Lesson 4: More About Hidden Markov Models

0 前言

上一节中介绍了如何解决evaluation problem和decoding problem。本节重点介绍剩下的learning problem。

2021秋课程主页：

Speech Lab - Introduction to Digital Speech Processing (ntu.edu.tw)

1 Baum-Welch Algorithm

1.1 问题介绍

首先，假设我们**已经有了一个初始模型**（initial model）$\lambda = (A, B, \pi)$和一串用于训练的观测序列O。我们期待用该观测序列训练此模型，让$P(O|\lambda)$最大。

要注意的是此时我们已经有了一些模型，只是它们还不太好。例如辨识0-9，那么我们会有10个已经训练过的模型。现在手上有一串8对应的观测序列，我们就把它丢到8对应的模型来训练，期待$P(O|\lambda)$最大。

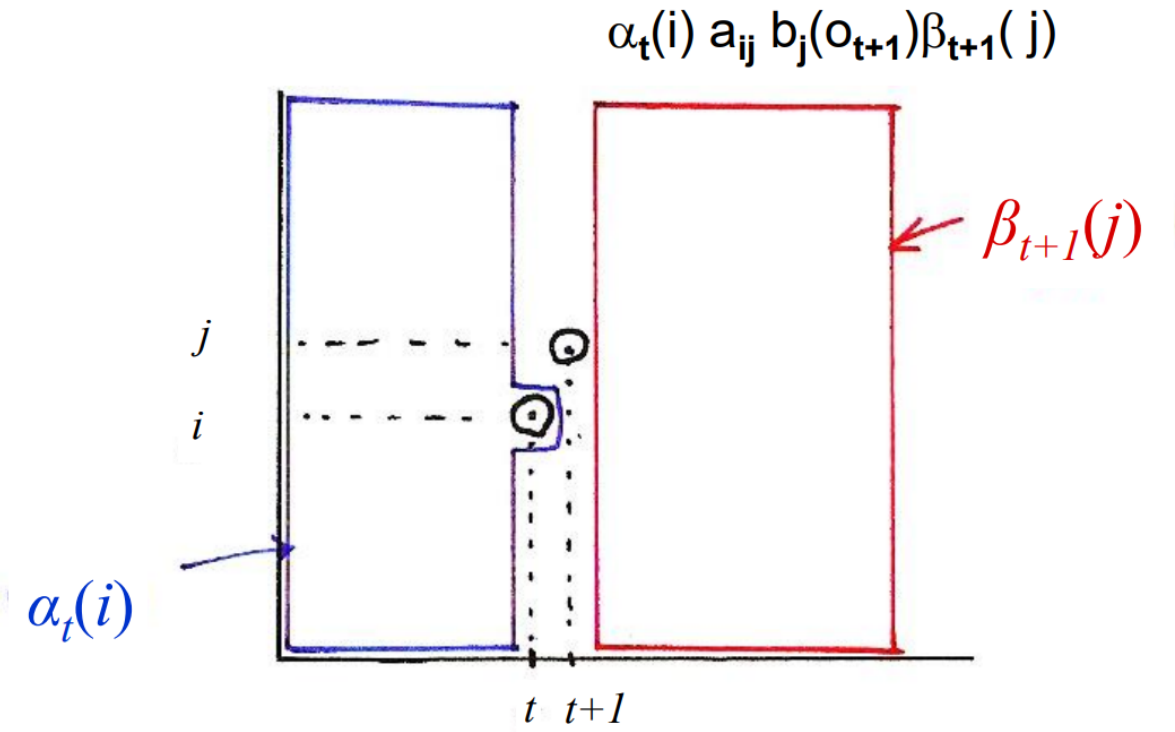
首先定义变量$\gamma_t(i)$，其含义是模型再看到整个序列的情形下，$q_t = i$的概率。分子部分已经在上一节中介绍。

$$\gamma_t(i) = \frac{\alpha_t(i)\,\beta_t(i)}{\sum_{i=1}^{N}[\alpha_t(i)\,\beta_t(i)]} = \frac{P(\bar{O}, q_t = i|\lambda)}{P(\bar{O}|\lambda)} = P(q_t = i|\bar{O}, \lambda)$$

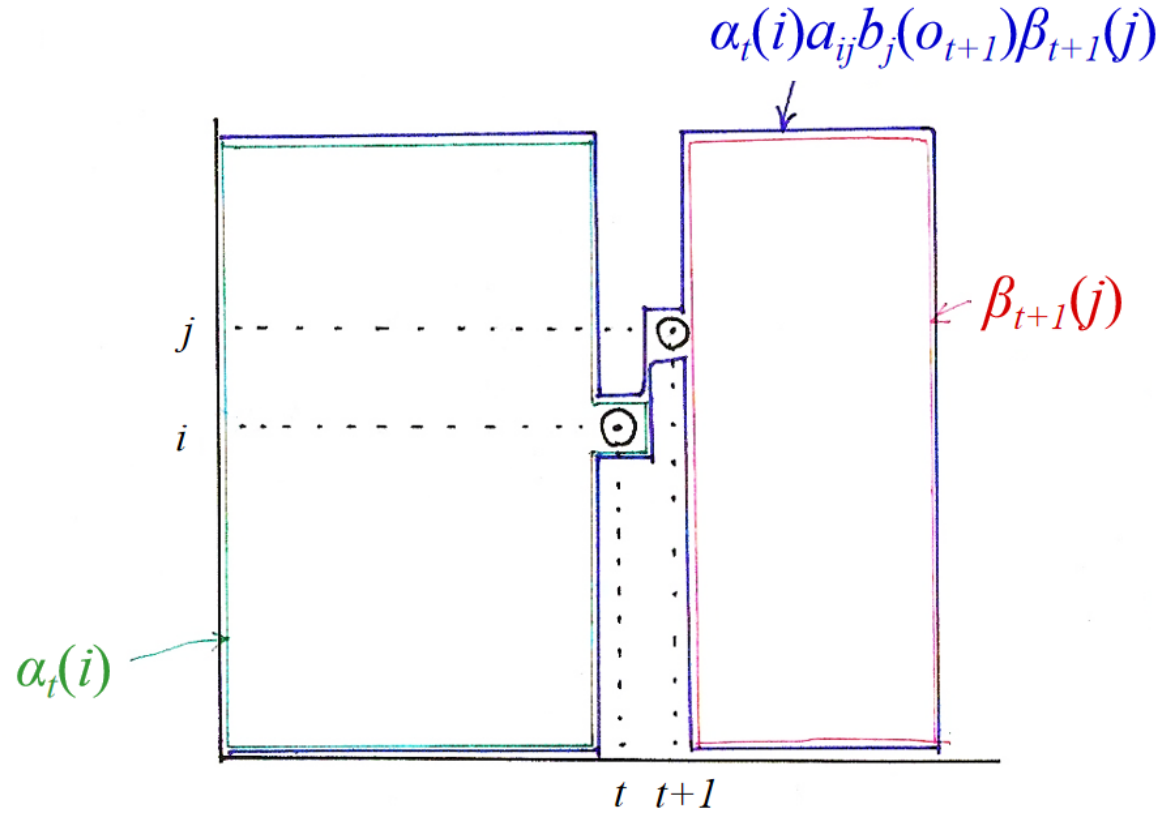
类似地，定义变量$\epsilon_t(i,j)$，其含义是模型在看到整个序列的情形下，$q_t = i$且$q_{t+1} = j$的概率。

$$\begin{aligned}\varepsilon_t(i,j) &= P(q_t = i, q_{t+1} = j \mid \bar{O}, \lambda) \\ &= \frac{\alpha_t(i)\, a_{ij}\, b_j(o_{t+1})\beta_{t+1}(j)}{\sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{N}[\alpha_t(i) a_{ij}\, b_j(o_{t+1})\beta_{t+1}(j)]} \\ &= \frac{Prob[\bar{O}, q_t = i, q_{t+1} = j|\lambda]}{P(\bar{O}|\lambda)}\end{aligned}$$

