

# 蚁群-遗传算法在多传感器多目标跟踪技术中的应用

袁 述<sup>1</sup>,袁东辉<sup>1,2,3</sup>,孙基洲<sup>2</sup>,刘永波<sup>2</sup>,李 晶<sup>2</sup>,原 琳<sup>2</sup>

(1. 吉林工商学院,吉林长春 130062;2. 空军哈尔滨飞行学院,黑龙江哈尔滨 150001;  
3. 吉林大学知识工程与符号计算教育部重点实验室,吉林长春 130012)

**摘 要:** 本文提出了一种高效的多目标数据关联算法 AC-GADA(Ant Colony-Genetic Algorithm Data Association),该算法以蚁群-遗传算法为基础,利用种群差异性使个体携带信息素,构建了全局信息素扩散模型,并引入了交叉变异策略和种群适应度模型.通过大量的实验数据证明,该算法在获得较高关联准确率的同时可以有效地提高关联速度.

**关键词:** 数据关联;多目标;蚁群算法;遗传算法

**中图分类号:** TP391 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2013)03-0609-06

**电子学报 URL:** <http://www.ejournal.org.cn> **DOI:** 10.3969/j.issn.0372-2112.2013.03.032

## The Application of AC-GA on Multi-Sensor Multi-Target Tracking

YUAN Shu<sup>1</sup>,YUAN Dong-hui<sup>1,2,3</sup>,SUN Ji-zhou<sup>2</sup>,LIU Yong-bo<sup>2</sup>,LI Jing<sup>2</sup>,YUAN Lin<sup>2</sup>

(1. Jilin Business and Technology College, Changchun, Jilin 130062, China;2. Harbin Flying College of Airforce, Harbin, Heilongjiang 150001, China;  
3. Key Laboratory of Symbolic Computation and Knowledge Engineering of Ministry of Education, Jilin University, Changchun, Jilin 130012, China)

**Abstract:** For the application of multi-sensor multi-target tracking, a method of data association based on ant colony algorithm and genetic algorithm is proposed in this study. First, this method defines pheromone differently for each independent ant entity. Then, improved global pheromone increment model, and combined crossover and variation operation with fitness model of population. The experimental results of actual data demonstrate the presented algorithm is effective.

**Key words:** data association; multi-target; AC; GA

## 1 引言

信息量的激增使得信息融合成为未来计算机领域的研究重点,而数据关联也成为了信息融合中必须解决的关键问题之一,国内外学者针对多目标的数据关联方法进行了许多深入的研究,其中多假设跟踪法<sup>[1]</sup>和联合概率数据关联<sup>[2]</sup>都存在随着目标数增加,计算量级数增长的问题.近年来随着仿生算法的日益成熟,也有学者将多目标数据关联模型化为组合优化问题,从而利用仿生学算法解决组合优化问题的优势,将其应用于多目标跟踪的数据关联中,取得了较好的结果<sup>[3]</sup>.本文主要以蚁群算法为基础,结合遗传算法对蚁群个体信息素模型,局域扩散模型进行了完善.仿真实验表明,改进后的数据关联算法在执行时间和关联准确度上都有明显优势.

## 2 基于组合优化的多目标数据关联方法

### 2.1 多目标数据关联基本形式

当观测区域有  $N$  个传感器对空间中的不同区域进行观测时,数据关联问题即是系统当前所有观测分配给对应航迹的过程,因此可以将其组合优化形式描述为广义  $S$ -维分配问题<sup>[4]</sup>,当维空间大于等于 3 时,数据量的膨胀会使其演化为 NP-难问题,如果考虑检测概率和虚警情况则更无法在多项式时间内获得最优解.目前有利用 Lagrangian 松弛技术的递归算法,粒子群算法,遗传算法等<sup>[5,6]</sup>对问题进行求解.本文拟采用拉格朗日松弛算法,将  $S$  维分配问题松弛为一系列低维分配问题(2-D 较适宜),在低维分配问题中同时结合蚁群算法与遗传算法在寻求最优解问题上的优势,根据源于相同目标的量测约束指导蚁群的初始化,信息素构成以及交叉变异策略,在有限的迭代次数内找到最优解,即实现了数据关联.

