

一种非结构环境下多机器人构建地图的方法^①

潘 薇^② 蔡自兴 陈白帆

(中南大学信息科学与工程学院 长沙 410083)

摘 要 提出了一种多移动机器人在非结构环境下构建地图的新方法。该方法让各机器人独立探索环境并对不同的局部栅格地图予以融合。在地图融合过程中,无需考虑机器人相对位置的先验信息,而是以栅格地图相似度为度量标准,利用距离变换和改进的遗传算法高效、快速地搜索各局部地图之间的最大重叠部分,进而予以融合。实验结果表明,与常规方法相比,该方法能够较为精确地实现非结构环境下多机器人地图构建,且限制条件少,更适用于实际应用中的各种复杂情况。

关键词 多机器人,非结构环境,地图构建,距离变换,遗传算法

0 引言

地图构建是移动机器人研究领域中的基本问题与研究热点,也是移动机器人实现自主导航的关键所在^[1]。近年来,基于多机器人协作的地图构建问题正越来越多地得到研究人员的关注^[2]。与单机器人相比,使用多个机器人进行地图构建具有高效、高精度、高容错性、高鲁棒性、可重构性、低成本等优点,因而更适用于实际应用中的各种复杂任务。

到目前为止,国内外针对多机器人构建地图的研究还不是很多,其中针对非结构环境的建图方法很少。现有的多机器人建图方法主要是将同时定位与建图(simultaneous localization and mapping, SLAM)算法扩展到多机器人的情况中。例如,文献[3]中,当两个机器人位于通讯范围以内时,彼此交换传感器信息并与自身构建的地图相匹配,判断自己在对方地图中的位置并进行局部地图融合。该方法的局限性在于机器人必须在全局地图中某个指定地点会合,否则算法失效。Howard^[4]提出了一种基于最大似然概率的多机器人建图方法。该方法将建图过程分解为递增式建图、主动闭环和孤岛融合(island merging)三个步骤,并采用流型地图表示环境,较常规地图具有更好的一致性。但这种方法的缺点在于流型地图的计算复杂度较高。Thrun^[5]将应用于单机器人建图的最大似然法和 Monte-Carlo 定位方法相结合,并扩展到多机器人的情况中。该方法能够

在线实现多个机器人在大规模环境下的同时定位与建图,但必须事先已知机器人的相对起始位置,在实际应用中存在较大局限性。此外,研究者们还提出了其它一些多机器人建图方法。例如,文献[6]采用最大子地图匹配算法对各机器人建立的拓扑地图予以融合;文献[7]、[8]采用折线表示地图,并根据局部地图的几何相似性融合为全局地图。这些方法不需要考虑机器人的先验位置信息,但都必须对地图进行几何特征提取,因而并不适用于非结构环境等难以提取环境特征的情况。

本文在现有研究的基础上,提出了一种适用于非结构环境的多机器人建图方法。该方法采用独立探索、集中建图的环境探索策略,即各机器人从同一环境的不同位置出发,独立探索并建立局部地图,然后将这些局部地图融合为全局地图。考虑到非结构环境难以提取环境的几何特征,采用栅格地图的环境表示方法,然后利用距离变换和改进遗传算法搜索各局部栅格地图之间的最大重叠部分,进而予以融合。实验结果表明,该方法无需考虑机器人的位置信息,消除了定位误差带来的影响,限制条件少,更适用于大规模环境、非结构环境等复杂情况。

1 多机器人建图方法

1.1 问题描述

对于非结构环境或其它一些难以提取特征的复杂环境,栅格是一种较为合适的地图表示方法。栅

^① 国防基础科研项目(A1420060159)资助。

^② 女,1980年生,博士;研究方向:机器人建图,多机器人协作;联系人,E-mail:weipan821@163.com
(收稿日期:2008-04-21)

格地图将整个工作环境分为若干大小相同的栅格,对于每个栅格指出其中存在障碍物的可能性。在处理地图的过程中,可将栅格地图离散化为 N 行、 M 列的矩阵。其函数可表示为

$$m: [0, N] \times [0, M] \rightarrow R \quad (1)$$

其中函数 m 为该地图的置信度模型,用于表示栅格被障碍物占据的可能性。例如当 $m(x, y)$ 为 1 时表示在栅格 (x, y) 中有障碍物,而为 0 时则相反。

在地图融合过程中,需要通过适当的转换函数对地图进行平移和旋转。设 a, b, φ 为三个实数,可将该转换函数定义为:

$$T_{a,b,\varphi}(x, y) = \begin{bmatrix} \cos\varphi & -\sin\varphi & a \\ \sin\varphi & \cos\varphi & b \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ y \\ 1 \end{bmatrix} \quad (2)$$

