Topic Models AO:Chapter 4.5:Gibbs Sampling LDA

@anemptyarchive

2019/12/08-2019/12/08

Contents

4.5 Gibbs Sampling LDA

・コード全体

```
# 利用パッケージ
library(RMeCab)
library(tidyverse)
```

・テキスト処理

```
## 抽出する単語の指定
# 品詞（大分類）を指定
PoS_1 <- "名詞|^動詞|形容詞"

# 品詞（細分類）を指定
PoS_2 <- "一般|^自立"

# 最低出現頻度を指定
Freq <- 5

# 抽出しない単語を指定
stop_words <- "[a-z]"

# 形態素解析
mecab_df <- docDF("フォルダ名", type = 1) # テキストファイルの保存先を指定する

# 文書dの語彙vの出現回数（N_dv）の集合
N_dv <- mecab_df %>%
        filter(grepl(PoS_1, POS1)) %>%         # 指定した品詞（大分類）を取り出す
        filter(grepl(PoS_2, POS2)) %>%         # 指定した品詞（細分類）を取り出す
        filter(!grepl(stop_words, TERM)) %>%  # ストップワードを除く
        select(-c(TERM, POS1, POS2)) %>%       # 数値列のみを残す
        filter(apply(., 1, sum) >= Freq) %>%  # 指定した頻度以上の語彙を取り出す
        t()                                    # 転置

# 確認用の行列名
dimnames(N_dv) <- list(paste0("d=", 1:nrow(N_dv)), # 行名
                       paste0("v=", 1:ncol(N_dv))) # 列名

# 文書dの単語数（N_d）のベクトル
N_d <- apply(N_dv, 1, sum) # 行方向に和をとる
```

```
# 文書数 (D)
D <- nrow(N_dv)

# 総語彙数 (V)
V <- ncol(N_dv)
```

・パラメータの初期設定

```
# トピック数 (K)
K <- 4   # 任意の値を指定する

# ハイパーパラメータ (alpha, beta)
alpha_k <- rep(2, K) # 任意の値を指定する
beta    <- 2         # 任意の値を指定する

# 文書 d の語彙 v に割り当てられたトピック (z_dn) の集合
z_dn <- array(0, dim = c(D, V, max(N_dv)),
              dimnames = list(paste0("d=", 1:D),
                              paste0("v=", 1:V),
                              paste0("N_dv=", 1:max(N_dv))))

# 文書 d においてトピック k が割り当てられた単語数 (N_dk) の集合
N_dk <- matrix(0, nrow = D, ncol = K,
               dimnames = list(paste0("d=", 1:D),
                               paste0("k=", 1:K)))

# 文書全体でトピック k が割り当てられた語彙 v の出現回数 (N_kv) の集合
N_kv <- matrix(0, nrow = K, ncol = V,
               dimnames = list(paste0("k=", 1:K),
                               paste0("v=", 1:V)))

# 全文書でトピック k が割り当てられた単語数 (N_k) のベクトル
N_k <- rep(0, K)
```

