

文章编号: 1001-0920(2011)08-1153-05

基于整合概率数据关联的最优传感器序列研究

王 洋^a, 敬忠良^b, 胡士强^b, 吴静静^b

(上海交通大学 a. 电子信息与电气工程学院, b. 航空航天学院, 上海 200240)

摘要: 研究多传感器跟踪系统中传感器处理序列优化问题. 首先根据多传感器跟踪系统中多传感器信息的处理特点, 提出了基于有限随机集的序列整合概率数据关联(IPDA)滤波算法; 然后, 通过分析序列 IPDA 算法中目标生存概率的均值函数, 证明了在不同传感器检测概率的多传感器系统中, 目标生存概率仅依赖于传感器序列中第 1 个传感器, 并随其检测概率的增大而增大. 仿真实验验证了所得结论.

关键词: 整合概率数据关联; 有限随机集; 传感器最优序列

中图分类号: TP953

文献标识码: A

Research on optimal sensor order in sequential integrated probability data association filter

WANG Yang^a, JING Zhong-liang^b, HU Shi-qiang^b, WU Jing-jing^b

(a. School of Electronic Information and Electrical Engineering, b. School of Aeronautics and Astronautics, Shanghai Jiaotong University, Shanghai 200240, China. Correspondent: WANG Yang, E-mail: wang_yang_xx@yahoo.cn)

Abstract: The optimal processing order of sensors with different qualities in multi-sensor system is investigated in this paper. A sequential implementation of the integrated probability data association(IPDA) algorithm under random set framework is derived based on the architectures for processing multi-sensor information. From analyzing the mean function of target existence probability in this sequential IPDA filter, conclusions are drawn that the posterior probability of target existence is only dependent on the first sensor in a sensor combination and is increased as its detection probability becomes higher. The deduced conclusions are demonstrated by two simulation results.

Key words: integrated probability data association; random finite set; optimal sensor order

1 引 言

目标跟踪是从传感器检测到的不确定量测中获取感兴趣目标信息的过程. 为了提高跟踪的精度, 多传感器系统常被用来获得目标的更多信息. 在多传感器跟踪系统中, 对多个传感器的信息有两种处理算法: 序列算法和并行算法. Pao 等人^[1]指出, 当各传感器具有相同的性能时, 序列算法在计算效率与跟踪性能方面均优于并行算法. 但对于传感器性能不同的系统, 其结论也有所不同. 文献 [2] 指出, 对于含有两个不同性能传感器的系统, 序列算法的跟踪性能依赖于传感器的处理顺序, 且先处理“较坏”的传感器可以获得较小的均方根(RMS)误差. 其中“较坏”的传感器是指其具有较大的量测噪声. 然而, 传感器性能指标不仅包括量测噪声方差, 而且还有其他指标, 如检测概率、

似然函数等, 也可能影响序列算法的性能. 因此, 在具有这些不同传感器性能的系统, 如何得到传感器的最优处理序列是一个重要的问题.

整合概率数据关联(IPDA)滤波器的特性与传感器检测概率 P_D 密切相关, 因此序列 IPDA 滤波器非常适合于基于该性能指标的传感器最优处理序列的研究. IPDA 滤波器^[3]是概率数据关联(PDA)滤波器^[4]的扩展. PDA 滤波器是在假设目标存在的情况下解决数据关联问题的, IPDA 滤波器则同时解决目标的生存和数据关联问题. 近年来, 有限随机集方法(RFS)^[5-9]应用于多传感器多目标跟踪问题已引起了广泛的关注. 在随机集框架下, 多目标状态集合和多传感器量测集合被分别描述为一个状态随机集和一个量测随机集, 多目标跟踪问题由有限集统计

收稿日期: 2010-04-24; 修回日期: 2010-07-03.

基金项目: 国家自然科学基金项目(60674107); 航空科学基金项目(2009ZC57003).

