



دانشگاه تهران

پردیس دانشکده‌های فنی

دپارتمان مهندسی برق و کامپیوتر

---

امنیت شبکه پیشرفته

تمرین تحقیقی سری دوم

---

محمدحسین بدیعی

شماره دانشجویی 810199106

استاد : دکتر محمد صیاد حقیقی

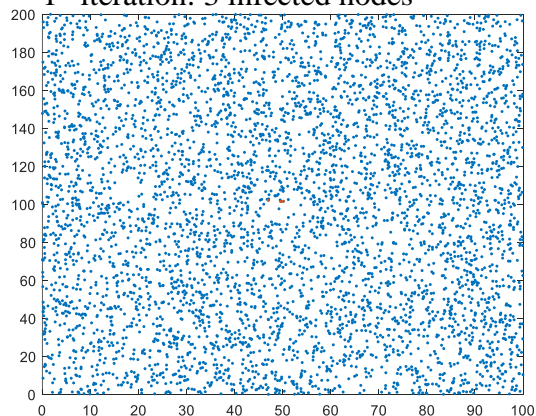
زمستان 1400-1401

## نتایج تمرین تحقیقی سری دوم

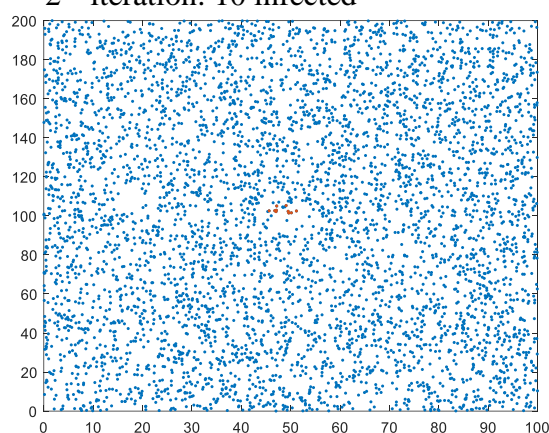
پیاده‌سازی انجام شده در محیط متلب و به صورت گرافیکی و real-time انجام شده که ویدیو آن در کنار این تمرین برای یک مرحله از شبیه‌سازی مونتو بارگذاری شده است.

برای نمونه برای 5 iteration بعد از اولین iteration (که یک نود آلوده است) را می‌توانید در اشکال ذیل مشاهده فرمایید.

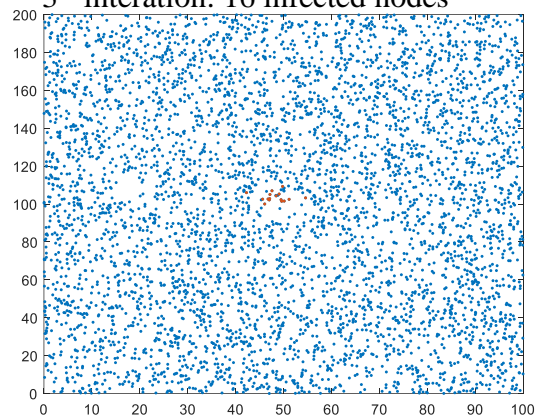
1<sup>st</sup> iteration: 3 infected nodes



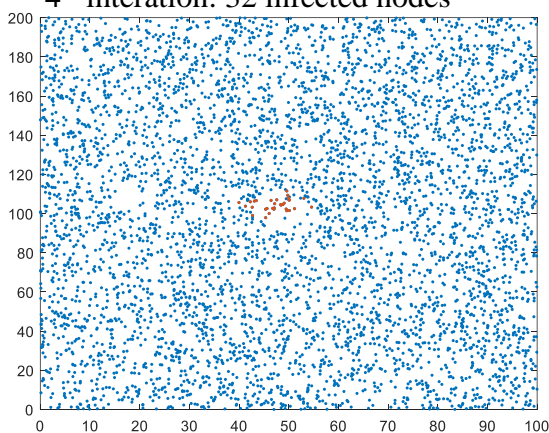
2<sup>nd</sup> iteration: 10 infected



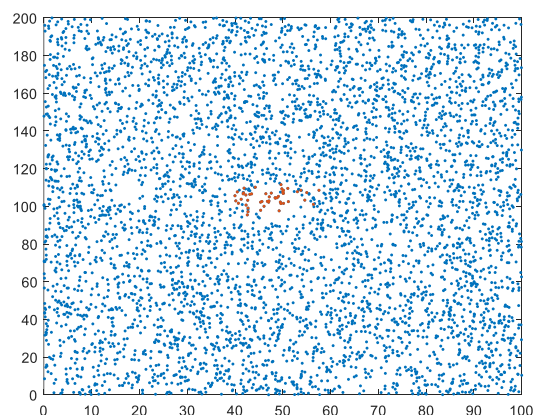
3<sup>rd</sup> iteration: 16 infected nodes