由式(2)可知,转换函数 $T_{a,b,\varphi}(x, y)$ 相当于在栅格 (x, y) 的初始位置处逆时针旋转 φ 角度,并平移距离 (a, b) 。

为便于描述,考虑两个机器人的地图构建问题,其建图过程如图 1 所示:机器人 R_1 和 R_2 从不同位置出发,对环境进行完全探索并分别建立两个局部栅格地图 m_1 和 m_2 。让 m_1 保持静止, m_2 则根据不同的转换函数 $T_{a,b,\varphi}$ 进行平移和旋转,直到获得与地图 m_1 之间的最大重叠部分并予以融合。这样我们就把地图构建过程转换为一个最优化问题,即搜索最优的地图转换函数 $T_s(a, b, \varphi)$, 使得 $\Delta(m_1, T_s(m_2))$ 最大,其中 Δ 为地图相似度函数。

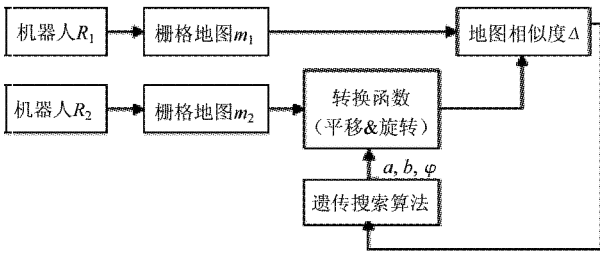


图 1 多机器人建图过程

1.2 转换函数搜索

本文采用改进的遗传算法来完成地图转换函数 $T_s(a, b, \varphi)$ 的最优搜索过程。遗传算法是一类借鉴生物界遗传机制的概率搜索算法^[10],其主要特点是群体搜索策略和群体中基因之间的信息交换,其基本原理是在群体中随机产生一系列染色体组成初始种群,按每条染色体的适应度值决定染色体的优胜劣汰,同时,各条染色体之间进行交叉、变异等遗

传操作。这样形成下一代种群,逐步使种群进化到包含或接近最优解的状态。然而,传统的遗传算法在求解大规模优化问题时容易出现早熟和搜索效率低等问题,本文针对机器人所构建的栅格地图,对基本遗传算法引入了距离变换、自适应策略等改进方法,设计了一种用于最优转换函数搜索的改进遗传算法流程。

1.2.1 编码

用遗传算法进行参数提取时,首先需要通过编码将模型中的一套参数转换成遗传算法种群中的一个个体。常用的编码方法有二进制编码和浮点数编码。二进制编码使用的符号集由二进制符号 0 和 1 组成,其每个个体由一个二进制符号串描述,其优点是编码、解码操作简单,交叉、变异等遗传操作便于实现。但由于模型中的大部分参数在某个区间连续取值,二进制编码在离散化时存在映射误差。如果码串较短,可能达不到精度要求,如果码串较长,会使算法的搜索空间急剧扩大,造成遗传算法的时间性能降低。

为了提高参数提取精度,保持种群的多样性,改善计算复杂性和运算效率,本文采用浮点数编码,每个参数用一个浮点数表示。如果需要提取的参数共有 n 个,可分别用浮点数 $x_1, x_2, \dots, x_n$ 表示,一套参数可以使用一个 n 维浮点向量 $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ 表示;每代种群中的 N 个个体,可分别用 n 维浮点向量 $X_1, X_2, \dots, X_N$ 来表示。

1.2.2 适应度函数

用遗传算法进行优化需要确定一个合适的适应度函数,其数值将决定个体是继续繁衍还是消亡。适应度函数是影响遗传算法性能的主要因素之一,选取的合理与否不仅影响算法的收敛速度,而且关系到全局最优解能否实现。适应度函数通常取待优化的目标函数,或其某种变型。这里直接采用地图相似度 $\Delta(m_1, T_{a,b,\varphi}(m_2))$ 作为寻优度量。

地图 m_1 和 m_2 的相似度函数定义如下:

$$\Delta(m_1, m_2) = 1 / \left(\sum_{c \in C} d(m_1, m_2, c) + d(m_2, m_1, c) \right) \quad (3)$$

$$d(m_1, m_2, c) =$$

$$\frac{\sum_{m_1[p_1] = c} \min \{ \text{dist}(p_1, p_2) \mid m_2[p_2] = c \}}{\text{num}_c(m_1)} \quad (4)$$

