

一种适用于无线传感器网络的遗传粒子滤波跟踪算法

邱晓晖^{1,2}, 缪飞¹, 刘钦富¹

(1 南京邮电大学 通信与信息工程学院, 江苏 南京 210003;
2 中国矿业大学 信息与电气工程学院, 江苏 徐州 221116)

[摘要] 针对 WSN 遗传粒子滤波跟踪算法的粒子集退化的问题, 提出了一种改进的遗传粒子滤波跟踪算法, 该算法在遗传交叉过程中同时随机选取新旧粒子集中的粒子进行交叉, 充分利用了父代优良基因, 并给出了交叉、变异概率等参数的选取方法。仿真结果表明: 与原算法相比, 改进的遗传粒子滤波算法在大噪声条件下改善了粒子贫乏问题, 提高了跟踪精度。

[关键词] 无线传感器网络, 数据融合, 贝叶斯估计, 粒子滤波, 遗传粒子滤波

[中图分类号] U491.2 [文献标识码] A [文章编号] 1672-1292(2010)03-0082-06

A Genetic Particle Filtering Algorithm Applied in Wireless Sensor Networks

Qiu Xiaohui^{1,2}, Miao Fei¹, Liu Qinfu¹

(1 College of Communication and Information Engineering Nanjing University of Post and Communications Nanjing 210003, China
2 School of Information and Electrical Engineering China University of Mining and Technology, Xuzhou 221116 China)

Abstract In this paper an improved genetic particle filter tracking algorithm is proposed to solve particle set degradation which in WSN genetic particle filter tracking algorithm. The algorithm selects new and old particle randomly in the process of genetic cross fully utilizes the good genes and gives methods of selecting crossover and mutation probability. Parent good genes are full used. Simulate result shows that compared with original algorithm, the new algorithm improved particle-poor issue in big noise situation, and the tracking accuracy can be improved obviously.

Key words WSN, data fusion, Bayesian estimation, particle filtering, genetic particle filters

无线传感器网络 (WSN)^[1-2]广泛应用于军事、环境、医疗保健、空间探索及各种商业领域。运动目标跟踪是 WSN 的重要应用之一, 与传统跟踪技术相比, 基于 WSN 的目标跟踪将更精细、可靠、及时和隐蔽, 且成本更低、功耗更小。然而, 由于 WSN 存在着节点硬件资源受限、无线链路易受干扰、网络拓扑结构易动态变化、实时性要求高且经常遭受周围环境影响等特点, 因此许多传统的跟踪算法并不适合 WSN, WSN 目标跟踪成为 WSN 研究领域的重要内容之一。

目前, WSN 目标跟踪算法^[3-8]主要包括: 基于二进制探测的目标跟踪算法、基于精确定位的跟踪算法、时空组合定位算法及基于粒子滤波 PF (Particle Filter)^[9-12]的跟踪算法等。其中, 基于二进制的 CTBD (Cooperative Tracking with Binary Detection) 算法和 BPS (Binary Proximity Sensors) 算法针对 WSN 节点功能有限的特点, 仅根据目标是否在其最大探测范围内进行目标跟踪, 但跟踪精度较差; 基于节点精确定位的 DSLT (Decentralized Source Localization and Tracking) 跟踪算法是一种基于信号强度进行定位的分布式定位跟踪算法, 对信号收发强度有较高要求; 时空组合定位利用空间节点组合与目标之间的相对位置信息进行定位跟踪; 基于粒子滤波的跟踪算法跟踪精度较好, 可用于非线性非高斯环境下机动目标的跟踪。本文针对粒子滤波跟踪算法的粒子退化问题给出了一种遗传粒子滤波跟踪算法。

收稿日期: 2010-05-20

基金项目: 中国博士后基金 (20080431126)、毫米波国家重点实验室开放基金 (K200903 K200803)、江苏省博士后基金 (0702033B)、江苏省自然科学基金 (BK2008429)。

通讯联系人: 邱晓晖, 博士, 副教授, 研究方向: 现代信号处理。E-mail: qiaoh@njupt.edu.cn

1 粒子滤波算法原理与遗传重采样

目标跟踪本质上是对目标的位置、速度等状态进行估计,为了有效解决贝叶斯估计理论在实际中难以实现的问题,近年来人们提出了一种数值求解方法用于目标跟踪,即粒子滤波算法,该算法由预测、更新、权值评估及重采样等步骤构成。假设 x_k 表示系统在 k 时刻所处的状态, z_k 表示 k 时刻的测量值, $z_{1:k} = \{z_1, z_2, \dots, z_k\}$, $x_{1:k} = \{x_1, x_2, \dots, x_k\}$ 分别为至 k 时刻为止的所有测量值、状态变量值的集合,那么粒子滤波算法的具体实现过程为

(1) 初始化. 产生粒子集 $\{x_0^i\}_{i=1}^N$, 即根据 $p(x_0)$ 分布采样得到的 x 样本集 $\{x_0^i\}_{i=1}^N$, 所有粒子的权值均设为 $\frac{1}{N}$, 重采样门限为: $N_{th} = N/2$

(2) 重要性采样.