如下图，使用forward algorithm可以计算出$\alpha_t(i)$，即模型看到了$[o_1, o_2, \ldots, o_t]$且$q_t = i$的概率；使用backward algorithm可以计算出$\beta_{t+1}(j)$，即模型看到了$[o_{t+2}, o_{t+3}, \ldots, o_T]$且经过$(t+1, j)$。这两个概率之间再乘上$a_{ij}b_j(o_{t+1})$就可以将红蓝框以及$(t, i)$和$(t+1, j)$连起来。



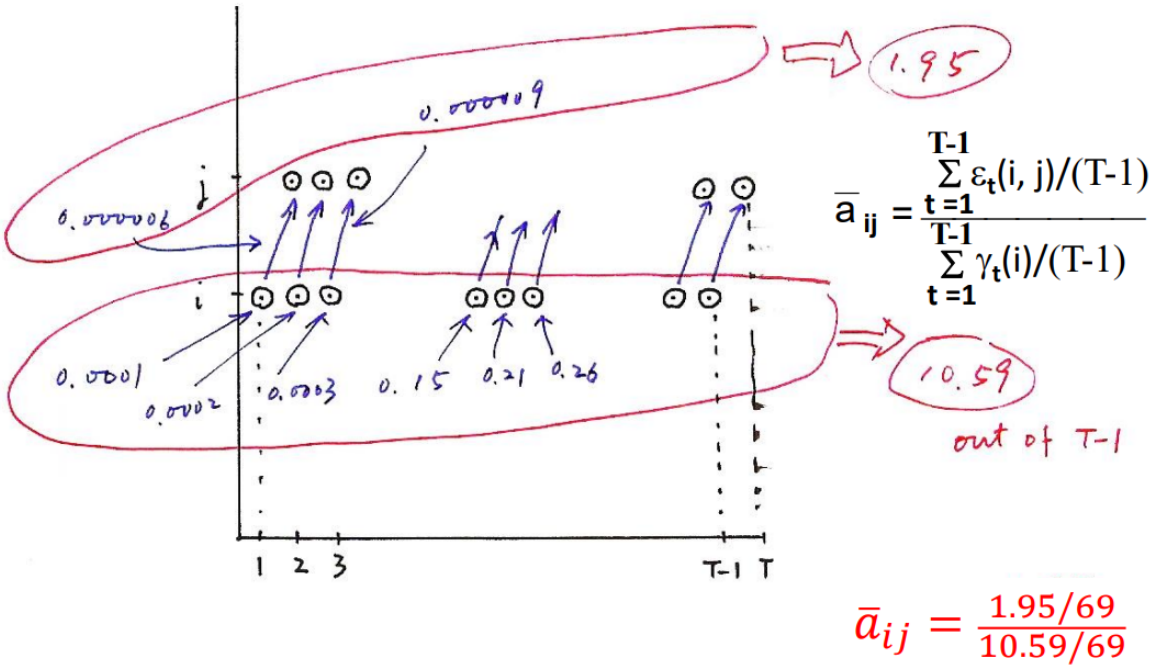
可以想象$\alpha_t(i)a_{ij}b_j(o_{t+1})\beta_{t+1}(j)$的含义就是模型看到了整个观测序列$O$且$q_t = i$和$q_{t+1} = j$。



由于计算$\epsilon_t(i, j)$时同时用到了forward和backward算法，Baum-Welch algorithm也称为forward-backward algorithm。

1.2 更新转移矩阵

如下图，$\gamma_t(i)$只考虑路径中包含(t,i)一个点的概率；而$\epsilon_t(i,j)$则考虑了相邻时间中(t,i)和$(t+1,j)$两个点的概率。



$\gamma_t(i)$即$P(q_t=i|O,\lambda)$；$\epsilon_t(i,j)$即$P(q_t=i,q_{t+1}=j|O,\lambda)$。由条件概率公式可得：

$$\frac{P(q_t=i,q_{t+1}=j|O,\lambda)}{P(q_t=i|O,\lambda)}=P(q_{t+1}=j|q_t=i,O,\lambda)$$

很直觉就可以得到更新转移概率a_{ij}和更新起始概率π_i的公式。

$$\bar{\pi}_i = \gamma_1(i)$$

$$\bar{a}_{ij} = \frac{\sum_{t=1}^{T-1} \varepsilon_t(i,j)}{\sum_{t=1}^{T-1} \gamma_t(i)}$$

1.3 更新GMM

每个state会对应一个用GMM拟合的概率分布。我们要更新的参数是每个子分布出现的概率、均值向量和协方差矩阵。

$$b_j(o) = \sum_{k=1}^{M} c_{jk} N(o; \mu_{jk}, U_{jk})$$

N( ): Multi-variate Gaussian

μ_{jk}: mean vector for the k-th mixture component

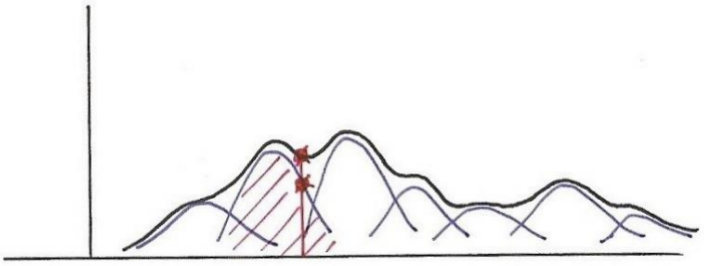
U_{jk}: covariance matrix for the k-th mixture component

$$\sum_{k=1}^{M} c_{jk} = 1 \text{ for normalization}$$

定义变量$\gamma_t(j,k)$，它要求首先是$\gamma_t(j)$，然后还要乘上该状态对应GMM中第k个子分布的概率，即：

$\gamma_t(j, k)$ = $\gamma_t(j)$ but including the probability of o_t evaluated in the k-th mixture component out of all the mixture components

$$= \left[\frac{\alpha_t(j)\beta_t(j)}{\sum_{j=1}^{N} \alpha_t(j)\beta_t(j)} \right] \left[\frac{c_{jk} N(o_t; \mu_{jk}, U_{jk})}{\sum_{m=1}^{M} c_{jm} N(o_t; \mu_{jm}, U_{jm})} \right]$$



则更新c_{jk}的公式为：

$$\overline{c}_{jk} = \frac{\sum_{t=1}^{T} \gamma_t(j, k)}{\sum_{t=1}^{T} \sum_{k=1}^{M} \gamma_t(j, k)}$$

拆开来看式子的含义：

1. $\gamma_t(j)$：模型在看完整个序列O的前提下，$q_t = j$的概率。
2. $\gamma_t(j,k)$：模型在看完整个序列O的前提下，$q_t = j$且从GMM中抽到第k个分布的概率。
3. $\sum_{t=1}^{T} \gamma_t(j,k)$：因为序列$O$中的每个向量$o_t$都有可能对应到state j，所以要求和。
4. $\sum_{t=1}^{T} \sum_{k=1}^{M} \gamma_t(j,k)$：含义同分子，但考虑了GMM中所有子分部的概率。其实就是分子标准化成一个概率。

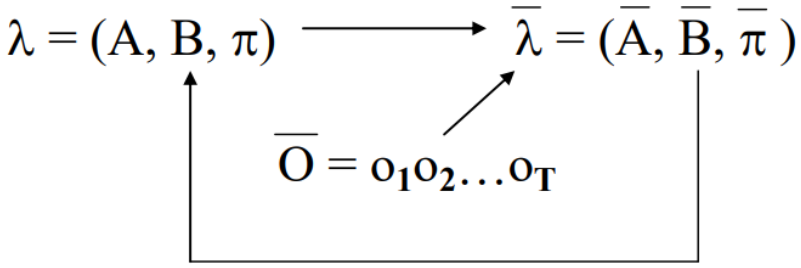
接下来就是更新均值向量和协方差矩阵。

$$\overline{\mu}_{jk} = \frac{\sum_{t=1}^{T}[\gamma_t(j,k) \cdot o_t]}{\sum_{t=1}^{T}\gamma_t(j,k)}$$

$$\overline{U}_{jk} = \frac{\sum_{t=1}^{T}[\gamma_t(j,k)(o_t-\mu_{jk})(o_t-\mu_{jk})']}{\sum_{t=1}^{T}\gamma_t(j,k)}$$