作者简介: 王洋(1968—), 男, 博士生, 从事目标跟踪与信息融合的研究; 敬忠良(1960—), 男, 教授, 博士生导师, 从事多源信息融合与目标识别、航空航天综合信息处理与控制等研究.

(FISST)^[6]表述为集合形式的多目标贝叶斯递推滤波器. Challa 等人^[5]将随机集引入 IPDA 滤波器, 认为在适当的假设条件下, 随机集可以提供同时解决目标生存与状态估计问题的数学框架, 并提出了基于随机集的 IPDA 滤波器.

本文将基于随机集的 IPDA 滤波器和多传感器序列算法的思想相结合, 提出一种多传感器序列 IPDA 滤波器算法. 基于序列 IPDA 算法中目标生存概率的均值函数, 分析了检测概率对于不同传感器处理序列情况下的目标生存概率的影响, 证明了目标生存概率仅依赖于传感器序列的第 1 个传感器, 且随其检测概率的增大而增大.

2 基于随机集的 IPDA 算法

2.1 带有目标生存不确定的状态随机集模型

多目标的随机集模型一般可描述为^[5] $\Gamma_k = \Phi_k(X_{k-1}, V_{k-1})$. 在目标生存不确定的情况下, 定义 Γ_k 的实现为 $X_k = \emptyset$ 或 $X_k = \{x_k\}$. $X_k = \emptyset$ 表示在 k 时刻目标消失, 其概率为 $1 - p_v$; $X_k = \{x_k\}$ 表示在 k 时刻目标存在, 其生存概率为 p_v .

由以上定义可以得到系统对于至多有一个目标的状态转移密度为^[5]

$$f_{k|k-1}(\emptyset|\emptyset) = 1, \quad (1)$$

$$f_{k|k-1}(\emptyset|\{x_{k-1}\}) = 1 - p_v, \quad (2)$$

$$f_{k|k-1}(\{x_k\}|\{x_{k-1}\}) = p_v p(x_k|x_{k-1}). \quad (3)$$

2.2 含有杂波的量测随机集模型

量测的随机集模型可表述为^[5] $\Sigma_k = Z_k \cup A_k$. 其中: $Z_k = \{z_k\}$ 表示源于目标的量测随机集, $A_k = A_k(1) \cup \dots \cup A_k(M_k)$ 表示源于假目标的杂波. 假设杂波在监视区域 V 中服从均匀分布, 平均杂波数目为 λ , 则 V 中存在 M_k 个杂波的密度函数为

$$p_c(M_k) = \frac{\lambda^{M_k} e^{-\lambda}}{V^{M_k}}. \quad (4)$$

对于单目标情况, 目标存在时的观测似然函数为^[5]

$$h_{\Sigma_k}(Z_k|\{x_k\}) = p_c(M_k) \left(1 - P_D + \frac{P_D V}{\lambda} \sum_{i=1}^{M_k} h_k(z_i|x_k) \right). \quad (5)$$

当目标不存在, 即 $X_k = \emptyset$ 时, 目标观测似然函数为

$$h_{\Sigma_k}(Z_k|\emptyset) = p_c(M_k). \quad (6)$$

2.3 贝叶斯修正公式

当目标存在不确定时, 贝叶斯修正公式有如下形式:

$$p_{k|k}(X_k|Z_{1:k}) = \frac{1}{\Delta} h_{\Sigma_k}(Z_k|X_k) \int f_{k|k-1}(X_k|X_{k-1}) \times$$

$$p_{k-1|k-1}(X_{k-1}|Z_{1:k-1}) \delta X_{k-1}, \quad (7)$$

其中 $Z_{1:k} = \bigcup_{i=1}^k Z_i$ 是指从开始到时刻 k 的量测集合.