4<sup>th</sup> iteration: 32 infected nodes



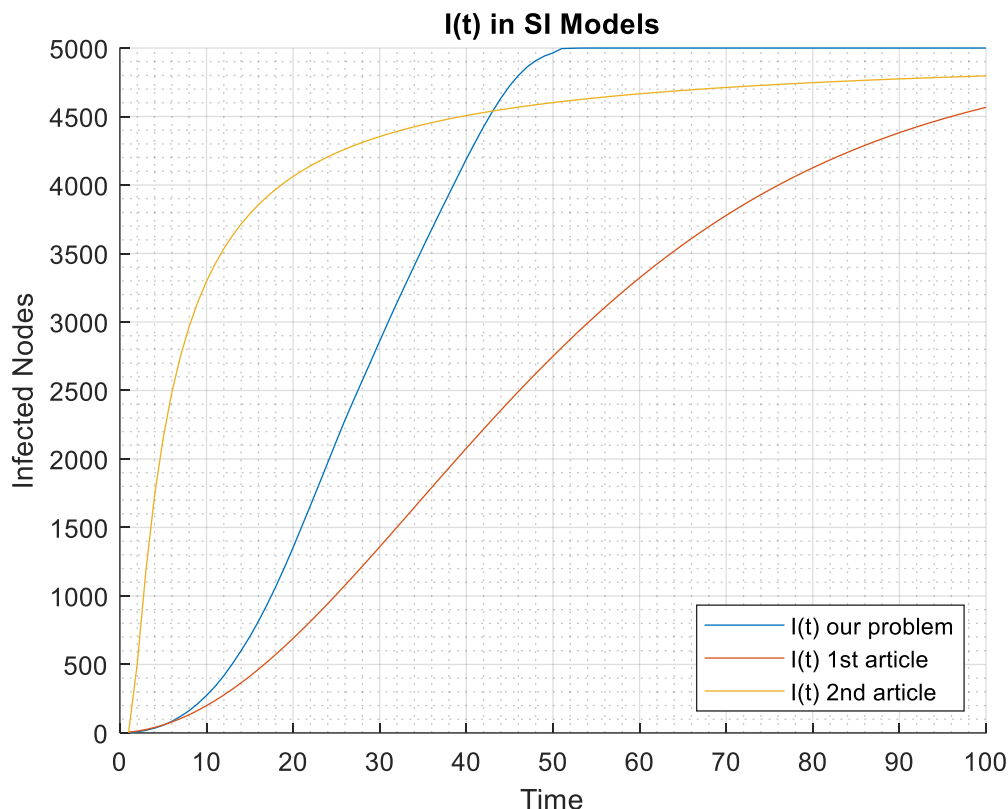
5<sup>th</sup> iteration: 49 infected nodes



تمامی این اشکال تنها برای یک گام شبیه‌سازی و تنها 5 iteration پس از زمان صفر می‌باشند. حال به نتایج مسأله که برای 50 گام برای شبیه‌سازی و 100 iteration است می‌پردازیم. در ویدیوی قرار گرفته می‌توانید به خوبی عملکرد را به صورت real-time مشاهده فرمایید. یا از پوشه codes فایل main را اجرا نمایید.

حال تمامی پارامترهای مندرج در صورت سوال را در متغیرهای کد تنظیم کرده و نمودارها را برای 50 گام شبیه‌سازی و هر گام شامل 100 iteration رسم نمودیم. نتایج شبیه‌سازی مونوکارلو این مسأله برای مقادیر ذکر شده برای بتا در صورت سوال به شرح زیر است.