### 2.2 拉格朗日松弛算法应用于多目标数据关联

拉格朗日松弛算法可以将  $S$ -维分配问题转化为一系列松弛的 2 维分配问题来求解,其方法是通过拉格朗日乘子将约束条件代入到代价函数中,并使松弛 2 维

分配算法问题的代价最小化,由此可以得到一个真实解的下界,而可行解则是真实解的一个上界.两者之差被称作近似对偶间隙,在每次迭代中不断修正拉格朗日乘子,使得对偶解和可行解趋于一致.

$S$  维分配问题是将  $k$  时刻,来自于  $S$  个序列的  $n_s$  个测量  $s = 1, 2, \dots, S$  进行关联. 设  $\rho_{i_1, i_2, \dots, i_s}$  为  $S$  维空间中,满足  $i_1, i_2, \dots, i_s$  所有  $S$  维条件的操作,并且  $\rho_{i_1, i_2, \dots, i_s}$

$$= \begin{cases} 0, & \text{不执行} \\ 1, & \text{执行} \end{cases}, \text{则 } S\text{-维分配问题的数学模型可以描述为}$$

$$J = \min \sum_{\rho_{i_1, i_2, \dots, i_s}} \sum_{i_1=0}^{n_1} \cdots \sum_{i_s=0}^{n_s} c_{i_1, i_2, \dots, i_s} \rho_{i_1, i_2, \dots, i_s}$$

其约束条件为

$$\begin{aligned} \sum_{i_1=0}^{n_1} \sum_{i_2=0}^{n_2} \cdots \sum_{i_{s-1}=0}^{n_{s-1}} \rho_{i_1, i_2, \dots, i_s} &= 1, i_s = 1, 2, \dots, n_s \\ \sum_{i_1=0}^{n_1} \sum_{i_2=0}^{n_2} \cdots \sum_{i_{s-2}=0}^{n_{s-2}} \sum_{i_{s-1}=0}^{n_{s-1}} \rho_{i_1, i_2, \dots, i_s} &= 1, i_{s-1} = 1, 2, \dots, n_{s-1} \\ &\vdots \\ \sum_{i_2=0}^{n_2} \cdots \sum_{i_{s-1}=0}^{n_{s-1}} \sum_{i_s=0}^{n_s} \rho_{i_1, i_2, \dots, i_s} &= 1, i_1 = 1, 2, \dots, n_1 \end{aligned}$$

其中,  $c_{i_1, i_2, \dots, i_s}$  可表示为满足  $S$  维约束时对应的时间,效益等条件. 其对偶问题的代价为

$$d_{i_1, i_2, \dots, i_{s-1}} = \min_{\rho_{i_1, i_2, \dots, i_s}} (c_{i_1, i_2, \dots, i_s} - u_i), \forall i_1 = 1, 2, \dots, n_1,$$

$$\forall i_2 = 1, 2, \dots, n_2, \dots, \forall i_{s-1} = 1, 2, \dots, n_{s-1}$$

则其一系列对偶子可表达为

$$\{f_d, \omega_{i_1, i_2, \dots, i_{s-1}}^*\} = \min_{\omega_{i_1, i_2, \dots, i_{s-1}}} \sum_{i_1=0}^{n_1} \sum_{i_2=0}^{n_2} \cdots \sum_{i_{s-1}=0}^{n_{s-1}} d_{i_1, i_2, \dots, i_{s-1}} \omega_{i_1, i_2, \dots, i_{s-1}}$$

若  $\omega_{i_1, i_2, \dots, i_{s-1}}^* = 1$ , 令  $\eta(i_1, i_2, \dots, i_{s-2}) = i_{s-1}; \forall i_1 = 1, 2, \dots,$

$n_1; \forall i_2 = 1, 2, \dots, n_2, \dots; \forall i_{s-2} = 1, 2, \dots, n_{s-2};$

