

# Study of Vehicle's Multi-sensor Fusion Algorithm Based on Artificial Immune Theory

Tang xinpeng<sup>1</sup>, Yang ming<sup>1</sup>

(1. HuaZhong University of Science and Technology, Wuhan, Hubei, 430074China)

**Abstract:** Based on the fundamental principle of immunology, an artificial immune model is designed for solving the freeway-running vehicle's multi-sensor fusion problem, which called for a method to fuse the data from CCD camera and Radar sensor, wipe out the disturbance and redundancy, and obtained the important navigating information like the line, distance and velocity of frontal automobiles.

**Keywords:** Artificial immune system, multi-sensor fusion, automotive

## 基于人工免疫理论的车载多传感器信息融合研究

唐新蓬<sup>1</sup>, 阳明<sup>1</sup>

(1.华中科技大学机械学院, 武汉市 430074)

**摘要:** 借鉴生物免疫学的基本原理, 设计了一种车辆多传感器信息融合的人工免疫模型。利用该模型, 主要解决装有 CCD 摄像机和激光雷达的车辆在高速公路上行驶时的信息融合问题。通过融合 CCD 摄像机和激光雷达实时探测得到的高速公路上本车前方的各种信息, 去除干扰和冗余, 最终得到前方各车所在车道、前方车辆的车速以及前方车辆与本车的距离等环境信息。

**关键词:** 人工免疫系统, 多传感器信息融合, 汽车

### 1 引言

随着对汽车安全性要求的日益提高, 人们需要使用大量不同种类的传感器来获取车辆和周围环境的信息<sup>[1]</sup>, 当传感器的种类和数量逐渐增多时, 这些传感器得到的信息就必然存在着冗余与相互干扰。如何能去除干扰得到更为准确的信息一直是所有研究人员希望通过信息融合<sup>[2]</sup>来解决的一道难题。近年来, 随着仿生学研究的不断深入, 各种生物免疫机理被用在了智能控制、优化、机器人等诸多领域, 并形成人工免疫的系统理论。但至今这一理论在车用多传感器信息融合研究方面应用还不是很深入。本文尝试通过应用人工免疫理论, 并结合车辆行驶过程中的特点来设计一种车辆在高速公路行驶中的多传感器信息融合算法。

### 2 车载多传感器信息融合模型

车辆在高速公路行驶时, 需要识别的基本外部信息有: 公路具有的车道数、本车所在车道、前方各车距本车的距离等(如图 1)。获取这些信息可以通过车载雷达和 CCD 摄像机。但是由于不同类型传感器各自的局限性, 任何单独一种传感器要准确的获取上述数据都比较困难。而简单的信息相加, 则可能由于单一传感器存在的干扰和不同的精度带来更大的误差。因此, 需要一种融合两种传感器信息的方法。这样的方法, 已有一些研究人员提出<sup>[3][4]</sup>。我们从人工免疫应答得到启发, 在此尝试将信息融合的过程与人工免疫联系起来, 按照免疫应答的机理来实现信息的融合。



图 1 通过传感器确定的外部环境信息

车载多传感器信息融合系统的输入为 CCD 摄像机和雷达传感器采集的数据。考虑到系统对实时性和处理速度的要求以及信息融合各种层次结构的特点, 采用决策层的数据融合方式<sup>[5]</sup>。即将两种传感器的信息进行预处理后, 完成特征抽取、识别或判决, 从而得到 CCD 摄像机和雷达数据(将这些输入数据定义为抗原)。而系统的输出, 是一个针对某一时刻车辆外部场景的描述, 包括该时刻车道数和本车的位置, 如果前方有车辆, 还应包含各车辆所处的车道位置、车距、车速、车辆外

