

概率假设密度滤波的谱聚类目标状态提取方法

张慧^{1,2,3}, 韩崇昭^{1,2,3}, 闫小喜^{1,2,3}

(1. 西安交通大学智能网络与网络安全教育部重点实验室, 710049, 西安; 2. 西安交通大学机械制造系统工程国家重点实验室, 710049, 西安; 3. 西安交通大学电子与信息工程学院, 710049, 西安)

摘要: 提出了一种谱聚类目标状态提取方法来实现概率假设密度(PHD)滤波中序贯蒙特卡罗(SMC)实现方式的多目标状态估计. 该方法利用 PHD 滤波 SMC 实现方式输出的大量的加权粒子点间的相似度关系建立相似矩阵, 通过变换得到拉普拉斯矩阵, 进而对拉普拉斯矩阵进行特征分解, 以实现粒子点的聚类, 再在每类中寻找粒子的聚类点作为多目标状态的估计值, 同时为了减小计算量, 利用 Nyström 逼近方法求解特征向量. 仿真实验表明, PHD 滤波的谱聚类目标状态提取方法的估计精度比 k 均值目标状态提取方法提高了 60% 以上.

关键词: 多目标状态估计; 概率假设密度; 状态提取; 谱聚类; Nyström 逼近

中图分类号: TP274 **文献标志码:** A **文章编号:** 0253-987X(2012)02-0001-05

A Multi-Target State Extraction Method for the Probability Hypothesis Density Filter Based on Spectral Clustering

ZHANG Hui^{1,2,3}, HAN Chongzhao^{1,2,3}, YAN Xiaoxi^{1,2,3}

(1. Ministry of Education Key Lab for Intelligent Networks and Network Security, Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710049, China;
2. State Key Laboratory for Manufacturing Systems Engineering, Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710049, China;
3. School of Electronics and Information Engineering, Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710049, China)

Abstract: A spectral clustering target state extraction method is proposed to obtain multi-target state estimate in the sequential Monte Carlo (SMC) implementation of probability hypothesis density (PHD) filter. An affinity matrix is established based on the similarities among a large number of particles that are output of SMC implementation of PHD filter, and the Laplace matrix of the affinity matrix is obtained through Laplace transform. Then spectral clustering is performed through eigen-decomposition of the Laplace matrix, and the clustering center of each cluster is searched and is regarded as the estimation of multi-target states. Moreover, the Nyström approximation method is used to generate eigenvectors so that the computation complexity of the algorithm is reduced. Simulation results show that the estimation accuracy of the proposed method is 60% higher than that of the k -means target state extraction method.

Keywords: multi-target state estimation; probability hypothesis density; state extraction; spectral clustering; Nyström approximation

多目标跟踪问题一直是目标跟踪领域研究的热点问题, 已引起了研究者的广泛关注^[1-4]. 传统的多目标跟踪算法^[1]是基于数据关联的, 这需要确定

各个量测值与目标的对应关系, 计算量相当大, 而基于概率假设密度(PHD)滤波的多目标跟踪算法^[2]则不需要进行数据关联计算, 因此 PHD 滤波算法

收稿日期: 2011-04-22. 作者简介: 张慧(1981—), 女, 博士生; 韩崇昭(通信作者), 男, 教授, 博士生导师. 基金项目: 国家重点基础研究发展计划资助项目(2007CB311006); 国家自然科学基金创新研究群体科学基金资助项目(60921003); 国家自然科学基金资助项目(61074176).

网络出版时间: 2011-11-09

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1069.T.20111109.0842.002.html>

近年来成为多目标跟踪领域的热点问题. PHD 滤波算法有两种实现方式, 一种是高斯混合实现方式^[3], 适用于线性高斯情况下的多目标跟踪问题, 另一种是序贯蒙特卡罗(SMC)实现方式^[4], 适用于更一般的非线性/非高斯情况的多目标跟踪问题, 这两种实现方式的收敛性均已得到证明^[5-6].

多目标跟踪的主要目的是获得目标数和各个目标的状态, PHD 滤波的 SMC 实现方式输出的是大量的加权粒子, 目标数由输出的所有粒子的权值求和得到, 目标的状态需要采用目标状态提取方法从输出的所有粒子中提取出来. 目前常用的目标状态提取方法是 k 均值方法^[7]. 文献[8]提出了核粒子概率假设密度滤波算法, 结合均值漂移算法的核密度估计理论进行 PHD 分布的二次估计, 提取 PHD 峰值位置作为目标状态估计值. 文献[9]先以 k 均值方法对粒子进行空间分布的聚类, 再于各类中寻找粒子权的峰值位置作为目标状态估计值.

