

УДК 519.622.2

Н. В. Варех, О. Я. Вольфсон, О. А. Падалка

*Дніпровський національний університет імені Олеся Гончара***ДОСЛІДЖЕННЯ ЖИТТЄВОГО ЦИКЛУ
КОМП'ЮТЕРНИХ ВІРУСІВ**

В роботі досліджується динаміка життєвого циклу комп'ютерних вірусів, яка описується системами з післядією.

Ключові слова: *SIR, інкубаційний період, антивірус, запізнювання, метод кроків.*

В работе исследуется динамика жизненного цикла компьютерных вирусов, которая описывается системами с последствием.

Ключевые слова: *SIR, инкубационный период, антивирус, запаздывание, метод шагов.*

This article is devoted to the research of the dynamics of the spread of computer viruses in the network. The model, which is considered in the article, is based on the SIR model, which was proposed by Kermack W. and O. McKendrick A.G. In accordance with this model, individuals are divided into three groups: susceptible, infected, and cured. Individuals move from the first group to the second, and from the second to the third. The total number of individuals remains constant over time. The changes in individuals in groups are described by a system of three differential equations. In the equations, there are coefficients that are associated with the rate of infection and the rate of treatment. The total rate of change in the number of individuals in the three groups is zero. In this article, a modification of the SIR model was made. In each equation was introduced deviating argument. The deviating argument mathematically expresses the impact of the aftereffect of the processes of infection and treatment. The impact of deviating argument on the dynamics of the spread of computer viruses in the network is considered in the work. Systems of three and of two equations are considered for different values of the deviating argument. The initial problems for these systems with the help of analytical methods are reduced to Cauchy problems, which are solved by numerical methods using a fourth-order Runge-Kutta algorithm. The results are presented in the form of graphs that express the dependence of the number of computers on time. The article analyzes the results obtained and makes conclusions. These studies are new and relevant now and can be used in subsequent studies of computer viruses. The model can be modified and improved. The article may be of interest to specialists who are engaged in

© Варех Н. В., Вольфсон О. Я., Падалка О. А., 2018

research in the field of computer technology, as well as mathematicians who are engaged in the construction and research of mathematical models.

Keywords: *SIR, incubation period, antivirus, delay, step's method.*

Вступ. У наш час глобальною стала проблема зараження комп'ютерів хакерськими, фішинговими програмами та вірусами. Вберегтися від цього складно навіть професійному користувачу ПК, навіть з найсучаснішим антивірусом. Наприклад, лише минулого року з'явилося два глобальних комп'ютерних віруси WannaCry та Xdata. У зв'язку з цим дослідження динаміки розповсюдження комп'ютерних вірусів у мережі є дуже корисним та актуальним.

Аналіз літературних даних. Широкою популярністю в математичному моделюванні епідемій користується робота [1]. Ця модель вважається узагальненою, оскільки підхід до моделювання, який запропонували автори, використовується й сьогодні.

Однак, з'явилися більш сучасні роботи, які також описують процес моделювання хвороб та епідемій, причому в систему диференціальних рівнянь вводиться відхилення аргументу, наприклад, [2] та [3].

Постановка задачі. В основу дослідження було взято SIR-модель Kermack and McKendrick [1], в якій популяція індивідів (у нашому випадку – мережа комп'ютерів) розділена на декілька груп:

група сприятливих індивідів: $S(t)$ – чутливі індивіди, в певний момент часу можуть захворіти;

група інфікованих індивідів: $I(t)$ – заражені, вони здатні передавати інфекцію сприятливим до неї індивідам;

група резистентних індивідів: $R(t)$ – це можуть бути індивіди, які перехворіли та набули імунітету до хвороби або індивіди несприятливі до інфекції. Вони не здатні передавати хворобу іншим та хворіти знову.

В цій роботі було поставлено за мету продовжити дослідження, які проводились раніше [5], та дослідити залежність проходження епідемії від інкубаційного періоду зараження й часу дії антивірусу та співвідношення між ними.

Основний матеріал. Було розроблено програму, яка будує графіки, що відображають життєвий цикл вірусів по групах комп'ютерів, з яких можна побачити початкові кількості комп'ютерів у групах та їхню зміну із часом під впливом вірусів.