$\forall i_{s-1} = 1, 2, \dots, n_{s-1};$

$$\sum_{i_1=0}^{n_1} \omega_{i_1, i_2, \dots, i_{s-1}} = 1; \forall i_2 = 1, 2, \dots, n_2, \dots; \forall i_{s-1} = 1, 2, \dots, n_{s-1}$$

$$\cdots \sum_{i_{s-1}=0}^{n_{s-1}} \omega_{i_1, i_2, \dots, i_{s-1}} = 1, \forall i_1 = 1, 2, \dots, n_1, \dots; \forall i_{s-2} = 1, 2, \dots, n_{s-2}$$

则问题被分解为  $S-1$  维的分配问题,以此类推最终可转化为 2 维分配问题,进而可利用优化算法求得最优解,此时的解属于原问题的目标解下界,通过不断修正拉格朗日乘子使对偶间隙趋近设定的阈值,从而得到问题的理想解.

### 3 蚁群—遗传算法应用于数据关联

多维分配算法的目的是求解全局最小化代价函数,每个蚂蚁个体所建立的关联对记为一个划分,整个

种群所获得的就是一个划分集合,经过多次迭代后,整个种群会收敛于代价函数最小的关联即最优值. AC-DA<sup>[3]</sup>对蚁群算法应用于多目标跟踪进行了初步的探讨,本文将蚁群-遗传算法应用于数据关联主要包含着两个方面:一是航迹-观测对的建立,二是信息素模型的设计. 第一点决定了关联的准确率,而第二点则会对算法在寻优过程中的执行时间和迭代次数产生影响.

#### 3.1 航迹选择模型

在一次观测的回波中会存在大量的观测值,而将这些观测与目标进行关联的过程中,需要对过滤杂波和噪声后的观测数据进行遍历,针对数据关联问题本文中采用的蚁群-遗传算法确定的路径定义为,所有航迹-观测对的距离的和<sup>[3]</sup>. 同时基本蚁群算法的基础上,做以下补充假设:

**假设 1** 信息素存在于每个观测上,其值会随着航迹—观测对的建立而增加,随迭代次数、时间而减弱.

**假设 2** 每个航迹会根据一定的概率选择观测,此概率是信息素强度和航迹—观测对之间能见度参数的函数.

**假设 3** 每个航迹和观测具有一一对应关系.

**假设 4** 阈值设定,航迹不会选择距离大于阈值的观测相关联(阈值初始为无限大,其后随迭代不断修正).

#### 3.2 蚁群信息素模型

$\tau_i(t)$  表示  $t$  时刻观测  $i$  上所保持的信息素大小,由两部分组成,一是经过  $i$  的蚂蚁所滞留的信息素,二是当有蚂蚁经过  $i$  邻域内的其他观测时产生的叠加,可以用下式表达

$$\tau_i(t) = \delta_i(t) + \sum_{k \in M, k \neq i} \Delta_k(t) \quad (1)$$

其中,  $M$  代表  $i$  邻域内的所有观测,蚂蚁  $k$  ( $1 \leq k \leq m$ ) 在为航迹选择观测的过程中,将根据观测上滞留的信息素随机地选择关联. 每只蚂蚁确定由航迹  $i$  指向观测  $j$  的关联可以根据下式确定

$$j = \begin{cases} \arg \max_{u \in U_k} \{[\tau_{iu}(t)] [\eta_{iu}]^\beta\}, & q < q_0 \\ J, & \text{其他} \end{cases} \quad (2)$$

其中,  $U_k$  表示蚂蚁  $k$  在本次关联中在当前航迹点允许选择的观测列表,  $\eta_{iu}$  为关联  $iu$  的能见度(启发信息),一般取  $\eta_{iu} = 1/d_{iu}$ ;  $q_0$  是初始设定的参数,  $q$  是一个随机采样的数,且  $q \in [0, 1]$ ;  $J$  是一个随机变量,作为蚂蚁  $k$  将航迹  $i$  分配给观测  $j$  的概率可按下式计算得到

$$p_{ij}^k(t) = \begin{cases} \frac{[\tau_{ij}(t)]^\alpha [\eta_{ij}]^\beta}{\sum_{l \in U_k} [\tau_{il}(t)]^\alpha [\eta_{il}]^\beta}, & j \in U_k \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (3)$$