为了得到目标状态的估计值, 本文提出了一种谱聚类^[10]的目标状态提取方法. 该方法基于粒子点间的相似关系, 先以谱聚类方法对粒子点进行分类, 再在每类中寻找粒子的聚类点作为目标状态的估计值. 同时, 由于 PHD 滤波输出的粒子数量大, 相似矩阵会很大, 从而在求解特征值和特征向量时的计算量也很大, 因此为了减小谱聚类目标状态提取方法的计算量, 进一步提出了 PHD 滤波的基于 Nyström 逼近的谱聚类目标状态提取方法. 仿真结果表明, PHD 的谱聚类目标状态提取方法能更好地提取目标状态, 其估计性能优于 k 均值目标状态提取方法.

1 PHD 滤波

给定 $k-1$ 时刻的 PHD 为 $D_{k-1|k-1}$, 则 k 时刻 PHD 的预测值和更新值分别为

$$\begin{aligned} D_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | Z_{1:k-1}) = & \gamma_k(\mathbf{x}_k) + \int [e_{k|k-1}(\mathbf{x}_{k-1}) f_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | \mathbf{x}_{k-1}) + \\ & b_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | \mathbf{x}_{k-1})] D_{k-1|k-1}(\mathbf{x}_{k-1} | Z_{1:k-1}) d\mathbf{x}_{k-1} \end{aligned} \quad (1)$$

$$\begin{aligned} D_{k|k}(\mathbf{x}_k | Z_{1:k}) = & (1 - p_D(\mathbf{x}_k)) D_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | Z_{1:k-1}) + \\ & \sum_{z_k \in Z_k} \frac{p_D(\mathbf{x}_k) h_k(\mathbf{z}_k | \mathbf{x}_k) D_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | Z_{1:k-1})}{\kappa_k(\mathbf{z}_k) + \psi_k(\mathbf{z}_k | Z_{1:k-1})} \end{aligned} \quad (2)$$

式中: $\gamma_k(\mathbf{x}_k)$ 为目标的出生强度; $e_{k|k-1}(\mathbf{x}_{k-1})$ 为存活概率; $f_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | \mathbf{x}_{k-1})$ 为状态转移概率密度函数;

$b_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | \mathbf{x}_{k-1})$ 为由 $k-1$ 时刻状态为 $\mathbf{x}_{k-1}$ 的目标衍生子目标的衍生强度; $Z_{1:k-1}$ 为直到 $k-1$ 时刻的所有量测信息; $h_k(\mathbf{z}_k | \mathbf{x}_k)$ 为似然函数; $p_D(\mathbf{x}_k)$ 为检测概率; $\kappa_k(\mathbf{z}_k)$ 为杂波强度; $\psi_k(\mathbf{z}_k | Z_{1:k-1}) = \int p_D(\mathbf{x}_k) h_k(\mathbf{z}_k | \mathbf{x}_k) D_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | Z_{1:k-1}) d\mathbf{x}_k$.

给定 $k-1$ 时刻的粒子 i 的集合为 $\{\mathbf{x}_{k-1}^i, \omega_{k-1}^i\}_{i=1}^{L_{k-1}}$, 其中 L_{k-1} 为 $k-1$ 时刻的粒子数量, 下面给出 PHD 滤波 SMC 实现的主要步骤.

(1) 预测: 根据重要性密度函数 $q_k(\cdot | \mathbf{x}_{k-1}^i, Z_k)$ 对存活目标的预测状态 $\mathbf{x}_{k|k-1}^i, i=1, 2, \dots, L_{k-1}$ 进行采样, 并计算相应的权值

$$\omega_{k|k-1}^i = \frac{\phi_{k|k-1}(\mathbf{x}_{k|k-1}^i, \mathbf{x}_{k-1}^i)}{q_k(\mathbf{x}_{k|k-1}^i | \mathbf{x}_{k-1}^i, Z_k)} \omega_{k-1}^i \quad (3)$$

式中: $\phi_{k|k-1}(\mathbf{x}_k, \mathbf{x}_{k-1}) = e_{k|k-1}(\mathbf{x}_{k-1}) f_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | \mathbf{x}_{k-1}) + b_{k|k-1}(\mathbf{x}_k | \mathbf{x}_{k-1})$.

