

# Keras - Eine Einführung in das Maschinelle Lernen mit Tensorflow

Joshua Roschlaub - Hamburger Sternenwarte

August 2021

## Contents

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Die Funktionsweise von Neuronalen Netzen</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>Das erste eigene Netzwerk</b>	<b>2</b>
3.1	Installation von Tensorflow . . . . .	2
3.2	GPU Unterstützung . . . . .	2
3.3	Vorbereitung der Trainings- und Test-Daten . . . . .	3
3.3.1	Laden der Datensätze . . . . .	3
3.3.2	Normierung der Daten . . . . .	3
3.4	Erstellen des Netzwerks . . . . .	4
3.5	Trainieren des Netzwerks . . . . .	5
3.6	Testen des Netzwerks . . . . .	7
3.7	Die Confusion Matrix . . . . .	8
3.8	Netzwerke Speichern und Laden . . . . .	9
3.8.1	model.save . . . . .	9
3.8.2	model.to_json . . . . .	10
3.8.3	model.save_weights . . . . .	11
3.9	Die Convolutional Layer . . . . .	11
<b>4</b>	<b>Das HPC Rechencluster</b>	<b>14</b>
4.1	Grundwissen . . . . .	14
4.1.1	Hardware-Konfiguration . . . . .	14
4.1.2	Dateisysteme . . . . .	14
4.2	Arbeiten mit TensorFlow auf dem HPC Cluster . . . . .	14
4.2.1	Einrichtung des Zugangs . . . . .	14
4.2.2	Installation von Anaconda und Tensorflow . . . . .	15
4.2.3	Batch-Verarbeitung . . . . .	16

# 1 Einleitung

Keras ist eine Open Source Bibliothek, mit welcher der Einstieg in das Arbeiten mit Machine Learning so unkompliziert wie möglich gehalten werden soll. Deswegen ist diese API besonders benutzerfreundlich und erlaubt in nur wenigen Schritten von der Idee zur Implementation und Verwendung eines Neuronalen Netzwerkes zu gelangen. Keras ist in Python geschrieben und seit Tensorflow 1.4 Teil der Tensorflow Core API.

Dieser Text soll für einen komfortablen Einstieg in die Verwendung von Keras und die Arbeit mit Neuronalen Netzen sorgen. Dazu wird in Kapitel 2 zunächst ein Überblick über die konzeptionelle Funktionsweise von Neuronalen Netzen gegeben. In Kapitel 3 wird die Verwendung von Keras anhand eines einfachen Beispiels, welches sich mit der automatischen Erkennung von handschriftlich geschriebenen Ziffern beschäftigt, Schritt für Schritt erläutert. Das Kapitel 4 beschäftigt sich mit dem HPC (High Performance Computing), häufig auch als Hummel Cluster bezeichnet, der Universität Hamburg. Dabei wird ein Überblick in die Funktionsweise des Clusters gegeben sowie detailliert erklärt, wie die Arbeit mit TensorFlow auf dem Cluster möglich ist.

## 2 Die Funktionsweise von Neuronalen Netzen

## 3 Das erste eigene Netzwerk

### 3.1 Installation von Tensorflow

Das Keras Paket mittlerweile ist seit 2017 ein Teil der Kernbibliothek von Tensorflow. Das bedeutet, dass Keras vollständig in der Installation von Tensorflow enthalten ist. Tensorflow kann sowohl mit pip, als auch mit conda über einen Konsolenbefehl installiert werden.

```
pip install tensorflow
```

```
conda install tensorflow
```

### 3.2 GPU Unterstützung

Dieses Kapitel beschäftigt sich mit der GPU Unterstützung von TensorFlow und der implementierten Keras API und wie Code auf der GPU ausgeführt werden kann.

Code aus der TensorFlow Bibliothek wird ohne zusätzliche Eingabe auf der GPU laufen. Die einzige Voraussetzung dafür ist eine CUDA-fähige Grafikkarte, also eine NVIDIA-GPU der G8x Generation oder neuer. CUDA-fähig sind außerdem alle Karten der GeForce, Quadro und Tesla Reihen. Ist diese Voraussetzung erfüllt und erkennt TensorFlow sowohl eine CPU als auch eine GPU, wird automatisch die GPU verwendet. Ist dies nicht gewünscht, besteht trotzdem die Möglichkeit den Code auf der CPU auszuführen.

