

# 基于信道冲激响应不敏感特征的分子通信非相干信号检测

肖利民<sup>1</sup>, 徐向荣<sup>1</sup>, 韦壮焜<sup>2</sup>, 刘圣涵<sup>3</sup>, 刘怡文<sup>1</sup>

(1. 北京航空航天大学计算机学院, 北京 100191; 2. 华威大学工程系, 考文垂 CV4 7AL;  
3. 北京邮电大学信息与通信工程系, 北京 100876)

**摘要:** 为解决分子通信中由分子扩散带来的码间干扰 (ISI) 和背景噪声这 2 个严峻的挑战, 采用 4 种能抵抗 ISI 的信号特征表示接收信号的瞬态特性, 提出了可靠的不依赖于信道冲激响应 (CIR) 的非相干分子信号检测算法, 并设计了自适应阈值计算方法, 且给出了误比特率 (BER) 理论值。仿真结果显示, 在同等计算复杂度下所提方案 BER 比传统方案 BER 低, 因此在计算能力受限的纳米级分子通信系统中具有广泛的应用前景。

**关键词:** 分子通信; 码间干扰; 非相干检测; 特征提取

**中图分类号:** TN914

**文献标识码:** A

**doi:** 10.11959/j.issn.1000-436x.2020171

## Channel impulse response insensitive feature for non-coherent signal detection in molecular communication

XIAO Limin<sup>1</sup>, XU Xiangrong<sup>1</sup>, WEI Zhuangkun<sup>2</sup>, LIU Shenghan<sup>3</sup>, LIU Yiwen<sup>1</sup>

1. School of Computer Science and Engineering, Beihang University, Beijing 100191, China

2. School of Engineering, The University of Warwick, Coventry CV4 7AL, UK

3. School of Information and Communication Engineering, Beijing University of Posts and Telecommunications, Beijing 100876, China

**Abstract:** To solve the inter-symbol interference (ISI) and background noise challenges of molecular communication via diffusion (MCvD), four ISI-resistant signal-features were deployed, and a reliable non-coherent signal detection algorithm, which was insensitive to different types of molecular channel impulse response (CIR), was proposed. Also, an adaptive decision threshold and theoretical bound of bit error rate (BER) were deduced. Simulation results demonstrate a lower BER of the proposed non-coherent scheme compared to the state-of-the-art schemes in the same order of computational complexity, therefore suggesting its potential applications for future nano-scale MC.

**Key words:** molecular communication, inter-symbol interference, non-coherent detection, feature extraction

## 1 引言

相比于传统尺度的物联网 (IoT, Internet of things), 纳米物联网 (IoNT, Internet of nano things) 致力于将嵌入式纳米级传感器和相应纳米级设备连接到网络中, 实现生物体内微观环境的实时监测和更加精确的靶向治疗, 因此, 被世界经济论坛认

定为十大新兴技术之一<sup>[1]</sup>。为了搭建纳米物联网系统以及实现其节点间的通信, 信息需要在复杂多变的生物介质 (例如纳米管道和存在障碍的信道环境) 中进行传输。这将使传统的无线通信方法 (例如电磁波、无线光和声波) 的通信性能严重下降<sup>[2]</sup>。分子通信 (MC, molecular communication) 是将数字信息调制到化学分子中 (例如分子浓度调制和分

收稿日期: 2020-04-29; 修回日期: 2020-06-20

通信作者: 刘怡文, lywlyw@163.com

基金项目: 国家重点研发计划基金资助项目 (No.2017YFB1010000); 国家自然科学基金资助项目 (No.61772053)

**Foundation Items:** The National Key Research and Development Program of China (No.2017YFB1010000), The National Natural Science Foundation of China (No.61772053)

子结构调制),使纳米级的信息分子能够在复杂的介质中传播,因此被认为是实现纳米物联网的关键技术之一。现有的 MC 有多种信息调制和传输机制,包括基于分子浓度扩散(MCvD, molecular communication via diffusion)机制<sup>[3-4]</sup>、基于细菌中继机制<sup>[5-6]</sup>、基于脱氧核糖核酸(DNA, deoxyribo nucleic acid)调制和管道传输<sup>[7]</sup>。在以上这些信息调制和传输机制中,MCvD 机制因其不需要复杂的调制设施和能源供给吸引了绝大多数研究者的兴趣。

### 1.1 研究动机

在 MCvD 场景中,发送的信息通过分子浓度(个数)进行调制,并通过分子扩散传输到纳米接收机。接收机通过传感器(例如酒精分子测量器<sup>[8]</sup>)实时将测量到的且未经处理的分子浓度(个数)信息告知后续的信号检测单元进行发送信号的判决和检测。这里,传感器仅负责实时测量分子浓度,并将其汇报给后续处理单元,不做任何信号处理,因此不改变 MCvD 扩散信道的信道状态。基于此,有 3 个降低通信可靠性的挑战。首先,由分子扩散机制带来的时延导致码间干扰(ISI, inter-symbol interference),即先前信息调制所释放的分子使通信环境中该分子的整体浓度上升,从而污染当前时刻传感器所观测的分子浓度信号,进而影响纳米接收机对传输信息数据的检测和分子通信的长期可靠性<sup>[9]</sup>。其次,不理想的信道环境以及纳米接收机在工作时可能引入严重的接收噪声(例如,随着通信环境中信息分子浓度的上升,接收噪声的方差将随之增大)。这将进一步加剧接收信号的失真,从而降低检测性能<sup>[10-11]</sup>。第三,相比于无线通信的收发器,纳米级发送和接收机无法处理高计算复杂度的运算和大数据量的信息存储,使基于概率分析的信道补偿和信号检测在实际应用中受到了限制<sup>[12]</sup>。

### 1.2 相关研究

为解决上述 3 个挑战,许多信号处理方案被设计用于 MCvD 场景中的信号检测,这些方案可以分为两类:相干信号检测(coherent signal detection)和非相干信号检测(non-coherent signal detection)。需要说明的是,MCvD 中的相干或非相干信号检测与常规基于电磁波通信设计的相干或非相干解调在概念上是不同的。在电磁波中,相干或非相干解调是指需要或不需要提取载波信息的一种解调方法。而在 MCvD 中,信息通过分子扩散进行传输,