根据重要性密度函数 $p_k(\cdot | Z_k)$ 对新生目标的预测状态 $\mathbf{x}_{k|k-1}^i, i=L_{k-1}+1, L_{k-1}+2, \dots, L_{k-1}+J_k$ 进行采样, J_k 为新生目标所对应粒子的数量, 并计算相应的权值

$$\omega_{k|k-1}^i = \frac{\gamma_k(\mathbf{x}_{k|k-1}^i)}{J_k p_k(\mathbf{x}_{k|k-1}^i | Z_k)} \quad (4)$$

(2) 更新: 在获得量测 Z_k 后, 更新每个粒子权重

$$\begin{aligned} \omega_{k|k}^i = & \left[1 - p_D(\mathbf{x}_{k|k-1}^i) + \right. \\ & \left. \sum_{z_k \in Z_k} \frac{p_D(\mathbf{x}_{k|k-1}^i) h_k(\mathbf{z}_k | \mathbf{x}_{k|k-1}^i)}{\kappa_k(\mathbf{z}_k) + C_k(\mathbf{z}_k)} \right] \omega_{k|k-1}^i \end{aligned} \quad (5)$$

式中: $C_k(\mathbf{z}_k) = \sum_{i=1}^{L_{k-1}+J_k} p_D(\mathbf{x}_{k|k-1}^i) h_k(\mathbf{z}_k | \mathbf{x}_{k|k-1}^i) \omega_{k|k-1}^i$.

(3) 重采样: 计算 k 时刻目标数的估计值

$\hat{N}_k = \sum_{i=1}^{L_{k-1}+J_k} \omega_{k|k}^i$, 对粒子集合 $\{\mathbf{x}_{k|k}^i, \frac{\omega_{k|k}^i}{\hat{N}_k}\}_{i=1}^{L_{k-1}+J_k}$ 进行重采样, 获得 k 时刻粒子集合 $\{\mathbf{x}_k^i, \omega_k^i\}_{i=1}^{L_k}$, 其中 L_k 表示 k 时刻的粒子数量.

2 谱聚类目标状态提取方法

目标状态的提取是从 PHD 滤波的 SMC 实现方式输出的大量的加权粒子集合 $\{\mathbf{x}_k^i\}_{i=1}^{L_k}$ 中提取多目标状态, 其实质是一个聚类问题^[11], 首先从粒子集合 $\{\mathbf{x}_k^i\}_{i=1}^{L_k}$ 中划分 $n=\hat{N}_k$ 个类, 然后再求这 n 个类的聚类点作为多目标状态的估计值. 目前常用的 k 均值目标状态提取方法具有收敛时易陷入局部极值和对初始值敏感的缺点, 而谱聚类是根据粒子点间的相似关系建立矩阵, 通过计算拉普拉斯矩阵的特征向量来找出粒子点间的内在联系, 因此谱聚类方

法具有在任意形状的样本空间上聚类,并且聚类的结果收敛于全局最优解的优点。

2.1 谱聚类基本原理

谱聚类是建立在图论中的谱图理论基础上的,假定将粒子集合 $\{\mathbf{x}_k^i\}_{i=1}^{L_k}$ 中的每个粒子点 $\mathbf{x}_k^i$ 看作图中的1个顶点 v_i , 顶点 v_i (对应粒子点 $\mathbf{x}_k^i$) 和 v_j (对应粒子点 $\mathbf{x}_k^j$) 通过一条权重为 W_{ij} 的无向边连接起来,这样就得到一个无向图 $G=(V,E)$, 其中 V 表示顶点的集合, E 表示边的集合, 边的权重 W_{ij} 表示基于某一相似度量计算的两点之间的相似度。经过这样的转换, PHD 滤波的目标状态提取问题就可以转化为无向图 G 的划分问题。划分的准则是子图内的相似度最大, 各个子图间的相似度最小, 常用的是规范切(normalized cut, Ncut)划分准则^[12]。

假设图 G 划分为 n 个子图 $A_1, \dots, A_n$, 即 $A_1 \cup \dots \cup A_n = V, A_1 \cap \dots \cap A_n = \emptyset$, 则规范切 Ncut 的定义如下

$$\text{Ncut}(A_1, \dots, A_n) = \sum_{i=1}^n \frac{\text{cut}(A_i, \bar{A}_i)}{\text{vol}(A_i)} \quad (6)$$

