

扩散的多播分子通信网络的比特错误率分析

程 珍 赵慧婷 章益铭 林 飞

(浙江工业大学计算机科学与技术学院 杭州 310023)

摘 要 考虑到多播分子通信网络由 1 个发送方纳米机器、2 个接收方纳米机器和 4 个中继纳米机器组成,提出通过每跳采用同种类型和不同类型的分子来传输信息的中继策略,以保证多播分子通信的可靠性。首先,提出调整阈值的方式来有效减少并行中继纳米机器间发送相同类型分子时的干扰;然后,推导出两种中继策略下多播分子通信网络平均比特错误率的数学表达式;最后,通过实验仿真展示了不同参数(包括检测阈值、每个时隙发送的分子数、发送方和接收方纳米机器间的距离、样本个数、比特间隔时长以及扩散系数)对多播分子通信网络的比特错误率的影响,并提出了可降低该多播分子通信网络的平均比特错误率的中继方案。

关键词 扩散的,分子通信网络,多播,比特错误率

中图分类号 TP391.9 文献标识码 A DOI 10.11896/jsjcx.181001925

Bit Error Rate Analysis of Diffusion-based Multicast Molecular Communication Networks

CHENG Zhen ZHAO Hui-ting ZHANG Yi-ming LIN Fei

(College of Computer Science and Technology, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310023, China)

Abstract Considering a multicast molecular communication network consisting of one transmitter nanomachine, two receiver nanomachines, and four nanomachines acting as relays, this paper proposed two different relay schemes using the same type and different types of molecules in each hop to transmit information to ensure the reliability of the multicast molecular communication. First, the method for adjusting the decision threshold as an effective mechanism is proposed to mitigate interference when transmitting the same type of molecules between parallel relay nanomachines. Then, mathematical expressions for the average bit error rate of the multicast molecular communication network for both relay schemes are derived. Finally, the simulation results show that different parameters have impacts on the average bit error rate of the multicast molecular communication network, including decision threshold, the number of molecules emitted in each time slot, the distance between transmitter nanomachine and receiver nanomachine, the number of samples, bit interval duration and diffusion coefficient. And a relay scheme which can reduce the average bit error rate of this network was proposed.

Keywords Diffusive, Molecular communication networks, Multicast, Bit error rate

1 引言

近年来,随着纳米技术的迅猛发展,新型的分子通信网络^[1]逐渐走入公众的视野。承担重要作用的小型纳米级(10^{-9} m)设备称为纳米机器,它主要负责执行计算、感知等一些简单的任务^[2]。由于纳米机器自身尺寸的限制,单个纳米机器不足以完成更复杂的任务要求,因此在分子通信网络中需要以分布式的方式组织多个纳米机器,相互协调,从而使信息传递的范围更广、准确性更高^[3]。基于纳米技术的实用性,分子通信网络有望在医药、工业、环境等多个应用领域发挥潜在的作用^[4]。

分子通信的形式多种多样,包括分子自由扩散,钙离子信号等的被动传输,通过细菌病毒、分子马达等的主动传输^[5]。在基于扩散的分子通信网络中^[6],生物化学分子作为信息载体,通过自由扩散的方式进行相互通信。然而,基于扩散的分子通信仍面临着一系列的挑战,很多学者对该系统进行了深入的研究^[7]。Einolghozati 等^[8]于 2013 年,针对中继纳米机器和发送方纳米机器使用相同或不同类型分子转发信息,分析了该系统的信道容量和错误率。Wang 等^[9]于 2015 年以分子浓度为信息的载体,引入中继纳米机器来减少其衰变引起的传输错误。Deng 等^[10]于 2016 年建立了带有可逆反应的接收方纳米机器,分析该扩散的分子通信网络的比特错误

投稿日期:2018-10-16 返修日期:2018-11-29 本文受国家自然科学基金(61472367),浙江省自然科学基金(LY19F020090)资助。

程 珍(1981-),女,博士,副教授,CCF 会员,主要研究方向为分子通信与纳米网络,E-mail:chengzhen@zjut.edu.cn(通信作者);赵慧婷(1992-),女,硕士,主要研究方向为分子通信与纳米网络;章益铭(1993-),硕士生,主要研究方向为分子通信与纳米网络;林 飞(1992-),硕士,主要研究方向为分子通信与纳米网络。

率。同年,Ahmadzadeh 等^[11]在同种类型分子自干扰的情况下,提出使用调整阈值和半双工的方式来减缓干扰的影响。文献[12]研究了不考虑码间干扰的、基于扩散的分子通信模型在单链路以及多播场景下的可靠性和时延分析。2017年,Tiwari 等^[13]研究了两跳扩散的分子通信系统在预测转发的中继策略下的性能。同年,Tavakkoli 等^[14]研究了带有漂移扩散的两跳分子通信模型的性能分析和最优检测阈值的设计。2018年,Yin 等^[15]提出了两跳扩散分子通信系统的基于机会合作的中继策略,从而提高了通信距离。同年,Yuan 等^[16]分析了基于解码转发的中继策略对系统性能的影响。

已有的工作只针对两跳的分子通信系统的中继策略对系统性能的影响进行研究。到目前为止,没有研究考虑多条并行链路中并行纳米机器之间产生的干扰对多播分子通信网络性能的影响。本文弥补了该空缺,首先提出了每跳采用同种类型和不同类型的分子传输信息的两种中继策略,推导出两种中继策略下该网络平均比特错误率的数学表达式;其次,考虑到所有节点使用相同类型分子的中继策略将导致各并行纳米机器之间产生干扰,提出了调整阈值的方式来减少用户间的干扰;最后,通过实验仿真展示了两种中继策略下不同参数对多播分子通信网络的比特错误率的影响。

2 系统模型

本节主要介绍本文考虑的扩散的多播分子通信模型。

为了便于阐述,文中的纳米机器统一使用节点替代,发送方纳米机器与发送方节点或源节点相对应,中继纳米机器与中继节点相对应,接收方纳米机器与接收方节点或目的节点相对应。在该模型中,存在 1 个源节点 S , 2 个目的节点 D_1 和 D_2 , 以及 4 个中继节点 R_1, R_2, R_3, R_4 , 其拓扑结构如图 1 所示。

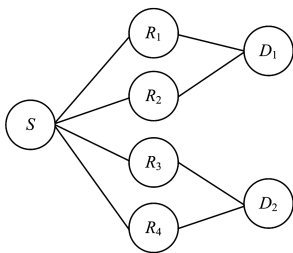


图 1 多播分子通信网络拓扑结构

Fig. 1 Topology of multicast molecular communication network

分子通信的基本过程包括信息的编码、发送、传输、接收和解码 5 个步骤^[4]。多播分子通信模型的具体通信过程如下:

1) 在信息编码和发送阶段,由源节点传递到目的节点的信息被编码在二进制比特序列 W_n 中, $n \in \{S, R_1, R_2, R_3, R_4\}$ 。因此,节点 S 发送的长为 j 的二进制比特序列可表示为 $W_{S,1}^j = \{W_s[1], W_s[2], W_s[3], \dots, W_s[j]\}$, 其中 $W_s[j]$ 表示由节点 S 发送的第 j 个比特,取值为 0 或 1。假设节点 n 第 j 个比特发送 1 的概率为 P_1 , 发送 0 的概率则为 $1 - P_1$, 即 $Pr(W_n[j]=1) = P_1, Pr(W_n[j]=0) = 1 - P_1$ 。本文采用二进制

启闭键控进行调制,若当前发送的比特为 1,则该节点会在该比特间隙的开始释放规定类型的分子到生物环境中;若传递比特为 0,则不释放分子。

2) 在信息传输阶段,当分子被发送至生物环境后,会遵循布朗运动自由扩散,不同类型的分子之间的运动相互独立,互不影响。由文献[11]可知,基于一维环境中的分子扩散,在分子传输及扩散过程中,描述任一个分子从发送方节点 n 到达接收方节点 q 的时间 t 的概率密度函数 $f_{nq}(t)$ 为:

$$f_{nq}(t) = \frac{d_{nq}}{\sqrt{4\pi Dt^3}} e^{-\frac{d_{nq}^2}{4Dt}}, t > 0 \quad (1)$$

其中, d_{nq} 表示节点 n 和 q 间的距离, D 是生物环境的扩散系数,若环境中的分子类型改变则其扩散系数也相应改变。因此,由式(1)可知, $f_{nq}(t)$ 的累积分布函数 $F_{nq}(t)$ 可以用于描述一个分子从 $t=0$ 开始至 t 时刻之前到达接收方节点的概率,公式如下:

$$F_{nq}(t) = \text{erfc}\left(\frac{d_{nq}}{2\sqrt{Dt}}\right), t > 0 \quad (2)$$

其中, $\text{erfc}(\cdot)$ 表示互补误差函数。

3) 在信息的接收和解码阶段,本文采用全双工的传输方式,一个节点可同时进行信息的发送和接收,当信息分子到达目的节点后将被吸收,不再存在于生物环境中。另外,对于中继节点的信息接收和解码,采用较为流行的解码-转发中继协议,中继节点会在收到信息后对信息进行解码,再将解码后的信息重新编码传递给下一个节点。其中,对于接收到的分子采用文献[11]提到的加权和检测器进行解码,即接收节点 q 在一个比特间隙中划分多个独立的间隔时间,将多个间隔中收到的分子数之和与阈值进行比较,若分子数大于阈值表示当前收到的比特为 1,其他情况均表示收到的比特为 0。

以图 1 中的 $S-R_1-D_1$ 路径为例,其完整的通信过程如图 2 所示。考虑到不发生传输错误的情况,假设节点 S 发送的比特序列为 01,即当前比特间隙待发送的比特 X 为 1,前一个比特间隙发送的 X 为 0,发送方节点 S 释放分子到传输信道中进行自由扩散,分子到达接收方节点 R_1 后,节点 R_1 会将收到的相应类型分子的数量 Z 与该节点的阈值进行比较,从而解码出当前的输出 Y 是比特 1;与此同时,节点 R_1 会把前一个比特间隙收到的 0 转发给节点 D_1 ,每个比特的间隔时间为 T 。

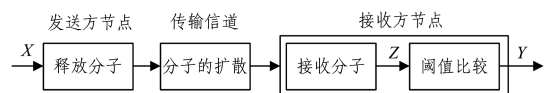


图 2 二元的扩散分子通信网络模型

Fig. 2 Binary diffusive molecular communication network model

3 多播分子通信的平均比特错误率分析

本节对该多播分子通信网络的平均比特错误率进行分析。首先,给出该多播分子通信网络的一跳链路上平均比特错误率的数学表达式;其次,给出两种中继策略下该多播分子通信网络的平均比特错误率的数学表达式。特别地,考虑到

每条路径上节点发送信息时使用同种类型分子会产生用户间干扰的情况,提出调整阈值的方式来减少干扰对网络性能的影响。

3.1 一跳链路的平均比特错误率

首先,对扩散的多播分子通信网络中的一跳链路 $n-q$ 进行单独分析(n 为发送方节点, q 为接收方节点),得出一跳链路的平均比特错误率的数学表达式。

在信息接收阶段,本文将接收方节点 q 接收一个比特的时间 T 划分为 M 等份,将划分后相邻的时间间隔 t_0 称为样本时间,即有:

$$t_0 = \frac{T}{M} \quad (3)$$

用 t_m 表示一个比特间隙中的第 m 个样本时间,即有:

$$t_m = mt_0 \quad (4)$$

则节点 q 接收第 j 个比特时的第 m 个样本时间 $t(j, m)$ 为:

$$t(j, m) = (j-1)T + t_m \quad (5)$$

将接收方节点 q 在第 j 个比特间隙的第 m 个样本时间中接收到来自发送方节点 n 在当前比特间隙开始时发送的分子数记为 $N_{(n,q)}(t(j, m))$ 。由于每个样本中的分子遵循布朗运动规则,它们之间是相互独立的,并且每个分子在接收方节点处只有成功接收和未被成功接收两种可能,因此 $N_{(n,q)}(t(j, m))$ 服从二项分布。此外,当每个样本中分子的数量较大且一个分子成功到达接收方节点的概率较小时,可以用泊松分布逼近二项分布,因此 $N_{(n,q)}(t(j, m))$ 服从泊松分布,其均值记为 $\bar{N}_{(n,q)}(t(j, m))$ 。那么,在第 j 个比特间隙中,接收方节点 q 在所有样本时间内收到的分子总数 $N_{(n,q)}[j]$ 为:

$$N_{(n,q)}[j] = \sum_{m=1}^M N_{(n,q)}(t(j, m)) \quad (6)$$

由于多个泊松随机变量的和仍然服从泊松分布,由式(6)可知, $N_{(n,q)}[j]$ 为一个泊松随机变量,其均值记为 $\bar{N}_{(n,q)}[j]$,则在节点 n 发送的比特序列 W_{n1}^{j-1} 已知的前提下, $N_{(n,q)}[j]$ 的累积分布函数为:

$$Pr(N_{(n,q)}[j] < \xi_q | W_{n1}^{j-1}) = \exp(-\bar{N}_{(n,q)}[j]) \times \sum_{\omega=0}^{\xi_q-1} \frac{(\bar{N}_{(n,q)}[j])^\omega}{\omega!} \quad (7)$$

