

**专业学位硕士研究生学位论文**

**选 题 报 告**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **学位论文题目** | 边缘算力网络拥塞控制的研究 | | | | |
| **研究生姓名** | 晁凯 | | | | |
| **所在学院** | 电子信息学院 | | **学 号** | 220421132 | |
| **专业学位类别** | 工程硕士 | | | | |
| **专 业** | 电子信息 | | | | |
| **校内导师姓名** | 魏炜 | | | | |
| **开题时间** | 2023年 11月 18日 | **校外导师姓名** | | | 马城城 |
|  |  | | | | |

**西安工程大学研究生院**

**填 写 要 求**

一、论文题目是论文中心思想的高度概括，要求准确、规范、用词科学、简洁，一般不能超过25个汉字。

二、参考文献（参考文献应为近五年的50篇以上，其中外文资料不少于1/3）。

三、专业学位类别（法律、翻译、新闻与传播、工程、工商管理、会计、艺术）。

四、硕士学位论文选题报告通过后，此表一式两份，均由学院保存（其中一份在研究生获得硕士学位后装入研究生个人学位论文档案袋存档）。

五、本表个别栏目填写空间不足时，可续页。

六、选题报告为A4纸双面打印，字号：宋体、小四，1.3倍行距，于左侧装订成册。

**一、选题依据**

|  |
| --- |
| **1选题类型**  本课题为应用开发研究  **2选题来源**  本课题源自国家自然科学基金（项目编号：92059103）  **3研究意义**  边缘算力网络（Edge Computing Network）是一种新型的计算网络架构，它将计算和数据存储功能从传统的集中式云计算数据中心移至接近数据源的边缘位置。在传统云计算网络中，数据通常会被发送到远程的数据中心，数据中心进行处理后再将结果返回给用户，但是随着物联网设备和传感器的普及，产生的数据量不断增加，并且在很多情况下需要数据需要实时的处理及相应。边缘算力网络国内的边缘计算产业联盟（ECC）定义边缘计算是靠近物物或数据源头的网络边缘侧，融合网络、计算、存储、应用核心能力的开发平台等[1]这种网络架构的目的是在物联网、5G通信等应用场景中降低延迟、提高带宽利用率、增加网络安全性，并且能够更好地支持大规模设备和传感器的连接。  在1986年第一次出现了网络拥塞问题，当时LBL和UCBeley之间通信状况突然恶化，吞吐量从32kbps下降到40bps[2]，在次之后，网络拥塞问题成为计算机网络中一个重要的研究问题，网络拥塞是指在计算机网络中，由于网络上的数据传输量超过了网络基础设施的处理能力，导致数据传输受阻、延迟增加的现象。当网络拥塞发生时，数据包可能被延迟传输或丢失，从而影响用户体验和网络性能。这种情况通常需要采取措施来避免或缓解，以确保网络的顺畅运行。  在边缘算力网络中，边缘算力网络将计算和存储资源分布在了各个边缘设备上，用于处理数据，运行应用程序以及提供计算和存储服务，这些设备通常位于数据源头附近，如传感器，工业设备，智能手机，智能家具设备等，这样做的好处在于数据和计算在边缘位置处理，减少了数据传输到云服务器和返回的时间，从而降低了延迟，以及支持大规模设备的连接，边缘计算网络中的边缘节点分布在物理空间的各个位置，每个边缘节点都具备一定的计算和存储能力，当大规模设备连接到这些边缘节点时，数据可以在离设备更近的地方进行处理。这种分布式的数据处理方式能够轻松应对大量设备的数据。  在边缘算力网络中，各种数据源包括传感器、智能设备（如智能家居设备、智能工厂设备等）以及移动设备（如智能手机和平板电脑），它们的时延需求各不相同。在网络拥塞检测中，考虑到这种多样性数据源的时延需求至关重要。例如，在智能工厂中，传感器用于实时监测生产线上的温度、湿度等数据，对实时性要求极高，任何延迟都可能影响到系统的响应速度和决策效果。另外，在某些场景下，多个设备需要协同工作，例如智能交通系统中的车辆和交通信号灯，它们需要在实时性的基础上保持协同，以避免交通事故和提高交通效率。因此，满足不同数据类型的时延需求是确保边缘算力网络正常运行的关键因素。  随着智能网卡DPU的产生，RDMA（Remote Direct Memory Access）技术被广泛用于提供高性能、低延迟、高吞吐量的数据传输，在边缘计算集群中，各个边缘节点需要快速、可靠地交换大量数据，例如传感器数据、图像数据等。RDMA技术可以确保节点之间的实时数据传输，提供低延迟和高吞吐量，用于加速数据处理和分析。RDMA技术降低了服务器侧的处理时延，提升了计算和存储的效率，也减少了CPU资源的消耗。它也可能带来一些挑战，其中网络拥塞是其中之一。  **4国内外研究现状**  中国拥有世界上最大的工业体系，但在原有的工业网络中，面临着适配灵活性差、网络资源紧张、协同困难等多个问题。这些问题导致工业网络难以满足不断增长的数据处理需求和灵活业务变化的要求。如何在现有大规模基础设施的复杂连接之上，实现生产数据的实时采集、分析、处理和决策，以及底层工作设备的顺畅切换、使用、监测和警报，成为制造企业迫切需要解决的难题。