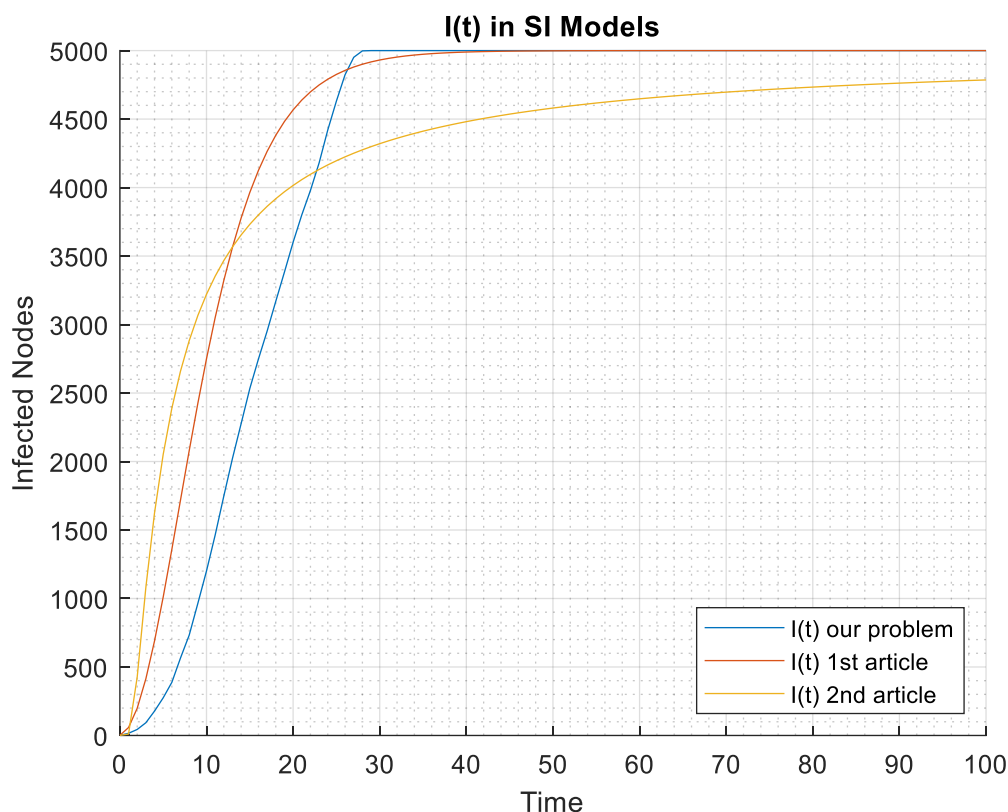
حالت اول:  $\beta = 0.1$



شکل 1 نتایج شبیه‌سازی مونوکارلو برای SI Models به ازای بتا برابر با 0.1

طبق خواسته‌ی سوال بتا را به 0.5 افزایش می‌دهیم. طبیعتاً با افزایش بتا می‌بایست شاهد رشد بیشتر بیماری (یا ویروس) بین نودها باشیم که در شکل زیر این موضوع کاملاً مشهود است. لذا از نظر زمانی نیز نسبت به حالت قبل، ویروس سریعتر رشد می‌کند و دلیل آن این است که در هر iteration افراد بیشتری درگیر بیماری (ویروس) می‌شود. نتایج برای بتا مساوی با 0.5 به شرح زیر است.

