

## 近邻传播观测聚类的多扩展目标跟踪算法

章涛<sup>1,2</sup>, 吴仁彪<sup>1</sup>

(1. 中国民航大学 天津市智能信号与图像处理重点实验室, 天津 300300;  
2. 天津大学 电子信息工程学院, 天津 300072)

**摘要:** 由于传感器分辨率高或目标存在多个反射源等原因, 一个目标可以同时产生多个观测数据, 对于解决这种扩展目标的跟踪问题, 概率假设密度 (PHD) 滤波算法是一种有效的方法. 针对扩展目标概率假设密度滤波算法中观测集合划分, 提出一种利用近邻传播聚类方法进行观测集合划分的多扩展目标跟踪算法. 实验结果表明, 所提出的方法不但能够获得正确的划分观测集合, 而且计算复杂度较已有划分方法有较大降低, 同时, 在多目标跟踪效果方面优于已有算法.

**关键词:** 多目标跟踪; 扩展目标跟踪; 概率假设密度滤波; 观测集合划分; 近邻传播聚类  
**中图分类号:** TP391                      **文献标志码:** A

### Multiple extended target tracking using AP clustering

ZHANG Tao<sup>1,2</sup>, WU Ren-biao<sup>1</sup>

(1. Tianjin Key Laboratory for Advanced Signal Processing, Civil Aviation University of China, Tianjin 300300, China;  
2. School of Electronic Information Engineering, Tianjin University, Tianjin 300072, China. Correspondent: ZHANG Tao, E-mail: tzhang@tju.edu.cn)

**Abstract:** More than one measurement is generated by the target per scan, when the target is detected by a high resolution sensor or there are more than one measurement source on the target surface. The probability hypothesis density (PHD) filter shows good performance to solve the problem of extended target tracking. Aiming at the measurements partitioning of multiple extended target tracking using the PHD filter, a measurement partitioning algorithm for extended target tracking based on affinity propagation (AP) clustering is proposed. Simulation results show that the proposed algorithm can reduce the computational complexity obviously, and obtain an improved performance.

**Keywords:** multi-target tracking; extended target tracking; probability hypothesis density filter; measurement partitioning; affinity propagation clustering

### 0 引言

目标跟踪是利用传感器获得的观测对目标的状态(位置、速度等)进行连续估计的过程<sup>[1]</sup>. 目前, 大多数方法都需要满足这样一个假设: 每一个观测都来自于一个可以被看作质点的目标. 然而, 这一假设并不一定在任何情况下都能成立. 传感器分辨率、目标存在的多个反射点以及传感器与目标的相对位置关系等原因使得单个目标产生了多个观测, 这被称为扩展目标. 2009年 Mahler<sup>[2]</sup>提出了利用假设概率密度滤波算法 (PHD) 解决扩展目标的跟踪问题, 给出了相关算法理论框架, 即 ET-PHD 算法; 2012年, Granstrom 等<sup>[3]</sup>

提出了基于上述框架对于线性条件下的高斯混合模型实现方法, 即 ET-GM-PHD 算法.

在 Mahler 提出的 ET-PHD 扩展目标跟踪算法中, 对观测集合的划分在整个算法中占据着重要地位, 观测集合划分的准确性及算法的复杂度决定着整个跟踪算法的性能和计算复杂度<sup>[2]</sup>. 针对观测集合划分问题, 2012年 Granstrom 等<sup>[3]</sup>提出了一种基于距离阈值的观测集合划分方法, 2013年 Zhang 等<sup>[4]</sup>提出了通过模糊自适应共振进行观测集合聚类划分的方法, 2014年 Yang 等<sup>[5]</sup>提出了一种利用谱聚类进行观测集合划分的方法.

收稿日期: 2015-03-20; 修回日期: 2015-08-05.

基金项目: 国家自然科学基金项目(61471363, 61571442, 61471365, 61231017); 中央高校基本科研业务费专项基金项目(3122014D006).

