

基于遗传算法的机动多目标数据关联^{*}

Genetic Algorithms Based Multiple Maneuvering Target Data Association

王健 王建华 张冰

(华东船舶工业学院电子与信息系 江苏镇江212003)

Abstract This paper researches the problem of data association in multiple maneuvering targets location and tracking, puts forward a way of using Genetic Algorithms to resolve the problem. The simulation results show that the algorithm used in this paper is able to avoid the local extremum and the outcome is satisfactory.

Keywords Genetic algorithms, Data association, Multiple target tracking

1 引言

多目标数据关联是多目标跟踪的核心部分,是多目标跟踪技术中最重要而又最困难的问题。数据关联简言之就是一种分配过程,即判断一个特定的量测属于哪一个目标,进而把全部或部分新量测数据分配给已建立的轨迹。数据关联是一个监视、跟踪系统的主要功能,因为错误的关联会导致跟踪的丢失,在目标密集或运动交叉并有杂波时,数据关联是一个困难的过程,因为把许多不同的量测同被跟踪的目标关联起来要作许多相应的假设。随着量测数目的增加,假设会急剧增加,如有杂波存在还会使问题进一步复杂化。

近几十年来,人们提出了一系列的数据关联方法。早在60、70年代 Sittler^[1]、Smith 和 Buechler^[2]先后提出了数据关联的轨迹分裂法,1971年 Singer^[3]提出的最近邻域法是解决数据关联的简单方法。1974年 Morefield^[4]提出了用批处理解决关联问题的0-1整数规划法,该方法与轨迹分裂法都是通过计算似然函数判定关联正确与否。1977年 Reid^[5]提出了多假设跟踪(MHT)法,而 Bar-Shalom 在1974年^[6]和1980年^[7]先后提出了概率数据关联(PDA)和联合概率数据关联(JPDA)的方法,MHT 和 JPDA 方法都是通过计算后验概率来解决多量测值与多轨迹的关联问题。近年来人们还提出了人工神经网络概率数据关联(NNPDA)^[8]、模糊逻辑数据关联^[9]以及基于遗传算法的多传感器多目标数据关联^[10]等方法,这些新方法的目的大都是为了减少数据关联的计算复杂性,便于实时实现。但目前尚无一种杰出的适用于多种情况的最优数据关联方法。本文尝试采用一种改进的遗传算法

来解决数据关联问题,实验结果表明该算法具有很高的关联成功率,能渐近收敛到全局最优。

2 目标及量测方程

设密集多目标环境下目标的状态方程和量测方程分别为:

$$\begin{aligned} X(k+1) &= \Phi(k+1, k)X(k) + G(k)W(k) \\ Z(k) &= \begin{cases} H(k)X(k) + V(k) & \text{量测来自目标 } t \\ Y(k) & \text{量测来自杂波} \end{cases} \end{aligned}$$

其中 $X(k)$ 为目标 t 的状态向量, $Z(k)$ 为量测向量, $W(k)$ 和 $V(k)$ 分别为状态噪声和量测噪声,它们是互不相关的高斯白噪声序列。 $\Phi(k+1, k)$, $G(k)$, $H(k)$ 分别为状态转移矩阵,输入矩阵和观测矩阵, $Y(k)$ 为关联区域内服从均匀分布的杂波。

引入残差向量:

$$d_i^t(k) = Z_i(k) - H(k)X^t(k/k-1)$$

当满足

$$g_i^t(k) = [d_i^t(k)]^T S^t(k)^{-1} d_i^t(k) \leq r^2$$

时,称第 i 个量测与第 t 个目标相关。其中 $S^t(k)$ 为残差协方差矩阵,门限 r^2 由接收正确回波的概率决定。在我们的仿真研究中,假定目标在二维平面中运动,取目标的状态向量为 $X = [r_x, v_x, r_y, v_y]^T$,量测向量为 $Z = [r_z, r_s]^T$, r_x, r_y 分别为 x, y 方向的位置, v_x, v_y 分别为 x, y 方向的速度。

在仿真中,我们作如下假设:(1)一个目标只与一个量测关联;(2)一个量测至多与一个目标关联。

3 遗传算法

3.1 编码

^{*} 本课题为“九·五”国防预研重点资助项目(项目编号为43.2.3.2)。王健 硕士研究生。

设量测数为 M , 目标数为 T , 取染色体长度为 M , 定义如下向量表示染色体:

$$Chrom(k) = t_0 t_1 \dots t_{M-1}$$

其中 $t_0 t_1 \dots t_{M-1}$ 为目标 $0, 1, 2, \dots, T$ 的一个条件排列: 即 0 可以重复且其个数 $\leq M$; $t_j = 0$ 表示量测 j 不来自任何目标 (即量测 j 为虚警); 非零目标数不可重复 (一个目标只与一个量测关联) 但可缺项而代之以零 (即目标漏检)。