حالت دوم:  $\beta = 0.5$

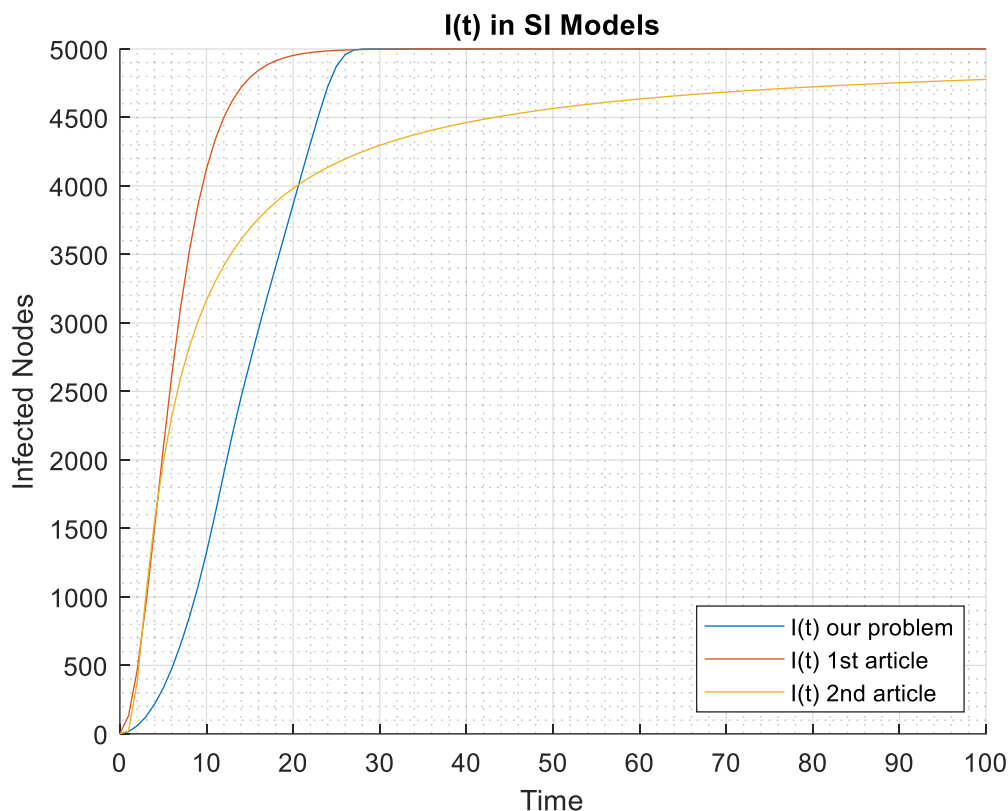


همانطور که مشاهده می‌فرمایید استدلال‌های مطرح شده هم از نقطه نظر نحوه گسترش ویروس در هر iteration و هم سرعت گسترش با شکل فوق تطابق دارد. البته صورت سوال خواسته که تطابق اشکال رسم شده برای مقالات با خود مقالات را بررسی کنیم که مشاهده می‌فرمایید که اشکال مقاله یک و دو کاملاً مطابق است. نکته‌ای که مطرح می‌باشد این است که در مقاله دوم محورهای مختصات را نرمالیزه کرده ولی ما مشابه مقاله اول محورها را اسکیل نکرده و دقیقاً مطابق مختصات شبکه‌ی ذکر شده در صورت سوال ترسیم کردیم.

حال به سراغ افزایش مجدد مقدار بتا به 0.8 می‌رویم. طبیعتاً استدلال‌های قبلی می‌بایست در اینجا صادق باشد و باز شاهد یک گسترش ویروس بیش از پیش برای هر iteration و سرعت انتقال بالاتر باشیم.

برای اطمینان از درستی این فرضیه مجدداً طبق خواسته‌ی سوال نتایج را برای بتا برابر با 0.8 رسم می‌کنیم که مطابق با شکل زیر است.

حالت اول:  $\beta = 0.8$



مجدداً گسترش بیش از پیش ویروس بین نودها را در آخرین مرحله و برای بتای بیشتر مشاهده می‌فرمایید.

خطایی که مقاله [1] مرتکب شده است این است که به اشتباه در هر iteration ناحیه‌ای را از ادامه‌ی انجام محاسبات خارج می‌کند و استدلال می‌کند که این ناحیه نمی‌تواند به نودهای خارج از یک فاصله‌ی مشخص ارتباط برقرار کرده و آنها را ویروسی کند. اما اشتباه اینجا نمایان می‌شود که ممکن است در همان ناحیه‌ی مذکور، نودهایی وجود داشته باشند که هموز سالم هستند و لذا این نودها با روشی که مقاله [1] پیش گرفته هیچگاه ویروسی نخواهند شد و طبیعتاً اشتباه است. در رابطه با مقاله دوم نیز توزیع ویروس اصلاً واقع بینانه مدل نشده است. به عنوان نمونه با تغییر پارامتر  $\alpha$  این مدل دچار نوسان‌های غیر واقع بینانه می‌شود که این مورد را با افزایش  $\alpha$  بررسی کردیم. به جهت اطمینان از اشکال وارده متوجه شدیم که نرخ  $\alpha$  یک پارامتر متغیر با هر گام زمانی و البته موقعیت نودها باشد. به عنوان مثال فرض کنید ویروس تا حد زیادی گسترش یافته و در برخی نقاط دیگر هیچ نود بیماری نمی‌تواند نودهای همسایه (با فاصله تعیین شده) ویروسی کند (یا تعداد بسیار کمی را می‌تواند ویروسی کند)، لذا این مساله تاثیر مستقیم در تعیین پارامتر  $\alpha$  و حتی گسترش

ویروس در شبکه برای iteration های بعدی می‌گذارد و عملاً به نظر من پارامتر اِتا بر حسب مشخصه‌های آماری و ویژگی‌های شبکه و شروع ویروس انتخاب نشده است و این باعث سرعت بیش از حد این مدل در گسترش ویروس می‌شود. برای مشاهده‌ی این موضوع می‌توانید متغیر اِتا مندرج در کد را تغییر و نتایج را بررسی کنید و متوجه استدلال‌های اینجانب در نتایج گسترش ویروس در هر iteration شوید و لذا در یک کلام اشکال مقاله [2] در محاسبه دینامیک گسترش ویروس و عدم لحاظ مشخصه‌های محیطی و نودهای ویروس در فرایند گسترش ویروس در شبکه است.

با تشکر

بدیعی

[1] Tang, Shensheng. "A modified SI epidemic model for combating virus spread in wireless sensor networks." *International Journal of Wireless Information Networks* 18.4 (2011): 319-326.

[2] De, Pradip, Yonghe Liu, and Sajal K. Das. "An epidemic theoretic framework for vulnerability analysis of broadcast protocols in wireless sensor networks." *IEEE Transactions on mobile Computing* 8.3 (2008): 413-425.