形等信息（将这些输出数据定义为抗体）。

从免疫细胞的组成原理<sup>[6]</sup>出发，信息融合模型中的抗原和抗体能分解为一个一个的基因段，而每个基因段则由多个基因组成。对于本文所讨论的问题，采用实数的基因编码方式，相对于传统的二进制方式，实数更易于计算处理，也能更直观的反映问题。如图2所示，CCD摄像机抗原（ $ag\_C$ ）包含有两种基因段：公共基因段和前方车辆的基因段。公共基因段（ $ag\_C_0$ ）包括两个基因：道路的车道数（ $N=ag\_C_0(1)$ ）和本车所在车道（ $Ls=ag\_C_0(2)$ ），因此它主要反映的是本车的信息。前方车辆的基因段（ $ag\_C_i, i=1,2,\dots,15$ ）由三个基因构成，即，前车所在车道（ $Lc=ag\_C_i(1)$ ）、车距（ $Dc=ag\_C_i(2)$ ）和车型基因（ $Sc=ag\_C_i(3)$ ）信息。前方所有车辆按从左至右、从近到远的顺序分为这样一个一个的基因段，比如  $ag\_C_1=[Lc_1, Dc_1, Sc_1]$  基因段表示所有被探测车辆中处于最左边车道、且离本车最近的车辆信息。如果此时  $Lc_1=1$  表示该车在第1车道，如果  $Lc_1=2$  表示该车在第2车道（第1车道上无车行驶）。CCD摄像机抗原中可以有15个这样的基因段，也就是可以同时探测前方的15辆车，这是根据CCD摄像机的探测能力和分辨率来确定的。根据其探测能力，雷达抗原（ $ag\_r_j, j=1,2,\dots,15$ ）不包含公共基因段，它仅由前方车辆基因段组成，每个基因段都包含三种基因信息：前方车辆所在车道（ $Lr=ag\_r_j(1)$ ）、车距（ $Dr=ag\_r_j(2)$ ）和车速（ $Vr=ag\_r_j(3)$ ）。可以同时识别两种抗原的抗体（ $ab\_group$ ）具有两种类型的基因段：公共基因段和前方车辆基因段。抗体的公共基因段表示为  $ab\_group_0=[N, Ls]$ ，其中  $N=ab\_group_0(1)$  为道路的车道数， $Ls=ab\_group_0(2)$  为本车所在车道基因。而前方车辆基因段（ $ab\_group_i=[L_i, D_i, V_i, S_i], i=1,2,\dots,15$ ）则包含前方车辆所在车道  $L$ 、车距  $D$ 、车速  $V$  和车型基因  $S$ 。在抗原和抗体中，当前方探测到的车辆或者结果中的车辆没有15辆时，则将相应基因段中基因置0。

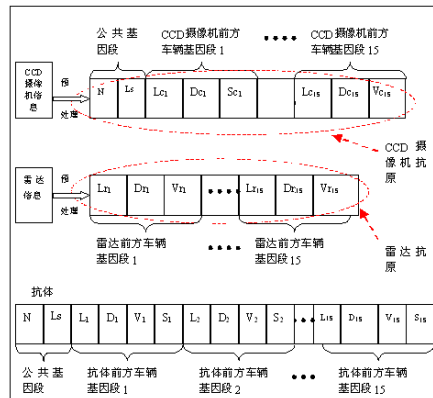


图2 抗原和抗体的基因组成

以上所述各基因的取值范围和物理意义如下：

- (1) 车道数基因（ $N$ ）：取值范围为1~3。分别表示道路具有1、2或者3个车道；
- (2) 本车所在车道基因（ $Ls$ ）：取值范围为1~3。分别表示本车所在车道为1、2或者3；
- (3) 前方车辆所在车道基因（ $L$ ）：取值范围为1~3。分别表示前方车辆所在车道为1、2或者3；
- (4) CCD摄像机探测到的前车距本车距离基因（ $Dc$ ）：取值范围为1~250m，以5m为单位递增；
- (5) 雷达探测到的前车距本车距离基因（ $Dr$ ）和抗体中前车距离本车车距基因（ $D$ ）：取值范围为1~250m，以1m为单位递增；
- (6) CCD摄像机探测到的前车车型基因（ $Sc$ ）和抗体中前车车型基因（ $S$ ）：取值范围为1~5。当取值为1时，表示该车为微型车，取值为5时，表示该车为大型货车或客车，当该基因取值增大，表示车辆尺寸增大；
- (7) 雷达探测到的前车车速基因（ $Vr$ ）和抗体中前车车速基因（ $V$ ）：取值范围为1~160km/h，以1km/h为单位递增。

