

文章编号: 2095-2163(2019)04-0144-05

中图分类号: TP391.4

文献标志码: A

多伯努利滤波细胞追踪方法研究

邓洁妮, 张超越, 黄兆玮, 李宗泽, 史春妹

(东北林业大学 理学院, 哈尔滨 150040)

摘要: 现代医学诊断依赖于细胞运动状态的检查结果。为了准确获取活体细胞在一定时期内包括新生、分裂、消亡的生命活动的相关信息,为医学病理鉴定与研究提供准确可靠的实数据与定量分析结果,本文针对活体细胞追踪问题,将基于多伯努利滤波器(Multi-Bernoulli filter, MeMber)的多目标追踪技术引入微观细胞领域的追踪中。本文将细胞个体模拟为椭圆形,对目标形态进行了估计。运用数学形态学对椭圆形的长轴、短轴、核心坐标、倾斜角度等形态特征与运动特征进行测定。本文基于多伯努利滤波器推导了一种细胞追踪算法,在分析目标观测似然函数的基础上,把利用观测似然函数对预测得到的目标状态当成量测信息进行更新,从而消除预测时带来的误差与杂波的干扰。该方法可应用于一般细胞运动状态下的活体细胞追踪。通过仿真实验验证了所得算法的有效性。

关键词: 细胞追踪; 多伯努利滤波; 椭圆模型

MeMber filter cell tracking method

DENG Jieni, ZHANG Chaoyue, HUANG Zhaowei, LI Zongze, SHI Chunmei

(College of Science, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China)

[Abstract] Many medical diagnostic results depend on the results of the examination of the state of motion of the cells. In order to accurately obtain the information of living cells activities including newborn, division and extinction in a certain period of time, and provide accurate and reliable real data and quantitative analysis results for medical pathology identification and research, this paper will focus on the problem of live cell tracking. The multi-target tracking technique based on Multi-Bernoulli filter (MeMber) is introduced into the micro cell tracking. The innovation lies in the simulation of the individual cells into elliptical shapes, which are facilitated with the fitting of target shape. The shape parameters of a cell are uniquely determined by using mathematical morphology to measure features including the elliptical long axis, short axis, core coordinates, and tilt angle etc. The method can be applied to living cell tracking in general cell motion state. Finally, the effectiveness of the proposed algorithm is verified by simulation experiments.

[Key words] cell tracking; MeMber filter; ellipse model

1 研究背景

1.1 细胞追踪研究背景及其现状

细胞作为生命体基本的结构和功能单位,其形态及运动状态的变化对人体的生理及病理有着重要影响。活体细胞具有能动性,动态的反应生命过程,对其形态变化特征的研究有重要意义。国内外对细胞序列显微图像的研究重点已经从静态细胞图像序列分析转移到活体细胞的分析。在对活体细胞进行追踪时,活体细胞自身的能动性和不断进行的形态变化,给图像分析带来了挑战。因此,细胞图像序列中的细胞追踪方法一直是细胞学和生物学的重

要课题,传统的物理化学方法通常需要大量的人工操作,不仅可重复操作性弱、错误率高而且不能客观体现细胞的自然运动过程。目前细胞追踪算法主要有 Mean Shift 算法^[1]、图论和 Level Set 算法^[2]等。但这些算法在追踪活体细胞时都存在较为严重的缺陷。比如 Mean Shift 算法在追踪时受到目标大小变化的限制,当目标大小发生改变时无法实现相关的自适应跟踪,然而活体细胞的大小时刻处于变化状态,严重影响了跟踪的精确性。本文引入的多伯努利滤波^[3](MeMber)算法采用序贯蒙特卡洛实现形式,有效降低了计算复杂度,并可以准确提取目标区域,对目标进行快速跟踪。该算法应用领域广泛,主

基金项目: 中央高校基本科研业务费专项基金(2572018BC07);东北林业大学大学生创新训练项目(201810225465)。

作者简介: 邓洁妮(1998-),女,本科生,主要研究方向:多目标跟踪;张超越(2000-),男,本科生,主要研究方向:多目标跟踪;黄兆玮(1998-),男,本科生,主要研究方向:多目标跟踪;李宗泽(1998-),男,本科生,主要研究方向:多目标跟踪;史春妹(1987-),女,博士,讲师,主要研究方向:目标跟踪、随机滤波算法。