同时，制造企业还面临控制成本、提高产能、保证产品质量等严峻挑战，这是推动工业智能化改造的迫切需求。  根据CISCO发布的《2020年全球网络趋势报告》，预计到2023年，全球将有约三分之二的人口和293亿终端设备连接到互联网。随着互联网用户数量的增长，每年产生的数据量也将急剧增加，其中约24.5%为实时数据。为了满足现代化制造的需求，工厂生产过程中将产生大量数据。传统的有限服务器无法满足智能制造的需求，因此云计算应运而生。然而，工业生产中需要实时响应、决策和反馈，需要低时延、高可靠性、更安全的服务。因此，提出了边缘计算的概念。  边缘计算是一种新型分布式计算模型，致力于推动集中式云服务中心与移动网络融合。与云计算相比，边缘计算更接近用户，因此显著减少了任务响应与服务交付时延。然而，由于边缘计算服务器节点部署更靠近终端设备，离计算集群较远，常常面临资源短缺等问题。因此，融合了云计算和边缘计算的边云协同成为工业互联网发展的主流。边云协同将分布式边缘服务器节点与集中式云主站资源池有机结合，从资源、数据、接口、通信、安全等多方面切入，保障工业生产平稳高效、安全有序进行。  当网络中出现大量数据包或数据分组，而网络未能及时处理这些数据，导致大量数据包积压在路由器的缓存队列中。随着缓存队列的增加，传输时延不断增加，进而降低网络处理数据包的能力，形成恶性循环，严重影响网络的传输效率。网络拥塞不仅会降低网络的传输性能，严重时还可能导致死锁现象，使网络瘫痪。在这种情况下，只能通过重置网络来解决，然而这可能会对网络硬件和软件造成损害，同时也会极大降低网络用户的满意度和体验。在计算机网络中，为了应对拥塞问题，我们在数据链路层、网络层和传输层都设置了相应的拥塞控制机制，以协调完成拥塞控制功能。   1. 数据链路层拥塞控制   在数据链路层，我们采用流控制策略来控制发送端的发送速率，以确保网络负载在接收端处理能力范围内。这种策略分为基于反馈和基于速率的两种类型。基于反馈的流控制策略是接收端向发送方发送反馈信息，告知发送方当前网络负载情况，避免发送过多的数据包。而基于速率的流控制策略则采用特定机制，预先限制发送方的发送速率，使其不超过接收端的处理能力。因此，在数据链路层，我们使用这两种流控制策略，分别视为闭环和开环的控制机制。   1. 网络层拥塞控制   在网络层，拥塞控制通过路由器或交换机的队列管理算法来实现。具体来说，当数据包到达路由器或交换机的缓存队列时，如果队列中的数据包过多，队列管理算法会选择性地丢弃或标记缓存在队列中的分组。这种做法不仅可以直接减轻路由器端的负载，还能将丢包或标记的信息反馈给源端，促使传输协议采取措施降低发送速率。  队列管理算法分为被动队列管理算法（Passive Queue Management, PQM）和主动队列管理算法（Active Queue Management, AQM）。被动管理算法相对简单，其中一个典型的例子是丢尾（Drop-tail）算法。当队列尺寸达到设定阀值时，丢尾算法会将所有到达的数据分组全部丢弃，否则，所有分组都不会丢弃。然而，这种静态管理算法可能引发网络的全局震荡，因此目前使用较少。  主动队列管理算法根据检测器参数动态选择性丢包或不丢包，包括PID（Proportional-Integral-Derivative）和RED（Random Early Detection）等。RED算法采用随机化思想，当队列尺寸在某个值时，以一定概率丢包。尽管RED算法避免了全局震荡问题，但是其参数难以确定，因此衍生出了很多相关变种，例如Feng等人提出的一种AQM算法算法的核心思想是将阈值区间三等分，之后在每个阈值区间内设置相应的丢弃函数，TRED算法巧妙地采用了分段丢弃策略，以适应不同网络负载下的需求。在低流量时，它优化了带宽利用，提高了网络的传输效率；而在高流量情况下，它通过降低数据的传输时延，确保了数据的快速到达。AQMRD算法是一种由Karmeshu等人提出的AQM（主动队列管理）算法。与传统的RED改进算法不同，AQMRD算法不仅考虑了队列的平均长度（ave），还引入了平均队列长度变化率（dave）和中间阈值（midth）这两个参数，以更全面地分析和反映网络的拥塞情况。AgRED算法是由Syed Talib等人提出的一种主动队列管理（AQM）算法。它专注于解决由于缓冲区队列溢出导致的严重丢包问题。与传统的RED算法不同，AgRED算法的核心思想是尽早丢弃数据包，以便及时调整缓冲区的队列长度，避免缓冲区过载。这种方法能够有效防止网络拥塞，提高网络性能。我们的研究工作也是在RED算法的基础上进行的。   1. 传输层拥塞控制   在传输层，使用TCP协议采用端到端的方式来控制发送速率以实现拥塞控制。TCP维护了接收方允许的窗口和拥塞窗口，前者由接收方提前告知发送端，控制发送速率，而后者则根据拥塞情况实时调整。拥塞控制的关键在于控制拥塞窗口的大小。目前，有一系列拥塞窗口管理机制，如慢启动、拥塞避免、快速重传、快速恢复等。在TCP拥塞控制中，主要发生在拥塞避免阶段，即在每个分组被确认时，拥塞窗口增加一；如果接收到三个重复的ACK，拥塞窗口大小减半。这种机制通常被称为AIMD（加性增、指数减）。 |