## 3.3 Vorbereitung der Trainings- und Test-Daten

### 3.3.1 Laden der Datensätze

Zu Beginn muss geklärt werden, welchen Typ der Datensatz hat, mit dem gearbeitet werden soll. In diesem Beispiel soll ein Netzwerk erstellt werden, mit dem handschriftlich geschriebene Ziffern erkannt werden sollen. Um das Netzwerk zu trainieren und anschließend testen zu können, wird ein ausreichend großer Datensatz benötigt. Hierzu bietet sich der MNIST Datensatz von handschriftlich geschriebenen Ziffern an, welcher aus einem Trainings- und einem Testset besteht. Das Trainingsset beinhaltet 60.000 Bilder und das Testset weitere 10.000. Alle Bilder sind dabei im selben 28x28 Format. Zu jedem einzelnen Bild gibt es ein zugehöriges label, welches einen ganzzahligen Wert zwischen 0 und 9 hat.

Das Laden der beiden Datensätze ist mit Keras sehr unkompliziert möglich. Zunächst muss tensorflow importiert werden, wobei optional ein alternative Bezeichnung gewählt werden kann.

```
import tensorflow as tf
from tensorflow import keras
```

Anschließend kann der MNIST Datensatz geladen werden.

```
mnist = keras.datasets.mnist
(train_samples, train_labels) = mnist.load_data()[0]
(test_samples, test_labels) = mnist.load_data()[1]
```

Die Liste train\_samples beinhaltet die Bilddaten der 60.000 Trainingsbilder und hat den shape (60000, 28, 28). Die Liste train\_labels beinhaltet die zugehörigen labels und hat somit den shape (60000,). Die beiden Listen test\_samples und test\_labels beinhalten entsprechend die Bilddaten und labels der 10.000 Bilder aus dem Test-Datensatz. Mit dem Befehl plt.imshow() können die Bilder in der Konsole ausgegeben werden. Der folgende Code stellt die ersten 10 Bilder aus dem Trainingsdatensatz und die zugehörigen labels dar.

```
for i in range(10):
    plt.imshow(test_samples[i])
    plt.show()
    print("label:", test_labels[i])
```

### 3.3.2 Normierung der Daten

Die einzelnen Einträge in den Bildern der hangeschriebenen Ziffern aus dem MNIST Datensatz sind ganzzahlige Schwarz-Weiß-Werte zwischen 0 und 255. Möchte man Daten zum trainieren eines Neuronalen Netzwerks verwenden, ist es allgemein sinnvoll diese Daten vorher zu normieren. Damit ist gewährleistet, dass Daten mit unterschiedlichen Größenordnung besser miteinander kombiniert

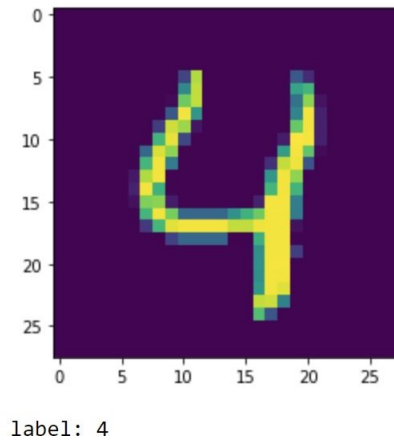


Figure 1: Bild einer handgeschriebenen Ziffer aus dem MNIST Datensatz mit dem zugehörigen label.

werden können und insbesondere das Training bestmöglich funktioniert. Um das zu verstehen, betrachten wir ein einfaches Beispiel. Angenommen es soll versucht werden zu ermitteln, ob einem Kunden ein Darlehen gegeben werden soll. Die zur Verfügung stehenden Variablen seien Altern und Einkommen. Sei die Gleichung von folgender Form:

$$Y = \text{Gewicht1} * \text{Alter} + \text{Gewicht2} * \text{Einkommen} + \text{Konstante}$$

Das Alter und Einkommen liegen aber in einer völlig anderen Größenordnung. Somit sind auch die Gewichte 1 und 2 nicht mehr vergleichbar und es nicht eindeutig, ob dem Alter oder dem Einkommen eine größere Bedeutung zugeordnet wird. Um die Gewichte und Daten auf eine vergleichbare Größenordnung zu bringen, werden die Daten vor dem Training normiert. In der Regeln erhöht das sowohl die Treffergenauigkeit des Netzwerks, als auch die Geschwindigkeit des Trainings.

Für die Normierung der Daten kann die `normalize()` Funktion von Keras genutzt werden. Dadurch werden die Daten auf eine Größe zwischen 0 und 1 skaliert.

```
train_samples = tf.keras.utils.normalize(train_samples, axis=1)
test_samples = tf.keras.utils.normalize(test_samples, axis=1)
```

### 3.4 Erstellen des Netzwerks

Nun sind die Trainings- und Test-Datensätze in Form von Numpy-arrays bereitgestellt und es kann ein einfaches Netzwerk erstellt werden, welches anschließend mit diesen Daten trainiert und getestet wird. Um die Lesbarkeit des Codes zu erhöhen, bietet es sich an, folgende Module der Keras API einzeln zu importieren.

```

from tensorflow.keras.models import Sequential
from tensorflow.keras.layers import Activation, Dense, Flatten,
                                Conv2D, MaxPool2D
from tensorflow.keras.metrics import Accuracy