1.4 更新HMM

知道了如何由一笔data来更新一个**训练过的**模型的参数后，我们可以通过迭代的方式来更新HMM，直到$P(O|\lambda)$不再变化为止。



- It can be shown (by EM Theory (or EM Algorithm))

  $P(\bar{O}|\bar{\lambda}) \geq P(\bar{O}|\lambda)$ after each iteration

但是，我们反复强调上述过程是针对一个已经训练的过的模型。它虽然不够好，但也是我们之前用训练出来的。我们期待它再吃一些新数据后能变得更好。那么现在就面临几个问题：

1. 如何得到初始模型？
2. 如何获得一组好的初始化参数？

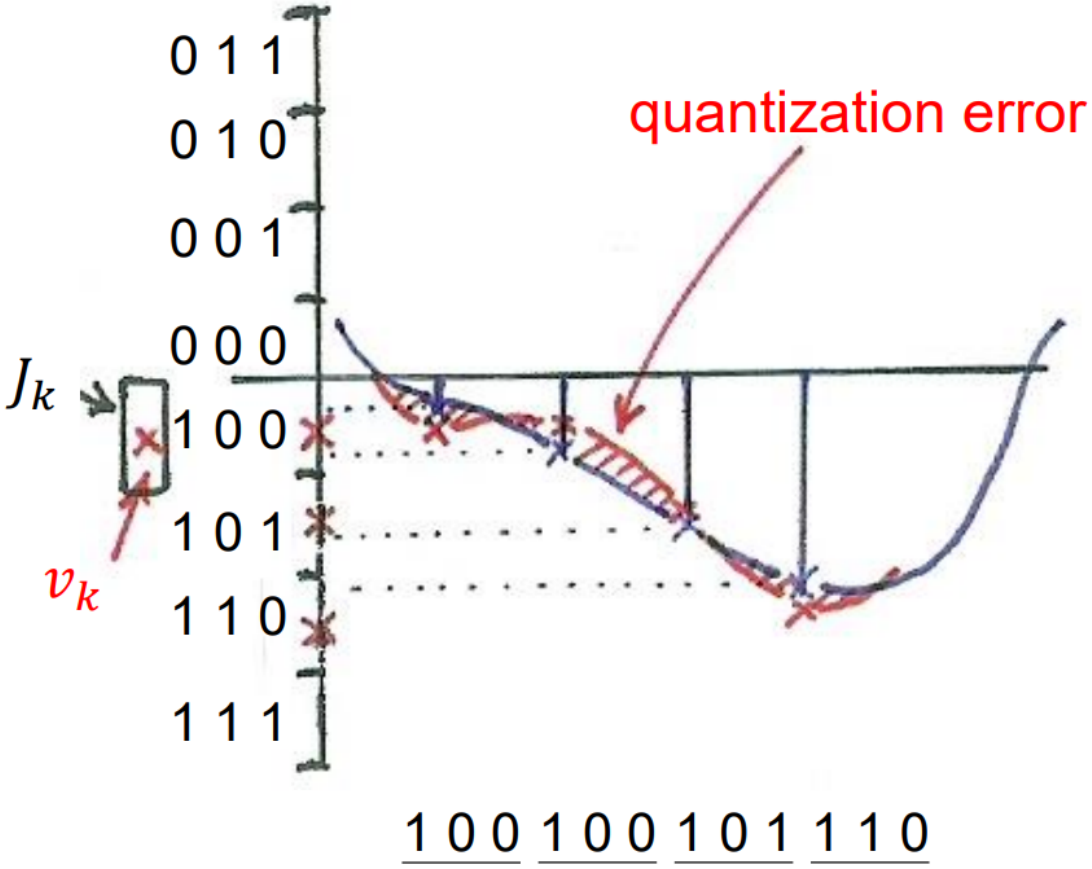
2 Quantization

量化（quantization）是一种很好的压缩数据方法。其核心就是用一个值来代表（represent）和它相邻的一系列值。

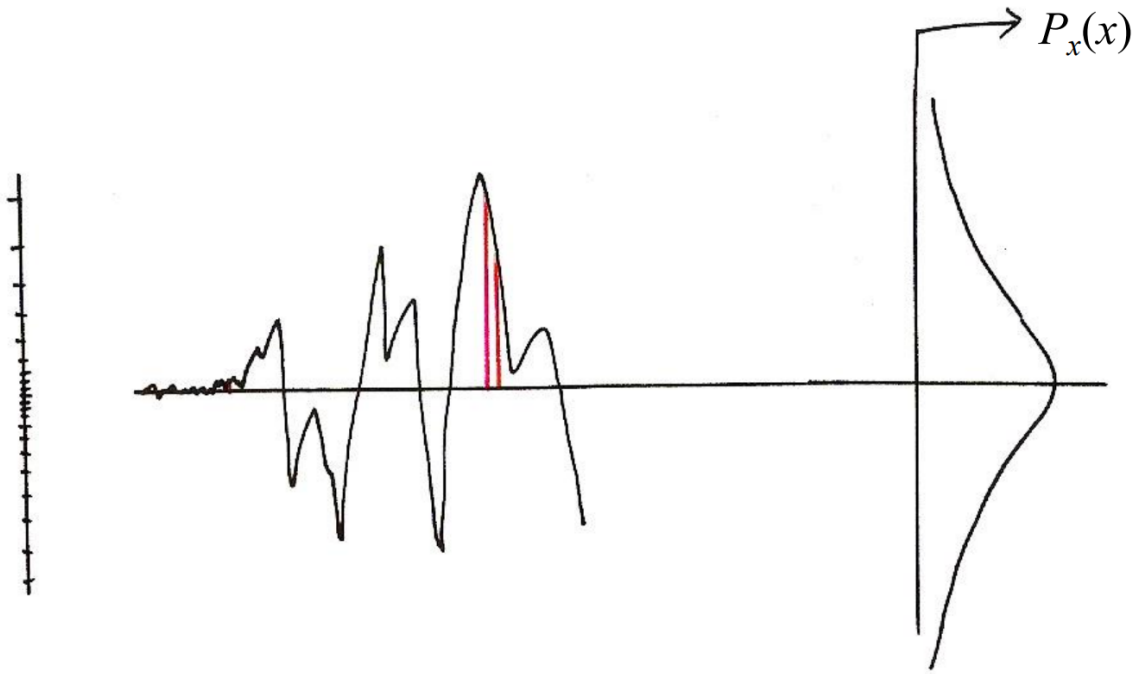
不过在HMM中，我们的目的不是压缩，而是初始化模型参数。

2. 1 Scalar Quantization

一维的情形称为标量量化（scalar quantization）。例如压缩一段信号，我们可以把纵轴等分成8份。对于一个sample，我们把其实数值用一个与之最接近的离散值代替。该离散值用可以只用3个bit表示和存储。



当然，也不一定要将纵轴等分。如果我们认为值比较大的信号点出现的概率较小，即大部分信号点的值都比较小。如果等分的话，值比小的地方可能就没有差异了（但我们需要区分它们）。那么可以两边疏，中间密。



2.2 Vector Quantization

二维以上的情形称为相向量量化（vector quantization）。

Example:

$\overline{x}_n = (x[n] , x[n+1])$

$S = \{\overline{x}_n = (x[n] , x[n+1]) ; |x[n]| < A, |x[n+1]| < A\}$

•VQ

– S divided into L 2-dim regions

$\{ J_1 , J_2 , \ldots, J_k , \ldots J_L \}$

$S = \bigcup_{k=1}^{L} J_k$

each with a representative vector $\overline{v}_k \in J_k$, $V = \{ \overline{v}_1 , \overline{v}_2 , \ldots, \overline{v}_L \}$

