

文章编号: 1001-0920(2008)04-0464-04

基于改进单亲遗传算法的被动传感器数据关联

刘 航, 窦丽华, 辛 斌, 董领逊

(北京理工大学 信息科学技术学院, 北京 100081)

摘 要: 主要研究了两被动传感器的数据关联方法. 首先建立了两传感器联合关联概率数学模型, 将求解后验概率的极大值问题转化为求解特殊的指派问题; 然后提出了一种改进型单亲遗传算法求解此问题, 并从理论上证明了该算法的封闭性和可达性. 仿真结果表明, 所提出的方法收敛速度快、关联正确率高, 验证了模型和求解方法的正确性、可行性.

关键词: 数据关联; 被动传感器; 单亲遗传算法

中图分类号: TP212; TP022 **文献标识码:** A

Data association for passive sensor based on improved partheno-genetic algorithm

LIU Hang, DOU Li-hua, XIN Bin, DONG Ling-xun

(School of Information Science and Technology, Beijing Institute of Technology, Beijing 100081, China.

Correspondent: LIU Hang, E-mail: smileliuhang@163.com)

Abstract: The data association for two passive sensors is concerned. The mathematical model of joint data association for two passive sensors is established. The problem of searching for a maximum of the posterior probability is transformed into a particular assignment problem. then a improved partheno-genetic algorithm is proposed to solve it and the closeness and accessibility of the method are proved. Simulation results show that the proposed method has the character of fast convergence and high association accuracy, which indicates the effectiveness and feasibility of the model.

Key words: Data association; Passive sensor; Partheno-genetic algorithm

1 引 言

利用被动传感器进行定位正逐步引起人们的广泛关注. 交叉法是多站被动定位中常用的方法, 如果定位的目标是多个, 在交叉定位之前还要去掉虚假定位点, 也就是进行量测-量测的数据关联. 文献[1]研究了平面内 3 个传感器的数据关联问题, 将求解有约束条件的三维分配问题转化为二维分配问题, 然后采用拍卖算法^[2]求解.

本文借鉴文献[1]中数据关联的思想, 建立了三维空间两个传感器数据关联的数学模型. 将数据关联问题转化为求解特殊的指派问题, 由于漏检和虚警的存在导致指派的个数不确定, 采用传统运筹学的求解方法如匈牙利法等不能求解此问题. 为此, 本文提出了采用改进的单亲遗传算法来求解此问题. 该方法与传统的遗传算法和单亲遗传算法最大的不

同之处在于将一个可行解阵看作一个个体, 将矩阵的列看作个体的基因, 通过交换基因顺序(交叉)和基因编码的突变(变异), 即交换矩阵的列和改变某列的值来进行遗传操作.

2 关联模型

2.1 数据对关联概率

借鉴文献[1]的思想, 通过求解后验概率的极大值进行数据关联. 两个传感器都允许漏检和虚警. 传感器 S_i 的量测数据可以表示为

$$Z_s = \{z_{si}\} \quad s = 1, 2, i_s = 1, 2, \dots, n_s. \quad (1)$$

其中 n_s 为传感器 s 的目标个数. 假设 i_1 和 i_2 为一个关联对, 表示为 $z_{i_1 i_2}$, 由此关联对确定的目标位置为 $(\hat{x}_j, \hat{y}_j, \hat{z}_j)$, 则关联概率为

$$(z_{i_1 i_2} / \hat{x}_j, \hat{y}_j, \hat{z}_j) = p_{D1} P(z_{i_1} / \hat{x}_j, \hat{y}_j, \hat{z}_j) p_{D2} P(z_{i_2} / \hat{x}_j, \hat{y}_j, \hat{z}_j), \quad (2)$$

收稿日期: 2007-01-04; 修回日期: 2007-05-29.

基金项目: 北京市教育委员会基建重点实验室基金项目(CSYS100070417).

作者简介: 刘航(1978—), 女, 辽宁锦州人, 博士生, 从事被动定位、跟踪算法等研究; 窦丽华(1961—), 女, 吉林四平人, 教授, 博士生导师, 从事传感器信息融合、智能决策等研究.

