Semnan University

Journal of Modeling in Engineering

Journal homepage: https://modelling.semnan.ac.ir/

ISSN: 2783-2538

Research Article

HD-SEIRS Malware Propagation Model in Heterogeneous Complex Networks

Elham Asadi [a], Soodeh Hosseini [b,*]

[a] *PhD Student, Department of Computer Science, Faculty of Mathematics and Computer, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran*
[b] *Associate Professor, Department of Computer Science, Faculty of Mathematics and Computer, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran*

PAPER INFO

Paper history:

Received: 13 January 2023
Revised: 10 April 2023
Accepted: 03 April 2024

Keywords:

Malware propagation modeling,
Basic reproductive ratio,
Scale-free networks (SFNs),
Heterogeneous networks,
Epidemic diseases.

ABSTRACT

In recent years, the Internet has become part of the requirements of human life. With the widespread use of the Internet, the Web, and online social networks, the number of vulnerabilities and security threats has increased significantly. Various types of malwares (worms and viruses) have become a major threat to the security of systems and networks. In this regard, researchers are looking for ways to identify malware and fight against them. One of the methods used in this field is to model the malware propagation in order to identify and combat malware by modeling its behavior. In this article, a malware propagation model based on the propagation of epidemic diseases in a heterogeneous network structure, considering the devices connected to the network and the Internet, is introduced. Modeling is done based on the Susceptible-Exposed-Infected-Recovered epidemic model for devices and Internet networks. The results show that the speed of malware propagation in the proposed HD-SEIRS model is significantly reduced compared to the SEIR model. Also, in this article, the basic reproduction ratio (R_0) is calculated for the proposed model and the effect of parameter changes on the proposed model is investigated.

DOI: https://doi.org/10.22075/jme.2024.29591.2394

*** Corresponding author.**
E-mail address: so_hosseini@uk.ac.ir

How to cite this article:
Asadi, E., & Hosseini, S. (2024). HD-SEIRS malware propagation model in heterogeneous complex networks. Journal of Modeling in Engineering, 22(79), 17-28. doi: 10.22075/jme.2024.29591.2394

مقاله پژوهشی

مدل‌سازی انتشاربدافزار HD-SEIRS در شبکه‌های پیچیده ناهمگن

الهام اسدی[۱]، سوده حسینی [۲،*]

اطلاعات مقاله

دریافت مقاله: ۱۴۰۱/۱۰/۲۳
بازنگری مقاله: ۱۴۰۲/۰۱/۲۱
پذیرش مقاله: ۱۴۰۳/۰۱/۱۵

واژگان کلیدی:
مدل‌سازی انتشار بدافزار،
نسبت بازتولید اولیه،
شبکه‌های بی‌مقیاس،
شبکه‌های ناهمگن،
بیماری‌های همه‌گیری.

چکیده

در سال‌های اخیر اینترنت جزئی از الزامات زندگی انسان شده است. با استفاده‌ی گسترده از اینترنت، وب و شبکه‌های اجتماعی برخط، تعداد آسیب پذیری‌ها و تهدیدات امنیتی به میزان قابل توجهی افزایش یافته است. انواع مختلف بدافزارها (کرم‌ها و ویروس‌ها) به یک تهدید بزرگ برای امنیت سیستم‌ها و شبکه‌ها تبدیل شده‌اند. در این راستا محققین به دنبال روش‌هایی برای شناسایی بدافزارها و مبارزه با آنها هستند. یکی از روش‌های مورد استفاده در این زمینه مدل‌سازی انتشار بدافزار است تا با مدل کردن رفتار بدافزارها به شناسایی و مبارزه با آنها بپردازیم. در این مقاله یک مدل انتشار بدافزار مبتنی بر انتشار بیماری‌های همه‌گیری در ساختار شبکه‌ای ناهمگن با درنظر گرفتن دستگاه‌های متصل به شبکه و شبکه‌ی اینترنت معرفی شده است. مدل‌سازی بر اساس مدل بیماری‌های همه‌گیری مستعد–درمعرض آلودگی– آلوده–بهبودیافته برای دستگاه‌ها و شبکه اینترنت انجام می‌شود. نتایج نشان می‌دهد سرعت انتشار بدافزار در مدل پیشنهادی HD-SEIRS در مقایسه با مدل SEIR به طور قابل توجهی کاهش یافته است. همچنین در این مقاله نسبت بازتولید اولیه R_0 برای مدل پیشنهادی محاسبه شده است و اثر تغییرات پارامترها روی مدل پیشنهادی مورد بررسی قرار می‌گیرد.

DOI: https://doi.org/10.22075/jme.2024.29591.2394

۱-مقدمه[۱]

امروزه اکثر کارهای روزمره از طریق شبکه‌ی اینترنت صورت می‌گیرد و بر شمار افرادی که کارهای خود را با استفاده از رایانه و اینترنت انجام می‌دهند اضافه می‌شود. از این جهت بایستی بتوانیم بستری را فراهم کنیم که افراد دغدغه‌ی کمتری از الودگی شبکه داشته باشند. همانند دنیای فیزیکی، افرادی با اهداف مخرب (به‌عنوان مثال، مجرمان سایبری) در اینترنت وجود دارند. آنها سعی می کنند از کاربران قانونی استفاده کنند و از نظر مالی برای خود سود ببرند. بدافزار (مخفف نرم‌افزار مخرب)، یک اصطلاح عمومی است که به‌طور گسترده برای نشان دادن انواع مختلف برنامه‌های نرم‌افزاری ناخواسته استفاده می‌شود. این برنامه‌ها شامل ویروس‌ها، کرم‌ها، تروجان‌ها، جاسوس‌افزارها، ربات‌ها، باج‌افزارها و ... می‌باشند. مجرمان سایبری از بدافزارها به‌عنوان سلاح در دستیابی به اهداف خود استفاده می‌کنند. به‌ویژه، بدافزار برای راه اندازی طیف گسترده‌ای از حملات امنیتی، مانند به خطر انداختن رایانه‌ها، سرقت اطلاعات محرمانه، ارسال ایمیل‌های هرزنامه، از بین بردن سرورها، نفوذ به شبکه‌ها و فلج کردن زیرساخت‌های حیاتی استفاده شده است. این حملات اغلب منجر به خسارات شدید و خسارات مالی قابل توجهی می‌شود [۱] . انتشار بدافزارها می‌تواند به‌سرعت انجام شود

* پست الکترونیک نویسنده مسئول: so_hosseini@uk.ac.ir
۱. دانشجوی دکتری، گروه علوم کامپیوتر ، دانشگاه شهید باهنر، کرمان، ایران
۲. دانشیار، گروه علوم کامپیوتر، دانشگاه شهید باهنر، کرمان، کرمان، ایران

استناد به این مقاله:
اسدی، الهام، و حسینی، سوده. (۱۴۰۳). مدل‌سازی انتشاربدافزار HD-SEIRS در شبکه‌های‌پیچیده ناهمگن. مدل سازی در مهندسی، ۲۲(۷۹)، ۱۷-۲۸. doi: 10.22075/jme.2024.29591.2394

و منجر به آسیب‌های احتمالی شبکه و اختلال در خدمات آن شود. از این رو، یک گام مهم در جهت جلوگیری از چنین رویدادهایی، مطالعه‌ی رفتار انتشار بدافزار است.

شبکه‌های پیچیده در دو نوع همگن و ناهمگن مورد مطالعه قرار می‌گیرند. شبکه‌های دنیای کوچک و شبکه های تصادفی توزیع درجه‌ی همگن و شبکه‌های بی‌مقیاس توزیع درجه‌ی ناهمگن دارند. از دیگر ویژگی‌های شبکه‌های بی‌مقیاس ضریب خوشه‌بندی بالا و توزیع درجه توان و میانگین طول مسیر پایین است. شبکه‌های پیچیده را با ساختار گراف می‌توان نمایش داد.گره‌های شبکه رئوس گراف و ارتباط مابین گره‌ها را با یال‌های گراف می‌توان متناظر کرد[۲].