其中,  $\alpha, \beta$  分别表示观测上的残留信息和启发信息对

蚂蚁选择转移方向时的影响权重,简单来讲  $\alpha$  代表了信息素对蚂蚁个体的影响程度,而  $\beta$  则代表了蚂蚁个体对信息素的采纳程度。

结合遗传算法的某些特征本文对信息素模型重新构造,根据自然界中的现象,同一蚁群中的蚂蚁个体也存在着优劣之分,因此本文在构造蚁群时随机为每只蚂蚁分配一系列二进制的 0-1 编码作为每个个体的初始信息素强度.当种群的数目小于 60 时,6bit 的 2 进制编码就可以满足为每个蚂蚁个体都分配一个不同编码的需求(如:100110 代表初始信息素值为 76,011010 代表信息素值为 52),并对信息素模型做如下补充假设:

**假设 5** 每只蚂蚁携带的信息素值区间为  $[0, 1]$ .

**假设 6** 蚂蚁所经过路径上的信息素,会影响其邻域空间内的其他节点信息素.在此,规定某一节点的信息素会影响半径为  $r$  的范围内的其他节点,其浓度与距离成反比,并且只有不同个体之间的信息素才能产生叠加。

**假设 7** 当经过常量  $a$  代后,对蚁群个体进行交叉,变异操作,更新种群中的个体信息素。

设有  $m$  只蚂蚁,  $n$  条航迹,  $R_w$  和  $R_s$  分别代表未选航迹集合和已选航迹集合,初始状态下  $R_w$  为所有航迹的集合,  $R_s$  为空,其算法流程如图 1 所示。

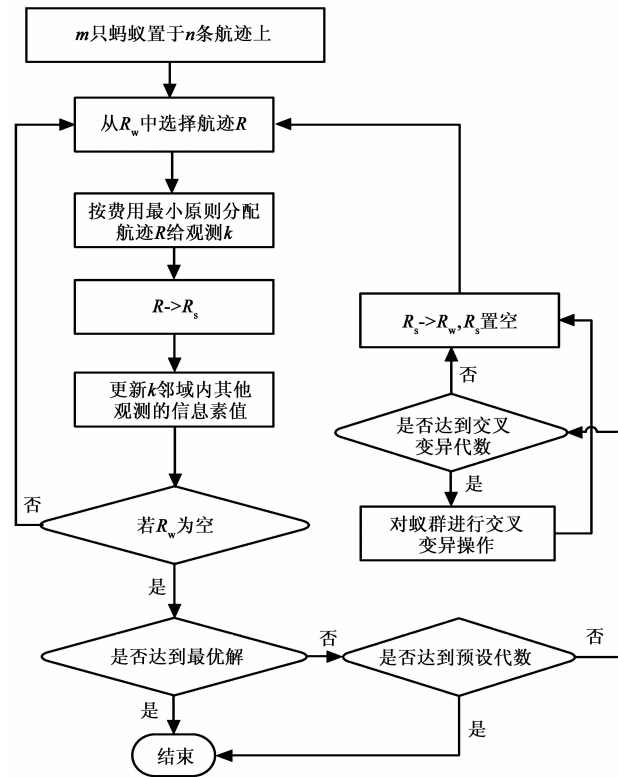


图1 AC-GADA算法流程示意图

种群中的蚂蚁在遍历所有航迹时首先从未选航迹集合中选择一个航迹点,按照转移规则,即启发函数来

选择对应的观测,随后将此航迹加入到已选航迹集合中,同时更新邻域内的其他观测点的信息素浓度值,当所有蚂蚁完成一次路径选择后,按照  $\lambda D_{max}$  更新阈值设定,  $\lambda$  为常量,算法在执行过程中对于每次只有很小概率与航迹关联的观测点或在其阈值区域内没有对应航迹的观测点将作为杂波或噪声进行舍弃.种群中蚂蚁个体所携带的染色体及交叉变异算子产生子代的示意如图 2~图 4 所示,如果达到预设的种群更新代数时,则按照交叉变异原则产生新的个体,采用轮盘赌的选择策略替换当前种群内的个体.利用遗传算法控制种群交叉变异的过程如下:



图2 蚂蚁个体携带信息素编码



图3 交叉算子产生子代示意

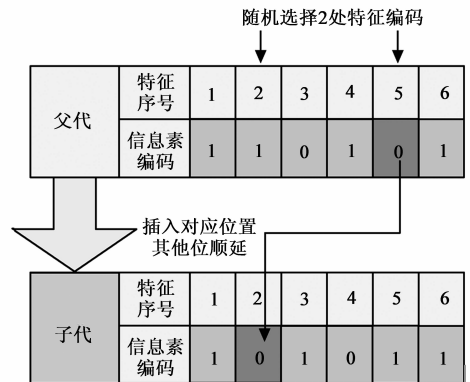


图4 变异算子产生子代示意

**步骤 1**  $t \leftarrow 1$ , 随机生成  $N$  个蚂蚁个体形成第一代种群  $P_1$ , 评价种群  $P_1$  的个体差异度值;

**步骤 2** 交叉:生成子代种群  $Q_t$  如下:

(1) 基于差异度值从  $P_t$  中选择 2 个个体  $x$  和  $y$ ;

(2) 应用交叉算子,生成子代,并添加到  $Q_t$  中;

**步骤 3** 变异:对每个个体  $x \in Q_t$  按照预设的变异

率应用变异算子;

**步骤 4** 选择: 从  $Q_t$  中选择  $N$  个个体并拷贝进入种群  $P_{t+1}$ ;

**步骤 5** 种群差异度判断: 基于个体差异函数, 对种群  $P_{t+1}$  计算其个体差异度值;

**步骤 6** 如果满足终止标准, 则返回当前种群; 否则,  $t \leftarrow t + 1$ , 并转向步骤 2 继续执行。

为保证初始及关联过程中种群的多样性, 本文参考了 Konak<sup>[7]</sup> 控制种群适应度的方法, 通过减小种群中密集区域的个体从而避免局部最优解得出现, 达到获得全局最优解得目的。本文中蚂蚁个体的信息素值通过二进制到十进制的转化及取模运算值域为  $[0, 1]$ , 保持种群多样性的算法如下:

**步骤 1** 在  $[0, 1]$  范围内规范化目标空间上计算任意 2 个个体  $x$  和  $y$  之间的欧氏距离, 如下:

$$dz(x, y) = \sqrt{\sum_{k=1}^K \left( \frac{z_k(x) - z_k(y)}{z_k^{\max} - z_k^{\min}} \right)^2}$$

其中,  $z_k(\cdot)$  为个体求模转化后的信息素值,  $z_k^{\max}$  和  $z_k^{\min}$  分别是当前种群中个体信息素的最大值和最小值。

**步骤 2** 基于步骤 1 中得到的距离, 对种群中每个个体计算小生境数(niche count), 如下:

$$nc(x, t) = \sum_{y \in P, r(y, t) = r(x, t)} \max \left\{ \frac{\sigma_{\text{share}} - dz(x, y)}{\sigma_{\text{share}}}, 0 \right\}$$

其中,  $\sigma_{\text{share}}$  为小生境大小。

**步骤 3** 调整每个个体的信息素值:

$$Z'(x, t) = \frac{Z(x, t)}{nc(x, t)}$$

此过程中,  $\sigma_{\text{share}}$  定义了一个蚂蚁个体信息素浓度的邻域。位于相同邻域的个体能够互相对其小生境数做出贡献, 因此, 在比较拥挤的邻域内的蚂蚁个体就具有一个较大的小生境数, 从而减小其被选中作为父代的概率, 小生境方法据此对种群中特定邻域内个体的繁殖进行限制。