通讯作者: 史春妹 Email: shichunmei1210@gmail.com

收稿日期: 2019-04-23

要针对宏观的机动目标,如雷达预警、交通区域监控等。将 MeMber 算法引入微观细胞领域的研究资料很少,对于这方面的研究具有现实意义。

1.2 多伯努利滤波研究背景

20 世纪 90 年代, Mahler 系统地提出了有限集统计(Finite Set Statistics, FISST)^[4]理论,运用随机集统计学理论表达多目标状态估计,建立了由目标状态和量测值构成的随机有限集。目标的状态集和量测集均采用随机有限集(Random finite set, RFS)^[5]进行计算,可在贝叶斯滤波框架下根据每一时刻得到的量测值直接递归更新多目标状态的概率密度函数。但该算法的时间复杂度增长过快,有时甚至无法求解。为了简化计算, Mahler 提出了概率假设密度(Probability Hypothesis Density, PHD)^[6-7]滤波算法,与 RFS 理论中直接计算集合中所有多目标的联合后验概率分布相比, PHD 算法采用的是递推形式估计随机集变量的联合后验密度,从中获取单个目标的状态向量。目前的主要算法有高斯混合 PHD(GM-PHD)算法^[8]、粒子滤波 PHD(PF-PHD)^[9]及其多种改进算法。随后又提出了多目标多伯努利^[10](Multi-Target Multi-Bernoulli, MeMber)滤波、势平衡的多伯努利^[11](Cardinality-Balanced MeMber, CBMeMber)滤波算法等。其中, MeMber 滤波算法^[12-15]直接近似递推了多目标状态的后验概率密度,使得多目标跟踪问题的求解及其状态的递推估计更为直观。本文使用基于 MeMber 滤波框架下的细胞追踪算法对问题进行研究。

1.3 主要工作

针对一般活体细胞运动状态追踪问题,基于多伯努利滤波器方法,推导了一种细胞多伯努利跟踪滤波器。其基本思想是将细胞模拟为椭圆形,运用数学形态学对椭圆形的长轴、短轴、核心坐标、倾斜角度等形态特征与运动特征进行测定,确定一个细胞的唯一状态。把预测得到的目标状态当成量测信息进行更新以消除杂波干扰产生的影响。

2 算法的推导及基本步骤

2.1 随机有限集模型建立

定义 1 随机有限集(Random Finite Set, RFS)是由有限个元素组成的集合,定义随机有限为从样本空间 Ω 到 $\Psi(X)$ 的可测映射:

$$X_k = \{x_{k,1}, \dots, x_{k,N_k}\} \in \Psi(X), \quad (1)$$

其中, X 表示状态空间, $\Psi(X)$ 为 X 上所有有限子集构成的集合。

定义 2 RFS 多目标模型不考虑目标状态的顺序。对于传感器来说,量测起源是未知的。因此,在 RFS 框架下,定义 k 时刻 N_k 个目标状态 $x_{k,1}, \dots, x_{k,N_k}$ 和 k 时刻接收到的 M_k 个量测值 $z_{k,1}, \dots, z_{k,M_k}$ 为:

$$X_k = \{x_{k,1}, \dots, x_{k,N_k}\} \in \Psi(X), \quad (2)$$

$$Z_k = \{z_{k,1}, \dots, z_{k,M_k}\} \in \Psi(Z), \quad (3)$$

其中, $\Psi(X)$ 和 $\Psi(Z)$ 分别表示状态空间 $X \subseteq R^n$ 和量测空间 $Z \subseteq R^m$ 上所有有限子集的集合。

定义 3 假设给定 $k-1$ 时刻多目标状态集合为 $x_{k-1,1}, \dots, x_{k-1,N_k} \in X$, 在下一时刻以 $1-p_{s,k}$ 的概率消亡, 或者以 $p_{s,k}$ 的概率存活。同时, 假设 $f_{klk-1}(x_k | x_{k-1})$ 为多目标的状态转移概率密度, 可将 k 时刻多目标状态和相应量测建模为:

$$X_k = [U_{x_{k-1} \in X_{k-1}} P_{klk-1}(x_{k-1})] \cup [U_{x_{k-1} \in X_{k-1}} C_{klk-1}(x_{k-1})] \cup \Theta_k, \quad (4)$$