・**Gibbs Sampling LDA**

```
# 推定回数を指定
Iter <- 1000

# 受け皿
count_dvk <- array(0, dim = c(D, V, K))

# 結果の確認用
trace_alpha <- as.matrix(alpha_k)
trace_beta  <- beta
trace_N_k   <- as.matrix(N_k)

# 推定
for(i in 1:Iter) {

  ## 新たに割り当てられたトピックに関するカウントを初期化
  new_N_dk <- matrix(0, nrow = D, ncol = K,
                     dimnames = list(paste0("d=", 1:D), paste0("k=", 1:K)))
```

```
new_N_kv <- matrix(0, nrow = K, ncol = V,
                   dimnames = list(paste0("k=", 1:K), paste0("v=", 1:V)))
new_N_k  <- rep(0, K)

for(d in 1:D) { ## (文書)

  for(v in 1:V) { ## (各語彙)

    if(N_dv[d, v] > 0) { ## (出現回数：N_dv > 0 のとき)

      # 現ステップの計算のためにカウントを移す
      tmp_N_dk <- N_dk
      tmp_N_kv <- N_kv
      tmp_N_k  <- N_k

      if(z_dn[d, v, N_dv[d, v]] > 0) { # 初回を飛ばす処理

        # 文書 d の語彙 v の分のカウントを引く
        tmp_N_dk[d, ] <- N_dk[d, ] - count_dvk[d, v, ]
        tmp_N_kv[, v] <- N_kv[, v] - count_dvk[d, v, ]
        tmp_N_k       <- N_k - count_dvk[d, v, ]
      }

      # サンプリング確率を計算
      tmp_p_alpha      <- tmp_N_dk[d, ] + alpha_k
      tmp_p_beta_numer <- tmp_N_kv[, v] + beta
      tmp_p_beta_denom <- tmp_N_k + beta * V
      p <- tmp_p_alpha * tmp_p_beta_numer / tmp_p_beta_denom

      # サンプリング
      tmp_z_dn1 <- rmultinom(n = N_dv[d, v], size = 1, prob = p)
      tmp_z_dn2 <- which(tmp_z_dn1 == 1, arr.ind = TRUE)
      z_dn[d, v, 1:N_dv[d, v]] <- tmp_z_dn2[, "row"]

      # カウントを保存
      count_dvk[d, v, ] <- apply(tmp_z_dn1, 1, sum)

      # 文書 d の語彙 v の分のカウントを加える
      new_N_dk[d, ] <- new_N_dk[d, ] + count_dvk[d, v, ]
      new_N_kv[, v] <- new_N_kv[, v] + count_dvk[d, v, ]
      new_N_k       <- new_N_k + count_dvk[d, v, ]

    } ## (/出現回数：N_dv > 0 のとき)
  } ## (/各語彙)
} ## (/各文書)

# トピック集合とカウントを更新
N_dk <- new_N_dk
N_kv <- new_N_kv
N_k  <- new_N_k

# ハイパーパラメータ (alpha) の更新
tmp_alpha_numer1 <- apply(digamma(t(N_dk) + alpha_k), 1, sum) # 分子
```

```
  tmp_alpha_numer2 <- D * digamma(alpha_k)                        # 分子
  tmp_alpha_denom1 <- sum(digamma(N_d + sum(alpha_k)))            # 分母
  tmp_alpha_denom2 <- D * digamma(sum(alpha_k))                   # 分母
  alpha_k <- alpha_k * (tmp_alpha_numer1 - tmp_alpha_numer2) / (tmp_alpha_denom1 - tmp_alpha_denom2)

  # ハイパーパラメータ (beta) の更新
  tmp_beta_numer1 <- sum(digamma(N_kv + beta))        # 分子
  tmp_beta_numer2 <- K * V * digamma(beta)            # 分子
  tmp_beta_denom1 <- V * sum(digamma(N_k + beta * V)) # 分母
  tmp_beta_denom2 <- K * V * digamma(beta * V)        # 分母
  beta <- beta * (tmp_beta_numer1 - tmp_beta_numer2) / (tmp_beta_denom1 - tmp_beta_denom2)

  # 結果の確認用
  trace_alpha <- cbind(trace_alpha, as.matrix(alpha_k))
  trace_beta  <- c(trace_beta, beta)
  trace_N_k   <- cbind(trace_N_k, as.matrix(N_k))
}
```

・コードの解説

各文書の語彙ごとにパラメータ推定を行っていきます。

R ではベクトルとマトリクスとを計算するとき、ベクトルの各要素をマトリクスの 1 行 1 列目の要素から列方向に順番に対応させて計算していきます。つまり、ベクトルの要素の数とマトリクスの列の要素の数 (行数) を一致させると、ベクトルの 1 つ目の要素をマトリクスの 1 行目の各要素に対応させることができます。なので、適宜転置して計算していきます。

・サンプリング確率

```
# サンプリング確率を計算
tmp_p_alpha      <- tmp_N_dk[d, ] + alpha_k
tmp_p_beta_numer <- tmp_N_kv[, v] + beta
tmp_p_beta_denom <- tmp_N_k + beta * V
p <- tmp_p_alpha * tmp_p_beta_numer / tmp_p_beta_denom
```

サンプリング確率の計算式は

$$p(z_{dn} = k|\boldsymbol{W}, \boldsymbol{Z}_{\backslash dn}, \boldsymbol{\alpha}, \boldsymbol{\beta}) \propto (N_{dk\backslash dn} + \alpha_k)\frac{N_{kw_{dn}\backslash dn} + \beta}{N_{k\backslash dn} + V\beta} \tag{4.15'}$$