```

Dadurch kann beispielsweise die `Sequential()` Funktion ohne vorhergehende Abhängigkeiten aufgerufen werden. In diesem Beispiel wird zunächst ein Neuronales Netzwerk der Klasse `Sequential` erstellt.

```

model = Sequential([
    Flatten(),
    Dense(units=128, activation='relu'),
    Dense(units=10, activation='softmax')
])

```

Die erste Layer beinhaltet keinerlei Parameter. Sie wandelt die eingegebenen Daten von einem mehrdimensionalen Vektor in einen eindimensionalen Vektor um. Dadurch werden die Bilddaten von der Form (28,28) in die Form (784,) gebracht.

Die zweite Layer ist eine Dense Layer und beinhaltet insgesamt 128 Neuronen. Diese Ebene beinhaltet somit 100.480 Parameter, da jedes Neuron aus der zweiten Ebene einen einzelnen bias sowie für jedes Neuron aus der ersten Ebene ein weiteres Gewicht benötigt. Als activation function wird die ReLU Funktion verwendet, welche positive Werte unverändert lässt und negative Werte Null setzt.

Auch die dritte Layer ist eine Dense Layer. Hier befinden sich die zehn Ausgabe-Neuronen, wodurch dem Modell weitere 1408 Parameter hinzugefügt werden. Als activation function bietet sich nun die softmax function an. Diese hat einen Wertebereich zwischen 0 und 1, wobei sich alle Ausgabewerte dieser Ebene zu 1 addieren.

Bevor das Modell trainiert werden kann, muss die `compile` Funktion aufgerufen werden. Dabei werden die loss-function, der optimizer sowie die beim Training zu verwendene Metrik festgelegt.

```

model.compile(optimizer='adam',
              loss='sparse_categorical_crossentropy',
              metrics=['accuracy'])

```

### 3.5 Trainieren des Netzwerks

In diesem Abschnitt wird das erstellte Modell mit den Trainings-Daten trainiert. Dafür wird die `fit` Funktion verwendet. Als Parameter wird der Funktion der Trainings-Datensatz, die Label des Trainings-Datensatzes und die Anzahl der Epochen übergeben. Durch den `validation_split` wird der Trainings-Datensatz in zwei Teile aufgespalten. Mit den ersten 90% der Daten wird das Modell im Anschluss in 30 Epochen trainiert werden. Mit den letzten 10% der Daten

wird das Modell während des Trainings getestet, um auf ein Overfitting zu überprüfen. Dieser Teil der ursprünglichen Trainings-Daten wird somit nicht mehr zum trainieren verwendet. Die `batch_size` reguliert, mit wie vielen Elementen der Trainings-Daten gleichzeitig trainiert wird. Der Boolean `shuffle` ist standardmäßig auf `True` eingestellt. Dies sorgt dafür, dass der Trainings-Datensatz vor jeder Epoche gemischt wird. Dies geschieht nach der Auswahl des `validation_split`, sodass sich die validation-Daten während des Trainings nicht ändern.

```
history = model.fit(train_samples, train_labels, epochs=30,  
                    validation_split=0.1, batch_size=120, shuffle=True)
```

In der Variable `History` werden die Treffergenauigkeiten sowie Verlust-Werte nach den einzelnen Epochen gespeichert. Auf diese Daten kann zugegriffen werden, um eine graphische Darstellung der Treffer-Genauigkeit und Loss-Funktion von Trainings- und Validation-Daten zu erhalten. Diese sind in Abbildungen 2 und 3 dargestellt. Wichtig ist, dass hierfür ein `validation-Split` der Trainings-Daten notwendig ist.

```
plt.plot(history.history['accuracy'])  
plt.plot(history.history['val_accuracy'])  
plt.title('model accuracy')  
plt.ylabel('accuracy')  
plt.xlabel('epoch')  
plt.legend(['training', 'validation'], loc='upper left')  
plt.show()
```

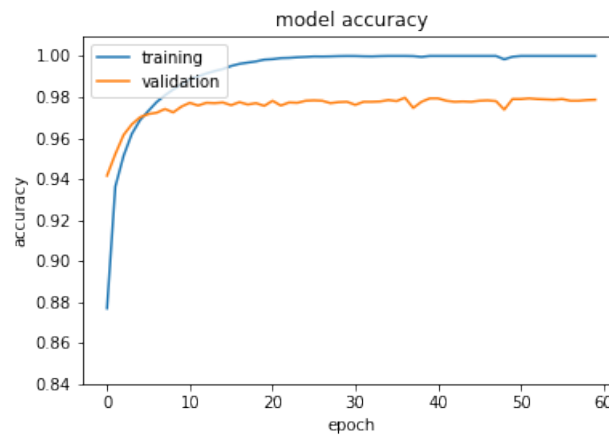


Figure 2: Kurve der Treffergenauigkeit des Modells mit Trainings- und Validation-Daten.

```
plt.plot(history.history['loss'])
plt.plot(history.history['val_loss'])
plt.title('model loss')
plt.ylabel('loss')
plt.xlabel('epoch')
plt.legend(['training', 'validation'], loc='upper left')
plt.show()
```

