzige Nachteil an dieser Lösung ist, dass der Besitzer und die Gruppe jeder einzelnen Datei nun der Nutzer des Analysesystems ist.

Dieser Nachteil muss zukünftig behoben werden, damit die forensische Analyseplattform auch die Besitzer und Gruppen einer Datei korrekt auswerten kann.

#### 4.9 Fazit zur Datenspeicherung

Die vierte Variante überzeugt durch eine einfache Lösung und zur Speicherung von vielen kleinen und großen Dateien. Dariüber hinaus kann mithilfe der HBASE-Datenbank auch eine kleine Fallverwaltung implementiert werden, um mehrere Asservat eines Falls zu importieren.

Die prototypische Implementierung bestätigt die Machbarkeit zur Speicherung von großen semi-strukturierten Datensätzen durch eine Kombination der Speicherung im HDFS und HBASE. Aufbauend auf dieser Implementierung und dem dargestellten Datenmodell können im nächsten Schritt der Datenverarbeitung weitere Metadaten extrahiert und gewonnen werden.

# 5 Datenverarbeitung

## 5.1 Herkömmliches Analysevorgehen

In Kapitel 4.2 wurde bereits besprochen, wie ein Fall angelegt werden. Schon bei dem Importieren einer Datenquelle können diverse Module zur automatisierten Datenaufbereitung bei Autopsy 4.7.0 aktiviert werden. Diese Module werden nun nachfolgend näher beschrieben und mit den bisher implementierten Verarbeitungsmodulen der hier entwickelten forensischen Analyseplattform verglichen.

Abbildung 5.1 zeigt die mögliche Auswahl der Module. Diese Module beschreiben letztlich die Funktionalität die Autopsy zur automatischen Datenaufbereitung und Extraktion bereitstellt.

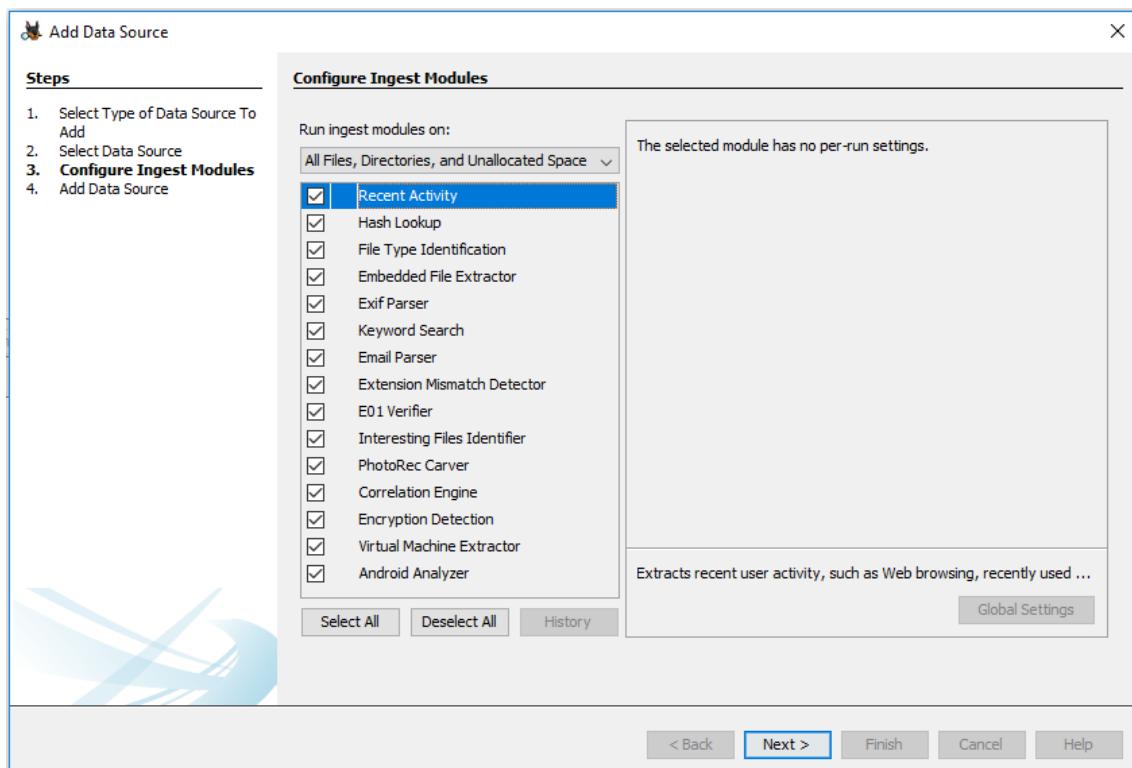


Abbildung 5.1: Module zur automatischen Datenverarbeitung bei Autopsy

Folgende Module sind verfügbar<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Siehe auch <http://sleuthkit.org/autopsy/docs/user-docs/4.3/> Stand: 09.08.2018

•

Interessanterweise basiert Schlüsselwort-Suche bei Autopsy auch auf Apache Solr. Jedoch hierbei natürlich keine Solr-Cloud genutzt sondern nur eine einfache lokale Installation.

