Journal of System Simulation

Volume 30 | Issue 6 Article 5

6-14-2018

Channel Capacity Analysis of Diffusion-based Molecular Communication Model

Cheng Zhen
School of Computer Science and Technology, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310023, China;

Lin Fei
School of Computer Science and Technology, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310023, China;

Yanjing Lei
School of Computer Science and Technology, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310023, China;

Huiting Zhao
School of Computer Science and Technology, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310023, China;

Follow this and additional works at: https://dc-china-simulation.researchcommons.org/journal

Part of the Artificial Intelligence and Robotics Commons, Computer Engineering Commons, Numerical Analysis and Scientific Computing Commons, Operations Research, Systems Engineering and Industrial Engineering Commons, and the Systems Science Commons

This Original Article is brought to you for free and open access by Journal of System Simulation. It has been accepted for inclusion in Journal of System Simulation by an authorized editor of Journal of System Simulation.

Channel Capacity Analysis of Diffusion-based Molecular Communication Model

Abstract

Abstract: *At present, the research on the channel capacity of* diffusion-based molecular communication (DBMC) *model is very limited.* In the slotted point to point communication scenario, *considering all the inter-symbol interferences from all the previous time slots, the optimal decisive threshold is provided by using the criterion of minimum average error probability in the detection process for the receiver nanomachine,* and the mutual information expression is derived in DBMC model. Thus channel capacity of this model is analyzed. The simulation results show that the *different parameters have important influences on the channel capacity. Compared to the existed point to point molecular communication model, DBMC model can use less number of molecules and significantly improve the channel capacity.*

Keywords

diffusion-based molecular communication, optimal decision threshold, mutual information, channel capacity

Recommended Citation

Cheng Zhen, Lin Fei, Lei Yanjing, Zhao Huiting. Channel Capacity Analysis of Diffusion-based Molecular Communication Model[J]. Journal of System Simulation, 2018, 30(6): 2036-2043.

This original article is available in Journal of System Simulation: https://dc-china-simulation.researchcommons.org/journal/vol30/iss6/5

第 30 卷第 6 期
2018 年 6 月

系统仿真学报©
Journal of System Simulation

Vol. 30 No. 6
Jun., 2018

基于扩散的分子通信模型的信道容量分析

程珍，林飞，雷艳静，赵慧婷
(浙江工业大学计算机科学与技术学院，浙江 杭州 310023)

摘要：目前，学者对基于扩散的分子通信(Diffusion-based Molecular Communication，DBMC)模型的信道容量的研究工作十分有限。在分时隙的点到点通信场景中，考虑前面所有时隙对当前时隙的码间干扰，并通过最小平均错误概率准则求出了接收方纳米机器检测过程中的最优判决阈值，得到了DBMC 模型的互信息表达式，从而对该模型的信道容量进行了分析。仿真结果表明，不同的参数设置对该模型的信道容量有重要的影响。相比已有的点到点分子通信模型，DBMC 模型使用较少的分子数并能显著提高信道容量。

关键词：扩散的分子通信；最优判决阈值；互信息；信道容量
中图分类号：TP391.9　　文献标识码：A　　文章编号：1004-731X (2018) 06-2036-08
DOI: 10.16182/j.issn1004731x.joss.201806005

Channel Capacity Analysis of Diffusion-based Molecular Communication Model

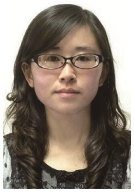
Cheng Zhen, *Lin Fei*, *Lei Yanjing*, *Zhao Huiting*
(School of Computer Science and Technology, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310023, China)

Abstract: *At present, the research on the channel capacity of* diffusion-based molecular communication (DBMC) *model is very limited.* In the slotted point to point communication scenario, *considering all the inter-symbol interferences from all the previous time slots, the optimal decisive threshold is provided by using the criterion of minimum average error probability in the detection process for the receiver nanomachine*, and the mutual information expression is derived in DBMC model. Thus channel capacity of this model is analyzed. The simulation results show that the *different parameters have important influences on the channel capacity. Compared to the existed point to point molecular communication model, DBMC model can use less number of molecules and significantly improve the channel capacity.*

Keywords: diffusion-based molecular communication; optimal decision threshold; mutual information; channel capacity

引言

纳米和生物技术的快速发展为纳米级大小的纳米机器(Nanomachine)[1]的制造铺平了道路。纳米机器被认为是纳米尺度上最基本的功能设备[2]。纳米网络概念由美国科学家 Akyildiz 等人于 2008 年正式提出[3]，他指出纳米网络能协调不同的纳米机器通过合作的方式共享信息，从而能够在更大的范围内完成复杂的任务。分子通信[4](Molecular Communication，MC)是纳米机器之间一种新型的通信方式，是一种以生物化学分子作为信息载体，通过分子在生物环境中扩散进行相互通信，用于纳米机器以组成分布式纳米网络的通信技术，在学术