3.2 群体规模及更新方式

群体规模影响遗传进化的最终结果和算法的执行效率。群体规模太小, 则群体多样性较差, 不能均匀搜索整个解空间, 求解效果不太理想。较大的群体规模可减少陷入局部最优的机会, 但意味着较高的计算复杂度。因此, 兼顾计算效率和群体的多样性, 群体规模一般为 10 到 160 之间。

群体的设计需要平衡“群体多样性能维护”和“快速收敛”之间的矛盾。从数学的角度讲, 允许父辈中的优良者进入下一轮的竞争环境确保了最优解的迭代稳定性, 而将后代中劣化的个体提前淘汰出局加速了寻优过程的实现。本文采取让子代中的优秀个体和父辈中的优良群体同时进入下一轮竞争的群体更新方式。

3.3 适应度函数

设染色体为 r , 适应度函数为:

$$f(r) = \sum_{i=0}^{M-1} p_i^{(i)}$$

其中, $p_i^{(i)}$ 表示量测 i 来自目标 $r[i]$ 的概率, 且有如下关系式成立:

$$p_i^{(i)} = \begin{cases} 0 & r[i] = 0 \\ \frac{\exp[-\frac{1}{2} g_i^{(i)}(k)] \frac{P_D}{P_G}}{(2\pi)^{M/2} |S_i^{(i)}(k)|^{1/2}} & r[i] \neq 0 \text{ 且量测 } i \text{ 在目标 } r[i] \text{ 的跟踪门内} \\ 0 & \text{其它} \end{cases}$$

$$g_i^{(i)} = [Z_i(k) - H(k) \hat{X}^{(i)}(k/k-1)]^T [S_i^{(i)}(k)]^{-1} [Z_i(k) - H(k) \hat{X}^{(i)}(k/k-1)]$$

这里 P_D 为目标检测概率, P_G 为目标落入跟踪门的概率, M 为量测向量的维数, $g_i^{(i)}$ 为残差范数, $S_i^{(i)}(k)$ 为目标的残差协方差矩阵, $Z_i(k)$ 为 k 时刻第 i 个量测, $\hat{X}^{(i)}(k/k-1)$ 为目标状态变量的滤波预测值 (取卡尔曼滤波预测值)。

3.4 适应度定标

在遗传进化的初期, 由于少数优秀个体选择压力过大, 导致群体的多样性丧失, 造成未成熟收敛问题。在进化的后期, 种群中大部分个体适应度非常接近, 这样就导致搜索迟钝, 形成随机漫游问题。因此, 有必要对适应度进行一定的调整, 以适应不同进化阶段的要求。本文采用了适应度线性定标的方案, 即

$$f' = af + b$$

其中 f 为原适应度, f' 为定标后的适应度, a, b 随进化过程而动态变化, 由每代群体的适应度统计值如最大适应度、平均适应度、最小适应度决定。

3.5 遗传操作

3.5.1 选择 在各种 GA 选择策略中, 基于个体适应度的比例选择策略最为常用, 该策略算法简单, 但易引起“未成熟收敛”和“搜索迟钝”等问题。本文采用最佳保留的期望值模型选择机制。

3.5.2 交叉 鉴于本文所用的编码方式, 文中采用部分匹配交叉算子。同时, 为克服交叉概率 p_c 选择的困难及定常参数可能带来的未成熟收敛问题, 本文采用了自适应调整交叉概率的办法。令 f_{max} 表示某一代种群中最优个体的适应度, \bar{f} 表示此代种群之平均适应度:

$$\Delta = f_{max} - \bar{f}$$

Δ 越小, 表明个体间适应度差别越小, 该种群达局部最优的可能性越大; Δ 越大, 表明个体特性分散, 适应度差别大, 因此 Δ 可近似反映种群的收敛性程度, 则可取

$$p_c = k_1 / \Delta \quad (\Delta \text{ 小时, } p_c \text{ 较大, 防止未成熟收敛})$$

同时, 为避免破坏全局最优解, 对不同个体, p_c 应不同, 可按下式取值:

$$\begin{cases} p_c = k_1 (f_{max} - f') / \Delta & f' \geq \bar{f}, \text{ 为两交叉个体中适应度大者} \\ p_c = k_2 & f' < \bar{f} \end{cases}$$

其中 $0 \leq k_1, k_2 \leq 1$, 且 k_2 值应稍大。

3.5.3 变异 本文采用随机多次对换的方式进行变异, 变异概率 p_m 也如同上述交叉概率 p_c 一样进行自适应调整, 即:

$$\begin{cases} p_m = k_3 (f_{max} - f') / \Delta & f' \geq \bar{f}, f' \text{ 为变异个体的适应度} \\ p_m = k_4 & f' < \bar{f} \end{cases}$$