از دیگر خصوصیات مهم شبکه‌های پیچیده پویایی شبکه است. رفتارهای منحصر به فرد اعضا در کنار یکدیگر در یک شبکه منجر به ایجاد پدیده‌ای مثل انتشار می‌شود. مدل‌های انتشار بیماری‌های همه‌گیر[۳] انتشار شایعه[۴]، شکل‌گیری عقاید[۵] و بازاریابی ویروسی[۶] برای انواع انتشار در شبکه ارائه شده است. با توجه به شباهت‌های موجود بین نحوه‌ی انتشار اطلاعات و بیماری، می‌توان مدل‌های انتشار بیماری‌های همه‌گیری را برای مدل‌سازی رفتار بدافزار در شبکه استفاده کرد. در این شیوه‌ی مدل‌سازی انتشار جمعیت به گروههای مستعدین[۲](S)، در معرض آلودگی[۳] (E)، آلوده[۴] (I) و بهبودیافته[۵] (R) بر اساس نوع مدل تقسیم می‌شود. مدل‌های پایه‌ای مدل‌های SI و SIR هستند.

در این مقاله مدل انتشار بدافزار مبتنی بر مدل SEIR درنظر گرفته شده است. هرکدام از گروه‌های مستعدین، درمعرض آلودگی، آلوده و بهبودیافته برای دستگاه‌های متصل به شبکه و گره‌های شبکه‌ی اینترنت به‌صورت مجزا درنظر گرفته شده است (HD-SEIRS[6]). انتشار آلودگی در مدل پیشنهادی نسبت به مدل SEIR کاهش داشته است. بخش‌بندی ادامه‌ی مطالب به این صورت است که در بخش دوم کارهای مرتبط، بخش سوم مفاهیم مقدماتی، بخش چهارم مدل پیشهادی انتشار بدافزار HD-SEIRS، بخش پنجم ارزیابی مدل پیشهادی و بخش ششم نتیجه‌گیری آمده است.

۲-کارهای مرتبط

همان‌طور که در بیماری‌های همه‌گیری انتقال آلودگی از فرد آلوده به افراد مستعد باعث انتشار بیماری می‌شود، انتشار ویروس‌ها و بدافزارها نیز به همین شکل است و مطالعاتی نیز بر این اساس انجام شده است[۷]. آلودگی در شبکه می‌تواند از طریق گره‌های آلوده به دیگر بخش‌های شبکه نفوذ پیدا کند و تبدیل به همه‌گیری در شبکه شود. برای جلوگیری از انتشار الودگی در شبکه می‌توان گره‌های آلوده را شناسایی کرد و مکانیسم‌های امنیتی را روی گره‌های آلوده در شبکه اعمال کرد تا از انتشار بدافزار در شبکه جلوگیری شود.

اینترنت در دسته‌ی شبکه‌های بی‌مقیاس قرار دارد که انتشار ویروس‌ها و بدافزارها در این شبکه موضوعی است که توسط محققان بسیاری مورد بررسی قرار می‌گیرد. برای اینکه اثر مکانیسم‌های دفاعی و روش مبارزه با بدافزارها را بتوانیم مورد بررسی قرار دهیم از روش‌هایی چون مدل‌سازی انتشار بدافزار استفاده می‌شود. در مدل‌سازی انتشار جمعیت به گروههایی تقسیم می‌شود. کرمک مکندریک[۸] جمعیت را به سه گروه افراد مستعد، آلوده و بهبودیافته تقسیم کرد و مدل SIR را ارائه داد که در بسیاری موارد به‌عنوان مدل پایه برای مدل‌سازی بیماری‌های همه‌گیری استفاده می‌شود. پس از آن مدل‌های دیگری مثل SEIR ارائه شدند که در این مدل‌ها گروه‌های دیگری به مدل پایه اضافه شد. همچنان که در مدل SEIR گروه افراد با آلودگی نهان(E) نیز اضافه شده است[۹و۱۰]. مقالات بسیاری انتشار بدافزار را با استفاده از مدل‌های همه‌گیری گسسته و پیوسته زمان مورد بررسی قرار داده‌اند. در [۷] رفتار بدافزار توسط مدل گسسته زمانSEIRS بر روی دستگاه‌های موبایل مدل شده است. حسینی در [۱۱] به بررسی و مقایسه‌ی استراتژی‌های ایمن‌سازی مختلف مانند ایمن‌سازی تصادفی، ایمن‌سازی هدفمند، ایمن‌سازی آشنا و ایمن‌سازی پرخطر برای جلوگیری از شیوع بدافزار می‌پردازد. همچنین، سه معیار مرکزیت گره (درجه، نزدیکی و بینابینی) را در ایمن‌سازی هدفمند انجام می‌دهد تا روند انتشار بدافزار را کندتر کند. انتشار بدافزار در این مقاله بر اساس مدل همه‌گیری SEIRS-Q مدل شده است. ربرتو و

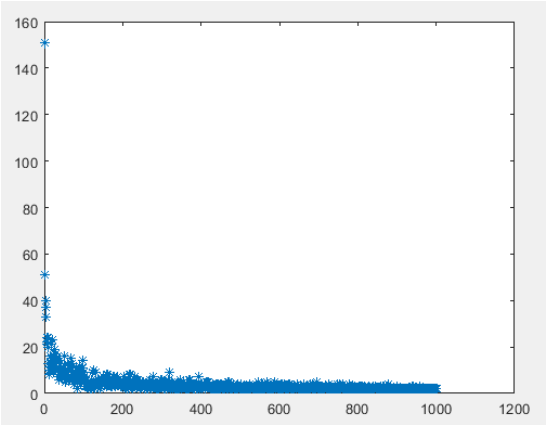
[2] Susceptible
[3] Exposed
[4] Infected
[5] Recovered
[6] Host Device-Susceptible Exposed Infected Recovered Susceptible

همکاران در مقاله‌ای به مدل‌سازی انتشار در دو خوشه‌ی مستقل که یک کانال ارتباطی مشترک دارند، پرداختند [۱۲].

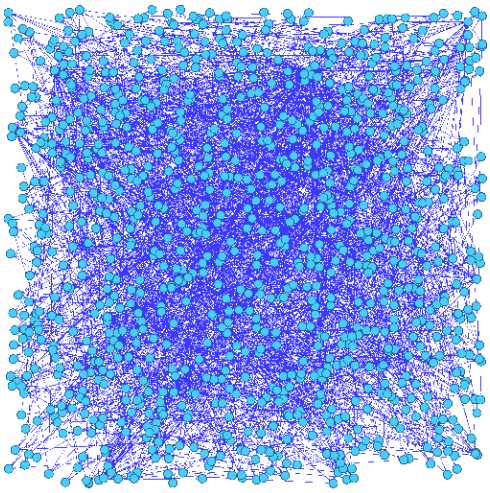
در زمینه مدل‌سازی‌های دو قسمتی کومار میشرا و همکاران [۱۳] یک مدل همه‌گیری که برای حمله DDoS از طریق دستگاه‌های اینترنت اشیا بر روی منابع هدف ایجاد شده و پویایی کلی آن تحلیل می‌شود، ارائه دادند. بخش اول مدل SIS روی گره های خارجی است. این بخش مربوط به چگونگی تشکیل ارتش زامبی‌هاست . بخش دوم مدل‌سازی یک حمله‌ی دیداس توسط زامبی‌ها روی یک هدف مشخص است که با مدل SIR مدل شده است. در جایی دیگر نیز مدل انتشار بدافزار مناسب برای شبکه‌های حسگر بی‌سیم مبتنی بر خوشه برای تجزیه و تحلیل پویایی انتشار بدافزار پیشنهاد شد. این مدل بر ویژگی‌های انتقال داده بین گره‌های مختلف در یک شبکه مبتنی بر خوشه تمرکز می‌کند و پارامترهای کاربردی واقعی شبکه‌های حسگر بی سیم، مانند شعاع ارتباط گره، چگالی توزیع شده گره و نرخ مرگ گره را در نظر می‌گیرد (ژو وهمکاران [۱۴]). در مقاله ای نیز که در سال ۲۰۲۲ توسط یاداو و همکارش [۱۵] به چاپ رسید یک مدل همه‌گیری انتشار بدافزار SEIQR-V در شبکه‌های اینترنت اشیا مطرح شد که مدل مذکور یک مدل همه‌گیری SEIR با درج دو کلاس دیگر به نام‌های واکسیناسیون (V) و قرنطینه (Q) است. در اینجا، واکسیناسیون به‌عنوان یک مدافع فعال برای جلوگیری از شیوع بدافزار عفونی و قرنطینه به معنای جداسازی گره‌ها از شبکه در حین انجام فرآیند درمان برای حذف بدافزار است.

