Knowledge Engineering (2010)
Cracking Codes With Genetic Algorithms

Davide Eynard
eynard@elet.polimi.it

Department of Electronics and Information
Politecnico di Milano

Perchè *"Cracking codes"*?

- Definizione sufficientemente ambigua per
  - ***Cracking software*** *(code = ASM)*
    - *Una volta compreso il funzionamento di un algoritmo, è possibile usare un GA per trovare automaticamente la soluzione desiderata*
    - *È necessario tener conto di questo quando si desidera* ***creare*** *una protezione software*
  - ***Cracking ciphers*** *(code = cifratura)*
    - *Le cifrature più semplici possono essere aperte in tempi ragionevoli con l'aiuto di un GA*

Metodo

1) Scelta e studio del problema

- *Scegliere un problema che sia possibile risolvere (tipologia – tempo – capacità – utilità)*
- *Studiarlo per poterlo comprendere al meglio*

2) Modello e cromosomi

- *Corrispondenza fra cromosomi e soluzioni*

3) Fitness

- *Valutare la bontà di ogni singolo cromosoma*

Metodo

4) Riproduzione e mutazione

- *Conservare le proprietà dei cromosomi*
- *Trasmettere le proprie qualità ai figli*

5) Parametri

- *Dimensione della popolazione, probabilità di riproduzione, probabilità di mutazione*

6) Test e conclusioni

- *Valutazione dei risultati e tweaking dei parametri*

Netscape Cache Explorer

- ***nsce.exe*** by Matthias Wolf, shareware, v1.20, 22/08/1996
- Il programma chiede una chiave di registrazione
  http://www.woodmann.com/fravia/nscekey.htm [EN]
  http://freeweb.supereva.com/underthenet/texts/nscekita.htm [IT]
- Scopo: comprendere il funzionamento dell'algoritmo, adattarlo per un GA e usarlo per ottenere chiavi di registrazione corrette

NSCE: *l'algoritmo*

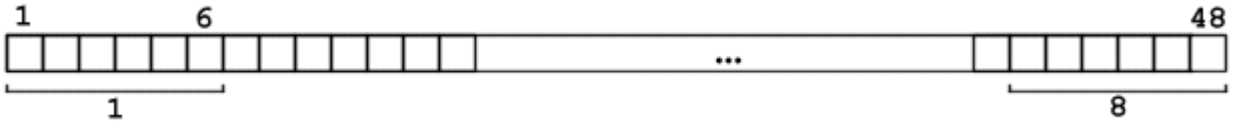
- ***username*** **e** ***password*** **di 8 caratteri**
- **pn = n-esimo elemento della password inserita -**
  - ((n-esimo elemento della login)%26)+65) +
  + (26, se il valore finale e' <0)

r1=p1+0%10 r5=p5+4%10
r2=p2+1%10 r6=p6+5%10
r3=p3+2%10 r7=p7+6%10
r4=p4+3%10 r8=p8+7%10

- **r1*r2 + r2*r3 + r3*r4 + r4*r5 + r5*r6 + r6*r7 + r7*r8 = 190h = 400d**

NSCE: *modello e cromosoma*

- Ogni cromosoma deve rappresentare una stringa di registrazione *valida* (!=*corretta*): lunghezza di 8 byte, solo alcuni caratteri
- Stringa di bit => Password




```
I numeri da 1 a 8 sono usati come indici di
char *alpha = azAZ09-_ (set di 64 caratteri)
```

NSCE: *fitness*

- Abbiamo un valore verso cui tendere:
  - `r1*r2 + ... + r7*r8 = 190h = 400d`
- La *differenza* (in modulo) *d* fra il valore restituito dalla funzione di controllo e 400 può essere una buona stima
  - *Minimo* di *d* = *massimo* di *-d*
  - Per non avere valori negativi, traslo la funzione verso l'alto (*-d+400*)
  - In C: `(abs(400-abs(400-x)))`

NSCE: *riproduzione e mutazione*

- Per il `GA1DBinaryStringGenome` le GAlib usano di default, rispettivamente,
  - `OnePointCrossover`
  - `FlipMutator`
- Altri operatori:
  - `UniformCrossover`
  - `EvenOddCrossover`
  - `TwoPointCrossover`

NSCE: *parametri*

- **ps *(population size)***
  - 10~50
- **pc *(prob. Crossover)***
  - 0.9~0.99
- **pm *(prob. Mutazione)***
  - 0.1
- **ng *(num. Generazioni)***
  - Usato per il display (evoluzione piuttosto rapida)

NSCE: *conclusioni*

- Funziona :)
  - Il programma riesce ad elaborare, in un tempo accettabile, chiavi sempre diverse e sempre valide
- Ha senso?
  - Trade off fra complessità dell'algoritmo e prestazioni del GA: questo era un caso semplice, ma se avessimo avuto un problema più complesso?
  - Insegnamento: **NO** alla security by obscurity!