## 5.2 Verarbeitung Apache Spark™

Der physikalische Aufbau wurde bereits im Grundlagenkapitel zu Apache Spark behandelt (siehe Kapitel 3.4). In diesem Kapitel sollen primär die Algorithmen und die Verarbeitung der Daten aus logischer Sicht betrachtet.

Bei Apache Spark gibt es seit der Version 2.0.0 diverse APIs, wie Daten geladen werden können. Es besteht die Möglichkeit Daten mithilfe von Resilient Distributed Datasets (RDDs) zu laden und zu verarbeiten. Aufbauend auf diesen RDDs können, die Daten ge-mappt, gefilter oder aggregiert werden. Dies Möglichkeit gibt es schon immer in Apache Spark. Seit der Version 2.0.0 gibt es nun auch DataFrames und DataSets (TODO: gibt es es beides erst seit v2.0?). Diese Datenstrukturen beschreiben eher eine Schnittstelle aus Sicht von Tabellen. Die Implementierung dieser Typen baut wieder auf den RDDs auf. Doch welche Strukturen eignen sich für die Anwendungsfälle in dieser Thesis?

DataFrames und DataSets sind optimiert für strukturierte und semi-strukturierte Daten. Diese Daten lassen sich beispielsweise in Tabellenstrukturen einlesen und verarbeiten. Es gibt High-Level Operationen auf diesen Tabellen, welche dem klassischen SQL Syntax sehr nahe kommen?! Apache Spark selbst kann bei der Nutzung von DataFrames und DataSets viele Optimierungen bei der Ausführung und Verarbeitung durchführen. Andererseits sind diese Strukturen ungeeignet bei unstrukturierten Daten, wie beispielsweise Multimediadateien und eben auch beliebigen Dateien.[13, S. 66 ff.]

Wie beim Datenimport schon beschrieben, sind die Metadaten der analysierten Datenträger strukturiert beziehungsweise semi-strukturiert in HBASE abgespeichert. Prinzipiell wäre es also möglich, auch mit Datasets und Dateframes auf diese Daten zuzugreifen. Letztlich kommt es auch auf die Anbindung zwischen Apache Spark und Apache HBASE an. Hierbei gibt es primär zwei unterschiedliche Connectoren<sup>2</sup>. Der *Hortonworks SHC Connector* ermöglicht die Interaktion mit Daten in HBASE und nutzt dafür die DataFrame/Data-Set Datenstrukturen.<sup>3</sup> Also Pendant auf Basis von RDDs existiert ein weiterer *hbase-spark* Connector. Letzterer wird im Rahmen dieser Thesis genutzt, um Daten von HBASE zu lesen und zu schreiben.<sup>4</sup>

### 5.2.1 Praxisbeispiele und deren Optimierungen

Gerade bei der Verarbeitung großer Datenmengen und unter Berücksichtigung des Prinzips der Datenlokalität existieren einige Fallstricke und Hürden bei der Implementierung der Datenverarbeitung. Im Hadoop-Umfeld und bei der Entwicklung im Spark-Context geht es

---

<sup>2</sup>Bei Apache Spark sind Connectoren eine Art von Java-Bibliotheken, welche es ermöglichen im Apache Spark Ausführungskontext auf andere Systeme, wie beispielsweise Datenbanken oder Dateisysteme, zuzugreifen.

<sup>3</sup>Siehe <https://github.com/hortonworks-spark/shc>, Stand: 15.6.2018.

<sup>4</sup>Siehe <https://github.com/apache/hbase/tree/master/hbase-spark>, Stand: 15.6.2018 und deren Nutzung im Projekt *foam-processing-spark* unter <https://github.com/jobusam/foam-processing-spark>, Stand: 16.5.2018.

nicht nur um die Art und Weise, wie die Algorithmen auf die Daten angewendet werden, sondern in erster Linie auch immer darum **wo** die einzelnen Programmteile ausgeführt werden. Der Entwickler sollte immer wissen, in welchem Verarbeitungskontext er sich befindet. Zu dieser Problematik werden in diesem Kapitel einige Beispiele herausgegriffen, welche während der Bearbeitung dieser Thesis aufgetreten sind.