作者简介: 章涛(1980—), 男, 讲师, 博士, 从事雷达目标跟踪、空管智能信息处理的研究; 吴仁彪(1966—), 男, 教授, 博士生导师, 从事自适应信号处理和阵列信号处理在雷达、通信和导航中的应用等研究.

2007年, Frey等<sup>[6]</sup>在国际学术刊物《Science》上提出的一种聚类算法称为近邻传播聚类算法(AP), 该算法与以往的聚类算法相比避免了聚类中心的初始选择, 并通过迭代得到最优聚类数, 从而获得更好的聚类结果, 并且在聚类速度上有较大提升. 在此基础上, 本文提出一种利用邻近传播聚类进行观测集合划分的多扩展目标跟踪算法. 实验结果表明, 该方法在观测集合划分正确性及计算复杂度方面较已有方法都有较为明显的优势, 并且基于本文集合划分方法的扩展目标跟踪性能也优于已有算法.

## 1 问题描述

在概率假设密度滤波扩展目标跟踪框架中观测数据集合划分是一个重要环节. 观测集合划分算法的优劣很大程度上决定着整个扩展目标跟踪算法的性能. 观测划分的目的是使得来自同一目标的多个扩展观测被划分到同一观测子集中<sup>[5]</sup>. 但在多目标环境中, 由于目标与观测之间的关联关系未知, 想要获得准确的观测划分并不容易. 例如, 对于观测数据集  $Z = \{z_1, z_2, z_3\}$ , 集合的势  $|Z| = 3$ , 观测数据集可以划分为如下5种可能:

$$\begin{aligned} p_1: W_1^1 &= \{z_1, z_2, z_3\}; \\ p_2: W_1^2 &= \{z_1\}, W_2^2 = \{z_2\}, W_3^2 = \{z_3\}; \\ p_3: W_1^3 &= \{z_1, z_2\}, W_2^3 = \{z_3\}; \\ p_4: W_1^4 &= \{z_1, z_3\}, W_2^4 = \{z_2\}; \\ p_5: W_1^5 &= \{z_1\}, W_2^5 = \{z_2, z_3\}, \end{aligned}$$

其中  $W_i^j$  为第  $j$  个划分可能中的第  $i$  个划分子集.

Mahler在ET-PHD滤波扩展目标跟踪框架中给出的观测集合划分方法是将观测任意组合构成多个观测集合划分可能, 并利用所有集合划分可能对扩展目标的状态进行更新. 该方法计算量过大, 对于目标数较多和杂波较多的情况几乎是无法实现的<sup>[3]</sup>.

为了降低计算量, Granstrom等<sup>[3]</sup>提出了使用距离阈值进行观测集合划分的方法, 该方法利用距离阈值将观测集合划分为若干个观测子集, 使划分的每一个子集单元中的观测间距离都小于该距离阈值. 任意两个观测  $z_k^{(i)}$ 、 $z_k^{(j)}$  之间的Mahalanobis距离可以表示如下:

$$d_M^2(z_k^{(i)}, z_k^{(j)}) = (z_k^{(i)} - z_k^{(j)})^T R_k^{-1} (z_k^{(i)} - z_k^{(j)}), \quad (1)$$

其中  $R_k$  为观测协方差矩阵. 在线性高斯条件下, 该距离服从  $\chi^2$  分布, 因此可以通过设置一个概率  $P_G$  来获得在该概率下合理的观测集合划分距离阈值. Granstrom通过实验方法总结得出阈值取值满足  $D \in (\sigma_e \sqrt{\delta_{0.3}}, \sigma_e \sqrt{\delta_{0.8}})$  时可以较好地兼顾正确集合划分和算法计算复杂度, 但由于这种阈值范围的选取依赖

于实验数据总结的经验, 跟踪估计性能对于不同数据很不稳定. Zhang等<sup>[4]</sup>提出了使用模糊自适应共振进行观测集合聚类划分的方法, 但该算法的输入参数警戒线  $\rho$  对算法性能影响很大, 当  $\rho$  的选择不适当时, 会给算法带来极大的额外计算量并导致跟踪估计性能严重下降; Yang等<sup>[5]</sup>提出了一种利用谱聚类的方法, 首先构建观测相似度矩阵, 然后利用  $K$ -means++ 对相似度矩阵进行聚类划分, 该方法需要设定聚类数, 然而在目标数变化的多目标跟踪场景下, 难以实现对聚类数的准确估计.