收稿日期：2016-07-26　　修回日期：2016-10-10；
基金项目：国家自然科学基金(61472367)，浙江省自然科学基金(LY15F020029)；
作者简介：程珍(1981-)，女，湖北黄冈，博士，副教授，研究方向为分子通信与纳米网络；林飞(1992-)，男，浙江衢州，硕士生，研究方向为分子通信与纳米网络。

Published by Journal of System Simulation, 2018

界普遍认为分子通信是实现纳米网络最可行的通信技术之一[5]。MC 具有广阔的应用前景，主要包括生物医学、工业、环境、军事四大领域[6]。比如，MC 有望在疾病控制和传染病感知[7]，群体感应[8]，药物投送[9]等实际场景中得到较好的应用。

近年来，基于扩散的分子通信(Diffusion-based Molecular Communication，DBMC)模型吸引了较多学者的广泛关注。Akyildiz 等给出了端到端 DBMC 模型的噪声分析[10]。Ahmadzadeh 等提出了多跳的 DBMC 模型的中继策略[11]，从而扩大了该模型的通信范围。Singhal 等研究了端到端 DBMC 模型的调制技术[12]，并给出了该模型的幅度调制策略。由于分子遵循布朗运动规则，DBMC 模型也面临较多的挑战。其中之一是在码间干扰情况下，如何提高该模型的信道容量。Kabir 等[13]分析了前一个时隙对当前时隙的码间干扰情况下的信道容量。Nakano[14]考虑了在分子的生命周期是有限的情况下，对 DBMC 模型的信道容量进行了分析。Meng 等[15]提出了二元 DBMC 模型，考虑了多个时隙对当前时隙的码间干扰，以及相同的信道传输概率，并对信道容量进行了优化。Akyildiz 等[16]提出了 DBMC 模型的最优检测方案。

到目前为止，还没有文献对多个时隙的码间干扰及基于概率密度的 DBMC 模型的信道容量分析。本文的工作填补了该空缺，分析了 DBMC 模型的信道容量，并与已有的点对点分子通信模型相比，DBMC 模型可使用较少的分子数并能显著提高信道容量。该研究对分子通信领域的发展有十分重要的意义。

1 系统模型

本节介绍本文考虑的二元 DBMC 模型。

MC 的基本过程包括信息的编码、发送、传输、接收和解码五个步骤。在端到端二元的 DBMC 模型中，发送方纳米机器 TN(Transmitter Nanomachine)和接收方纳米机器 RN(Receiver Nanomachine)分别表示该模型中的发送方和接收方。输入输出均为二进制信息比特 1 或 0，并采用 OOK(On-Off Keying)作为调制技术。TN 通过释放一定数量的分子表示发送比特 1，不释放任何分子表示发送比特 0。分子一旦被释放在生物环境中，这些分子自由扩散，当被 RN 接收后会被立即被吸收，不再存在生物环境中。

图 1 为二元的 DBMC 模型。待发送的二进制比特信息即输入信息 X 被编码在分子上，分子作为信息传输的载体，发送方纳米机器通过释放一定数量的分子到生物环境中，分子在传输信道中通过布朗运动扩散，并最终随机到达接收方纳米机器，接收方纳米机器通过某种检测方法确定输出 Y 为二进制比特 1 或 0。

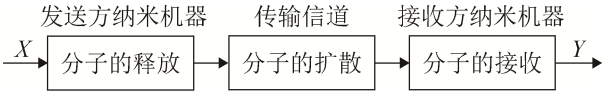


图 1 二元的 DBMC 模型
Fig.1 Binary DBMC model

我们考虑一维环境中的分子扩散情况。在分子传输过程中，TN 释放的任意一个分子达到 RN 所需时间 t 服从概率密度函数 $f(t)$[17]，表示如式(1)。

$$f(t)=\frac{d}{\sqrt{4\pi Dt^3}}e^{-\frac{d^2}{4Dt}},\quad t>0 \tag{1}$$

式中：D 为生物环境的扩散系数；d 为 TN 和 RN 之间的距离。

该概率密度函数描述了一维环境中的分子运动特性。因此，一个分子在时间 t 内被 RN 成功收到的概率即为 $f(t)$的累积分布函数，用 $F(t)$ 表示如式(2)。

$$F(t)=Erfc(\frac{d}{2\sqrt{Dt}}),\ t>0 \tag{2}$$

本文中，我们考虑分时隙的 DBMC 模型。假设 TN 与 RN 在时间上完全同步，同时假设所有分子被接收的事件发生在离散时间点。分子传输时间被划分为大小相同的时隙，记为 $T=nT_s$。其中，T 为信息传输的时间，T_s 为每个时隙持续时间，n 为

https://dc-china-simulation.researchcommons.org/journal/vol30/iss6/5
DOI: 10.16182/j.issn1004731x.joss.201806005

第 30 卷第 6 期 系统仿真学报 Vol. 30 No. 6
2018 年 6 月 Journal of System Simulation Jun., 2018