Розглянемо модель з «інкубаційним періодом» на двох групах індивідів, яка описується такою системою з двох диференціальних рівнянь:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \frac{\beta SI(t - \tau(t))}{N} - \mu S + \gamma I(t - \tau(t)), \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI(t - \tau(t))}{N} - \gamma I(t - \tau(t)) - \mu I(t - \tau(t)), \end{cases}$$

де β – частота зараження, γ – середня тривалість дії антивірусної програми, μ – коефіцієнт виживання.

Модифікуємо цю модель, а саме будемо вважати, що величина запізнювання, що відповідає інкубаційному періоду, у загальному випадку не дорівнює величині запізнювання, що відповідає дії антивірусної програми. Отримаємо таку модель:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \frac{\beta SI(t - \tau_1(t))}{N} - \mu S + \gamma I(t - \tau_2(t)), \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI(t - \tau_1(t))}{N} - \gamma I(t - \tau_2(t)) - \mu I(t - \tau_1(t)), \end{cases}$$

В цій моделі наявні 2 типи відхилень: $\tau_1(t)$ – відхилення, яке інтерпретується, як інкубаційний період вірусу, $\tau_2(t)$ – відхилення, що стосується роботи антивірусної програми. Розглянемо, як змінюється динаміка розповсюдження вірусу у випадках, коли

- 1) $\tau_1(t) > \tau_2(t)$;
- 2) $\tau_1(t) = \tau_2(t)$;
- 3) $\tau_1(t) < \tau_2(t)$.

Виберемо такі параметри:

$$\beta = 0.04, \gamma = 0.008, S(0) = 1000, I(0) = 0.$$

Розглянемо випадок, коли $\tau_1 = 20$, $\tau_2 = 5$

Отримаємо такі результати, як показано на рис. 1.

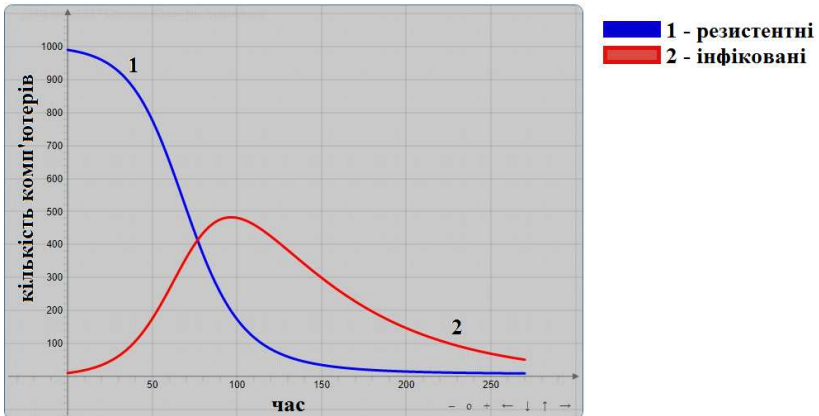


Рисунок 1 – Залежність кількості сприйнятливих та інфікованих вузлів від часу із $\tau_1 = 20$, $\tau_2 = 5$

Змінимо величини. Нехай $\tau_1 = 20$, $\tau_2 = 5$
Отримаємо такі результати, як на рис.2.

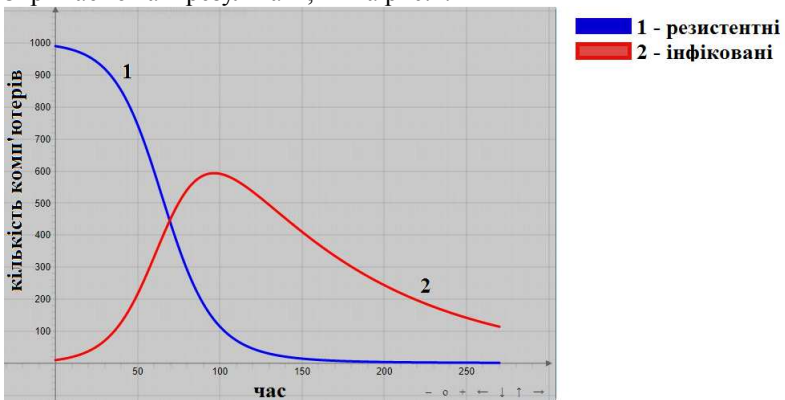


Рисунок 2 – Залежність кількості сприйнятливих та інфікованих вузлів від часу із $\tau_1=20$, $\tau_2 = 20$

Знову змінимо величини. Нехай $\tau_1 = 5$, $\tau_2 = 20$

Чисельний розв'язок у такому випадку буде таким, як представлено на рис. 3.