– $Q : S \rightarrow V$

$Q(\overline{x}_n) = \overline{v}_k$ if $\overline{x}_n \in J_k$

$L = 2^R$

each $\overline{v}_k$ represented by an R-bit pattern

– Considerations

1.error sensitivity may depend on x[n], x[n+1] jointly

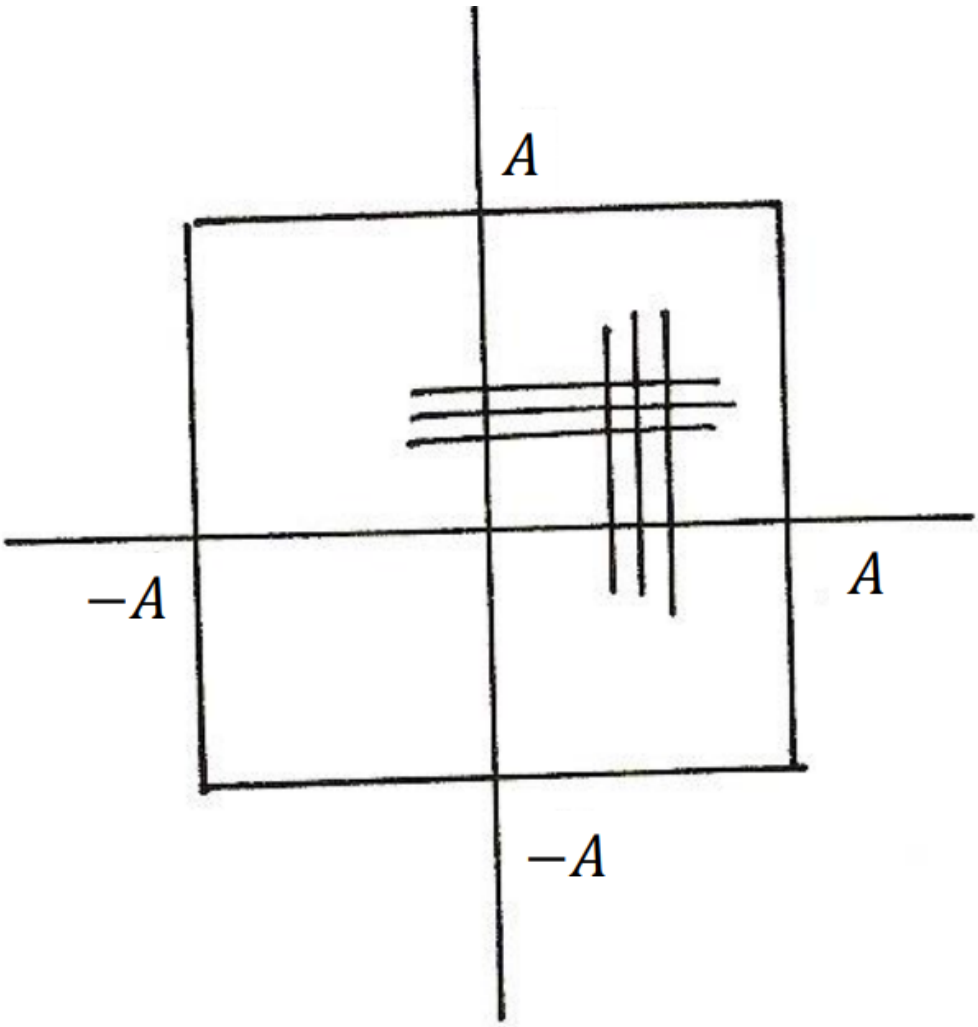
2.distribution of x[n] , x[n+1] may be correlated statistically

3.more flexible choice of J_k

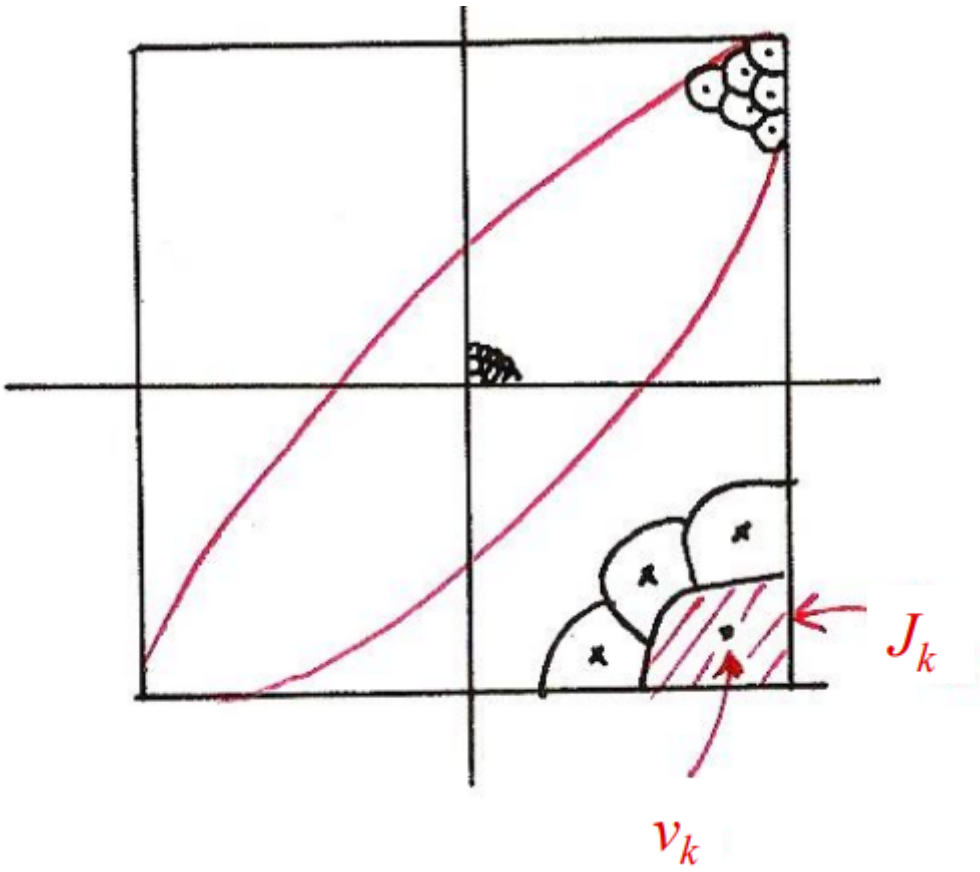
– Quantization Characteristics (codebook)

$\{ J_1 , J_2 , \ldots, J_L \}$ and $\{ \overline{v}_1 , \overline{v}_2 , \ldots, \overline{v}_L \}$

与标量量化类似，我们不一定要将区域等分，而是可以根据这些向量之间内在的联系来划分边界。这样不仅更为合理，还可以进一步压缩数据。例如将下面的区域等分，我们可能需要16个bit表示每个向量。



但对于向量$X_n = (X[n], X[n+1])$，由于信号中相邻两个sample的差异可能比较小，所以对角线处的点分布会比较密集，而边角处分布稀疏。这样可能就只需要10个bit来表示每个向量。



至于如何知道数据间的内在联系并根据它来划分边界，我们可以使用K均值算法。

2.2.1 定义距离

距离要满足一下条件：

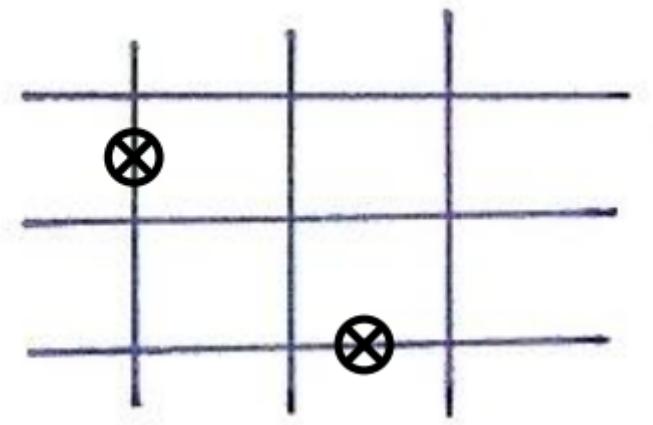
$$d(\overline{x}, \overline{y}) \geq 0$$
$$d(\overline{x}, \overline{x}) = 0$$
$$d(\overline{x}, \overline{y}) = d(\overline{y}, \overline{x})$$
$$d(\overline{x}, \overline{y}) + d(\overline{y}, \overline{z}) \geq d(\overline{x}, \overline{z})$$