**二、文献综述（综述中引用的文献应按文中标注出现的顺序附后）**

|  |
| --- |
| **参考文献：**  [1] 基于云、网、边融合的边缘计算新方案：算力网络  [2] 不 稳 走 待 输 下 网 洛 捆 衾 检 测 及 调 度 算 法 研 先  [3] Liu Z Y, Wang S, Dong D, et al. The Applications of Radiomics in Precision Diagnosis and Treatment of Oncology: Opportunities and Challenges[J]. Theranostics, 2019, 9(5): 1303-1322.  [4] Wu J, Mayer A T, Li R J. Integrated imaging and molecular analysis to decipher tumor microenvironment in the era of immunotherapy[J]. Seminars in Cancer Biology, 2022, 84: 310-328.  [5] Louis D N, Perry A, Wesseling P, et al. The 2021 WHO Classification of Tumors of the Central Nervous System: a summary[J]. Neuro-Oncology, 2021, 23(8): 1231-1251.  [6] Tateishi K, Wakimoto H, Cahill D P. IDH1 Mutation and World Health Organization 2016 Diagnostic Criteria for Adult Diffuse Gliomas: Advances in Surgical Strategy[J]. Neurosurgery, 2017, 64: 134-138.  [7] Jin W N, Fatehi M, Abhishek K, et al. Artificial intelligence in glioma imaging: challenges and advances[J]. Journal of Neural Engineering, 2020, 17(2).  [8] Wang S, Yu H, Gan Y, et al. Mining whole-lung information by artificial intelligence for predicting EGFR genotype and targeted therapy response in lung cancer: a multicohort study[J]. The Lancet Digital Health, 2022, 4(5): e309-e319.  [9] Vobugari N, Raja V, Sethi U, et al. Advancements in Oncology with Artificial Intelligence-A Review Article[J]. Cancers, 2022, 14(5).  [10] Lambin P, Rios-Velazquez E, Leijenaar R, et al. Radiomics: Extracting more information from medical images using advanced feature analysis[J]. European Journal of Cancer, 2012, 48(4): 441-446.  [11] Huang S G, Yang J, Fong S, et al. Artificial intelligence in cancer diagnosis and prognosis: Opportunities and challenges[J]. Cancer Letters, 2020, 471: 61-71.  [12] Lu C F, Hsu F T, Hsieh K L C, et al. Machine Learning-Based Radiomics for Molecular Subtyping of Gliomas[J]. Clinical Cancer Research, 2018, 24(18): 4429-4436.  [13] Liu Z Y, Meng X C, Zhang H M, et al. Predicting distant metastasis and chemotherapy benefit in locally advanced rectal cancer[J]. Nature Communications, 2020, 11(1).  [14] Liu X Y, Zhang D F, Liu Z Y, et al. Deep learning radiomics-based prediction of distant metastasis in patients with locally advanced rectal cancer after neoadjuvant chemoradiotherapy: A multicentre study[J]. Ebiomedicine, 2021, 69.  [15] Jin C, Yu H, Ke J, et al. Predicting treatment response from longitudinal images using multi-task deep learning[J]. Nature Communications, 2021, 12(1).  [16] Li X Q, Gao H, Zhu J, et al. 3D Deep Learning Model for the Pretreatment Evaluation of Treatment Response in Esophageal Carcinoma: A Prospective Study (ChiCTR2000039279)[J]. International Journal of Radiation Oncology Biology Physics, 2021, 111(4): 926-935.  [17] Chen X, Chen Z, Li J, et al. Model-Driven Deep Learning Method for Pancreatic Cancer Segmentation Based on Spiral-Transformation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2022, 41(1): 75-87.  [18] Liu S, Johns E, Davison A J. End-to-end multi-task learning with attention[C]//Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition. 2019. 1871-1880.  [19] Gerlinger M. Intratumor Heterogeneity and Branched Evolution Revealed by Multiregion Sequencing (vol 366, pg 883, 2012)[J]. New England Journal of Medicine, 2012, 367(10): 976-976.  [20] Bi W L, Hosny A, Schabath M B, et al. Artificial intelligence in cancer imaging: Clinical challenges and applications[J]. Ca-a Cancer Journal for Clinicians, 2019, 69(2): 127-157.  [21] Chen L, Zhang H, Lu J F, et al. Multi-Label Nonlinear Matrix Completion With Transductive Multi-Task Feature Selection for Joint MGMT and IDH1 Status Prediction of Patient With High-Grade Gliomas[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2018, 37(8): 1775-1787.  [22] Aerts H J W L, Velazquez E R, Leijenaar R T H, et al. Decoding tumour phenotype by noninvasive imaging using a quantitative radiomics approach[J]. Nature Communications, 2014, 5.  [23] Lambin P, Leijenaar R T H, Deist T M, et al. Radiomics: the bridge between medical imaging and personalized medicine[J]. Nature Reviews Clinical Oncology, 2017, 14(12): 749-762.  [24] Bai Y, Lin Y S, Tian J, et al. Grading of Gliomas by Using Monoexponential, Biexponential, and Stretched Exponential Diffusion-weighted MR Imaging and Diffusion Kurtosis MR Imaging[J]. Radiology, 2016, 278(2): 496-504.  [25] Zhang X, Tian Q, Wang L, et al. Radiomics Strategy for Molecular Subtype Stratification of Lower-Grade Glioma: Detecting IDH and TP53 Mutations Based on Multimodal MRI[J]. Journal of Magnetic Resonance Imaging, 2018, 48(4): 916-926.  [26] Kim M, Jung S Y, Park J E, et al. Diffusion- and perfusion-weighted MRI radiomics model may predict isocitrate dehydrogenase (IDH) mutation and tumor aggressiveness in diffuse lower grade glioma[J]. European Radiology, 2020, 30(4): 2142-2151.  [27] Peng H, Huo J H, Li B, et al. Predicting Isocitrate Dehydrogenase (IDH) Mutation Status in Gliomas Using Multiparameter MRI Radiomics Features[J]. Journal of Magnetic Resonance Imaging, 2021, 53(5): 1399-1407.  [28] Wang P, Berzin T M, Brown J R G, et al. Real-time automatic detection system increases colonoscopic polyp and adenoma detection rates: a prospective randomised controlled study[J]. Gut, 2019, 68(10): 1813-1819.  [29] Rodriguez-Ruiz A, Lang K, Gubern-Merida A, et al. Can we reduce the workload of mammographic screening by automatic identification of normal exams with artificial intelligence? A feasibility study[J]. European Radiology, 2019, 29(9): 4825-4832.  [30] Chang K, Bai H X, Zhou H, et al. Residual Convolutional Neural Network for the Determination of IDH Status in Low- and High-Grade Gliomas from MR Imaging[J]. Clinical Cancer Research, 2018, 24(5): 1073-1081.  [31] Choi K S, Choi S H, Jeong B. Prediction of IDH genotype in gliomas with dynamic susceptibility contrast perfusion MR imaging using an explainable recurrent neural network[J]. Neuro-Oncology, 2019, 21(9): 1197-1209.  [32] Matsui Y, Maruyama T, Nitta M, et al. Prediction of lower-grade glioma molecular subtypes using deep learning[J]. Journal of Neuro-Oncology, 2020, 146(2): 321-327.  [33] Choi Y S, Bae S, Chang J H, et al. Fully automated hybrid approach to predict the IDH mutation status of gliomas via deep learning and radiomics[J]. Neuro-Oncology, 2021, 23(2): 304-313.  [34] Parmar C, Velazquez E R, Leijenaar R, et al. Robust Radiomics Feature Quantification Using Semiautomatic Volumetric Segmentation[J]. Plos One, 2014, 9(7).  [35] Khan M A, Lali I U, Rehman A, et al. Brain tumor detection and classification: A framework of marker-based watershed algorithm and multilevel priority features selection[J]. Microscopy Research and Technique, 2019, 82(6): 909-922.  [36] Long J, Shelhamer E, Darrell T. Fully convolutional networks for semantic segmentation[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2015. 3431-3440.  [37] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation[C]//International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention. 2015. Springer, 234-241.  [38] Milletari F, Navab N, Ahmadi S-A. V-net: Fully convolutional neural networks for volumetric medical image segmentation[C]//2016 fourth international conference on 3D vision (3DV). 2016. IEEE, 565-571.  [39] Badrinarayanan V, Kendall A, Cipolla R. Segnet: A deep convolutional encoder-decoder architecture for image segmentation[J]. IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence, 2017, 39(12): 2481-2495.  [40] Xiao X, Lian S, Luo Z, et al. Weighted res-unet for high-quality retina vessel segmentation[C]//2018 9th international conference on information technology in medicine and education (ITME). 2018. IEEE, 327-331.  [41] Guan S, Khan A A, Sikdar S, et al. Fully dense UNet for 2-D sparse photoacoustic tomography artifact removal[J]. IEEE journal of biomedical and health informatics, 2019, 24(2): 568-576.  [42] He K, Zhang X, Ren S, et al. Deep residual learning for image recognition[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2016. 770-778.  [43] Huang G, Liu Z, Van Der Maaten L, et al. Densely connected convolutional networks[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2017. 4700-4708.  [44] Wang Y, Deng Z, Hu X, et al. Deep attentional features for prostate segmentation in ultrasound[C]//International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. 2018. Springer, 523-530.  [45] Myronenko A. 3D MRI brain tumor segmentation using autoencoder regularization[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. 2018. Springer, 311-320.  [46] Chen S, Ma K, Zheng Y. Med3d: Transfer learning for 3d medical image analysis[J]. arXiv preprint arXiv:190400625, 2019.  [47] Singh V K, Rashwan H A, Romani S, et al. Breast tumor segmentation and shape classification in mammograms using generative adversarial and convolutional neural network[J]. Expert Systems with Applications, 2020, 139: 112855.  [48] Akil M, Saouli R, Kachouri R. Fully automatic brain tumor segmentation with deep learning-based selective attention using overlapping patches and multi-class weighted cross-entropy[J]. Medical Image Analysis, 2020, 63: 101692.  [49] Xie Y, Zhang J, Lu H, et al. SESV: Accurate medical image segmentation by predicting and correcting errors[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2020, 40(1): 286-296.  [50] Hatamizadeh A, Tang Y, Nath V, et al. Unetr: Transformers for 3d medical image segmentation[C]//Proceedings of the IEEE/CVF Winter Conference on Applications of Computer Vision. 2022. 574-584.  [51] Dosovitskiy A, Beyer L, Kolesnikov A, et al. An image is worth 16x16 words: Transformers for image recognition at scale[J]. arXiv preprint arXiv:201011929, 2020.  [52] Hatamizadeh A, Nath V, Tang Y, et al. Swin unetr: Swin transformers for semantic segmentation of brain tumors in mri images[C]//International MICCAI Brainlesion Workshop. 2022. Springer, 272-284.  [53] Tang Y, Yang D, Li W, et al. Self-supervised pre-training of swin transformers for 3d medical image analysis[C]//Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. 2022. 20730-20740.  [54] Liu Z, Lin Y, Cao Y, et al. Swin transformer: Hierarchical vision transformer using shifted windows[C]//Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision. 2021. 10012-10022.  [55] Laukamp K R, Thiele F, Shakirin G, et al. Fully automated detection and segmentation of meningiomas using deep learning on routine multiparametric MRI[J]. European Radiology, 2019, 29(1): 124-132.  [56] Chang K, Beers A L, Bai H X, et al. Automatic assessment of glioma burden: a deep learning algorithm for fully automated volumetric and bidimensional measurement[J]. Neuro-Oncology, 2019, 21(11): 1412-1422.  [57] Bakas S, Akbari H, Sotiras A, et al. Data Descriptor: Advancing The Cancer Genome Atlas glioma MRI collections with expert segmentation labels and radiomic features[J]. Scientific Data, 2017, 4.  [58] Zhang B, Chang K, Ramkissoon S, et al. Multimodal MRI features predict isocitrate dehydrogenase genotype in high-grade gliomas[J]. Neuro-Oncology, 2017, 19(1): 109-117.  [59] Sun C, Tian X, Liu Z, et al. Radiomic analysis for pretreatment prediction of response to neoadjuvant chemotherapy in locally advanced cervical cancer: A multicentre study[J]. Ebiomedicine, 2019, 46: 160-169.  [60] Hatt M, Lucia F, Schick U, et al. Multicentric validation of radiomics findings: challenges and opportunities[J]. Ebiomedicine, 2019, 47: 20-21.  [61] Li Y P, Ammari S, Lawrance L, et al. Radiomics-Based Method for Predicting the Glioma Subtype as Defined by Tumor Grade, IDH Mutation, and 1p/19q Codeletion[J]. Cancers, 2022, 14(7).  [62] Limkin E J, Sun R, Dercle L, et al. Promises and challenges for the implementation of computational medical imaging (radiomics) in oncology[J]. Annals of Oncology, 2017, 28(6): 1191-1206.  [63] Korfiatis P, Kline T L, Lachance D H, et al. Residual Deep Convolutional Neural Network Predicts MGMT Methylation Status[J]. Journal of Digital Imaging, 2017, 30(5): 622-628.  [64] Khan S, Islam N, Jan Z, et al. A novel deep learning based framework for the detection and classification of breast cancer using transfer learning[J]. Pattern Recognition Letters, 2019, 125: 1-6.  [65] Tang Z Y, Xu Y Y, Jin L, et al. Deep Learning of Imaging Phenotype and Genotype for Predicting Overall Survival Time of Glioblastoma Patients[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2020, 39(6): 2100-2109.  [66] Lessmann N, Van Ginneken B, Zreik M, et al. Automatic Calcium Scoring in Low-Dose Chest CT Using Deep Neural Networks With Dilated Convolutions[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2018, 37(2): 615-625.  [67] Zhang J, Liu M X, Shen D G. Detecting Anatomical Landmarks From Limited Medical Imaging Data Using Two-Stage Task-Oriented Deep Neural Networks[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2017, 26(10): 4753-4764.  [68] Zhou C H, Ding C X, Wang X C, et al. One-Pass Multi-Task Networks With Cross-Task Guided Attention for Brain Tumor Segmentation[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2020, 29: 4516-4529.  [69] Sinha A, Dolz J. Multi-Scale Self-Guided Attention for Medical Image Segmentation[J]. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2021, 25(1): 121-130.  [70] Liu Z H, Tong L, Chen L, et al. CANet: Context Aware Network for Brain Glioma Segmentation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2021, 40(7): 1763-1777.  [71] Zhou T X, Canu S, Vera P, et al. Latent Correlation Representation Learning for Brain Tumor Segmentation With Missing MRI Modalities[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2021, 30: 4263-4274.  [72] Decuyper M, Bonte S, Deblaere K, et al. Automated MRI based pipeline for segmentation and prediction of grade, IDH mutation and 1p19q co-deletion in glioma[J]. Computerized Medical Imaging and Graphics, 2021, 88.  [73] Naser M A, Deen M J. Brain tumor segmentation and grading of lower-grade glioma using deep learning in MRI images[J]. Computers in Biology and Medicine, 2020, 121.  [74] Luo H G, Zhuang Q Y, Wang Y Y, et al. A novel image signature-based radiomics method to achieve precise diagnosis and prognostic stratification of gliomas[J]. Laboratory Investigation, 2021, 101(4): 450-462.  [75] Wang Y, Wang Y, Guo C J, et al. SGPNet: A Three-Dimensional Multitask Residual Framework for Segmentation and IDH Genotype Prediction of Gliomas[J]. Computational Intelligence and Neuroscience, 2021, 2021.  [76] Zhou Y, Chen H J, Li Y F, et al. Multi-task learning for segmentation and classification of tumors in 3D automated breast ultrasound images(star)[J]. Medical Image Analysis, 2021, 70.  [77] Cheng J H, Liu J, Kuang H L, et al. A Fully Automated Multimodal MRI-Based Multi-Task Learning for Glioma Segmentation and IDH Genotyping[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2022, 41(6): 1520-1532. |