其中, ξ_q 是节点 q 的检测阈值。

此外,在扩散的分子通信模型中,由于分子被发送方节点 n 释放在生物环境中后会自由扩散,这些分子可能在当前的比特间隙到达接收方节点,也可能在之后的比特间隙到达,因此节点 n 在之前的比特间隙发送的比特序列会对当前比特间隙的比特序列的接收产生影响。因此,在第 j 个比特间隙中,节点 q 收到的分子数 $N_{(n,q)}[j]$ 的均值 $\bar{N}_{(n,q)}[j]$ 的计算公式为:

$$\bar{N}_{(n,q)}[j] = \sum_{i=1}^j \sum_{m=1}^M \bar{N}_{(n,q)}(t(j-i+1, m)) \quad (8)$$

其中, $t(j-i+1, m)$ 可以用式(5)进行计算; $\bar{N}_{(n,q)}(t(j-i+1, m))$ 表示发送方节点 n 在第 i 个比特间隙发送的分子于第 j 个比特间隙的第 m 个样本时间内到达节点 q 的数量,其计算表达式如下:

$$\bar{N}_{(n,q)}(t(j-i+1, m)) = N_r W_n[i] \times (F_{nq}(t(j-i+1, m)) - F_{nq}(t(j-i+1, m-1))) \quad (9)$$

其中, N_r 表示节点 n 发送的分子数, $F_{nq}(t(j-i+1, m))$ 及 $F_{nq}(t(j-i+1, m-1))$ 可通过式(2)进行计算。

在信息解码阶段,对于节点 q 而言,在其接收第 j 个比特的二进制信息时,将一个比特间隙 T 中每个样本时间内收到的分子数相加后与节点 q 处的检测阈值相比,若 M 个样本中收到的分子数量之和大于或等于检测阈值,则节点 q 在第 j 个比特间隙收到的二进制比特信息为 1,反之为 0。节点 q 接收到的第 j 个比特用 $\hat{W}_q[j]$ 表示,则有:

$$\hat{W}_q[j] = \begin{cases} 1, & \text{当 } N_{(n,q)}[j] \geq \xi_q \\ 0, & \text{当 } N_{(n,q)}[j] < \xi_q \end{cases} \quad (10)$$

其中, ξ_q 是节点 q 的检测阈值。当所有样本时间中收到的分子总数 $N_{(n,q)}[j]$ 小于 ξ_q 时,节点 q 解码得到的二进制比特为 0,反之,节点 q 接收到的二进制比特信息为 1。

在已知节点 n 发送的比特序列 W_{n1}^{j-1} 的情况下,节点 q 接收到的第 j 个比特发生错误的情况有两种:1)节点 n 发送比特 1,但节点 q 检测为 0,该事件的概率用 $Pr(N_{(n,q)}[j] < \xi_q | W_n[j]=1, W_{n1}^{j-1})$ 表示;2)节点 n 发送比特 0,但节点 q 检测为 1,该事件的概率用 $Pr(N_{(n,q)}[j] \geq \xi_q | W_n[j]=0, W_{n1}^{j-1})$ 表示。当给定节点 n 发送的第 j 个比特为 1 的概率 $Pr(W_n[j]=1) = P_1$ 时,节点 q 接收到的第 j 个比特发生错误的概率记为 $P_{e1}[j | W_{n1}^{j-1}]$,其表达式如下:

$$P_{e1}[j | W_{n1}^{j-1}] = P_1 Pr(N_{(n,q)}[j] < \xi_q | W_n[j]=1, W_{n1}^{j-1}) + (1-P_1) Pr(N_{(n,q)}[j] \geq \xi_q | W_n[j]=0, W_{n1}^{j-1}) \quad (11)$$

其中, $Pr(N_{(n,q)}[j] < \xi_q | W_n[j]=1, W_{n1}^{j-1})$ 和 $Pr(N_{(n,q)}[j] < \xi_q | W_n[j]=0, W_{n1}^{j-1})$ 可用式(7)计算。

由于第 j 个比特的比特错误率受到发送方节点 n 发送的前 $(j-1)$ 个比特的影响,对于 $(j-1)$ 位的比特序列而言有 $2^{(j-1)}$ 种不同的情况,因此所有情况下的平均比特错误率用 $\bar{P}_{e1}[j]$ 表示:

$$\bar{P}_{e1}[j] = \sum_{W_{n1}^{j-1} \in W} Pr(W_{n1}^{j-1}) \times P_{e1}[j | W_{n1}^{j-1}] \quad (12)$$

其中, W 表示 W_{n1}^{j-1} 所有可能序列的集合,该集合包含 $2^{(j-1)}$ 个不同的序列; $Pr(W_{n1}^{j-1})$ 是节点 n 发送 W 集合中某个特定序列的概率。

3.2 每个节点采用不同类型的分子的中继策略

假设每条路径上传递的分子类型均不同,定义中继节点 R_1, R_2, R_3, R_4 能够检测和发送的分子类型分别为 A_f 和 B_f ,其中 $f \in \{1, 2, 3, 4\}$ 。相应地,收到相应类型分子的数目可以分别表示为 N_{A_f} 和 N_{B_f} ,对应生物环境的扩散系数分别为 D_{A_f} 和 D_{B_f} ,其中 $f \in \{1, 2, 3, 4\}$ 。

多播分子通信网络的拓扑路径如图 1 所示,以 $S-R_1-D_1$ 、 $S-R_2-D_1$ 两条路径为例,假设每个节点使用不同类型的分子,当节点 S 发送的比特为 1 时,会同时向生物环境中释放 A_1 和 A_2 两种类型的分子,中继节点 R_1 只能检测到 A_1 分

子,相应地,中继节点 R_2 也只能检测到 A_2 分子,在不发生错误的情况下, R_1 和 R_2 在检测到信息后会释放 B_1 和 B_2 两种与之前不同类型的分子传递信息,因此在这种中继策略下并行节点之间不存在相互间的干扰。另外两条路径 $S-R_3-D_2$ 和 $S-R_4-D_2$ 的情况类似。

由节点 S, R_1, R_2, D_1 组成的链路可以被看作是并行的两条两跳的链路,即 $S-R_1-D_1$ 和 $S-R_2-D_1$ 。假设在每条两跳链路中只可能在第一跳或第二跳的检测时发生错误,由于两条链路的节点为同一个,因此目的节点为 D_1 的链路发生错误的情况是两条链路均发生错误。已知节点 S 发送的第 j 个比特为 $W_S[j]$,则可能发生的错误共有如下 4 种情况:

- (1) $\hat{W}_{R_1}[j] = W_S[j], \hat{W}_{D_1}[j+1] \neq W_{R_1}[j+1]$ 且 $\hat{W}_{R_2}[j] = W_S[j], \hat{W}_{D_1}[j+1] \neq W_{R_2}[j+1]$
- (2) $\hat{W}_{R_1}[j] \neq W_S[j], \hat{W}_{D_1}[j+1] = W_{R_1}[j+1]$ 且 $\hat{W}_{R_2}[j] = W_S[j], \hat{W}_{D_1}[j+1] \neq W_{R_2}[j+1]$
- (3) $\hat{W}_{R_1}[j] \neq W_S[j], \hat{W}_{D_1}[j+1] = W_{R_1}[j+1]$ 且 $\hat{W}_{R_2}[j] \neq W_S[j], \hat{W}_{D_1}[j+1] = W_{R_2}[j+1]$
- (4) $\hat{W}_{R_1}[j] = W_S[j], \hat{W}_{D_1}[j+1] \neq W_{R_1}[j+1]$ 且 $\hat{W}_{R_2}[j] \neq W_S[j], \hat{W}_{D_1}[j+1] = W_{R_2}[j+1]$

其中, $\hat{W}_{R_1}[j], \hat{W}_{R_2}[j]$ 分别表示节点 R_1, R_2 收到的第 j 个比特, $\hat{W}_{D_1}[j+1]$ 表示节点 D_1 收到的第 $(j+1)$ 个比特。因此,已知节点 S 发送的第 j 个比特为 $W_S[j]$ 时,目的节点为 D_1 的两条并行链路发生错误的概率 $P_{e_{D_1}}[j|W_S[j]]$ 表示为:

$$P_{e_{D_1}}[j|W_S[j]] = Pr(\hat{W}_{R_1}[j] = W_S[j]) \times Pr(\hat{W}_{D_1}[j+1] \neq W_{R_1}[j+1]) \times Pr(\hat{W}_{R_2}[j] = W_S[j]) \times Pr(\hat{W}_{D_1}[j+1] \neq W_{R_2}[j+1]) + Pr(\hat{W}_{R_1}[j] \neq W_S[j]) \times Pr(\hat{W}_{D_1}[j+1] = W_{R_1}[j+1]) \times Pr(\hat{W}_{R_2}[j] = W_S[j]) \times Pr(\hat{W}_{D_1}[j+1] \neq W_{R_2}[j+1]) + Pr(\hat{W}_{R_1}[j] \neq W_S[j]) \times Pr(\hat{W}_{D_1}[j+1] = W_{R_1}[j+1]) \times Pr(\hat{W}_{R_2}[j] \neq W_S[j]) \times Pr(\hat{W}_{D_1}[j+1] = W_{R_2}[j+1]) + Pr(\hat{W}_{R_1}[j] = W_S[j]) \times Pr(\hat{W}_{D_1}[j+1] \neq W_{R_1}[j+1]) \times Pr(\hat{W}_{R_2}[j] \neq W_S[j]) \times Pr(\hat{W}_{D_1}[j+1] = W_{R_2}[j+1]) \quad (13)$$

考虑到之前比特序列对当前比特间隙收到的分子的影响,假设已知节点 S 前 $(j-1)$ 位的比特序列为 $W_{S_{i-1}}^{j-1}$, 当 $W_S[j]$ 的取值分别为 1 和 0 时,源节点为 S 与目的节点为 D_1 的并行链路发生错误的概率分别为 $P_{e_{D_1}}[j|W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}]$ 和 $P_{e_{D_1}}[j|W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}]$, 具体公式如下:

$$P_{e_{D_1}}[j|W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}] = Pr(N_{(S,R_1)}[j] \geq \xi_{R_1} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] \geq \xi_{R_2} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) +$$

$$Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] \geq \xi_{R_2} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] < \xi_{R_2} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] \geq \xi_{R_1} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] < \xi_{R_2} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] \geq \xi_{R_1} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] < \xi_{R_2} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] \geq \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] < \xi_{R_2} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] \geq \xi_{R_2} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) \quad (14)$$

$$P_{e_{D_1}}[j|W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}] = Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] < \xi_{R_2} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] \geq \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] < \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] < \xi_{R_2} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] < \xi_{R_2} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] < \xi_{R_2} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] \geq \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) + Pr(N_{(S,R_1)}[j] < \xi_{R_1} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_1,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_1}[j+1]=0, \hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(S,R_2)}[j] \geq \xi_{R_2} | W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}) \times Pr(N_{(R_2,D_1)}[j] \geq \xi_{D_1} | W_{R_2}[j+1]=1, \hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}) \quad (15)$$

假设已知节点 S 发送的二进制序列为 $W_{S_{i-1}}^{j-1}$, 在中继节点收到信息至发送信息的过程中不发生错误的前提下,根据式(14)和式(15),可以得到目的节点 D_1 处收到第 j 个比特的平均错误率为 $\bar{P}_{e_{D_1}}[j|W_{S_{i-1}}^{j-1}]$, 表达式如下:

$$P_{e_{D_1}}[j|W_{S_{i-1}}^{j-1}] = P_1 P_{e_{D_1}}[j|W_S[j]=1, W_{S_{i-1}}^{j-1}] + (1-P_1) P_{e_{D_1}}[j|W_S[j]=0, W_{S_{i-1}}^{j-1}] \quad (16)$$

其中,节点 S 发送的第 j 个比特为 1 的概率为 $Pr(W_S[j]=1) = P_1$ 。同样,假设已知节点 S 发送的二进制序列为 $W_{S_{i-1}}^{j-1}$, 则目的节点 D_2 处收到第 j 个比特的平均错误率 $\bar{P}_{e_{D_2}}[j|W_{S_{i-1}}^{j-1}]$ 可类似用式(14)~式(16)来计算。

然而,对于一个给定的序列 $W_{S_{i-1}}^{j-1}$ 来说,中继节点可能会收到 $2^{(j-1)}$ 个不同的序列,这样会使得式(16)的计算变得尤为复杂。为了降低计算的复杂度,我们使用抛硬币的方式随机获取一个 $\hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}$ 或 $\hat{W}_{R_{2,i-1}}^{j-1}$ 序列^[11]。以 $\hat{W}_{R_{1,i-1}}^{j-1}$ 为例,节点 R_1 检测到的比特为 $\hat{W}_{R_1}[i]$, 其中 $i \in \{1, 2, \dots, j-1\}$, 可用 $\hat{W}_{R_1}[i] = |\lambda - W_S[i]|$ 来计算 $\hat{W}_{R_1}[i]$ 的取值。其中, $\lambda \in \{0, 1\}$ 来源于