(a) 从重要性函数 $q(x_k | x_{0:k-1}, z_{1:k})$ 中采样得到粒子集 $\{x_k^i, w_k^i\}_{i=1}^N$. 这里选择概率密度函数作为重要性密度函数. 即:

$$q(x_k | x_{0:k-1}, z_{1:k}) = p(x_k | x_{k-1}). \quad (1)$$

(b) 计算粒子权值并归一化

$$w_k = w_{k-1} \frac{p(z_k | x_k) p(x_k | x_{k-1})}{q(x_k | x_{0:k-1}, z_{1:k})} = w_{k-1} p(z_k | x_k), \quad (2)$$

权值归一化:

$$w_k(x_{0:k}^i) = \frac{w_k(x_{0:k}^i)}{\sum_{i=1}^N w_k(x_{0:k}^i)}. \quad (3)$$

(3) 判断是否执行重采样过程, 若:

$$N_{eff} = \frac{1}{\sum_{i=1}^N (w_n^i)^2} < N_{th}, \quad (4)$$

则转步骤 4 否则转步骤 5

(4) 重采样. 以概率 $\{w_k^i, i = 1, 2, \dots, N\}$ 进行均匀采样 N 次, 从粒子集合 $\{x_{1:k}^i, w_{1:k}^i; i = 1, 2, \dots, N\}$ 映射到新的集合 $\left\{x_{1:k}^i, \frac{1}{N}; i = 1, 2, \dots, N\right\}$, 产生新的权重相等的样本序列.

(5) 输出. 计算估计值: $x_k = \sum_{i=1}^N w_k^i x_k^i$.

虽然粒子滤波算法采用重采样方法很好地解决了粒子退化问题,但同时也带来了粒子贫乏问题,即具有较大权重的粒子被多次选取,采样结果中包含了许多重复点,使粒子失去了多样性.由此造成的后果是一旦目标丢失或跟踪精度不够,系统自动收敛的可能性很小.针对重采样中粒子有效性与多样性的两个矛盾,人们提出了遗传重采样算法.遗传重采样算法的核心是:首先,根据粒子的权值,以选择概率 p_s 按轮盘赌的方法从旧粒子集 $\{x_k^i, w_k^i\}_{i=1}^N$ 中选出 $N_s = N * p_s$ 个新粒子,得到粒子集 $\{x_k^{\hat{i}}, w_k^{\hat{i}}\}_{i=1}^{N_s}$.其次,对得到的粒子集 $\{x_k^{\hat{i}}, w_k^{\hat{i}}\}_{i=1}^{N_s}$ 以概率 p_c 进行交叉处理,即交换两个随机选取的粒子的某一随机位,得到新粒子集 $\{x_k^{\hat{i}}, w_k^{\hat{i}}; x_k^{\hat{j}}, w_k^{\hat{j}}\}, i = 1, 2, \dots, N_s, j = 1, 2, \dots, N_s$.其中 $N_c = N * p_c$.然后,对粒子集 $\{x_k^{\hat{i}}, w_k^{\hat{i}}; x_k^{\hat{j}}, w_k^{\hat{j}}\}$ 以变异概率 p_m 对粒子集做变异操作,即改变随机选取的粒子的某一随机位,得到新粒子集 $\{x_k^{\hat{i}}, w_k^{\hat{i}}; x_k^{\hat{j}}, w_k^{\hat{j}}; x_k^{\hat{k}}, w_k^{\hat{k}}\}, i = 1, 2, \dots, N_s, j = 1, 2, \dots, N_s, k = 1, 2, \dots, N_m$, 其中 $N_m = N * p_m$.此时,新粒子集 $\{x_k^{\hat{i}}, w_k^{\hat{i}}; x_k^{\hat{j}}, w_k^{\hat{j}}; x_k^{\hat{k}}, w_k^{\hat{k}}\}$ 中总共有 $N' = N_s + N_c + N_m$ 个粒子.最后,再从粒子集 $\{x_k^{\hat{i}}, w_k^{\hat{i}}; x_k^{\hat{j}}, w_k^{\hat{j}}; x_k^{\hat{k}}, w_k^{\hat{k}}\}$ 中选取权值最大的 N 个粒子作为最终结果 $\{x_k^i, w_k^i\}_{i=1}^N$.这里涉及的概率可取经验值 $p_s = 0.8, p_c = 0.4, p_m = 0.1$.由于 p_s, p_c, p_m 之和大于 1,显然 $N' > N$.该算法进行选择、交叉、变异操作时均采用轮盘赌算法选择被操作粒子.