其中, $P_{klk-1}(x_{k-1})$ 表示从 $k-1$ 时刻到 k 时刻存活的目标状态集; $C_{klk-1}(x_{k-1})$ 表示衍生目标状态集; Θ_k 为 k 时刻新生目标的随机有限集。

对于量测而言,在测量过程中会受到杂波的干扰,因此建立描述检测不确定性和杂波的量测随机有限集模型:

$$Z_k = [U_{x_k \in X_k} [1]_k(x)] \cup \Delta_k. \quad (5)$$

其中, $[1]_k(x)$ 表示 k 时刻由目标状态 x_k 产生的量测随机有限集, Δ_k 表示 k 时刻的杂波。

2.2 基于 RFS 的滤波器

假设状态空间 $X \subseteq R^n$ 中的目标细胞在 k 时刻的状态为 x_k , 则其在量测空间 $Z \subseteq R^m$ 中对应的量测为 z_k , 借助贝叶斯滤波器, 可以通过 k 时刻的历史量测序列 $z_{1:k}$ 来递推估计状态 x_k 。目标状态 x_k 随时间的转移过程通过离散的马尔可夫过程^[12]表示:

$$x_k = f_k(x_{k-1}) + \omega_{k-1}, \quad (6)$$

其中, $f_k(x)$ 为目标在 k 时刻的状态转移密度, ω_{k-1} 表示目标运动过程噪音。由于传感器是基于离散时间进行检测的, 因此量测方程可按照如下方程进行计算:

$$z_k = h_k(x_k) + v_k, \quad (7)$$

其中, $h_k(\cdot)$ 和 v_k 分别表示 k 时刻的量测函数和量测噪声。

贝叶斯滤波原理的基本思想为基于所获得的量测值 $z_{1:k} = \{z_1, \dots, z_k\}$ 来计算目标的后验概率密度函数 $\pi(x_k | z_{1:k})$, 再由此计算出相关状态估计量。

设 x_1, \dots, x_n 是一组独立同分布的随机变量, 相对于未知参数 θ 的后验概率密度公式^[13]由下式给出:

$$\pi(\theta | x_1, \dots, x_N) = \frac{g(x_1, \dots, x_N | \theta) \pi(\theta)}{\pi(x_1, \dots, x_N)}, \quad (8)$$

其中, $g(x_1, \dots, x_N | \theta)$ 表示随机变量 x_1, \dots, x_N 在已知情况下参数 θ 的似然函数; $\pi(\theta)$ 是未知参数 θ 的先验分布; $\pi(\theta | x_1, \dots, x_N)$ 是参数的后验概率密度。因为贝叶斯滤波算法仅提供后验概率密度 $\pi(\theta | x_1, \dots, x_N)$ 的估计, 得到 $\pi(\theta | x_1, \dots, x_N)$ 的估计值后, 可由此计算出所需 x_k 的信息。单目标贝叶斯递推公式由下式给出:

$$\pi_{klk-1}(x_k | z_{1:k}) = \int f_{klk-1}(x_{klk-1}) \pi_{k-1}(x_{k-1} | z_{1:k-1}) \delta x_{k-1}, \quad (9)$$

$$\pi_k(x_k | z_{1:k}) = \frac{g_k(z_k | x_k) \pi_{klk-1}(x_k | z_{1:k-1})}{\int g_k(z_k | x_k) \pi_{klk-1}(x_k | z_{1:k-1}) dx_k}, \quad (10)$$

其中, $g_k(z_k | x_k)$ 表示单目标量测似然函数, $f_{klk-1}(x_k | x_{k-1})$ 表示单目标状态转移密度。

当各时刻目标的量测已知时, 观测历史似然函数为:

$$g_k(z_{1:k} | x_{1:k}) = g_1(z_1 | x_1) g_2(z_2 | x_2) \dots g_k(z_k | x_k), \quad (11)$$