例如：当  $ag\_C=[3 \ 2 \ 1 \ 160 \ 3]$ ，它表示CCD摄像机探测到公路有三个车道，本车位于第2车道。另外探测到在车道1上距离本车160m前方处有一辆中型车辆在行驶； $ag\_r=[1 \ 120 \ 132 \ 2 \ 240 \ 92]$ 表示雷达探测到前方车道1上有一辆车距离本车120m，车速为132km/h，另外在车道2上距离本车240m还有一辆车速为92km/h的车辆在行驶；抗体  $ab\_group=[3 \ 2 \ 1 \ 124 \ 112 \ 2 \ 2 \ 144 \ 92 \ 4]$ 表示公路共有三条车道，本车行驶在车道2上，前方车道1上有一辆距离本车124m，行驶速度为112km/h的较小型车辆在行驶，在车道2上有一辆距离本车144m，行驶速度为92km/h的较大型车辆在行驶。

### 3 车载多传感器信息融合算法

由于在传感器（抗原）中可能存在各种误差、干扰，从而导致某些信息错误、缺失，甚至两种传感器探测到的前方车辆数量也可能是不同的，这就需要计算抗原间的匹配度。所谓匹配度，指两种抗原中，不同前方车辆基因段  $ag\_C_i$  或  $ag\_r_j$  表达为同一辆车的可能性大小。匹配度的计算方法见图 3，主要是通过计算两种抗原不同基因段相对应基因位差值的大小来确定其匹配度。

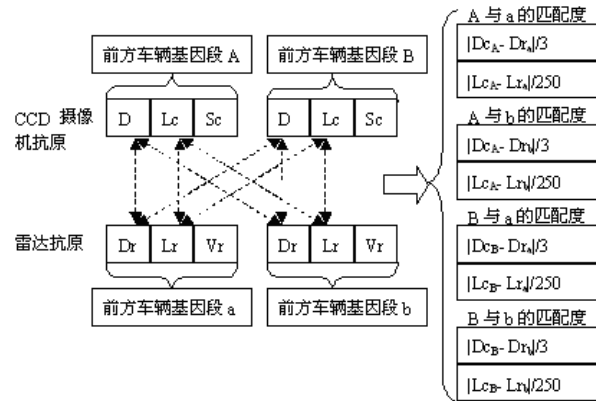


图 3 CCD 摄像机和雷达抗原匹配度计算

图中  $|Dc_A - Dr_a|/3$  表示  $ag\_C_A$  与  $ag\_r_a$  基因段中的车道基因差值的绝对值除以该基因位的取值范围，得到两者车道位的匹配度， $|Lc_A - Lr_a|/250$  中的 250 表示车距基因位的取值范围，该式得到两者车距位的匹配度。这两个匹配值（车道位基因和车距位基因）就构成了  $ag\_C_A$  与  $ag\_r_a$  基因段之间的匹配度。

求得匹配度后，与匹配度阈值比较，如果小于阈值，则代表两者能正确匹配，说明两个基因段表达的是同一辆车。对于能正确匹配的两种抗原，提取其各自基因信息，组合为能识别两者的抗体。