$0 \leq k_3, k_4 \leq 1$, 且 k_4 应较大。

3.6 停止准则

由繁殖的代数决定。

4 实验结果

假定在二维平面区域 $[0, 1] \times [0, 1]$ 内分布有 T 个目标, 用 $T_i (i=1, 2, \dots, T)$ 表示某一时刻目标位置, 该时刻传感器接收到 M 个量测, 表示为 $P_j (j=0, 1, \dots, M-1)$ 。为简化计算起见, 取适应度函数为

$$f = \sum_{j=0}^{M-1} (r^2 - d_{ij}) \quad (r^2 \text{ 为跟踪门限})$$

则定标后的适应度为: $f' = af + b$

其中 d_{ij} 表示量测 j 与目标 i 间的距离, $d_{ij} = |T_i - P_j|$

算法参数选择为: 群体规模为 50 , $k_1 = 0.8$, $k_2 = 0.6$, $k_3 = 0.8$, $k_4 = 0.6$; 迭代次数为 50 ; 目标位置和量测

位置都随机产生。图1为8个目标,8个量测的情况下的关联结果,图2为8个目标,10个量测情况下的关联结果,图中矩形表示目标位置,圆形表示量测位置,目标位置和量测位置间连线表示二者关联,未连线即孤立存在者为虚警。

结论 由以上实验结果可知,用遗传算法求解多目标数据关联问题是可行的,本文提出的算法关联成功率较高,具有一定的应用前景,值得继续研究。但如何提高算法的收敛速度,以满足目标跟踪系统的实时性要求,是需要进一步研究的关键。

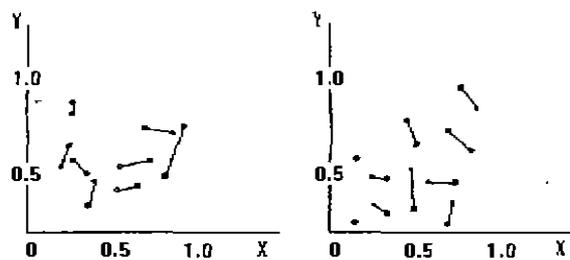


图1 目标、量测关联结果1

图2 目标、量测关联结果2

参考文献

- 1 Sittler R W. An optimal data association problem in surveillance theory. *IEEE Military Electronics*, 1964, 8 (2):125~139

- 2 Smith P, Buechler G. A branching algorithm for discriminating and tracking multiple objects. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 1975, 20(2):101~104
- 3 Singer R A, Sea R G. New results in optimizing surveillance system tracking and data correlation performance in dense multitarget environments. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 1973, 18(6):571~582
- 4 Morefield C L. Application of 0-1 interger programming to multitarget tracking problems. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 1977, 22(3):302~312
- 5 Reid D B. An algorithm for tracking multiple targets. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 1979, 24(6):843~854
- 6 Bar-Shalom Y, Tse E. Tracking in a cluttered environment with probabilistic data association. *Automatica*, 1975, 11 (5):451~460
- 7 Bar-Shalom Y. Extension of the probabilistic data association filter in multi-target tracking. In: *Proc. of the 5th Symp on Nonlinear Estimation*. 1974. 16~21
- 8 敬忠良. 神经网络跟踪理论及应用. 北京:国防工业出版社, 1995
- 9 Lazoff H. Target Tracking Using Fuzzy Logic Association, Acoustics, Speech and Signal Processing, 1998. In: *Proc. of the 1998 IEEE Intl Conf 1998*. 2457~2460
- 10 王宁, 郭立. 基于遗传算法的多传感器多目标静态数据关联. *火控雷达技术*, 1999(1):7~11

(上接第92页)

OMG的Agent工作组、FIPA等非常重视Agent技术标准化的制订工作以推动基于Agent技术的软件重用^[7]。

参考文献

- 1 Fraser S, et al. Software Reuse: Nemesis or Nirvana. *ACM SIGPLAN NOTES*, 1998, 33(10):417~420
- 2 Wooldridge M, Jennings N R. Intelligent Agents: Theory and Practice. *Knowledge Engineering Review*, 1995, 10 (3):115~152
- 3 Jennings N R, Wooldridge M. Application of Intelligent Agents. *Agent Technology: Foundation, Applications, and Markets 1998*

- 4 Wooldridge M. Agent-based Software Engineering. *IEEE Proceedings on Software Engineering*, 1997, 144(1):26~37
- 5 毛新军, 王怀民, 陈火旺. 一个主动的分布协同计算模型. *计算机学报*, 1997, 20(并行与分布增刊):147~152
- 6 毛新军, 王怀民, 陈火旺. Multi-agent系统中的非终止主动合作计算模型. *计算机研究与发展*, 1999(9)
- 7 OMG Agent Working Group. *Agent Technology Green Paper*. 2000.4
- 8 O'Hare G M P, Jennings N R. *Foundation of Distributed Artificial Intelligence*. A Wiley-Interscience Publication, 1996
- 9 Mao Xinjun, Qi Zhichang. *Software Reuse: From Object to Agent*. TOOLS Asia'99, 1999. 10