常用距离：

$$d(\overline{x}, \overline{y}) = \sum_i (x_i - y_i)^2$$
$$d(\overline{x}, \overline{y}) = \sum_i |x_i - y_i|$$
$$d(\overline{x}, \overline{y}) = (\overline{x}-\overline{y})^t \Sigma^{-1} (\overline{x}-\overline{y})$$

第一个是欧式距离。

第二个是city block距离。



第三个距离称为Mahalanobis distance，Σ即数据的协方差矩阵。当协方差矩阵是diagonal的，向量的各个维度是independent，那么该距离就是欧式距离的每一维都normalize to该维度对应的方差。这样做可以让每个维度对最终距离的影响都相同。

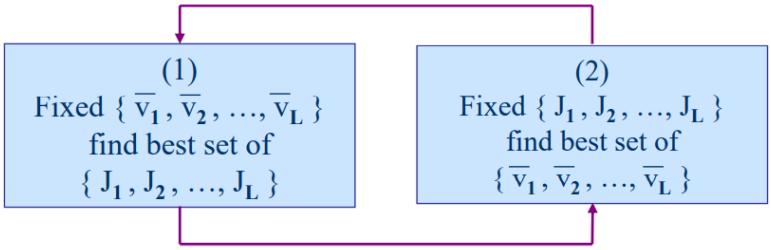
$$d(\bar{x},\bar{y}) = (\bar{x}-\bar{y})^t \, \Sigma^{-1} \, (\bar{x}-\bar{y}) \quad \text{Mahalanobis distance}$$

$$\sum = \begin{bmatrix} 1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 1 \end{bmatrix}, d(\bar{x},\bar{y}) = \sum_i (x_i - y_i)^2$$

$$\sum = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \sigma_2^2 & \vdots \\ 0 & \cdots & \ddots \; \sigma_n^2 \end{bmatrix}, d(\bar{x},\bar{y}) = \sum_i \frac{(x_i - y_i)^2}{\sigma_i^2}$$

2.2.2 K-Means

K均值的思想比较简单，细节不多阐述。



(1) $J_k = \{ \bar{x} \mid d(\bar{x}, \bar{v}_k) < d(\bar{x}, \bar{v}_j), j \neq k \}$

$\rightarrow D = \sum_{\text{all } \bar{x}} d(\bar{x}, Q(\bar{x})) = \min$

nearest neighbor condition

(2) For each k

$$\bar{v}_k = \frac{1}{M} \sum_{\bar{x} \in J_k} \bar{x}$$

$$\rightarrow D_k = \sum_{\bar{x} \in J_k} d(\bar{x}, \bar{v}_k) = \min$$

centroid condition

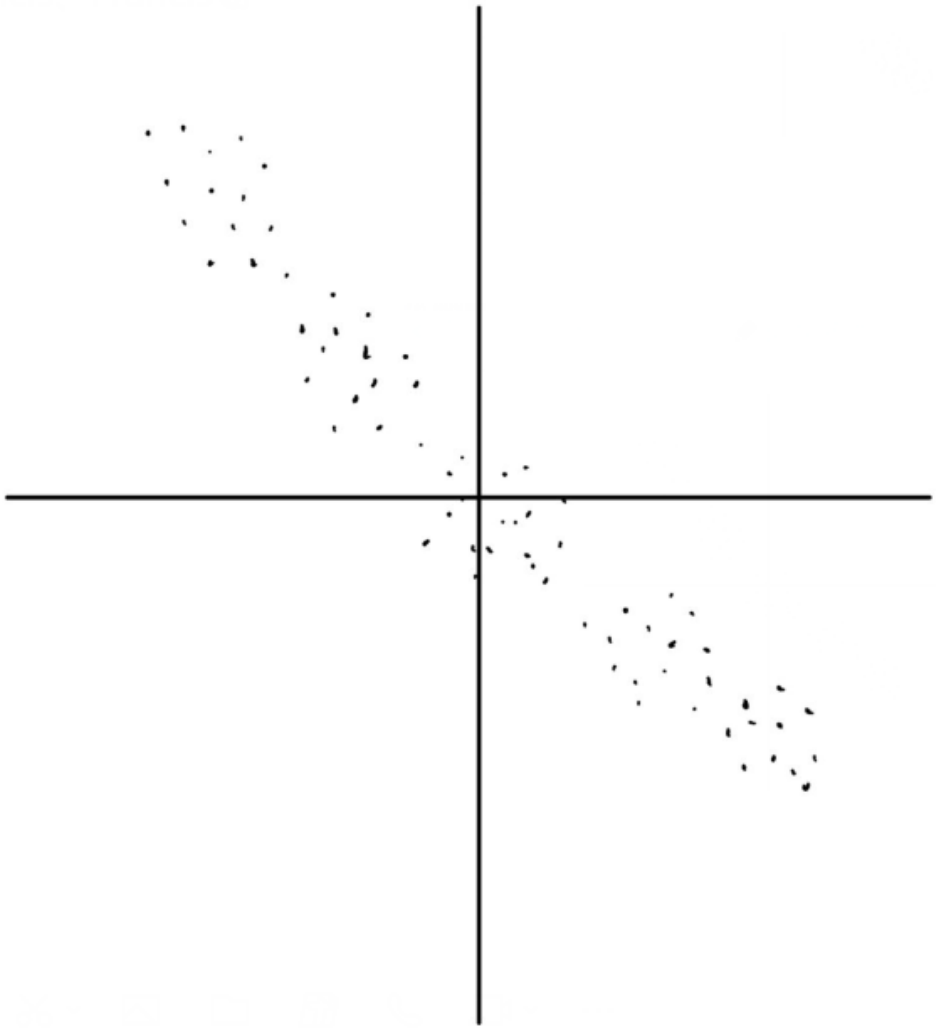
(3) Convergence condition

$D = \sum_{k=1}^{L} D_k$

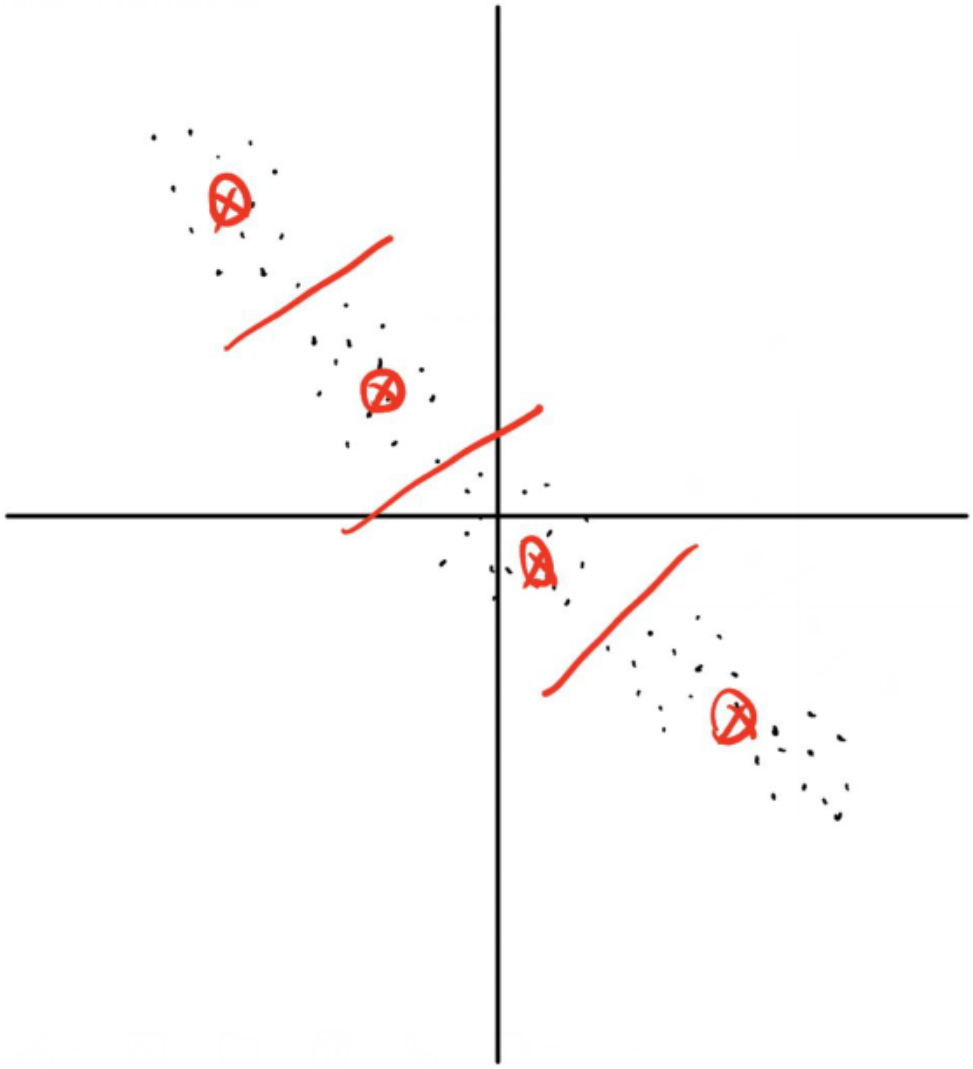
after each iteration D is reduced, but $D \geq 0$

