

# NGHIÊN CỨU SỰ LAN TRUYỀN VIRUS MÁY TÍNH THEO LƯỢC ĐỒ SAI PHÂN KHÔNG CHUẨN HÓA

Vũ Tất Điệp<sup>1\*</sup>, Quách Thị Hạnh<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Tô Uyên<sup>1</sup>

\*Tác giả liên hệ, email: diepvt@hou.edu.vn. ORCID: 0009-0008-3732-8129

Ngày tòa soạn nhận được bài báo: 15/01/2026

Ngày phản biện đánh giá: 18/03/2026

Ngày bài báo được duyệt đăng: 14/04/2026

DOI: 10.59266/houjs.2026.1178

**Tóm tắt:** Trong bài báo này, một lược đồ sai phân không chuẩn được thiết kế nhằm bảo toàn các tính chất động học cốt lõi của một hệ mô hình lan truyền virus máy tính. Khác biệt với các phương pháp xấp xỉ truyền thống, lược đồ đề xuất đảm bảo tính chất dương, tính bị chặn của nghiệm, cũng như sự tồn tại và tính chất ổn định của điểm cân bằng bất kể kích thước bước thời gian. Tính ổn định của điểm cân bằng trong hệ rời rạc NSFD được khảo sát và chứng minh chặt chẽ thông qua việc sử dụng và mở rộng định lý ổn định Lyapunov. Các kết quả mô phỏng số học không chỉ xác thực tính đúng đắn của nền tảng lý thuyết đã xây dựng mà còn minh chứng rõ nét tính ưu việt của phương pháp NSFD trong việc khắc phục hiện tượng bất ổn định số thường gặp ở các lược đồ sai phân bình thường.

**Từ khóa:** mô hình lan truyền virus máy tính, lược đồ sai phân không chuẩn hóa, định lý ổn định Lyapunov, mô phỏng số, bất ổn định số

## I. Đặt vấn đề

Sự bùng nổ của công nghệ viễn thông và mạng Internet toàn cầu đã mang lại những giá trị to lớn, nhưng song hành cùng đó là rủi ro ngày càng gia tăng từ các loại mã độc và virus máy tính. Virus máy tính, bản chất là các chương trình độc hại có cơ chế tự sao chép và nhân bản, lợi dụng các lỗ hổng bảo mật để lây lan nhanh chóng giữa các hệ thống trong mạng (Cohen, 1987; Szor, 2005). Trong kịch bản phát tán mạnh, virus có thể thực thi hàng loạt các lệnh phá hoại, đánh cắp

dữ liệu, làm tê liệt cục bộ hoặc thậm chí phá hủy hoàn toàn hệ thống. Mối đe dọa này gây ra tổn thất kinh tế ước tính lên tới hàng tỷ USD mỗi năm do sự gián đoạn dịch vụ và chi phí khôi phục hệ thống (Garetto, 2003; Kephart và White, 1991).

Mặc dù các phần mềm diệt virus không ngừng được cải tiến, sự xuất hiện của các biến thể virus mới với cơ chế tàng hình tinh vi thường đi trước một bước so với các bản cập nhật bảo mật (Zou và cộng sự, 2002). Do đó, các giải pháp ngăn chặn cục bộ là chưa đủ. Lấy cảm hứng từ sự

---

<sup>1</sup>Khoa Điện - Điện Tử, Trường Đại học Mở Hà Nội, Việt Nam

tương đồng giữa quá trình lây nhiễm của virus máy tính và cơ chế truyền nhiễm của dịch bệnh trong sinh học tự nhiên, nhiều nhà nghiên cứu đã áp dụng các mô hình toán học vi phân để phân tích động lực học của sự lây lan mã độc (Anderson & May, 1991; Mishra & Jha, 2014; Yang và cộng sự, 2012, 2013). Các nghiên cứu này cung cấp cái nhìn vĩ mô về ngưỡng lây nhiễm cơ bản và hỗ trợ xây dựng các chính sách phòng thủ mạng dài hạn (Wang và cộng sự, 2014; Yang & Yang, 2014).