若以 $p_{k|k}(\emptyset|Z_{1:k})$ 表示目标不存在时的后验概率, 以 $p_{k|k}(\{x_k\}|Z_{1:k})$ 表示目标存在且具有状态 x_k 时的后验概率, 则后验概率有如下形式:

$$\int p_{k|k}(X_k|Z_{1:k}) \delta X_k = p_{k|k}(\emptyset|Z_{1:k}) + \int p_{k|k}(\{x_k\}|Z_{1:k}) dx_k = 1. \quad (8)$$

由式 (8), 可将式 (7) 改写为

$$p_{k|k}(\{x_k\}|Z_{1:k}) = \frac{p_c(M_k) p_v}{\Delta} \left(1 - P_D + \frac{P_D V}{\lambda} \sum_{i=1}^{M_k} h_k(z_i|x_k) \right) \times \int p(x_k|x_{k-1}) p_{k-1|k-1}(x_{k-1}|Z_{1:k-1}) dx_{k-1}. \quad (9)$$

其中: Δ 是归一化因子, P_D 是传感器检测概率.

2.4 IPDA 滤波器

假设状态噪声和量测噪声均为高斯噪声, 目标生存概率转移服从马尔可夫过程, 即

$$\begin{bmatrix} p_{k|k-1,v} \\ p_{k|k-1,\bar{v}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \gamma_{11} & 0 \\ 1 - \gamma_{11} & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} p_{k-1|k-1,v} \\ p_{k-1|k-1,\bar{v}} \end{bmatrix}. \quad (10)$$

假设源于目标的量测仅包含高斯噪声, 则有

$$h(z_i|x_k) = \mathcal{N}(z_k, i; H \hat{x}_{k|k-1}, R_k). \quad (11)$$

其中: H 是量测矩阵, R_k 是量测高斯噪声方差矩阵.

IPDA 滤波器可分为预测和修正两个步骤.

1) 预测. 在高斯假设下, 贝叶斯递推中的预测方程的解等同于 Kalman 预测方程的解, 即

$$p(\{x_k\}|Z_{1:k-1}) = \int p_{k|k-1}(x_k|x_{k-1}) p_{k-1|k-1}(x_{k-1}|Z_{1:k-1}) dx_{k-1} = \mathcal{N}(x_k; \hat{x}_{k|k-1}, P_{k|k-1}). \quad (12)$$

2) 修正. 将式 (11) 和 (12) 代入 (9), 并结合式 (10) 即可得到后验概率 $p(\{x_k\}|Z_{1:k})$ 的形式为^[5]

$$p(\{x_k\}|Z_{1:k}) = \frac{p_c(M_k) p_{k|k-1,v}}{\Delta} (1 - P_D P_G) \mathcal{N}(x_k; \hat{x}_{k|k-1}, P_{k|k-1}) + \frac{p_c(M_k) p_{k|k-1,v}}{\Delta} \frac{P_D P_G V}{\lambda} \sum_{i=1}^{M_k} \mathcal{N}(z_k, i; H \hat{x}_{k|k-1}, R_k) \times \mathcal{N}(x_k; \hat{x}_{k|k-1}, P_{k|k-1}). \quad (13)$$

其中: 状态预测 $\hat{x}_{k|k-1}$ 及其方差 $P_{k|k-1}$, 量测预测 \hat{z}_k 和新息方差 S_k 等各项与 Kalman 滤波器中对应项相同; P_G 是量测落入跟踪门中的概率.

目标的后验生存概率是状态后验概率的积分, 即

$$p_{k|k,v} = \int p_{k|k}(\{x_k\}|Z_{1:k}) dx_k. \quad (14)$$

3 序列 IPDA 滤波器

由前述可知, IPDA 滤波器同时解决跟踪中的状态估计与目标生存问题. 但当其应用于多传感器系统时, 目标生存问题无法采用传统的序列算法解决. 根据 IPDA 算法的特点以及序列算法流程, 本文提出了序列 IPDA 算法, 算法流程如图 1 所示.