### **Weniger ist mehr TODO**

Ungenutzte Daten so früh wie möglich aus der Verarbeitung rausnehmen. Siehe Problematik beim HBASE-Spark Connector. Entweder ich mache einen Full-Table Scan und fodere alle Daten an, um sie später im Spark-Executor auszuführen, oder ich versuche schon beim Zugriff der Daten in den Region-Server mit ColumnFamilies und Filter-Operationen nur die Daten anzufordern, welche auch wirklich benötigt werden.

### **Caching - Performanz vs. Ressourcen TODO**

Hashing-Problem. Ist es geschickter Daten zu Cachen anstatt sie zweifach anzufordern? Funktioniert Caching überhaupt mit nicht serialisierbaren Daten?

### **Faulheit ist der Schlüssel zum Erfolg TODO**

Lazy-Loading und Ausführung bei RDDs

### **Teile und Herrsche TODO**

Balancing and Repartitionieren. Aufteilung der Last zu gleichen Teilen! Gerade beim Ausprobieren und Testen ist es einfach, die Resultate eines RDDs nach der Datenverarbeitung über eine Konsole auszugeben. Doch hierbei muss genau überlegt werden, wie diese Resultate ausgegeben werden (siehe Listing 5.1). In der ersten Variante wird auf dem RDD die Methode collect() aufgerufen und die daraus erhaltene Liste von Objekten wird über ein Logger-Objekt in das Log-File dieser Ausführung geschrieben.

Auf der ersten Blick ist aber nicht ersichtlich, was diese Methode wirklich bewirkt. Wie bereits in Kapitel 3.4 (TODO: check reference) beschrieben, wird bei der Ausführung einer Spark-Anwendung ein sogenannter Spark-Driver gestartet. Dieser wiederum fordert eine gewisse Anzahl von Exekutoren an, die die eigentlich Datenverarbeitung übernehmen (Master-Slave-Prinzip). Hierbei laufen die Executoren auf einzelnen Knoten innerhalb des Clusters. In dem Moment, in welchem die collect()-Methode auf einem RDD ausgeführt wird, werden die Daten des RDDs *eingesammelt*. Dies bedeutet, dass die Daten des RDDs, welche vorher verteilt auf allen Executoren im Arbeitsspeicher geladen wurden, nun jetzt an den Spark-Driver geschickt werden. Dieser sammelt sozusagen die Ergebnisse der Executoren ein. Diese Mechanismus ist an sich nicht problematisch und funktioniert auch gerade beim Testen mit kleinen Datenmengen. Bei großen RDDs hingegen, werden auch wieder alle Daten an der Driver geschickt und in den meisten Fällen wird dies den begrenzten Arbeitsspeicher des Drivers überfordern. Die Applikation wird mit einer OutOfMemoryException??? beendet!.

Daher ist es sinnvoll auch schon beim Testen mit kleinen RDDs vorzugsweise die take()-Methode zu nutzen. Diese tut das gleiche wie, die collect()-Methode mit dem Zusatz, dass

sie nur ein bestimmte Anzahl von Einträgen sammelt. Dadurch wird selbst bei größeren RDDs der Speicher nicht ausgehen.

```
1 HbaseReader hbr = new HbaseReader(jsc, hbaseConfigFile);
2 JavaRDD<Metadata> forensicMetadata = hbr.getForensicMetadata();
3
4 # use collect() method
5 forensicMetadata.collect().stream()
6   .forEach(m -> LOGGER.info("Entry = .", m));
7
8 # use take(int amount) method
9 forensicMetadata.take(10).stream()
10  .forEach(m -> LOGGER.info("Entry = .", m));
```

Listing 5.1: Spark Java RDD collect()-Methode

## 5.3 Anwendungsfälle der Datenverarbeitung

### 5.3.1 Hashsummen ermitteln

Die Hashsummenermittlung erfolgt auf Basis von SHA-512, da kryptografisch sicher (siehe Hacking-Buch)

NIST Hash Dataset von SW -> known good files[14, S. 36]

### 5.3.2 Dateityp erkennen mit Apache Tika

### 5.3.3 Dateien indizieren

Ein weitere Anwendungsfall ist die Indizierung von Texten und Wörtern, welche aus den einzelnen Dateien extrahiert wurden.