尽管遗传粒子滤波算法改善了原粒子滤波的粒子贫乏问题,但算法仍存在以下问题:

- 1) 很难找到适合所有不同应用情况的最佳固定概率值 p_s, p_c 和 p_m
- 2) 当粒子集退化比较严重时,个别粒子的权值将变的很大,采用轮盘赌算法选择被操作粒子时,旧粒

子在新粒子集中出现的概率和被复制的次数与粒子的权重成正比,因此权重大的粒子在新粒子集中出现的概率变大,被复制的次数增加,容易出现粒子贫乏。而且,交叉操作又是在粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 中进行,用于交叉操作的两粒子仍采用轮盘赌的方法选取,被选中两粒子为同一旧粒子复制品的概率将变得很大,则会导致遗传算法的效率降低。

2 改进的遗传粒子滤波算法

针对上述遗传粒子滤波算法存在的问题,提出改进的粒子选取策略和交叉变异概率自适应选取方法。

2.1 粒子选取策略

粒子选取策略是指在遗传粒子滤波重采样过程中粒子的选择、交叉、变异策略。本文提出的策略具体包括以下内容。

选择策略: 以粒子的权值为选择概率 p , 采用轮盘赌算法对粒子进行选择, 选出 N 个新粒子构成新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 。

交叉操作: 在旧粒子集 $\{x_k^i, w_k^i\}_{i=1}^N$ 和新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 中选取两粒子进行交叉, 交叉概率为 p_c 。粒子选取方式采用随机选取法, 不采用原算法中使用的轮盘赌法。即任意产生一随机数 i 在新旧粒子集中分别取对应的粒子 x_k^i 和 \hat{x}_k^i 进行交叉操作产生两个新粒子 $\hat{x}_k^{i_1}$ 和 $\hat{x}_k^{i_2}$ 任选其一代替 x_k^i , 从而得到新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 。交叉操作共产生 $N_c = N * p_c$ 个新粒子。

变异策略: 对粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 以概率 p_m 进行变异操作, 其中粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 为经过选择和交叉操作后得到的粒子集。变异粒子选取方式采用随机选取法, 不采用原算法中使用的轮盘赌法。即任意产生一随机数 i 在新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 中选取对应的粒子 \hat{x}_k^i , 并对其进行变异操作产生一个新粒子 $\hat{x}_k^{i_1}$ 代替原粒子 \hat{x}_k^i , 从而得到新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 。变异操作共产生 $N_m = N * p_m$ 个新粒子。

由于轮盘赌算法使权重大的粒子被选中的几率大, 而采用随机选取法则使每个粒子选中的概率一样, 因此改进的粒子选取策略通过随机选取法增加了粒子遗传、变异机会, 从而改善了粒子贫乏问题。同时, 与原算法只在新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 任选两个粒子进行交叉不同, 取而代之的是改进算法在新旧粒子集中同时选取粒子, 不仅使优良基因得以保留, 而且也提高了交叉的效率。

2.2 交叉概率 p_c 和变异概率 p_m 的自适应调整

遗传算法的交叉概率和变异概率是影响遗传算法行为和性能的关键因素。交叉概率 p_c 越大, 产生的新粒子个数越多, 越有利于增加粒子的多样性, 克服粒子退化, 然而 p_c 过大时遗传模式被破坏的可能性也就越大, 使得算法的不稳定性与粒子集结构被破坏的可能性加大。但如果 p_c 过小, 产生的新粒子数量少, 粒子多样性难以提高。类似地, 变异概率 p_m 也存在同样问题。另外, 很难找到适合所有不同应用场合的 p_c 和 p_m 最佳值。目前, 人们将自适应遗传搜索算法引入遗传粒子滤波以解决交叉概率 p_c 和变异概率 p_m 的自适应调整。具体为:

$$p_c = k_1 N_{\text{eff}} \tag{5}$$

$$p_m = k_2 N_{\text{eff}} \tag{6}$$

其中, k_1, k_2 为调整系数, 有效采样尺度 N_{eff} 反映了粒子的退化程度, 是有效粒子个数的标志。由于

$$N_{\text{eff}} = \frac{1}{\sum_{i=1}^N (w_n^i)^2}$$

所以 N_{eff} 越小, 表明只有个别粒子权重较大, 而其他多数粒子权重较小, 重采样后只有个别权重较大的粒子得到保留, 结果导致粒子贫乏, 退化严重。如果交叉概率 p_c 、变异概率 p_m 值与 N_{eff} 成反比, 那么粒子退化时, 即 N_{eff} 减小时, 就可以通过较大的 p_c 和 p_m 提高粒子的丰富度, 从而改善粒子退化问题。

然而, N 与 N_{eff} 具有正相关性, 即 $N \rightarrow \infty$ 时 $N_{\text{eff}} \rightarrow \infty$, 引起 $p_c \rightarrow 0, p_m \rightarrow 0$ 导致粒子数量较大时粒子进化停滞。因此, 本文提出可抑制进化停滞的 p_c 和 p_m 调整算法:

$$p_c = \begin{cases} k_1 + \frac{N_{\text{th}} - N_{\text{eff}}}{N - N_{\text{eff}}}, & P_c \leq 0.5 \\ 0.5 & P_c > 0.5 \end{cases} \tag{7}$$

$$p_m = \begin{cases} k_2 + \frac{0.2^* (N_{th} - N_{eff})}{N - N_{eff}}, & p_m \leq 0.2 \\ 0.2 & p_m > 0.2 \end{cases} \quad (8)$$

其中小正数 k_1, k_2 的作用是为了防止种群停止进化。

2.3 改进的遗传粒子滤波算法

综合前述, 本文改进的遗传粒子滤波算法与原粒子滤波算法的不同之处仅在于重采样过程不同, 其余部分与前述粒子滤波过程相同。改进算法的重采样部分如下:

(1) 选择. 以粒子的权值 w_k^i 为选择概率, 采用轮盘赌算法对粒子进行选择, 选出 N 个新粒子构成新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 。

(2) 交叉. 先根据式 (7) 计算交叉概率 p_c , 然后产生一个区间 $[1, N]$ 上均匀分布随机数 i 在新旧粒子集中分别取对应的粒子 x_k^i 和 \hat{x}_k^i 进行交叉操作产生两个新粒子, 任选其一代替 \hat{x}_k^i , 重复该过程, 直到产生 $N_c = N * p_c$ 个新粒子, 并构成新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 。

(3) 变异. 先根据式 (8) 计算变异概率 p_m , 然后产生一个区间 $[1, N]$ 上均匀分布随机数 i 在粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$ 中选取对应的粒子 \hat{x}_k^i 对其进行变异操作产生一个新粒子取代原粒子 \hat{x}_k^i , 重复该过程, 直到产生 $N_m = N * p_m$ 个新粒子, 并构成新粒子集 $\{\hat{x}_k^i, \hat{w}_k^i\}_{i=1}^N$, 并用于计算输出。

3 仿真与分析

3.1 基于改进遗传粒子滤波算法的 WSN 跟踪流程

假设当目标进入 WSN 监控区域时, 所有探测到目标的节点被激活, 各节点都能估计自身与目标的距离, 并通过头节点运行数据融合算法预估目标状态, 作为目标初始状态。在下一个时刻, 由头节点运行改进遗传粒子滤波跟踪算法, 以后不断重复该过程, 直到目标在监控区域消失。具体流程如下:

步骤 1 探测节点运行目标探测算法来探测目标的出现与否;

步骤 2 当目标出现时运行头节点选择算法确定融合信息的头节点;

步骤 3 头节点运行改进遗传粒子滤波跟踪算法 (设 l 个节点被选中参与当前时刻目标定位), 初始状态采用上一时刻的估计结果。

(1) 初始化 $i = 0$ 以前一头节点的估计结果作为初始状态, 根据目标已知的先验概率抽取 N 个粒子, 其初始权重为 $\frac{1}{N}$, 重采样门限为: $N_{th} = N / 2$