**三、研究内容和方法**

|  |
| --- |
| **包括：1.研究的基本内容；2.拟采取的技术路线、研究手段、研究方法；3.预期研究的成果。**  **1研究的基本内容；**  本课题旨在边缘算力网络拥塞控制检测算法的研究，本课题的主要研究内容拟解决3个三个关键问题：（1）在边缘算力网络中对拥塞检测更高实时性的要求；（2）对于边缘算力网络中边缘网关会接收到多样化数据源不能准确识别网络拥塞迹象的问题；（3）无损网络在边缘算力网络中的网络拥塞检测问题。  **2拟采取的技术路线、研究手段、研究方法；**  如图2为本课题的总技术路线：    **2.算法研究**  1）基于不同流量类型下的拥塞检测算法网络整体结构  针对目前边缘算力网络中网络拥塞，以及不同流量时延需求的问题，本课题提出了基于不同流量类型下的拥塞检测算法，并将在NS2仿真软件中仿真模拟。图3显示了基于不同流量类型下的算法结构，所提出的算法结构中包含了不同流量时延需求，以及通过平均队列尺寸变化率对网络的拥塞检测。  在边缘算力网络中，边缘网关会接受到各种各样的流量数据，例如，温度、湿度、光照等传感器数据；4k摄像头的视频流数据，以及各种雷达数据等等。而这些数据的RTT时间是不同的，为了能够应对不同流量类型不同的时延需求，我们将对不同流量类型在传输至边缘网关时的存储缓存队列进行重新排列，不再遵循先入先出的原则，使得需要低时延的流量尽可能的排列在缓存区队列的前方，而对时延要求不高的流量排列在缓冲区队列的后方。  在边缘算力网络中，面对网络即将发生的网络拥塞情况，要尽可能的提前采取措施，同样这也要求了尽可能早的检测出网络拥塞迹象，在网络拥塞检测中我们采用了基于平均队列尺寸变换率的方法，根据平均队列尺寸的变换率来对到来的数据包进行丢包处理。   1. 不同流量时延需求模块   在边缘算力网络中，不同的数据流对于数据传输时的延迟要求可能有所不同。这种延迟需求可以是由应用层人为设置的，也可以是根据实际网络状况和数据流量自适应调整的。这个延迟需求指的是数据包在路由器中存在的最长时间，即数据包从发送到接收的时间间隔。  为了满足这种需求，每个数据流在确定了自身数据包的延迟需求后，将这个需求信息嵌入到数据包中的固定位置，通常是IP层的选项字段中。这个操作可以通过用户态和内核态的交互完成。一旦时延需求被正确写入数据包，它就会被路由器内核识别、提取和计算，以便进行后续的队列操作。  时延需求实际上描述了数据包的紧急程度，它确保了数据包被正确地入队，满足了网络服务质量（QoS）的要求。通过这种方式，网络可以根据不同数据流的需求将数据包合理地排队，从而提供更好的性能和用户体验。   1. 基于平均队列尺寸变化率模块   在边缘算力网络中，我们需要在网络拥塞即将到来时采取相关措施，传统的RED算法，通过计算平均队列的尺寸来描述网络拥塞的程度，从而进行丢包选择，AQMRD将计算其平均队列尺寸变换率，即：    其中和分别是当前时刻和上一时刻的平均队列长度，与为当前时刻和上一时刻的瞬时队列长度，则是为了减小大规模流量的影响所设置的权值参数。在这里用以反映网络流量的变化情况。  对于通常会被设置为0.002，而在边缘算力网络中，则希望权值参数是一个动态调整的数，即：在计算到的平均队列尺寸较低以及平均队列尺寸变换率的绝对值较低时；在计算到的平均队列尺寸较小以及平均队列尺寸变换率绝对值较大时；在计算到的平均队列尺寸较大以及平均队列尺寸变换率绝对值较小时；在计算到的平均队列尺寸较大以及平均队列尺寸变换率绝对值较大时；这几种情况下权值将是不同的函数。  这里将根据平均队列长度变化率更新中间的阈值，再使用中间阈值构建整体的丢包策略。在AQMRD中的设置方式如下：    其丢包策略如下：  当时    当时    AQMRD算法中间阈值的设置不够平滑并且网络流量迅速增长时制定了激进的丢包策略，我们希望制定更加平滑的中间阈值和丢包策略。  **2.5无损网络的拥塞控制检测研究**  1）网络整体结构  在计算机视觉领域中，异构和高维数据的集成变得越来越重要。多模态医学影像因能提供有关目标的多信息从而在医学影像中被广泛利用。然而，传统方法在提供可靠的多模态融合方面基本上是薄弱的，尤其是在安全关键应用（例如，医疗诊断）方面，无法有效去除多模态冗余的信息。医学影像由于不同仪器、序列导致数据间中心差异大、多模态特征间的关系复杂，数据之间的分布变化导致在部署经过训练的分割模型期间严重的性能退化。这激励我们以更具有泛化性能的方式利用多模态信息，产生值得信赖的多模态融合。  对于上述表示，本课题采用了一种channel exchanging网络，它具有自适应性、无参数性，如图5所示为本课题拟采用的网络结构图。本课题采用ResNet-18作为主干网络来挖掘医学影像中肿瘤的特征，设置孪生网络架构作为提取特征总结构。将主干网络中的每个stage利用channel exchanging对每个阶段不同模态特征融合。在分割任务中，随着网络层的加深，不同尺度的特征图之间的不一致性越来越明显，Refine-Net通过一系列子模块把不同分辨率的特征进行细化和融合，显式的利用了下采样过程的所有信息，使用远程残差连接来实现高分辨率的预测。在分类任务中，将第4个stage提取的特征使用双线性池化进行特征向量融合。    