抛硬币的结果, λ 取 1 和 0 的概率分别为:

$$Pr(\lambda=1) = P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}] \quad (17)$$

$$Pr(\lambda=0) = 1 - Pr(\lambda=1) = 1 - P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}] \quad (18)$$

其中, $P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}]$ 可以通过式(11)获得。

图 1 所示的多播分子通信网络有两个目的节点 D_1 和 D_2 , 该多播分子通信网络的比特错误率 $P_{e_{\text{total}}} [j]$ 的计算公式为:

$$P_{e_{\text{total}}} [j] = 1 - [(1 - \bar{P}_{e_{D_1}} [j]) + (1 - \bar{P}_{e_{D_2}} [j]) + (1 - \bar{P}_{e_{D_1}} [j]) \times (1 - \bar{P}_{e_{D_2}} [j])] \quad (19)$$

其中, $\bar{P}_{e_{D_1}} [j]$ 和 $\bar{P}_{e_{D_2}} [j]$ 分别是目的节点为 D_1 和 D_2 的链路的平均比特错误率, 可通过式(16)计算得到。

3.3 每个节点采用相同类型的分子的中继策略

在所有节点释放相同类型分子的中继策略下, 节点 S 释放 A_1 分子到生物环境后会被所有的中继节点 R_1, R_2, R_3, R_4 检测到, 经过解码后, 中继节点会使用相同类型的分子转发已经解码的信息到目的节点。此处生物环境的扩散系数是 D_{A_1} 。值得注意的是, 自由扩散的分子会对并行链路上的节点信息的接收产生干扰。例如, 假设节点 S 发送的比特序列为 10, 当前发送比特 1, 下一个比特间隙发送 0, 即 $W_S [j] = 1, W_S [j+1] = 0$ 。另外, 不考虑之前发送的信息对当前的影响, 因此设定之前发送的都是比特 0, 即 $W_S [i] = 0, i \in \{1, 2, \dots, j-1\}$ 。在传输信息不产生错误的前提下, $\hat{W}_{R_1} [j] = \hat{W}_{R_2} [j] = \hat{W}_{R_3} [j] = \hat{W}_{R_4} [j] = W_S [j] = 1$, 在第 $(j+1)$ 个比特间隙初, 节点 S 不释放分子表示当前发送的是比特 0。与此同时, 中继节点 R_1 和 R_2 以及 R_3 和 R_4 会向节点 D_1 和 D_2 发送上个比特间隙收到的比特 1。对于 R_1 而言, 由 R_2, R_3, R_4 释放到生物环境中的 A_1 分子随着自由扩散也可能到达 R_1 , 从而被当做 R_1 在当前比特间隙接收到的分子; 对于 R_2, R_3 和 R_4 而言, 其情况与 R_1 类似, 这就引起了并行中继节点间的干扰。

为了减少并行节点间的用户间干扰, 本节将在中继节点处采用调整阈值的方式。中继节点将会根据源节点和其他并行的中继节点之前发送的所有比特序列来调整当前这个比特间隙的检测阈值。中继节点 R_1 在第 j 个比特间隙的调整阈值为 $\xi_{R_1, \text{Adaptive}} [j]$, 它由两个部分组成, 表达式如下:

$$\xi_{R_1, \text{Adaptive}} [j] = \xi + \xi_{R_1, \text{Parallel}} [j] \quad (20)$$

其中, ξ 是根据源节点 S 发送的分子到达中继节点 R_1 得到的阈值部分。 $\xi_{R_1, \text{Parallel}} [j]$ 是基于其余并行中继节点收到的前 $(j-1)$ 个比特到达中继节点 R_1 得到的阈值部分。给定 R_2, R_3, R_4 接收到的 $(j-1)$ 位的比特序列, 到达 R_1 的分子中来源于 $R_x (x \in \{2, 3, 4\})$ 释放的分子数的均值为:

$$\bar{N}_{(R_x, R_1)} [j] = \sum_{i=1}^{j-1} \sum_{m=1}^M \bar{N}_{(R_x, R_1)} (t(j-i+1, m)) \quad (21)$$

其中, $x \in \{2, 3, 4\}$ 。 $\bar{N}_{(R_x, R_1)} (t(j-i+1, m))$ 表示节点 R_x 在第 i 个比特间隙发送的分子于第 j 个比特间隙的第 m 个样本时间内到达节点 R_1 的数量, 其计算表达式如下:

$$\bar{N}_{(R_x, R_1)} [j] = N_r \hat{W}_{R_x} [i] (F_{(R_x, R_1)} (t(j-i+1, m)) - F_{(R_x, R_1)} (t(j-i+1, m-1))), x \in \{2, 3, 4\} \quad (22)$$

其中, N_r 表示节点 R_x 发送的分子数, $\hat{W}_{R_x} [i]$ 表示节点 R_x 收到的第 i 个比特, $F_{(R_x, R_1)} (t(j-i+1, m))$ 和 $F_{(R_x, R_1)} (t(j-i+1, m-1))$ 可通过式(2)进行计算。

我们知道中继节点 R_1 上阈值的变化部分就是从 R_2, R_3, R_4 扩散而来的分子数, 因此可以得到:

$$\xi_{R_1, \text{Parallel}} [j] = \bar{N}_{(R_2, R_1)} [j] + \bar{N}_{(R_3, R_1)} [j] + \bar{N}_{(R_4, R_1)} [j] \quad (23)$$

已知中继节点 R_1 收到的分子源于节点 S, R_2, R_3, R_4 , 则 R_1 在第 j 个比特间隙收到的分子总数 $N_{R_1} [j]$ 为:

$$N_{R_1} [j] = N_{(S, R_1)} [j] + N_{(R_2, R_1)} [j] + N_{(R_3, R_1)} [j] + N_{(R_4, R_1)} [j] \quad (24)$$

由式(6)可知, 节点 R_1 在第 j 个比特间隙收到源于 R_2, R_3, R_4 的分子数量 $N_{(R_2, R_1)} [j], N_{(R_3, R_1)} [j], N_{(R_4, R_1)} [j]$ 是均值为 $\bar{N}_{(R_2, R_1)} [j], \bar{N}_{(R_3, R_1)} [j], \bar{N}_{(R_4, R_1)} [j]$ 的泊松随机变量, 同时 $N_{(S, R_1)} [j]$ 也是均值为 $\bar{N}_{(S, R_1)} [j]$ 的泊松随机变量, 因此 $N_{R_1} [j]$ 也是一个泊松随机变量, 其均值为 4 个泊松随机变量 $N_{(S, R_1)} [j], N_{(R_2, R_1)} [j], N_{(R_3, R_1)} [j], N_{(R_4, R_1)} [j]$ 的均值之和, 即:

$$\bar{N}_{R_1} [j] = \bar{N}_{(S, R_1)} [j] + \bar{N}_{(R_2, R_1)} [j] + \bar{N}_{(R_3, R_1)} [j] + \bar{N}_{(R_4, R_1)} [j] \quad (25)$$