没有载波调制这一概念。这里的相干或非相干信号检测指是否需要估计分子信道信息的检测方式。

相干信号检测依赖于分子信道冲激响应(CIR, channel impulse response)进行 ISI 补偿,进而实现信号检测<sup>[13-15]</sup>(这与常规电磁波通信中的信道均衡的概念类似)。目前,检测性能最优的是基于最大后验概率(MAP, maximum a posteriori)序贯检测的分子信号检测算法<sup>[13]</sup>,需使用最小均方误差(LMS, least mean square)实现信道估计。然而,这些方案过度依赖信道估计的效果。因此在复杂且动态的分子信道环境中,信道估计的误差将使信号检测的性能大幅度下降<sup>[16-17]</sup>。同时,基于概率分析的信道估计和信号检测算法需要计算并遍历复杂的似然和后验概率,因此会消耗巨大的计算资源和存储资源<sup>[16-17]</sup>。上述两点导致基于相干信号检测的方案不适用于纳米级 MCvD 场景。

第二类方案被称作非相干信号检测。这类方法不依赖于 CIR 模型,而是通过寻找分子信号的特征(例如形状特征<sup>[16-18]</sup>和差分特征<sup>[12,16]</sup>等)来解决分子信号的检测问题。这类方案避免了复杂的信道估计和基于概率分析的信号检测,具有低复杂度的优势,因此适用于纳米级资源受限的通信场景。具体来说,文献[16-17]提出了基于分子信号 3 种局部特征(即局部几何形状、连续符号形状和能量差分特征)线性组合的检测方案。然而,其特征选取忽略了分子信号的某些重要特性(例如单个信号的分子能量特征等),从而导致了较差的检测准确性。同时,文献[16-17]未给出该检测算法的理论界限和特征的性能分析。进一步地,为提升检测精度,文献[18]设计了基于上述 3 种特征的高维组合的信号检测算法。尽管该算法提升了信号检测的准确性,却因为需要确定高维检测平面而消耗了大量的计算和存储资源,因此其应用在资源受限的纳米级 MCvD 系统中受到了限制。

### 1.3 本文贡献

本文提出了基于 4 种信号特征的非相干信号检测算法,旨在有效解决资源受限的纳米级 MCvD 中 ISI 和噪声带来的信号检测问题。

首先,为了实现非相干分子信号检测,本文给出了 4 种与 CIR 具体表达式无关的分子信号瞬时特征(即上升沿特征、下降特征、分子能量特征和能量差分特征)。这 4 种特征可以从本质上抵消 ISI(即在 ISI 的影响下,每个特征仍能保持相同的形状),

不需要使用复杂的信道估计来进行 ISI 补偿（类似相干检测方案<sup>[13-15]</sup>）。因此，这些特征将带有 ISI 的分子信号检测问题转换为二元检测框架，说明了其在实现非相干信号检测方面的潜能。

进而，通过这 4 种特征的线性叠加，本文设计了分子信号二元检测算法。同时，相比于三特征的非相干检测方案<sup>[16]</sup>，本文给出了自适应检测阈值的理论推导和检测算法的理论界。

此外，通过数据仿真，本文比较了同等计算复杂度下本文所提四特征非相干检测算法、相干 MAP 序贯检测算法<sup>[13]</sup>，以及三特征非相干检测算法<sup>[16]</sup>。仿真结果表明，所提方案可以改善 MCvD 中信号检测的准确性，同时保持较小的计算复杂度，因此更加适用于纳米级 MCvD 场景。

## 2 系统模型

### 2.1 MCvD 系统模型

图 1 展示了一个典型的 MCvD 系统，包括纳米发射机 (Tx)、纳米接收机 (Rx) 和它们之间的扩散信道。在通信开始时，Tx 将原始信息编码。然后以信息分子的方式释放到扩散信道中，信息分子在介质中以布朗运动的形式进行扩散。最后，Rx 部分根据信息的时变浓度重现原始信息。

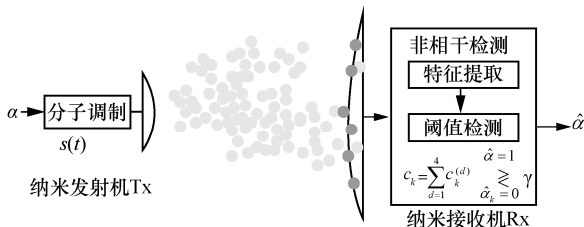


图 1 MCvD 系统模型

MCvD 系统通常采取如下假设<sup>[8,10-11,19-23]</sup>。

- 1) 通信发生在无限的三维流体环境中，信息分子间的碰撞可以忽略不计。
- 2) 通过盲同步方法（例如文献<sup>[19]</sup>）完美地实现了 Tx 和 Rx 之间的同步。
- 3) Tx 和 Rx 之间的距离与 Tx 的大小相比足够大，因此可以将 Tx 视为一个点，这有利于本文对信道进行数学建模。
- 4) 假设 Rx 是一个半径为  $r$  的纳米接收机。

### 2.2 MCvD 信道冲激响应模型

MCvD 根据信道环境的不同，有多种 CIR 模型。

从 Rx 角度可以分为两大类：被动接收模型和主动接收模型。

#### 1) 被动接收模型

在这种情况下，分子接收不会影响该分子的运动（即当前时刻被接收的分子可以在之后的时刻离开 Rx 的半径范围）。假设分子在  $t=0$  时刻由 Tx 发射，则在  $t>0$  时，Rx 内分子的平均浓度（即 CIR）导出为<sup>[22-24]</sup>

$$h(t) = \frac{4}{3} \frac{\pi r^3}{(4\pi Dt)^{\frac{3}{2}}} \exp\left(-\frac{(d-vt)^2}{4Dt} - \lambda t\right) \quad (1)$$

其中， $d$  是 Tx 和 Rx 之间的欧几里得距离， $D$  是与温度和介质粘度相关的扩散系数， $v$  是信道中液体流动速率（例如血管中的血液流速）<sup>[22]</sup>， $\lambda$  是反应衰减指数（信息分子受到酶的催化与其他分子反应从而导致信息分子数减少）<sup>[24]</sup>。

#### 2) 主动接收模型

相比于被动接收模型，主动接收模型中，Rx 是一种表面覆盖着大量受体的主动吸收机，使信息分子一旦到达 Rx 就与受体结合，并从环境中移除，成为 Rx 识别的接收信号的一部分。在这种情况下，CIR 导出为<sup>[21-24]</sup>

$$h(t) = \frac{r}{r+d} \frac{d}{\sqrt{4\pi Dt^3}} \exp\left(-\frac{(d-vt)^2}{4Dt} - \lambda t\right) \quad (2)$$