式中: $\text{cut}(A, \bar{A}) = \sum_{i \in A, j \in \bar{A}} W_{ij}$; $\bar{A} = \{v_i \mid v_i \in V, \text{且 } v_i \notin A\}$; $\text{vol}(A) = \sum_{i \in A} \sum_{j=1}^n W_{ij}$ 。

因此, 谱聚类目标状态提取方法即是实现最小化规范切目标函数的粒子集合 $\{\mathbf{x}_k^i\}_{i=1}^{L_k}$ 的划分。谱聚类的主要工具是图的拉普拉斯矩阵, 最常用的规范拉普拉斯矩阵的形式如下

$$\mathbf{L}_{\text{sym}} = \mathbf{I} - \mathbf{D}^{-1/2} \mathbf{W} \mathbf{D}^{-1/2} \quad (7)$$

式中: $\mathbf{I}$ 为单位阵; $\mathbf{W} = \begin{bmatrix} W_{11} & \dots & W_{1L_k} \\ \vdots & & \vdots \\ W_{L_k 1} & \dots & W_{L_k L_k} \end{bmatrix}$ 为相似

度矩阵; $\mathbf{D}$ 为对角阵, $D_{ii} = \sum_{j=1}^n W_{ij}$ 。

2.2 谱聚类目标状态提取方法

PHD 滤波的谱聚类目标状态提取方法是基于粒子点间的相似度关系建立相似度矩阵 $\mathbf{W}$, 通过变换得到其拉普拉斯矩阵 $\mathbf{L}_{\text{sym}}$, 再求解 $\mathbf{L}_{\text{sym}}$ 的特征值和特征向量, 选择合适的特征向量对粒子点进行聚类^[10], 其主要步骤如下。

(1) 输入 k 时刻 PHD 滤波输出的粒子集合 $\{\mathbf{x}_k^i\}_{i=1}^{L_k}$, 聚类数即目标估计数 $n = \hat{N}_k$ 。

(2) 由 PHD 滤波的 SMC 实现方式输出的大量加权粒子 $\{\mathbf{x}_k^i\}_{i=1}^{L_k}$ 构造相似度矩阵 $\mathbf{W}$, 其中 W_{ij} 由下式给出

$$W_{ij} = \exp\left(-\frac{\|\mathbf{x}_k^i - \mathbf{x}_k^j\|^2}{2\sigma^2}\right) \quad (8)$$

式中: σ 为给定参数。

(3) 将相似度矩阵 $\mathbf{W}$ 按式(7)构建拉普拉斯矩阵 $\mathbf{L}_{\text{sym}}$, 求解 $\mathbf{L}_{\text{sym}}$ 的特征值和特征向量, 选择前 n 个最小特征值对应的特征向量, 并以这些特征向量作列, 构建矩阵 $\mathbf{H} \in \mathbf{R}^{L_k \times n}$ 。

(4) 用 k 均值算法将 $\mathbf{H}$ 中的各行聚成 n 个类 $A_1, \dots, A_n$, 最终将点 $\mathbf{x}_i$ 分到类 A_j 中。

(5) 输出 k 时刻粒子集合 $\{\mathbf{x}_k^i\}_{i=1}^{L_k}$ 的 n 个类 $A_1, \dots, A_n$, 其中 $A_i = \{j \mid \mathbf{x}_j \in A_i\}$ 。

2.3 基于 Nyström 逼近的谱聚类提取方法

在谱聚类目标状态提取方法中, 需要求解矩阵的特征值和特征向量, 由于相似度矩阵 $\mathbf{W}$ 随聚类问题中样本数的平方递增, PHD 滤波的 SMC 实现方式输出的是大量的粒子点, 因此 $\mathbf{W}$ 会很大, 在求解特征值和特征向量时的计算量会急剧增加。针对该问题, 本文采用 Nyström 逼近方法^[13]减小谱聚类目标状态提取方法的计算量。Nyström 逼近方法是基于抽样原理的, 用小样本去估算 $\mathbf{W}$ 的特征向量, 从而减小算法的计算量。

下面给出基于 Nyström 逼近的谱聚类目标状态提取方法的计算步骤^[13]。

(1) 输入 k 时刻 PHD 滤波输出的粒子点集 $\{\mathbf{x}_k^i\}_{i=1}^{L_k}$, 聚类数即目标估计数 $n = \hat{N}_k$ 。