类似地, R_2 在第 j 个比特间隙收到的分子总数的均值 $\bar{N}_{R_2} [j]$ 为:

$$\bar{N}_{R_2} [j] = \bar{N}_{(S, R_2)} [j] + \bar{N}_{(R_1, R_2)} [j] + \bar{N}_{(R_3, R_2)} [j] + \bar{N}_{(R_4, R_2)} [j] \quad (26)$$

将式(14)、式(15)中的 $N_{(S, R_1)} [j], N_{(S, R_2)} [j], \xi_{R_1}, \xi_{R_2}$ 分别用 $N_{R_1} [j], N_{R_2} [j], \xi_{R_1, \text{Adaptive}} [j], \xi_{R_2, \text{Adaptive}} [j]$ 替换, 代入式(16)可得出在特定序列下目的节点为 D_1 的并行链路发生错误的概率。在计算出目的节点为 D_1 和 D_2 的链路的比特错误率后可通过式(12)得出平均比特错误率。

由文献[11]可知, 对于节点 R_1 检测到的比特序列 $\hat{W}_{R_1, i+1}^{-1}$ 中的每个 $\hat{W}_{R_1} [i] (i \in \{1, 2, \dots, j-1\})$ 可用 $\hat{W}_{R_1} [i] = |\alpha - W_S [i]|$ 来表示, $\alpha \in \{0, 1\}$ 来源于抛硬币的结果, α 取 1 和 0 时的概率分别为:

$$Pr(\alpha=1) = P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}, \hat{W}_{R_1, i+1}^{-1}] \quad (27)$$

$$Pr(\alpha=0) = 1 - Pr(\alpha=1) = 1 - P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}, \hat{W}_{R_1, i+1}^{-1}] \quad (28)$$

式(27)、式(28)中的 $P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}, \hat{W}_{R_1, i+1}^{-1}]$ 是将式(11)中的 $N_{(n, q)} [j]$ 和 ξ_q 分别用 $N_{R_1} [j]$ 和 $\xi_{R_1, \text{Adaptive}} [j]$ 替代而获得。

同样地, 节点 R_2 检测到的比特序列 $\hat{W}_{R_2, i+1}^{-1}$ 中的每个 $\hat{W}_{R_2} [i] (i \in \{1, 2, \dots, j-1\})$ 可用 $\hat{W}_{R_2} [i] = |\beta - W_S [i]|$ 来模拟, $\beta \in \{0, 1\}$ 。 β 取 1 和 0 时的概率分别为:

$$Pr(\beta=1) = P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}, \hat{W}_{R_2, i+1}^{-1}] \quad (29)$$

$$Pr(\beta=0) = 1 - Pr(\beta=1) = 1 - P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}, \hat{W}_{R_2, i+1}^{-1}] \quad (30)$$

式(29)、式(30)中的 $P_{e_1} [j | W_{S_{i+1}}^{-1}, \hat{W}_{R_2, i+1}^{-1}]$ 是将式(11)中的 $N_{(n, q)} [j]$ 和 ξ_q 分别用 $N_{R_2} [j]$ 和 $\xi_{R_2, \text{Adaptive}} [j]$ 替代而得到。最

后,通过式(19)获得多播分子通信网络的比特错误率。

4 数值结果

本节将通过实验仿真来展示图 1 中的多播分子通信模型在两种中继策略下的性能情况,以及在不同参数(包括检测阈值、每个时隙发送的分子数、两个相邻节点之间的距离、样本个数、比特间隔时长以及扩散系数)下对该网络比特错误率的影响。为方便计算,将每条链路中的各相邻节点之间的距离统一用 d 表示,此后不另行说明。所有仿真结果中使用的参数如表 1 所列,个别仿真中使用的不同参数会额外标明。另外,在第一种中继策略中,仿真时节点 $R_1, R_2, D_1, R_3, R_4, D_2$ 的检测阈值一致,即 $\xi_{R_1} = \xi_{R_2} = \xi_{D_1} = \xi_{R_3} = \xi_{R_4} = \xi_{D_2} = \xi$ 。

表 1 仿真参数

Table 1 Simulation parameters

符号	参数描述	参数取值
L	比特序列的长度	10
D_{A_f}	A_f 分子在环境中的扩散系数	$10 \times 10^{-10} \text{ m}^2/\text{s}$
D_{B_f}	B_f 分子在环境中的扩散系数	$10 \times 10^{-10} \text{ m}^2/\text{s}$
P_1	节点发送比特 1 的概率	0.5
$T/\mu\text{s}$	比特间隔时长	200
M	样本数	10
$t_0/\mu\text{s}$	样本时间	20
N_r	每个比特间隔释放的分子数	1000

4.1 每个节点采用不同类型分子的中继策略

图 3 给出了当检测阈值不同时,在每个节点使用不同类型分子的中继策略时多播分子通信网络的平均比特错误率随着每个比特间隔释放的分子数增多的变化趋势。相邻节点间的距离 d 为 500 nm,其他参数如表 1 所列。从图 3 可得,随着每个比特间隔释放的分子数 N_r 的增大,总存在一个 N_r 使得该多播分子通信网络的平均比特错误率最低,当超过某一 N_r 时,其网络的平均比特错误率达到稳定值;另外,当检测阈值 ξ 变大时,达到最低平均比特错误率所需的 N_r 也变大,其对应的平均比特错误率变小,这是由于当检测阈值高于接收方节点本应收到的分子数时,接收方节点在解码的过程中会将本应收到的比特 1 识别成比特 0,因此为了得到网络的最低平均比特错误率,需要使得接收方节点收到的分子数量增多。而增多发送方节点在每个比特间隔释放的分子数 N_r 会使得环境中的分子数随之增多,相同时间内接收方节点收到的分子数量也增多,另外随着分子到达接收方节点的概率增大,其对应的最低平均比特错误率减小。

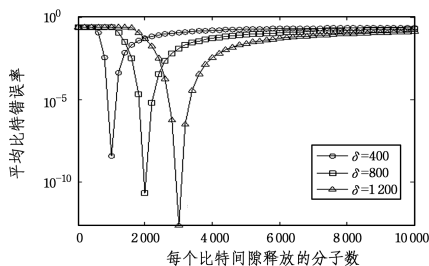


图 3 平均比特错误率与每个比特间隔释放的分子数的关系

Fig. 3 Relationship between average bit error rate and number of molecules emitted in each bit interval