所划分的时隙的个数。

在第 i ($1\leqslant i\leqslant n$)个时隙开始，假设 TN 发送 1 的概率记为 p，则发送 0 的概率为($1-p$)。我们考虑前面(n-1)个时隙对当前第 n 个时隙的干扰情况。那么，在第 i ($1\leqslant i\leqslant n$-1)个时隙发送 1，释放的分子在生物环境中经过扩散在第 n 个时隙被 RN 接收到的概率，记为 λ_{in}，表示如式(3)。

$$\lambda_{in}=p[F((n-i+1)T_S)-F((n-i)T_S)] \tag{3}$$

特别地，在第 i 个时隙释放的分子在第 i 个时隙被收到的概率用 λ_{nn} 表示如式(4)。

$$\lambda_{nn}=pF(T_S) \tag{4}$$

由于分子扩散的不确定性，残余分子的扩散会导致符号间干扰的发生。对于接收方纳米机器 RN，通过将当前时隙 RN 接收到的分子数目与判定阈值进行比较，从而确定输出为 1 或 0。从第($1\leqslant i\leqslant n$)个时隙释放并在第 n 个时隙被 RN 成功收到的分子数为 K_{in}。假设第 n 个时隙接收到的总分子数为 K_n。

$$K_n=\sum_{i=1}^{n}K_{in} \tag{5}$$

假设当前时隙的判决阈值为 η，如果 $K_n\geqslant\eta$，则 RN 输出 1。如果 $K_n\leqslant\eta$，则 RN 输出 0。可以看到最优判决阈值在信道容量分析中有着十分重要的作用。

2 信道容量分析

上节介绍的二元 DBMC 模型中，所有分子的运动是相互独立的。假设 RN 发送 1 时，每个时隙 RN 释放分子的个数为 Q_i，则在第 i 个时隙发送在第 n 个时隙 RN 收到的分子个数 K_{in} 服从二项分布[17]：

$$K_{in}\sim binomial(Q_i,\lambda_{in}) \tag{6}$$

对于 DBMC 模型，我们要考虑前面所有(n-1)个时隙对当前第 n 个时隙的干扰情况。那么，第 n 个时隙接收到的总分子数为 K_n 服从以下多个二项分布的和，表示如式(7)。

$$\begin{aligned}K_n\sim\ & binomial(Q_1,\lambda_{1n})+\\ & binomial(Q_2,\lambda_{2n})+...+\\ & binomial(Q_n,\lambda_{nn})\end{aligned} \tag{7}$$

我们知道，二项分布 $B(M,\ p)$可以用对应的正态分布 $N(Mp,\ Mp(1-p))$近似逼近[18]，则 K_n 可以表示为：

$$\begin{aligned}K_n\sim\ & N(Q_1\lambda_{1n},Q_1\lambda_{1n}(1-\lambda_{1n}))+\\ & N(Q_2\lambda_{2n},Q_2\lambda_{2n}(1-\lambda_{2n}))+...+\\ & N(Q_n\lambda_{nn},Q_n\lambda_{nn}(1-\lambda_{nn}))\end{aligned} \tag{8}$$

由于多个正态分布的和为正态分布，因此，上述(8)式可以表示为：

$$\begin{aligned}K_n\sim\ & N(Q_1\lambda_{1n}+Q_1\lambda_{2n}+...+Q_n\lambda_{nn},\\ & Q_1\lambda_{1n}(1-\lambda_{1n})+\\ & Q_2\lambda_{2n}(1-\lambda_{2n})+...+\\ & Q_n\lambda_{nn}(1-\lambda_{nn}))\end{aligned} \tag{9}$$

如图 2 所示，X 和 Y 分别代表当前时隙的输入和输出。H_0 和 H_1 分别表示假设当前时隙发送 0 和 1 的情况。P_F 表示误报率，即输入为 0，输出为 1 的概率。P_D 表示检测率，即输入输出均为 1 的概率。它们分别定义如下[15]：

$$\begin{aligned}&P_F=P(Y=1\,|\,X=0)\\ &P_D=P(Y=1\,|\,X=1)\\ &1-P_F=P(Y=0\,|\,X=0)\\ &1-P_D=P(Y=0\,|\,X=1)\end{aligned} \tag{10}$$

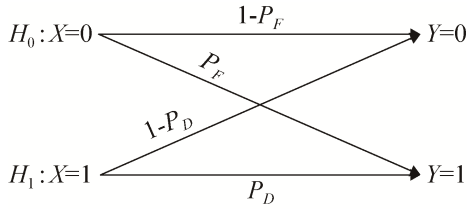


图 2 基于 DBMC 模型的假设检测信道
Fig. 2 Hypothetical detection channel based on DBMC model

在 H_0 和 H_1 的假设前提下，当前时隙 RN 收到的分子个数用 z 表示，z 服从正态分布。分别记为式(11)。

Published by Journal of System Simulation, 2018

$$H_0: z \sim N(\mu_0, \sigma_0^2)$$
$$H_1: z \sim N(\mu_1, \sigma_1^2) \tag{11}$$