です。

全て K 次元ベクトルかスカラーなので、そのまま計算します。

・サンプリング

続いて、求めた確率 p を使ってトピックをサンプリングします。

```
# サンプリング
tmp_z_dn1 <- rmultinom(n = N_dv[12, 7], size = 1, prob = p)
```

rmultinom() で多項分布に従いトピックを割り当てます。
引数 n = N_dv[d, v] で各語彙の出現回数だけ試行します。語彙の出現回数 1 回 (つまり各単語) ごとにトピックを 1 つ割り当てるので、size = 1 を指定します。prob = p で先ほど求めた確率を利用できます。

prob 引数には比率を与えればよいため、確率計算をする際に正規化しませんでした。

結果はこのように返ってきます。

```
tmp_z_dn1
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
## k=1     0    1    0    1    0    0    0    1    0     0
## k=2     0    0    1    0    0    0    1    0    1     0
## k=3     1    0    0    0    1    1    0    0    0     1
## k=4     0    0    0    0    0    0    0    0    0     0
```

行が各トピック、列が各単語を意味します。各列 (各単語) の 1 となっている行番号が割り当てられたトピック番号になります。

また、これを行方向に合計すると各トピックが割り当てられた単語数になるので、カウントの足し引きに利用します。

次は、割り当てられたトピックの情報を取り出します。

```
tmp_z_dn2 <- which(tmp_z_dn1 == 1, arr.ind = TRUE)
```

which() を使って、値が 1 である位置を調べます。引数に arr.ind = TRUE を指定すると、次のように返ってきます。

```
tmp_z_dn2
```

```
##      row col
## k=3    3   1
## k=1    1   2
## k=2    2   3
## k=1    1   4
## k=3    3   5
## k=3    3   6
## k=2    2   7
## k=1    1   8
## k=2    2   9
## k=3    3  10
```

row の列が該当した (値が 1 だった) 行番号になります。つまり、この列が割り当てられたトピック番号のベクトルになるので、取り出して z_dn に代入します。

・トピック分布のパラメータの更新

```
# ハイパーパラメータ (alpha) の更新
tmp_alpha_numer1 <- apply(digamma(t(N_dk) + alpha_k), 1, sum) # 分子
tmp_alpha_numer2 <- D * digamma(alpha_k)                      # 分子
tmp_alpha_denom1 <- sum(digamma(N_d + sum(alpha_k)))          # 分母
tmp_alpha_denom2 <- D * digamma(sum(alpha_k))                 # 分母
alpha_k <- alpha_k * (tmp_alpha_numer1 - tmp_alpha_numer2) / (tmp_alpha_denom1 - tmp_alpha_denom2)
```

$\boldsymbol{\alpha}$ の各要素の計算式は

$$\alpha_k^{\text{new}} = \alpha_k \frac{\sum_{d=1}^{D} \Psi(N_{dk} + \alpha_k) - D\Psi(\alpha_k)}{\sum_{d=1}^{D} \Psi(N_d + \sum_{k'=1}^{K} \alpha_{k'}) - D\Psi(\sum_{k'=1}^{K} \alpha_{k'})} \tag{4.16}$$

です。

$N_{dk} + \alpha_k$ の計算は、D 行 K 列のマトリクスと K 次元ベクトルの計算のため、N_dk を転置してから足します。

最終的に、分子の項は K 次元ベクトル、分母の項はスカラーになるので、そのまま計算します。

・単語分布のパラメータの更新

```
# ハイパーパラメータ (beta) の更新
tmp_beta_numer1 <- sum(digamma(N_kv + beta))         # 分子
tmp_beta_numer2 <- K * V * digamma(beta)             # 分子
tmp_beta_denom1 <- V * sum(digamma(N_k + beta * V)) # 分母
tmp_beta_denom2 <- K * V * digamma(beta * V)         # 分母
beta <- beta * (tmp_beta_numer1 - tmp_beta_numer2) / (tmp_beta_denom1 - tmp_beta_denom2)
```

β の各要素の計算式は

$$\beta^{\text{new}} = \beta \frac{\sum_{k=1}^{K} \sum_{v=1}^{V} \Psi(N_{kv} + \beta) - KV\Psi(\beta)}{V \sum_{k=1}^{K} \Psi(N_k + \beta V) - KV\Psi(\beta V)} \tag{4.17}$$