Tuy nhiên, phần lớn các công trình hiện nay tập trung vào phân tích định tính mô hình liên tục. Thực tế cho thấy, các mô hình hệ phương trình vi phân phi tuyến bậc cao mô tả sự lây lan virus rất hiếm khi tồn tại nghiệm giải tích tường minh (Brauer và Castillo-Chavez, 2012). Để áp dụng vào thực tiễn, việc tìm nghiệm gần đúng thông qua các phương pháp số là yêu cầu bắt buộc. Các lược đồ sai phân bình thường (SFDM) như Euler, Runge-Kutta, hay Taylor thường được sử dụng (Ascher và Petzold, 1998; Burden và Faires, 2015). Dẫu vậy, khi giải các hệ phi tuyến phức tạp, các SFDM thường bộc lộ sự hạn chế nghiêm trọng: hiện tượng không ổn định số (numerical instabilities), tạo ra các nghiệm âm hoặc điếm cân bằng giả khi bước thời gian không đủ nhỏ (Gumel, 2002; Stuart và Humphries, 1996). Việc thu nhỏ bước lưới lại dẫn đến chi phí tính toán khổng lồ, đặc biệt trong các mô phỏng mô hình mạng thời gian thực (Anguelov và Lubuma, 2003).

Để giải quyết triệt để sự bất ổn định này, Mickens đã tiên phong đề xuất khái niệm Lược đồ sai phân không chuẩn hóa (NSFD). Phương pháp này tái cấu trúc các thành phần phi tuyến và sử dụng hàm mẫu số phức hợp, đảm bảo mô hình rời rạc bảo toàn chính xác các tính chất động học của

phương trình vi phân gốc bất chấp kích thước bước lưới (Cole và Mickens, 2010; Dang và Hoang, 2016; Patidar, 2016). Mặc dù NSFD đã gạt hái nhiều thành công trong sinh học và hóa học (Arenas và cộng sự, 2008; Dang và Hoang, 2017; Dimitrov và Kojouharov, 2010), việc áp dụng phương pháp này vào các mô hình lan truyền virus máy tính vẫn còn rất hạn chế. Một số công trình tiêu biểu, chẳng hạn như nghiên cứu của Din và cộng sự (2015), đã bước đầu tiếp cận NSFD cho mô hình virus máy tính, song hầu hết vẫn sử dụng hàm mẫu số  $\phi(h)$  dạng cơ bản hoặc chưa cung cấp được bằng chứng giải tích trọn vẹn về tính ổn định toàn cục trên không gian ba chiều.

Xuất phát từ khoảng trống nghiên cứu nêu trên, bài báo này tiến hành xây dựng và phân tích một lược đồ NSFD cải tiến dựa trên mô hình lan truyền virus máy tính tiêu biểu được đề xuất bởi Yang (Yang, 2014). Điểm đột phá của nghiên cứu này so với các công trình đi trước nằm ở hai khía cạnh cốt lõi: (1) Thiết kế một hàm mẫu số phức hợp  $\phi(h) = \frac{1 - e^{-1.6h}}{1.6}$  được tinh chỉnh riêng để xử lý động lực học lây nhiễm chéo phi tuyến giữa các nút tiềm ẩn và nút phá hoại; và (2) Lần đầu tiên đề xuất kỹ thuật thu gọn không gian pha về đa tạp bất biến hai chiều (Bổ đề 1) nhằm chứng minh tính ổn định toàn cục bằng định lý Lyapunov một cách tường minh và chặt chẽ nhất. Các kết quả phân tích toán học và mô phỏng số sau đó sẽ khẳng định NSFD không những khắc phục triệt để yêu cầu "điểm bất động giả" của SFDM mà còn duy trì sự ổn định vô điều kiện đối với kích thước bước thời gian.