(2) 构造相似度矩阵 $\mathbf{W}$ 。从粒子集合中随机选取 p 个粒子, 未选取的粒子数为 $q = L_k - p$ 个, 按照下列顺序构造相似度矩阵

$$\mathbf{W} = \begin{bmatrix} \mathbf{A} & \mathbf{B} \\ \mathbf{B}^T & \mathbf{C} \end{bmatrix} \quad (9)$$

式中: $\mathbf{A} \in \mathbf{R}^{p \times p}$ 表示 p 个粒子点之间的相似度矩阵; $\mathbf{B} \in \mathbf{R}^{p \times q}$ 表示 p 个粒子点与未选取的 q 个粒子点之间的相似度矩阵; $\mathbf{C} \in \mathbf{R}^{q \times q}$ 表示未选取的 q 个粒子点之间的相似矩阵, 由于 $p \leq L_k$, 所以矩阵 $\mathbf{C}$ 很大。

(3) 估计相似度矩阵 $\hat{\mathbf{W}}$ 。对角化 $\mathbf{A} = \mathbf{U} \mathbf{\Lambda} \mathbf{U}^T$, 通过 Nyström 逼近方法可以得到 $\mathbf{W}$ 的估计特征向量为 $\bar{\mathbf{U}} = \begin{bmatrix} \mathbf{U} \\ \mathbf{B}^T \mathbf{U} \mathbf{\Lambda}^{-1} \end{bmatrix}$, 这样 $\mathbf{W}$ 的估计矩阵可表示为 $\hat{\mathbf{W}} = \bar{\mathbf{U}} \mathbf{\Lambda} \bar{\mathbf{U}}^T = \begin{bmatrix} \mathbf{A} & \mathbf{B} \\ \mathbf{B}^T & \mathbf{B}^T \mathbf{\Lambda}^{-1} \mathbf{B} \end{bmatrix}$, 避免了花费大量时间计算相似度矩阵。

(4) 计算相似度矩阵 $\hat{\mathbf{W}}$ 的特征向量: 矩阵 $\mathbf{A}$ 是正定的, 因此可以用如下方法对 $\hat{\mathbf{W}}$ 进行正交化。 $\mathbf{A}^{1/2}$ 表示对称且正定的矩阵 $\mathbf{A}$ 的平方根, 令 $\mathbf{S} = \mathbf{A} +$

$A^{-1/2}BB^TA^{-1/2}$, 可将 S 正交化为 $S=U_s\Lambda_sU_s^T$, 令 $V=\begin{bmatrix} A \\ B^T \end{bmatrix}A^{-1/2}U_s\Lambda_s^{-1/2}$, 则将 $\hat{W}$ 正交化为 $\hat{W}=V\Lambda_sV^T$, 其中 $V^TV=I$, 这里 V 就是相似度估计矩阵 $\hat{W}$ 的特征向量。

(5) 计算谱聚类方法所需的拉普拉斯矩阵 L_{sym} 的特征向量。在估计出 $\hat{W}=\begin{bmatrix} A & B \\ B^T & B^TA^{-1}B \end{bmatrix}$ 后, 可以通过对 $\hat{W}$ 各行求和得到对角矩阵 D 对应的对角线上元素, 即

$$\hat{d} = \hat{W}\mathbf{1} = \begin{bmatrix} A\mathbf{1}_p + B\mathbf{1}_q \\ B^T\mathbf{1}_p + B^TA^{-1}B\mathbf{1}_q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_r + b_r \\ b_c + B^TA^{-1}b_r \end{bmatrix} \quad (10)$$

式中: $a_r, b_r \in \mathbf{R}^p$ 分别表示 A 和 B 的行和; $b_c \in \mathbf{R}^q$ 表示 B 的列和; $\mathbf{1}$ 表示单位列向量。因此, 拉普拉斯矩阵 L_{sym} 可以通过对估计出来的 $\hat{W}$ 作如下变换得到

$$A_{ij} \leftarrow \frac{A_{ij}}{(\hat{d}_i\hat{d}_j)^{1/2}}, i, j = 1, \dots, p \quad (11)$$

$$B_{ij} \leftarrow \frac{B_{ij}}{(\hat{d}_i\hat{d}_{j+q})^{1/2}}, i = 1, \dots, p, j = 1, \dots, q \quad (12)$$

做好这种变换后, 把相应的 A 和 B 的值代入步骤(4)中的 $V=\begin{bmatrix} A \\ B^T \end{bmatrix}A^{-1/2}U_s\Lambda_s^{-1/2}$, 得到的就是 L_{sym} 的特征向量。

