

**Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics**

---

## Modelagem e Simulação de Dispersão Viral em um Ambiente Computacional via Equações Diferenciais Ordinárias

Laís R. Guimarães<sup>1</sup>, Carlos A. Silva<sup>2</sup>

Departamento de Informática, IFMG, Sabará, MG

Mateus do Nascimento<sup>3</sup>

Departamento de Engenharia, IFMG, Sabará, MG

Lillia S. Barsante<sup>4</sup>

Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática e Computacional, CEFET-MG, Belo Horizonte, MG

### Resumo

A propagação de vírus computacional é um problema de impacto mundial, e de grande interesse social, pois vivemos em um mundo globalizado onde a tecnologia de informação, atrelada à expansão das redes de computadores possui uma influência preponderante em todos os níveis de organizações da sociedade. Um vírus computacional é um *software* que pode ser executado independente da vontade e conhecimento do usuário, capaz de danificar, corromper ou obter informações de maneira ilegal em virtude de alguma vulnerabilidade do sistema operacional [2]. A detecção e remoção dessas “pragas” virtuais por programas antivírus tornam-se cada vez mais problemática, devido à complexidade dos códigos dos vírus, além de sua rápida proliferação através de *links*, *e-mails* e *pen drives* infectados. O comportamento do vírus computacional é análogo ao vírus biológico. Em uma infecção biológica, ocorre absorção do vírus a uma célula suscetível, e em seguida, nesta célula infectada é feita a replicação do próprio vírus. De maneira similar, um vírus computacional é um segmento de máquina, limitado a uma determinada quantidade de *bytes*, que replica seu código em programas hospedeiros suscetíveis. Outra característica que indica a similaridade da propagação do vírus em redes de computadores com as epidemias em uma população de seres vivos, mais especificamente em seres humanos, é que ambos os sistemas são compostos por indivíduos, representados por computadores e seres humanos respectivamente, e a interação entre esses indivíduos compõem um sistema complexo [1]. Apesar dos esforços das empresas públicas e privadas no monitoramento e controle dos vírus computacionais, inúmeros casos da “doença” em computadores (*desktops*, *tablets*, *smartphones*, *notebooks*) têm sido registrados periodicamente no mundo. Se-

---

<sup>1</sup>guimaraesr.lais@gmail.com

<sup>2</sup>carlos.silva@ifmg.edu.br

<sup>3</sup>mateus.nascimento@ifmg.edu.br

<sup>4</sup>lilliabarsante@gmail.com

gundo a Federação Brasileira dos Bancos (Febraban) as instituições bancárias investiram, em conjunto, cerca de R\$ 2 bilhões no ano de 2015 e relataram perdas de R\$ 1,8 bilhão com fraudes eletrônicas. A “doença” em computadores tem motivado o desenvolvimento de diversos modelos matemáticos que descrevem e analisam a dinâmica da propagação do vírus em redes de computadores. Entre as possíveis medidas para o aumento da eficiência no monitoramento e controle do vírus computacional figura a determinação do melhor valor do *número de reprodutividade basal*  $R_0$ , que é um limiar para determinar a intensidade da infecção dos computadores. Neste trabalho, utilizamos o modelo expresso por meio de equações diferenciais não lineares SAIR (Suscetível - Antídoto - Infectado - Removido) proposto por [3] para descrever a propagação de vírus em redes de computadores e desta forma, determinar o  $R_0$ . Neste modelo denominamos: (i) suscetíveis: computadores que não estão infectados, mas podem sofrer infecção a qualquer momento; (ii) Antídoto: computadores com antivírus que fornecem uma capacidade efetiva maior de proteção aos vírus existentes; (iii) infectados: computadores que estão infectados e podem transmitir vírus para outros computadores suscetíveis; e (iv) removido: computadores removidos da rede devido à infecção por vírus [4]. O modelo matemático computacional SAIR foi abordado de forma analítica e implementado em linguagem C/C++ e MatLab. Foi feita uma análise dos resultados das simulações numéricas a fim de aferir sobre a propagação de vírus e medidas para proteger a rede de seus ataques. Os resultados encontrados podem gerar conhecimento para desenvolvimento de *software* capaz de minimizar a atuação e propagação de vírus computacionais.

## Referências

- [1] L. R. Alvarenga, R. D. Lampert e E. G. Nepomuceno. Estudo da propagação de vírus em redes de computadores por meio do modelo baseado em indivíduos. In *Anais do Congresso Brasileiro de Automática (XVI CBA)*, Salvador, Bahia, Brasil, 2006.
- [2] H. Guo, H. K. Cheng and K. Kelley, Impact of network structure on malware propagation: a growth curve perspective, NET Institute Working Paper Series, 2015. DOI:10.2139/ssrn.1286311.
- [3] J. R. Piqueira, B. F. Navarro and L. H. Monteiro, Epidemiological models applied to viruses in computer networks. *Journal of Computer Science*, 1:31–34, 2005.
- [4] J. P. Vieira, M. J. Lacerda, S. A. Martins e E. G. Nepomuceno. Modelo baseado em indivíduos para estudo de propagação de vírus de computador em metapopulações com características heterogêneas. In *Anais do Congresso Brasileiro de Automática (XVIII CBA)*, Bonito, Mato Grosso do Sul, Brasil, 2010.