由于传感器可能存在探测局限和外部干扰而出现失常或失真，从而使两种抗原不能匹配，此时就要利用车辆行驶过程中的状态延续性（即通过上一时刻的状态和动作判断下一时刻的状态），对上一时刻抗体克隆，得到新的子代抗体族（ $ab\_group$ ）和变异权值（ $P_{var}$ ）。此处克隆指的是将前方车辆基因段中的各个基因位按照变化可能的趋势和大小构成新的基因段，如果某种情况越可能发生，其克隆数量越多，就越可能将这些基因段组合成新的抗体。变异权值确定了车辆状态发生某种变化可能性的概率大小。比如上一时刻抗体中某一前方车辆的状态为  $ab\_group_i = [1 \ 210 \ 125 \ 2]$ ，在此时刻，车辆有可能继续在第 1 车道行驶，也可能移动到第 2 或第 3 车道，而根据实际经验，车辆留在同一车道的可能性大于移动到其他车道的可能性，而移动到相邻车道的可能性又大于移动到相隔车道的可能性。因而在克隆时，保持在车道的克隆数量为 Num1，对应的变异权值为 P1，而移动到车道 2、车道 3 的克隆数量为 Num2 和 Num3，对应的变异权值为 P2 和 P3。此处  $Num1 > Num2 > Num3$ ， $P1 > P2 > P3$ 。其他的克隆变异规则可参见表 1。

表 1 抗体基因的克隆变异规则

| 抗体基因  | 克隆变异规则                                                           |
|-------|------------------------------------------------------------------|
| 车道位 L | 保持在同一车道的变异权值和克隆数量 > 移动到旁边车道的变异权值和克隆数量 > 移动到相隔一条车道的另一车道的变异权值和克隆数量 |
| 车距位 D | 按照正态分布，保持上一时刻车距的变异权值和克隆数量最大。而当车距变化越大，相应的变异权值和克隆数量越小              |
| 车速位 V | 按照正态分布，保持上一时刻车速的变异权值和克隆数量最大。而当车速变化越大，相应的变异权值和克隆数量越小              |
| 车型位 S | 保持上一时刻的车型的变异权值和克隆数量最大，当车型变化越大，相应的变异权值和克隆数量越小                     |

得到克隆抗体子代后，计算其中各抗体的亲合度  $\overline{Fit}$ （见图 4）。 $\overline{Fit}$  由三部分组成：抗体与上一时刻抗体间亲合度  $\overline{fit1}$ ，抗体与 CCD 摄像机抗原亲合度  $\overline{fit2}$ ，抗体与雷达抗原亲合度  $\overline{fit3}$ 。 $\overline{Fit} = \overline{fit1} + \overline{fit2} + \overline{fit3}$ 。其中，计算  $\overline{fit1}$  时要考虑变异权值，而计算  $\overline{fit2}$  和  $\overline{fit3}$  时则需考虑环境权值和统计权值。所谓的环境权值  $\overline{P_e}$ ，表达的是外部环境给两种抗原带来的影响。对应于 CCD 摄像机抗原和雷达抗原有不同的环境权值。CCD 摄像机抗原的环境权值有 3 位，分别表示外部环境对 CCD 摄像机探测的前方车辆所在车道、车距、车型的影响。相应的雷达抗原的环境权值也有 3 位，分别表示外部环境对雷达探测的前方车辆所在车道、车距、车速的影响。而统计权值  $\overline{P_s}$ ，指的是根据多次统计结果得到的预处理后不同传感器各基因位的准确性，表达