## II. Cơ sở lý thuyết

Để thuận tiện cho việc thiết lập hệ thống động lực học lan truyền virus, mạng

máy tính được mô hình hóa thành tập hợp các nút. Một nút có thể là nút trong chưa kết nối ra bên ngoài hoặc nút ngoài đã kết nối Internet toàn cầu. Trạng thái của một nút được định nghĩa: chưa nhiễm bệnh, nhiễm bệnh tiềm ẩn, hoặc đang bị phá hoại (Yang & Yang, 2014; Newman, 2002).

Tập hợp tất cả các nút trong mạng được chia làm 3 quần thể: nút không bị

$$\begin{cases} dS/dt = \mu_1 - (\beta_1 L + \beta_2 B)S + \gamma_1 L + \gamma_2 B - (\delta + \theta)S \\ dL/dt = \mu_2 + (\beta_1 L + \beta_2 B)S - (\gamma_1 + \alpha + \delta)L + \theta S \\ dB/dt = \alpha L - (\gamma_2 + \delta)B \end{cases}$$

trong đó, giá trị ban đầu  $S(0), L(0), B(0) \in \mathbb{R}^3$ . Các tham số  $\mu_1, \mu_2, \beta_1, \beta_2, \gamma_1, \gamma_2, \alpha, \delta, \theta$  mang giá trị dương, đại diện cho các tỷ lệ sinh, lây nhiễm, khôi phục và tổn thất của hệ thống mạng (Yang & Yang, 2014; Zhu và cộng sự, 2012).

Định lý 1. Mô hình liên tục (1) sở hữu các tính chất toán học quan trọng sau (Yang & Yang, 2014; Liao & Wang, 2007):

(TC1) Tính chất dương của nghiệm: Không gian  $\mathbb{R}^3$  là một tập bất biến dương đối với hệ (1). Mọi quỹ đạo nghiệm xuất

$$S^* = N^* - L^* - B^*, \quad L^* = \frac{-a_1 - \sqrt{a_1^2 - 4a_0 a_2}}{2a_0}$$

$$B^* = \frac{\alpha}{\gamma_2 + \delta} L^*$$

Với các hệ số:

$$a_0 = (\alpha + \gamma_2 + \delta)[\beta_1(\gamma_2 + \delta) + \beta_2\alpha]$$

$$a_1 = (\gamma_2 + \delta)((\mu/\delta)[- \beta_1(\gamma_2 + \delta) - \beta_2\alpha] + (\alpha + \gamma_1 + \delta)(\gamma_2 + \delta) + \theta(\alpha + \gamma_2 + \delta))$$

$$a_2 = -(\mu_2 + (\theta\mu)/\delta)(\gamma_2 + \delta)^2$$

(TC4) Tính ổn định tiệm cận địa phương: Điểm cân bằng  $E^*$  thỏa mãn các điều kiện Routh-Hurwitz, do đó là ổn định tiệm cận cục bộ (Wiggins, 2003).

(TC5) Tính ổn định toàn cục: Bằng cách xây dựng hàm năng lượng Lyapunov thích hợp,  $E^*$  được chứng minh là điểm

nhiễm ( $S$ ), nút tiềm ẩn ( $L$ ), và nút đang phá hoại ( $B$ ). Ký hiệu  $S(t), L(t), B(t)$  lần lượt là số lượng các nút thuộc các lớp trên tại thời điểm  $t$ . Dựa trên hệ tiên đề dịch tế học tiêu chuẩn (Kermack & McKendrick, 1927; Hethcote, 2000), mô hình lan truyền virus được biểu diễn bằng hệ phương trình vi phân phi tuyến:

phát từ điều kiện ban đầu không âm sẽ luôn duy trì trạng thái không âm trong suốt quá trình tiến hóa.