在此基础上对单目标贝叶斯滤波器进行推广, 得到多目标后验概率密度递推公式由下式^[14]给出:

$$\pi_{klk-1}(X_k | z_{1:k}) = \int f_{klk-1}(X_k | X_{k-1}) \pi_{k-1}(X_{k-1} | z_{1:k-1}) \delta X_{k-1},$$

$$\pi_k(X_k | z_{1:k}) = \frac{g_k(z_k | X_k) \pi_{klk-1}(X_k | z_{1:k-1})}{\int g_k(z_k | X_k) \pi_{klk-1}(X_k | z_{1:k-1}) \delta X_k}.$$

其中, $\pi_k(X_k | z_{1:k})$ 表示 k 时刻多目标状态的后验概率密度; $f_{klk-1}(X_k | X_{k-1})$ 表示多目标状态转移密度; $g_k(z_k | X_k)$ 表示多目标量测似然函数。

2.3 预测与更新

2.3.1 假设与前提

(1) 任意时刻的多目标随机集合可以近似为一个多伯努利随机集合。

(2) 每一个细胞活动独立于其它细胞。并且新生的细胞活动独立于原生细胞。

(3) 杂波服从参数为 λ 的泊松分布。

2.3.2 目标预测

预测: 假设在 $k-1$ 时刻, 后验多目标细胞密度为多伯努利形式:

$$\pi = \{(r_{k-1}^{(i)}, p_{k-1}^{(i)})\}_{i=1}^{M_{k-1}}, \quad (12)$$

则预测的多目标密度也为多伯努利形式, 且由已经存在的细胞和新生成的细胞 2 部分组成, 表示为:

$$\pi_{klk-1} = \{(r_{p,klk-1}^{(i)}, p_{p,klk-1}^{(i)})\}_{i=1}^{M_{k-1}} \cup \{(r_{r,k}^{(i)}, p_{r,k}^{(i)})\}_{i=1}^{M_{r,i}}. \quad (13)$$

其中, $r_{p,klk-1}^{(i)} = r_{k-1}^{(i)} \langle p_{k-1}^{(i)}, p_{S,k} \rangle$; $p_{p,klk-1}^{(i)}(x) = \frac{\langle f_{klk-1}(x|\cdot), p_{k-1}^{(i)} p_{S,k} \rangle}{\langle p_{k-1}^{(i)}, p_{S,k} \rangle}$; $f_{klk-1}(\cdot | \zeta)$ 是给定状态 ζ 下单目标转移概率密度函数; $p_{s,k}(\zeta)$ 是给定状态 ζ 下目标存活概率; $\{(r_{\Gamma,k}^{(i)}, p_{\Gamma,k-1}^{(i)})\}_{i=1}^{M_{\Gamma,k}}$ 为 k 时刻的新生目标随机集的参数^[15]。

2.3.3 目标更新

更新: 假设在 k 时刻, 预测的多目标细胞密度为多伯努利形式:

$$\pi_{klk-1} = \{(r_{klk-1}^{(i)}, p_{klk-1}^{(i)})\}_{i=1}^{M_{klk-1}}, \quad (14)$$

则在给定的测量集 Z 下, 后验多目标细胞密度近似为多伯努利形式, 由上一时刻存活和更新 2 部分组成:

$$\pi_k \approx \{(r_{L,k}^{(i)}, p_{L,k}^{(i)})\}_{i=1}^{M_{klk-1}} \cup \{(\tau_{U,k}(z), p_{U,k}(\cdot; z))\}_{z \in Z},$$

$$r_{L,k}^{(i)} = r_{klk-1}^{(i)} \frac{1 - p_{D,k}}{1 - r_{klk-1}^{(i)} \langle p_{klk-1}^{(i)}, p_{D,k} \rangle},$$

$$p_{L,k}^{(i)} = p_{klk-1}^{(i)} \frac{1 - p_{D,k}}{1 - \langle p_{klk-1}^{(i)}, p_{D,k} \rangle},$$