了两种传感器的探测能力。CCD 摄像机和雷达传感器的统计权值也各有三位，分别对应两种抗原的前方车辆状态基因段的三个基因位。

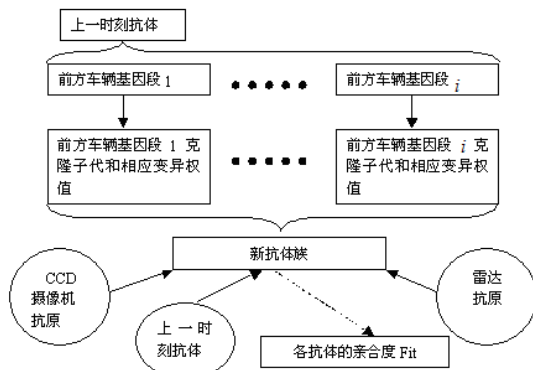


图4 抗体克隆变异和亲合度计算

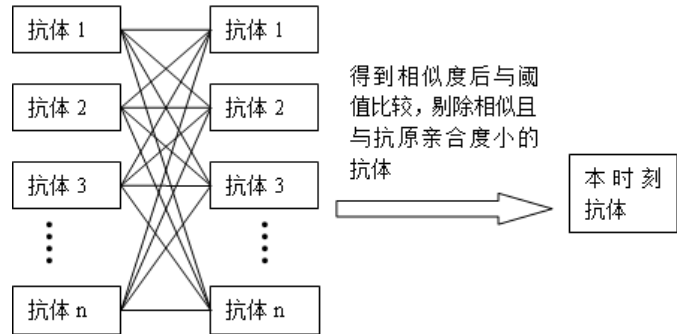


图5 阴性选择和抗体的形成

经过亲合度计算后，将结果与亲合度阈值比较，得到符合亲合度阈值的抗体组成新的抗体组，然后使用阴性选择算法来比较抗体组中抗体的相似度  $\bar{S}$ （见图 5）。相似度指的是两种抗体的相似程度，比如两种抗体都探测到了车道  $L$  上有一辆距离本车  $D$  米的车在行驶，区别在于车速差  $\Delta v$ ，而两者都符合亲合度要求。通过相似度的计算，假定两者满足相似度要求，然后将其中亲合度小的那个抗体剔除，保留亲合度大的抗体。如此反复，最终得到唯一的抗体作为本时刻的抗体。

匹配度、亲合度、相似度阈值的选择主要是根据实际情况中误差发生的可能性大小和计算结果的精度要求来决定。实际操作中，通过规定一定的计算精度和计算时间，逐步修改阈值中各个参数，最终找到最佳阈值。具体算法过程如图 6 所示。

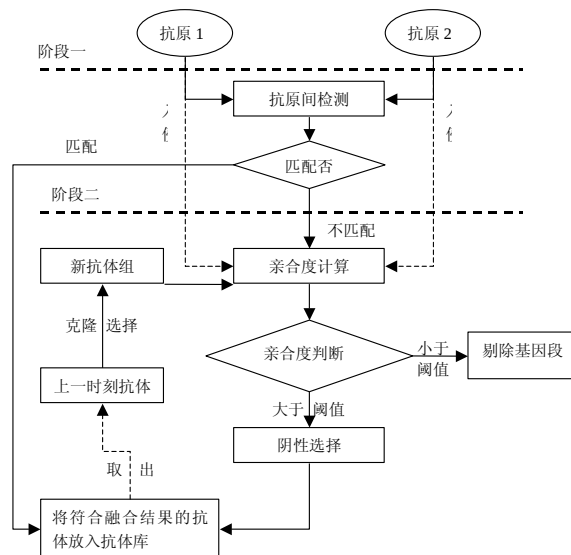


图6 算法流程图

在阶段一通过比较抗原之间的匹配程度来快速确定两者是否能准确表达外部环境信息。若通过阶段一的计算，发现抗原信息不够准确，则进入阶段二的克隆选择和亲合度计算，最终通过多种抗原和上一时刻抗体对克隆选择抗体的共同识别确定融合结果。

对于融合结果优劣的评价，主要是比较输出结果和输入信息各自的误差率以及输出结果的误检测率来实现。误差率 ( $E$ ) 定义为  $E=|b-a|/ext$ 。式中， $a$  为抗体或抗原某一基因对应的实际情况； $b$  为抗体或抗原在该基因的值； $ext$  为该基因的取值范围。例如：当实际车距为 150m，而抗体的该基因值为 145 m，则误差率 ( $E=|145-150|/250=0.02$ ) 为 2%。平均误差率  $\bar{E}$  指的是一组样本的误差率的平均值。误检测率 ( $M$ ) 定义为  $M=c/n$ 。 $n$  代表检测的次数（样本）； $c$  为误检测数。例如，当一组