假设当前时隙为第 n 个时隙。在第 n 个时隙 TN 发送 0 时，z 为 TN 在前(n-1)个时隙发送在第 n 个时隙 RN 收到的分子个数的和；在第 n 个时隙 TN 发送 1 时，z 为 TN 在所有 n 个时隙发送在当前时隙 RN 收到的分子个数的和。因此，我们可以得到(11)式中的参数值如式(12)。

$$\begin{aligned}
&\mu_0 = \sum_{i=1}^{n-1} Q_i \lambda_{in} \\
&\mu_1 = Q_n F(T_S) + \mu_0 \\
&\sigma_0^2 = \sum_{i=1}^{n-1} Q_i \lambda_{in}(1-\lambda_{in}) \\
&\sigma_1^2 = Q_n F(T_S)(1-F(T_S)) + \sigma_0^2
\end{aligned} \tag{12}$$

根据上面的假设检验模型，我们利用最小误差概率准则[19]，实现最佳检测方案。最小误差概率判决准则为：

$$P(H_0)p(z|H_0) - P(H_1)p(z|H_1) \underset{H_1}{\overset{H_0}{\gtrless}} 0 \tag{13}$$

式中：$P(H_0)$和 $P(H_1)$分别为当前时隙发送 0 和 1 的概率，即为 $P(H_1)=p$，$P(H_0)=1-p$。$p(z|H_0)$和 $p(z|H_1)$分别表示当前时隙发送 0 和 1 的情况下，RN 收到 z 个分子的概率。

公式(13)可以写成：

$$\frac{p(z|H_1)}{p(z|H_0)} = \frac{P(H_0)}{P(H_1)} = \theta \tag{14}$$

式中：θ为似然比阈值。由 $P(H_1)$和 $P(H_0)$的定义可知：

$$\frac{P(H_0)}{P(H_1)} = \frac{1\text{-}p}{p} = \theta \tag{15}$$

同时，由(13)式中 $p(z|H_1)$和 $p(z|H_0)$的定义可知：

$$\frac{p(z|H_1)}{p(z|H_0)} = \frac{f_z^1(z)}{f_z^0(z)} \tag{16}$$

式中：$f_Z^1(z)$ 和 $f_Z^0(z)$ 分别表示 RN 在当前时隙收到的分子个数 z 服从的正态分布 $H_1: z \sim N(\mu_1, \sigma_1^2)$ 和 $H_0: z \sim N(\mu_0, \sigma_0^2)$ 分别对应的概率密度函数，表示如式(17)。

$$\begin{aligned}
&f_z^1(z) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_1^2}} e^{-\frac{(z-\mu_1)^2}{2\sigma_1^2}} \\
&f_z^0(z) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_0^2}} e^{-\frac{(z-\mu_0)^2}{2\sigma_0^2}}
\end{aligned} \tag{17}$$

由上述(16)式-(17)式，我们得到

$$\frac{p(z|H_1)}{p(z|H_0)} = \frac{\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_1^2}} e^{-\frac{(z-\mu_1)^2}{2\sigma_1^2}}}{\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_0^2}} e^{-\frac{(z-\mu_0)^2}{2\sigma_0^2}}} = \frac{\sigma_0}{\sigma_1} e^{\frac{(\sigma_1^2-\sigma_0^2)z^2 - 2(\mu_0\sigma_1^2 - \mu_1\sigma_0^2)z + \mu_0^2\sigma_1^2 - \mu_1\sigma_0^2}{2\sigma_0^2\sigma_1^2}} \tag{18}$$

将公式(14)和公式(15)代入公式(18)，我们可以得到公式(18)的解。同时，由检测理论知识[19]可知公式(18)的解也即是最优判决阈值，结果如式(19)。

$$\begin{aligned}
z = \Big(&\mu_0\sigma_1^2 - \mu_1\sigma_0^2 + \\
&\sqrt{(\mu_0\sigma_1^2 - \mu_1\sigma_0^2)^2 - (\sigma_1^2 - \sigma_0^2)} \rightarrow \\
&\rightarrow \overline{(\mu_0^2\sigma_1^2 - \mu_1^2\sigma_0^2 - 2\sigma_1^2\sigma_0^2(\ln\theta - \ln\frac{\sigma_0}{\sigma_1}))}\Big) \Big/ \\
&\sigma_1^2 - \sigma_0^2 \equiv \eta
\end{aligned} \tag{19}$$

由(19)式得到了最优判决阈值之后，我们可以求出 P_F 和 P_D 的值。由(10)中 P_F 和 P_D 的定义可知，误报率 P_F 和检测率 P_D 可以通过(17)式的概率密度公式计算如式(20)。

$$\begin{aligned}
&P_F = \int_\eta^{+\infty} f_z^0(z)d(z) = Q(\frac{\eta-\mu_0}{\sigma_0}) \\
&P_D = \int_\eta^{\infty} f_z^1(z)d(z) = Q(\frac{\eta-\mu_1}{\sigma_1})
\end{aligned} \tag{20}$$