$| D^{(m+1)} - D^{(m)} | < \epsilon$, m : iteration

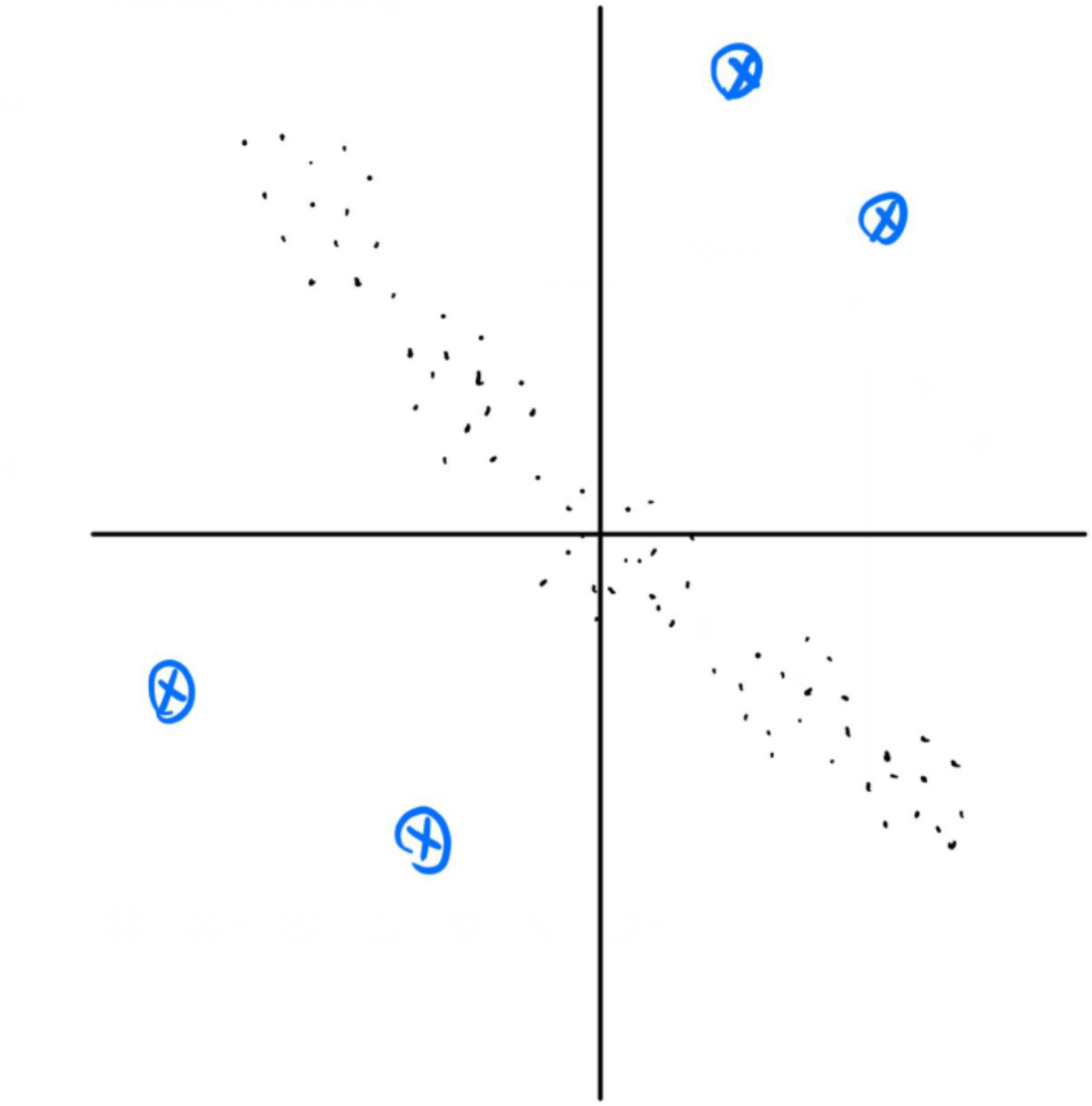
但K均值算法的表象也很依赖初始的条件。例如我们有下面这些数据。



我们期待最终的聚类的结果应该是如下：



但如果在初始化时，四个聚类的代表（representative）的分布如下时，可能就很难得到期望的结果。



维度不超过3时，我们或许可以先将数据可视化再设置初始点。但这样并不准确和方便，而且对于高维我们很难给出较好的初始点。LBG算法就致力于解决这个问题。

2.2.3 LBG Algorithm

– step 1: Initialization. L = 1, train a 1-vector VQ codebook

$$\bar{v} = \frac{1}{N}\sum_{j}\bar{x}_j$$

– step 2: Splitting.