Der Grund für eine Indizierung dieser Inhalte ist eine schnellere Suche nach beliebigen Wörtern, als bei der reinen Suche in HBASE. Zur Indizierung existieren zwei bekannte Projekt. Diese sind einerseits *Apache Solr* und andererseits *Elasticsearch*. Bei bauen wiederum auf das *Apache Lucene*-Projekt auf. Apache Solr ist ein Open-Source Projekt unter dem Dach der Apache Foundation. Wohingegen Elasticsearch auch als Open-Source Projekt entwickelt wird, jedoch primär von der kommerziellen Firma *Elastic???* verwaltet wird. Diese bietet gerade Zusatzpakete und Support gegen Bezahlung an. Siehe auch [8, S.7]

#### Apache Solr

Spark-Connector von Databricks vorhanden. Der Connector selbst bietet aber vorzugsweise lesenden Zugriff.

Abbildung 5.2 stellt die physikalische Aufteilung mit dem hbase-indexer projekt

#### Elasticsearch

Spark-Connector auf RDD-Basis vorhanden. Kerberos-Sicherung nur über X-Pack gegen Geld vorhanden. Rack-Awareness und Verteilung nicht klar. Elasticsearch baut eigene Infrastruktur auf. Nicht über Ambari steuerbar.

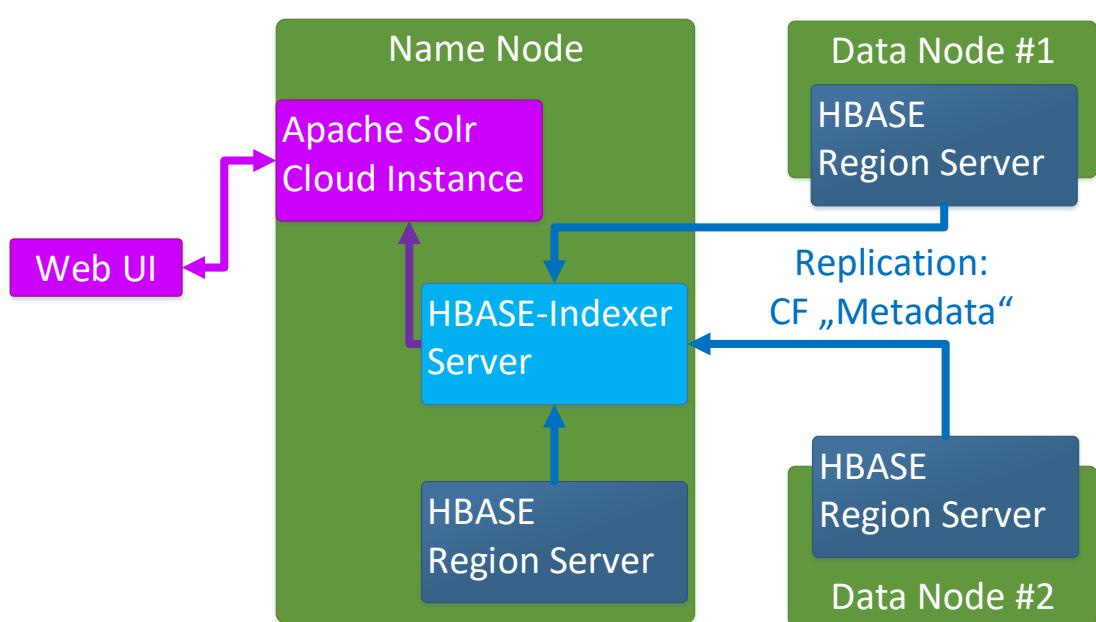


Abbildung 5.2: Indexierung von Daten aus HBASE in Solr

# 6 Forensische Anforderungen

## 6.1 Plattform absichern

Ursprünglich spielt das Thema der Datensicherheit bei Apache Hadoop keine Rolle und gewann erst nach und nach an Relevanz. Anfänglich wurde immer angenommen, dass das Hadoop-Clusters aus vertrauenswürdigen Maschinen besteht, welche von vertrauenswürdigen Nutzern in abgesicherten Umgebungen verwendet wird<sup>1</sup>. Mittlerweile hat sich der Bedarf nach Sicherheit deutlich erhöht, da oftmals riesige vertrauliche Datensätze verarbeitet werden, welche bei Angriffen sehr schnell abfließen könnten.