图5 多模态融合总框架图  2）多模态影像融合  Channel exchanging是通过不同的模态间的通道交换来实现多模态信息的融合，如图6所示，channel exchanging是利用batch normalization中的scaling factor的大小来自行度量每个channel重要性，将每个模态中不太重要的channel交换成其他模态中重要的channel，为了保持模态内的处理，此方法允许在每个模态通道的一定范围内进行有向通道交换。这种做法在不增加参数的情况下既保证了每个模态中固有的信息，又有效地融合所有模态的信息。    图6 Channel Exchanging框架图  在分割任务中，本课题采用了RefineNet将前面的多种分辨率的特征图输入到融合模块，网络框架如图7所示，每一个RefineNet是由残差卷积模块（residual conv unit，RCU）、多分辨率融合模块（multi-resolution fusion，MRF）、链式残差池化模块组成（chained residual pooling，CRP），通过使用带残差连接的同态映射构建所有模块，梯度能够在短距离和长距离传播，充分利用下采样过程中损失的信息，进一步以一种有效的方式从背景信息中俘获上下文信息。    图7 RefineNet的框架示意图  在分类任务中，引入了视觉问答领域多模态因子分解双线性池化（multi-modal factorized bilinear pooling，MFB）的方法以高效和有效地组合多模态特征，如图8所示，MFB采用了Tensor sketch和Hadamard product算法，既有效减少模型的参数数量和计算时间，又保持了高维输出来保证模型的鲁棒性。这样可以让不同模态的特征之间相互指导，具有更强的可解释性。    图8 多模态因子分解双线性流程图  **2.6分割任务中类内差异性和边界模糊的算法研究**  1）网络整体结构  在临床中分析肿瘤医学图像时，模型正确分割医学图像域中的感兴趣区是提高诊断和治疗的重要关键。然而，由于生物组织之间的结构边界模糊性、异质纹理、对比度差以及没有领域知识对分割区域的不确定性，难以获得准确的分割结果。即使是专家，根据他们的经验和技能，他们的描述也略有不同。  深度学习中的卷积神经网络通过具有不同核的卷积层和池化层来捕获包含丰富位置信息和语义信息的多尺度特征。低级特征具有更高的分辨率，可以生成清晰和详细的边界，但上下文信息较少，而高级特征具有更抽象的语义信息，这些语义信息擅长进行类别分类，但在形状和位置上较弱，因此，充分结合不同尺度的特征可以用来检测不同尺寸的肿瘤。  对于肿瘤类内差异性，模型需要针对各种变化（如形状、大小和纹理）保持不变，因此，本课题预计设计如图9的网络框架图，利用3D预训练模型ResNet-34为主干网络以获取不同分辨率的多尺度特征，为了能够更好的聚合不同区域中有效的上下文信息、区域语义，提高获取全局信息的能力。本课题预计引入了visual attention模块、global context attention模块。对于肿瘤边界模糊性，本课题采用了自然图像方面的boundary refinement模块，以细化对象边界并提高预测精度。在分类任务中，由于深层网络的语义信息丰富，直接使用预训练模型的深层语义特征作为分类特征。尽管网络能够充分利用多级特征，但参数数量也明显增加，这可能会带来额外的优化难度。为了解决这个问题，计划在模型中添加深度监督，旨在简化训练过程并加快网络模型的优化。    图9 多尺度注意力网络概述  2）注意力机制模块  VA模块的目标是探索不同尺度特征中的局部和全局3D空间信息，如图10（a）所示，VA模块以卷积层为中心，建立不同分支的空洞卷积以控制其偏心，形成具有不同感受野的多分支注意力特征池，更好的捕捉不同像素点之间的内在关系。GCA模块是能够精细化上下文信息的使用程度以解决不同患者的肿瘤大小、形态、纹理呈现的类内差异性，如图10（b）所示，GCA应用卷积来调整高分辨率和低分辨率融合特征图的通道维度，然后通过全局池化到低分辨率以获得全局上下文信息，引入了注意力机制从而充分利用不同分辨率实现跨尺度特征融合。受自然图像中的研究，BR模块具有提高边界处的定位能力，因此我们尝试用该方法解决因图像对比度低所造成的边界模糊性问题。如图10（c）所示，BR模块是基于残差结构的来帮助网络加强肿瘤边界的细节。    图10 （a）Visual Attention模块（b）Global Context Attention模块  （c）Boundary Refinement模块  **3创新点**  （1）设计了任务注意力机制、混合损失函数和引用同方差不确定性解决肿瘤分割和分类的多任务学习中任务不平衡的问题。  （2）在3D医学影像中利用通道交换和双线性池化方法进行多模态MRI信息融合以解决多模态MRI信息无法充分利用的问题  （3）设计了一种新的3D上下文感知网络以解决多任务学习中肿瘤分割呈现的类内差异性和边界模糊性的问题。  **4预期研究的成果。**  （1）预期本课题结束时，对本课题所涉及的关键技术给出可行的解决方案。  （2）发表EI及以上高水平论文1-2篇。  （3）完成硕士学术论文。 |