$$r_{U,k}(z) = \frac{\sum_{i=1}^{M_{klk-1}} \frac{r_{klk-1}^{(i)} \langle p_{klk-1}^{(i)}, \psi_{k,z} \rangle}{1 - r_{klk-1}^{(i)} \langle p_{klk-1}^{(i)}, p_{D,k} \rangle}}{\kappa(z) + \sum_{i=1}^{M_{klk-1}} \frac{r_{klk-1}^{(i)} \langle p_{klk-1}^{(i)}, \psi_{k,z} \rangle}{1 - r_{klk-1}^{(i)} \langle p_{klk-1}^{(i)}, p_{D,k} \rangle}},$$

$$p_{U,k}(x; z) = \frac{\sum_{i=1}^{M_{klk-1}} \frac{r_{klk-1}^{(i)} p_{klk-1}^{(i)}(x) \psi_{k,z}(x)}{1 - r_{klk-1}^{(i)} \langle p_{klk-1}^{(i)}, p_{D,k} \rangle}}{\sum_{i=1}^{M_{klk-1}} \frac{r_{klk-1}^{(i)} \langle p_{klk-1}^{(i)}, \psi_{k,z} \rangle}{1 - r_{klk-1}^{(i)} \langle p_{klk-1}^{(i)}, p_{D,k} \rangle}}. \quad (15)$$

2.4 椭圆特征参数提取

根据文献[16]中基于误差理论的方法选取核心坐标 (x_0, y_0) , 长短半轴 (a, b) 以及倾斜角度 θ 作为未知椭圆的特征参数。

将细胞模拟成椭圆形, 如图 1 所示: 长轴为 $l_{k,1}$ 短轴 $l_{k,2}$; 水平线与长轴逆时针方向的夹角作为倾斜角 α_k 。

2.4.1 核心坐标 (x_0, y_0) 计算

假设由图像处理得到的 n 个边缘点 $q_i(x_i, y_i)$, 坐标以像素为单位, 其中 $i = 1, \dots, n$ 。

椭圆核心坐标由以下公式确定:

$$\begin{cases} x_0 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i, \\ y_0 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i. \end{cases} \quad (16)$$

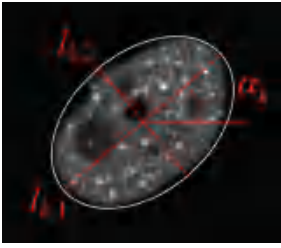


图 1 椭圆特征提取示意图

Fig. 1 Schematic diagram of ellipse feature extraction

2.4.2 椭圆长短半轴 (a, b) 计算

对量测得到的边缘点 $q_i(x_i, y_i), i = 1, \dots, n$ 进行中心化:

$$\begin{aligned} \hat{D}_{xx} &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - x_0)^2, \\ \hat{D}_{yy} &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - y_0)^2, \\ \hat{D}_{xy} &= \hat{D}_{yx} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - x_0)(y_i - y_0). \end{aligned} \quad (17)$$

并构造实对称矩阵 $D = \begin{pmatrix} \hat{D}_{xx} & \hat{D}_{xy} \\ \hat{D}_{xy} & \hat{D}_{yy} \end{pmatrix}$ 。则椭圆的

长短半轴计算公式如下:

$$\begin{aligned} \hat{a} &= \sqrt{\frac{1}{2}(D_x + D_y + A)}, \\ \hat{b} &= \sqrt{\frac{1}{2}(D_x + D_y - A)}. \end{aligned} \quad (18)$$

其中, $A = \sqrt{(D_{xx} - D_{yy})^2 + 4D_{xy}^2}$ 。

2.4.3 椭圆倾斜角度 θ 计算

定义椭圆长轴与水平线夹角为 $\theta(0 \leq \theta \leq \pi)$, 以逆时针方向为正方向。则椭圆倾斜角度 θ 可由下式计算得出:

$$\theta = \frac{1}{2} \tan^{-1} \frac{2D_{xy}}{D_{xx} - D_{yy}}. \quad (19)$$

由以上公式可得到在 k 时刻的椭圆参数量测集合: $v_k = \{v_k^1, \dots, v_k^{M_k}\}$, $v_k^i = [x_0, y_0, a, b, \theta]^T$ 为目标 i 的椭圆参数。