50 个样本的结果中存在 2 个误检测的结果，则误检测率 ( $M=2/50=0.04$ ) 为 4%。

#### 4 仿真试验与结果分析

仿真实验描述的场景如图 7 所示，前方有两辆车在行驶，其中在车道 1 上的车行驶速度较本车快，而行驶在车道 2 上的车与本车车速相同。仿真试验程序使用 MATLAB 软件编写。程序的输入（抗原）为识别上述场景的 CCD 摄像机和雷达数据，输出（抗体）则是对应的信息融合结果。



图 7 仿真试验描述的场景

通过仿真试验与结果分析，主要从以下二个方面对本文提出的人工免疫模型和计算方法进行验证。

(1) 当一个或多个抗原基因存在误差时，抗体各基因位的误差率和误检测率。由此分析各抗原基因位对信息融合结果的影响程度，以及模型的容错能力。

为此，在仿真试验中，对于同样一组抗原样本（每一样本选取 20 个采样点作为计算点），逐一选择不同基因位施加干扰（模拟传感器的检测误差），其他基因位保持准确。除特别指明以外，施加在抗原各基因位上的干扰的平均误差率都大于 12% (12% 的车距误差是 30 米，超过 CCD 摄像机探测精度值 5 倍以上，表明不是由于 CCD 摄像机的自身探测能力造成这种误差)。得到融合结果后，对抗体中前方车辆基因段上各基因位的平均误差率和抗体的平均误检测率进行分析。

表 2 中列出的是抗原中的车道基因位存在误差时抗体基因的平均误差率和平均误检测率。由表 2 可知，此时在车距位和车速位出现了一定的误差，但最大的误差率也在 1% 以下，比如当 CCD 摄像机抗原的车道位存在误差时，抗体车速位的平均误差率为 0.70%，换算成误差值仅为 1.12 公里/小时。并且其误检测率为 0，表明免疫模型在此种情况下能得到很好的信息融合结果。

表 2 抗原车道基因位存在误差的情况下抗体基因的平均误差率和平均误检测率

| 对抗原施加干扰的基因位  | 抗体各基因位平均误差率、平均误检测率 (%) |                 |                 |                 |                |
|--------------|------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|
|              | 车道位 $\bar{E}_l$        | 车距位 $\bar{E}_d$ | 车速位 $\bar{E}_v$ | 车型位 $\bar{E}_s$ | 误检测率 $\bar{M}$ |
| CCD 摄像机抗原车道位 | 0                      | 0.65            | 0.70            | 0               | 0              |
| 雷达抗原车道位      | 0                      | 0               | 0.19            | 0               | 0              |

从表 3 中可看出，当 CCD 摄像机抗原车距基因位上存在误差时，虽然在抗体的车距位和车速位出现的误差率都小于 0.2%，但存在 2.5% 的平均误检测率；而雷达抗原的车距基因位上存在误差时，仅在抗体的车速位上产生微小的误差率，且平均误检率为 0。表明 CCD 摄像机抗原车距基因位上的误差对融合结果的影响程度比雷达抗原大。

表 3 抗原车距基因位存在误差的情况下抗体基因的平均误差率和平均误检测率

| 对抗原施加干扰的基因位  | 抗体各基因位平均误差率、平均误检测率 (%) |                 |                 |                 |                |
|--------------|------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|
|              | 车道位 $\bar{E}_l$        | 车距位 $\bar{E}_d$ | 车速位 $\bar{E}_v$ | 车型位 $\bar{E}_s$ | 误检测率 $\bar{M}$ |
| CCD 摄像机抗原车距位 | 0                      | 0.18            | 0.19            | 0               | 2.5            |
| 雷达抗原车距位      | 0                      | 0               | 0.16            | 0               | 0              |

在表 4 中分别列出了 CCD 摄像机抗原中车道与车距基因位、车道与车型基因位和雷达抗原中车道与车距、车道与车速、车距与车速基因位存在误差的情况下抗体基因的平均误差率和平均误检测率。