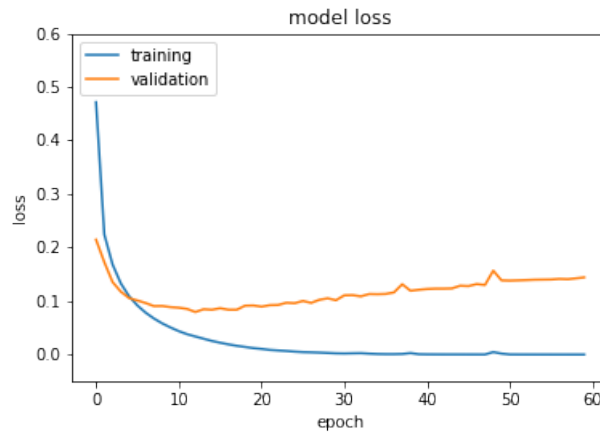


Figure 3: Kurve der Loss-Funktion des Modells mit Trainings- und Validation-Daten.

In der Abbildung 2 ist zu sehen, dass die Treffergenauigkeit des Modells bei den Trainings-Daten annähernd bei 1 ist. Gleichzeitig liegt die Treffergenauigkeit bei den validation-Daten etwa 2% niedriger. Außerdem ist in Abbildung 3 zu erkennen, wie die loss-Kurve der validation-Daten nach den ersten Epochen kontinuierlich steigt. Beides sind klare Indizien für ein sogenanntes Overfitting, was soviel bedeutet wie, dass das Modell immer schlechter generalisieren kann.

### 3.6 Testen des Netzwerks

Nun ist das Netzwerk trainiert und das Modell kann benutzt werden, um Vorhersagen über noch unbekannte Daten treffen zu können. Dazu kann die predict-Funktion von Keras aufgerufen werden. Diese nimmt als Eingabe die Liste von Test-Daten und gibt als Ausgabe die Werte der Neuronen aus der output-Layer zurück. In diesem Fall also eine Liste mit zehn Werten zwischen 0 und 1. Die Summe dieser zehn Werte ergibt auch hier wieder 1, da bei der Erstellung des Netzwerks für die activation function der output-Layer softmax gewählt wurde.

```
predictions = model.predict(x=test_samples)
```

Die Liste predictions beinhaltet nun 10.000 Einträge von Listen mit je 10 Werten, also zu jedem Test-Bild die Werte der 10 output-Neuronen. Um daraus die vom Modell getroffenen Vorhersagen abzuleiten, können die Werte der output-Neuronen als Wahrscheinlichkeiten aufgefasst werden. Interessant ist also nur, welcher dieser Werte am größten ist. Mithilfe der Numpy-Funktion argmax kann eine neue Liste der Ziffern mit den jeweils größten Wahrscheinlichkeiten erstellt werden.

```
rounded_predictions = np.argmax(predictions, axis=-1)
```

Da die wahren Label der Test-Daten bekannt sind, lässt sich auch die Treffergenauigkeit dieser Vorhersagen ausgeben. Dazu kann die Klasse Accuracy von Keras verwendet werden. Diese ermöglicht einen Vergleich der wahren labels mit den Vorhersagen und eine Ausgabe der Treffergenauigkeit.

```
accuracy = Accuracy()
accuracy.update_state(y_true=test_labels, y_pred=rounded_predictions)
accuracy.result().numpy()
```

### 3.7 Die Confusion Matrix

Eine Confusion Matrix ist eine anschauliche Art die Funktionsweise eines Netzwerks zu überprüfen. Die Idee ist relativ simpel: Durch gegenüberstellen von Labels und Vorhersagen kann nachvollzogen werden, wie häufig eine Ziffer richtig vorhergesagt und wie häufig sie für eine andere Ziffer gehalten wurde. Mit der Bibliothek Scikit-learn lässt sich eine solche Confusion Matrix unkompliziert ausgeben. Nach der Installation kann das Modul confusion\_matrix importiert werden.

```
from sklearn.metrics import confusion_matrix
```

Anschließend kann eine neue Confusion Matrix angelegt werden. Als Parameter müssen die wahren Labels und die vorhergesagten Ziffern übergeben werden.

```
cm = confusion_matrix(y_true=test_labels, y_pred=rounded_predictions)
```