Splitting the L codewords into 2L codewords, L = 2L

• example 1

$$\bar{v}_k^{(1)} = \bar{v}_k(1+\varepsilon)$$

$$\bar{v}_k^{(2)} = \bar{v}_k(1-\varepsilon)$$

• example 2

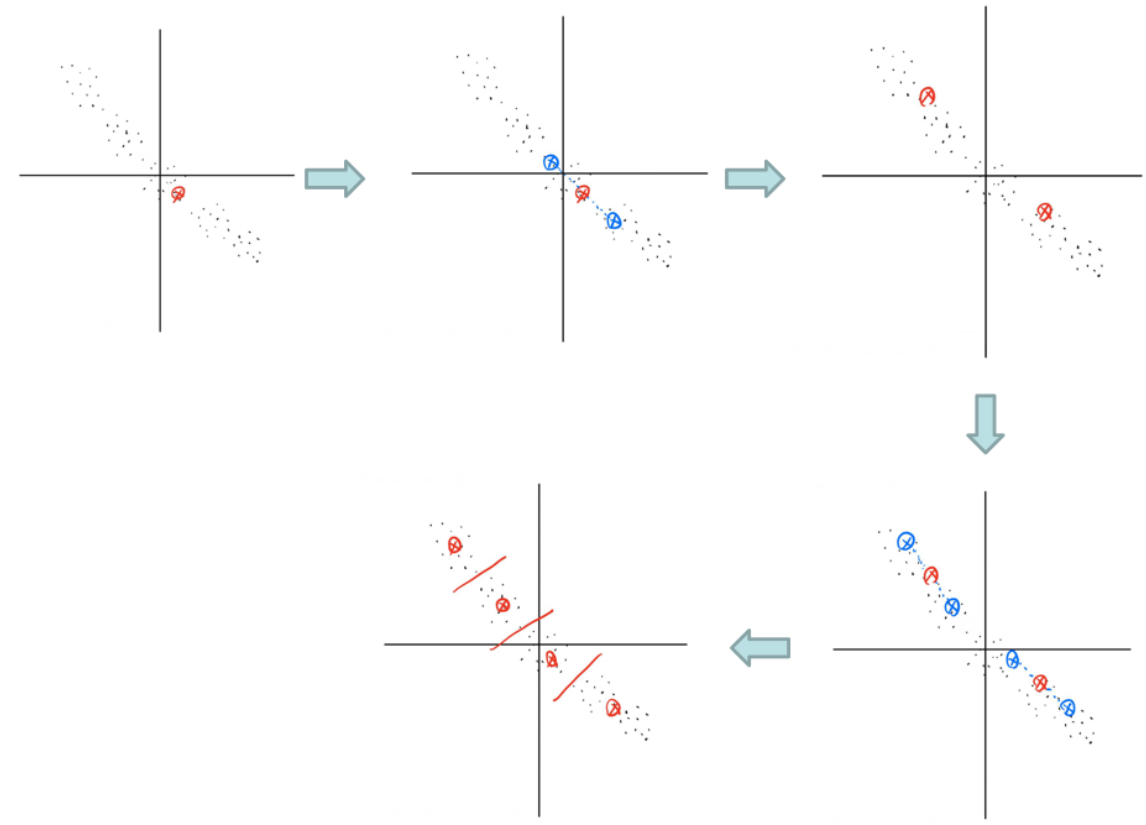
$$\bar{v}_k^{(1)} = \bar{v}_k$$

$\bar{v}_k^{(2)}$: the vector most far apart

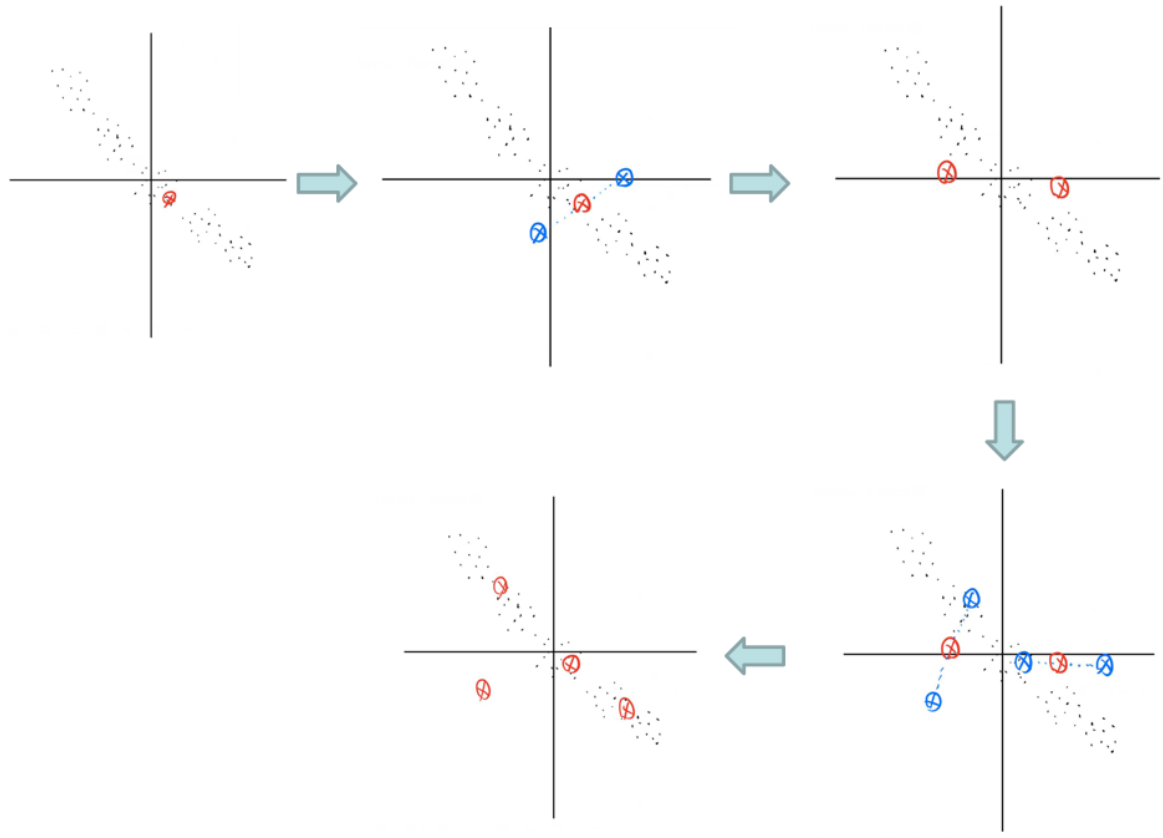
– step 3: K-means Algorithm: to obtain L-vector codebook

– step 4: Termination. Otherwise go to step 2

举例而言，首先我们求出所有数据对应的均值向量，它对应到一个点。然后以它为基准切出两个点，再以这两个点为初始的representative并通过比较各个点到它们的距离来聚类。接着更新representative。如此重复直到结束。



上例中第一次切分后两个点的分布很接近最终结果。当然，不可能每次都切得这么好，但LBG依然能够收敛到一个相对合理的结果：



3 HMM Initialization

- **An Often Used Approach— Segmental K-Means**
  - Assume an initial estimate of all model parameters (e.g. estimated by segmentation of training utterances into states with equal length)
    - For discrete density HMM

$$b_j(k) = \frac{\text{number of vectors in state j associated with codeword k}}{\text{total number of vectors in state j}}$$

    - For continuous density HMM (M Gaussian mixtures per state)

$\Rightarrow$ cluster the observation vectors within each state j into a set of M clusters (e.g. with vector quantiziation)

c_{jm} = number of vectors classified in cluster m of state j divided by number of vectors in state j

μ_{jm} = sample mean of the vectors classified in cluster m of state j

$\sum_{jm}$ = sample covariance matrix of the vectors classified in cluster m of state j

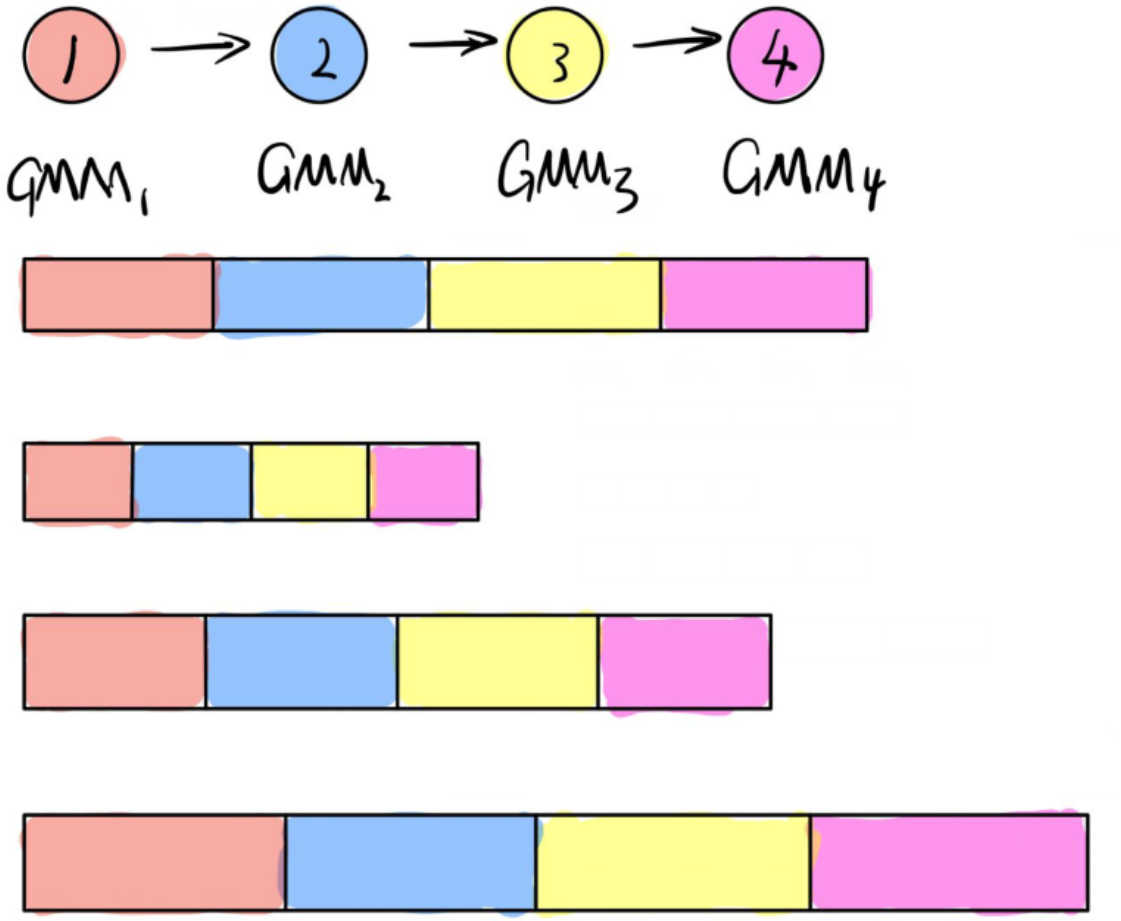
  - Step 1 : re-segment the training observation sequences into states based on the initial model by Viterbi Algorithm
  - Step 2 : Reestimate the model parameters (same as initial estimation)
  - Step 3: Evaluate the model score $P(\overline{O}|\lambda)$:
    If the difference between the previous and current model scores exceeds a threshold, go back to Step 1, otherwise stop and the initial model is obtained