## 2 ET-GM-PHD滤波器

Mahler在其提出的ET-PHD滤波框架中将扩展目标假描述为空间分布模型<sup>[7]</sup>, 即每一个目标产生的扩展观测数假设为Poisson分布, 扩展目标的观测服从以目标质心为均值的Gaussian分布. 若  $\gamma(x_k^{(i)})$  为  $k$  时刻第  $i$  个目标  $x_k^{(i)}$  产生的传感器观测数的期望, 则第  $i$  个目标至少产生一个传感器观测的概率, 即

$$P_M(x_k^{(i)}) = 1 - e^{-\gamma(x_k^{(i)})}; \quad (2)$$

若  $P_D(x_k^{(i)})$  为第  $i$  个目标的检测概率, 则目标状态  $x_k^{(i)}$  至少产生一个传感器观测并被传感器检测到的概率, 即有效检测概率为

$$P_{VD}(x_k^{(i)}) = (1 - e^{-\gamma(x_k^{(i)})})P_D(x_k^{(i)}). \quad (3)$$

若假设每个目标都满足线性Gaussian运动模型, 每个传感器观测也满足线性观测模型, 目标的存活概率与检测概率状态独立, 目标的强度函数可以表示为高斯混合形式, 则ET-PHD扩展目标跟踪算法在线性高斯条件下存在高斯混合模型实现形式, 即ET-GM-PHD滤波算法.

假设  $k-1$  时刻的目标强度函数  $v_{k-1|k-1}(x)$  已知, 且为高斯混合形式, 则ET-GM-PHD滤波递归算法可以分为预测步和更新步两个步骤.

预测步:

$$v_{k|k-1}(x) = \sum_{j=1}^{J_{k|k-1}} \omega_{k|k-1}^{(j)} N(x; m_{k|k-1}^{(j)}, P_{k|k-1}^{(j)}). \quad (4)$$

其中:  $J_{k|k-1}$  为目标强度函数的高斯项个数,  $\omega_{k|k-1}^{(j)}$  为目标强度函数高斯项权值,  $m_{k|k-1}^{(j)}$  和  $P_{k|k-1}^{(j)}$  分别为目标强度函数的高斯项的均值和方差,  $N(\cdot; m, P)$  为高斯分布.

更新步:

$$v_{k|k}(x) = v_{k|k}^{ND}(x) + \sum_{p \in Z_k} \sum_{W \in \mathcal{P}} v_{k|k}^D(x, W). \quad (5)$$

其中:  $v_{k|k}^{ND}(x)$  为传感器未探测到的目标的高斯形式强度函数,  $v_{k|k}^D(x, W)$  为传感器探测到的目标的高斯形式强度函数,  $p$  为观测集合划分的一种可能,  $W$  为观测集合划分可能中的观测子集. 具体算法公式这里

不再赘述,可详见文献[3].

### 3 近邻传播聚类扩展目标跟踪

#### 3.1 消除杂波

由于传感器获得的观测中不仅包括目标观测,还包括杂波观测,目标观测和杂波观测无法区分,杂波均匀分布在观测空间中,离散分布的杂波观测不仅会导致集合划分中元素的错误,而且会产生额外的错误划分,最终影响扩展目标数及目标状态的估计效果.因此,本文首先利用椭圆门限处理方法,消除观测数据中的部分杂波,然后再利用近邻传播聚类算法对观测数据集合进行划分.椭圆门限算法虽然不能完全消除杂波,但使得划分算法复杂度降低,消除杂波后观测数大大降低也能较大提高聚类算法收敛的速度并提高目标观测聚类的准确性.