**四、研究基础**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **包括：1.学术条件；2.设施条件；2.经费预算。**  **1学术条件**  （1）通过查阅大量与本课题相关的参考文献，对将要进行的研究有清晰的理解和认识,形成了本课题比较完善的研究思路。  （2）对提出的思路进行实验，验证其可行性，并针对不同的问题提出改进思路。  （3）熟练掌握Python和Pytorch。  **2设施条件**   |  |  | | --- | --- | | CPU | Intel(R) Core(TM) i7-10700K CPU @ 3.80GHz | | GPU | RTX3090\*2 | | 内存 | 32G | | 硬盘 | 4T | | 操作系统 | Ubuntu 20.04.3 | | 深度学习框架 | Pytorch1.7.1 |   **3经费预算**  经费来源：项目经费、研究生经费  开支预算：6000元   |  |  |  | | --- | --- | --- | | 支出科目 | 金额（元） | 计算根据及理由 | | 资料印刷费 | 400 | 购买书籍、打印复印费用 | | 论文版面费 | 4000 | 发表论文所需相关费用 | | 实验外协费 | 1000 | 外出参加会议差旅费 | | 其他费用 | 600 | 实验所需其他费用 | | 合计 | 6000 |  | |

**五、论文工作计划**

|  |  |
| --- | --- |
| **起止时间** | **工作内容及完成指标** |
| 2022年09月 - 2022年12月 | 数据预处理、构建多任务学习中任务不平衡算法模型 |
| 2022年12月 - 2023年01月 | 撰写肿瘤分割和分类的多任务学习算法论文 |
| 2023年02月 - 2023年05月 | 实现胶质瘤多模态融合算法研究 |
| 2023年05月 - 2023年06月 | 撰写多模态融合算法论文 |
| 2023年07月 - 2023年09月 | 实现分割任务中类内差异性和边界模糊的算法研究 |
| 2023年10月 - 2023年11月 | 对算法做进一步改进，对实验结果方法进行归纳整理 |
| 2023年12月 - 2024年06月 | 撰写学位大论文，准备答辩 |

**六、导师评审意见**

|  |
| --- |
| **导师意见（导师就研究生对国内外研究现状的了解情况、选题的实际应用价值、研究方法、研究手段及论文工作计划的评价）：**  该课题研究了多任务和多模态MRI对肿瘤分割和分类的算法研究，较为新颖，具有一定的研究价值和研究意义。该生对课题进行了详尽地调研，参考了大量的文献资料，研究内容目标明确，设计思路清晰，研究方法与手段合理可行，难度适中，工作量饱满，研究计划安排合适。符合本校研究生开题要求，同意开题。  **校内导师签字： 年 月 日**  **校外导师签字： 年 月 日** |

**七、评审小组和学院意见**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | **姓 名** | **职 称** | **专业** | **成 绩** | **结 论** | **签 字** |
| **组长** | 李云红 | 教授 | 控制科学与工程 |  |  |  |
| **成员** | 杜世龙 | 高工 | 图像处理 |  |  |  |
| 陈宁 | 副教授 | 控制科学与工程 |  |  |  |
| 苏雪平 | 副教授 | 控制科学与工程 |  |  |  |
| 魏炜 | 副教授 | 控制科学与工程 |  |  |  |
| 陈锦妮 | 讲师 | 信号与信息处理 |  |  |  |
| **总成绩** | |  | | | | |
| **评审小组审查结论（论文选题是否有实际应用价值，研究的难度与工作量是否适当、研究方案的可行性、是否同意论文开题）：**  **组长签名： 年 月 日** | | | | | | |
| **学院教授委员会意见：**  **学院教授委员会主任签名： 年 月 日** | | | | | | |