(TC2) Tính chất đơn điệu hội tụ: Định nghĩa tổng quy mô mạng  $N(t) = S(t) + L(t) + B(t)$ . Đạo hàm của  $N(t)$  cho thấy nó hội tụ tiệm cận về giá trị giới hạn  $N^* = \mu/\delta$ , với  $\mu = \mu_1 + \mu_2$ .

(TC3) Tồn tại điểm cân bằng duy nhất: Hệ có duy nhất một trạng thái cân bằng nội sinh  $E^* = (S^*, L^*, B^*)$  với tọa độ được xác định qua phương trình đại số:

hút toàn cục đối với mọi quỹ đạo trong  $\mathbb{R}^3$  (LaSalle, 1976).

### III. Phương pháp nghiên cứu

Để mô phỏng số hệ (1) mà không đánh mất các đặc tính toán học từ (TC1) đến (TC5), chúng tôi áp dụng nguyên lý xây dựng NSFD do Mickens khởi xướng. Kỹ thuật này bao gồm hai quy tắc cốt lõi: (i) Xấp xỉ vi phân thông qua một hàm mẫu số phức  $\phi(h)$  thay vì bước lưới tuyến tính  $h$ ; (ii) Đánh giá không cục bộ các thành phần phi tuyến (Roeger, 2006; Wood và cộng sự, 2007).

Hệ phương trình vi phân (1) được rời rạc hóa thành hệ NSFD như sau:

$$(S_{k+1} - S_k)/\varphi = \mu_1 - (\beta_1 L_k + \beta_2 B_k)S_{k+1} + \gamma_1 L_k + \gamma_2 B_k - (\delta + \theta)S_k$$

$$(L_{k+1} - L_k)/\varphi = \mu_2 + (\beta_1 L_k + \beta_2 B_k)S_{k+1} - (\gamma_1 + \alpha + \delta)L_k + \theta S_k$$

$$(B_{k+1} - B_k)/\varphi = \alpha L_k - (\gamma_2 + \delta)B_k$$

với  $\phi \equiv \phi(h) = h + O(h^2)$  là hàm liên tục đơn điệu.

Định lý 2. Nếu hàm  $\phi$  thỏa mãn ràng buộc:

$$\varphi < \min\left(\frac{1}{\delta + \theta}, \frac{1}{\gamma_1 + \alpha + \delta}, \frac{1}{\gamma_2 + \delta}, \frac{2}{\delta}\right)$$

thì lược đồ NSFD (3) bảo toàn một cách chính xác các tính chất (TC1), (TC2) và (TC3). Chứng minh. Chuyển hệ (3) về dạng hiển tường minh:

$$S_{k+1} = ([1 - \varphi(\delta + \theta)]S_k + \varphi\gamma_1 L_k + \varphi\gamma_2 B_k + \varphi\mu_1) / (1 + \varphi(\beta_1 L_k + \beta_2 B_k))$$

$$L_{k+1} = \varphi\mu_2 + \varphi(\beta_1 L_k + \beta_2 B_k)S_{k+1} + [1 - \varphi(\gamma_1 + \alpha + \delta)]L_k + \varphi\theta S_k$$

$$B_{k+1} = \alpha\varphi L_k + [1 - \varphi(\gamma_2 + \delta)]B_k$$

Với điều kiện (4), mọi hệ số nhân của các biến trạng thái ở vế phải đều không âm. Bằng phương pháp quy nạp toán học, nếu  $(S_0, L_0, B_0) \geq 0$ , suy ra  $(S_{k+1}, L_{k+1}, B_{k+1}) \geq 0 \forall k$ . Điều này khẳng định (TC1) được bảo toàn (Mickens, 2005).

Để chứng minh (TC2), gọi  $N_k = S_k + L_k + B_k$ . Lấy tổng ba phương trình trong (5), ta có phương trình tiến hóa bậc nhất:  $N_{k+1} = (1 - \phi\delta)N_k + \phi\mu$ . Vì  $\phi < 2/\delta$ , dãy số  $N_k$  hội tụ đơn điệu về  $\mu/\delta$ , bảo toàn chính xác giới hạn liên tục  $N^*$ . Quá trình tìm điểm bất động của (5) sẽ dẫn đến hệ đại số tương đương (2), xác nhận sự bảo toàn của (TC3).