۳- مدل پیشنهادی انتشار بدافزار

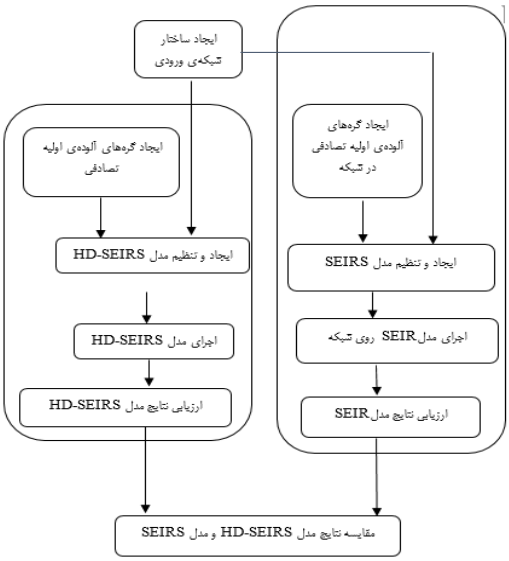
در این بخش به مدل‌سازی انتشار بدافزار HD-SEIRS مبتنی بر مدل کلاسیک SIR [۸] پرداخته می‌شود. برای بررسی پویایی انتشار بدافزار بر روی شبکه‌های بی‌مقیاس سیستم مبتنی بر مدل HD-SEIRS تحت آزمایش بر روی شبکه‌ی بی‌مقیاس ناهمگن از نوع باراباسی آلبرت با ۱۰۰۰ گره و ۴۰۰۰ یال و توزیع توان شکل (۱) قرارگرفته است و نتایج به‌دست آمده با مدل SEIRS مقایسه شده است. روند اجرای کار در شکل (۲) مشاهده می‌شود.



شکل (۱-الف)- نمودار توزیع درجه در شبکه



شکل (۱-ب) - شبکه‌ی باراباسی آلبرت با ۱۰۰۰ گره



شکل ۲- مراحل مدل پیشنهادی

۳-۱-توصیف مدل

در این مقاله با استفاده از مدل بیماری‌های همه‌گیری SEIRS با در نظر گرفتن شبکه به دو دسته‌ی دستگاه‌های متصل به شبکه و گره‌های شبکه‌ی اینترنت به مدل‌سازی انتشار بدافزار در شبکه‌های بی‌مقیاس پرداخته می‌شود. نوآوری مدل پیشنهادی به این صورت است که گره‌ها به دودسته طبقه‌بندی می‌شوند. با توجه به طبقه‌بندی گره‌ها روند انتشار آلودگی در شبکه کاهش می‌یابد. طبقه‌بندی گره‌ها در شبکه‌های اینترنت اشیا منجر به شناسایی بهتر گره‌های آلوده و کاهش انتشار آلودگی می‌شود. آلودگی هر دستگاه روی دستگاه دیگر و همچنین روی گره‌های مجاورش در شبکه اینترنت اثر دارد. از طرفی اگر گرهی از شبکه‌ی اینترنت آلوده شود می‌تواند گره هم نوع خود یا دستگاه متصل به شبکه را آلوده کند. با این دیدگاه هر دسته به بخشهای مستعدین- آلوده های نهان – آلوده – بهبود یافته (SEIRS) تقسیم می‌شود. دیاگرام مربوط به مدل پیشهادی در شکل (۳) آمده است. براین اساس گروه‌های مربوط به مدل به شرح زیر می‌باشند.

مستعدین (S_HوS_D): گره‌هایی هستند که قادرند در تماس با گره‌های آلوده‌شده توسط بدافزار قرار گیرند. S_H گروه مستعدین تشکیل شده از گره‌های شبکه اینترنت و S_D گروه دستگاه‌های مستعد آلودگی است.

درمعرض آلودگی(E_H وE_D): به ترتیب گره‌هایی از دسته‌ی گره‌های شبکه و دستگاه‌های متصل به شبکه هستندکه به بدافزار آلوده‌اند ولی علائمی ندارد.

آلوده‌ها(I_HوI_D): به گره‌هایی از شبکه‌ی اینترنت یا دستگاه‌های متصل که به بدافزار آلوده شده‌اند و علائم‌دار هستند، گفته می‌شود.

بهبودیافته‌ها (R_HوR_D): گره‌هایی از شبکه یا دستگاه‌هایی هستند که تحت تاثیر نرم‌افزارهای از بین‌بردن بدافزار آلودگی آنها برطرف شده است.

هنگامی‌که بدافزار در شبکه منتشر می‌شود، گره‌ها طبق قوانین زیر تغییر حالت می‌دهند.:

راس مستعدی که در حالت S_H قراردارد زمانی‌که در مجاورت همسایه‌ی آلوده‌ی هم نوع خودش قرار گیرد با نرخ β_H آلوده می‌شود ولی هنوز علائم‌دار نشده است و وارد گروه E_H می‌شود. از طرفی این مستعدین می‌توانند آلودگی را با نرخ ρ_H از گره‌های آلوده‌ای که جز دسته گره‌های شبکه‌ی اینترنت و مجاور با آنها هستند، دریافت کنند.

گره‌های آلوده‌ی E_H که آلودگی در آنها نهان است با نرخ δ_H علائم آلودگی در آنها ظاهر می‌شود و وارد گروه I_H می‌شوند.

گره‌های آلوده با نرخ γ_H تحت مکانیسم‌های امنیتی قرار گرفته و آلودگی آنها از بین می‌رود و وارد گروه R_H می‌شوند.

گره‌هایی که از آلودگی مصون شده‌اند مجدد امکان آلوده‌شدن توسط انواع دیگر بدافزار را دارند و با نرخ α_H وارد گروه S_H می‌شوتد.

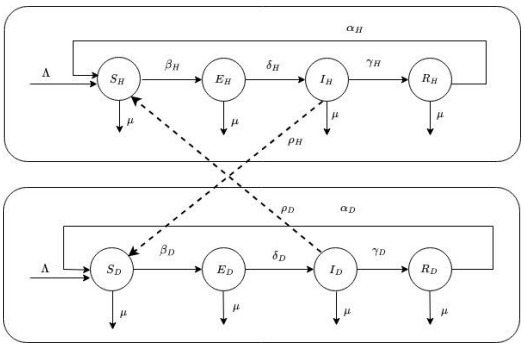
دستگاه متصل به شبکه‌ای که مستعد آلودگی به بدافزار است و در حالت S_D قراردارد، زمانی‌که در مجاورت همسایه‌ی آلوده‌ی خودش قرار گیرد با نرخ β_D آلوده می‌شود ولی هنوز علائم‌دار نشده است و وارد گروه E_D می‌شود. از طرفی این مستعدین می‌توانند آلودگی را با نرخ ρ_H از گره‌های آلوده‌ای که جز دسته گره‌های شبکه‌ی اینترنت و مجاور با آنها هستند، دریافت کنند.

گره‌های آلوده‌ی E_D که آلودگی در آنها نهان است با نرخ δ_D علائم آلودگی در آنها ظاهر می‌شود و وارد گروه I_D می‌شوند.

گره‌های آلوده با نرخ γ_D تحت مکانیسم‌های امنیتی قرار گرفته و آلودگی آنها از بین می‌رود و وارد گروه R_D می‌شوند.

گره‌هایی که از آلودگی مصون شده‌اند مجدد امکان آلودگی توسط انواع دیگر بدافزار را دارند و بانرخ α_D وارد گروه S_D می‌شوتد.

پارامترهای مدل و برخی جزئیات در جدول ۱ آورده شده است.