本文仍然采用空间分布模型描述扩展目标,即每一个目标产生的扩展观测数假设为Poisson分布,扩展目标的观测服从以目标中心为均值的Gaussian分布.每个周期观测中杂波观测数服从Poisson分布,其均值为 $\lambda_k$ ,一般情况下假设杂波观测数均值为常数,即 $\lambda_k = \lambda$ ;  $c_k(z_k)$ 为观测空间中杂波分布的分布函数,假设其服从均匀分布,  $c_k(z_k) = \frac{1}{V}$ ,  $V$ 为观测空间.扩展目标观测在空间分布上有以下特点:属于同一目标的扩展观测在空间上相距较近,而不属于同一目标的扩展观测在空间上相距较远.在利用近邻传播聚类算法进行观测聚类划分前,可以先采用椭圆门限<sup>[8]</sup>消除部分杂波观测.

$k$ 时刻预测步计算后,第 $i$ 个观测值与第 $j$ 个状态预测值(高斯项均值)的残差向量可以表示为

$$\varepsilon^{(ji)} = z_k^{(i)} - H_k m_{k|k-1}^{(j)}, \quad (6)$$

残差的协方差矩阵可以表示为

$$S_k^{(j)} = H_k P_k^{(j)} H_k^T + R_k. \quad (7)$$

其中:  $H_k$ 为测量矩阵,  $P_k^{(j)}$ 为第 $j$ 个预测协方差矩阵,  $R_k$ 为观测噪声协方差矩阵.

利用椭圆门限判别对观测数据进行门限处理,以消除杂波观测,且有

$$(\varepsilon^{(ji)})^T (S_k^{(j)})^{-1} \varepsilon^{(ji)} \leq Tg. \quad (8)$$

当观测空间的维数为2时,椭圆门限阈值可表示如下:

$$Tg = -2 \ln(1 - P_g), \quad (9)$$

其中  $P_g$ 为目标观测落入椭圆门限的概率.

#### 3.2 近邻传播观测聚类划分算法

近邻传播算法是一种基于邻近样本点之间信息交互的聚类算法,通过寻找最优类代表点(一个类代表点即为样本集合中的一个样本点,称为exemplar)

集合,使得所有样本点到最近类代表点的相似度之和最大.

本文将 $k$ 时刻经过椭圆门限消除杂波后的任意一个观测作为一个样本点,任意两个观测点 $z_k^{(i)}$ 与 $z_k^{(j)}$ 之间的相似度 $s(i, j)$ 可以构成一个相似度矩阵 $S$ .设 $k$ 时刻观测集合为 $Z = \{z_1, z_2, \dots, z_{N_Z}\}$ ,其中 $N_Z$ 为集合中的观测数,则有

$$S = \begin{Bmatrix} s(1,1) & s(1,2) & \cdots & s(1,N_Z) \\ s(2,1) & s(2,2) & \cdots & s(2,N_Z) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ s(N_Z,1) & s(N_Z,2) & \cdots & s(N_Z,N_Z) \end{Bmatrix}. \quad (10)$$

近邻传播算法不需要初始设定观测的聚类中心,而是认为任意一个观测作为扩展目标的聚类中心的可能性相同,即将所有观测的偏向参数 $p$ 设置为相同参数.