Để đánh giá (TC4) và (TC5), việc tính toán ma trận Jacobian  $3 \times 3$  cho hệ rời rạc là cực kỳ rườm rà. Chúng tôi ứng

dụng nguyên lý mở rộng không gian bất biến Lyapunov (Iggidr & Bensoubaya, 1998; Dang & Hoang, 2016). Chọn hàm Lyapunov dạng toàn phương:

$$V(S, L, B) = \left(S + L + B - \frac{\mu}{\delta}\right)^2$$

Quy đạo của hệ sẽ bị hút vào đa tạp bất biến  $G^* = \{(S, L, B) \in \mathbb{R}^3 : S + L + B = \mu/\delta\}$ . Trên đa tạp này, động lực của hệ được giản lược thành không gian hai chiều:

$$(L_{k+1} - L_k)/\varphi = \mu_2 + (\beta_1 L_k + \beta_2 B_k)(\mu/\delta - L_{k+1} - B_{k+1}) - (\gamma_1 + \alpha + \delta)L_k + \theta(\mu/\delta - L_k - B_k)$$

$$(B_{k+1} - B_k)/\varphi = \alpha L_k - (\gamma_2 + \delta)B_k$$

Hệ giản lược (7) chia sẻ chung trạng thái cân bằng nội sinh  $E^{**} = (L^*, B^*)$

Bổ đề 1. Xác định các tham số ma trận  $\tau$ :

$$\tau_1 = \beta_1 L^* + \beta_2 B^*$$

$$\tau_2 = \gamma_1 + \gamma_2 + \alpha + 2\delta + \theta - \beta_1 S^*$$

$$\tau_3 = \tau_1 \alpha + (\gamma_2 + \delta)(\beta_1 S^* - \gamma_1 - \alpha - \delta - \theta) + \alpha(\beta_2 S^* - \tau_1 - \theta)$$

$$\tau_4 = \gamma_1 + \gamma_2 + \alpha + 2\delta + \theta - \beta_1 S^* - \tau_1$$

$$\tau_5 = \tau_1(\gamma_2 + \alpha + \delta)$$

Khi đó, ta luôn có  $\tau_1 + \tau_2 > 0$  và  $\tau_5 - \tau_3 > 0$ .

Định lý 3. Ma trận Jacobian  $J$  của hệ (7) tại  $E^{**}$  có các giá trị riêng nằm trong vòng tròn đơn vị theo tiêu chuẩn Jury (Elaydi, 2005) nếu hàm  $\phi$  thỏa mãn:

$$\phi < \min\{\phi_1, \phi_2\} \quad (9)$$

với:

$$\phi^1 = \infty, \text{ nếu } \tau^3 \geq 0$$

$$\phi^1 = \frac{(\tau^1 + \tau^2)}{(-\tau^3)}, \text{ nếu } \tau^3 < 0$$

$$\phi^2 = \{\varphi > 0: 4 - (\tau^2 + \tau^4 - \tau^1)\varphi - (\tau^5 + \tau^3)\varphi^2 > 0\}$$

Điều này đồng nghĩa NSFD bảo toàn tính ổn định (TC4) của hệ thống gốc mà không phụ thuộc vào kích thước bước

$h$  nếu ta thiết kế hàm  $\phi(h)$  một cách chính xác (Seker và cộng sự, 2012).