上述信道模型经过归一化后的分子浓度与时间的关系如图 2 所示。需要说明的是，图 2 中的被动接收模型和主动接收模型分别特指式(1)和式(2)中流速  $v=0$  且反应衰减指数  $\lambda=0$  的情况，流速模型为式(1)中  $v \neq 0$  且  $\lambda=0$  的情况，酶催化模型为式(1)中由酶催化引起的反应速率衰减即  $\lambda \neq 0$  且  $v=0$  的情况。从图 2 中可以看出，虽然信道参数和模式不同，但是每个信号的波形形状是相似的，遵循先增大后减小的长尾效应。这种共性使一种新的特征提取方法能够解调并检测接收信号，本文将在第 3 节中详细讨论。

### 2.3 信号产生

MCvD 用预先定义的调制和解调方式进行通信，最典型的方式为二元浓度移位键控 (B-CSK, binary concentration shift keying)。在这种方式中，给定信息发送间隔  $T_b$ ，Tx 将在  $t=kT_b$  ( $k \in \mathbb{N}^+$ ) 时刻传递二元信号  $\alpha_k \in \{0,1\}$ 。当  $\alpha_k=1$  时，Tx 在第  $k$

个发送间隔开始向扩散信道发射预定数量  $Q$  的信息分子；当  $\alpha_k=0$  时，Tx 在第  $k$  个发送间隔不发送信息分子。由一系列二进制比特产生的发射信号为

$$s(t) = Q \sum_{k=0}^{+\infty} \alpha_k \delta(t - kT_b) \quad (3)$$

其中， $\delta(\cdot)$ 表示冲激函数。

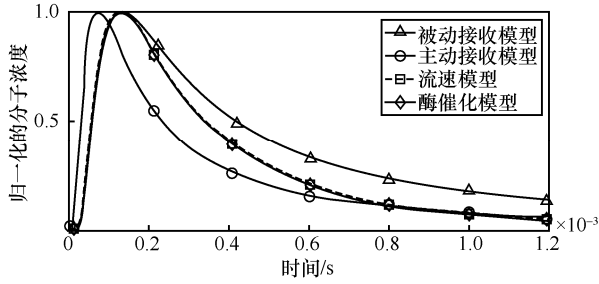


图 2 归一化的分子浓度与时间的关系

发射的信息分子通过扩散信道并被噪声干扰到达 Rx。Rx 端接收信号为到达的信息分子个数。

给定 Rx 的采样间隔为  $T_s = \frac{T_b}{M}$  (即在每一时隙中采样  $M$  次)，则在  $iT_s \in ((k-1)T_b, kT_b]$  时间间隔内，接收的分子数服从泊松分布<sup>[17,25]</sup>，即

$$y_i \sim P\left(\sum_{l=k-L+1}^k Qh_{i-(l-1)M} \alpha_l + \varepsilon\right) \quad (4)$$

其中， $P(x)$ 表示均值为  $x$  的泊松分布， $L$  表示 ISI 影响的位数， $h_i = h(t=iT_s)$  表示相应的离散化的 CIR， $\varepsilon$  表示信道噪声的均值 (即由信道产生的平均信息分子数)。由于纳米机器之间的通信是一个因果系统，对于  $i < 0$ ，有  $y_i = 0$ 。此外， $y_i$  由 3 个分量组成，分别用以下 3 个项表示<sup>[17,25]</sup>

$$y_i = \underbrace{Qh_{i-(k-1)M} \alpha_k}_{\text{当前有用信号}} + \underbrace{\sum_{l=k-L+1}^{k-1} Qh_{i-(l-1)M} \alpha_l}_{\text{码间干扰, ISI}} + \underbrace{n_i}_{\text{噪声}} \quad (5)$$

其中，第一项为当前  $k$  时刻发送比特  $\alpha_k$  所对应的有用信号；第二项为先前比特对当前比特信号的干扰 (即 ISI)，是 MCvD 中信号检测错误的主要原因；第三项为信号噪声分量。

### 2.4 面临的挑战

基于上述信道模型，本文拟解决由分子扩散 (而非传统电磁波传导) 造成的 ISI 和背景噪声干扰对当前信号  $\alpha_k$  的检测影响。

考虑到分子扩散和电磁波传导的本质区别，MCvD 不需要依赖载波进行信号传输，因此，电磁波

通信中基于载波的相干和非相干解调技术不再适用。

另一方面，分子通信信号检测的独特挑战来源于纳米级收发机的计算和存储资源的限制。这使现有的依赖于信道均衡 (即信道估计和补偿) 的相干检测算法 (例如 MAP 序贯检测算法<sup>[13]</sup>) 不再适用。因为信道估计和最大后验概率的计算和遍历将消耗大量的计算和存储资源。

## 3 特征提取

在 B-CSK 中，二元信号检测的本质是判断当前的发送信号为 1 或 0。根据图 2 分子信道中分子浓度与时间的关系，本节将给出基于分子信号瞬态特性的 4 种特征：上升沿特征、下降特征、分子能量特征和能量差分特征。图 3 是 4 种特征在  $\alpha_k=0$  与  $\alpha_k=1$  情况下的示意。

### 3.1 上升沿特征

如图 3(a)所示，在第  $k$  个发送间隔， $\alpha_k=1$  对应的接收分子浓度将首先通过上升趋势达到最大值； $\alpha_k=0$  对应的接收分子浓度在整个发送间隔内持续下降。信号形状的这种明显的特征差异用于区分发送信号为 1 或 0。这种分子信号的上升沿特征定义为

$$c_{k,1} = \frac{1}{|R_2|} \sum_{i \in R_2} y_i - \frac{1}{|R_1|} \sum_{i \in R_1} y_i \quad (6)$$

其中， $R_1$  为定义在起始点附近的采样区间， $R_2$  为定义在  $\alpha_k=1$  所对应的最大值附近的采样区间， $|\cdot|$  为集合中元素的个数，这里，取  $|R_1|=|R_2|=\frac{M}{5}$ 。很容易得出结论， $c_{k,1}$  在  $\alpha_k=1$  的情况下比在  $\alpha_k=0$  的情况下大。

### 3.2 下降特征

下降特征如图 3(b)所示。在  $\alpha_k=1$  的情况下，接收信号  $y_i$  在经过最大值之后迅速下降，其下降的趋势远大于  $\alpha_k=0$  所对应的信号下降趋势。因此，下降特征定义为

$$c_{k,2} = \frac{1}{|R_3|} \sum_{i \in R_3} y_i - \frac{1}{|R_4|} \sum_{i \in R_4} y_i \quad (7)$$

其中， $R_3$  为定义在  $\alpha_k=1$  所对应的最大值附近的采样区间， $R_4$  为定义在当前信号区间末段的采样区间，取  $|R_3|=|R_4|=\frac{M}{5}$ 。与上升沿特征类似， $c_{k,2}$  在  $\alpha_k=1$  的情况下比在  $\alpha_k=0$  的情况下大。

