



АНАЛИТИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ МОБИЛЬНЫХ АГЕНТОВ

(Самарский государственный аэрокосмический университет им. академика
С.П. Королёва (национальный исследовательский университет))

В работе [1] охарактеризован класс задач моделирования распространения мобильных агентов в технических сетях и описаны основные способы их решения. Некоторые из этих задач восходят к классическим, хорошо исследованным моделям «эпидемического распространения», «гибели и размножения», «межвидовой конкуренции» [2]. Однако особый интерес представляет исследование не реализуемого в живой природе, но встречающегося в технических сетях противодействия «агент - контрагент» (например, «сетевой червь – контрчервь»). Основное отличие от классических моделей заключается в целенаправленном поведении мобильных агентов обоих типов, причем ими могут применяться различные стратегии - см. рис. 1.

Стратегии поиска целей:

A (active) - активно сканирует адресное пространство, например, случайным образом;

P (passive) - пассивно ждет попытки нападения с другого узла сети и только тогда «контратакует».

Стратегии размножения:

S (susceptible) - заражает «здоровые» узлы;

I (infected) - заражает только узлы, на которых присутствует конкурирующий агент.

Стратегии борьбы с конкурирующим агентом:

R (remove) - удаляет конкурента;

V (vaccinate) - «вакцинирует» узел, делая его невосприимчивым для дальнейших заражений.

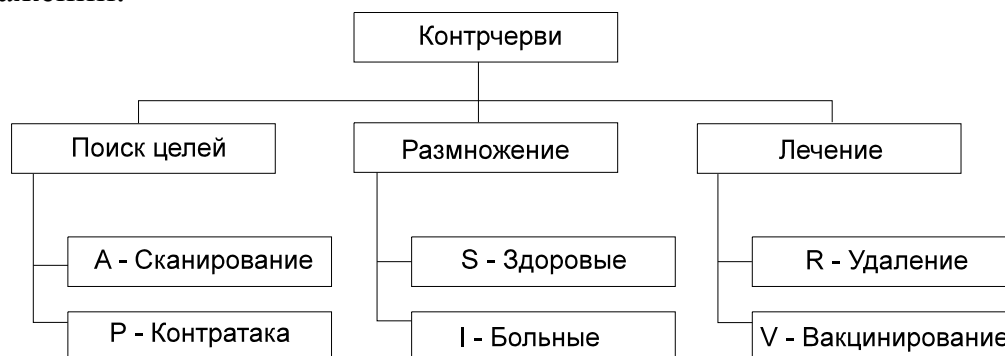


Рис. 1. Классификация стратегий поведения «контрагентов»

Все модели «контрагентов» являются обобщениями рассмотренных в [1,2,4] классических SIR- и SIS-моделей. При этом состояние R соответствует узлу сети, зараженному, вылеченному и вакцинированному «контрагентом». На



практике реализуются не все возможные комбинации стратегий, так как, например, комбинации без «RV» соответствуют встречающейся в биологии модели «межвидовой конкуренции», где «победа» какой-либо из сторон не гарантирована. Ниже приведены только модели, гарантированно приводящие к подавлению «агентов» со стороны «контрагентов».

«ARV» - модель с активным поиском целей, лечением и «вакцинированием» пораженного узла сети, но без саморазмножения «контрагентов» (классическая модель Кермака-МакКендрика, 1927 г.).

$$\left. \begin{cases} \frac{\partial I(t)}{\partial t} = \beta I(t) \left(\frac{N - I(t) - R(t)}{N} \right) - \gamma I(t); \\ \frac{\partial R(t)}{\partial t} = \gamma I(t). \end{cases} \right\} \quad (1)$$

Здесь и далее N – размер адресного пространства; T – время; I – множество инфицированных, S – множество здоровых, R – множество «вылеченных» узлов; $I_0 = R_0 = 1$ - начальные условия; β и γ - интенсивности размножения агентов и контрагентов, соответственно.