**IV. Kết quả và thảo luận**

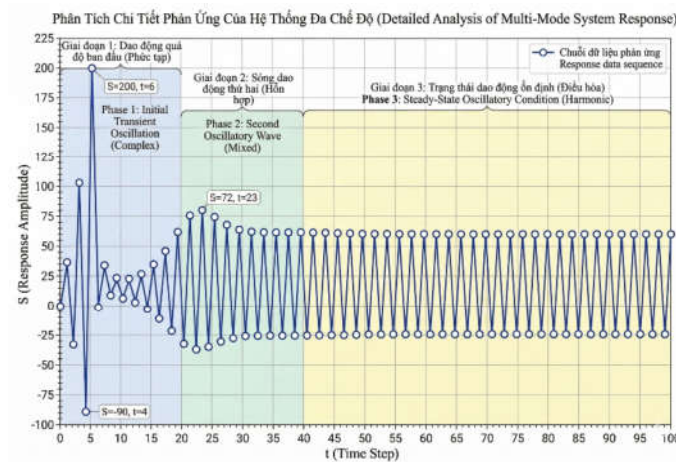
Để kiểm chứng năng lực của hệ phương pháp NSFD, các mô phỏng số được thực hiện trên môi trường máy tính với tập siêu tham số mạng trích xuất từ nghiên cứu của Yang:  $(\beta_1, \beta_2, \gamma_1, \gamma_2, \mu_1, \mu_2, \alpha, \delta, \theta) = (0.01, 0.05, 0.3, 0.1, 4, 2, 0.2, 0.1, 0.2)$ . Trạng thái cân bằng giải tích của mô hình là  $E^* = (7.7374, 26.1313, 26.1313)$ .

Chúng tôi thiết kế hàm mẫu số phức hợp cho NSFD như sau, đảm bảo luôn nhỏ hơn giới hạn  $\phi^* = 1.6667$  theo Định lý 3:

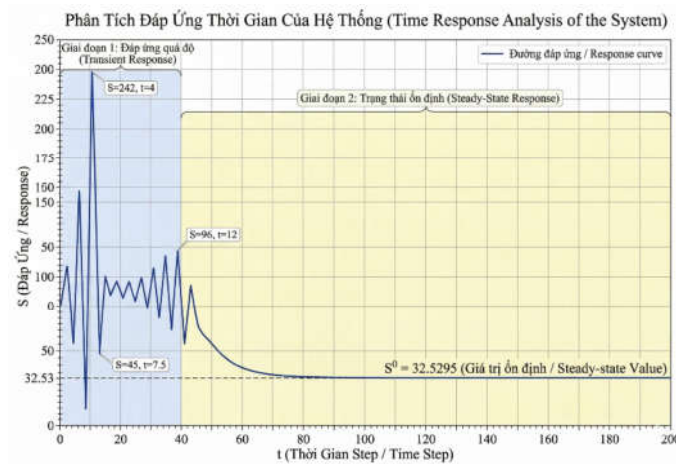
$$\varphi(h) = \frac{1 - e^{-1.6h}}{1.6}$$

Đối trọng so sánh là hai phương pháp truyền thống: Lược đồ Euler tiến và Lược đồ Runge-Kutta bậc 4 (RK4).

Từ Hình 1, với kích thước bước lưới  $h = 1$ , lược đồ Euler ngay lập tức tạo ra dao động hỗn loạn, phá vỡ tính chất nghiệm dương, sinh ra các quần thể máy tính mang giá trị âm một điều vô lý về mặt vật lý và dịch tễ học. Khi chuyển sang lược đồ chính xác bậc cao như RK4 (Hình 2) với  $h = 4/3$ , dao động hỗn loạn biến mất nhưng hệ thống lại hội tụ về một trạng thái cân bằng sai lệch hoàn toàn ( $S \approx 32.52$ ). Hiện tượng hội tụ về điểm bất động giả này là lỗi kinh điển của SFDM đã được (Mickens, 2005) cảnh báo.