### 3.3 分子能量特征

第三种特征是基于单个信号能量来构造的，因此被称作分子能量特征。如图 3(c)所示，在  $\alpha_k=1$  的

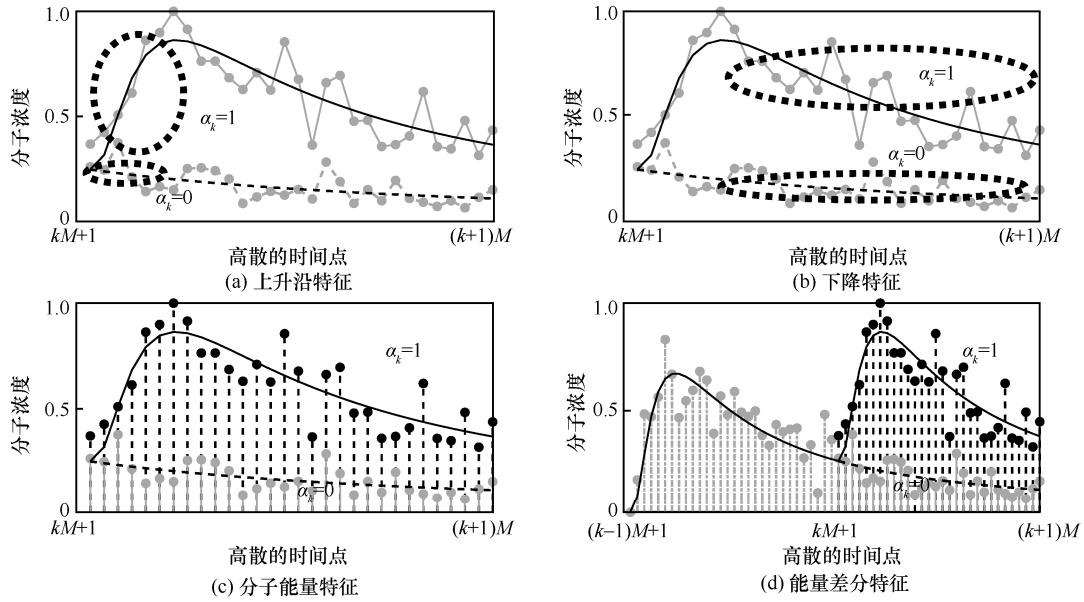


图3 4种特征在 $\alpha_k=0$ 与 $\alpha_k=1$ 情况下的示意

情况下,第 $k$ 个信号的分子能量大于其在 $\alpha_k=0$ 的情况。因此,定义第三种特征为

$$c_{k,3} = \frac{1}{M} \sum_{i=kM+1}^{(k+1)M} y_i \quad (8)$$

### 3.4 能量差分特征

第四种特征来源于2个连续信号所对应的接收分子浓度的差值,因此被称为能量差分特征<sup>[16]</sup>。如图3(d)所示,在 $\alpha_k=1$ 的情况下,第 $k$ 个发送间隔中的接收分子浓度高于第 $(k-1)$ 个发送间隔收到的分子数。而在 $\alpha_k=0$ 的情况下,由于在第 $k$ 个符号间隔期间没有接收到新的信息分子,根据扩散效应,当前符号间隔中的分子浓度低于先前符号间隔中分子浓度。由此,能量差分特征定义为<sup>[16]</sup>

$$c_{k,4} = \frac{1}{M} \sum_{i=kM+1}^{(k+1)M} y_i - \frac{1}{M} \sum_{i=(k-1)M+1}^{kM} y_i \quad (9)$$

### 3.5 特征的优势

本文提出的4种特征具有如下优势。

首先,这些特征对信道不敏感,即与CIR的具体表达式无关。当CIR因参数改变而发生改变时,每个特征仍能保持大致相同的形状(即对于时变的CIR,上升沿、下降、分子能量和能量差分仍存在于CIR中)。这使这些特征能够从本质上抵抗CIR带来的ISI(即在不同ISI的影响下,每种特征仍保持大致的形状),不需要使用复杂的信道估计来进行ISI补偿。因此,这些特征将带有ISI的分子信

号检测问题转换为二元检测框架,说明了其在实现非相干方案方面的潜能。

第二,本文通过采样集合,代替了实际的最大值、起点和终点的准确位置,起到了一个均值滤波器的作用,因此有助于消除由信道噪声带来的不确定性。同时,采样集合的使用,有助于消除对同步(synchronization)的敏感性。例如,一个很小的同步错误可能导致特征 $c_{k,1}$ 中最大值的精确位置出现偏移。然而通过采样集合的使用,其最大值的位置仍然在集合 $R_2$ 中,使特征 $c_{k,1}$ 对不准确的同步不敏感。

需要强调的是,上述4种特征在接收端可以同时获取。在完成对当前 $k$ 时刻的分子浓度信号接收后(即收到 $y_{(k-1)M+1}, y_{(k-1)M+2}, \dots, y_{kM}$ ),接收端通过式(6)~式(9)可同时计算出 $c_{k,1}, c_{k,2}, c_{k,3}$ 和 $c_{k,4}$ 。这使设计实时分子信号检测算法成为可能(即当前 $k$ 时刻的分子信号 $\alpha_k$ 的检测只依赖于当前和之前时刻接收到的分子浓度信息)。

## 4 非相干信号检测方案

基于电磁波通信的常规非相干解调与本文所提的适用于MCvD的非相干检测在概念上有所不同。前者是指不需要提取载波信息(或不需要恢复出相干载波)的一种解调方法。而在MCvD中,信息通过分子扩散进行传输,没有载波调制这一概念。因此,常规的非相干解调办法不适用于MCvD场景。

需要强调的是, MCvD 的非相干信号检测是指不需要估计分子 CIR 的检测方案。与之对应的是依赖于 CIR 估计的分子相干检测方案(例如 MAP 序贯检测算法<sup>[13]</sup>)。本文所设计的非相干分子信号检测算法旨在通过上述 4 种对 CIR 不敏感的特征来消除 ISI 并实现信号检测,从而避免复杂的信道估计和后验概率的计算,以满足纳米级分子通信的资源受限场景。

#### 4.1 非相干检测算法

根据第 3 节所建立的信号特征性质(即 4 种特征都是在  $\alpha_k=1$  情况下比在  $\alpha_k=0$  情况下更大),本节通过对 4 种特征的求和来增强分子信号的检测性能。求和后的复合特征为

$$c_k = c_{k,1} + c_{k,2} + c_{k,3} + c_{k,4} \quad (10)$$

比特的决策规则为

$$\hat{\alpha}_k = \begin{cases} 1, & c_k \geq \gamma_k \\ 0, & c_k < \gamma_k \end{cases} \quad (11)$$