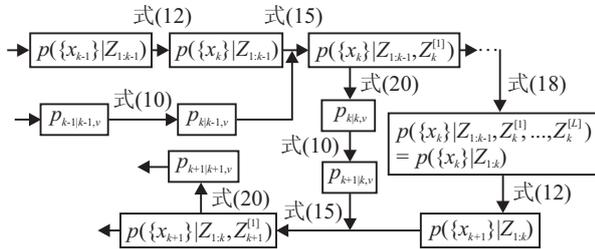


图 1 序列 IPDA 算法流程

与 2.4 节所述的 IPDA 算法一样, 多传感器序列 IPDA 算法同时解决状态估计与目标生存问题. 对于状态估计而言, 序列 IPDA 算法与传统多传感器序列算法在传感器信息处理顺序上相同, 因此, 可用传统序列算法来处理序列 IPDA 的状态估计问题. 具体流程如下: 假设已知 $k-1$ 时刻的状态后验概率为 $p(\{x_{k-1}\}|Z_{1:k-1})$, 则在 k 时刻首先由第 1 个传感器的量测 $Z_k^{[1]}$ 修正预测密度 $p(\{x_k\}|Z_{1:k-1})$, 从而得到第 1 个后验概率 $p(\{x_k\}|Z_{1:k-1}, Z_k^{[1]})$. 然后该后验概率由下一个传感器的量测进行修正以得到第 2 个后验概率 $p(\{x_k\}|Z_{1:k-1}, Z_k^{[1]}, Z_k^{[2]})$, 直到获得最后一个后验概率 $p(\{x_k\}|Z_{1:k-1}, Z_k^{[1]}, \dots, Z_k^{[L]})$, 即 k 时刻传感器序列的后验概率 $p(\{x_k\}|Z_{1:k})$.

序列 IPDA 滤波器处理目标生存问题与上述有所不同. 在序列 IPDA 算法中, 目标生存服从马尔可夫模型, 并按马尔可夫转移概率向前进化 (见式 (10)). 由以上分析可知, 序列算法中全部传感器信息的处理都在同一个时间步骤内完成, 而目标生存概率是按马尔可夫转移概率由一个时刻向下一时刻进化的. 在同一个时间步骤内, 与状态估计中将第 1 个后验概率作为下一个传感器的预测概率不同, 目标后验生存概率仅由第 1 个后验概率积分得到且不作为下一个传感器的预测生存概率. 如图 1 所示, $k-1$ 时刻目标生存概率 $p_{k-1|k-1,v}$ 仅按式 (10) 进化到下一时刻以得到预测生存概率 $p_{k|k-1,v}$, 然后由其参与修正状态预测并得到第 1 个状态后验概率 $p(\{x_k\}|Z_{1:k-1}, Z_k^{[1]})$ (见式 (13)). 后验生存概率 $p_{k|k,v}$ 则由 $p(\{x_k\}|Z_{1:k-1}, Z_k^{[1]})$ 积分得到. 只有在当前时刻全部传感器被处理完成后, k 时刻 $p_{k|k,v}$ 才会按式 (10) 进化到下一时刻, 因此后验生存概率仅依赖于传感器序列中第 1 个传感器.

基于以上分析, 给出序列 IPDA 算法步骤如下.

设有 L 个传感器, 已知 $k-1$ 时刻的后验概率 $p(\{x_{k-1}\}|Z_{1:k-1})$ 和 $p_{k-1|k-1,v}$. $Z_{1:k-1} = \bigcup_{j=1}^L Z_{1:k-1}^j$ 为从开始到 $k-1$ 时刻的累积量测集合.

1) 状态分布预测与 IPDA 相同, 由式 (12) 给出.