です。

β は一様に推定するためスカラーです。ベクトル (N_k) やマトリクス (N_kv) との計算もそのまま行えます。

また、分母分子全ての項がスカラーになるため、こちらもそのまま計算できます。

・推定結果の確認

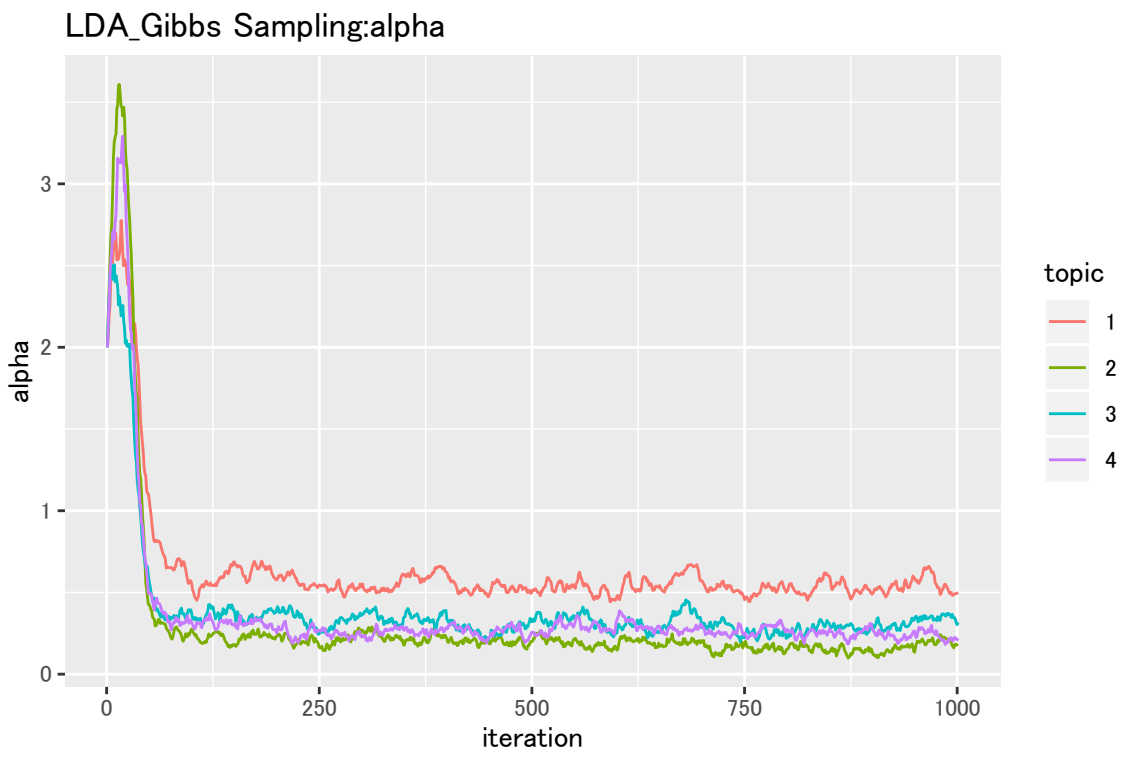
・作図用関数の作成

```
### トピック分布のパラメータの推移の確認
fn_plotTraceAlpha <- function(trace_alpha){

  # データフレームを作成
  trace_alpha_WideDF <- cbind(as.data.frame(t(trace_alpha)),
                              iteration =  1:(Iter + 1)) # 推定回数

  # データフレームを long 型に変換
  trace_alpha_LongDF <- pivot_longer(
    trace_alpha_WideDF,
    cols = -iteration,
    names_to = "topic",
    names_prefix = "k=",
    names_ptypes = list(topic = factor()),
    values_to = "alpha"
  )

  # 描画
  ggplot(data = trace_alpha_LongDF, mapping = aes(x = iteration, y = alpha, color = topic)) +
    geom_line() +                              # 折れ線グラフ
```