从表 4 的融合结果可看出, 对于同一抗原多个基因位都存在误差的情况下, 免疫模型仍能较好的对输入信息进行融合, 其平均误检率都为 0。平均误差率也主要集中在车距和车速基因位, 最大值为 1.2%。但当雷达抗原的车距与车速基因位同时出现误差时, 车型位的平均误差率达到 2.5%, 会对车型的正确识别产生影响。

表 4 同一抗原多个基因位存在误差的情况下抗体基因的平均误差率和平均误检测率

| 对抗原施加干扰的基因位     | 抗体各基因位平均误差率、平均误检测率 (%) |                 |                 |                 |                |
|-----------------|------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|
|                 | 车道位 $\bar{E}_l$        | 车距位 $\bar{E}_d$ | 车速位 $\bar{E}_v$ | 车型位 $\bar{E}_s$ | 误检测率 $\bar{M}$ |
| CCD 摄像机抗原车道与车距位 | 0                      | 0.07            | 1.20            | 0               | 0              |
| CCD 摄像机抗原车道与车型位 | 0                      | 0.20            | 0.61            | 0               | 0              |
| 雷达抗原车道与车距位      | 0                      | 0.20            | 0.61            | 0               | 0              |
| 雷达抗原车道与车速位      | 0                      | 0.20            | 0.59            | 0               | 0              |
| 雷达抗原车速与车距位      | 0                      | 0.32            | 0.55            | 2.5             | 0              |

为了模拟在现实情况中两种传感器同时不能准确探测前方信息的情况, 在表 5 中列出了二种传感器抗原不同基因位存在误差时抗体基因的平均误差率和平均误检测率。

表 5 两种抗原不同基因位存在误差的情况下抗体基因的平均误差率和平均误检测率

| 对抗原施加干扰的基因位               | 抗体各基因位平均误差率、平均误检测率 (%) |                 |                 |                 |                |
|---------------------------|------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|----------------|
|                           | 车道位 $\bar{E}_l$        | 车距位 $\bar{E}_d$ | 车速位 $\bar{E}_v$ | 车型位 $\bar{E}_s$ | 误检测率 $\bar{M}$ |
| CCD 摄像机车道位和雷达车道位 (不同时刻)   | 0                      | 0.20            | 0.50            | 1.5             | 0              |
| CCD 摄像机车道位和雷达车道位 (同一时刻)   | 0                      | 0.18            | 0.58            | 1.0             | 0              |
| CCD 摄像机车距位和雷达车距位          | 0                      | 0.20            | 0.55            | 0               | 2.5            |
| CCD 摄像机车辆大小位和雷达车速位 (同一时刻) | 0                      | 0.96            | 3.30            | 9.0             | 0              |

从表中显示的结果可看出, 当 CCD 摄像机车距与雷达车距基因位同时出现误差时, 平均误检测率为 2.5%, 这将会影响信息融合结果的准确性, 而在其它情况下, 平均误检率都为 0, 信息融合很好。另外, 抗体中车型基因位的平均误差率较大, 最大值达到了 9%, 说明本文提出的免疫模型对车型大小的识别存在较大误差, 有进一步改进的必要。

(2) 比较在不同克隆数量和不同抗原准确率的情况下, 信息融合结果的误差率和识别时间。

克隆个数对计算时间和结果误差率具有较大的影响。因为克隆数量的多少影响到了子代的空间覆盖、子代的冗余度和计算时间, 对于具有一定精度和变量数量的系统, 一定会有一个最佳的空间覆盖率, 即存在一个最优的克隆数量。