شکل۳-مدل پیشنهادیHD-SEIRS

با توجه به جزئیات ذکر شده، معادلات شبکه به صورت زیر است :

$$\begin{aligned}\frac{dS_H^k(t)}{dt} &= \Lambda_H - \beta_H S_H^k(t)\theta_H^k(t) \\ &\quad - \mu_H S_H^k(t) \\ &\quad + \alpha_H R_H^k(t) \\ &\quad - \rho_D \theta_D^k(t) S_H^k(t)\end{aligned} \qquad (۱)$$

$$\begin{aligned}\frac{dE_H^k(t)}{dt} &= \beta_H \theta_H^k(t) S_H^k(t) - \mu_H E_H^k(t) \\ &\quad - \delta_H E_H^k(t) \\ &\quad + \rho_D \theta_D^k(t) S_H^k(t)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\frac{dI_H^k(t)}{dt} &= \delta_H E_H^k(t) - \mu_H I_H^k(t) \\ &\quad - \gamma_H I_H^k(t)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\frac{dR_H^k(t)}{dt} &= \gamma_H I_H^k(t) - \mu_H R_H^k(t) \\ &\quad - \alpha_H R_H^k(t)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\frac{dS_D^k(t)}{dt} &= \Lambda_D - \beta_D \theta_D^k(t) S_D^k(t) \\ &\quad - \mu S_D^k(t) + \alpha_D R_D^k(t) \\ &\quad - \rho_H \theta_H^k(t) S_D^k(t)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\frac{dE_D^k}{dt} &= \beta_D \theta_D^k(t) S_D^k(t) - \mu_D E_D^k(t) \\ &\quad - \delta_D E_D^k(t) \\ &\quad + \rho_H \theta_H^k(t) S_D^k(t)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\frac{dI_D^k(t)}{dt} &= \delta_D E_D^k(t) - \mu_D I_D^k(t) \\ &\quad - \gamma_D I_D^k(t)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\frac{dR_D^k(t)}{dt} &= \gamma_D I_D^k(t) - \mu_D R_D^k(t) \\ &\quad - \alpha_D R_D^k(t)\end{aligned}$$

در معادلات فوق $S_i^k(t)$, $E_i^k(t)$, $I_i^k(t)$, $R_i^k(t)$ که $i = H \text{ or } D$ به ترتیب مستعدین، درمعرض آلودگی، آلوده‌ها و بهبودیافته‌های با درجه k در گروه گره‌های شبکه اینترنت (H) یا دستگاه‌های متصل به شبکه (D) است. از طرفی $\theta_i^k(t)$ احتمال آلوده بودن گره همسایه با درجه k در خوشه iام می‌باشد که می‌توان آن را به‌صورت معادله‌ی (۲) نوشت. بقیه‌ی پارامترهای مدل در جدول ۱ شرح داده شده‌اند.

$$\theta_i^k(t) = \frac{1}{<k_i>} \sum_{k=m_i}^{y_i} kP(k) I_i^k(t) \qquad (۲)$$

که $n_H + n_D = n$ و میانگین درجه دسته‌ی iام که با $<k_i>$ نشان داده می‌شود، برابر است با:

$$< k_i > = \sum_k j\, p(j) \qquad (۳)$$

از طرفی $p(k) = k^{-v}$ برابر با احتمال اتصال نود شبکه به k نود دیگر، v توان توزیع توان، m_i مینیمم درجه گروه iام و y_i ماکزیمم درجه‌ی گروه iام است.

جدول ۱- نمادهای مدل

نماد	توصیف نماد
Λ_i	نرخ اضافه شدن گره جدید به شبکه (گره‌ها در حالت مستعد قرار می‌گیرند.) در دسته‌ی iام که $0 \le \Lambda_i \le 1$ و $i = H\,.\,D$.
μ_i	نرخ خروج گره‌های دسته‌ی iام از شبکه (نرخ مرگ و میر)که $0 \le \mu_i \le 1$ و $i = H\,.\,D$.
β_i	نرخ اتشار بدافزار در دسته‌ی iام که $0 \le \beta_i \le 1$ و $i = H\,.\,D$.
δ_i	نرخ انتقال گروه گره‌های با آلودگی نهان به گروه گره‌های آلوده در دسته‌ی i ام که $0 \le \delta_i \le 1$ و $i = H\,.\,D$.
γ_i	نرخ انتقال گروه‌های با آلودگی به گروه بهبودیافته‌ها در دسته‌ی i ام که $0 \le \gamma_i \le 1$ و $i = H\,.\,D$.
α_i	نرخ انتقال از گروه بهبودیافته‌ها به گروه مستعدین در دسته‌ی i ام که $0 \le \alpha_i \le 1$ و $i = H\,.\,D$.
n_i	تعداد گره‌های دسته‌ی i ام و $i = H\,.\,D$.

۳-۲- فرضیات مدل

در مدل‌سازی مدل پیشنهادی HD-SEIRS فرضیات زیر برای پیاده‌سازی در نظر گرفته شده است.

شبکه یک شبکه‌ی باراباسی آلبرت از نوع بی‌مقیاس و ناهمگن با m=2 است به‌طوریکه $n = n_H + n_D = 1000$. از این ۱۰۰۰گره در ابتدا ۱۰۰ گره به‌عنوان گره آلوده‌ی اولیه فرض شده‌اند و ۹۰۰ گره دیگر مستعد به آلودگی هستند. ۵۰ عدد از آلوده‌ها از نوع گره‌های شبکه اینترنت و ۵۰ آلوده‌ی دیگر مربوط به دستگاه‌های متصل به شبکه است. از طرفی

$$\begin{aligned}S_H^k(t) + E_H^k(t) + I_H^k(t) + R_H^k(t) = 1 \\ S_D^k(t) + E_D^k(t) + I_D^k(t) + R_D^k(t) = 1\end{aligned} \qquad (۴)$$

نرخ تولد و نرخ مرگ و میر نیز با هم برابرند $\Lambda_H = \mu_H\,.\,\Lambda_D = \mu_D$

۴-تحلیل مدل پیشنهادی

در این بخش به تحلیل پویایی مدل HD-SEIRS پرداخته می‌شود. نسبت بازتولیداولیه[۷] (R_0) بیانگر میانگین تعداد آلودگی‌های ثانویه ناشی از آلودگی اولیه در طول زمان حیات آلودگی است. اگر R_0 کمتر از یک باشد انتشار بدافزار به شکل همه‌گیری نیست و همه‌گیری انتشار بدافزار در شبکه از بین رفته است ولی اگر بیشتر از یک باشد انتشار بدافزار در شبکه به‌صورت همه‌گیری خواهد بود[۱۶].

۴-۱-نقاط تعادل مدل پیشنهادی

در این بخش نقاط تعادل مدل پیشهادی به‌دست آمده است. برای به‌دست آوردن نقاط تعادل مدل سمت راست معادلات (۱) را برابر صفر قرار می‌دهیم.

$$\frac{\mathrm{dS_H^k(t)}}{\mathrm{dt}} = 0. \quad \frac{\mathrm{dE_H^k(t)}}{\mathrm{dt}} = 0$$
$$\frac{\mathrm{dI_H^k(t)}}{\mathrm{dt}} = 0. \quad \frac{\mathrm{dR_H^k(t)}}{\mathrm{dt}} = 0 \qquad (۵)$$
$$\frac{\mathrm{dS_D^k(t)}}{\mathrm{dt}} = 0. \quad \frac{\mathrm{dE_D^k(t)}}{\mathrm{dt}} = 0$$
$$\frac{\mathrm{dI_D^k(t)}}{\mathrm{dt}} = 0. \quad \frac{\mathrm{dR_D^k(t)}}{\mathrm{dt}} = 0$$

پس از حل معادلات(۵) و با توجه به اینکه در زمان قبل از همه‌گیری انتشار بدافزار تعداد گره‌های آلوده، درمعرض آلودگی و بهبودیافته صفر است، نقطه‌ی تعادل ابتدایی[۸] به‌صورت زیر خواهد بود :

$$EQ_1 = (\frac{\Lambda_H}{\mu_H}.0.0.0.\frac{\Lambda_D}{\mu_D}.0.0.0) \qquad (۶)$$

و نقطه تعادل دیگر نیز به‌صورت زیر فرض می‌شود.

$$EQ_2 = (S_H^{k*}(t).E_H^{k*}(t).I_H^{k*}(t). \qquad (۷)$$
$$R_H^{k*}(t).S_D^{k*}(t).E_D^{k*}(t).I_D^{k*}(t).R_D^{k*}(t))$$

۴-۲-نسبت بازتولیداولیه

در این بخش مقدار R_0 از روش تولید بعدی به‌دست آمده است[۱۷].