其中 P_{Ds} 为传感器的检测概率. 假设后验概率 $p(z_{i_1 i_2} / \hat{x}_j, \hat{y}_j, \hat{z}_j)$ 服从正态分布, 则

$$p(z_{i_1 i_2} / \hat{x}_j, \hat{y}_j, \hat{z}_j) = N(\hat{\alpha}_{sj}, s) N(\hat{\alpha}_{sj}, s), \quad (3)$$

其中 α_s 和 β_s 为传感器 s 的方位角和俯仰角测角误差的均方差. 目标的位置 $(\hat{x}_j, \hat{y}_j, \hat{z}_j)$ 由最小二乘公式得到^[3], 即

$$X = (A^T A)^{-1} A^T B. \quad (4)$$

其中

$$X = [\hat{x}_j \ \hat{y}_j \ \hat{z}_j]^T, \quad (5)$$

$$A = \begin{bmatrix} \sin \alpha_{1i_1} & -\cos \alpha_{1i_1} & 0 \\ \sin \alpha_{1i_1} & 0 & -\cos \alpha_{1i_1} \cos \beta_{1i_1} \\ \sin \alpha_{2i_2} & -\cos \alpha_{2i_2} & 0 \\ \sin \alpha_{2i_2} & 0 & -\cos \alpha_{2i_2} \cos \beta_{2i_2} \end{bmatrix}, \quad (6)$$

$$B = \begin{bmatrix} x_1 \sin \alpha_{1i_1} - y_1 \cos \alpha_{1i_1} \\ x_1 \sin \alpha_{1i_1} - z_1 \cos \alpha_{1i_1} \cos \beta_{1i_1} \\ x_2 \sin \alpha_{2i_2} - y_2 \cos \alpha_{2i_2} \\ x_2 \cos \alpha_{2i_2} - z_2 \cos \alpha_{2i_2} \cos \beta_{2i_2} \end{bmatrix}, \quad (7)$$

(α_s, β_s) 为传感器 s 观测到的方位角和高低角,

$$\hat{\alpha}_{sj} = a \tan(\hat{y}_j - y_s / \hat{x}_j - x_s),$$

$$\hat{\beta}_{sj} = a \tan(\hat{z}_j - z_s / \sqrt{(\hat{x}_j - x_s)^2 + (\hat{y}_j - y_s)^2}). \quad (8)$$

2.2 联合关联概率

由于允许漏检和虚警, 造成两个传感器量测数据个数不同, 为了使所有观测到的数据都能配对, 为每个传感器增加一个虚假的量测. 设 Z 为关联对集合, 集合中的每一个关联对表示为 $z_{i_1 i_2}^{(j)}$, $j = 1, 2, \dots, m$, m 为 Z 集合中关联对的个数. 集合中的任意两个关联对必须满足每个量测只能被关联一次 (增加的虚假量测例外). Z 集合中有真实量测和虚假量测组成的关联对, 也有真实量测和真实量测组成的关联对. 由于真实量测和虚假量测组成的关联对不能估计出目标的位置, 将 Z 分成两部分

$$Z = \{Z_i, Z_f\}. \quad (9)$$

其中

$$Z_i = \{z_{i_1 i_2}\},$$

$$i_1 = 1, 2, \dots, m_1, \ i_2 = 1, 2, \dots, m_2; \quad (10)$$

$$Z_f = \{z_{i_1 0}, z_{0 i_2}\},$$

$$i_1 = 1, 2, \dots, m_1, \ i_2 = 1, 2, \dots, m_2. \quad (11)$$

令 $Z = \{Z_i, Z_f\}$ 为所有关联对组成的集合, 设 $Z_0 = \{Z_f\}$, Z_0 中所有的量测都是虚假量测, 那么满足下述条件的 Z 即为正确的关联对集合:

$$Z = \arg \max L(Z) / L(Z_0). \quad (12)$$

其中

$$L(Z) = \prod_{j=1}^n \prod_{s=1}^2 (p_f)^{n_s - n_j}, \quad (13)$$

$$L(Z_0) = \prod_{s=1}^2 (p_f)^{n_s}, \quad (14)$$

n 为 Z 中关联对的个数.