2) 由第 1 个传感器量测修正预测分布, 得到第 1 个状态后验分布 (见式 (13)), 可简化为

$$p_{k|k}(X_k|Z_{1:k-1}, Z_k^{[1]}) = \beta_{k,v}(0)\mathcal{N}(x_k; \hat{x}_{k|k-1}, P_{k|k-1}) + \sum_{i=1}^{M_k} \beta_{k,v}(i)\mathcal{N}(x_k; \hat{x}_{k|k-1}, P_{k|k-1}). \quad (15)$$

其中

$$\beta_{k,v}(0) = \frac{(1 - P_D P_G)p_{k|k-1,v}}{1 - \delta_k p_{k|k-1,v}},$$

$$\beta_{k,v}(i) = \frac{P_D P_G V \mathcal{N}(z_{k,i}; \hat{z}_k, S_k)p_{k|k-1,v}}{\lambda (1 - \delta_k p_{k|k-1,v})}, \quad (16)$$

$$\delta_k = P_D P_G - \sum_{i=1}^{M_k} \frac{P_D P_G V}{\lambda} \mathcal{N}(z_{k,i}; \hat{z}_k, S_k). \quad (17)$$

3) 由后续传感器量测修正前一个后验分布, 得到对当前传感器的后验分布

$$p_{k|k}(X_k|Z_{1:k-1}, Z_k^{[1]}, \dots, Z_k^{[i]}) = \beta_{k,i}(0)\mathcal{N}(x_k; \hat{x}_{k|k}^{[i-1]}, P_{k|k}^{[i-1]}) + \sum_{j=1}^{M_{k,i}} \beta_{k,i}(j)\mathcal{N}(x_k; \hat{x}_{k|k,j}^{[i-1]}, P_{k|k,j}^{[i-1]}). \quad (18)$$

其中

$$\beta_{k,i}(0) = \frac{1 - P_{D,i} P_G}{1 - P_{D,i} P_G + \frac{P_{D,i} V}{\lambda} \sum_{l_i=1}^{M_{k,i}} \mathcal{N}(z_{k,l_i}; \hat{z}_{k,i}, S_{k,i})}$$

$$\beta_{k,i}(j) = \frac{\frac{P_{D,i} V}{\lambda} \mathcal{N}(z_{k,l_i}; \hat{z}_{k,i}, S_{k,i})}{1 - P_{D,i} P_G + \frac{P_{D,i} V}{\lambda} \sum_{l_i=1}^{M_{k,i}} \mathcal{N}(z_{k,l_i}; z_{k,i}, S_{k,i})},$$

$$i = 1, 2, \dots, L. \quad (19)$$

4) 后验目标生存概率由式 (15) 积分得到, 即

$$p_{k|k,v} = \frac{1 - \delta_k}{1 - \delta_k p_{k|k-1,v}} p_{k|k-1,v}, \quad (20)$$

其中 δ_k 由式 (17) 给出.

4 序列 IPDA 算法中最优传感器序列

在上一节得出了序列 IPDA 算法中目标生存概率 $p_{k|k,v}$ 仅依赖于第 1 个传感器的结论. 下面通过分析来说明 $p_{k|k,v}$ 将随着传感器的检测概率 P_D 的增大而增大.

由式 (20) 可知, 目标生存概率 $p_{k|k,v}$ 是一个依赖于随机变量 Z_k 的集合和时间 k 的一个随机过程.

$p_{k|k,v}$ 的实现围绕其均值函数上下波动, 其均值函数与式 (20) 中的非随机变量有关. 首先, 式 (17) 可以变换为

$$1 - \delta_k = 1 - P_D P_G + \sum_{i=1}^{M_k} \frac{P_D P_G V}{\lambda} \mathcal{N}(z_{k,i}; \hat{z}_k, S_k) = \frac{p_{c(M_k)} \left(1 - P_D P_G + \sum_{i=1}^{M_k} \frac{P_D P_G V}{\lambda} \mathcal{N}(z_{k,i}; \hat{z}_k, S_k) \right)}{p_{c(M_k)}} \quad (21)$$