近邻传播聚类算法只有两个输入参数:相似度矩阵 $S$ 和偏向参数 $p$ .为了选出正确的类代表点算法不断获取观测间的相关信息,即可信度 $r$ 和可用度 $a$ .可信度 $r(i, j)$ 为观测 $z_k^{(j)}$ 适合作为观测 $z_k^{(i)}$ 的类代表点的适合程度,可用度 $a(i, j)$ 为观测 $z_k^{(i)}$ 选择观测 $z_k^{(j)}$ 作为类代表点的适合程度.对于任意观测 $z_k^{(i)}$ ,计算所有观测的可信度 $r(i, j)$ 和可用度 $a(i, j)$ 之和,使得 $\arg \max_j (a(i, j) + r(i, j))$ ,则 $z_k^{(i)}$ 的类代表点为 $z_k^{(j)}$ .近邻传播算法的迭代过程就是两个信息量的更新过程,更新表示为

$$\begin{aligned} r(i, j) &\leftarrow s(i, j) - \max_{j' \text{ s.t. } j' \neq j} \{a(i, j') + s(i, j')\}, \\ a(i, j) &\leftarrow \min \left\{ 0, r(j, j) + \sum_{i' \text{ s.t. } i' \neq j} \max\{0, r(i', j)\} \right\}, \\ a(j, j) &\leftarrow \sum_{i' \text{ s.t. } i' \neq j} \max\{0, r(i', j)\}. \end{aligned}$$

近邻传播聚类算法具有如下突出优点:任意一个样本点作为扩展目标聚类中心的可能性相同,因此不需要初始化聚类中心;通过迭代得到最优聚类数,因此不需要事先估计聚类个数;能在较短时间内获得较大数据的聚类结果.因此,该算法十分适合于密集杂波环境下扩展目标的观测集合划分.

本文提出的近邻传播观测聚类划分扩展目标递归跟踪算法流程归纳如下:

- 1) 已知 $k-1$ 时刻的目标强度函数 $v_{k-1}(x)$ ;
- 2) 利用式(4)预测目标强度函数 $v_{k|k-1}(x)$ ;
- 3) 以存活目标强度与新生目标强度之和作为 $k$

时刻目标状态的预测值,对观测集合进行门限处理,消除部分杂波观测,仅保留处于椭圆门限内的观测数据 $Z_{k,g}$ ;

4) 对于门限内的观测数据  $Z_{k,g}$ , 以任意两个观测间的欧氏距离平方的负数作为相似度构建相似度矩阵  $S_k$ , 即

$$s(i, j) = -\|z_k^{(i)}, z_k^{(j)}\|^2, \quad (11)$$

以任意两个观测间相似度的均值作为偏向参数  $p_k$ , 即

$$p_k = \frac{1}{N_Z^2} \sum_{i=1}^{N_Z} \sum_{j=1}^{N_Z} s(i, j); \quad (12)$$

5) 以相似度矩阵  $S_k$  及偏向参数  $p_k$  作为输入参数, 利用近邻传播聚类算法将椭圆门限内的观测数据集  $Z_{k,g}$  划分为若干个观测数据子集;

6) 将门限内的观测数据  $Z_{k,g}$  划分的若干个观测数据子集代入式(2)~(5), 对目标的强度函数进行更新, 获得  $v_{k|k}(x)$ ;

7) 对目标的强度函数  $v_{k|k}(x)$  的高斯项进行裁剪合并, 获得目标状态估计, 方法与 GM-PHD 算法相似, 详见参考文献[3].

### 4 数值仿真实验与分析

为了验证本文算法的有效性, 在仿真实验中设置一个  $[-100, 100] \times [-100, 100]$  的监视区域, 4 个目标, 存在的时间分别设为  $1 \sim 40$  s、 $1 \sim 40$  s、 $10 \sim 35$  s、 $15 \sim 30$  s. 传感器采样周期为 1 s, 仿真时间为 40 s, 目标运动方程及观测方程满足线性高斯模型, 传感器检测概率  $P_D = 0.9$ , 目标存活概率  $P_s = 0.99$ , 杂波强度服从均值  $\lambda = 50$  的 Poisson 分布, 杂波位置均匀分布在观测空间. 每个目标扩展观测数服从均值  $\gamma = 10$  的 Poisson 分布, 扩展观测分布服从 Gaussian 分布, 即  $z_k \sim N(\cdot; x_k, \sigma^2 I_2)$ . 其中:  $\sigma = 1$ ,  $x_k$  为目标质心位置. 4 个目标的真实运动轨迹及传感器观测如图 1 所示.