对式(12)取对数运算

$$J = \max \{ \ln L(Z) - \ln L(Z_0) \} = \sum_{i_1 i_2} a_{i_1 i_2} + \sum_{s=1}^2 (n_s - n) \ln p_f, \quad (15)$$

则求解式(15)的极大值问题可以转化为

$$J = \max \sum a_{i_1 i_2} x_{i_1 i_2}. \quad (16)$$

其中

$$a_{i_1 i_2} = \sum_{s=1}^2 \left[\ln P_{Ds} + \frac{1}{2} \left(\frac{\alpha_s - \hat{\alpha}_{sj}}{s} \right)^2 + \frac{1}{2} \left(\frac{\beta_s - \hat{\beta}_{sj}}{s} \right)^2 - n_s \ln p_m \right], \quad (17)$$

$$a_{i_1 0} = a_{0 i_2} = \ln p_f, \ a_{00} = 0, \quad (18)$$

$$x_{i_1 i_2} = 1, \ i_2 = 1, 2, \dots, m_2, \quad (19)$$

$$x_{i_1 i_2} = 1, \ i_1 = 1, 2, \dots, m_1, \quad (19)$$

$$x_{i_1 i_2} \in \{0, 1\}. \quad (20)$$

因此, 求解式(15)的极大值就转换为满足约束条件的指派问题.

3 改进单亲遗传算法求解特殊的指派问题

传统的遗传算法两个个体主要通过交叉算子产生后代. 由于文中约束条件的限制, 两个满足约束条件的个体经过交叉算子作用之后, 产生的新个体不能满足约束条件的要求, 传统的遗传算法不能解决此问题. 文献[4]对单个个体交叉变异操作问题进行了讨论, 将其命名为单亲遗传算法, 并分析了该算法的全局收敛性. 将该方法应用于求解组合优化问题^[5], 得到了很好的效果. 图 1 为算法流程.

解阵 X 的行和列分别为 m_1 和 m_2 , 是两个传感器所观测到的目标的个数, 本文总是将 m_1 和 m_2 中大的数作为列.

3.1 交叉

选择操作的第一步是计算适应度, 由于单亲遗传算法只有一个个体, 只需计算此个体的适应度, 本文的适应度函数为式(16).

采用单点交叉, 交叉操作中如何选择要交叉的两列将决定整个算法的收敛速度. 任意两列的交换即是改变 1 的行位置, 1 的行位置不同, 决定选择 a

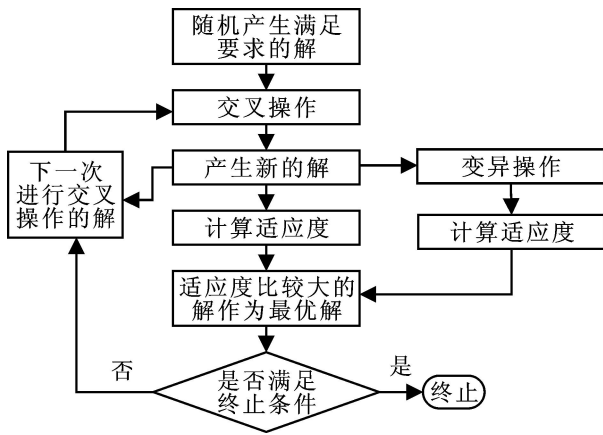


图1 改进单亲遗传算法流程

矩阵的元素的位置不同.在某列中,如果1位置对应的 a 矩阵元素是列中比较大的数,此列被选择换操作的概率就大,即采用的是轮盘赌的选择策略.选择概率计算公式如下:

$$p_{i_2} = \frac{\text{num}_{i_1}}{i_1 = 0} \cdot i_1, \quad (21)$$

$$i_1 = \arg(a_{i_1 i_2} x_{i_1 i_2} > 0), \quad i_1 = 0, 1, \dots, m_1. \quad (22)$$

其中 num_{i_1} 表示在第 i_2 列中 $(m_1 + 1)$ 个 $a_{i_1 i_2}$ 元素按照从大到小的顺序排列第 i_1 行元素所在的位置.