其中，$Q(x)$函数是标准正态分布的互补累计分布函数，定义如下：

https://dc-china-simulation.researchcommons.org/journal/vol30/iss6/5
DOI: 10.16182/j.issn1004731x.joss.201806005

第 30 卷第 6 期 系统仿真学报 Vol. 30 No. 6
2018 年 6 月 Journal of System Simulation Jun., 2018

$$Q(x)=\int_{x}^{+\infty}\frac{1}{\sqrt{2\pi}}e^{-\frac{1}{2}t^2}dt \tag{21}$$

由信息论知识可知，信道容量 C 的计算公式[15]如下：

$$C=\max I(X;Y) \tag{22}$$

其中，$I(X;Y)$表示输入 X 和输出 Y 的互信息，计算公式[15]如下：

$$I(X;Y)=\sum_{x=0}^{1}\sum_{y=0}^{1}P(Y\mid X)P(X)\log\frac{P(Y\mid X)}{P(Y)} \tag{23}$$

3 数值结果

在本节中，我们用 MATLAB 仿真得到 DBMC 模型的信道容量的仿真结果。主要目的是研究不同参数，包括 TN 与 RN 的距离 d，扩散系数 D，每个时隙持续的时间 T_s，时隙个数 n 对信道容量的影响。我们设置固定参数的值如下：时隙的个数 n=20，每个时隙发送的分子个数 Q_i=10 ($1\leqslant i\leqslant n$)。

3.1 TN 和 RN 之间的距离 *d*

在图 3 中，我们描绘了 TN 和 RN 之间距离 d 在取不同值的情况下，互信息随着先验概率 p 增大的关系。我们假设每个时隙发送的分子数相同。其它参数设置如下：T_s=10 s，D=100 μm^2/s，n=20。这里，TN 和 RN 之间的距离 d 取值分别设置为 d=10 μm，d=20 μm 和 d=30 μm。

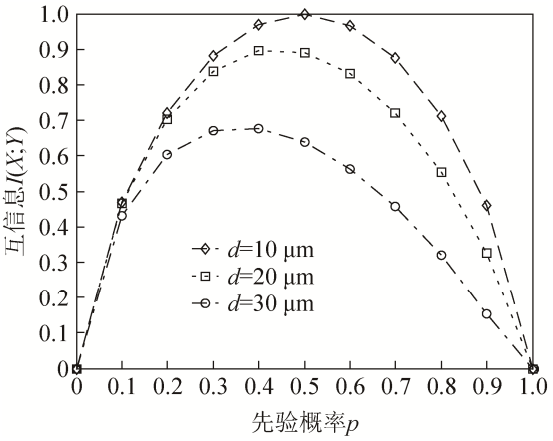


图 3 d 取值时，$I(X;Y)$与 p 的关系
Fig. 3 The relationship between $I(X;Y)$ and p for the different values of d

由图 3 可知，对于每个 TN 和 RN 之间的距离 d 的取值，互信息随着先验概率 p 的曲线图呈现非线性变化趋势。一开始随着先验概率 p 增加，互信息的值也增加，到达某个特定的峰值之后，互信息的值开始减小。当 TN 和 RN 之间的距离 d 取不同的值，可以看到 d 的值越小，互信息的值越大。

我们分析产生如图 3 所示的仿真结果的原因：一方面，当先验概率 p 到达特定值之后，分子之间的干扰会加大，从而导致互信息降低；另一方面，TN 与 RN 之间的距离 d 越小，分子被 RN 收到的概率增加，互信息也会增加。

3.2 扩散系数 *D*

图 4 中的曲线显示了 DBMC 模型中，互信息在不同扩散系数的取值 D=50 μm^2/s，D=80 μm^2/s，D=100 μm^2/s 情况下随着先验概率增加的变化关系。其它参数设置如下：d=20 μm，T_s=10 s，n=20。

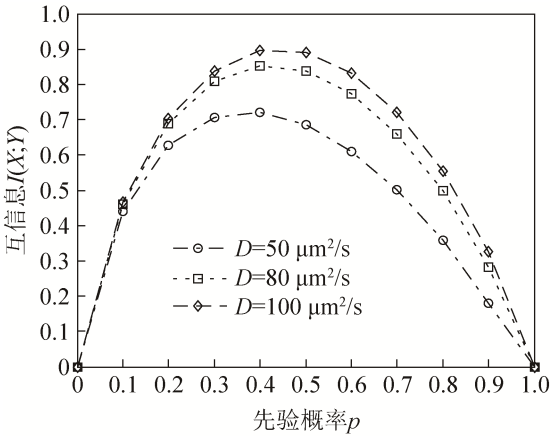


图 4 D 取值不同时， $I(X;Y)$与 p 的关系
Fig. 4 The relationship between $I(X;Y)$ and p for the different values of D