假设现在我们要初始化一个8的HMM模型，并且有一些8的训练资料。HMM中有4个state，每个state的GMM中包含了M个子分布。训练数据时长不尽相同。

Initialization

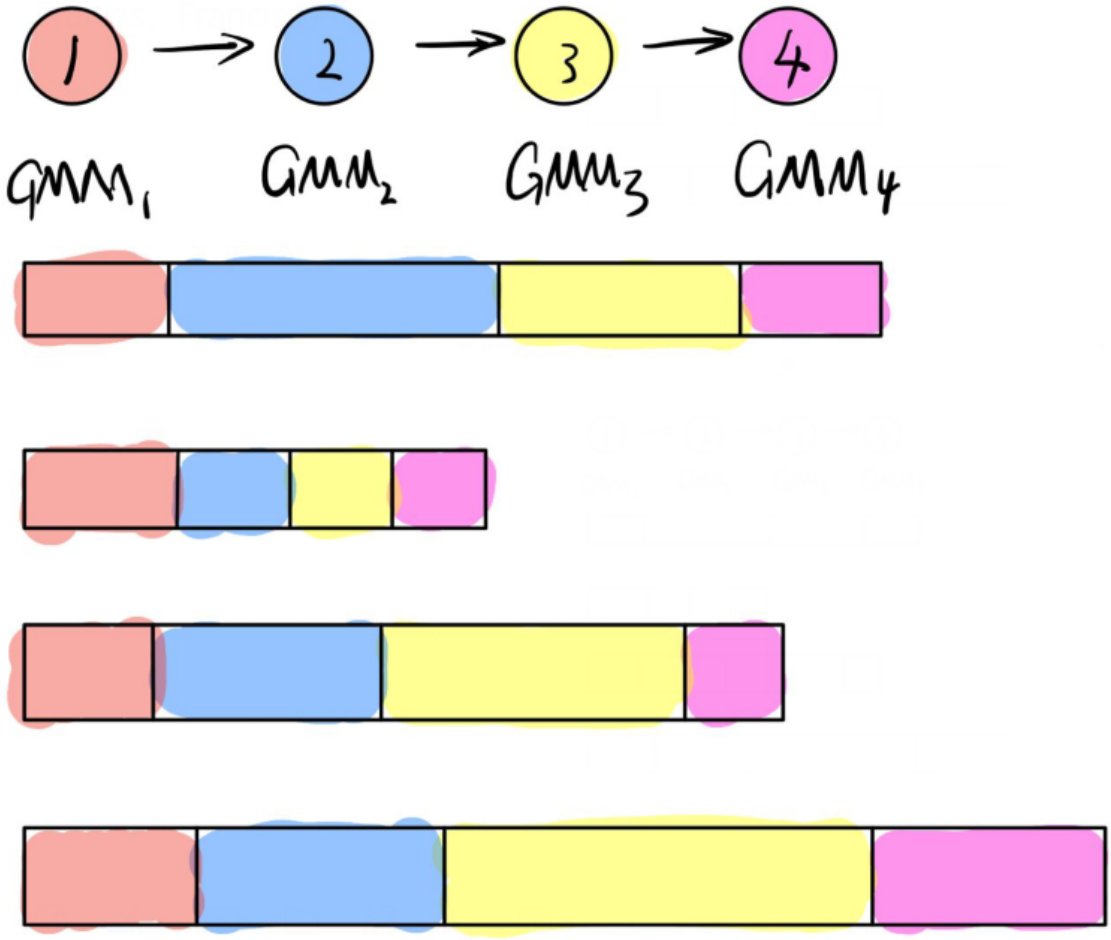
首先我们将各条训练数据对应的观测序列等分成4份，认为它们分别属于这4个state。

然后根据这些数据，使用LBG算法和K均值聚类出M个类。每个类就对应这一个子分布。



Step 1

利用Viverti算法为每一个观测序列都重新找出切割方案，它会比直接均分要准确。



Step 2

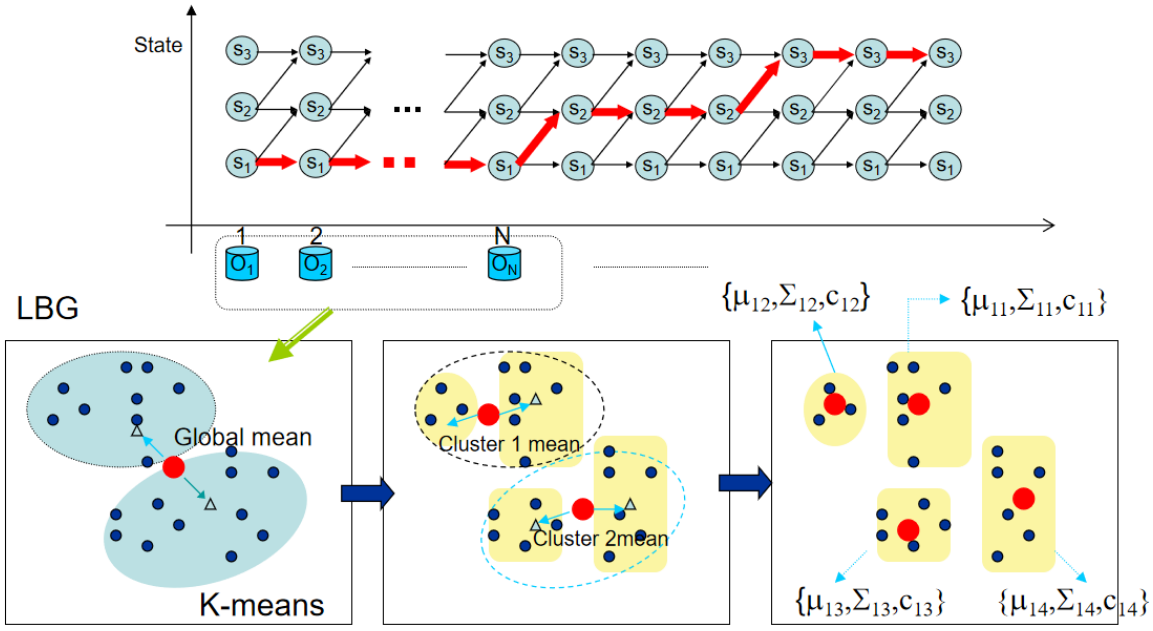
根据新切割的数据来重新聚类。

Step 3

接着求$P(O)\lambda)$。

重复step 1至3直到$P(O|\lambda)$不再变化。

– 3 states and 4 Gaussian mixtures per state



4 参考

[數位語音處理概論2021Autumn-week04 - YouTube]

[数位语音信号处理概论Lesson4 后续 - 知乎 (zhihu.com)]