按照式(21)和(22),可以计算出每一列的交叉概率,然后再对每一列的交叉概率进行归一化处理.假设当前是第 t 次交叉操作,那么第 $t + 1$ 次操作第 i_2 列被选择进行交叉的概率为

$$p_{i_2} = p_{i_2} / \sum_{i_2=1}^{n_2} p_{i_2}. \quad (23)$$

这样,下一次交叉操作中,每列的交叉概率可以通过式(23)计算出来.选择策略采用轮盘赌的方法,能够使选中的 a 矩阵比较小的元素有更大的概率进行下一次的交叉操作,加快收敛到最优解的速度.

3.2 变异

第0列不能参加交叉操作,但是如果第0列不参加交叉操作,也不进行其他的操作,那么可能得不到正确的解阵,因此需要对第0列进行特殊的操作——变异操作.方法如下:

1) 随机选择需要进行变异操作的行 $n_1^{(m)}$ (由于约束条件的限制,第0行不参加操作),找到此行中1所对应的列 $n_2^{(m)}$;

2) $a_{n_1^{(m)} 0} = 1, a_{n_1^{(m)} n_2^{(m)}} = 0, a_{0 n_2^{(m)}} = 1$,产生的新解阵仍满足约束条件的要求.

交叉操作改变解的形式,而指派问题个数的改变是通过变异操作实现的.

3.3 变量空间的封闭性与状态的可达性

3.3.1 变量空间的封闭性证明

定义1 $A = \{X\}$ 为满足式(19)约束条件解的解空间, X 为解空间的一个可行解.

定义2 将解空间 A 划分成 B 和 C 两个子空间,并且满足 $B \cup C = A, B \cap C = \emptyset$,子空间 B 中解的约束条件满足式(19)且满足

$$x_{i_1 0} = 0, \quad i_1 = 0, 1, \dots, m_1. \quad (24)$$

子空间 C 中解满足式(19)中的约束条件.

定义3 交叉算子 $T_C(X, m, n)$ 表示对子空间 B 中解 X 的任意两列(第0列除外)进行列交换操作,也就是对解矩阵 X 进行初等变换, $X = XE_{mn}$.

定义4 变异算子 $T_{Mk}(X, l(1), \dots, l(s), \dots, l(k))$ 表示对子空间 B 中 X 的 k 列进行变异操作,并且, $l(s) \neq 0, (l(i) - l(j)) \neq 0, 1 \leq k \leq n_2, 1 \leq i, j \leq k$.变异之后的解 Y 为

$$Y = X + M_{l(1)} + \dots + M_{l(s)} + \dots + M_{l(k)}. \quad (25)$$

其中

$$M_{l(s)} = [\overline{m}_{l(s)}^0 \dots \overline{m}_{l(s)}^1 \dots \overline{m}_{l(s)}^{n_2}]; \quad (26)$$

$$\overline{m}_{l(s)}^t = \begin{cases} \tilde{e}_{h(s)}, & t = 0; \\ \tilde{e}_0 - \tilde{e}_{h(s)}, & t = l(s), 1 \leq s \leq k; \\ \tilde{e}_0, & \text{otherwise}; \end{cases} \quad (27)$$

$$x_{h(s) l(s)} = 1. \quad (28)$$

命题1 对 B 空间中的任意一个解 X 进行交叉操作具有封闭性.

证明 令

$$X = T_C(X, k, l),$$

$$x_{i_1 k} = x_{i_1 l} = 1, \quad i_1 = 0, 1, \dots, n_1$$

$$x_{i_1 l} = x_{i_1 k} = 1, \quad i_1 = 0, 1, \dots, n_1$$

因此

$$x_{i_1 i_2} = 1, \quad i_2 = 1, 2, \dots, n_2; \quad (29)$$

$$x_{i_1 i_2} = x_{i_1 0} + x_{i_1 1} + \dots + x_{i_1 l} + \dots + x_{i_1 k} + \dots + x_{i_1 i_2} = x_{i_1 0} + x_{i_1 1} + \dots + x_{i_1 l} + \dots + x_{i_1 k} + \dots + x_{i_1 i_2} = x_{i_1 i_2} = 1, \quad i_1 = 1, 2, \dots, m_1. \quad (30)$$

式(29)和(30)说明, $T_C(X, k, l)$ 作用之后产生的解 $X \in B$,这说明在此空间中, T_C 算子操作具有封闭性.