## 4 实验对比及分析

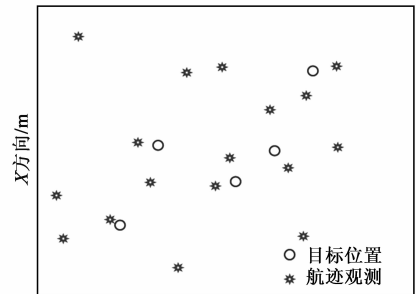
为验证算法的性能, 本文进行了仿真及对比试验, 首先对 5 目标跟踪进行了仿真实验, 在 5 目标跟踪实验中传感器的检测概率为  $P_D = 0.9$ , 杂波密度满足泊松分布, 启发函数为

$$\tau_i(t) = \delta_i(t) + \sum_{k \in M, k \neq i} \Delta_k(t) \quad (4)$$

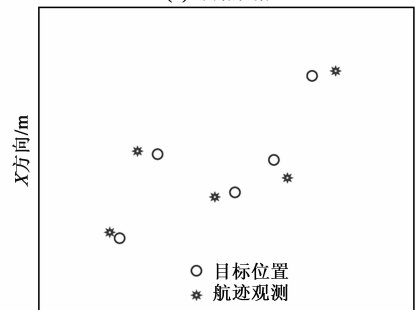
其结果如图 5 所示, 其中 \* 号表示传感器获得的航迹观测, o 表示目标位置, 图 5(a) 中包括较多杂波, 用关联门排除掉大部分杂波并用 AC-GADA 算法进行数据关联后的结果如图 5(b) 所示。

对于目标在三维空间中的六自由度运动, 当仅考

虑横向与纵向运动时, 航器的升降、偏航运动、横滚运动和俯仰运动被忽略即运动由侧向位移和纵向位移组成。实验中观测的采样时间间隔设为 1, 系统噪声和观测噪声服从均值为零的高斯分布, 两目标交叉情况下的关联结果如图 6 所示,  $X$  轴与  $Y$  轴则分别代表航器沿侧向与纵向的运动位移, 两目标均匀速运动且转弯角度小于  $2^\circ$ 。结合图 5, 图 6 可以看出 AC-GADA 算法能够正确的完成运动目标的关联。同时本文对 AC-GADA、ACDA、JPDA 3 种算法在关联准确率, 执行时间上进行了比较, 结果见表 1, 3 种算法的关联目标数为 50, 其中 ACDA 和 AC-GADA 算法中的种群数量取值为 40, 算法的执行时间为同等条件下执行 50 次结果的平均值。



(a) 原始数据



(b) 关联后数据

图 5 5 目标数据关联结果

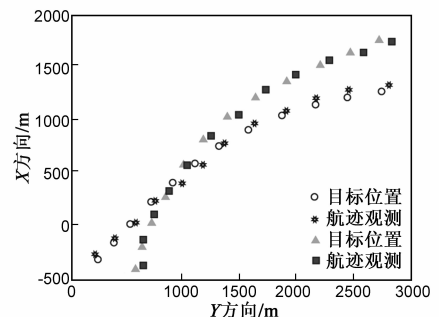


图 6 两目标交叉运动

表 1 算法性能比较

性能指标	JPDA	ACDA(40)	AC-GADA(40)
关联准确率	92.52%	88.10%	91.37%
算法执行时间	23.43	2.23	0.88

针对 ACDA 和 AC-GADA 两种优化算法,本文选取了 50, 80, 150, 200 四组不同的目标数进行关联,对关联准确率,迭代次数与执行时间进行了单独的比较,结果如表 2~表 5(其中括号内的数字代表种群大小分别为 20, 40, 60, 80, 100),对于两种算法我们将所有航迹与观测都建立完成关联视为一次迭代过程,从表中可以看出基于传统蚁群优化的 ACDA 算法在进行数据关联时,由于所关联的目标数固定,因此增加种群数目可以减少迭代次数加速算法的收敛,同时也会增加计算量即算法的执行时间.而改进后的 AC-GADA 算法,结合了遗传算法的特性同时对信息素扩散模型进行了完善,具有更快的收敛速度,迭代次数远低于 ACDA 算法.而对于算法关联的准确率方面,当种群数达到 40 后,AC-GADA 算法的关联准确率能够达到 90% 以上,远高于 ACDA 算法,当进一步增加种群数量时,虽然关联准确率会有相应的提升,但执行时间也会有小幅增加如表 3 至表 5 所示.因此,本文提出的 AC-GADA 算法结合了蚁群算法和遗传算法的优点,在性能上取得了较好的效果.