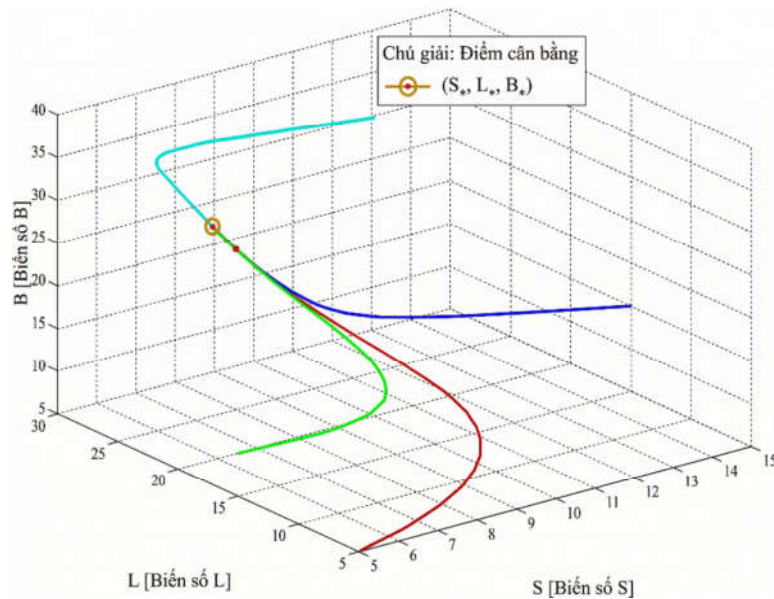
Hình 1: Nghiệm số  $S_k$  thu được bởi lược đồ Euler với  $(S(0), L(0), B(0))$  và  $h = 1$ . Sự dao động vượt ngưỡng bằng không cho thấy sự thất bại của SFDM



Hình 2: Sự xuất hiện điểm cân bằng giả của lược đồ RK4 tại  $(S, L, B)$  khi dùng bước lưới  $h = 4/3$

Trái ngược với SFDM, Hình 3 biểu diễn quỹ đạo pha 3 chiều của phương pháp NSFD. Thậm chí khi đẩy bước thời gian lên cực độ ( $h = 5$ ), lược đồ NSFD vẫn duy trì trạng thái nghiệm dương tuyệt đối. Quỹ đạo hệ thống thể hiện hình dáng hút tiệm cận hoàn hảo về đúng điểm  $E^*$ . Sự bảo toàn cấu trúc tô-pô này xác nhận sự

ưu việt của phép biến đổi không gian mẫu số  $\phi(h)$  và đánh giá phi tuyến không cục bộ. NSFD không chỉ làm giảm khối lượng tính toán khi mô phỏng thời gian dài hạn mà còn mang lại độ tin cậy tuyệt đối cho các hệ thống ra quyết định an ninh mạng tự động (Din và cộng sự, 2015; Enatsu và cộng sự, 2012).



Hình 3: Không gian pha ba chiều của nghiệm số thu được bởi NSFD (3) với bước lưới rất lớn  $h = 5$ . Quỹ đạo tron tru, bảo toàn tính dương và tụ hội chính xác về  $E^*$

## V. Kết luận

Nghiên cứu này đã trình bày và thiết lập một cách có hệ thống kỹ thuật rời rạc hóa bằng lược đồ sai phân không chuẩn hóa (NSFD) cho bài toán lan truyền virus máy tính. Bằng việc phân tích toán học thông qua hàm Lyapunov và tiêu chuẩn Jury, chúng tôi đã chứng minh bằng giải tích rằng NSFD bảo toàn toàn vẹn các cấu trúc động học thiết yếu: tính dương, giới hạn quy mô, và đặc biệt là độ ổn định tiệm cận toàn cục của quần thể mạng. Kết quả thực nghiệm bằng số đã khẳng định sự vượt trội tuyệt đối của NSFD so với các phương pháp truyền thống như Euler và RK4 trong việc loại bỏ hoàn toàn các điểm bất động giả và hiện tượng nhiễu