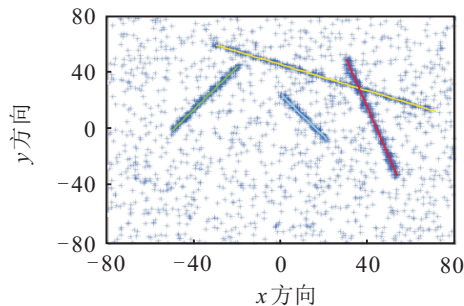


图 1 目标运动轨迹及观测值

新生目标的概率假设密度函数为

$$\gamma_k(x) = 0.1N(x; m_\gamma^{(1)}, P_\gamma) + 0.1N(x; m_\gamma^{(2)}, P_\gamma) + 0.1N(x; m_\gamma^{(3)}, P_\gamma) + 0.1N(x; m_\gamma^{(4)}, P_\gamma).$$

其中

$$m_\gamma^{(1)} = [-30, 0, 60, 0]^T, m_\gamma^{(2)} = [30, 0, 50, 0]^T, \\ m_\gamma^{(3)} = [-50, 0, 0, 0]^T, m_\gamma^{(4)} = [0, 0, 25, 0]^T, \\ P_\gamma = [5, 1, 5, 1]^T.$$

实验中以新生目标作为 ET-GM-PHD 滤波器初始值.

消除杂波使用的椭圆门限参数  $P_g = 0.95$ . 高斯项修剪阈值  $T = 10^{-5}$ , 合并门限  $U = 4$ , 高斯项最大个数  $J_{\max} = 200$ . 实验运行环境为 Intel Core 2 Quad CPU 2.66 GHz, 2 GB 内存, 仿真软件为 Matlab 2010a.

利用本文提出的近邻传播聚类扩展目标跟踪方法得到的目标状态估计结果如图 2 所示.

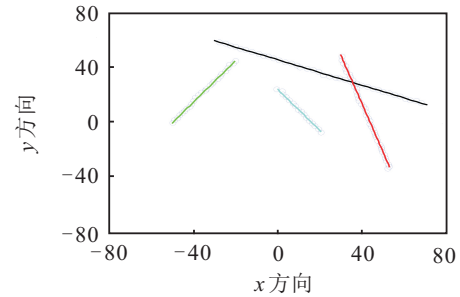


图 2 本文方法的状态估计

由图 2 可以看出, 本文方法能够准确地估计出多个扩展目标的状态, 并能正确检测到目标新生与消亡的过程.

为了与已有方法进行比较, 对上述数据及相同参数分别利用本文近邻传播聚类方法、文献[3]中距离阈值方法、文献[4]中 ART 聚类方法及文献[5]中谱聚类方法对观测进行划分, 并利用 ET-GM-PHD 滤波方法进行扩展目标跟踪, 进行 100 次 Monte Carlo 实验. 由于对扩展目标的跟踪包括目标状态和目标数估计两个部分, 采用目标数估计比较及最优子类分配 (OSPA 距离)<sup>[9]</sup> 比较 (误差调节因子  $c = 20$ ) 作为算法评价标准, 如图 3 和图 4 所示.

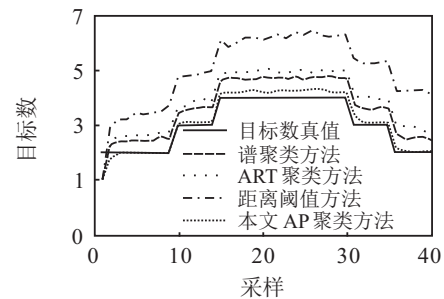


图 3 目标数估计比较

由图 3 和图 4 可以看出, 本文基于近邻传播聚类观测划分的扩展目标跟踪方法的目标数估计结果及 OSPA 距离都要优于已有方法, 表明本文提出的近邻传播聚类观测划分方法能够更准确地获得扩展目标观测集合划分. 而已有方法对目标数的估计都出现“过估”问题, 即将本应属于同一扩展目标的多个观测划分为多个扩展目标的观测, 或是由于已有方法对于密集杂波的情况比较敏感, 使得杂波被错误地当作扩展目标, 导致估计的目标数大于真实的目标数.