表 2 ACDA 与 AC-GADA 收敛速度与执行时间比较(目标数 50)

算法	关联准确率	迭代次数	执行时间(s)
ACDA(20)	82.38%	49	1.489
AC-GADA(20)	88.26%	42	0.197
ACDA(40)	88.23%	42	2.512
AC-GADA(40)	92.37%	34	0.928
ACDA(60)	89.83%	40	4.178
AC-GADA(60)	93.18%	23	1.865
ACDA(80)	84.55%	44	17.481
AC-GADA(80)	92.06%	16	2.393
ACDA(100)	90.36%	35	8.612
AC-GADA(100)	93.97%	16	2.947

表 3 ACDA 与 AC-GADA 迭代次数与执行时间比较(目标数 80)

算法	关联准确率	迭代次数	执行时间(s)
ACDA(20)	79.97%	69	5.936
AC-GADA(20)	86.58%	55	2.943
ACDA(40)	84.50%	63	8.719
AC-GADA(40)	89.18%	47	3.515
ACDA(60)	85.93%	54	12.003
AC-GADA(60)	90.45%	32	4.242
ACDA(80)	86.64%	41	14.985
AC-GADA(80)	91.87%	28	6.788
ACDA(100)	87.31%	38	16.047
AC-GADA(100)	91.78%	20	8.032

表 6,表 7 中给出了 JPDA 算法与 AC-GADA 算法在关联准确率与算法执行时间上的对比数据,其中括号内的数字(10, 50, 80, 200)分别代表了两种方法关联的目标数目,对每组目标分别进行了 100 次实验,取关联准确率与执行时间的平均值作为最终的实验结果.从表 6,表 7 中数据可以看出,随着关联目标数量的增加,

AC-GADA 算法始终保持着 90% 以上的关联准确率,同时算法的执行时间也远远优于 JPDA 算法.

表 4 ACDA 与 AC-GADA 迭代次数与执行时间比较(目标数 150)

算法	关联准确率	迭代次数	执行时间(s)
ACDA(20)	77.05%	80	8.813
AC-GADA(20)	82.68%	61	4.034
ACDA(40)	80.34%	68	9.998
AC-GADA(40)	89.76%	53	5.878
ACDA(60)	81.47%	61	15.041
AC-GADA(60)	90.18%	43	4.782
ACDA(80)	82.89%	46	19.881
AC-GADA(80)	91.06%	33	8.946
ACDA(100)	88.31%	42	25.854
AC-GADA(100)	92.46%	24	11.837

表 5 ACDA 与 AC-GADA 迭代次数与执行时间比较(目标数 200)

算法	关联准确率	迭代次数	执行时间(s)
ACDA(20)	73.05%	92	15.023
AC-GADA(20)	79.34%	65	7.622
ACDA(40)	77.68%	72	13.057
AC-GADA(40)	81.51%	59	9.462
ACDA(60)	79.80%	66	18.409
AC-GADA(60)	88.36%	51	7.013
ACDA(80)	80.21%	61	25.487
AC-GADA(80)	90.96%	42	10.042
ACDA(100)	81.06%	56	34.778
AC-GADA(100)	91.80%	37	13.760

表 6 JPDA 与 AC-GADA 关联准确率与执行时间比较(种群数 50)

算法	关联准确率	执行时间(s)
JPDA(10)	95.68%	5.347
AC-GADA(10)	95.29%	0.182
JPDA(50)	93.08%	25.137
AC-GADA(50)	92.86%	1.182
JPDA(80)	91.53%	78.920
AC-GADA(80)	91.12%	2.865
JPDA(200)	89.93%	231.054
AC-GADA(200)	90.40%	6.148

表 7 JPDA 与 AC-GADA 关联准确率与执行时间比较(种群数 80)

算法	关联准确率	执行时间(s)
JPDA(10)	95.88%	6.493
AC-GADA(10)	97.56%	1.813
JPDA(50)	93.01%	27.930
AC-GADA(50)	93.03%	2.463
JPDA(80)	91.76%	85.414
AC-GADA(80)	92.21%	7.832
JPDA(200)	89.79%	241.783
AC-GADA(200)	91.18%	9.886

由表 1 至表 7 的实验数据可以看出,与传统的 JPDA 算法相比 AC-GADA 算法在保证较高关联准确率的同时,算法的执行时间远远优于 JPDA 算法,而与同样基于蚁群算法的 ACDA 算法相比 AC-GADA 算法在关联准确率与算法执行时间上都存在明显的优势.