其中 c 表示栅格地图中的置信度集合,在本文中,为降低算法计算量,只考虑栅格是否被障碍物占据两

种情况,即 $c = [0, 1]$; $num_c(m_1)$ 表示地图 m_1 中置信度为 c 的栅格数; $dist(p_1, p_2)$ 为栅格 p_1 和 p_2 的距离。

在计算适应度函数时,为了在保证精度的同时降低计算量,本文将距离变换(distance transform, DT)^[11]引入栅格地图中。距离变换的原理是求出每个像素点的最近邻特征点,将这两点之间的距离值作为该点在距离图上对应的灰度值,同时距离图上的各点还包含了原图像上对应各点的最近邻特征点的坐标信息,从而得到距离图像。显然每个特征像素的最近邻特征点就是其本身,特征点在距离图上的值为 0。在本文中,将置信度为 c 的栅格设置为特征栅格,则地图 m 的距离变换可定义为

$$D_c[p_1] = \min\{dist(p_1, p_2) \mid m[p_2] = c\} \quad (5)$$

其中 p_1 为地图 m 中的任一栅格, p_2 为置信度为 c 的特征栅格, $dist(\cdot)$ 为距离测度函数。常见的距离测度函数有欧氏距离、切削距离和街区距离^[12],在本文中为进一步降低计算量,使用街区距离计算垂直和水平路径,即点 p_1 和 p_2 之间的街区距离为

$$dist(p_1, p_2) = |x_1 - x_2| + |y_1 - y_2| \quad (6)$$

这样我们就把栅格地图转换为以距离值为标准的距离图,其中每个栅格所存储的数据为其到最近特征栅格的距离值。通过应用距离变换,可以将 $d(m_1, m_2, c)$ 和 $d(m_2, m_1, c)$ 的计算转变为简单的查表过程,从而使计算时间明显减少,提高了栅格地图相似度的计算效率。

1.2.3 选择机制

从群体中选择优胜的个体和淘汰劣质个体的操作叫选择。其中最基本也是最常用的选择方法是适应度比例方法,也叫赌轮或蒙特卡罗(Monte Carlo)选择。本文采用适应度比例与最佳个体保存相结合的选择机制。适应度比例选择方法可以描述为:设群体大小为 N ,其中个体的适应度值为 f_i ,按照适应度比例方法个体 i 被选择的概率 P_{si} 为

$$P_{si} = f_i / \sum_{i=1}^N f_i \quad (7)$$

1.2.4 交叉与变异

遗传算法一般采用固定的交叉算子 p_c (0.5-0.9) 和变异算子 p_m (0.001-0.2)。单纯增大 p_c 和 p_m 的值可以增强遗传算法的全局搜索能力,但同时降低了其局部寻优能力^[13]。本文对交叉和变异算子引入自适应算子,既可以兼顾全局搜索和局部寻优,又可以动态地控制遗传操作频率。自适应算子为:

$$p_c = \begin{cases} \frac{k_1(f_{\max} - f')}{f_{\max} - \bar{f}}, & f' \geq \bar{f} \\ k_3, & f' < \bar{f} \end{cases}$$

$$p_m = \begin{cases} \frac{k_2(f_{\max} - f)}{f_{\max} - \bar{f}}, & f \geq \bar{f} \\ k_4, & f < \bar{f} \end{cases} \quad (8)$$

其中, $\bar{f}$ 为当前代的适应度平均值, $f_{\max}$ 为当前代的最大适应值, f' 表示要进行交叉的两条个体中,适应度较小的个体的适应度值。 k_1, k_2, k_3, k_4 为常数。在满足遗传算法的停机准则则重复以上步骤,并采用基于适应度的停机准则,即当当前代的适应度函数相同或者变化很小,即满足 $\bar{\Delta} / \Delta_{\max} < const$ 时则停止循环,其中 $const$ 为常数。

2 实验结果及分析

2.1 实验设计

为证明论文所提出方法的可靠性和正确性,实验以两个自行改造的 MORCS-II 机器人为研究对象,分别在一些仿真和自行搭建的非结构环境中完成,如图 2 所示。该移动机器人装有 8 个声纳传感器用于探测环境。实验设定的全局栅格地图大小为 900×600 ,每个栅格单元对应实际环境大小为 $10\text{mm} \times 10\text{mm}$,即该栅格地图描述大约 $9\text{m} \times 6\text{m}$ 的真实环境。实验采用的遗传算法参数为:初始种群数 $N = 150$,自适应参数 $k_1 = 0.9, k_2 = 0.9, k_3 = 0.01, k_4 = 0.01$, 适应度停机常数 $const = 0.75$ 。



图 2 MORCS-II 机器人

多机器人构建地图的主要实验流程如下:

- (1) 构建并输入局部栅格地图 m_1 和 m_2 ;
- (2) 将栅格地图进行距离转换:首先设所有置信度为 c 的栅格为目标栅格,其值为 0,非目标栅格为无穷大;从距离图像的左上角开始自左向右、自上向下扫描,计算与目标栅格的最小街区距离;再从距离

图像的右上角开始自右向左、自下向上扫描,计算与目标栅格的最小街区距离。

(2)由 N 个个体生成初始种群,每个个体表示转换函数的系列参数 a, b, φ 。

(3)对于每个个体,将图像进行相应的平移、旋转和距离转换,根据距离图查表计算栅格相似度 $\Delta(m_1, T_{a,b,\varphi}(m_2))$ 作为适应度函数。

(4)选择、交叉、变异。

(5)从步骤(4)开始进行遗传迭代运算,判断是否满足终止条件,不满足条件时,则转到步骤(2),否则到下一步。

(6)输出最优转换函数 $T_s(a, b, \varphi)$ 。

(7)依据最优转换函数对 m_2 进行平移和旋转,并与 m_1 融合。

2.2 结果与分析

为了进行对比说明,分别在同一场景下采用基本遗传算法和本文所改进的遗传算法进行建图。以实验中采用的某一个场景为例,表 1 为该环境下地图转换函数搜索结果比较,可以看出,两种方法得到的最大适应度函数和最优转换函数较为接近,但改进的遗传算法在计算精度与速度方面有较大的提高。

表 1 搜索结果比较

遗传算法	P_c	P_m	最大适应度	平均时间(s)	最优距离转换函数 $T_s(a, b, \varphi)$
基本算法	0.9	0.01	0.79	368	(150, 20, 50°)
改进算法	自适应		0.85	102	(155, 23, 54.5°)

图 3 为两个机器人在该环境下进行建图的实验结果。其中,图(a)和图(b)分别为机器人 R_1 和 R_2 建立的局部栅格地图 m_1 和 m_2 , 图(c)为采用本文方法进行地图融合后所得到的全局地图。可以看出,