其中,  $\hat{\alpha}_k$  是  $\alpha_k$  的估计,  $\gamma_k$  是决策阈值,可通过最小化误比特率(BER, bit error rate)求得。推导如下。

首先,给出在  $\alpha_k=0$  和  $\alpha_k=1$  的情况下  $c_k$  的概率分布。因为  $c_k$  是由相互独立的  $y_i$  相加而成的,根据中心极限定理(CLT, central limit theorem)<sup>[26]</sup>,其概率分布为高斯分布,即

$$c_k | \alpha_k = 0 \sim N(\mu_0, \sigma^2) \quad (12)$$

$$c_k | \alpha_k = 1 \sim N(\mu_1, \sigma^2) \quad (13)$$

其中,  $\mu_0$  和  $\mu_1$  分别为  $c_k$  在  $\alpha_k=0$  和  $\alpha_k=1$  情况下的均值,  $\sigma^2$  为方差。

接着,根据式(12)和式(13),给出 BER 的理论值,即

$$\begin{aligned} \text{BER} &= \Pr\{\alpha_k = 0\} \Pr\{\hat{\alpha}_k = 1 | \alpha_k = 0\} + \\ &\Pr\{\alpha_k = 1\} \Pr\{\hat{\alpha}_k = 0 | \alpha_k = 1\} = \\ &\frac{1}{2} \int_{-\infty}^{\gamma} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \exp\left(-\frac{(c-\mu_1)^2}{2\sigma^2}\right) dc + \\ &\frac{1}{2} \int_{\gamma}^{+\infty} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \exp\left(-\frac{(c-\mu_0)^2}{2\sigma^2}\right) dc \end{aligned} \quad (14)$$

在此,假设发送信号 1 和 0 的概率相等,即  $\Pr\{\alpha_k=1\} = \Pr\{\alpha_k=0\} = 0.5$ 。然后,最小化 BER 可以转化为求 BER 对阈值  $\gamma$  导数为 0 的点,即

$$\frac{\partial \text{BER}}{\partial \gamma} = \exp\left\{-\frac{(\gamma-\mu_1)^2}{2\sigma^2}\right\} - \exp\left\{-\frac{(\gamma-\mu_0)^2}{2\sigma^2}\right\} = 0 \quad (15)$$

通过式(15)可得

$$\begin{aligned} \gamma &= \frac{\mu_1 + \mu_0}{2} = \frac{E(c_{k'}=1) + E(c_{k'}=0)}{2} = \\ &\frac{1}{2} \left( \frac{1}{|K_1|} \sum_{k' \in K_1} c_{k'} + \frac{1}{|K_0|} \sum_{k' \in K_0} c_{k'} \right) \end{aligned} \quad (16)$$

其中,  $E(\cdot)$  为数学期望,  $|\cdot|$  为集合元素个数,  $K_1$  和  $K_0$  为 2 个集合,即

$$K_1 = \{k' | \hat{\alpha}_{k'} = 1, k' < k\} \quad (17)$$

$$K_0 = \{k' | \hat{\alpha}_{k'} = 0, k' < k\} \quad (18)$$

当发送比特 0 和 1 的概率相等,且  $k$  较大时,有  $|K_1|=|K_0|=\frac{k}{2}$ 。于是,对于每一个时隙  $k$ ,本文给出自适应判决检测阈值为

$$\gamma_k = \frac{1}{k} \sum_{k'=1}^k c_{k'} \quad (19)$$

值得注意的是,该检测阈值通过接收分子信号自适应得到,因此能够抵消由 ISI 和背景噪声变化带来的影响。

#### 4.2 非相干检测算法理论性能

本节将给出本文所提四特征非相干分子信号检测算法的理论 BER 和计算复杂度。

根据 4.1 节所给出的非相干判决方案,将式(16)所得的检测阈值代入式(14)中。于是, BER 的下界可以由式(20)推导求得。

$$\begin{aligned} \text{BER}_{\min} &= \frac{1}{2} \left( \int_{-\infty}^{\frac{\mu_1+\mu_0}{2}} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \exp\left(-\frac{(c-\mu_1)^2}{2\sigma^2}\right) dc + \right. \\ &\left. \int_{\frac{\mu_1+\mu_0}{2}}^{+\infty} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \exp\left(-\frac{(c-\mu_0)^2}{2\sigma^2}\right) dc \right) = Q\left(\sqrt{\frac{(\mu_1-\mu_0)^2}{4\sigma^2}}\right) \end{aligned} \quad (20)$$

其中,  $Q(\cdot)$  为高斯累积分布函数。

接下来,通过乘法的次数来计算本文所提四特征非相干检测算法的计算复杂度。给定发送比特序列为  $K$ ,根据式(6)~式(9),以及式(10)和式(19),本文算法的乘法个数为  $11K$ 。因此算法的复杂度为  $O(K)$ 。

### 5 数值结果

本节就本文所提特征  $c_k$  以及基于  $c_k$  的非相干检测算法进行了实验,实验参数如下。分子浓度信号经由基于蒙特卡洛仿真的布朗运动模型产生。其中,扩

散系数  $D=5 \times 10^{-9} \text{ m}^2/\text{s}$ , 分子纳米发射机和分子纳米接收机之间的距离  $d=2 \times 10^{-6} \text{ m}$ 。本文主要考虑并解决 ISI 和噪声带来的检测错误, 而忽略由接收分子数不足引入的 BER, 为保证接收机在发送信号 1 时收到足量的分子数, 设置发送信号 1 时释放的分子数为  $Q=10^5$ 。纳米接收机方面, 接收机半径  $r=0.225 \times 10^{-6} \text{ m}$ 。不失一般性, 保持采样率和发送间隔的比值  $M=30$ 。