Todo: Das Absichern des Hadoop-Clusters bezieht sich primär auf die Nutzung von Kerberos zur Authentifizierung. Es gibt etliche weitere Projekte, wie beispielsweise Apache Ranger, Apache Atlas und Apache Knox. Sie alle adressieren einen bestimmten Aspekt zur Verbesserung der Systemsicherheit. Allerdings werde ich mich hauptsächlich auf den Einsatz von Kerberos beschränken und prüfen, welche Vorteile diese Lösung bietet und welche Probleme dabei auftauchen können. Darüber hinaus ist es meines Wissens auch möglich, die Daten auf logischer Ebene zu verschlüsseln (im verteilten Dateisystem HDFS). Dies würde einen unbefugten physischen Zugriff erschweren. Diesen Punkt werde ich für die Thesis als optionales Arbeitspaket im Hinterkopf behalten. Wahrscheinlich werde ich mit den anderen Themen aber schon genügend Arbeit haben.

### 6.1.1 Authentifizierung

Standardmäßig wird Hadoop in Kombination mit Kerberos verwendet, um eine allgemeine Zugriffsschutz zu ermöglichen.[9]

Eine Alternative könnte hier auch Cloudera Sentry, Apache Ranger, Apache Atlas oder Apache Knox<sup>2</sup> sein.

### 6.1.2 Datenverschlüsselung

Prinzipiell lässt sich die Datenverschlüsselung in die Szenarien *Persistenzverschlüsselung* und *Transportverschlüsselung* unterteilen. Das HDFS bietet eine Verschlüsselung an, wobei die Komplexität bei Key-Management liegt. Denn schließlich kann ein Hadoop-Cluster mehrere hundert Knoten mit jeweils mehreren Datenträger enthalten. Sie alle müssten eigene Verschlüsselungsschlüssel nutzen. Die Verschlüsselung selbst kann direkt auf Betriebssystemebene beispielsweise auf LUKS aufbauen, oder sie findet auf logischer Ebene im HDFS statt.[9]

---

<sup>1</sup>Vgl. <https://www.infoq.com/articles/HadoopSecurityModel>.

<sup>2</sup><https://knox.apache.org/>

Darüber hinaus ist die Transportverschlüsselung auch möglich. So müssen die einzelnen Services wie Webzugriffe mit TLS verschlüsselt werden.<sup>3</sup>

Letztlich stellt sich die Frage, welche Angriffe den mit Datenverschlüsselung vermieden werden sollen.

---

<sup>3</sup>Weiter Infos unter: <https://www.infoq.com/articles/HadoopSecurityModel> und <https://community.hortonworks.com/articles/102957/hadoop-security-concepts.html>.

# 7 Visualisierung der Ergebnisse

Ziel dieser forensischen Analyseplattform ist es, dem Nutzer einen Überblick bei der Datensichtung zu geben. Hierbei ist es essentiell entsprechende Visualisierungen zu verwenden. Welche Ziele sollen erreicht werden?

- Für jede Datei sollen Name, Pfad, Größe, Hashsumme, Dateityp, Owner und Group, Zugriffsrechte und die Zeitstempel der Erstellung und letzter Speicherung angezeigt werden.
- Nach all diesen Parametern kann auch gesucht werden.
- Auffinden von Duplikaten anhand der Hashsummen
- Indizierung für schnelle textbasierte Inhaltssuche?
- Zeitleiste? (wohl eher optional)
- Wordcloud, geographische Visualisierung, Flare-Chart, Tree-Map, Calendar-Chart als Timeline?
- Webframeworks wie <https://d3js.org/><sup>1</sup>
- Neo4j
- Open Source Community Variante Helical Insight
- Apache Superset für Visualisierung (siehe Ambari Cluster Services)
- Apache Grafana?
- GoJs incremental tree?

---

<sup>1</sup>Siehe auch <https://bl.ocks.org/mbostock/4063550> oder <https://bl.ocks.org/mbostock/5944371> oder <https://bl.ocks.org/mbostock/1046712> oder <https://bl.ocks.org/mbostock/4063269>. Letzteres wäre characteristisch für foAm. oder <http://xliberation.com/googlecharts/d3concept.html>