将式 (5) 和 (6) 代入 (21) 可得

$$1 - \delta_k = \frac{h_{\Sigma_k}(Z_k | \{x_k\})}{h_{\Sigma_k}(Z_k | \emptyset)} = \text{LR}_k, \quad (22)$$

其中 LR_k 是在目标存在或不存在假设下的量测似然比. 进而由式 (21) 知, 式 (20) 可以变换为

$$p_{k|k,v} = \frac{(1 - \delta_k) p_{k|k-1,v}}{1 - \delta_k p_{k|k-1,v}} = \frac{(1 - \delta_k) p_{k|k-1,v}}{1 - p_{k|k-1,v} + (1 - \delta_k) p_{k|k-1,v}} = \frac{\text{LR}_k p_{k|k-1,v}}{1 - p_{k|k-1,v} + \text{LR}_k p_{k|k-1,v}} = \frac{p_{k|k-1,v}}{p_{k|k-1,v} + \frac{1 - p_{k|k-1,v}}{\text{LR}_k}} \quad (23)$$

将式 (10) 代入 (23) 可得

$$p_{k|k,v} = \frac{\gamma_{11} p_{k-1|k-1,v}}{\gamma_{11} p_{k-1|k-1,v} + \frac{1 - \gamma_{11} p_{k-1|k-1,v}}{\text{LR}_k}} \quad (24)$$

由式 (24) 可以看出, 目标后验生存概率 $p_{k|k,v}$ 的均值随着似然比 LR_k 的增大而增大.

假设量测精度与被测目标的运动无关, 则可将量测似然比 LR_k 分解为两部分的乘积, 即运动相关部分 LR_k^K 与信号相关部分 LR_k^S 的乘积^[10]

$$\text{LR}_k = \text{LR}_k^K \text{LR}_k^S \quad (25)$$

在源于目标的量测为高斯假设下, 运动分量表示为

$$\text{LR}_k^K = \frac{e^{-v' S_k^{-1} v / 2} / [(2\pi)^{M/2} \sqrt{|S_k|}]}{1/V_C} \quad (26)$$

其中: M 是量测维数, v 是新息, S_k 是新息方差. 从式 (26) 可以看出, LR_k^K 与检测概率无关.

如果量测已被检测到, 则与信号相关部分为^[8]

$$\text{LR}_k^S = \frac{P_D p(y_S | \text{Det}, \{x_k\})}{P_{\text{FA}} p(y_S | \text{Det}, \emptyset)} \quad (27)$$

其中: y_S 是与信号相关的数据, $P_{\text{FA}} = p(\text{Det} | \emptyset)$ 是虚警概率. 当信号相关数据为信号幅值时

$$\text{LR}_k^S = \frac{P_D}{P_{\text{FA}}} \quad (28)$$

则由式 (24) 和 (28) 可知, $p_{k|k,v}$ 随着检测概率 P_D 的增大而增大.

综上所述, 首先处理传感器组合中检测概率大的传感器可以获得较大的目标生存概率.

5 仿真实验

考虑一个二维监视场景, 监视区域为长 20 000 m, 宽 15 000 m. 杂波数目分布服从密度为 1.0×10^{-7} / (scan/m²) 的泊松分布. 一个目标在监视区域内以匀速运动, 其运动模型为

$$X(k+1) = FX(k) + v(k).$$

其中: 目标状态 $X(k) = [x \ \dot{x} \ y \ \dot{y}]^T(k)$ 代表两个坐标的位置和速度; 噪声向量 $v(k)$ 是均值为零的独立高斯随机变量; 状态转移阵 F 和方差阵 Q 分别为

$$F = \begin{bmatrix} F_T & 0 \\ 0 & F_T \end{bmatrix}, \quad F_T = \begin{bmatrix} 1 & T \\ 0 & 1 \end{bmatrix},$$

$$Q = q \begin{bmatrix} Q_T & 0 \\ 0 & Q_T \end{bmatrix}, \quad Q_T = \begin{bmatrix} T^4/4 & T^3/2 \\ T^3/2 & T^2 \end{bmatrix}.$$