### 5.1 特征与未经处理分子信号随时间变化的对比

首先, 给出本文所提特征  $c_k$  与未经处理的接收信号  $y_i$  在时间上的对比 (固定 SNR=15 dB, 发送间隔  $T_b=3 \times 10^{-4} \text{ s}$ ), 如图 4 所示。随着时间的变化, 未经处理的接收信号  $y_i$  受到之前信号 ISI 带来的影响, 无法区分当前的二元发送信号 (即  $\alpha_k=0$  或  $\alpha_k=1$ )。相比较而言, 本文所提特征  $c_k$  能够直观地区分当前的二元发送信号 (例如, 当  $c_k > 50$  时, 可认为  $\hat{\alpha}_k=1$ , 反之  $\hat{\alpha}_k=0$ )。这归因于本文所提的 4 种特征可以有效地表征分子信号在  $\alpha_k=0$  和  $\alpha_k=1$  下的特性, 即分子信号的上升沿特征  $c_{k,1}$ 、下降特征  $c_{k,2}$ 、分子能量特征  $c_{k,3}$  和能量差分特征  $c_{k,4}$  不会随着 ISI 的强弱而出现显著的变化。因此, 复合特征  $c_k$  可将带有 ISI 的接收信号转化为可区分性强的二元信号, 有着很好的可区分性。

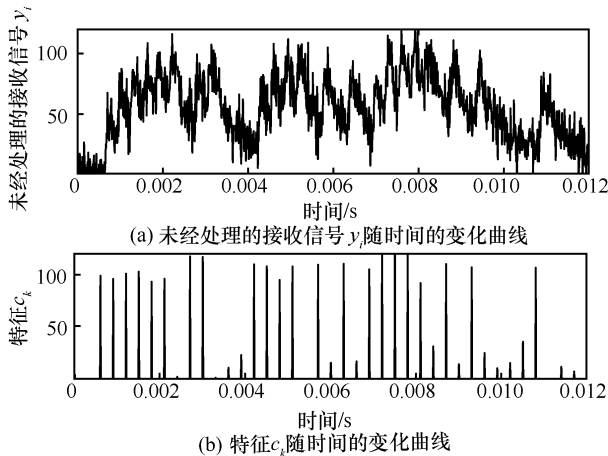


图4 未经处理的接收信号  $y_i$  与特征  $c_k$  随时间的变化曲线

### 5.2 特征与未经处理的接收信号的分布对比

图 5 给出了未经处理的接收信号  $y_i$  和本文所提特征  $c_k$  在发送信号 0 和发送信号 1 情况下对应的概率分布 (固定 SNR=15 dB, 发送间隔  $T_b=3 \times 10^{-4} \text{ s}$ )。

从图 5 中可以看出,  $y_i$  的分布存在明显的重叠现象 (例如,  $y_i$  在 50~100 时, 无法准确区分信号是 0 还是 1)。相比较而言, 复合特征  $c_k$  在发送信号 0 和发送信号 1 所对应的概率分布图并无重叠。这

同样归因于本文所提特征 (即分子信号的上升沿特征  $c_{k,1}$ 、下降特征  $c_{k,2}$ 、分子能量特征  $c_{k,3}$  和能量差分特征  $c_{k,4}$ ) 可表征与 ISI 强度无关的特性。结合图 4 和图 5 可以看出, 本文提出的特征方法在区分受 ISI 影响的分子信号上有着明显的优势。

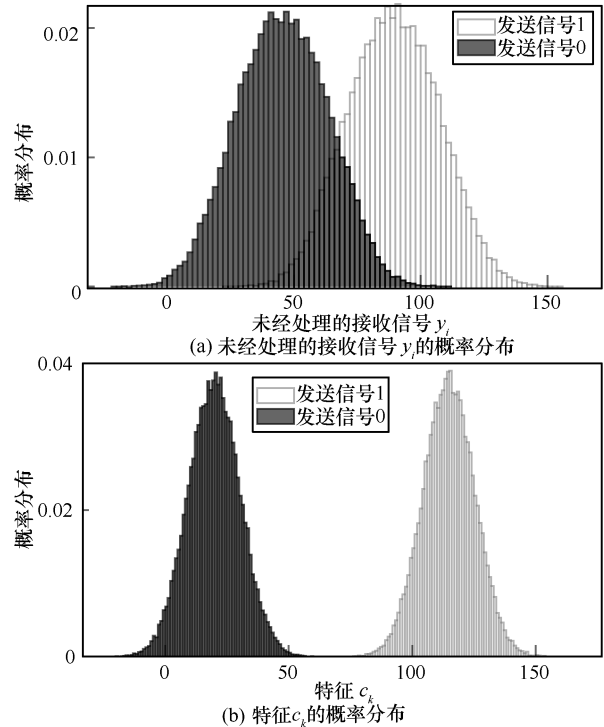


图5 未经处理的接收信号  $y_i$  与特征  $c_k$  的概率分布对比

### 5.3 不同算法在不同信噪比下的性能对比

接下来, 本文给出了在固定发送间隔 ( $T_b=3 \times 10^{-4} \text{ s}$ )、不同 SNR 下, 本文所提四特征非相干检测算法、相干 MAP 序贯检测算法<sup>[13]</sup>和三特征非相干检测算法<sup>[16]</sup>的 BER 对比, 如图 6 所示。为确保公平性, 同时考虑到分子通信资源受限这一条件, 3 种算法将在相同的计算复杂度下进行对比。在此, 本文先对 MAP 序贯检测算法进行必要的介绍。在分子通信中, MAP 首先通过信道估计得出不同时刻发送信号  $\alpha_l$  对当前接收信号  $y_i$  的影响 (即  $h_{i-(l-1)M}$ ), 即 ISI。接着, 通过  $h_{i-(l-1)M}$  进行信道补偿和后验概率的计算, 从而实现发送信号的序贯检测。这个概念符合常规电磁波通信中信道均衡的概念。在实际应用中, MAP 序贯检测算法的实现包括维特比 (Viterbi) 方案<sup>[27]</sup>和粒子滤波 (particle filter) 方案<sup>[28]</sup>。前者适用于离线检测, 即取得一串接收信号后逐一恢复对应的发送信号, 无法满足实时检测的要求, 而且需要消耗较大的计算资源<sup>[18]</sup>; 后者可

实现信号的实时检测，而且计算复杂度可控，由粒子个数  $I$  决定，复杂度可表示为  $KI$  次乘法计算<sup>[28]</sup>。本文采用基于粒子滤波的 MAP。为满足与本文所提四特征非相干检测算法同等级别的计算复杂度（即  $11K$ ），取粒子数  $I=11$ 。

另外，根据式(5)和文献[18]，本文给出了 SNR 的定义，即

$$\text{SNR} = \frac{E(s_i)^2}{D(n_i)^2} \quad (21)$$

其中， $s_i = \sum_{l=k-L+1}^k Qh_{i-(l-1)M} \alpha_l$  表示接收分子浓度的理想值（包含当前发送信号  $\alpha_k$  和由之前发送信号  $\alpha_l$  引起的 ISI）， $E(s_i)^2$  表示其平均能量， $n_i$  表示由背景环境产生的额外分子（噪声）， $D(n_i)$  表示其方差。

