



# Simulateur de propagation de virus concurrents Mode d'emploi

Yassine Mehmouden

## Table des matières

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>2</b>
1.1	Principe général . . . . .	2
<b>2</b>	<b>Probabilités de changements d'état</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>Probabilités de contamination</b>	<b>2</b>
<b>4</b>	<b>Types de propagation</b>	<b>2</b>
<b>5</b>	<b>Informations supplémentaires</b>	<b>3</b>
<b>6</b>	<b>Paramètres de la simulation</b>	<b>3</b>

# 1 Introduction

Ce document présente les spécificités du simulateur de propagations de virus concurrents. Beaucoup d'éléments pouvant être nécessaires à la compréhension sont expliqués dans le mode d'emploi du simulateur de propagation de base avec les honeypots.

Ce document se veut être une mise à jour du document précédent, expliquant les différences entre les deux modèles de simulation.

## 1.1 Principe général

Cette application permet de simuler la propagation de deux virus concurrents au sein d'un réseau. Les deux virus cherchent à se propager le plus rapidement possible. Un noeud du réseau peut alors être dans trois états possibles : susceptible, infecté par le virus A ou infecté par le virus B. On parle de tour quand une boucle est faite sur l'ensemble des noeuds du réseau, ces derniers, s'ils sont infectés par un virus, peuvent entrer en contact avec un seul de leurs voisins et essayer de le contaminer. La contamination est faite avec une certaine probabilité. La simulation s'arrête lorsqu'un des deux virus a disparu, c'est-à-dire qu'il n'y a plus aucun noeud dans le graphe qui est infecté par ce virus.

Le modèle utilisé est, comme pour le précédent simulateur, un modèle compartimental avec les changements d'état suivant :

- $S \rightarrow A$ ,  $S \rightarrow B$  : Un noeud susceptible se fait contaminer par le virus A ou le virus B
- $A \rightarrow B$  : un noeud infecté par le virus A se fait contaminer par le virus B
- $B \rightarrow A$  : un noeud infecté par le virus B se fait contaminer par le virus A

Dans la suite, nous allons présenter les principales différences avec le modèle de base.

## 2 Probabilités de changements d'état

Dans ce modèle, il n'est plus possible de donner des probabilités de "guérison". Les seuls changements d'états possibles sont ceux dus à des contaminations par le virus A ou le virus B.

## 3 Probabilités de contamination

Comme expliqué plus haut, les contaminations ne se font qu'avec une certaine probabilité. Ainsi, l'utilisateur doit renseigner la probabilité qu'un noeud contaminé par le virus A transmette le virus et la probabilité qu'un noeud infecté par le virus B le transmette également. Il est important de noter que lors des cas où un noeud infecté par le virus A cherche à infecter un noeud infecté par le virus B (et inversement), la probabilité de contamination est divisée par 2. Il est ainsi plus difficile de contaminer un noeud qui porte déjà un virus qu'un noeud susceptible. Ce cas peut être intéressant dans le cadre d'études de dynamiques d'opinions où les virus modéliseraient des idées par exemple.

## 4 Types de propagation

L'utilisateur ne peut plus choisir un mode de propagation pour les virus. Les deux virus ne se propageront qu'en *unicast*, c'est-à-dire qu'un noeud infecté ne peut contaminer qu'au plus un seul de ses voisins par tour.

## 5 Informations supplémentaires

Cette application n'est pas disponible en ligne de commande, seule la version graphique existe. Il est nécessaire d'avoir au minimum **Python 3.10** pour pouvoir la faire tourner. Il sera, tout comme pour le premier simulateur, nécessaire de télécharger quelques bibliothèques comme *Networkx*.

## 6 Paramètres de la simulation

Pour terminer, un petit récapitulatif des paramètres nécessaires pour lancer une simulation est fait ici :

- Le type de graphe choisi (s'il y a génération de graphe), qui peut être comme pour le précédent simulateur, soit une triangulation de Delaunay, soit un graphe d'Erdos-Rényi, soit un graphe Small World
- Les paramètres liés à la génération de graphe (si on décide de générer un graphe) : le nombre de noeuds, et éventuellement un degré et une probabilité d'activation comme vu plus haut
- Le nombre de noeuds infectés par chacun des deux virus au départ ainsi que leurs indices, le graphe est affiché à côté pour pouvoir faciliter le choix
- Les probabilités de contamination par chacun des deux virus

Voici, un résultat que l'on peut obtenir :

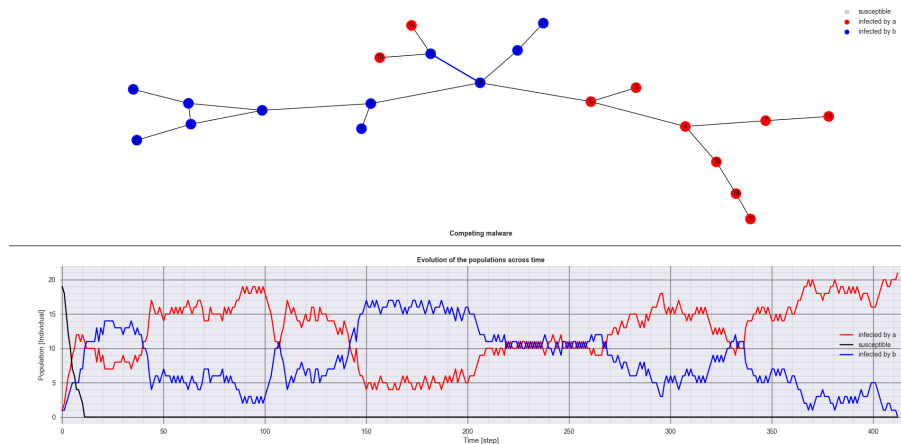


FIGURE 1 – Exemple de résultat obtenu avec le simulateur