为此, 选择了 40 组存在误差的输入样本, 记录了计算所使用的总时间和每一组结果的平均误差率 (见图 8)。从图中可以看到, 随着克隆数量的增加, 计算所使用的时间 ( $T$ ) 增加而误差率 ( $Acu$ ) 降低。在克隆数量为 50 的时候, 虽然计算所需要的时间很少, 仅为 1.76s, 平均 0.044s 计算一组样本, 但结果的平均误差率和误检测率都相当高, 平均误差率在 0.12% 附近, 误检测率更是达到 15%, 这样的信息融合结果是相当不准确的。当克隆数量增加到 500 的时候, 平均误差率最低, 为 0.036% 左右, 但克隆时间相当长, 达到了 41.8s, 平均每组样本的计算需要 1s, 这样的计算效率也是不能容忍的。由此能够得到最优的克隆个数, 应该就在 100 附近, 因为当克隆个数从 50 增加到 100 时, 克隆误差率大幅度降低, 从 0.16% 减少为 0.048%, 而克隆时间仅为 2.2s, 平均一组计算只需要 0.055s, 而且当克隆数量增加到 100 以后, 就基本不存在误检测的情

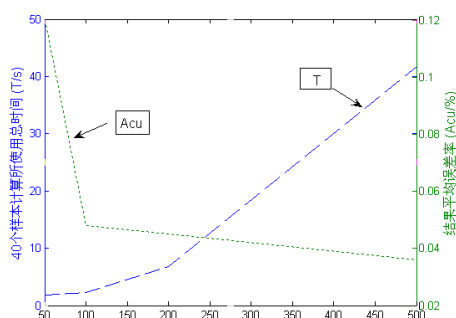


图 8 不同克隆数量所需的计算时间和结果平均误差率

况。因此最佳的克隆数量应为 100 左右。

对上述现象的分析发现, 计算中最花时间的子程序是对克隆所得的抗体进行阴性选择, 这一子程序花费了 90%以上的计算时间, 其原因是在该子程序中需要判断所有符合克隆选择亲合度阈值的抗体之间的相似度大小。因此要解决这一问题就需要①选择更高效的算法; ②设置更合理的克隆选择亲合度阈值。因为如果阈值设置过大, 将会使过多的抗体能进入到阴性选择的子程序, 而如果阈值设置过小, 则对于某些存在误差的抗原没有特定的抗体能对其进行识别, 导致误检测的发生。为此采用与确定克隆数量相同的方法: 选择存在一种特定误差的抗原输入, 通过设定不同大小的“初始阈值”进行仿真计算, 观察其融合结果和所用的时间, 选择能达到要求精度的融合结果且计算所花时间最少的“初始阈值”作为最佳阈值。

## 5 结论

本文将人工免疫系统与车载多传感器信息融合联系起来, 提出了一种新型的解决车辆在高速公路行驶过程中信息融合的人工免疫模型。在模型中, 重新定义了传统克隆选择算法中抗体的克隆和变异, 取消了传统算法中对抗体多代的克隆, 从而提高了算法效率; 在亲合度的计算中, 利用首次提出的环境权值、统计权值和变异权值的概念, 以车辆行驶过程中的状态延续性为基础, 提高了一个或多个抗原基因存在误差时, 信息融合的准确性。通过仿真试验, 初步验证了模型的合理性和信息融合处理能力。但免疫模型对车型大小的识别存在较大误差, 有进一步改进的必要。

## 参考文献

- [1] Toshio Ito, Kenichi Yamada. Control Technology Trends of Advanced Vehicles on Learning from the Information Processing Mechanism of a Living Body [J]. [日] 自動車技術.1996.50(1):56~61
- [2] 胡海峰.智能汽车发展研究[J]. 计算机应用研究,2004,(6):20~23.
- [3] 杨冰.智能运输系统[M]. 北京: 中国铁道出版社,2000.
- [4] 罗攀. 自动导航系统中基于人工免疫的多传感器融合[D]. 武汉: 华中科技大学图书馆,2002
- [5] Lawrence A. Klein. 多传感器数据融合理论及应用(第二版)[M]. 北京: 北京理工大学出版社,2004
- [6] 漆安慎, 杜婵英. 免疫的非线性模型[M].上海: 上海科技教育出版社,1998.