Mit dem folgenden Code von der offiziellen [Scikit-learn Website](#) kann die Confusion Matrix dargestellt werden. Dort wird die Funktion plot\_confusion\_matrix definiert, die hier in einer leicht veränderten Version benutzt wird.

```
def plot_confusion_matrix(cm, classes,
                          normalize=False,
                          title='Confusion Matrix',
                          cmap=plt.cm.Blues):
    """
    Diese Funktion printet und plottet die Confusion Matrix
    """
    plt.imshow(cm, interpolation='nearest', cmap=cmap)
    plt.title(title)
```



```

plt.colorbar()
tick_marks = np.arange(len(classes))
plt.xticks(tick_marks, classes, rotation=45)
plt.yticks(tick_marks, classes)

if normalize:
    cm = cm.astype('float') / cm.sum(axis=1)[:, np.newaxis]
    print("Normalized confusion matrix")
else:
    print("Confusion matrix, without normalization")

print(cm)

thresh = cm.max() / 2
for i, j in itertools.product(range(cm.shape[0]), range(cm.shape[1])):
    plt.text(j, i, cm[i, j],
             horizontalalignment="center",
             color="white" if cm[i, j] > thresh else "black")

plt.tight_layout()
plt.ylabel('True label')
plt.xlabel('Predicted label')

```

Beim Aufrufen dieser Funktion müssen zusätzlich zu der Confusion Matrix die Labels übergeben werden, in diesem Fall eine Liste mit den Ziffern von 0 bis 9. Außerdem kann mit dem Parameter `normalize` ausgewählt werden, ob die absoluten oder normierten Werte in der Matrix zu sehen sein sollen.

```

cm_plot_labels = range(10)
plot_confusion_matrix(cm=cm, classes=cm_plot_labels,
                      title='Confusion Matrix', normalize=False)

```

Ein mögliches Ergebnis ist in Abbildung 4 dargestellt. Hieraus lassen sich unter Umständen interessante Schlüsse ziehen. Beispielsweise dass die 5 relativ häufig für eine 3 gehalten wird und dass die 0 im Vergleich zu anderen Ziffern besonders häufig richtig erkannt wird.

## 3.8 Netzwerke Speichern und Laden

Es gibt eine Vielzahl an Möglichkeiten ganze Netzwerke, lediglich die Gewichte oder auch nur die Modell-Strukturen abzuspeichern, um sie zu einem späteren Zeitpunkt laden zu können.

### 3.8.1 `model.save`

Mit der `model.save` Funktion von Keras kann das gesamte Netzwerk gespeichert werden. Dies beinhaltet die Struktur, die Gewichte, die Trainingskonfigurationen

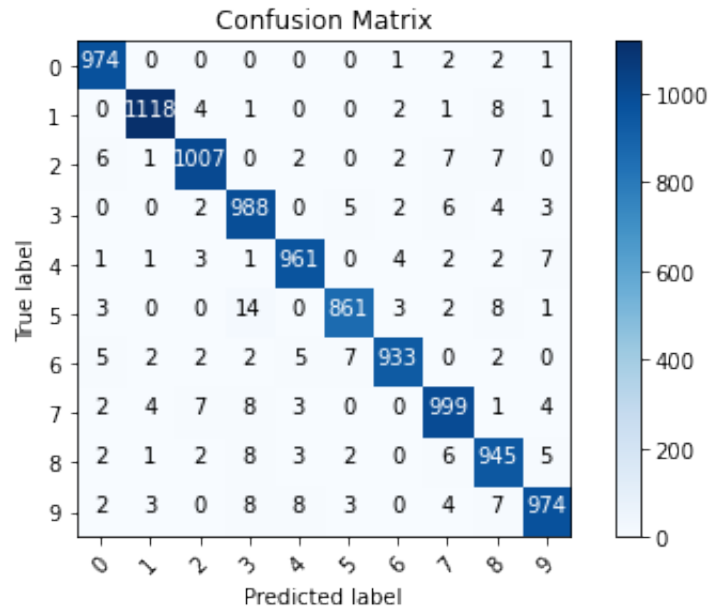


Figure 4: Confusion Matrix des Netzwerks zur Erkennung von handschriftlich geschriebenen Zahlen.

welche im compiler festgelegt wurden und den Status des Optimizers, wodurch dass Training auch bei einem Abbruch wieder fortgesetzt werden kann. Die `model.save` Funktion speichert alle diese Daten in einer H5-Datei.

```
model.save('digit_recognizer_model.h5')
```

Das Netzwerk kann anschließend mit Hilfe der `load_model` Funktion unter einem anderen Namen geladen werden.

```
from tensorflow.keras.models import load_model
model1 = load_model('digit_recognizer_model.h5')
```