«ASIRV» активно сканирует адресное пространство, заражая все, что возможно. Узлы, ранее зараженные контрагентом, лечит и вакцинирует. Соответствующая система дифференциальных уравнений:

$$\left. \begin{cases} \frac{\partial R(t)}{\partial t} = R(t) \gamma \left(\frac{N - R(t)}{N} \right); \\ \frac{\partial I(t)}{\partial t} = I(t) \beta \left(\frac{N - I(t) - R(t)}{N} \right) - R(t) \gamma \frac{I(t)}{N}. \end{cases} \right\} \quad (2)$$

«PIRV» ждет попытки нападения со стороны узла сети, зараженного контрагентом, замещает собой «соперника» и вакцинирует систему. Этому поведению соответствует система:

$$\left. \begin{cases} \frac{\partial R(t)}{\partial t} = \gamma I(t) \frac{R(t)}{N}; \\ \frac{\partial I(t)}{\partial t} = \gamma I(t) \left(\frac{N - R(t) - I(t)}{N} \right) - \gamma I(t) \frac{R(t)}{N}. \end{cases} \right\} \quad (3)$$

«APSIRV» реализует комбинацию всевозможных стратегий поиска цели, заражения и противодействия контрагенту, включая активный поиск и «контратаку». Система дифференциальных уравнений:

$$\left. \begin{cases} \frac{\partial R(t)}{\partial t} = \gamma R(t) \left(\frac{N - R(t)}{N} \right) + \beta I(t) \frac{R(t)}{N}; \\ \frac{\partial I(t)}{\partial t} = \beta I(t) \left(\frac{N - R(t) - I(t)}{N} \right) - \beta I(t) \frac{R(t)}{N} - \gamma R(t) \frac{I(t)}{N}. \end{cases} \right\} \quad (4)$$

На рис. 2 приведены численные решения систем уравнений для $\beta = 2, \gamma = 1, N = 100$. Под номером (1) приводится кривая поведения контрагент-



та для классической SIR-модели Кермака-МакКендрика, а номера (2), (3) и (4) характеризуют результаты воздействия на него со стороны «PIRV-», «ASIRV-» и «APSIRV-контрагентов», соответственно.

Фактически, модель Кермака-МакКендрика описывает традиционное взаимодействие «вирус-антивирус». Однако кажущаяся эффективность метода сталкивается с невозможностью реализации отношения $\rho = \gamma / \beta = 0.5$, так как на практике $\beta \gg \gamma$ (см. /3/). В то же время модели «PIRV», «ASIRV» и «APSIRV» вполне реализуемы даже при $\beta = \gamma$, что дает им на практике некоторое преимущество. Успешное применение модели «PIRV», например, продемонстрировано в ходе подавления в 2003 г. контрчервом *Welchia* эпидемии сетевого червя *Lovesan* (он же *MSBlast* и *Blaster*) [4].

Рассмотренные модели соответствуют «гомогенной» структуре сети [1,4]. Для изучения противодействия в «безмасштабных» и «случайных» сетях требуются иные методы моделирования (имитационные и натурные), что планируется реализовать в дальнейшем.

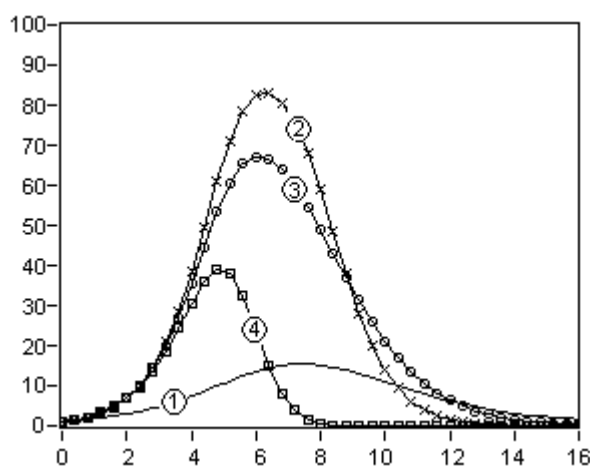


Рис. 2. Кривые размножения агентов, подавляемых «контрагентами»

Литература

1. Климентьев К.Е., Помянский Р.В. Три подхода к моделированию сетевых эпидемий // В сб. «ПИТ-12» - Самара: Самар. гос. Аэрокосм. ун-т, 2012. – С. 31-34.
2. Братусь А.С., Новожилов А.С., Платонов А.П. Динамические системы и модели биологии. - М.: Физматлит, 2010. – 400 с.
3. Weaver N.C. Warhol Worms: The potential for very fast internet plagues? - 2001. - Режим доступа: <http://www1.icsi.berkeley.edu/nweaver/papers/warhol/warhol.html>.
4. Климентьев К.Е. Компьютерные вирусы и антивирусы: взгляд программиста. – М.: ДМК-Пресс, 2013. – 656 с.