(6) 选择合适的特征向量对粒子点聚类。将特征向量 V 经过变换取前 n 个特征向量, 构造 $L_k \times n$ 维矩阵 E , 则 E 中的行向量分别对应变换后重新排序的粒子, 然后使用 k 均值对 E 的行向量聚类, 即对对应的粒子集聚类, 从而实现对变换后的粒子集的分类, 将变换后的粒子还原到原来的位置就实现了对粒子集的分类。

(7) 将 k 时刻粒子集合 $\{x_i^k\}_{i=1}^{L_k}$ 分为 n 个类, 这 n 个类的聚类点为多目标状态的估计值。

3 仿真实验

本文给出一个二维多目标运动场景, 监控区域为 $[-200 \text{ m}, 200 \text{ m}] \times [-200 \text{ m}, 200 \text{ m}]$, 目标的数量未知且是时变的, 目标的运动方程为

$$\mathbf{x}_k = \begin{bmatrix} 1 & T & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & T \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \mathbf{x}_{k-1} + \begin{bmatrix} \frac{T^2}{2} & 0 \\ T & 0 \\ 0 & \frac{T^2}{2} \\ 0 & T \end{bmatrix} \begin{bmatrix} w_{1,k} \\ w_{2,k} \end{bmatrix} \quad (13)$$

式中: $\mathbf{x}_k = [\mathbf{x}_{1k}, \mathbf{x}_{2k}, \mathbf{x}_{3k}, \mathbf{x}_{4k}]^T$ 是 k 时刻目标的状态, $[\mathbf{x}_{1k}, \mathbf{x}_{3k}]^T$ 和 $[\mathbf{x}_{2k}, \mathbf{x}_{4k}]^T$ 分别为目标位置和目标速度; 采样周期 $T=1 \text{ s}$; 过程噪声 $w_{1,k}$ 和 $w_{2,k}$ 是相互独立的零均值高斯白噪声, 标准差分别为 $\sigma_{w_1}=1 \text{ m/s}^2$ 和 $\sigma_{w_2}=0.1 \text{ m/s}^2$ 。目标的存活概率为 $e_{k|k-1}=0.95$ 。新生目标数是均值为 0.2 的泊松过程, 且 $\gamma_k=0.2N(\bar{\mathbf{x}}, Q)$, 其中 $\bar{\mathbf{x}} = [-200 \text{ m}, 6 \text{ m/s}, 30 \text{ m}, 5 \text{ m/s}]^T$, $Q = \text{diag}([10 \text{ m}^2, 5 \text{ m}^2/\text{s}^2, 10 \text{ m}^2, 5 \text{ m}^2/\text{s}^2])$ 。

目标的量测方程为

$$\mathbf{z}_k = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \mathbf{x}_k + \begin{bmatrix} v_{1,k} \\ v_{2,k} \end{bmatrix} \quad (14)$$

式中: $v_{1,k}$ 和 $v_{2,k}$ 是相互独立的零均值高斯白噪声, 具有相同标准差 $\sigma_{v_1}=\sigma_{v_2}=2.5 \text{ m}$, 并且与过程噪声相互独立。目标的检测概率 $p_D(x_k)$ 设为 1。杂波强度为 $\kappa_k(\mathbf{z}_k)=\lambda c_k(\mathbf{z}_k)$, $c_k(\mathbf{z}_k)$ 是均匀分布的概率密度, λ 是采样时刻的杂波个数, 本仿真中取为 10。每个目标使用粒子数均为 500。

图 1 和图 2 分别给出了真实运动轨迹以及采用 k 均值方法和谱聚类方法的估计轨迹。目标 1 在第 1 s 产生, 初始位置为 $(-200 \text{ m}, 30 \text{ m})$, 以速度 $(5 \text{ m/s}, -5 \text{ m/s})$ 作匀速运动, 第 40 s 消亡; 目标 2 在第 1 s 产生, 初始位置为 $(-100 \text{ m}, 150 \text{ m})$, 以速度 $(5 \text{ m/s}, -8 \text{ m/s})$ 作匀速运动, 第 40 s 消亡; 目标 3 在第 12 s 产生, 初始位置为 $(-200 \text{ m}, 30 \text{ m})$, 以速度 $(6 \text{ m/s}, 5 \text{ m/s})$ 作匀速运动, 第 40 s 消亡。从图 1 和图 2 可以看出, PHD 的谱聚类方法的估计值偏离真实值较小, 从而表明了谱聚类目标状态提取方法比 k 均值方法更加有效。