## 5 结束语

本文探讨的方法基于包含杂波数据条件下的多目标跟踪问题,通过遗传算法与蚁群算法的结合,有效地提高了数据关联的效率和准确度,利用遗传算法加速收敛的特性提高了数据关联的执行速度,同时通过改进信息素模型以及调整种群适应度避免了局部极值的出现,从而在多目标数据关联中达到了较高的准确率和执行速度。目前多种智能算法相结合应用是国内外研究的热门领域,将粒子群,神经网络等算法与本文研究的蚁群算法,遗传算法结合应用也是未来有待研究的方向。

### 参考文献

- [1] REID D. An algorithm for tracking multiple target[J]. IEEE Trans on Automat and Contr, 1979, 24(6): 84 - 90.
- [2] SAMUEL BLACKMAN, ROBER POPOLI. Design and Analysis of Modern Tracking Systems[M]. Boston: Artech House, 1999.
- [3] 康莉, 谢维信, 黄敬雄. 一种基于蚁群算法的多目标跟踪数据关联方法[J]. 电子学报, 2008, 36(3): 586 - 589.  
KANG L, XIE W X, HUANG J X. ACA based data association method for multi-target tracking[J]. Acta Electronica Sinica, 2008, 36(3): 586 - 589.
- [4] DEB S, YEDDANAPUDI M, PATTIPATI K R. A generalized S-D assignment algorithm for multisensor-multitarget state estimation[J]. IEEE Trans on AES, 1997, 33(2): 523 - 538.
- [5] 朱力立, 张焕春, 经亚枝. 一种基于模糊自适应 GA 的广义 S 维分配算法[J]. 模式识别与人工智能, 2004, 17(1): 82 - 86.  
ZHU L L, ZHANG H C, JING Y Z. A generalized S-D assignment algorithm based on a fuzzy adaptive GA [J]. Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 2004, 17(1): 82 - 86.
- [6] 胡炜薇, 赵坤, 杨莘元. 基于粒子群算法的广义 S 维分配算法[J]. 导弹与制导学报, 2005, 25(4): 791 - 795.  
HU W W, ZHAO K, YANG S Y. A generalized S dimensional assignment algorithm based on particle swarm optimization[J].

Journal of Projectiles, Rockets, Missiles and Guidance, 2005, 25(4): 791 - 795.

- [7] KONAK A, COIT D W, SMITH A E. Multi-objective optimization using genetic algorithms: A tutorial[J]. Reliability Engineering and System Safety, 2006, 91(9): 992 - 1007.

### 作者简介



**袁东辉** 男, 1980 年出生, 吉林长春人, 吉林大学博士生, 主要研究方向为智能算法、语义检索、集成电路测试集优化等。

E-mail: yuandonghui1230@163.com



**袁述** 男, 1954 年出生, 吉林长春人, 吉林工商学院高级实验师, 主要研究方向为人工智能、电路设计与优化、时序电路测试集生成等。

**孙基渊** 男, 1967 年出生, 黑龙江哈尔滨人, 空军哈尔滨飞行学院理论训练系主任, 主要研究方向为智能算法、飞行原理与空气动力学等。

**刘永波** 男, 1975 年出生, 黑龙江哈尔滨人, 空军哈尔滨飞行学院飞行原理教研室主任, 主要研究方向为智能算法、飞行原理与空气动力学等。

**李晶** 男, 1977 年出生, 黑龙江哈尔滨人, 空军哈尔滨飞行学院理论训练系研究员, 主要研究方向为机载电子设备、雷达导航、惯性捷联导航平台等。

**原琳** 女, 1984 年出生, 黑龙江哈尔滨人, 空军哈尔滨飞行学院理论训练系研究员, 主要研究方向为专家系统、逻辑推理与运算等。