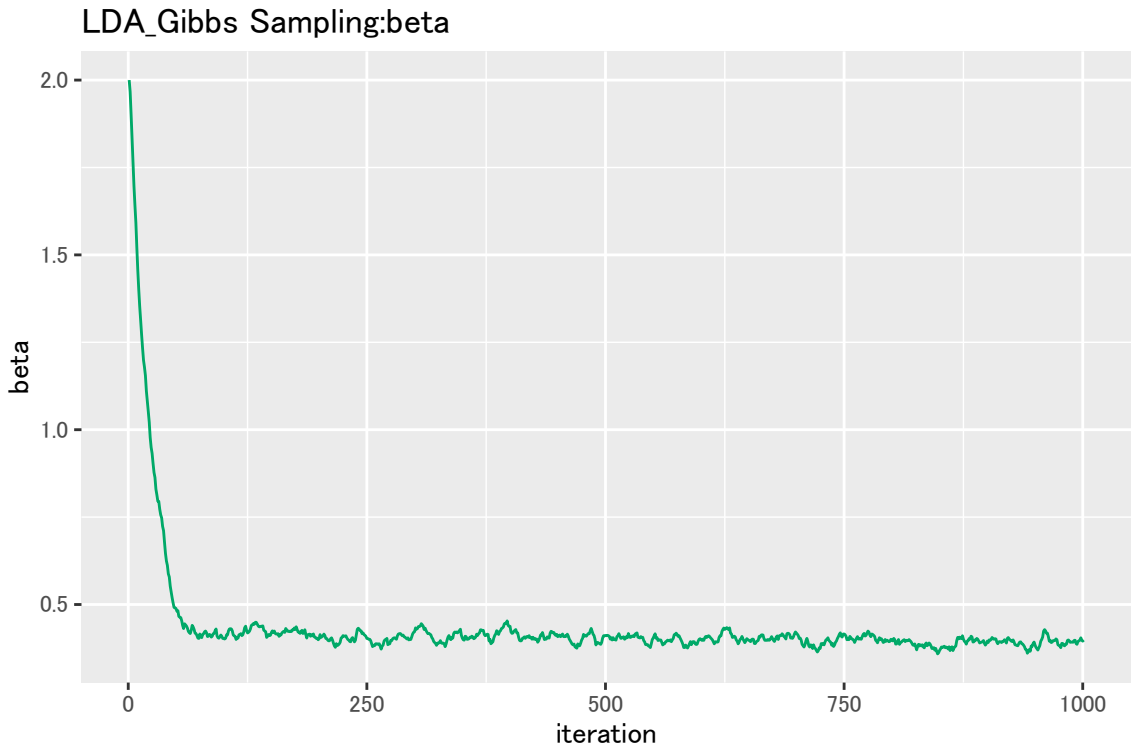
```
    labs(title = "LDA_Gibbs Sampling:alpha") # タイトル
}


### 単語分布のパラメータの推移の確認
fn_plotTraceBeta <- function(trace_beta){

  # データフレームを作成
  trace_beta_DF <- data.frame(beta = trace_beta,
                              iteration = 1:(Iter + 1)) # 推定回数

  # 描画
  ggplot(data = trace_beta_DF, mapping = aes(x = iteration, y = beta)) +  # データ
    geom_line(color = "#00A968") +           # 折れ線グラフ
    labs(title = "LDA_Gibbs Sampling:beta") # タイトル
}
```

・描画

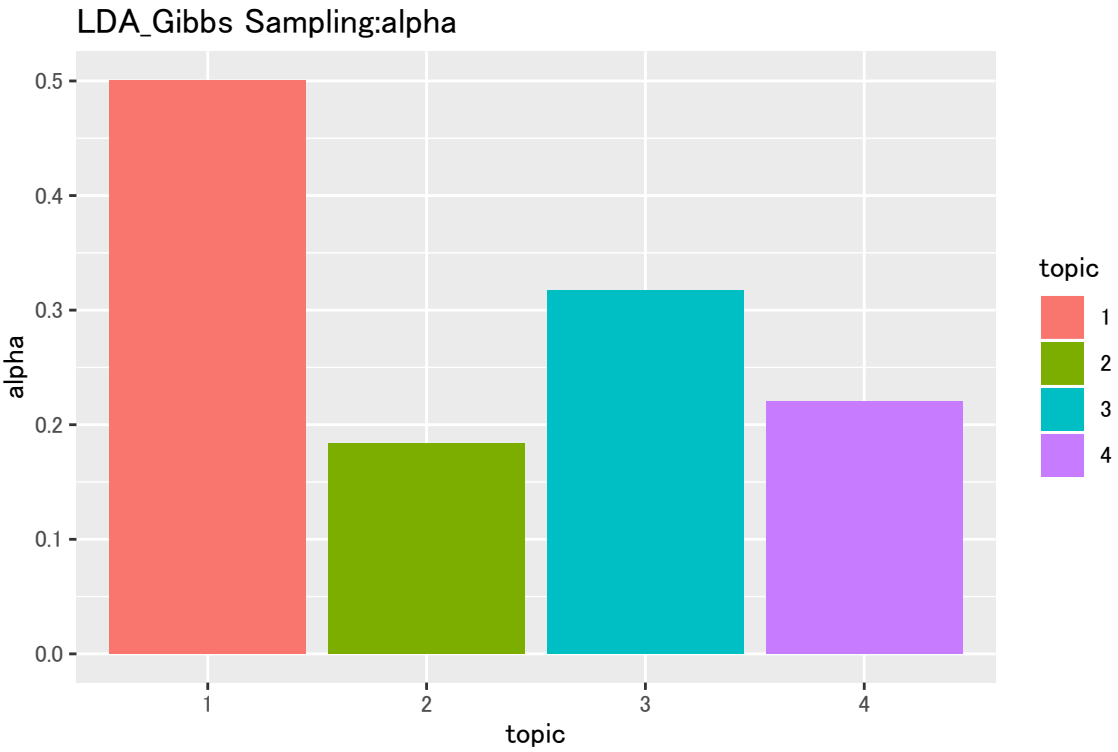
```
# トピック分布のパラメータの推移の確認
fn_plotTraceAlpha(trace_alpha)
```