我们看到，当先验概率 p 增加时，互信息的值一开始增加，等到达到某个峰值之后会减小。此外，当生物环境的扩散系数 D 越大，分子之间的扩散会加快，RN 接收分子的概率增大，从而互信息的值变大。特别地，当 D=100 μm^2/s，互信息可以达到 0.896 bit/s。然而，当互信息的值增大到某个特定的峰值之后，生物环境的分子个数增大的同时，分子间会产生干扰从而导致扩散变慢，因此，互信

息的值会逐渐减小。

3.3 每个时隙持续时间 T_s

从图 5 中我们看到，互信息在不同时隙持续时间取值 T_s=1 s，10 s，100 s 条件下随着先验概率 p 增加的变化趋势。当先验概率 p 增加时，互信息的值一开始增加，等到达到某个峰值之后会减小。当每个时隙持续时间变大时，生物环境中的分子增多，RN 接收分子的概率增大，因此，互信息随着先验概率 p 的增加而增加。但是当生物环境中的分子数达到一定数目时，分子之间的扩散变慢，因此，互信息达到某个特定峰值后会随着先验概率 p 的增加而减小。参数设置如下：d=20 μm，D=100 μm^2/s，n=20。

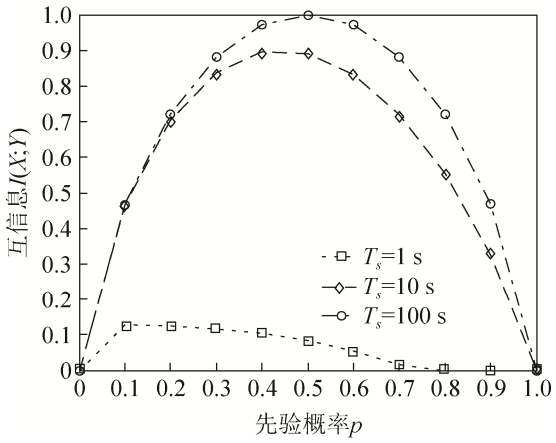


图 5 T_s 取值不同时， $I(X;Y)$与 p 的关系
Fig. 5 The relationship between $I(X;Y)$ and p for the different values of T_s

3.4 时隙个数 n

在图 6 中，参数设置如下：d=20 μm，D=100 μm^2/s，T_s=5 s。该图展示了时隙个数 n 分别取 2，10，20 的情况下，互信息与先验概率 p 之间的变化曲线。可以看到三条曲线的变化趋势一致：当先验概率 p 增大时，RN 收到分子的概率增大，互信息的值一开始先增加，当其达到最大值后，此时生物环境中的分子个数增多，分子之间的扩散变慢，因此，互信息的值减小。n 的值越大，在先验概率 p 的取值相同时，互信息的值越小。当 p 的取值为 0.4-0.5 时，互信息达到最大值。解释如下：当 n 取较小的值时，即时隙的个数较少，前面时隙对当前时隙的干扰较少，从而导致信道容量的值增大。

3.5 仿真结果比较

在最近的相关研究中，Kabir 在文献[13]中提出了前一个时隙对当前时隙的码间干扰情况下的分子通信模型信道容量优化方案。我们与文献[13]进行比较，设置相同的参数如下：d=20 μm，D=90 μm^2/s，T_s=20 s，n=2。此外，本文中设置 Q_i=10 (i=1，2)。在上述参数设置情况下，本文的互信息峰值为 0.997 bit/s，而文献[13]的互信息峰值为 0.78 bit/s，因此，本文中的信道容量大于文献[13]中的信道容量。此外，文献[13]中使用 10^5 个分子，也大于本文仿真实验中使用的总分子数 20。

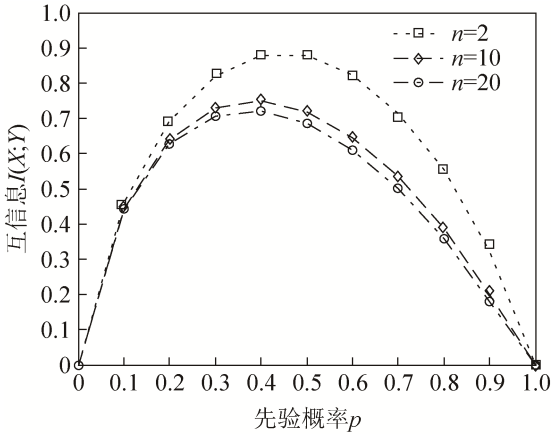


图 6 n 取值不同时， $I(X;Y)$与 p 的关系
Fig. 6 The relationship between $I(X;Y)$ and p for the different values of n

Meng 在文献[15]提出了基于浓度模型的信道容量优化方案。在仿真实验中，我们设置与文献[15]中相同的参数。在短距离通信场景下，d=20 μm，D=100 μm^2/s，n=21。在长距离通信场景下，D=0.43 cm^2/s，d=2 cm，n=21。$I^0(X;Y)$表示文献[15]中互信息的峰值，$I^1(X;Y)$表示本文互信息的峰值。当 T_s 取不同的值 T_s=1 s，T_s=10 s 和 T_s=100 s 时，在短距离和长距离通信场景下，文献[15]和本文互

https://dc-china-simulation.researchcommons.org/journal/vol30/iss6/5
DOI: 10.16182/j.issn1004731x.joss.201806005