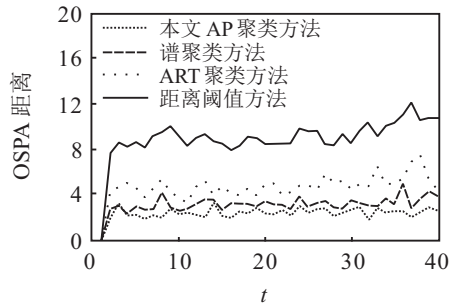


图4 OSPA 距离比较

在相同运行环境下,本文方法与已有方法对相同观测数据进行划分处理所消耗的时间如图5所示。

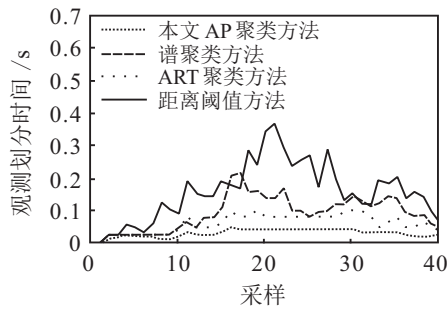


图5 观测划分时间比较

由图5可以看出,通过椭圆门限消除了部分杂波观测且近邻传播聚类算法效率较高,使得本文方法在计算速度上也较已有方法有较大优势,这对保证目标较多或密集杂波场景下的算法的实时性能具有重要意义。

## 5 结论

本文针对高斯混合假设密度滤波扩展目标跟踪算法中的观测集合划分问题,分析了已有方法存在的问题,提出了一种利用近邻传播聚类方法进行观测数据集划分的方法.实验结果表明,该方法能够获得正确的观测集合划分,计算复杂度较已有方法有较大

降低,同时,在多目标跟踪效果方面优于已有算法。

## 参考文献(References)

- [1] Vo B N, Ma W K. The Gaussian mixture probability hypothesis density filter[J]. IEEE Trans on Signal Processing, 2006, 54(11): 4091-4104.
- [2] Mahler R. PHD filter for nonstandard targets, I: Extended targets[C]. Proc of the 12th Int Conf on Information Fusion. Seattle: IEEE Press, 2009: 915-921.
- [3] Granstrom K, Orgune U. Extended target tracking using a Gaussian-mixture PHD filter[J]. IEEE Trans on Aerospace and Electronic Systems, 2012, 48(4): 3268-3286.
- [4] Zhang Y Q, Ji H B. A novel fast partitioning algorithm for extended target tracking using a Gaussian mixture PHD filter[J]. Signal Processing, 2013, 93(11): 2975-2985.
- [5] Yang J L, Liu F M, Ge H W, et al. Multiple extended target tracking algorithm based on GM-PHD filter and spectral clustering[J]. EURASIP J on Advances in Signal Processing, 2014, 117: 1-8.
- [6] Frey B J, Dueck D. Clustering by passing messages between data points[J]. Science, 2007, 315(5814): 972-976.
- [7] Gilholm K, Salmond D. Spatial distribution model for tracking extended objects[C]. IEE Proc of Radar, Sonar and Navigation. Hampshire: IET, 2005: 361-371.
- [8] Blackman S S, Popoli R. Design and analysis of modern tracking systems[Z]. Boston: Artech House, 1999.
- [9] Ristic B, Vo B N, Clark D, et al. A metric for performance evaluation of multi-target tracking algorithms[J]. IEEE Trans on Signal Processing, 2011, 59(7): 3452-3457.

(责任编辑: 闫 妍)