مراحل به دست آوردن نسبت باز تولید اولیه بر اساس روش تولید بعدی در شکل (۴) آورده شده است.

الگوریتم به‌دست آوردن R_0
۱- پیدا کردن گروه‌های آلوده.
۲- به‌دست آوردن ماتریس F با توجه به سرعت انتقال آلودگی در گروه‌های آلوده.
۳- به‌دست آوردن ماتریس V با توجه به انتقال بین گروه‌های آلوده.
۴- محاسبه‌ی ماتریس FV^{-1}.
۵- محاسبه‌ی مقادیر ویژه ماتریس FV^{-1} و درنظر گرفتن بزرگترین مقدار ویژه به‌عنوان R_0.

شکل ۴-مراحل به‌دست آوردن نسبت بازتولیداولیه(R_0)

در مدل پیشنهادی گروه‌های آلوده، $E_H^k(t).I_H^k(t)$ $E_D^k(t).I_D^k(t)$. هستند که با توجه به این گروه‌ها ماتریس‌های F و V به‌شرح زیرند:

$$F = \begin{bmatrix} 0 & A_{H1} & 0 & -A_{H2} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -A_{D2} & 0 & A_{D1} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \qquad (۸)$$

$$\mathrm{V} = \begin{bmatrix} u_1 & 0 & 0 & 0 \\ -\delta_H & u_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & u_3 & 0 \\ 0 & 0 & -\delta_D & u_4 \end{bmatrix} \qquad (۹)$$

متغیرهای استفاده شده به همراه مقدار معادل آنها در جدول ۲ آورده شده‌اند.

ماتریس $\mathrm{FV^{-1}}$ باتوجه به به عبارات F و V به‌صورت زیر است:

$$G = FV^{-1} =$$
$$\begin{bmatrix} \frac{\delta_H A_{H1}}{u_1 u_2} & \frac{A_{H1}}{u_2} & -\frac{\delta_D A_{H2}}{u_3 u_4} & -\frac{A_{H2}}{u_4} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\frac{\delta_H A_{D2}}{u_1 u_2} & -\frac{A_{D2}}{u_2} & \frac{\delta_D A_{D1}}{u_3 u_4} & \frac{A_{D1}}{u_4} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \qquad (۱۰)$$

مقادیر ویژه G عبارتنداز:

$$\{0.\frac{(B_0+\sqrt{(D_0+D_1)})}{2u_1u_2u_3u_4}.\frac{(B_0-\sqrt{(D_0+D_1)})}{2u_1u_2u_3u_4}\}$$

(۸)

[7] Basic Reproductive Ratio

[8] Malware Free Equilibrium

جدول ۲-مقادیر معادل برای متغیرهای استفاده شده

نام متغیر	مقدار معادل برای متغیر
A_{H1}	$\frac{\beta_H}{< k_H >} S_H^k(0)$ $\begin{bmatrix}1\\2\\\vdots\\y_H\end{bmatrix}[p(1).2p(2).\dots.y_H p(y_H)]$ $= \frac{\beta_H < K_H^2 >}{< k_H >}\frac{\Lambda_H}{\mu_H}$
A_{H2}	$\frac{\rho_D}{< k_D >} S_H^k(0)$ $\begin{bmatrix}1\\2\\\vdots\\y_D\end{bmatrix}[p(1).2p(2).\dots.y_D p(y_D)]$ $= \frac{\rho_D < K_D^2 >}{< k_D >}\frac{\Lambda_H}{\mu_H}$
A_{D1}	$\frac{\beta_D}{< k_D >} S_D^k(0)$ $\begin{bmatrix}1\\2\\\vdots\\y_D\end{bmatrix}[p(1).2p(2).\dots.n_2 p(y_D)]$ $= \frac{\beta_D < K_D^2 >}{< k_D >}\frac{\Lambda_D}{\mu_D}$
A_{D2}	$\frac{\rho_H}{< k_H >} S_D^k(0)$ $\begin{bmatrix}1\\2\\\vdots\\y_H\end{bmatrix}[p(1).2p(2).\dots.n_2 p(y_H)]$ $= \frac{\rho_H < K_H^2 >}{< k_H >}\frac{\Lambda_D}{\mu_D}$
u_1	$\mu_H+\delta_H$
u_2	$\mu_H+\gamma_H$
u_3	$\mu_D+\delta_D$
u_4	$\mu_D+\gamma_D$
D_0	${A_{D1}}^2{\delta_D}^2{u_1}^2{u_2}^2$ $-2A_{D1}A_{H1}\delta_D\delta_H u_1u_2u_3u_4$ ${+A_{H1}}^2{\delta_H}^2{u_3}^2{u_4}^2$
D_1	$4A_{D2}A_{H2}\delta_D\delta_H u_1u_2u_3u_4$
B_0	$A_{D1}\delta_D u_1u_2 + A_{H1}\delta_H u_3u_4$

در نتیجه با توجه به متغیرهای معادل در جدول ۲ مقدار $R_0 = \rho(G)$ به صورت زیر خواهد بود:

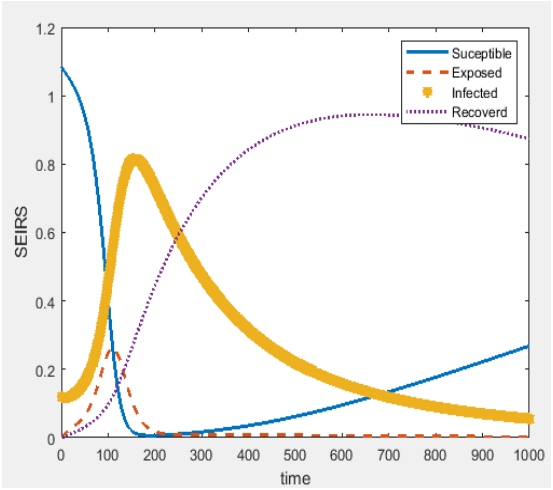
$$R_0 = \frac{B_0}{2u_1u_2u_3u_4} \qquad (۱۱)$$

اگر $R_0 < 1$ آلودگی هر گره از میزان آلودگی اولیه کمتر است در نتیجه مدل پیشنهادی به نقطه‌ی تعادل بدون آلودگی می‌رسد و اگر $R_0 > 1$ آلودگی در شبکه پخش می‌شود و انتشار بدافزار به‌صورت همه‌گیری خواهد بود.

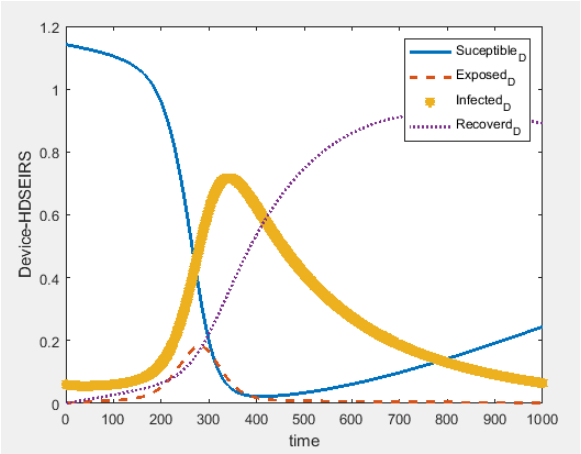
۵-ارزیابی مدل پیشنهادی

در این بخش به ارزیابی مدل پیشنهادی HD-SEIRS پرداخته می‌شود. مدل پیشنهادی روی یک شبکه‌ی باراباسی آلبرت با ۱۰۰۰ گره که ۱۰۰ گره از این تعداد در ابتدای زمان شبیه‌سازی آلوده و ۹۰۰ گره دیگر مستعد آلودگی هستند، آزمایش شده است. پس از انجام آزمایشات روی مدل پیشنهادی در محیط متلب و نرم‌افزار Gephi، نتایج این بخش حاصل شده است.