## 8 Zusammenfassung

# 9 Ausblick

Im praktischen Teil

# Literatur

- [1] Brian Carrier. *File System Forensic Analysis*. 1. Auflage. Addison Wesley, 2005.
- [2] Eoghan Casey. *Handbook of Digital Forensics and Investigation*. 1. Auflage. Academic Press, 2009.
- [3] Steffen Hartmann. *Solr-Suchserver in die Cloud skalieren*. entwickler.de. 17. Juni 2013. URL: <https://entwickler.de/online/solr-suchserver-in-die-cloud-skalieren-136486.html> (besucht am 02.08.2018).
- [4] Jonas Freiknecht. *Big Data in der Praxis*. 1. Auflage. Hanser, 2014.
- [5] Saurav Haloi. *Apache zookeeper essentials: a fast-paced guide to using Apache ZooKeeper to coordinate services in distributed systems*. 1. Auflage. Packt Publishing, 2015.
- [6] Holden Karau u. a. *Learning Spark: Lightning-Fast Data Analysis*. 1. Auflage. O'Reilly, 2015.
- [7] Philip Polstra. *Linux Forensics*. 1. Auflage. Pentester Academy, 2015.
- [8] Dikshant Shahi. *Apache Solr: A Practical Approach to Enterprise Search*. 1. Auflage. Apress, 2015.
- [9] Ben Spivey und Joey Echeverria. *Hadoop Security: Protecting Your Big Data Platform*. 1. Auflage. O'Reilly, 2015.
- [10] Tom White. *Hadoop: The Definitive Guide*. 4. Auflage. O'Reilly, 2015.
- [11] Sam R. Alapati. *Expert Hadoop Administration*. 1. Auflage. Addison Wesley, 2016.
- [12] Benoy Antony u. a. *Professional Hadoop*. 1. Auflage. Wrox, a Wiley brand, 2016.
- [13] Krishna Sankar. *Fast Data Processing with Spark 2*. 3. Auflage. Packt Publishing, 2016.
- [14] André Årnes. *Digital Forensics*. 1. Auflage. Wiley, 2017.
- [15] o. V. *Apache Hadoop YARN*. Version 3.0.0. Apache Software Foundation. 8. Dez. 2017. URL: <https://hadoop.apache.org/docs/current/hadoop-yarn/hadoop-yarn-site/YARN.html> (besucht am 19.03.2018).
- [16] o. V. *HDFS Architecture*. Version 3.0.0. Apache Software Foundation. 8. Dez. 2017. URL: <https://hadoop.apache.org/docs/r3.0.0/hadoop-project-dist/hadoop-hdfs/HdfsDesign.html> (besucht am 17.03.2018).
- [17] o. V. *Apache Solr Reference Guide*. Version 7.4. Apache Software Foundation. 19. Juni 2018. URL: <http://www-eu.apache.org/dist/lucene/solr/ref-guide/apache-solr-ref-guide-7.4.pdf> (besucht am 03.08.2018).

# Abbildungsverzeichnis

1.1	Datenverarbeitung im Hadoop-Umfeld . . . . .	5
2.1	Arbeitspakete der Masterthesis . . . . .	8
2.2	Projektplan Teil A - Einarbeitung und Rohdatenspeicherung (siehe Kapitel A.2) . . . . .	9
2.3	Projektplan Teil B - Datenanalyse (siehe Kapitel A.2) . . . . .	10
2.4	Projektplan Teil C - Querschnittliche Aspekte und Visualisierung (siehe Kapitel A.2) . . . . .	11
2.5	Komponenten der Entwicklungsumgebung . . . . .	12
3.1	Apache Hadoop Ökosystem (Vgl. [4],[11]. Siehe Kapitel A.2) . . . . .	16
3.2	HDFS - Datenspeicherung im Verbund (Vgl. [16],[11]) . . . . .	19
3.3	Ressourcenverteilung mit YARN (Vgl. [15],[11]) . . . . .	20
3.4	Spark Datenverarbeitung im Cluster . . . . .	23
3.5	Schema-Beispiel einer HBASE Tabelle nach [4] . . . . .	25
3.6	HBASE Datenspeicherung im Cluster . . . . .	26
3.7	Gespeicherte Informationen von HBASE in ZooKeeper . . . . .	28
3.8	Solr Cloud-Mode im Cluster . . . . .	30
3.9	Solr-Suchanfrage via <i>curl</i> . . . . .	31
4.1	Forensischer Analyseprozess für digitale Beweismittel (Vgl. [14, S.16]) . . . . .	32
4.2	Erstellung eines neuen Falles mit Autopsy . . . . .	37
4.3	Aufteilung der Daten des Datenträgerabildes im Hadoop-Cluster . . . . .	39
4.4	HDFS - Dateieigenschaften . . . . .	41
4.5	Datenspeicherung mit erweiterten Dateiattributen im HDFS . . . . .	43
4.6	Sequence File Format (Vgl. [10, S. 134]) . . . . .	45
4.7	Kumulierte Häufigkeit nach Dateigröße . . . . .	47
4.8	Relativierte kumulierte Häufigkeit nach Dateigröße . . . . .	48
4.9	Kumulierte Kategoriegröße nach Dateigröße . . . . .	49
4.10	Relativierte kumulierte Kategoriegröße nach Dateigröße . . . . .	50
4.11	Datenimport in HBASE und HDFS . . . . .	51
4.12	Datenimport-Ausführung in der Konsole . . . . .	53
4.13	Datenmodell der forensischen Analyseplattform . . . . .	54
5.1	Module zur automatischen Datenverarbeitung bei Autopsy . . . . .	58
5.2	Indexierung von Daten aus HBASE in Solr . . . . .	62