### 3.8.2 model.to\_json

Mithilfe der `model.to_json` Funktion wird ausschließlich die Struktur des Modells, also die Anzahl und Konfiguration der Ebenen, in einem json-String abgespeichert.

```
json_string = model.to_json()
```

Mit der `model_from_json` Funktion von Keras kann der json-String eingelesen und ein neues Modell mit der alten Struktur, aber neuen Gewichten erstellt werden.

```
from tensorflow.keras.models import model_from_json
model2 = model_from_json(json_string)
```

### 3.8.3 model.save\_weights

Die model.save\_weights Funktion von Keras ermöglicht es, lediglich die Gewichte eines Netzwerks abzuspeichern. Auch hierfür wird wieder eine H5 Datei verwendet.

```
model.save_weights('my_weights.h5')
```

Zum Einlesen der Gewichte muss zunächst wieder ein neues Modell erstellt werden. Die Struktur dieses neuen Modells muss zur Anzahl der angespeicherten Gewichte passen.

```
model3 = Sequential([
    Flatten(),
    Dense(units=128, activation='relu'),
    Dense(units=10, activation='softmax')
])
```

Anschließend können die alten Gewichte mit dem neuen Modell geladen werden. Hierfür wird die load\_weights Funktion von Keras benutzt.

```
model3.load_weights('my_weights.h5')
```

## 3.9 Die Convolutional Layer

Besonders bei der Bilderkennung sind Convolutional Layer sehr nützlich, denn sie können dabei helfen, die für das Modell interessanten Teile eines Bildes von dem Hintergrund und uninteressanten Teilen zu trennen. Im Folgenden wird eine Conv2D-Layer verwendet, die mit zweidimensionalen Daten funktioniert. Bis jetzt haben die Trainings- und Test-Daten die Form (28,28), allerdings erwartet die Conv2D-Layer ein dreidimensionales Numpy-Array als Eingabe. Deswegen müssen die Trainings- und Test-Daten zunächst in die Form (28,28,1) gebracht werden.

```
train_samples = train_samples.reshape(len(train_samples), 28, 28, 1)
test_samples = test_samples.reshape(len(test_samples), 28, 28, 1)
```

Anschließend kann ein neues Modell erstellt werden. Dieses hat zwei Convolutional Layer mit 32 und 64 Neuronen. Hinter diesen beiden Layern wird jeweils eine MaxPool2D-Layer eingebaut, welche Overfitting reduzieren und die Komplexität des Modells verringern soll. Zusätzlich werden eine Dense-Layer mit 128 Neuronen sowie eine Dense-Layer mit 10 Neuronen eingebaut.

```
model = Sequential([
    Conv2D(filters=32, kernel_size=(3,3), activation='relu', padding='same', input_shape=(28, 28, 1)),
    MaxPool2D(pool_size=(2,2)),
    Conv2D(filters=64, kernel_size=(3,3), activation='relu', padding='same'),
    MaxPool2D(pool_size=(2,2)),
    Flatten(),
    Dense(units=128, activation='relu'),
    Dense(units=10, activation='softmax')
])
```

```
Dense(units=128, activation='relu'),  
      Dense(units=10, activation='softmax')  
)
```

Auch dieses Modell muss, analog zu dem Netzwerk in Abschnitt 3.4, kompiliert werden.

```
model.compile(optimizer='adam',  
              loss='sparse_categorical_crossentropy',  
              metrics=['accuracy'])
```

Anschließend kann das Modell trainiert werden. Dies funktioniert wieder wie in Abschnitt 3.5. Der Prozess des Trainings kann in den Abbildungen und gesehen werden. Hier sind die Kurven der Treffergenauigkeiten und Verlust-Funktionen für Trainings- und Validation-Daten dargestellt. Zu sehen ist, dass der Verlauf der Loss-Funktion der Validation-Daten im Vergleich zu Abbildung 3 zwar abgeflacht ist, aber auch hier noch eine leichte Steigung hat.

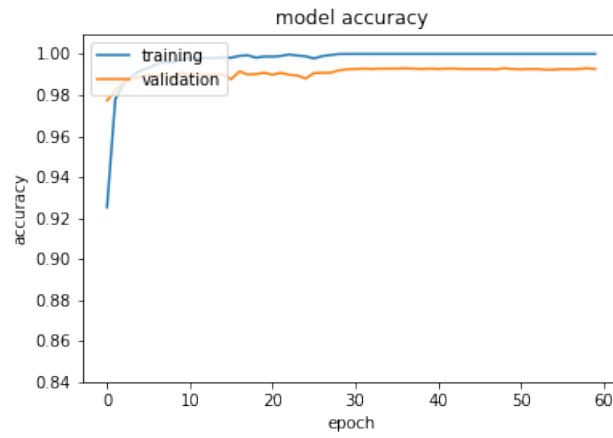


Figure 5: Kurve der Treffergenauigkeit des Modells mit Convolutional Layer für Trainings- und Validation-Daten.