Cifrature monoalfabetiche (CM)

- Ad ogni lettera ne corrisponde un'altra (e una sola!)
  - Cifratura di Cesare, alfabeto mescolato, XOR (lavorando sui byte)
- Il caso più generale è quello in cui viene fornito l'*alfabeto cifrante*. Ad esempio:
  - `ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ` `"Attacchiamo all'una"`
  - `ZYXWVITSRQPONMLKJIHGFEDCBA` `"Zggzxxsrznl zoo'fmz"`
- Risolvere la cifratura significa trovare l'alfabeto cifrante

CM: *modello e cromosoma*

- La generica soluzione è un alfabeto cifrante
  - È sempre lungo 26 caratteri e contiene *tutte* e *sole* le lettere dell'alfabeto (è una sua *permutazione!)*
- Le GAlib forniscono gli strumenti per crearne uno
  - `GAStringGenome` consente di definire un cromosoma come una generica sequenza di alleli
  - Ogni allele è una lettera dell'alfabeto
  - Funzione di inizializzazione personalizzata

CM: *fitness*

- Come valutare la bontà di un alfabeto?
  - Lo si usa per decifrare il testo e poi si verifica quanto “buono” è il testo stesso
- Tecniche:
  - Analisi delle frequenze
  - *Cluster* di vocali e consonanti
  - Digrammi e trigrammi
  - Dizionario

CM: *fitness*

- http://crank.sf.net
  - È uno strumento *free* per la crittanalisi
  - *Riutilizzo di codice*: perchè reinventare l'acqua calda? Analisi delle frequenze, digrammi, trigrammi
- Calcolo della fitness:
  1) Il cromosoma è convertito in chiave per Crank
  2) Il testo viene decifrato con la chiave ottenuta
  3) Calcolo delle tabelle delle frequenze e errore
  4) Risultato: `1/(a*slft_err + b*bift_err + c*trift_err)`

CM: *riproduzione e mutazione*

- È necessario garantire le proprietà originali dei cromosomi
- Le GAlib offrono, rispettivamente:
  - **`PartialMatchCrossover`** (garantisce compatibilità, perdita di parte del patrimonio genetico)
  - **`SwapMutator`** (inverte alcuni alleli a caso)

CM: *parametri*

- **ps:** 25~50
- **pc, pm:** di default, 0.9 e 0.01 *(poi modificati!)*
- **ng:** due modalità
  - numero massimo di generazioni (quando non si conosce il testo in chiaro)
  - valore ottimo di fitness (quando si è già risolto il problema: utile in fase di test)

CM: *parametri*

- **text size:** trade off tra qualità e tempo
  - Tanto più lungo è il testo, tanto più precise sono le statistiche
  - Tanto più breve è il testo, tanto più veloce è il calcolo della fitness
  - Quattro versioni: completa, 8k, 3k, 1k
- **a, b, c:** sono i parametri della funzione

```
1) 1/(a*slft_err + b*bift_err + c*trift_err)
```

CM: *test approfonditi*

- Il GA non funziona sempre bene con i parametri di default

```
================================================================================
 Statistiche per ps=25 mg=3000 pm=0.01 pc=0.90

+---------------------------+----------------------------------------------+
| Alfabeto cifrante         | Statistiche (medie su 10 esecuzioni)         |
+---------------------------+----------------------------------------------+
| zyxwvutsrqponmlkjihgfedcba | Score = 8.3881 Gen = 00870 Time = 015        |
| qrstuvwxyzabcdefghijklmnop | Score = 5.4116 Gen = 02650 Time = 042        |
| bqklhmnoepjcarstufvdgwxyzi | Score = 4.9567 Gen = 02530 Time = 040        |
+---------------------------+----------------------------------------------+

 Legenda: ps = population size          | Score: punteggio medio
          mg = max generations          |        (8.7647 = alfabeto giusto)
          pm = probabilita' mutazione   | Gen  : numero medio di generazioni
          pc = probabilita' crossover   | Time : tempo medio di esecuzione
================================================================================
```

=> sono necessari dei *test* per tarare i parametri

CM: *test approfonditi*

- L'eseguibile è stato modificato per accettare diversi *parametri*
- *Wrapper* in perl per il calcolo delle statistiche
- Dati dei test:
  - text size: 8k, ps=25, ng=5000
  - a=1, b=10, c=100
  - pc=0.10~0.90 (ad intervalli di 0.10)
  - pm=0.01, 0.02, 0.04, 0.08

CM: *conclusioni*

- Dai risultati dei test, possiamo trovare pc e pm ideali *(almeno a livello statistico)*
  - *pc=0.6* e pm=*0.04*
  - *Perchè* abbiamo migliori risultati abbassando pc? Come cambia la convergenza cambiando i valori?
  - Non e' sufficiente avere uno score medio alto: verificare anche il numero medio di generazioni!
  - Più basse sono le probabilità, più veloce è l'algoritmo

Bibliografia

- Darrel Whitley: *"A Genetic Algorithm Tutorial"* http://citeseer.ist.psu.edu/29471.html
- http://galib.sourceforge.net
- Ravi Ganesan, Alan T. Sherman: *"Statistical Techniques for Language Recognition: An Introduction and Guide for Cryptanalysts"* http://citeseer.ist.psu.edu/ravi93statistical.html
- http://davide.eynard.it/malawiki/GeneticAlgos