3.3.2 交叉算子的状态可达性

文献[6]对普通遗传算法交叉算子的可达性进行了分析,本文方法的可达性分析如下:令 X 的标

准形式为

$$= \begin{bmatrix} 0 & 0 & I_{1 \times (n_2 - n_1)} \\ 0 & I_{n_1 \times n_2} & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \tilde{e}_1 & \tilde{e}_2 & \dots & \tilde{e}_{n_2} \end{bmatrix} \quad (31)$$

其中

$$\begin{aligned} \tilde{e}_1 &= [0 \ 1 \ 0 \ \dots \ 0]^\top, \dots, \tilde{e}_{n_1} = [0 \ 0 \ 0 \ \dots \ 1]^\top, \\ \tilde{e}_{n_1+1} &= \tilde{e}_0 = [1 \ 0 \ 0 \ \dots \ 0]^\top, \dots, \\ \tilde{e}_{n_2} &= \tilde{e}_0 = [1 \ 0 \ 0 \ \dots \ 0]^\top. \end{aligned} \quad (32)$$

B 中任意一个解 x_1 总可以经过有限次的 T_C 算子操作变换到解

$$T_C(x_1, m_1, 1) T_C(x_1, m_2, 2) \dots T_C(x_1, m_{n_2}, n_2) = x_1 \quad (33)$$

即

$$x_1 = T_{C_1}^{-1} T_{C_1} x_1 = x_1 \quad (34)$$

其中

$$T_{C_1} = \begin{matrix} & n_2 \\ & E_{m_1, 1} \\ m_{n_1} & \dots & \dots \\ & n_1 \end{matrix} \quad (35)$$

m_{n_1} 为 x_1 的第 m_{n_1} 列。

同理,任意一个解 x_2 也可以经过有限次的 T_C 算子操作变换到指定的解 x_2 , $T_{C_2} x_2 = x_2$ 。因此任意一个解 x_1 总可以经过有限次的 T_C 算子操作变换到任意一个解 x_2 ,

$$x_1 = x_2 T_{C_2} T_{C_1}^{-1} \quad (36)$$

这说明,在 B 解空间内的任意两个解之间是状态连通的。如果最优解在解空间 B 中,那么可以通过变换达到最优解,如果最优解在解空间 C 中,则要经过变异操作得到最优解。假设 C 空间的任意解的形式为

$$Y = [\tilde{y}_0 \ \tilde{y}_1 \ \dots \ \tilde{y}_i \ \dots \ \tilde{y}_{n_2}] \quad (37)$$

其中

$$\begin{aligned} \tilde{y}_0 &= [y_{00} \ y_{01} \ \dots \ y_{0i} \ \dots \ y_{0n_1}]^\top; \\ y_{0i} &= \begin{cases} 1, & i = h(s), 1 \leq s \leq k; \\ 0, & \text{otherwise.} \end{cases} \\ \tilde{y}_t &= \begin{cases} \tilde{e}_0, & t = l(s), 1 \leq s \leq n_2 - m_1 + k; \\ \tilde{e}_j, & 1 \leq j \leq m_1 - k. \end{cases} \end{aligned} \quad (38)$$

假设 $\exists X \in B, X = [\tilde{x}_0 \ \tilde{x}_1 \ \dots \ \tilde{x}_i \ \dots \ \tilde{x}_{n_2}]$, X 满足式(19)和(24)约束条件的要求,其中

$$\tilde{x}_t = \begin{cases} \tilde{e}_{(n_1 \times t)}, & t = 0; \\ \tilde{e}_{h(s)}, & t = l(s), 1 \leq s \leq k; \\ \tilde{e}_0, & t = l(s), k < s < n_2 - m_1 + k; \\ \tilde{y}_t, & \text{otherwise.} \end{cases} \quad (39)$$

对 X 取变异操作

$$Z = T_{mk}(X, l(1) \dots l(s) \dots l(k)) =$$

$$X + M_{l(1)} + \dots + M_{l(s)} + \dots + M_{l(k)},$$

$$Z = [\tilde{z}_0 \ \tilde{z}_1 \ \dots \ \tilde{z}_t \ \dots \ \tilde{z}_{n_2}] \quad (40)$$