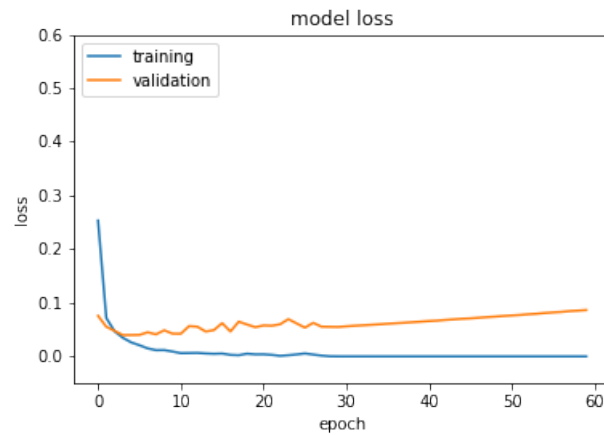


Figure 6: Kurve der Loss-Funktion des Modells mit Convolutional Layer für Trainings- und Validation-Daten.

## 4 Das HPC Rechencluster

Dieses Kapitel gibt einen Überblick über den Aufbau des Hummel Rechenclusters und die Verwendung der Rechenkapazitäten in Hinblick auf Machine Learning. Eine umfangreiche Dokumentation findet sich auf der [offiziellen Website](#).

### 4.1 Grundwissen

#### 4.1.1 Hardware-Konfiguration

#### 4.1.2 Dateisysteme

### 4.2 Arbeiten mit TensorFlow auf dem HPC Cluster

#### 4.2.1 Einrichtung des Zugangs

Um von außerhalb des Uni Netzwerks mit dem HPC Rechenzentrum arbeiten zu können, muss zunächst eine Verbindung mit dem VPN der Universität Hamburg hergestellt werden. Eine Anleitung dazu findet sich auf der [Uni-Hamburg Website](#). Im zweiten Schritt muss die Freischaltung von dem Support [hpc@uni-hamburg.de](mailto:hpc@uni-hamburg.de) vorgenommen werden. Dies erfolgt per Austausch eines öffentlichen ssh Schlüssels. Ein neues Schlüsselpaar vom Typ RSA kann mit den folgenden Befehlen erstellt und verwendet werden. Die Schlüssellänge sollte nicht unter 4096 bits betragen.

```
ssh-keygen -t rsa -b 4096 -f $HOME/.ssh/id_rsa_hummel
ssh -i $HOME/.ssh/id_rsa_hummel
```

Nun kann die Verbindung zum Rechenzentrum von der Konsole aus per secure shell (ssh) hergestellt werden. Es sind zwei login-Gateways verfügbar.

```
hummel1.rrz.uni-hamburg.de
hummel2.rrz.uni-hamburg.de
```

Beides sind lediglich Gateways und nur für den login zu verwenden. Die beiden Ordner \$WORK und \$HOME sind jedoch verfügbar, sodass Daten per "secure copy" (scp) kopiert werden können. Auf den Front-End-Knoten kann sich von den Login-Knoten per ssh verbunden werden.

```
ssh front1
ssh front2
```

Beide Schritte können in einem Befehl zusammengefasst werden, wobei das -t für ein interaktives Terminal sorgt.

```
ssh -t Stine-Kennung@hummel1.rrz.uni-hamburg.de ssh front1
```

#### 4.2.2 Installation von Anaconda und Tensorflow

Um Anaconda und Tensorflow auf den Compute Clustern des HPC Rechenzentrums benutzen zu können, muss zunächst der Anaconda3-Installer von der [Anaconda Website](#) heruntergeladen werden. Um die Installation durchführen zu können, muss der Installer in den persönlichen \$WORK-Ordner kopiert werden. Dafür bietet sich SCP (Secure Copy Protocol) an. Zuerst wird der Pfad zur zu kopierenden Datei angegeben. Dahinter muss die Adresse des Rechenclusters sowie der Pfad zum \$WORK Ordner angegeben werden. Bei Problemen mit der ssh-key Authentifizierung kann es helfen, nach dem „scp“ per „-i /.ssh/ssh-key“ auf die entsprechende ssh Identität zu verweisen.

```
scp home/Pfad/zu/Anaconda3-2021.05-Linux-x86_64.sh  
Stine-Kennung@hummel1.rrz.uni-hamburg.de:/work/Stine-Kennung/
```