# Tabellenverzeichnis

# Listings

4.1	Befehl zum Speichern einer Datei im HDFS . . . . .	42
4.2	Befehl zum Hinzufügen und Auslesen von Metadaten . . . . .	42
4.3	Befehl zum Setzen von Posix Capabilities . . . . .	56
4.4	Nutzung von Bindfs zum Ändern von Dateirechten . . . . .	57
5.1	Spark Java RDD collect()-Methode . . . . .	61
B.1	Minimale Konfiguration der Datei <i>hdfs-core.xml</i> . . . . .	74
B.2	Minimale Konfiguration der Datei <i>hbase-site.xml</i> . . . . .	74

# A Allgemeines

## A.1 Analyse ähnlicher Projekte und Produkte

Im Bereich der IT-Sicherheit und Incident Response existiert für Unternehmensinfrastrukturen das Apache Projekt *Metron*, welches auf dem Hadoop Framework aufbaut.<sup>1</sup>

Ziel dieses Projektes ist es Sicherheitsvorfälle zu finden und zu analysieren. Hierbei kann Apache Metron auch mit Telemetriedaten umgehen.<sup>2</sup>

Eine entsprechende Abgrenzung zu diesem Projekt besteht aufgrund der unterschiedlichen Projektziele. Diese Thesis bezieht sich auf die forensische Analyse von Beweismitteln und informationstechnischen Systemen. Es ist nicht das Ziel Sicherheitsvorfälle in unternehmenskritischen Infrastrukturen zu analysieren.

Das Open-Source Framework *Turbinia* ist ein weiteres Projekt, welches ähnliche Ziele verfolgt.<sup>3</sup> Der Grundgedanke ist die Automatisierung und Skalierung forensischer Analysen in Computer-Clustern. Prinzipiell hat dieses Projekt das gleiche Ziel, wie diese Masterthesis. Aufwendige Analysen sollen parallelisiert verarbeitet werden, um sie schneller zu verarbeiten. Das Projekt ist aktiv<sup>4</sup>. Allerdings ist es jedoch in einer frühen Alpha-Phase und daher noch nicht ausgereift. Dieses Projekt basiert auch auf einer Master-Client Architektur. Es bietet aber keine Nutzung auf Basis eines verteilten Dateisystems an. Es muss dafür gesorgt werden, dass jeder Knoten auf alle verfügbaren Daten (Beweismittel) zugreifen kann. Im Rahmen dieser Thesis hingegen, wird durch die Nutzung von Apache Hadoop, eine verteilte Speicherung von Daten unterstützt. Darüber hinaus werden entwickelte Algorithmen dort ausgeführt, wo die Daten liegen und nicht umgekehrt.

Ein klassisches Analyse-Werkzeug in der Forensik ist *Autopsy*. Es basiert auf *The Sleuth Kit* und ist kostenlos.<sup>5</sup> Mit dem Werkzeug können Hashsummen berechnet oder auch Multimediateile analysiert werden. Autopsy ist ein Single-Node Analyseprogramm und läuft vorzugsweise auf einem eigenen Analysecomputer pro Nutzer.

Es gibt auch die Möglichkeit das Programm kollaborativ zu verwenden. Dabei gibt es einen zentralen Netzwerkspeicher, welcher alle Beweismittel enthält. Es ist möglich mit mehreren Nutzern parallel am gleichen Fall zu arbeiten und Analyseergebnisse in Echtzeit zu teilen. Diese Art der verteilten Analyse zeigt Ähnlichkeiten zu dieser Thesis auf.

Allerdings geht es bei diesem kollaborativen Ansatz vielmehr darum, an einem großen Fall mit mehreren Nutzern zu arbeiten und Ergebnisse einfacher zusammenzutragen. Einzelne

<sup>1</sup>Siehe <https://metron.apache.org/> (Stand: 5.3.2018).

<sup>2</sup>Siehe <https://www.heise.de/developer/meldung/Cybersecurity-Apache-Metron-wird-Top-Level-Projekt-3695901.html> (Stand: 5.3.2018)

<sup>3</sup>Siehe <https://github.com/google/turbinia> (Stand 5.3.2018).

<sup>4</sup>Dies ist daran erkennbar, dass der letzte Commit in das Github-Repository am 26.01.2018 erfolgte.

<sup>5</sup>Siehe <https://www.sleuthkit.org/autopsy/> (Stand 5.3.2018).