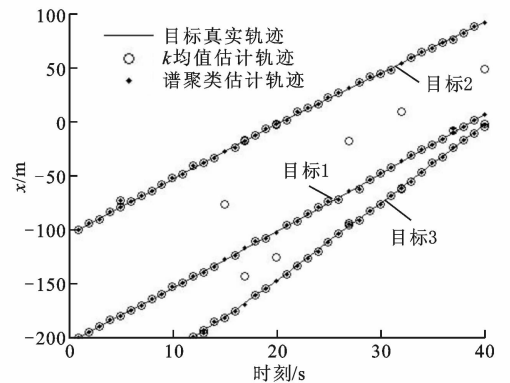


图 1 X 方向的真实轨迹和估计轨迹

采用 Wasserstein 距离(d_w)作为多目标的跟踪算法性能的评价指标。对于任意 2 个非空集合 $X, \hat{X}$, 有

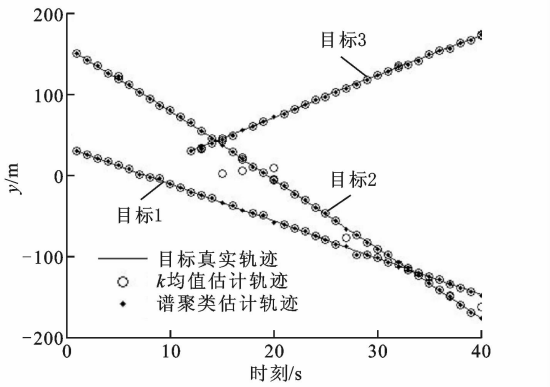


图 2 Y 方向的真实轨迹和估计轨迹

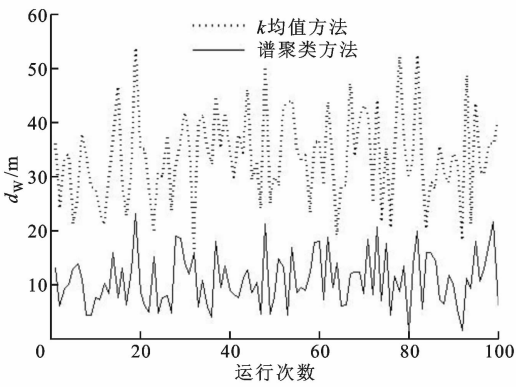


图 4 2 种方法 100 次独立实验的 Wasserstein 距离比较

$$d_w(\hat{X}, X) = \min_c \left(\sum_{i=1}^{|\hat{X}|} \sum_{j=1}^{|X|} C_{ij} \| \hat{x}^i - x^j \| ^p \right)^{1/p} \tag{15}$$

式中: $\hat{X}$ 和 X 分别是多目标状态的估计值和真实值; C 称为传输矩阵, $\min$ 表示在所有可能传输矩阵

C 上取最小值 (元素 $C_{ij} \geq 0$ 且 $\sum_{j=1}^{|X|} C_{ij} = \frac{1}{|\hat{X}|}$,

$\sum_{j=1}^{|\hat{X}|} C_{ij} = \frac{1}{|X|}$) , p 取为 2. 当 $\hat{X}$ 或 X 为空集时, d_w 没有定义.

1 次独立实验和 100 次独立实验的 Wasserstein 距离比较见图 3 和图 4 所示. 从图 3 可以看出, k 均值方法和谱聚类方法在目标数估计错误的第 5 s、第 13 s 和第 37 s 的 d_w 都较大, 而谱聚类方法在目标数估计正确的时刻的 d_w 比 k 均值方法小得多. 从图 4 也可以看出采用谱聚类方法的多目标状态估计性能明显优于 k 均值方法.