(2) For $i = 1, 2, \dots, l$

① 重要性采样. 采用原粒子滤波算法。

② 重采样. 采用改进遗传粒子滤波算法。

③ 预估目标位置 $x_l = \sum_{j=1}^N w_l^j x_l^j$ 。

$i = i + 1$ 转 ① 直到 $i = l$

步骤 4 转步骤 1 直到目标离开该区域, 头节点更新。

3.2 仿真

设目标在二维平面上运动, 目标的运动模型采用常数转弯 (CT) 和常速 (CV) 的混合模型, 测量过程是基于角度测量的。 k 时刻状态方程和测量方程分别描述如下:

$$\begin{aligned} X_k &= A \cdot X_{k-1} + B \cdot u_k, \\ z_k &= h(X_k) + v_k = \arctan\left(\frac{y_k - y'_k}{x_k - x'_k}\right) + v_k. \end{aligned}$$

其中, u_k 的每一分量均为服从高斯分布 $N(0, Q)$ 的白噪声; v_k 为服从 $v_k \sim N(0, \sigma^2)$ 的高斯白噪声。状态矢量 $X_k = [x, v_x, y, v_y, \Omega]^T$ 包括目标位置 (x, y) 、速度 (v_x, v_y) 、转弯率 Ω 。当目标运动服从 CV 模型时, 状态转移矩阵为:

$$A = \begin{bmatrix} 1 & T & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & T & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

当目标运动服从 CT 模型时, 状态转移矩阵为:

$$A = \begin{bmatrix} 1 & \frac{\sin(\Omega T)}{\Omega} & 0 & \frac{\cos(\Omega T) - 1}{\Omega} & 0 \\ 0 & \cos(\Omega T) & 0 & -\sin(\Omega T) & 0 \\ 0 & \frac{1 - \cos(\Omega T)}{\Omega} & 1 & \frac{\sin(\Omega T)}{\Omega} & 0 \\ 0 & \sin(\Omega T) & 0 & \cos(\Omega T) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

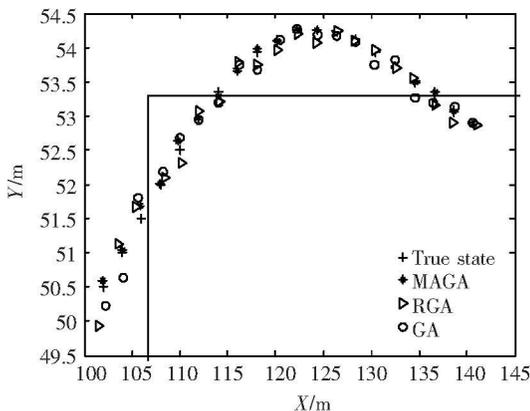
其中 T 是系统的观察周期. 矩阵 B 为:

$$B = \begin{bmatrix} \frac{T^2}{2} & 0 & 0 \\ T & 0 & 0 \\ 0 & \frac{T^2}{2} & 0 \\ 0 & T & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

设目标首先按 CV 模型运行 5 s 然后按 CT 模型运行 10 s 最后按 CV 模型运行 5 s 采样间隔为 1 s 初始位置 (100 50), 初始速度为 (2 0.5), 粒子数 $N = 1000$ 转弯率 $\Omega = 2^\circ/s$ 重采样门限为 $N_{th} = N/2$

仿真中本文改进跟踪算法的参数 k_1, k_2 分别取 0.01, 0.001 图 1 所示是噪声方差为 $\sigma^2 = 0.001$ 和 $Q = 0.01$ 时本文的改进遗传粒子滤波跟踪算法 (MAGA) 与遗传粒子滤波算法 (GA) 和基于轮盘赌的遗传粒子滤波算法 (RGA) 等两种典型跟踪算法的对比跟踪结果. 可以看出, 本文算法的跟踪结果更接近实际目标运动轨迹.

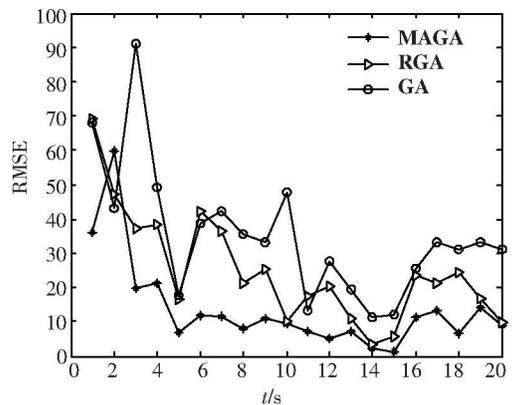
图 2 所示是噪声方差为 $\sigma^2 = 0.1$ 和 $Q = 2$ 时的大测量噪声情况下, 本文的改进算法 MAGA 与遗传粒子滤波 GA 算法和基于轮盘赌的 RGA 算法的跟踪均方根误差对比曲线. 这里的跟踪均方根误差由下式计算:



True State: 目标实际运动轨迹; MAGA: 本文改进的遗传粒子滤波跟踪算法结果; RGA: 基于轮盘赌的遗传粒子滤波算法; GA: 遗传粒子滤波算法

图 1 $\sigma^2=0.001$ 和 $Q=0.01$ 时运动目标实际轨迹和不同算法的跟踪轨迹

Fig.1 Comparison of root mean square error curve in tracking of MAGA, GA and RGA when $\sigma^2=0.001, Q=0.01$



MAGA: 本文改进的遗传粒子滤波跟踪算法结果; RGA: 基于轮盘赌的遗传粒子滤波算法; GA: 遗传粒子滤波算法

图 2 $\sigma^2=0.1$ 和 $Q=2$ 时运动目标实际轨迹和不同算法的跟踪轨迹

Fig.2 Comparison of root mean square error curve in tracking of MAGA, GA and RGA when $\sigma^2=0.1, Q=2$

$$\text{RMSE} = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N [(x'_k - x_k)^2 + (y'_k - y_k)^2]}$$

其中, (x'_k, y'_k) 表示 k 时刻滤波算法预估位置, (x_k, y_k) 表示 k 时刻目标真正位置. 由图中所示曲线可以看出, 本文改进算法的跟踪均方根误差较 GA 和 RGA 算法更小.

4 结论

本文研究了基于 WSN 的粒子滤波目标跟踪算法并针对粒子退化提出了改进的遗传粒子滤波跟踪算法, 该算法从粒子选取策略和交叉变异概率的可自适应调整两方面对原算法进行改进, 并通过仿真实验验证了改进算法的有效性.

[参考文献] (References)

- [1] Akyildiz I F, Weilian Su, Sankarasubramanian Y, et al. A survey on sensor networks[J]. *Communications Magazine, IEEE*, 2002, 40(8): 102-114.
- [2] Cullar D, Estrin D, Srivastava M. Overview of sensor network[J]. *IEEE Computer Society*, 2004, 37(8): 41-49.
- [3] Liu J, Cheung P, Zhao F, et al. A dual-space approach to tracking and sensor management in wireless sensor networks[C] // *Proceeding of the 1st ACM International Workshop on Wireless Sensor Network and Applications*. Atlanta: Association for Computing Machinery, 2003: 131-139.
- [4] Li D, Wong K, Akbar M, Sayeed. Detection classification and tracking of targets in distributed sensor networks[J]. *IEEE Signal Processing Magazine*, 2002, 19(2): 17-29.
- [5] Aiora A, Dutta P, Bapat S, et al. A Line in the Sand: a wireless sensor network for target detection, classification and tracking[J]. *Computer Networks*, 2004, 46(5): 605-634.
- [6] Mechtov K, Sundresh S, Kwon Y, et al. Cooperative tracking with binary-detection sensor networks[C] // *Proceeding of the 1st International Conference on Embedded Networked Sensor Systems (SenSys03)*. Los Angeles: Association for Computing Machinery, 2003: 332-333.
- [7] Fredrik G, Nicolas B, Urban F, et al. Particle filters for positioning, navigation and tracking[J]. *IEEE transactions on signal processing*, 2002, 50(2): 425-437.
- [8] Bergman N, Doucet A. Markov chain monte carlo data association for target tracking[C] // *Acoustics, Speech, and Signal Processing*, 2000 ICASSP'00 Proceedings, Turkey, 2000: IEEE International Conference on, 2000: 735-742.
- [9] Doucet A, Gordon N J, Krishnamurthy V. Particle filters for State estimation of jump markov linear Systems[J]. *IEEE Trans on Signal Processing*, 2001, 49(3): 1513-624.
- [10] Anulampalam M S, Maskell V, Gordon N, et al. A tutorial on particle filters for online non-linear/non-Gaussian bayesian tracking[J]. *IEEE Trans on Signal Processing*, 2002, 50(2): 174-188.
- [11] Crisan D, Doucet A. A survey of convergence results on particle filtering methods for practitioners[J]. *IEEE Trans Signal Processing*, 2002, 5(3): 738-746.
- [12] Kwok N M, Gu F, Zhou W Z. Evolutionary particle Filter resampling from the genetic algorithm perspective[C] // *IEEE the 2005 Intelligent Robots and System*. Canada, 2005: 2935-2940.

[责任编辑: 刘健]