3 实验与性能分析

为了验证本文提出的 MeMber 滤波细胞追踪算法, 利用真实细胞实验和模拟细胞实验 2 方面评估算法的有效性。

3.1 模拟细胞实验

在细胞图像序列中, 将活体细胞模拟成椭圆形, 通过椭圆特征参数对目标细胞进行定位跟踪, 绘制出细胞的轮廓。本文推导算法的设计流程如图 2 所

示。

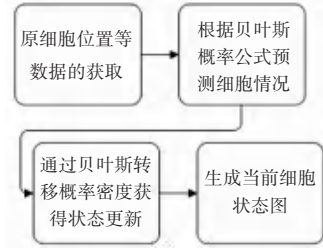


图 2 算法设计流程

Fig. 2 The flow chart of the tracking algorithm in this paper

利用 Matlab 进行仿真实验, 将多伯努利滤波应用在细胞追踪上。本次仿真实验的检测区域范围为 $[0, 512] \times [0, 512]$, 细胞存活概率 = 0.99, 测量中细胞被探测到的概率 $pd = 0.9$, 泊松平均杂波率 $\lambda = 5$, 均匀的杂波区域 $[0, 512] \times [0, 512]$, 上限阈值 = 100, 修剪阈值 = 10^{-4} 。从模拟细胞运动生成的细胞图像序列中选取部分目标进行追踪, 部分时刻运行结果如图 3-图 5 所示。

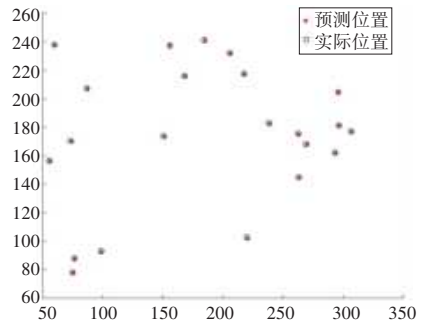


图 3 第 5 帧细胞状态估计结果

Fig. 3 Cell state estimation results at frame 5

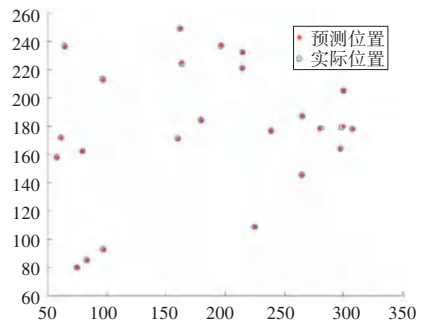


图 4 第 10 帧细胞状态估计结果

Fig. 4 Cell state estimation results at frame 10

由图 3-图 5 可知, 本文算法预测的活体细胞位置与实际细胞位置几乎重合, 预测效果较为精准。选取 20s 帧细胞数量进行对比, 由图 6 可知本文算法估计的目标细胞数量与实际细胞数量一致。具有较为良好的预测结果与数目估计结果。

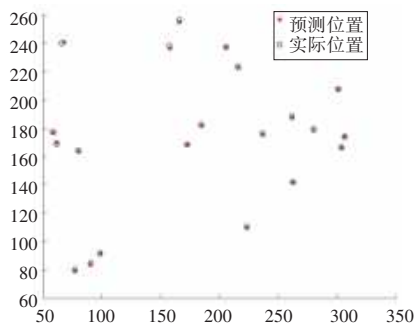


图5 第15帧细胞状态估计结果

Fig. 5 Cell state estimation results at frame 15

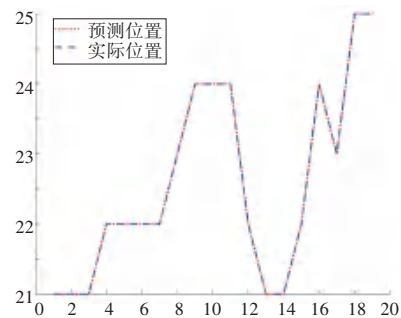


图6 细胞的数目估计图

Fig. 6 Estimation of the number of cells

3.2 真实细胞实验

本实验采用真实细胞图像序列,采用带有椭圆形状信息的多伯努利滤波对细胞进行状态估计。图7给出了状态估计结果,其中黄色区域带有红色边界的是真实细胞状态,绿色的椭圆表示细胞形态的估计结果。从图7发现,椭圆的估计形状以及位置信息与真实的细胞状态较为吻合,进一步验证了带有形状信息的多伯努利滤波算法在真实细胞状态估计中的有效性。