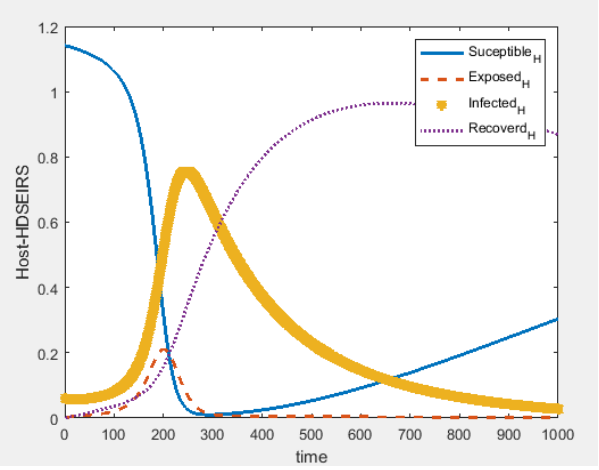
شکل (۵) تغییرات مربوط به گروه‌های مستعد، درمعرض آلودگی، آلوده و بهبودیافته را در مدل SEIRS در مدت زمان شبیه‌سازی نشان می‌دهد. شکل‌های (۶) و (۷) به ترتیب تغییرات مربوط به چهار گروه S، E، I و R را در مدل توسعه‌یافته‌ی HD-SEIRS نشان می‌دهد. هر یک از نمودارهای موجود در این شکل نشان‌دهنده‌ی تغییرات یکی از حالات گروه‌های مربوطه نسبت به زمان است. در ابتدا اکثریت گره‌ها در حالت مستعد قرار دارند و با گذشت زمان از چگالی گره‌های مستعد کم شده و به چگالی گره‌های آلوده اضافه می‌شود. بالاترین نقطه منحنی مربوط به گروه I بیشترین مقدار گره‌های آلوده را نشان می‌دهد.



شکل۵-نمودار مدل SEIRS روی شبکه باراباسی آلبرت با ۱۰۰۰ گره



شکل۶- نمودار مدل HD-SEIRS توسعه‌یافته روی دسته‌ی مربوط به دستگاه‌های متصل به شبکه $\alpha_D = 0/0005$. $\beta_D = 0/2$. $\gamma_D = 0/005$. $\rho_D = 0/005$. $\mu_D = 0/0002$. $\Lambda_D = 0/0002$. $\delta_D = 0/05$



شکل ۷-نمودار مدل SEIR توسعه‌یافته روی دسته‌ی مربوط به گره‌های شبکه‌ی اینترنت با پارامترهای $\alpha_H = 0/0006$. $\beta_H = 0/2$. $\gamma_H = 0/006$. $\rho_H = 0/006$. $\mu_H = 0/0001$. $\Lambda_H = 0/0001$. $\delta_H = 0/06$

۵-۱-مقایسه مدل پیشنهادی HD-SEIRS با مدل‌های SEIRS و SIRS

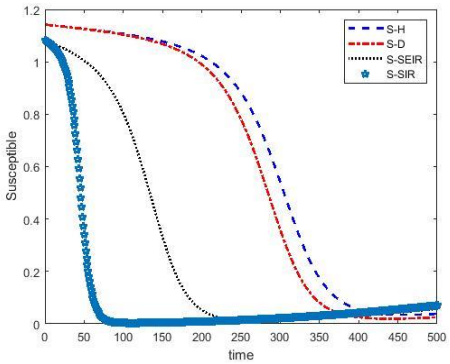
در این بخش گروه‌های S، E، I، R در مدل پیشنهادی HD-SEIRS با گروه‌های معادل در مدل‌های SEIRS و SIRS مقایسه شده‌اند.

شکل (۸) در بخش الف گروه مستعدین را در مدل پیشنهادی ، مدل‌های SEIRS و SIRS به ازای مقادیر $\alpha_H = 0/0006$. $\alpha_D = 0/0005$. $\beta_H = 0/2$. $\beta_D = 0/2$. $\gamma_H = 0/006$. $\gamma_D = 0/005$. $\rho_H = 0/006$. $\rho_D = 0/005$. $\mu_H = 0/0001$. $\mu_D = 0/0002$. $\Lambda_H = 0/0001$. $\Lambda_D = 0/0002$. $\delta_H = 0/06$. $\delta_D = 0/05$ مقایسه می‌کند. در شکل (۸-ب) گروه آلوده‌ها مقایسه‌ی بین مدل پیشنهادی و دو مدل SIRS و SEIRS انجام شده است. همان‌طور که در نمودارهای این دو قسمت مشخص است، با گذشت زمان از جمعیت مستعدین کم شده و به آلوده‌ها اضافه می‌شود. براساس تایج به‌دست آمده در نمودارهای ذکر شده روند کاهش مستعدین در مدل‌های SIRS و SEIRS سریع‌تر از مدل پیشنهادی است و همچنین روند انتشار بدافزار در مدل پیشنهادی کندتر از مدل SEIRS است. بنابراین مدل پیشنهادی با دو در دسته گرفتن گره‌های شبکه توانسته است روند انتشار بدافزار را کندتر کند.

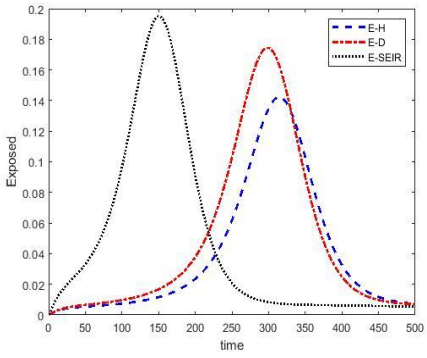
در شکل (۸-ب) گروه درمعرض آلودگی در مدل پیشنهادی با مدل SEIRS مقایسه شده است. از آنجایی که روند انتشار بدافزار در مدل پیشنهادی نسبت به مدل SEIRS کاهش دارد، در نمودار نیز به وضوح این کاهش در گروه گره‌های در معرض آلودگی دیده می‌شود.

شکل (۸-ت) نیز گروه‌های بهبودیافته را در مدل پیشنهادی و مدل‌های SIRS و SEIRS بررسی می‌کند. از آنجایی که روند انتشار بدافزار در مدل پیشنهادی نسبت به دو مدل دیگر کاهش داشته است، بهبود گره‌ها نیز در این مدل نسبت به دو مدل ذکر شده از نظر زمانی همراه با تاخیر بوده است.

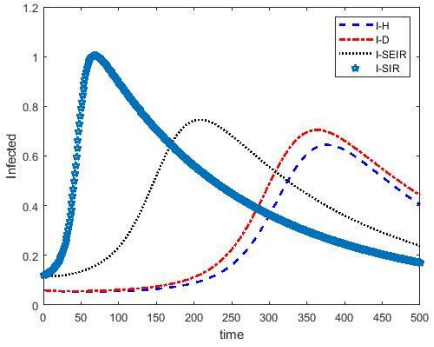
با توجه به موارد ذکر شده مدل پیشنهادی نسبت به مدل SEIRS و SIRS توانسته است روند انتشار بدافزار را کاهش دهد و با تاخیر مواجه سازد.