loạn số học khi bước lưới thay đổi. Tuy nhiên, mô hình hiện tại vẫn đang vận hành dựa trên giả định môi trường mạng là đồng nhất. Trên thực tế, cấu trúc topo của Internet và các hệ thống IoT thường tuân theo quy luật mạng không chia mức. Do đó, hướng phát triển tự nhiên và cấp thiết tiếp theo của công trình này là tích hợp các quá trình ngẫu nhiên để hình thành hệ phương trình vi phân ngẫu nhiên. Sự mở rộng này, kết hợp với nền tảng NSFD đã được chứng minh, sẽ cung cấp một công cụ toán học vững chắc nhằm mô phỏng chính xác hơn hành vi phát tán đa hình và tính chất khó lường của các cuộc tấn công Zero-day trên nền tảng mạng đô thị phức hợp

**Tài liệu tham khảo**

- Anguelov, R., & Lubuma, J. M. (2003). Nonstandard finite difference method by nonlocal approximation. *Mathematics and Computers in Simulation*, 61(3-6), 465-475.
- Cohen, F. (1987). Computer viruses: Theory and experiments. *Computers & Security*, 6(1), 22-35.
- Dang, Q. A., & Hoang, M. T. (2016). Dynamically consistent discrete metapopulation model. *Journal of Difference Equations and Applications*, 22(9), 1325-1349.
- Din, Q., Razaq, A., Hussain, T., & Meraj, M. A. (2015). Dynamically consistent nonstandard finite difference scheme for a computer virus model. *Journal of Difference Equations and Applications*, 21(5), 441-456.
- Elaydi, S. (2005). *An introduction to difference equations*. Springer.
- Garetto, M., Gong, W., & Towsley, D. (2003). Modeling malware spreading dynamics. In *Proceedings of IEEE INFOCOM 2003* (Vol. 2, pp. 866-876). IEEE.
- Gumel, A. B. (2002). Causes of non-standard numerical instabilities in finite-difference schemes. *International Journal of Computer Mathematics*, 79(9), 1043-1055.
- Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4), 599-653.
- Iggidr, A., & Bensoubaya, M. (1998). New results on the stability of discrete-time systems and applications to control problems. *Journal of Mathematical Analysis and Applications*, 219(2), 392-414.
- LaSalle, J. P. (1976). *The stability of dynamical systems*. SIAM.
- Mickens, R. E. (2005). Nonstandard finite difference schemes for differential equations. *Journal of Difference Equations and Applications*, 11(2), 155-214.
- Szor, P. (2005). *The art of computer virus research and defense*. Addison-Wesley Professional.
- Yang, L. X., & Yang, X. (2014). A new epidemic model of computer viruses. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, 19(6), 1935-1944.

# A NUMERICAL STUDY OF COMPUTER VIRUS PROPAGATION USING NONSTANDARD FINITE DIFFERENCE SCHEMES

Vu Tat Diep<sup>1</sup>, Quach Thi Hanh<sup>1</sup>, Nguyen Thi To Uyen<sup>1</sup>

**Abstract:** *In this paper, a nonstandard finite difference (NSFD) scheme is explicitly designed to preserve the fundamental dynamical properties of a computer virus propagation model. Deviating from classical approximation methods, the proposed scheme guarantees the positivity and boundedness of the solutions, along with the existence and stability of the equilibrium point, completely independent of the selected time step size. The local and global stability properties of the equilibrium in the NSFD discrete system are rigorously analyzed and proven utilizing an extended version of the classic Lyapunov stability theorem. Corresponding numerical simulations are conducted, which not only corroborate the validity of the established theoretical framework but also significantly highlight the superiority of NSFD methodologies in circumventing numerical instabilities typically inherent in standard finite difference schemes (SFDS).*

**Keywords:** *computer virus propagation model, nonstandard finite difference scheme, lyapunov stability theorem, numerical simulation, numerical instability*

---

<sup>1</sup> Faculty of Electric and Electronic Engineering, Hanoi Open University, Hanoi, Vietnam