第 30 卷第 6 期 系统仿真学报 Vol. 30 No. 6
2018 年 6 月 Journal of System Simulation Jun., 2018

信息峰值的比较结果分别如图 7 和图 8 所示。

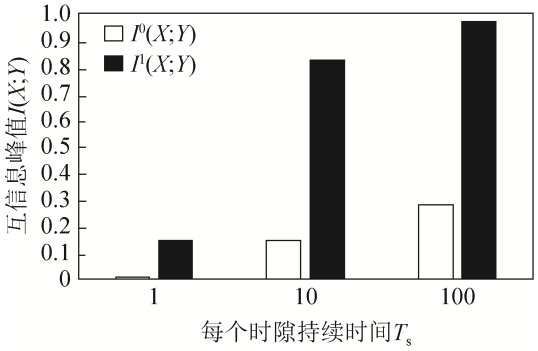


图 7 在短距离通信场景下互信息的峰值比较
Fig. 7 The peak comparison of mutual information in the short-range communication scenarios

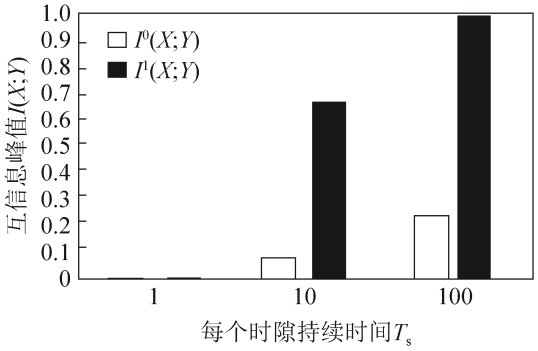


图 8 在长距离通信场景下互信息的峰值比较
Fig. 8 The peak comparison of mutual information in the long-range communication scenarios

从图 7 可看到，在短距离通信场景下，当 T_s=1 s，10 s，100 s 时，本文的互信息峰值分别为 0.149 bit/s，0.824 bit/s，0.968 bit/s。而在文献[15]中，互信息的峰值分别是 0.005 bit/s，0.147 bit/s，0.28 bit/s。在图 8 中，在长距离通信场景下，当 T_s=1 s，10 s，100 s 时，本文的信道容量峰值分别为 0.04 bit/s，0.63 bit/s，0.99 bit/s。而文献[15]中的互信息峰值分别是 0.001 bit/s，0.08 bit/s，0.24 bit/s。此外，在文献[15]中，短距离和长距离通信场景下每个时隙释放的分子数分别为 1 000 000 mol 和 1 mol，而在本文实验仿真中所使用的总分子数为 200。因此，相比基于浓度的端到端分子通信模型，DBMC 模型使用较少的分子数并能显著提高信道容量。原因可以解释如下：一方面，本文的 DBMC 模型对分子的敏感度更高，每个时隙发送的分子数的较小改变会引起信道容量的变化；另一方面，最优判决阈值对信道容量有着十分重要的影响，文献[15]采用奈曼-皮尔森准则估计最优判决阈值，而本文采用了最小误差概率准则，该准则更适用于 DBMC 模型的信道容量优化。

文献[16]考虑了 DBMC 模型在前后不同的时隙对当前时隙的干扰的情况下的最优检测方案。本文与文献[16]的互信息峰值的比较结果如图 9 所示。$I^2(X;Y)$表示文献[16]中互信息的峰值，$I^1(X;Y)$表示本文互信息的峰值。当 T_s=8 s，100 s，∞时，本文的互信息的峰值分别为 0.845 bit/s，0.99 bit/s，0.99 bit/s。而在文献[16]中，互信息的峰值分别是 0.245 bit/s，0.63 bit/s，0.99 bit/s。根据信道容量可达到最大值的比较，本文提出的方案更适合基于 OOK 调制的信道容量分析。

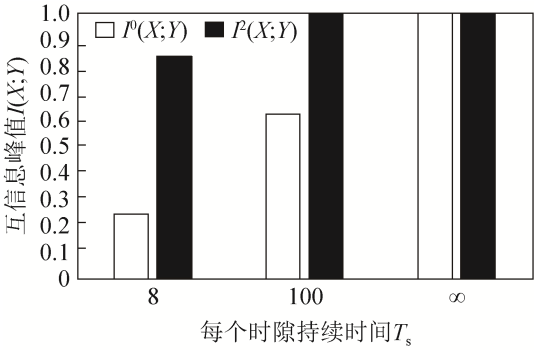


图 9 在 T_s 取不同值的情况下互信息的峰值比较
Fig. 9 The peak comparison of mutual information for the different values of T_s