其中 $\tilde{z}_0 = \tilde{x}_0 + \prod_{s=1}^k \overline{m_{l(s)}} = \tilde{x}_0 + \prod_{s=1}^k \tilde{e}_{h(s)} = y_0$ 。当 $t = l(s), 1 \leq s \leq k$ 时

$$\begin{aligned} \tilde{z}_t &= \tilde{x}_t + \prod_{s=1}^k \overline{m_{l(s)}} = \tilde{x}_t + \overline{m_{l(s)}} + \prod_{m=1, m \neq s}^k \overline{m_{l(m)}} = \\ &= \tilde{e}_{h(s)} + \tilde{e}_0 - \tilde{e}_{h(s)} + (k-1)\tilde{e}_0 = \tilde{e}_0. \end{aligned} \quad (41)$$

当 $t = l(s), k < s \leq n_2 - m_1 + k$ 时

$$\tilde{z}_t = \tilde{x}_t + \prod_{s=1}^k \overline{m_{l(s)}} = \tilde{e}_0 + \tilde{e}_0 = \tilde{e}_0 \quad (42)$$

其他情况有

$$\tilde{z}_t = \tilde{x}_t + \prod_{s=1}^k \overline{m_{l(s)}} = \tilde{y}_t + \tilde{e}_0 = \tilde{y}_t \quad (43)$$

所以 $Z = Y$ 。这说明, C 空间中的任意一个解 Y , 在 B 空间中都存在一个解 X , 总可以经过变异算子映射到 Y 。当 B 空间中的解 X 遍历时, 变异算子对 X 的映射解在 C 空间也具有遍历性。当最优解在解空间 C 时, 可以通过变异算子操作变换到最优解。

4 仿真试验

仿真参数如下:两个传感器的坐标 $S_1(0,0,0), S_2(0,20,7), M_1$ 至 M_{10} 是 10 个目标, $M_1(5,7,1), M_2(9,10,8), M_3(17,8,4), M_4(14,3,10), M_5(8,16,6), M_6(11,13,5), M_7(7,19,4), M_8(7,12,20), M_9(10,4,9), M_{10}(13,15,14)$, 坐标单位都为 km。检测概率 P_D 为 0.95, 虚警概率 P_F 为 0.05, 漏检概率 P_M 为 0.05。红外传感器的测角误差的方差为 0.005 rad。为保证算法的快速性, 本文只考虑一个基因变异的情况。

当目标分别为 5 个 ($M_1 \sim M_5$), 7 个 ($M_1 \sim M_7$), 10 个 ($M_1 \sim M_{10}$) 时, 各进行 50 次仿真实验, 结果如图 2 所示。图中横轴表示进行遗传操作的次数, 纵坐标表示 50 次仿真关联正确率的平均值。

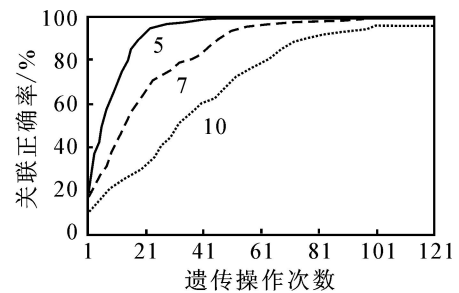


图 2 遗传操作次数和关联正确率的关系

从图 2 可以看出, 当目标的个数从 5 增加到 10 时, 都能以较高的正确率收敛, 这说明采用文中的求解方法经过有限次的交叉和变异操作能够收敛到最优解。 (下转第 472 页)