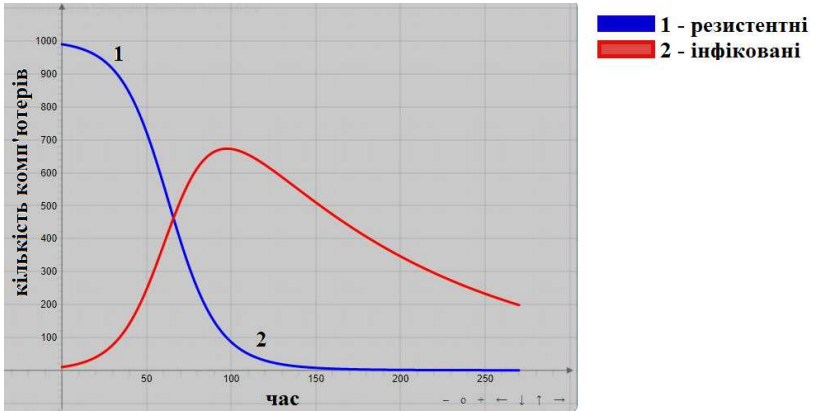


Рисунок 3 – Залежність кількості сприйнятливих та інфікованих вузлів від часу із $\tau_1 = 5$, $\tau_2 = 20$

Розглянемо також модель з трьох диференціальних рівнянь, яка відрізняється від попередньої тим, що вона містить ще й швидкість зміни кількості резистентних індивідів та тим, що запізнення введено і в інші величини.

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = \frac{-\beta I(t - \tau_1(t))S(t - \tau_1(t))}{N} + \mu(N(t - \tau_1(t)) - S(t - \tau_1(t))), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \frac{\beta I(t - \tau_1(t))S(t - \tau_1(t))}{N} - \gamma I(t - \tau_2(t)) - \mu I(t - \tau_1(t)), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t - \tau_2(t)) + \mu I(t - \tau_1(t)). \end{cases}$$

В цій моделі знову ж таки наявні 2 типи відхилень.

Як і в попередньому випадку, зробимо дослідження залежності динаміки проходження епідемії від величин τ_1 та τ_2

Виберемо такі параметри:

$$\beta = 0.04, \gamma = 0.008, S(0) = 900, I(0) = 100.$$

Розглянемо випадок, коли $\tau_1 = 20$, $\tau_2 = 5$

Отримаємо такі результати:

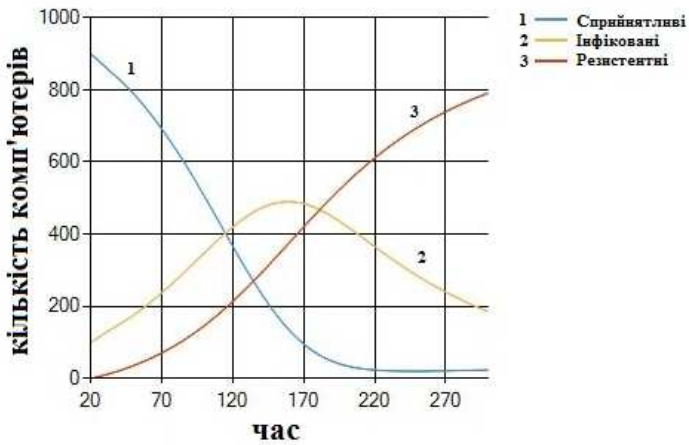


Рисунок 4 – Залежність кількості сприйнятливих та інфікованих вузлів від часу із $\tau_1 = 20$, $\tau_2 = 5$

Змінимо величини. Нехай $\tau_1 = 20$, $\tau_2 = 5$

Отримаємо результат як на рис. 5.