这里 $T = 1$ s 为采样时间, $q = 0.7$. 有 3 个传感器, 量测模型为

$$z_i(k) = H_i X(k) + w_i(k), \quad i = 1, 2, 3;$$

量测矩阵是

$$H_1 = H_2 = H_3 = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}.$$

各传感器的量测相互独立, 均方差为 40 m. 检测概率 $P_{D,1} = 0.99$, $P_{D,2} = 0.85$, $P_{D,3} = 0.69$. 初始条件为 $X(0) = [1\ 000 \text{ m} \ 170 \text{ m/s} \ 5\ 000 \text{ m} \ 100 \text{ m/s}]^T$, 马尔可夫转移概率 $\gamma = \begin{bmatrix} 0.98 & 0 \\ 0.02 & 1 \end{bmatrix}$, 生存概率为 0.2.

3 个具有不同检测概率的传感器共有 6 种不同的组合. 图 2 是 6 种组合的生存概率均值 (100 次蒙特卡罗实验). 从图 2 中可以看出, 先处理检测概率大的传感器可以产生较大的生存概率. 另外, 由于生存概率仅依赖于每一个组合中的第 1 个传感器, 有相同的第 1 个传感器的组合具有相同的生存概率, 如传感器组合 1, 2, 3 与 1, 3, 2. 从图 2 还可看出, 具有相同的第 1 个传感器的组合得到了基本相似的目标生存概率, 它们没有完全重合, 是由于 100 次蒙特卡罗实验得到的是近似的生存概率的均值, 因而与真实均值存在一定的误差.

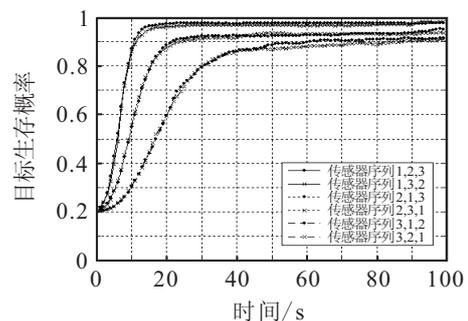


图 2 100 次蒙特卡罗实验得到的目标生存概率均值

图3给出了100次蒙特卡罗实验中自目标出现后各时刻所确认的真实航迹数目, 确认航迹的目标生存概率门限选为0.7. 某时刻的确认航迹数目反映了该时刻目标的生存情况, 确认航迹数目大, 则目标生存概率大.

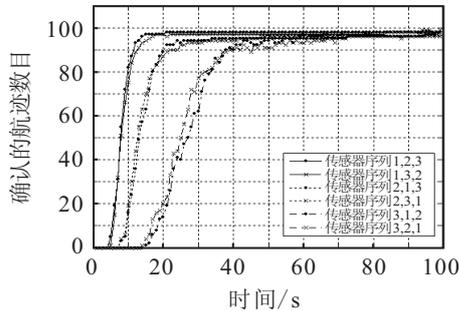


图3 100次蒙特卡罗实验中各时刻确认的航迹数目

从图3中可见, 先处理组合中较大检测概率的传感器得到了较大的确认航迹数目.

图4是所有传感器组合的均方根(RMS)误差, 可以看出RMS误差与不同检测概率传感器的组合顺序无关.