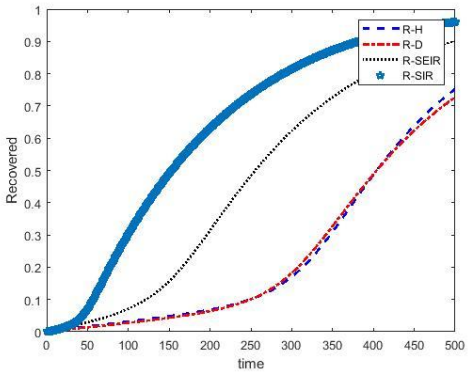
شکل (۸-الف) : مقایسه گروه مستعدین (S) مدل پیشنهادی با مدل‌های SEIR و SIR . پارامترهای $\alpha_1 = 0 \cdot 0006$. $\alpha_2 = 0 \cdot 0005$. $\beta_1 = 0 \cdot 2$. $\beta_2 = 0 \cdot 2$. $\gamma_1 = 0 \cdot 006$. $\gamma_2 = 0 \cdot 005$. $\rho_1 = 0 \cdot 006$. $\rho_2 = 0 \cdot 005$. $\mu_1 = 0 \cdot 0001$. $\mu_2 = 0 \cdot 0002$. $\Lambda_1 = 0 \cdot 0001$. $\Lambda_2 = 0 \cdot 0002$. $\delta_1 = 0 \cdot 06$. $\delta_2 = 0 \cdot 05$



شکل (۸–ب) : مقایسه گروه گره‌های در معرض آلودگی (E) مدل پیشنهادی با مدل SEIR . پارامترهای $\alpha_1 = 0 \cdot 0006$. $\alpha_2 = 0 \cdot 0005 . \beta_1 = 0 \cdot 2 . \beta_2 = 0 \cdot 2 . \gamma_1 = 0 \cdot 006 . \gamma_2 = 0 \cdot 005 . \rho_1 = 0 \cdot 006 . \rho_2 = 0 \cdot 005 . \mu_1 = 0 \cdot 0001 . \mu_2 = 0 \cdot 0002 . \Lambda_1 = 0 \cdot 0001 . \Lambda_2 = 0 \cdot 0002. \delta_1 = 0 \cdot 06 . \delta_2 = 0 \cdot 05$



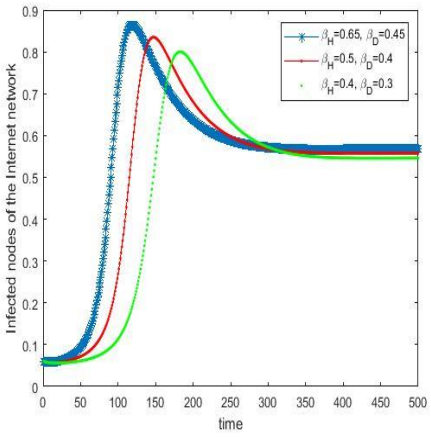
شکل (۸–پ) : مقایسه گروه آلوده‌ها (I) مدل پیشنهادی با مدل‌های SEIR و SIR . پارامترهای $\alpha_1 = 0 \cdot 0006$. $\alpha_2 = 0 \cdot 0005 . \beta_1 = 0 \cdot 2 . \beta_2 = 0 \cdot 2 . \gamma_1 = 0 \cdot 006 . \gamma_2 = 0 \cdot 005 . \rho_1 = 0 \cdot 006 . \rho_2 = 0 \cdot 005 . \mu_1 = 0 \cdot 0001 . \mu_2 = 0 \cdot 0002 . \Lambda_1 = 0 \cdot 0001 . \Lambda_2 = 0 \cdot 0002. \delta_1 = 0 \cdot 06 . \delta_2 = 0 \cdot 05$



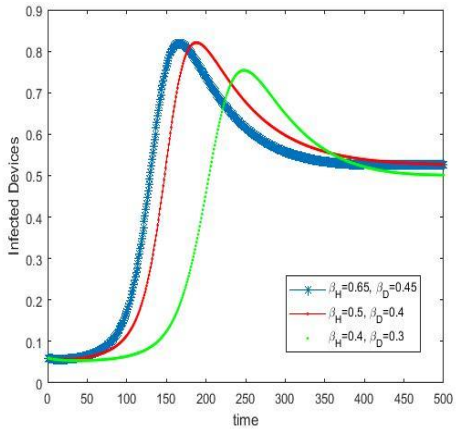
شکل (۸–ت) : مقایسه گروه بهبودیافته‌ها (R) مدل پیشنهادی با مدل‌های SEIR و SIR . پارامترهای $\alpha_1 = 0 \cdot 0006$. $\alpha_2 = 0 \cdot 0005 . \beta_1 = 0 \cdot 2 . \beta_2 = 0 \cdot 2 . \gamma_1 = 0 \cdot 006 . \gamma_2 = 0 \cdot 005 . \rho_1 = 0 \cdot 006 . \rho_2 = 0 \cdot 005 . \mu_1 = 0 \cdot 0001 . \mu_2 = 0 \cdot 0002 . \Lambda_1 = 0 \cdot 0001 . \Lambda_2 = 0 \cdot 0002. \delta_1 = 0 \cdot 06 . \delta_2 = 0 \cdot 05$

۵-۲- روند تغییرات R_0 و انتشار آلودگی با تغییر پارامترها در مدل HD-SEIRS

در این بخش انتشار بدافزار با تغییر پارامترهای مدل HD-SEIRS مورد بررسی قرار گرفته است. همان‌طور که در شکل (۹) دیده می‌شود با افزایش نرخ انتشار بدافزار $\beta_H . \beta_D$ در هر دو بخش شبکه اینترنت و دستگاه‌های متصل به شبکه آلودگی افزایش یافته است و مقدار R_0 نیز افزایش پیدا کرده است.

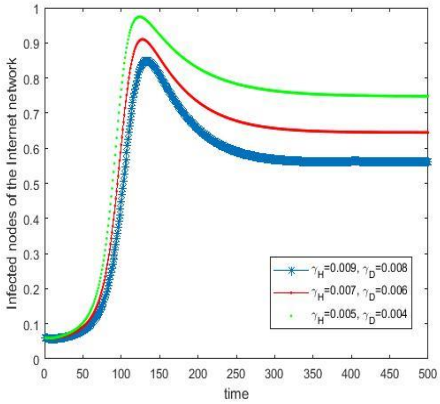


شکل (۹–الف)- مقایسه‌ی انتشار آلودگی در شبکه‌ی اینترنت در مدل HD-SEIRS با تغییر پارامترهای $\beta_H . \beta_D$ و پارامترهای ثابت $\alpha_H = 0/009$. $\alpha_D = 0/007 . \gamma_H = 0/009 . \gamma_D = 0/008 . \rho_H = 0/005 . \rho_D = 0/004 . \mu_H = 0/001 . \mu_D = 0/001 . \Lambda_H = 0/001 . \Lambda_D = 0/001. \delta_H = 0/1 . \delta_D = 0/08$

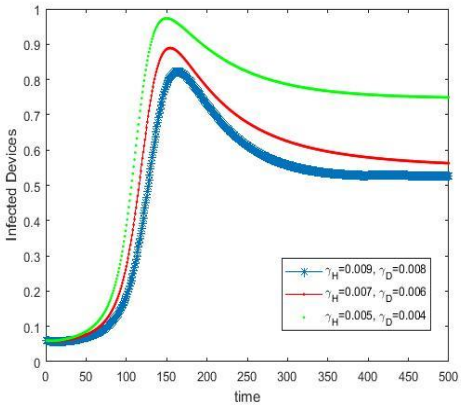


شکل (۹–ب)- مقایسه‌ی انتشار آلودگی در دستگاه‌های متصل به شبکه در مدل HD-SEIRS با تغییر پارامترهای $\beta_H . \beta_D$ و پارامترهای ثابت $\alpha_H = 0/009$. $\alpha_D = 0/007 . \gamma_H = 0/009 . \gamma_D = 0/008 . \rho_H = 0/005 . \rho_D = 0/004 . \mu_H = 0/001 . \mu_D = 0/001 . \Lambda_H = 0/001 . \Lambda_D = 0/001. \delta_H = 0/1 . \delta_D = 0/08$

در شکل (۱۰) با تغییر پارامتر نرخ بهبود $\gamma_H.\gamma_D$ انتشار بدافزار بررسی شده است. با کاهش نرخ بهبود، آلودگی در شبکه اینترنت و دستگاه‌های متصل به شبکه زیاد شده است و مقدار R_0 افزایش پیدا کرده است.