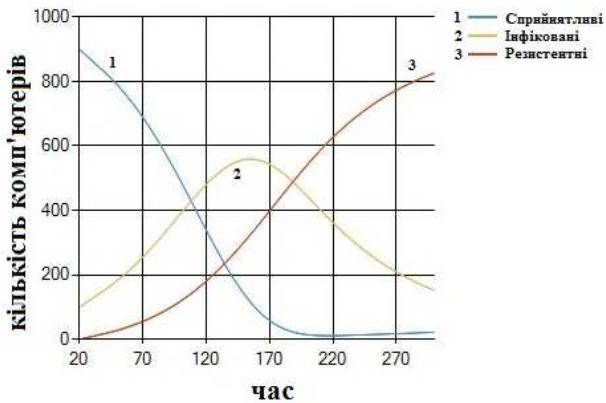


Рисунок 5 – Залежність кількості сприйнятливих та інфікованих вузлів від часу із $\tau_1=20$, $\tau_2 = 20$

Знову змінимо величини. Нехай $\tau_1 = 5$, $\tau_2 = 20$. Чисельний розв'язок у такому випадку буде таким, як на рис. 6.

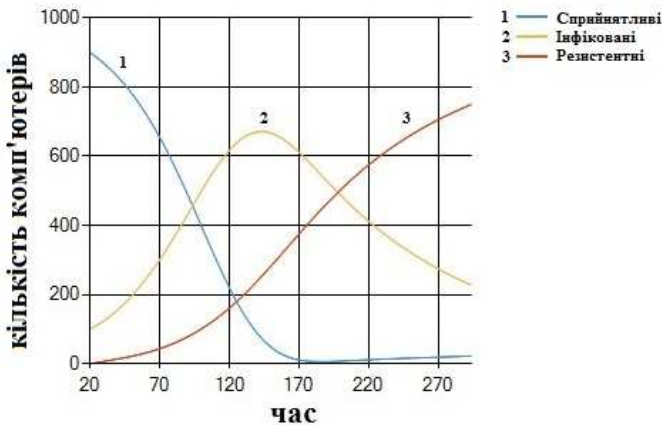


Рисунок 6 – Залежність кількості сприйнятливих та інфікованих вузлів від часу із $\tau_1 = 5$, $\tau_2 = 20$

Таким чином, ми бачимо, що ефекти післядії процесу зараження вірусом та лікування антивірусом має різний вплив на динаміку розповсюдження вірусу залежно від того, як величини запізнення $\tau_1(t)$ та $\tau_2(t)$, якими і характеризується цей ефект, співвідносяться між собою. У випадку, коли $\tau_1(t) > \tau_2(t)$, графік залежності заражених комп'ютерів не досягає такого піку, як у випадку, коли $\tau_1(t) < \tau_2(t)$. Але слід зазначити, що загальна тенденція проходження епідемії залишається такою ж.

Висновки. У роботі було проведено дослідження динаміки розповсюдження комп'ютерних вірусів, було розглянуто зміну характеру проходження епідемії при різних значеннях запізнювання. Було встановлено, що чим менше значення запізнювання, тим менш активно проходить процес зараження вірусом системи.

Бібліографічні посилання

1. Kermack W. O., McKendrick A. G. A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics // Proceedings of the Royal Society. 1927. P. 700–721.

2. Tackeuchi Y., Wanbiao M., Hara T., Beretta E. Global asymptotic stability of an SIR epidemic model with distributed time delay // Pergamon. 2001. P. 47.

3. Zhao J., Liu M., Wang W. Analysis of a delayed SIR model with exponential birth and saturated incidence rate // Scientific research, Online journal. 2013. N 4. P. 60–67.

4. Варех Н. В., Литвин Т. В. Диференціальні моделі із запізнюванням для прогнозування розповсюдження комп'ютерних загроз // Форум «ТАК»: телекомунікації, автоматика, комп'ютерно-інтегровані технології. 2016. С. 136–138.

5. Варех Н. В., Вольфсон О. Я., Падалка О. А. Дослідження динаміки розповсюдження комп'ютерного вірусу в мережі. // Актуальні проблеми автоматизації та інформаційних технологій. - 2017. С. 45–51.

Надійшла до редколегії 30.11.2017