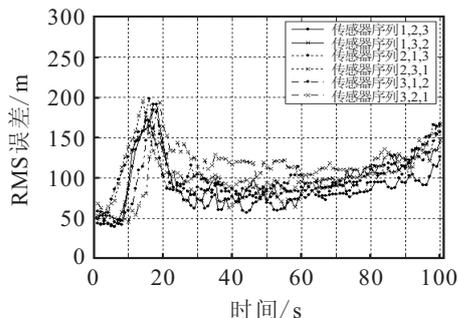


图4 100次蒙特卡罗实验得到的均方根误差

6 结论

本文在序列IPDA滤波器框架下研究了多传感器最优处理序列问题. 首先, 在随机集框架下得到了序列IPDA滤波器算法; 然后通过对序列IPDA算法

中目标生存概率的分析, 得到了目标生存概率仅依赖于多传感器系统中第1个传感器并随着其检测概率的增大而增大的结论. 仿真结果验证了理论分析结果.

参考文献(References)

- [1] Pao L Y, Frei C W. A comparison of parallel and sequential implementations of a multisensor multitarget tracking algorithm[C]. American Control Conf. Seattle, 1995, TA7: 1683-1687.
- [2] Pao L Y, Trailovc L. The optimal order of processing sensor information in sequential multisensor fusion algorithms[J]. IEEE Trans on Automatic Control, 2000, 45(8): 1532-1536.
- [3] Musicki D, Evans R, Stankovic S. Integrated probabilistic data association[J]. IEEE Trans on Automatic Control, 1994, 39(6): 1237-1241.
- [4] Bar-Shalom Y, Fortmann T E. Tracking and data association[M]. Orlando: Academic Press, 1988.
- [5] Challa S, Vo B-N, Wang X. Bayesian approaches to track existence-IPDA and random sets[C]. The 5th Int Conf on Information Fusion. Annapolis, 2002, II: 1228-1235.
- [6] Goodman I R, Mahler R, Nguyen H. Mathematics of data fusion[M]. Boston: Kluwer, Academic Publishers, 1997.
- [7] Mahler R. Multitarget Bayes filtering via first-order multitarget moments[J]. IEEE Trans on Aerospace and Electronics Systems, 2003, 39(3): 1152-1178.
- [8] Vo B-N, Singh S, Doucet A. Sequential Monte Carlo methods for multi-target filtering with random finite sets[J]. IEEE Trans on Aerospace and Electronics Systems, 2005, 41(4): 1224-1245.
- [9] Vo B-N, Ma W-K. The Gaussian mixture probability hypothesis density filter[J]. IEEE Trans on Signal Processing, 2006, 54(11): 4091-4104.
- [10] Blackman S S, Popoli R. Design and analysis of modern tracking systems[M]. Norwood: Artech House, 1999: 328-336.
- [11] Armstrong S A, Staunton J E, Silverman L B, et al. MLL translocations specify a distinct gene expression profile that distinguishes a unique leukemia[J]. Nature Genetics, 2002, 30(1): 41-47.
- [12] Ben-Hur A, Elisseeff A, Guyon I. A stability based method for discovering structure in clustered data[C]. Proc of the 7th Pacific Symposium on Biocomputing. Hawaii: World Scientific Publishing Co, 2002: 6-17.

(上接第1152页)

- [9] 王开军, 张军英, 李丹, 等. 自适应仿射传播聚类[J]. 自动化学报, 2007, 33(12): 1242-1246.
(Wang K J, Zhang J Y, Li D, et al. Adaptive affinity propagation clustering[J]. Acta Automatica Sinica, 2007, 33(12): 1242-1246.)
- [10] Dembélé D, Kastner P. Fuzzy C-means method for clustering microarray data[J]. Bioinformatics, 2003, 19(8): 973-980.

- [11] Armstrong S A, Staunton J E, Silverman L B, et al. MLL translocations specify a distinct gene expression profile that distinguishes a unique leukemia[J]. Nature Genetics, 2002, 30(1): 41-47.
- [12] Ben-Hur A, Elisseeff A, Guyon I. A stability based method for discovering structure in clustered data[C]. Proc of the 7th Pacific Symposium on Biocomputing. Hawaii: World Scientific Publishing Co, 2002: 6-17.