- [5] Kephart J O, Sorkin G B. Fighting computer viruses [J]. Scientific American, 1997, 277(5): 56-61.
- [6] Watts D J, Strogatz S H. Collective dynamics of small-world networks[J]. Nature, 1998, 393(6): 440-442.
- [7] Barabási A L, Albert R. Emergence of scaling in random networks [J]. Science, 1999, 286(10): 509-512.
- [8] Pastor-Satorras R, Vespignani A. Epidemic spreading in scale-free networks[J]. Physical Review Letters, 2001, 86(14): 3200-3203.
- [9] Moreno Y, Pastor-Satorras R, Vespignani A. Epidemic outbreaks in complex heterogeneous networks[J]. The European Physical J, 2002, 26(4): 521-529.
- [10] Boguna M, Pastor-Satorras R, Vespignani A, et al. Absence of epidemic threshold in scale-free networks with degree correlations[J]. Physical Review Letters, 2003, 90(2): 028701-4.
- [11] Pastor-Satorras R, Vespignani A. Epidemic dynamics in finite size scale-free networks[J]. Physical Review E, 2002, 65(3): 035108-4.
- [12] Newman M E J. Spread of epidemic disease on Networks [J]. Physical Review E, 2002, 66(1): 016128-10.
- [13] Barthelemy M, Barrat A, Pastor-Satorras R, et al. Velocity and hierarchical spread of epidemic outbreaks in scale-free networks [J]. Physical Review Letters, 2004, 92(17): 178701-4.
- [14] 许丹, 李翔, 汪小帆. 局域世界复杂网络中的病毒传播及其免疫控制[J]. 控制与决策, 2006, 21(7): 817-820.
(Xu Dan, Li Xiang, Wang Xiao-fan. Virus spreading and immunization control on local-world complex networks[J]. Control and Decision, 2006, 21(7): 817-820.)
- [15] Xia C Y, Liu Z X, Chen Z Q, et al. Dynamic spreading behavior of homogeneous and heterogeneous networks [J]. Progress in Natural Science, 2007, 17(3): 358-365.
- [16] Kuperman M, Abramson G. Small-world effect in an epidemiological model [J]. Physical Review Letters, 2001, 86(14): 2909-2912.
- [17] Masuda N, Konno N. Multi-state epidemic process on complex networks[J]. J of Theoretical Biology, 2006, 243(1): 64-75.
- [18] 李光正, 史定华. 复杂网络上 SIRS 类疾病传播行为分析[J]. 自然科学进展, 2006, 16(4): 508-512.
(Li Guang-zheng, Shi Ding-hua. Analysis of epidemic spreading behavior of SIRS model on complex networks [J]. Progress in Natural Science, 2006, 16(4): 508-512.)

(上接第 467 页)

5 结 论

被动传感器的数据关联一直是被动定位的难点之一. 本文提出的数据关联模型及求解方法在目标个数未知的情况下, 能以较高正确率关联出真实目标和虚假目标, 而且容易实现, 收敛速度快, 具有重要的理论和实际应用价值.

参考文献(References)

- [1] Krishna R Pattipati, Yaakov Bar-Shalom. A new relaxation algorithm and passive sensor data association [J]. IEEE Trans on AC, 1992, 37(2): 198-213.
- [2] Bertsekas D P. The auction algorithm: A distributed relaxation method for the assignment problem [J]. Annals of Operations Research, 1988, 12(14): 105-123.
- [3] 陈玲. 无源定位与跟踪技术研究[D]. 北京: 航空航天大学, 2005.
(Chen Ling. Study of passive location and tracking technique[D]. Beijing: Beijing University of Aeronautics and Astronautics, 2005.)
- [4] 李茂军, 童调生. 单亲遗传算法及其全局收敛性分析[J]. 自动化学报, 1999, 25(1): 68-72.
(Li Mao-jun, Tong Tiao-sheng. A partheno-genetic algorithm and analysis on its global convergence [J], Acta Automatica Sinica, 1999, 25(1): 68-72.)
- [5] 李茂军, 童调生. 用单亲遗传算法求解有序组合优化问题[J]. 系统工程与电子技术, 1998, 10: 58-61.
(Li Mao-jun, Tong Tiao-sheng. A partheno-genetic algorithm solving serial combinatorial optimization [J]. Systems Engineering and Electronics, 1998, 10: 58-61.)
- [6] 张军英, 许进, 保铮. 遗传交叉运算的可达性研究[J]. 自动化学报, 2002, 28(1): 120-125.
(Zhang Jun-ying, Xu Jin, Bao Zheng. Attainability of genetic crossover operator [J]. Acta Automatica Sinica, 2002, 28(1): 120-125.)