Nun kann die eigentliche Installation von Anaconda gestartet werden. Dazu kann die entsprechende bash Datei mit dem Befehl

```
bash Anaconda3-2021.05-Linux-x86_64.sh
```

ausgeführt werden. Zu Beginn muss die Lizenz-Vereinbarung akzeptiert werden, danach läuft die Installation automatisch bis zum Ende. Der Pfad zur ausführbaren Datei conda.sh sollte anschließend in der Datei .bashrc im home Ordner eingetragen werden. Dazu kann die .bashrc Datei beispielsweise mit VIM geöffnet und bearbeitet werden. Der Eintrag könnte dann wie folgend aussehen.

```
/work/Stine-Kennung/anaconda3/etc/profile.d/conda.sh
```

Nun muss die Installation aktiviert werden.

```
source ~/.bashrc
```

Danach kann überprüft werden, ob die Installation erfolgreich war. Mit dem folgenden Befehl werden alle Pakete der aktuellen Anaconda Umgebung angezeigt.

```
conda list
```

War das erfolgreich, kann optional eine neue Anaconda Umgebung eingerichtet werden. In diesem Fall wird eine neue Python3 Umgebung mit dem Namen my\_env erstellt und anschließend aktiviert.

```
conda create --name my_env python=3  
conda activate my_env
```

Bei Bedarf kann nun der conda Befehl benutzt werden, um TensorFlow und matplotlib zu installieren.

```
conda install tensorflow  
conda install matplotlib
```

Die Installation ist nun abgeschlossen. Wird die aktuelle Sitzung geschlossen, können Anaconda und die gewünschte Umgebung mit den Befehlen

```
source ~/.bashrc
conda activate my_env
```

wieder aktiviert werden.

#### 4.2.3 Batch-Verarbeitung

Um einen Compute-Job auf einem der Rechenknoten ausführen zu lassen, muss das Batch-System verstanden werden. Auf dem Hummel wird das Batch-System SLURM (Simple Linux Utility for Resource Management) verwendet. Eine umfangreiche Dokumentation findet sich auf der [Slurm Website](#).

Um einen Job zu erstellen, wird ein Job-Skript benötigt. Dies ist nur ein Bash-Skript mit besonderen Befehlen für die Job-Durchführung in den obersten Zeilen. Hier soll zunächst ein Job erstellt werden, der die Datei run\_example.py ausführt. Das zugehörige Job-Skript keras\_example.sh kann dann wie folgt aussehen.

```
#!/bin/bash
# Hier werden die Job-Parameter festgelegt:
#SBATCH --job-name=keras_example
#SBATCH --partition=gpu
# Die gewünschte Partition. Hier der GPU-Knoten.
#SBATCH --nodes=1
#SBATCH --tasks-per-node=16
#SBATCH --time=00:10:00
# Zeitlimit nicht vergessen!
#SBATCH --export=NONE
#SBATCH --output=keras_example_output
#SBATCH --error=keras_example_error
#SBATCH --mail-user=name@studium.uni-hamburg.de
# Mail-Adresse muss geändert werden!
#SBATCH --mail-type=ALL
# Alternativ: BEGIN, END, FAIL

# Abbruch bei erstem Fehler.
set -e

# Hier wird zunächst die benötigte Umgebung inklusive aller Module geladen.
module switch env env/2020Q3-gcc-openmpi
source ~/.bashrc
conda activate my_env
module load cuda
```



```
# Hier beginnt die eigentliche Arbeitsanweisung.  
python $HOME/scripts/run_example.py
```

Eine Sammlung der wichtigsten SLURM Befehle findet man auf der [Website des Hummel Rechenzentrums](#). In die oberste Zeile kommt, wie bei jedem bash-Skript, der Hash-Bang. Darunter werden die Job-Parameter mit Kommentaren und dem Wort „SBATCH“ festgelegt. Der Job-Name ist in diesem Fall `keras_example`. Dieser ist öffentlich und bei der Auflistung aller laufenden Jobs zu sehen. Als Partition wurde hier der GPU-Knoten gewählt. Andere verfügbare Partitionen sind, sofern freigeschaltet, der Standard-Knoten `std`, der große Knoten `big`, der Spezial-Knoten `spc` und die Default-Partition `all`, welche alle Knoten der Partitionen `std` und `big` beinhaltet. Anschließend kann die Anzahl der Rechen-Knoten, die Anzahl der Tasks pro Knoten und die maximale Durchlaufsdauer des Jobs ausgewählt werden. Ebenfalls festgelegt werden die Namen der `output` und `error` Dateien, welche während der Durchführung des Jobs im aktuellen Verzeichnis angelegt werden. Benachrichtigungen über den Beginn, das Ende oder einen Abbruch des Jobs können an eine Mail-Adresse versendet werden. Hier sollte möglichst eine Mail-Adresse der Universität Hamburg genutzt werden.

## References