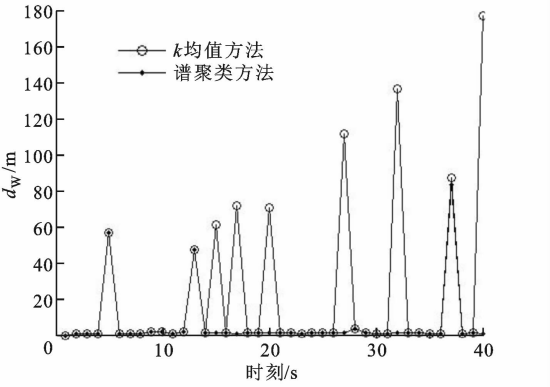


图 3 2 种方法 1 次独立实验的 Wasserstein 距离比较

表 1 给出了两种目标状态提取方法的 Wasserstein 距离的均值及两种方法的每一时间步长平均运行时间的比较 (Matlab 7.1 环境, 计算机

CPU Core2 Q8200, 主频 2.33 GHz, 内存 2 GB), 表 1 的结果表明, 谱聚类方法在每一时间步长的平均运行时间比 k 均值方法的平均运行时间长, 这是由于谱聚类方法需要进行矩阵的特征分解, 因此其计算量相对较大. 表 1 的结果表明, 谱聚类方法的估计精度比 k 均值目标状态提取方法提高了 60% 以上.

表 1 Wasserstein 距离的均值及每一时间步长平均运行时间

目标状态提取方法	d_w/m	平均运行时间/s
k 均值方法	34.308 1	0.018 9
谱聚类方法	10.852 4	0.192 9

4 结 论

针对 PHD 滤波 SMC 实现方式中的多目标状态估计问题, 提出了一种基于谱聚类的状态提取方法. 该方法基于 PHD 滤波输出的大量的加权粒子点间的相似度关系建立相似矩阵, 以谱聚类方法对粒子进行聚类, 再在每类中寻找粒子的聚类点作为目标状态的估计值, 同时利用 Nyström 方法求解特征向量以减小计算量. 仿真结果证明了谱聚类状态提取方法优于 k 均值状态提取方法.

参考文献:

[1] CHANG K C, BAR-SHALOM Y. Joint probabilistic data association for multitarget tracking with possibly unresolved measurement and maneuvers [J]. IEEE Transactions on Automatic Control, 1984, 29 (7): 585-594.

[2] MAHLER R. Multitarget Bayes filtering via first-order multitarget moment [J]. IEEE Transactions on Aerospace and Electronic Systems, 2003, 39 (4): 1152-1178.

[3] VO B N, MA Wing-Kin. The Gaussian mixture prob-

- ability hypothesis density filter [J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2006, 54(11): 4091-4104.
- [4] VO B N, SINGH S, DOUCET A. Sequential Monte Carlo methods for multi-target filtering with random finite sets [J]. IEEE Transactions on Aerospace and Electronic Systems, 2005, 41 (4): 1224-1245.
- [5] CLARK D E, VO B N. Convergence analysis of the Gaussian mixture PHD filter [J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2006, 55(4): 1204-1212.
- [6] JOHANSEN A M, SINGH S S, DOUCET A, et al. Convergence of the SMC implementation of the PHD filter [J]. Methodology and Computing in Applied Probability, 2006, 8 (2): 265-291.
- [7] CLARK D E, BELL J. Multi-target state estimation and track continuity for the particle PHD filter [J]. IEEE Transactions on Aerospace and Electronic Systems, 2007, 43 (4): 1441-1453.
- [8] 庄泽森, 张建秋, 尹建君. 多目标跟踪的核粒子概率假设密度滤波算法[J]. 航空学报, 2009, 30(7): 1264-1270.
- ZHUANG Zesen, ZHANG Jianqiu, YIN Jianjun. A kernel particle probability hypothesis density filter for multi-target tracking [J]. Acta Aeronautica et Astronautica Sinica, 2009, 30(7): 1264-1270.
- [9] 唐续, 魏平, 陈欣. PHD 粒子滤波中目标状态提取方法研究[J]. 电子与信息学报, 2010, 32(11): 2691-2694.
- TANG Xu, WEI Ping, CHEN Xin. Extracting target's state from particle approximation of the PHD [J]. Journal of Electronics & Information Technology, 2010, 32(11): 2691-2694.
- [10] LUXBURG U V. A tutorial on spectral clustering [J]. Statistics and Computing, 2007, 17: 395-416.
- [11] JAIN A K, MURTY M N, FLYNN P J. Data clustering: a review [J]. ACM Computing Surveys, 1999, 31(3): 264-323.
- [12] SHI J B, MALIK J. Normalized cuts and image segmentation [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2000, 22(8): 888-905.
- [13] FOWLKES C, BELONGIE S, CHUNG F, et al. Spectral grouping using the Nyström method [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2004, 26(2): 214-225.

(编辑 刘扬)