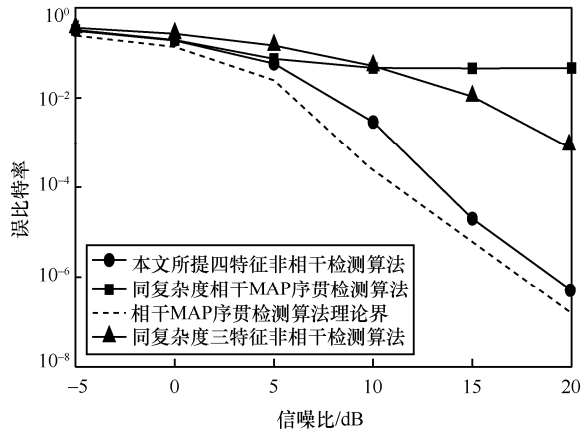


图 6 不同算法在不同信噪比下的误比特率对比

从图 6 中可以看出，当 SNR 为  $-5 \sim 5$  dB 时，3 种算法的 BER 近似相等，但是本文所提四特征非相干算法略优于相干 MAP 序贯检测算法和三特征非相干检测算法。随着 SNR 增长（即 SNR 为  $5 \sim 20$  dB 时），本文所提四特征非相干检测算法 BER 远远低于同复杂度下相干 MAP 序贯检测算法和三特征非相干检测算法。原因分析如下。相干 MAP 的 BER 优势建立在精确的信道估计和最大后验概率的计算上，需要消耗大量的计算资源（如图 6 所示，相干 MAP 序贯检测算法的 BER 理论界好于本文所提算法）。因此，在计算复杂度受限的分子通信场景，缺乏精确信道估计和后验概率计算的相干 MAP 序贯检测算法性能会有很大的下降。相比较而言，本文所提四特征非相干检测算法仅通过简单的加法运算即可实现特征提取和信号检测，具有较低的计算复杂度。同时，这些特征对

ISI 不敏感，且对发送信号 0 和 1 有着明显区分，因此可以实现低计算复杂度下分子信号的精确检测。另外，与三特征非相干算法相比，本文所提四特征非相干检测算法考虑了更加全面的分子信号特征（即上升沿特征、下降特征和分子能量特征等）。因此具有更好的 BER 性能。

#### 5.4 不同算法在不同 ISI 强度下的性能对比

图 7 给出了固定 SNR=10 dB、不同 ISI 强度下，本文所提四特征非相干检测算法、相干 MAP 序贯检测算法<sup>[13]</sup>和三特征非相干检测算法<sup>[16]</sup>在同计算复杂度下的 BER 对比。这里，不同的 ISI 强度用发送间隔  $T_b$  的变化来表示，即随着发送间隔的增大，信号之间的影响逐渐变弱，ISI 逐渐减小。由图 7 可以看出，在不同的发送间隔（即不同的 ISI 情况）下，本文所提四特征非相干检测算法具有更低的 BER。相比于相干 MAP 序贯检测算法<sup>[13]</sup>，本文所提四特征非相干检测算法的优势来源于提取的 4 种与 CIR 具体表达式无关的特征。这些特征在 ISI 存在的情况下，仍能反映分子信号的特性（即上升沿、下降、分子能量特征等）。因此，本文所提四特征非相干检测算法在不需要估计信道的情况下，仍能达到可靠的通信性能。由图 7 可以看出，相比于三特征非相干检测算法<sup>[16]</sup>，本文所提四特征非相干检测算法在强 ISI 的情况下具有更好的效果。这是因为在 ISI 强（即信息发送间隔  $T_b$  小）的情况下，文献[16]中的信号拐点子特征不再明显（即拐点特征对 CIR 相对敏感），而本文所考虑的上升沿子特征和分子量子特征仍能保持与低强度 ISI 情况下大致相同的形状，对 CIR 更加不敏感。因此，基于这些子特征的四特征非相干检测算法在强 ISI 区域仍可有效区分不同的二元发送信息，具有更精确的信号检测性能。

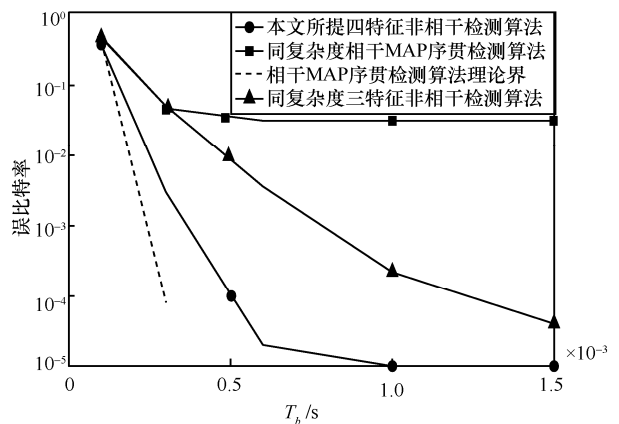


图 7 不同算法在不同 ISI 强度下的误比特率对比

## 6 结束语

在复杂的 MCvD 场景中, 如何对抗分子扩散引起的 ISI 和信道噪声等挑战, 准确可靠地检测分子信号所负载的信息对于科学研究和工程实践具有重要意义。此外, 纳米级 MCvD 设备的资源(能量和存储)受限, 使依赖于精确信道估计和概率分析的非相干信号检测方案难以实现。然而, 现有的非相干检测算法无法提供可靠的分子信号检测性能。针对这些问题, 本文提出了一种不依赖于信道估计的非相干信号检测算法, 从而弥补了这个空缺。利用接收信号的瞬态特性, 本文给出了 4 种与 CIR 无关的信号特征, 这些特征能够在不估计 CIR 的情况下, 抵消由分子扩散特性带来的 ISI。在此基础上, 本文设计了自适应阈值计算方法, 为实时信号检测的实现提供了可能性。此外, 本文推导出了该算法的误比特理论界, 对实际应用具有重要的指导意义。同时, 本文进一步通过数值仿真具体地分析证明了该非相干检测算法的优势。结果显示, 在同等复杂度的情况下, 所提非相干检测算法的检测准确性显著优于现有的相干检测和非相干检测算法。这意味着本文在满足系统通信性能要求的同时, 可以大幅降低对分子接收设备存储和运算的要求, 从而节约器件成本, 对于分子通信的推广应用具有重要的价值。值得一提的是, MC 中非相干检测的思想为今后的研究提供了另一条途径, 为新兴的 IoNT 应用提供了潜能。