شکل (۱۰-الف)- مقایسه‌ی انتشار آلودگی در شبکه اینترنت در مدل HD-SEIRS با تغییر پارامترهای $\gamma_H.\gamma_D$ و پارامترهای ثابت $\alpha_H = 0/009$. $\alpha_D = 0/007$. $\beta_H = 0/6$. $\beta_D = 0/5$. $\rho_H = 0/005$. $\rho_2 = 0/004$. $\mu_H = 0/001$. $\mu_D = 0/001$. $\Lambda_H = 0/001$. $\Lambda_D = 0/001$. $\delta_H = 0/1$. $\delta_D = 0/08$



شکل (۱۰-ب)- مقایسه‌ی انتشار آلودگی در دستگاه‌های متصل به شبکه در مدل HD-SEIRS با تغییر پارامترهای $\gamma_H.\gamma_D$ و پارامترهای ثابت $\alpha_H = 0/009$. $\alpha_D = 0/007$. $\beta_H = 0/6$. $\beta_D = 0/5$. $\rho_H = 0/005$. $\rho_D = 0/004$. $\mu_H = 0/001$. $\mu_D = 0/001$. $\Lambda_H = 0/001$. $\Lambda_D = 0/001$. $\delta_H = 0/1$. $\delta_D = 0/08$

جدول ۳ روند تغییر R_0 را با تغییر پارامترهای $\beta_1.\beta_2$ و مقادیر ثابت $\alpha_H = 0/0005$. $\alpha_D = 0/0005$. $\gamma_H = 0/05$. $\gamma_D = 0/05$. $\rho_H = 0/006$. $\rho_D = 0/006$. $\mu_H = 0/006$. $\mu_D = 0/001$. $\Lambda_H = 0/001$. $\Lambda_D = 0/001$. $\delta_H = 0/005$. $\delta_D = 0/005$ نشان می‌دهد. بر این اساس با افزایش نرخ انتشار بدافزار مقدار R_0 افزایش پیدا کرده است. زمانی‌که $\beta_H = \beta_D = 0/012$ است $R_0 < 1$ و پایان همه‌گیری در شبکه را خواهیم داشت و برای مقدار $\beta_H = \beta_D \geq 0/02$ ، $R_0 > 1$ و همه‌گیری را در شبکه داریم.

جدول۳-مقادیر عددی R_0 به ازای نرخ‌های انتشار متفاوت و ثابت گرفتن بقیه‌ی پارامترها

نسبت بازتولید اولیه(R_0)	نرخ انتشار بدافزار ($\beta_1.\beta_2$)
0/442932772204613	$\beta_H = \beta_D = 0/008$
0/553665965255766	$\beta_H = \beta_D = 0/01$
0/664399158306919	$\beta_H = \beta_D = 0/012$
1/10733193051153	$\beta_H = \beta_D = 0/02$
1/21806512356269	$\beta_H = \beta_D = 0/022$

۶-نتیجه گیری

در این مقاله مدل HD-SEIRS برای شبکه‌ی بی‌مقیاس متشکل از دستگاه‌های متصل به شبکه و شبکه اینترنت ارائه شده است. در مدل پیشنهادی دستگاه‌های متصل به شبکه و گره‌های شبکه به صورت مجزا فرض شده‌اند به طوریکه هر گره شبکه یا دستگاهی متصل به اینترنت یا یک گره از شبکه‌ی اینترنت است. انتشار آلودگی در هر کدام از دسته‌ها بر اساس بیماری‌های همه‌گیری مستعد- در معرض آلودگی – آلوده - بهبودیافته مدل می‌شود. بر اساس نتایج به‌دست آمده انتشار آلودگی در مدل HD-SEIRS نسبت به مدل SEIRS کاهش پیدا کرده است. مقدار نسبت بازتولیداولیه در مدل پیشنهادی محاسبه شده و اثر تغییر پارامترهای نرخ انتشار بدافزار و نرخ بهبود در مدل پیشنهادی بررسی شده است. با توجه به آزمایشات انجام شده به این نتیجه رسیدیم که با افزایش مقدار نرخ انتشار بدافزار آلودگی در شبکه در هر دو دسته گره‌های شبکه اینترنت و دستگاه‌های متصل به شبکه افزایش می‌یابد ولی نسبت به مدل SEIRS آلودگی کمتر است. نسبت بازتولیداولیه در هر حالت به‌دست آمده است. از طرفی افزایش نرخ بهبود نیز کاهش آلودگی را در بر دارد درنتیجه تقسیم گره‌ها به دو دسته اثر مطلوبی روی کاهش میزان آلودگی و R_0 داشته است. طبق آزمایشات به‌عمل آمده با افزایش نرخ انتشار بدافزار آلودگی در شبکه افزایش می‌یابد و زمانی‌که $R_0 > 1$ همه گیری خواهیم داشت و با کاهش

نرخ انتشار بدافزار R_0 کاهش می‌یابد و زمانی‌که $R_0 < 1$ به پایان همه‌گیری در شبکه می‌رسیم. از معایب مدل پیشنهادی می‌توان به پیچیدگی زمانی الگوریتم دسته بندی گره‌ها اشاره کرد که در اینجا از الگوریتم دسته‌بندی طیفی برای طبقه‌بندی گره‌ها در بخش شبیه‌سازی استفاده شده است. بهبود الگوریتم دسته‌بندی به کاهش زمان تمام شده شبیه‌سازی منجر می‌شود.در کارهای آینده کاهش زمان دسته‌بندی مورد مطالعه قرار خواهد گرفت.

مراجع

[1] Y. Ye, T. Li, D. Adjeroh, and S.S. Iyengar. “A survey on malware detection using data mining techniques.” *ACM Computing Surveys (CSUR)* 50, no. 3 (2017): 1-40.

[2] S. Boccaletti, V. Latora, Y. Moreno, M. Chavez, and D.U. Hwang. “Complex networks: Structure and dynamics.” *Physics Reports* 424, no. 4-5 (2006): 175-308.

[3] A. M. del Rey. “Mathematical modeling of the propagation of malware: a review.” *Security and Communication Networks* 8, no. 15 (2015): 2561-2579.

[4] L. Zhao, Q. Wang, J. Cheng, Y. Chen, J. Wang, and W. Huang. “Rumor spreading model with consideration of forgetting mechanism: A case of online blogging LiveJournal.” *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications* 390, no. 13 (2011): 2619-2625.

[5] K. Sznajd-Weron, and J. Sznajd. “Opinion evolution in closed community.” *International Journal of Modern Physics C* 11, no. 06 (2000): 1157-1165.

[6] J. Yang, C. Yao, W. Ma, and G. Chen. “A study of the spreading scheme for viral marketing based on a complex network model.” *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications* 389, no. 4 (2010): 859-870.

[7] M.T. Signes-Pont, A. Cortés-Castillo, H. Mora-Mora, and J. Szymanski. “Modelling the malware propagation in mobile computer devices.” *Computers & Security* 79 (2018): 80-93.

[8] W.O. Kermack, and A.G. McKendrick. “A contribution to the mathematical theory of epidemics.” *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character* 115, no. 772 (1927): 700-721.

[9] E. Kuhl, and E. Kuhl. “The classical SIR model.” *Computational Epidemiology: Data-Driven Modeling of COVID-19* (2021): 41-59.

[10] R. Almeida. “Analysis of a fractional SEIR model with treatment.” *Applied Mathematics Letters*, 84 (2018): 56-62.

[11] S. Hosseini. “Defense against malware propagation in complex heterogeneous networks.” *Cluster Computing*, 24 (2021): 1199-1215.

[12] J.R.C. Piqueira, M.A. Cabrera, and C.M. Batistela. “Malware propagation in clustered computer networks.” *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 573 (2021): 125958.

[13] B.K. Mishra, A.K. Keshri, D.K. Mallick, and B.K. Mishra. “Mathematical model on distributed denial of service attack through Internet of things in a network.” *Nonlinear Engineering* 8, no. 1 (2019): 486-495.

[14] X. Zhu, and J. Huang. “Malware propagation model for cluster-based wireless sensor networks using epidemiological theory.” *PeerJ Computer Science* 7 (2021): 728-738.

[15] C. Nwokoye, and I.I. Umeh. “The SEIQR–V model: On a more accurate analytical characterization of malicious threat defense.” *Int. J. Inf. Technol. Comput. Sci* 9, no. 12 (2017): 28-37.

[16] P. Van den Driessche. "Reproduction numbers of infectious disease models." *Infectious Disease Modelling* 2, no. 3 (2017): 288-303.

[17] J.A. Wattis. “An introduction to mathematical models of coagulation–fragmentation processes: a discrete deterministic mean-field approach.” *Physica D: Nonlinear Phenomena* 222, no. 1-2 (2006): 1-20.