4 结论

本文分析了基于 OOK 调制机制的 DBMC 模型的信道容量。首先，考虑了前面所有时隙对当前时隙的码间干扰，得到了互信息的表达式。然后，通过最小平均错误概率准则给出了接收方纳米机器检测过程中的最优判决阈值。最后通过实验仿真分析了 DBMC 模型的信道容量。仿真结果表明，不同的参数包括两个纳米机器之间的距离，生物环境的扩散系数，每个时隙持续的时间以及时隙个数对信道容量都有十分重要的影响。此外，在一维环

境中的分子扩散情况下，先验概率 p 在信道容量的优化中起着关键的作用，当先验概率 p 取值为 0.4-0.5 左右，DBMC 模型的信道容量可达到最大化。相比已有的端到端的分子通信模型，DBMC 模型可使用较少的分子数并能显著提高信道容量。信道容量的优化可以大大提高分子通信的吞吐量，因此，本文的研究思路对分子通信领域的理论和实际应用有十分重要的意义。

然而，在实际的基于生物启发的分子通信系统中，传输介质中会存在其它类型的噪声源干扰，因此，该模型的信道容量的优化过程会变得更加复杂，这将是我们下一步工作的研究方向。

参考文献:

[1] Whitesides G M. The once and future nanomachine[M]. Scientific American, 2001: 78-83.

[2] Akyildiz I F, Jornet J M, Pierobon M. Nanonetworks: a new frontier in communications[J]. Communications of the ACM (S0001-0782), 2011, 54(11): 84-89.

[3] Akyildiz I F, Brunett F, Blazquez C. Nanonetworks: a new communication paradigm[J]. Computer Networks Journal (S1389-1286), 2008, 52(12): 2260-2279.

[4] Nakano T, Eckford A, Haraguchi T. Molecular communication[M]. Cambridge University Press, 2013.

[5] Pierobon M, Akyildiz I F. A physical end-to-end model for molecular communication in nanonetworks[J]. IEEE Journal on Selected Areas in Communications (S0733-8716), 2010, 28(4): 602-611.

[6] 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.
LI Zuo-peng, ZHANG Jing, CAI Shao-bin, et al. Review on molecular communication[J]. Journal on Communications, 2013, 34(5): 152-167.

[7] Tallury P, Malhotra A, Byrne L M, et al. Nanobioimaging and sensing of infectious diseases[J]. Advanced Drug Delivery Reviews (S0169-409X), 2009, 62(4/5): 424.

[8] 李飞燕, 林林, 马世伟. 纳米网络中基于分子扩散的振荡同步研究[J]. 系统仿真学报, 2015, 27(9): 1960-1966.
Li Feiyan, Lin Lin, Ma Shiwei. Research of Diffusion-based Molecular Oscillation and Synchronization in Nanonetworks[J]. Journal of System Simulation, 2015 , 27 (9) :1960-1966.

[9] Farokhzad O C, Langer R. Impact of nanotechnology on drug delivery[J]. ACS Nano (S1936-0851), 2009, 3(1): 16-20.

[10] Pierobon M, Akyildiz I F. A physical end-to-end model for molecular communication in nanonetworks[J]. IEEE Journal on Selected Areas in Communications (S0733-8716), 2010, 28(4): 602-611.

[11] Ahmadzadeh A, Noel A, Schober R. Analysis and design of multi-hop diffusion-based molecular communication networks[J]. Mathematics (S2372-2061), 2014, 1(2): 144-157.

[12] Singhal A, Mallik R K, Lall B. Performance analysis of amplitude modulation schemes for diffusion-based molecular communication[J]. IEEE Transactions on Wireless Communications (S1536-1276), 2015, 14(10): 1.

[13] Kabir M H, Kwak K S. Molecular nanonetwork channel model[J]. Electronics Letters (S0013-5194), 2013, 49(20): 1285-1287.

[14] Nakano T, Okaie Y, Liu J Q. Channel model and capacity analysis of molecular communication with brownian motion[J]. IEEE Communications Letters (S1089-7798), 2012, 16(6): 797-800.

[15] Meng L S, Yeh P C, Chen K C, et al. A diffusion-based binary digital communication system[C]// IEEE International Conference Communications, 2012: 4985-4989.

[16] Meng L S, Yeh P C, Chen K C, et al. Optimal detection for diffusion-based communications in the presence of ISI[C]// Global Communications Conference 2012 IEEE. IEEE, 2012: 3819-3824.

[17] Unluturk B D, Malak D, Akan O B. Rate-delay tradeoff with network coding in molecular nanonetworks[J]. IEEE Transactions on Nanotechnology (S1536-125X), 2013, 12(2): 120-128.

[18] Chair Z, Varshney P K. Optimal data fusion in multiple sensor detection systems[J]. Aerospace & Electronic Systems IEEE Transactions on (S0018-9251), 1986, AES-22(1): 98-101.

[19] Poor H V. An introduction to signal detection and estimation[M], 2nd ed. Springer, 1994.

https://dc-china-simulation.researchcommons.org/journal/vol30/iss6/5
DOI: 10.16182/j.issn1004731x.joss.201806005