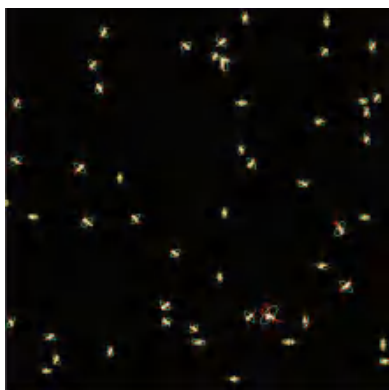


图7 真实细胞状态估计结果

Fig. 7 The state estimation results of real cell

4 结束语

本文提出了一种基于多伯努利滤波器细胞追踪算法,可应用于一般细胞运动状态下的活体细胞追

踪。从仿真实验结果看来,本文算法可较为准确地对活体细胞进行追踪,并具有精准的检测结果与跟踪效果。在未来的工作中,可以以此为基础,引入带标签的多伯努利滤波,对活体细胞进行进一步的识别与追踪,从而得出更为准确的结果。本文提出的算法具有计算量小,追踪效果良好的特点,但此算法还需进一步研究与改进。

参考文献

- [1] COMANICIU D, MEER P. Mean shift: A robust approach toward feature space analysis[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2002, 24(5):603-619.
- [2] SETHIAN J A. Level set methods and fast marching methods[J]. Journal of Computing and Information Technology, 1999, 11(1): 1-33.
- [3] COMANICIU D, MEER P. Mean shift: A robust approach toward feature space analysis[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2002, 24(5):603-619.
- [4] MAHLER R. Nonadditive probability, finite-set statistics, and information fusion[C]// Proceedings of the 34th IEEE Conference on Decision and Control. New Orleans, LA, USA; IEEE, 1995: 1947-1952.
- [5] CLARK C E. The greatest of a finite set of random variables[J]. Operations Research, 1961, 9(2):145-162.
- [6] MAHLER R P S. Multitarget Bayes filtering via first-order multitarget moments[J]. IEEE Transactions on Aerospace and Electronic systems, 2003, 39(4): 1152-1178.
- [7] VO B N, MA W K. The Gaussian mixture probability hypothesis density filter[J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2006, 54(11):4091-4104.
- [8] CLARK D E, PANTA K, VO B N. The GM-PHD filter multiple target tracker [C]// 2006 9th International Conference on Information Fusion. Florence, Italy; IEEE, 2007:1-9.
- [9] SIDENBALADH H. Multi-target particle filtering for the probability hypothesis density[C]// Proceedings of the 2003 Sixth International Conference of Information Fusion. Cairns, Queensland, Australia; IEEE, 2003:800-806.
- [10] GOSTAR A K, HOSEINNEZHAD R, BAB-HADIASHAR A. Multi-bernoulli sensor control for multi-target tracking [C]// IEEE Eighth International Conference on Intelligent Sensors, Sensor Networks and Information Processing. Melbourne; IEEE, 2013:1-8.
- [11] VO B T, VO B N, CANTONI A. The cardinality balanced multi-target multi-Bernoulli filter and its implementations [J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2009, 57(2):409-423.
- [12] 杜金瑞. 基于多伯努利滤波器的多扩展目标跟踪方法研究[D]. 兰州:兰州理工大学, 2018.
- [13] 王战. 多目标多伯努利滤波跟踪算法研究[D]. 西安:西安工程大学, 2016.
- [14] 王冬. 基于多伯努利滤波视频多目标跟踪算法[D]. 无锡:江南大学, 2017.
- [15] 邹其兵. 多伯努利滤波器及其在检测前跟踪中的应用[D]. 西安:西安电子科技大学, 2012.
- [16] 魏怡, 徐华中. 基于误差理论的椭圆识别快速算法[J]. 信息与电子工程, 2005, 3(4):249-252.