### 参考文献:

- [1] AKYILDIZ I F, PIEROBON M, BALASUBRAMANIAM S, et al. The Internet of BIO-NANO things[J]. IEEE Communications Magazine, 2015, 53(3): 32-40.
- [2] GUO W, MIAS C, FARSAD N, et al. Molecular versus electromagnetic wave propagation loss in macro-scale environments[J]. IEEE Transactions on Molecular, Biological and Multi-Scale Communications, 2015, 1(1): 18-25.
- [3] KUSCU M, DINC E, BILGIN B A, et al. Transmitter and receiver architectures for molecular communications: a survey on physical design with modulation, coding, and detection techniques[J]. Proceedings of the IEEE, 2019, 107(7): 1302-1341.
- [4] FARSAD N, YILMAZ H B, ECKFORD A, et al. A comprehensive survey of recent advancements in molecular communication[J]. IEEE Communications Surveys & Tutorials, 2016, 18(3): 1887-1919.
- [5] MARTINS D P, LEETANASAKSAKUL K, BARROS M T, et al. Molecular communications pulse-based jamming model for bacterial biofilm suppression[J]. IEEE Transactions on NanoBioscience, 2018, 17(4): 533-542.
- [6] QIU S, HASELMAYR W, LI B, et al. Bacterial relay for energy-efficient molecular communications[J]. IEEE Transactions on NanoBioscience, 2017, 16(7): 555-562.
- [7] WEI Z, PAGANI A, LI B, et al. Monitoring embedded flow networks using graph fourier transform enabled sparse molecular relays[J]. IEEE Communications Letters, 2020, 24(5): 986-990.
- [8] FARSAD N, GUO W, ECKFORD A W. Tabletop molecular communication: text messages through chemical signals[J]. PLoS One, 2013, 8(12): e82935.
- [9] TEPEKULE B, PUSANE A E, YILMAZ H B, et al. ISI mitigation techniques in molecular communication[J]. IEEE Transactions on Molecular, Biological and Multi-Scale Communications, 2015, 1(2): 202-216.
- [10] FARSAD N, GUO W, CHAE C B, et al. Stable distributions as noise models for molecular communication[C]//2015 IEEE Global Communications Conference. Piscataway: IEEE Press, 2015: 1-6.
- [11] PIEROBON M, AKYILDIZ I F. Diffusion-based noise analysis for molecular communication in nanonetworks[J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2011, 59(6): 2532-2547.
- [12] LI B, SUN M, WANG S, et al. Low-complexity noncoherent signal detection for nanoscale molecular communications[J]. IEEE Transactions on NanoBioscience, 2015, 15(1): 3-10.
- [13] KILINC D, AKAN O B. Receiver design for molecular communication[J]. IEEE Journal on Selected Areas in Communications, 2013, 31(12): 705-714.
- [14] JAMALI V, AHMADZADEH A, JARDIN C, et al. Channel estimation for diffusive molecular communications[J]. IEEE Transactions on Communications, 2016, 64(10): 4238-4252.
- [15] GUO W, ASYHARI T, FARSAD N, et al. Molecular communications: channel model and physical layer techniques[J]. IEEE Wireless Communications, 2016, 23(4): 120-127.
- [16] LI B, ZHAO C, GUO W. Non-linear signal detection for molecular communications[C]//2017 IEEE Global Communications Conference. Piscataway: IEEE Press, 2017: 1-6.
- [17] LIU S, WEI Z, LI B, et al. Metric combinations in non-coherent signal detection for molecular communication[J]. Nano Communication Networks, 2019, 20(1): 1-10.
- [18] WEI Z, GUO W, LI B, et al. High-dimensional metric combining for non-coherent molecular signal detection[J]. IEEE Transactions on Communications, 2019, 68(3): 1479-1493.
- [19] JAMALI V, AHMADZADEH A, SCHOBBER R. Symbol synchronization for diffusion-based molecular communications[J]. IEEE Transactions on NanoBioscience, 2017, 16(8): 873-887.
- [20] FARSAD N, KIM N R, ECKFORD A W, et al. Channel and noise models for nonlinear molecular communication systems[J]. IEEE Journal on Selected Areas in Communications, 2014, 32(12): 2392-2401.
- [21] YILMAZ H B, HEREN A C, TUGCU T, et al. Three-dimensional

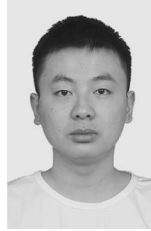
channel characteristics for molecular communications with an absorbing receiver[J]. IEEE Communications Letters, 2014, 18(6): 929-932.

- [22] 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, 2016, 16(1): 34-42.
- [23] NOEL A, DENG Y, MAKRAKIS D, et al. Active versus passive: receiver model transforms for diffusive molecular communication[C]//2016 IEEE Global Communications Conference. Piscataway: IEEE Press, 2016: 1-6.
- [24] CHO Y J, YILMAZ H B, GUO W, et al. Effective inter-symbol interference mitigation with a limited amount of enzymes in molecular communications[J]. Transactions on Emerging Telecommunications Technologies, 2017, 28(7): 3106-3116.
- [25] JAMALI V, AHMADZADEH A, WICKE W, et al. Channel modeling for diffusive molecular communication—a tutorial review[J]. Proceedings of the IEEE, 2019, 107(7): 1256-1301.
- [26] MONTGOMERY D C, RUNGER G C. Applied statistics and probability for engineers[M]. New Jersey: John Wiley & Sons, 2010.
- [27] WEI Z, HU W, ZHANG M, et al. Viterbi estimation on the finite-state Markov ultra-violet channels[C]//2017 Asia Communications and Photonics Conference. Piscataway: IEEE Press, 2017: Su2A-19.
- [28] DJURIC P M, KOTECHA J H, ZHANG J, et al. Particle filtering[J]. IEEE Signal Processing Magazine, 2003, 20(5): 19-38.

#### [作者简介]



肖利民 (1970—), 男, 江西南康人, 博士, 北京航空航天大学教授, 主要研究方向为计算机系统结构、高性能计算、大数据存储、系统安全等。



徐向荣 (1998—), 男, 安徽六安人, 北京航空航天大学博士生, 主要研究方向为计算机系统结构、分子通信等。



韦壮焜 (1993—), 男, 北京人, 华威大学博士生, 主要研究方向为信号处理与检测、分子通信等。



刘圣涵 (1992—), 男, 黑龙江佳木斯人, 北京邮电大学博士生, 主要研究方向为信号处理与检测、分子通信等。



刘怡文 (1966—), 女, 河南开封人, 博士, 北京航空航天大学高级工程师, 主要研究方向为计算机网络、分子通信、网络安全等。