该方法能够对局部地图进行较为精确、有效的融合。我们对 30 种不同的仿真环境和实际环境分别进行了实验,结果证明该方法能够获得 93.3% 的成功率。

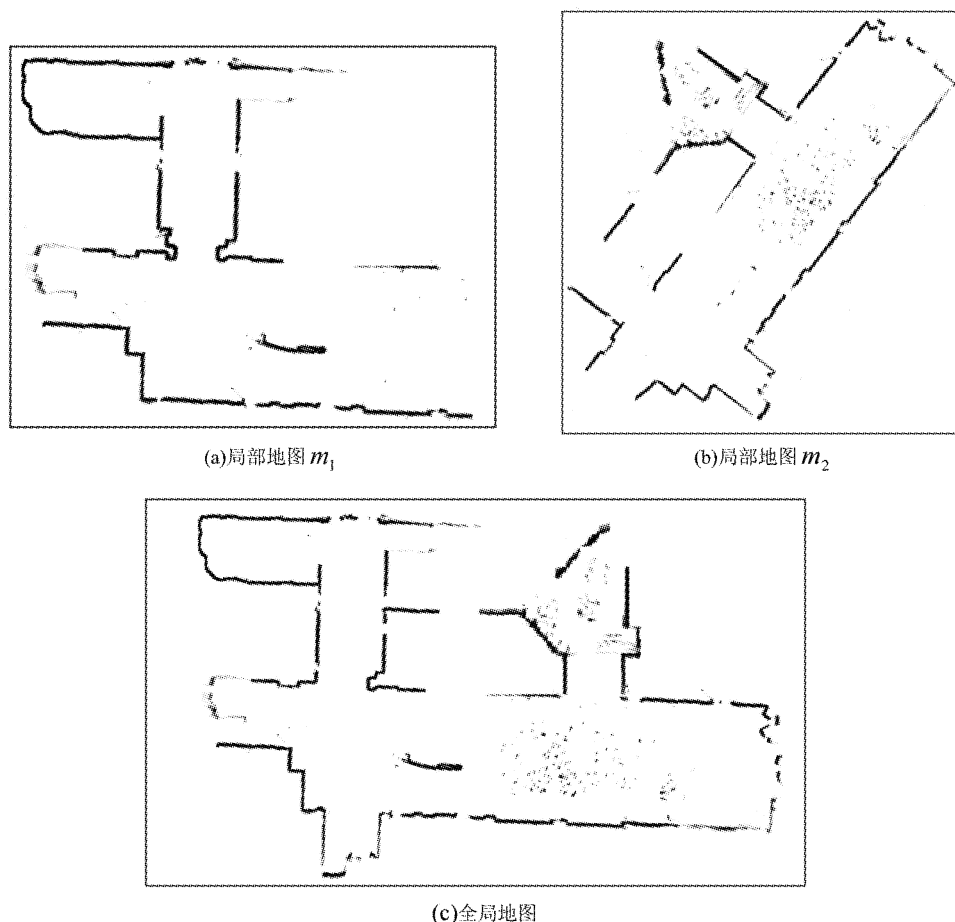


图 3 非结构环境下的多机器人地图构建

目前本文所完成实验主要是针对两个机器人的建图情况,但这种建图方法具有一般性,即当机器人数量增多时,只需先将两个机器人的局部地图予以融合,再与第三个机器人的局部地图融合,并以此类推。

3 结 论

本文针对非结构环境,提出一种基于栅格相似度的多机器人建图方法。该方法使用栅格地图表示环境,通过对地图进行距离变换减少运算量、提高运算效率;在地图融合过程中,利用改进遗传算法进行全局寻优,快速高效地搜索出最优转换函数,以找出栅格地图之间的最大重叠部分并予以融合。实验表明,在未知的非结构环境中,该方法能取得令人满意的建图效果。此外,由于该方法不需要已知各机器人的起始位置和相对位置信息,所受限制小,应用场合广。

目前本文提出的方法只应用于两个机器人的建图实验中,今后,我们将完成更多机器人的建图实验以及动态环境下的建图方法。此外,还将进一步改进所采用的遗传搜索算法,以提高地图构建的效率和准确性。

参考文献

- [1] 蔡自兴,贺汉根,陈虹. 未知环境中移动机器人导航控制研究的若干问题. 控制与决策, 2002, 17(4): 385-390
- [2] Thrun S. Robotic mapping: a survey:[technical report CMU-CS-02-111]. Pittsburgh: Carnegie Mellon University, 2002
- [3] Konolige K, Fox D, Limketkai B, et al. Map merging for distributed robot navigation. In: Proceedings of the 2003 IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems, Las Vegas, Nevada, USA, 2003. 212-217
- [4] Howard A. Multi-robot mapping using manifold representations. In: Proceedings of the 2004 IEEE International Conference on Robotics and Automation, New Orleans, LA, USA, 2004. 4198-4203
- [5] Thrun S. A probabilistic online mapping algorithm for teams of mobile robots. *International Journal of Robotics Research*, 2001, 20(5): 335-363
- [6] Thrun S, Burgard W, Fox D. A real-time algorithm for mobile robot mapping with applications to multi-robot and 3D mapping. In: Proceedings of IEEE International Conference on Robotics and Automation, San Francisco, CA, USA, 2000. 321-328
- [7] Huang W H, Beevers K R. Topological map merging. *The International Journal of Robotics Research*, 2005, 24(8): 601-613
- [8] Lakaemper R, Latecki L J, Wolter D. Incremental Multi-Robot Mapping. In: Proceedings of the IEEE International Conference on Intelligent Robots and System, Edmonton, Canada, 2005. 3846-3851
- [9] Amigoni F, Gasparini S, Gini M. Building segment-based maps without pose information. *Proceedings of the IEEE*, 2006, 94(7): 1340-1359
- [10] 田莹,苑玮琦. 遗传算法在图像处理中的应用. 中国图象图形学报, 2007, 12(3): 389-396
- [11] 杜建军,刘丽,杨水山. 生成距离图的同心圆窗口矩匹配快速算法. 中国图象图形学报, 2006, 11(6): 890-893
- [12] 崔峰,汪雪林,彭思龙. 近似欧氏距离变换的一种并行算法. 中国图象图形学报, 2004, 9(6): 693-698
- [13] 刘习春,喻寿益. 局部快速微调遗传算法. 计算机学报, 2006, 29(1): 100-105

An approach to multi-robot map building in unstructured environments

Pan Wei, Cai Zixing, Chen Baifan

(School of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha 410083)

Abstract

A novel approach to multi-robot cooperative map building in complex environments was presented. The approach lets all robots operate individually and then tries to merge the different local grid maps into a single global one. Without using any priori pose information of robots, the process of map merging is performed by measuring the similarity between grid maps. Distance transforms and an improved genetic algorithm are used to effectively search the maximum overlap at which the local maps can be joined together. The experimental results show that compared with typical ones, this approach can accomplish multi-robot map building accurately and effectively in unstructured areas and be more suitable for a variety of complex cases in application with less restrictions.

Key words: multi-robot, unstructured environments, map building, distance transform, genetic algorithm