图 4 给出了在每个节点使用不同类型分子的中继策略,且每个比特间隔释放的分子数 N_r 取不同值时,多播分子通信网络的平均比特错误率随着检测阈值增大的变化趋势。其中,两个相邻节点之间的距离 d 为 520 nm,除每个比特间隔释放的分子数 N_r 不同以外,其他参数均与表 1 一致。由图 4 可知,随着检测阈值的增大,存在一个最优检测阈值使得多播分子通信网络的平均比特错误率最低,当检测阈值超过某一值时,错误率不再发生改变。这是因为在其他参数不变时,接收方节点收到的分子数目是一定的,当超过某一最大检测阈值后,网络的平均比特错误率不再随着阈值变化而发生改变;另外,随着节点每个时隙释放的分子数不同,最优检测阈值也不同,每个时隙释放的分子数 N_r 越大,达到最低平均比特错误率的最优检测阈值越大,其对应的最低平均比特错误率越小。这是因为当每个比特间隔发送的分子数量增大时,环境中进行自由扩散的分子数变多,分子到达接收方节点的概率也就越大,相同时间内到达接收方节点的分子数量增多,因此,其对应的检测阈值变大,最低平均比特错误率变小。

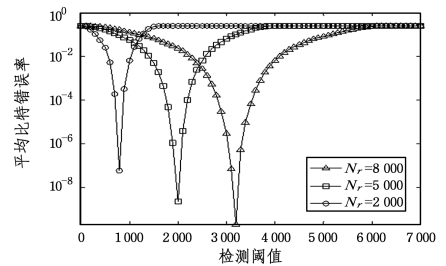


图 4 N_r 取不同值时平均比特错误率与检测阈值的关系

Fig. 4 Relationship between average bit error rate and detection threshold with different values of N_r

图 5 给出了在每个节点使用不同类型分子的中继策略,且两个相邻节点之间的距离变化时,多播分子通信网络的平均比特错误率随着检测阈值增大的变化趋势。仿真中相邻节点间的距离 d 逐渐变大,其他参数均依照表 1 所列。由图 5 可知,当相邻节点间的距离变小时,达到的最低平均比特错误率也越小。这是因为当节点间距离变小时,分子经由自由扩散到达目的节点的概率变大,多播分子通信网络的传输可靠性增大,相应地,平均比特错误率也就减小。

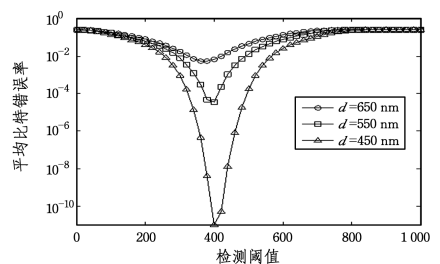


图 5 d 取不同值时平均比特错误率与检测阈值的关系

Fig. 5 Relationship between average bit error rate and detection threshold with different values of d

图 6 给出了当每个节点使用不同类型分子传递信息,且

比特间隙时长 T 取不同值的情况下,多播分子通信网络平均比特错误率与检测阈值的关系。其中,两个相邻节点的距离 d 为 600 nm,其他参数与表 1 一致。从图 6 中发现,比特间隙时长 T 越大,多播网络能达到的最低平均比特错误率越小,其对应的最优检测阈值越大。这是因为发送方节点释放分子至生物环境后,在一定时长范围内,分子到达接收方节点的概率随着时间的增长而变大,其对应的平均比特错误率减小,另外接收方节点中收到的分子数量也会随着分子到达的概率的增大而相应增大,此时为了达到最低平均比特错误率,最优检测阈值相应增大。

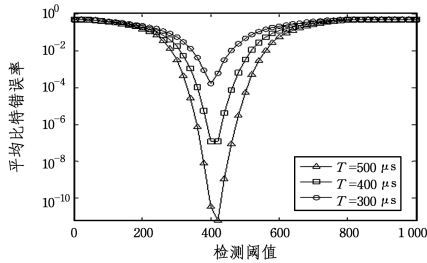


图 6 T 取不同值时,平均比特错误率与检测阈值的关系

Fig. 6 Relationship between average bit error rate and detection threshold with different values of T

图 7 给出了当每个节点使用不同类型分子传递信息,且扩散系数取不同值的情况下,多播分子通信网络平均比特错误率与检测阈值的关系。其中,两个相邻节点的距离 d 为 500 nm,其他参数与表 1 一致,需要说明的是图中的扩散系数用 D_{A_j} 表示。图 7 中的扩散系数越大,其多播网络能达到的最低平均比特错误率越小。这是因为生物环境中的扩散系数越大,分子的运动就越快,分子在相同的样本时间内到达接收方节点的概率也就相应越大,此时的多播分子通信网络的可靠性变大,其平均比特错误率变小。

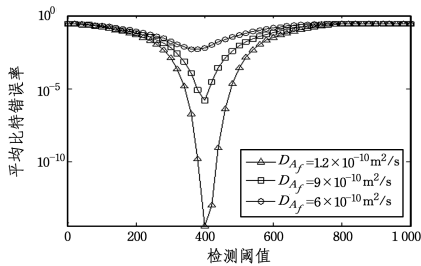


图 7 D_{A_j} 取不同值时平均比特错误率与检测阈值的关系

Fig. 7 Relationship between average bit error rate and detection threshold with different values of D_{A_j}

4.2 每个节点采用相同类型分子的中继策略

图 8 给出了当生物环境中的扩散系数不同,且采用相同类型分子的中继策略时,多播分子通信网络的平均比特错误率随着检测阈值增大的变化情况。参数设置如下:样本时间 t_0 为 40 μ s,比特间隙时长 T 为 400 μ s,相邻节点间的距离 d 为 600 nm,其他参数如表 1 所列,需要说明的是图中的扩散系数用 D_{A_j} 表示。由图 8 可知, D_{A_j} 越大,多播分子通信网络中能达到的最低平均比特错误率越小,其对应的最优检测阈值

越大。这是由于随着 D_{A_j} 的增大,生物环境中的分子运动变快,在相同时间内到达接收方节点的概率也就越大,其对应的平均比特错误率就越小,相同数量的分子到达接收方节点的分子数量随着其概率的增大而增大,此时接收方节点的检测阈值随之增大。