Analysen finden aber immer nur auf einem konkreten Analysecomputer statt. Ein paralleler Verarbeitung durch eine horizontale Skalierung wird durch die Anzahl parallel arbeitender Nutzer geschaffen. Jedoch kann das System nicht automatisiert einzelne Analysen auf allen verfügbaren Knoten verarbeiten, wie es in dieser Thesis geplant ist.

Autopsy selbst bietet keine Möglichkeiten forensische Analysen im Cluster durchzuführen. Allerdings gibt es eine Variante des *The Sleuth Kits*, welche das gleiche Ziel verfolgt, wie in dieser Thesis. Hierbei wird die Funktionalität des *The Sleuth Kits* in einen Apache Hadoop Cluster übertragen (siehe [https://www.sleuthkit.org/tsk\\_hadoop/index.php](https://www.sleuthkit.org/tsk_hadoop/index.php)). Das Projekt selbst nutzt eben Apache Hadoop und auch Apache HBASE zur Speicherung von Datenträgern im Cluster. Zur Prozessierung der Daten wird allerdings nicht Apache Spark genutzt, sondern das Hadoop interne Map-Reduce Verfahren. Darüber hinaus wurden seit 2012 keine Änderungen an dem Open-Source Projekt gemacht (siehe Source-Code Repository auf GitHub unter [https://github.com/sleuthkit/hadoop\\_framework](https://github.com/sleuthkit/hadoop_framework)). Es ist nicht bekannt aus welchen Gründen die Datenverarbeitung im Cluster eingestellt wurde.

## A.2 Lizenzierungen in dieser Arbeit

- Die dargestellten Gantt-Diagramme (siehe Abbildungen 2.2, 2.3, 2.4) wurden mit der JavaScript-Bibliothek *dhtmlxGantt* erstellt. Das Projekt selbst ist unter <https://github.com/DHTMLX/gantt> zu finden. Der Quellcode ist unter der *GNU GPLv2*-Lizenz lizenziert. Die aktuelle Bibliothek kann unter <https://dhtmlx.com/docs/products/dhtmlxGantt/download.shtml> heruntergeladen werden. Stand: 21.3.2018.

Nachfolgend werden die Logos aufgelistet, welche in Abbildung 3.1 dargestellt werden. Die Logos der Projekte und die Projektnamen sind Handelsmarken der Apache Source Foundation (siehe <https://www.apache.org/>). Sie dürfen in Publikationen genutzt werden.<sup>6</sup>

- Apache Ambari<sup>TM</sup> Logo von <https://ambari.apache.org/>, Stand 21.3.2018.
- Apache Hadoop<sup>®</sup> Logo von <https://hadoop.apache.org/>, Stand 21.3.2018.
- Apache Spark<sup>TM</sup> Logo von <https://spark.apache.org/>, Stand 21.3.2018.
- Apache HBASE<sup>®</sup> Logo von <https://hbase.apache.org/>, Stand 21.3.2018.
- Apache Hive<sup>TM</sup> Logo von <https://hive.apache.org/>, Stand 21.3.2018.
- Apache Zookeeper<sup>TM</sup> Logo von <https://zookeeper.apache.org/>, Stand 21.3.2018.

---

<sup>6</sup>Siehe auch <https://www.apache.org/foundation/marks/>, Stand: 21.3.2018.

# B Datenimport

## B.1 Konfigurationsdateien

Nachfolgende Listings zeigen die minimale Konfigurationsdateien, welche beim Datenimport angegeben werden können. Diese werden genutzt um die Verbindung zum HDFS-Dateisystem und zur HBASE-Datenbank zu definieren.

```
1 <?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
2 <?xml-stylesheet type="text/xsl" href="configuration.xsl"?>
3 <!--
4   Following configuration describes how to connect to HDFS! -->
5 <configuration>
6   <property>
7     <name>fs.defaultFS</name>
8     <value>hdfs://localhost:9000</value>
9   </property>
10 </configuration>
```

Listing B.1: Minimale Konfiguration der Datei *hdfs-core.xml*

```
1 <?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
2 <?xml-stylesheet type="text/xsl" href="configuration.xsl"?>
3 <!--
4   Following configuration describes how to connect to HBASE! -->
5 <configuration>
6   <property>
7     <name>hbase.zookeeper.quorum</name>
8     <value>localhost</value>
9   </property>
10  <property>
11    <name>hbase.zookeeper.property.clientPort</name>
12    <value>2181</value>
13  </property>
14 </configuration>
```

Listing B.2: Minimale Konfiguration der Datei *hbase-site.xml*