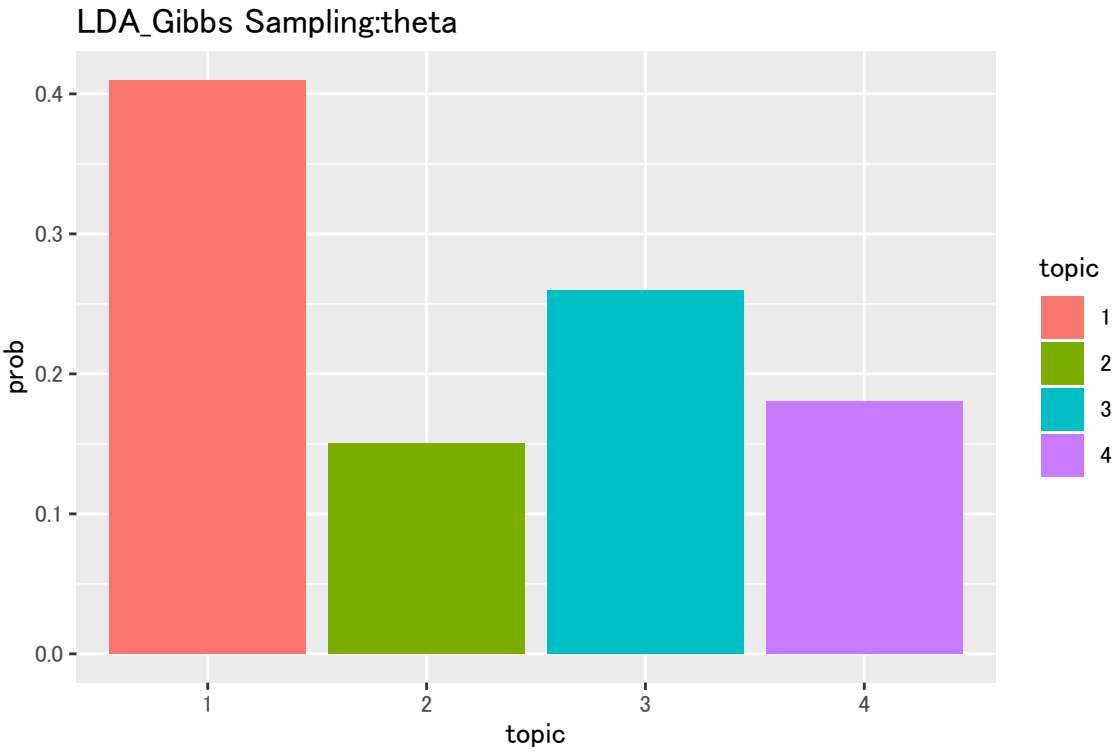

```
# 単語分布のパラメータの推移の確認
fn_plotTraceBeta(trace_beta)
```




```
## トピック分布の推定結果の確認
# データフレームを作成
alpha_DF <- data.frame(topic = as.factor(1:K),
                       alpha = alpha_k)

# 描画
ggplot(data = alpha_DF, mapping = aes(x = topic, y = alpha, fill = topic)) +
  geom_bar(stat = "identity", position = "dodge") +  # 折れ線グラフ
  labs(title = "LDA_Gibbs Sampling:alpha")           # タイトル
```




```
## トピック分布（平均値）の確認
# データフレームを作成
theta_DF <- data.frame(topic = as.factor(1:K),
                       prob = alpha_k / sum(alpha_k))

# 描画
ggplot(data = theta_DF, mapping = aes(x = topic, y = prob, fill = topic)) +
  geom_bar(stat = "identity", position = "dodge") +  # 折れ線グラフ
  labs(title = "LDA_Gibbs Sampling:theta")           # タイトル
```


LDA_Gibbs Sampling:theta
prob
0.4
0.3
0.2
0.1
0.0
1
2
3
4
topic
topic
1
2
3
4