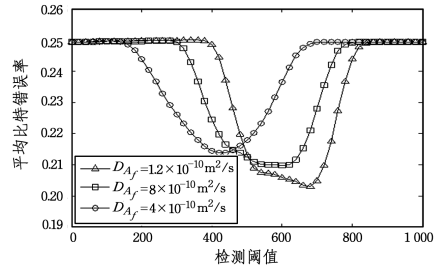


图 8 D_{A_j} 取不同值时平均比特错误率与检测阈值的关系

Fig. 8 Relationship between average bit error rate and detection threshold with different values of D_{A_j}

图 9 给出了使用第二种中继机制时多播分子通信网络的比特错误率随着检测阈值增大的变化趋势,以及采用可调整检测阈值来提高网络性能的效果。其中,各相邻节点间的距离为 500 nm, N_r 为 5000,其余参数如表 1 所列。从图 9 中可以看到,在引入并行节点间的干扰后,多播分子通信网络的平均比特错误率基本在 0.25 左右,没有明显对应的最优检测阈值,这是由于并行节点的干扰限制了网络的性能;而采用可调整阈值的方法后,可以明显看到随着检测阈值的增大,错误率呈现先减小后增大的趋势,存在最低平均比特错误率,其网络性能优于未采用可调阈值的方式。

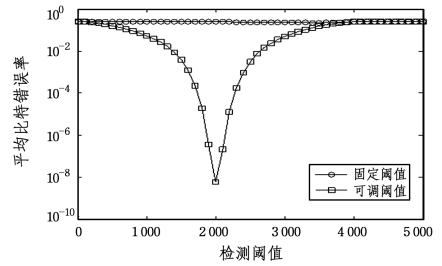


图 9 采用固定阈值或可调阈值时平均比特错误率与检测阈值的关系

Fig. 9 Relationship between average bit error rate and detection threshold comparing with fixed and adaptive decision threshold

结束语 本文考虑了基于扩散的、采用全双工的传输协议的多播分子通信网络模型,主要分析了该多播分子通信网络的平均比特错误率。首先,给出了一跳链路的平均比特错误率公式;其次,利用每跳发送不同和相同类型的分子来传输信息作为两种中继策略,从而推导出该多播网络的平均比特错误率。当链路上节点使用相同类型分子的中继策略时,本文提出在中继节点处调整阈值的方式来减少用户间的干扰。实验结果表明,随着检测阈值的变化,存在一个阈值使得多播网络的平均比特错误率最小;采用调整阈值的方法能有效消除并行节点间的干扰对网络性能的影响。通过仿真结果可知,每个时隙发送的分子数越多,两个相邻节点之间的距离越

小,样本数越大,比特间隔时长越大扩散系数越大,达到的最低平均比特错误率越小,其对应的最优检测阈值越大。此外,要使得多播分子通信网络的平均比特错误率降低,可选择的方案是:1)每个节点采用不同类型的分子来传输信息的中继策略;2)每个节点采用相同类型的分子来传输信息的中继策略时,需要采用可调阈值的方式,从而减少并行链路上用户间的干扰。

参 考 文 献

- [1] WANG J, YIN B, PENG M. Diffusion based molecular communication: principle, key technologies, and challenges [J]. *China Communications*, 2017, 14(2): 1-18.
- [2] FARSAFAD N, YILMAZ H B, ECKFORD A, et al. A comprehensive survey of recent advancements in molecular communication [J]. *IEEE Communications Surveys & Tutorials*, 2017, 18(3): 1887-1919.
- [3] NAKANO T, MOORE M J, WEI F, et al. Molecular communication and networking: opportunities and challenges [J]. *IEEE Transactions on Nanobioscience*, 2012, 11(2): 135-148.
- [4] LLATSER I, CABELLOS-APARICIO A, ALARCON E. Networking challenges and principles in diffusion-based molecular communication [J]. *IEEE Wireless Communications*, 2012, 19(5): 36-41.
- [5] LI Z P, ZHANG J, CAI S B, et al. Review on molecular communication [J]. *Journal on Communications*, 2013, 34(5): 152-167. (in Chinese)
黎作鹏, 张菁, 蔡绍滨, 等. 分子通信研究综述 [J]. *通信学报*, 2013, 34(5): 152-167.
- [6] MOVAHEDNASAB M, SOLEIMANIFAR M, GOHARI A, et al. Adaptive molecule transmission rate for diffusion based molecular communication [C] // *IEEE International Conference on Communications*. London, 2015: 181-184.
- [7] WALSH F, BALASUBRAMANIAM S. Reliability and delay analysis of multihop virus-based nanonetworks [J]. *IEEE Transactions on Nanotechnology*, 2013, 12(5): 674-684.
- [8] EINOLGHOZATI A, SARDARI M, FEKRI F. Relaying in diffusion-based molecular communication [C] // *IEEE International Symposium on Information Theory Proceedings*. Istanbul, Turkey, 2013: 1844-1848.
- [9] WANG X, HIGGINS M D, LEESON M S. Relay Analysis in molecular communications with time-dependent concentration [J]. *IEEE Communications Letters*, 2015, 19(11): 1977-1980.
- [10] DENG Y, NOEL A, ELKASHLAN M, et al. Modeling and simulation of molecular communication systems with a reversible adsorption receiver [J]. *IEEE Transactions on Molecular, Biological and Multi-Scale Communications*, 2016, 1(4): 347-362.
- [11] AHMADZADEH A, NOEL A, SCHOBBER R. Analysis and design of multi-hop diffusion-based molecular communication networks [J]. *IEEE Transactions on Molecular, Biological and Multi-Scale Communications*, 2016, 1(2): 144-157.
- [12] CHENG Z, ZHU Y H, CHI K K, et al. Reliability and delay analysis of multicast in binary molecular communication [J]. *Nano Communication Networks*, 2016, 9(1): 17-27.
- [13] TIWARI S K, UPADHYAY P K. Estimate-and-forward relaying in diffusion-based molecular communication networks: performance evaluation and threshold optimization [J]. *IEEE Transactions on Molecular, Biological and Multi-Scale Communications*, 2017, 3(3): 183-193.
- [14] TAVAKKOLI N, AZMI P, MOKARI N. Performance evaluation and optimal detection of relay-assisted diffusion-based molecular communication with drift [J]. *IEEE Transactions on Nanobioscience*, 2017, 16(1): 34-42.
- [15] YIN B N, PENG M G. Performance analysis of cooperative relaying in diffusion-based molecular communication [C] // *International Conference on Computing, Networking and Communications*. 2018: 752-756.
- [16] YUAN S, WANG J X, PENG M G. Performance analysis of reversible binding receptor based decode-and-forward relay in molecular communication systems [J]. *IEEE Wireless Communications Letters*, 2018, 7(5): 880-883.