

文章编号: 1001-0920(2006)02-0189-04

基于进化 HMM 模型的动态 Agent 系统建模方法

唐 健, 朱纪红, 孙增圻

(清华大学 a 计算机科学与技术系, b 智能技术与系统国家重点实验室, 北京 100084)

摘 要: 提出一种基于隐式 Markov 模型(HMM)的进化建模方法. 使用进化算法随机搜索 HMM 的模型空间, 自动选择 HMM 的结构和参数, 完成对动态智能体系统行为的建模, 学习智能体对周围环境的分割和反映方式. 实验结果表明, 该方法可以很好地搜索 HMM 的模型空间, 并且避免了人工确定 HMM 模型结构的困难和手工设计模型所需的多次反复

关键词: 隐式 Markov 模型; 进化算法; 智能体建模

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A

Evolutionary Hidden Markov Modeling for Dynamic Agent Systems

TANG Jian, ZHU Ji-hong, SUN Zeng-qi

(a Department of Computer Science and Technology, b State Key Laboratory of Intelligent Technology and System, Tsinghua University, Beijing 100084, China Correspondent: SUN Zeng-qi, Email: szq-dcs@mail.tsinghua.edu.cn)

Abstract An evolutionary approach is proposed to model dynamic agent systems using Hidden Markov Models (HMMs). An enhanced genetic algorithm is used to automatically learn the structure and parameters of the HMM, and the final HMM can represent the agent's behaviors by segmenting its environment with an appropriate manner. Experiments indicate that the new method is good at searching the global model parameter space of HMMs, it outperforms conventional optimal HMM topology design methods which has a tendency to stagnate on local optima and usually requires a priori knowledge from a field expert

Key words: Hidden Markov model; Evolutionary algorithm; Agent modeling

1 引 言

当需要模仿 Agent 的行为时, 通常需要找出一种方法对其(称为示教 Agent)进行建模. 隐式 Markov 模型(HMM)就是一种可用于 Agent 系统建模的有效方法. 作为一种建模随机序列数据的概率模型工具, HMM 已广泛应用于语音识别^[1]、生物信息学^[2]、移动机器人^[3]等许多研究领域.

使用 HMM 建模动态 Agent 系统时, Agent 及其周围环境可视为一个整体, 并划分为有限的状态. 然而困难之处在于, 这种划分可能与 Agent 的当前目标/任务密切相关.

HMM 模型通常可采用 Baum-Welch 算法迭代地训练, 训练的的目的是使生成的 HMM 模型以尽可能高的概率产生观察到的样本数据序列. Baum-Welch 算法本质上是一种基于梯度信息的模型空间搜索算法, 它对 HMM 模型的初始参数设置十分敏感, 很容易陷入局部最优解. 在开始训练之前, Baum-Welch 算法要求手工确定 HMM 模型的规模和结构, 而这一要求对于许多应用是很难实现的. 进化算法或其他类似的随机算法对此可以发挥作用^[4-6], 它们能有效搜索潜在的巨大模型空间, 不会轻易陷入局部最优解.

收稿日期: 2005-01-04; 修回日期: 2005-03-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(60174018, 60305008, 90205008); 国家重点基础研究基金项目(G2002cb312205).

作者简介: 唐健(1976—), 男, 湖南东安人, 博士生, 从事移动机器人、机器学习的研究; 孙增圻(1943—), 男, 江苏靖江人, 教授, 博士生导师, 从事智能控制等研究.

本文提出一种 HMM 进化建模方法,它使用增强的进化算法自动选择 HMM 模型的结构和参数,完成对动态 Agent 系统的建模,学习 Agent 对周围环境的分割和反映方式.由于采用了进化算法,该方法在模型空间的全局搜索上取得了良好的效果,并且避免了人工确定 HMM 模型结构的困难和手工设计模型所必需的多次反复.这种基于可进化 HMM 模型的动态 Agent 系统建模方法,可用于许多需要从仿真 Agent 中进行学习的场合,例如 RoboCup 机器人足球比赛项目、某些室内服务机器人等

2 动态 Agent 系统的 HMM 表示方法

如图 1 所示,Agent 可建模为一个 HMM 模型^[7].该模型中 Agent 的行为遵循以下规则:

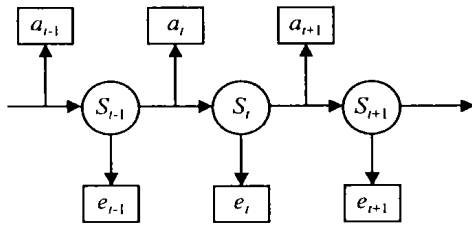


图 1 Agent 系统的 HMM 描述

- 1) Agent 所处的内部状态是有限的,在每个离散时间步,Agent 按一定的概率从一个内部状态转移到另一个内部状态;
- 2) Agent 的下一个状态 s_{t+1} 仅由当前状态 s_t 决定;
- 3) Agent 的每个状态转换 ($s_t \rightarrow s_{t+1}$) 唯一决定当前所采取的行为 a_{t+1} ;
- 4) 假定 Agent 的内部状态与环境之间存在概率意义上的关联关系,则当前环境变量 e_t 仅由 Agent 的当前状态 s_t 决定

于是,Agent 及其所处环境可表示为

$$\text{Agent} = \{S, A, E, T, B, R, \pi\} \quad (1)$$

其中: $S = \{s_i\}$ 是 Agent 所有内部状态的集合; $A = \{a_i\}$ 是 Agent 所有可能行为的集合; $E = \{e_i\}$ 是所有环境变量的集合; $T = \{t_{ij} = \Pr(s_{t+1} = j | s_t = i) | i, j \in S, \forall t\}$ 是模型的状态转移矩阵; $B = \{b_{ij}(a) | i, j \in S, a \in A, \forall t\}$ 是所有状态转移中 Agent 所采取行为的概率函数的集合, $b_{ij}(a) = \Pr(a_{t+1} = a | s_t = i, s_{t+1} = j)$; $R = \{r_i(e) = \Pr(e_t = e | s_t = i) | i \in S, e \in E, \forall t\}$ 是各种状态下环境变量的概率函数的集合; $\pi = \{\pi_i = \Pr(s_0 = i) | i \in S\}$ 是初始情况下 Agent 所处状态的概率分布

3 HMM 模型的进化训练方法

本文构筑一个 HMM 种群,并采用进化算法来完成 HMM 模型结构和参数的全局搜索,以找到最

优的 HMM 模型,完成对动态 Agent 系统的建模

3.1 表示方法

作为进化算法中的个体,式(1)可用一个三元组表示为

$$\text{Genotype} = \{P, B, R\} \quad (2)$$

其中: P 是一个 $(n+1) \times n$ 矩阵,表示 Agent 的初始状态概率和状态转移概率的组合; B 是一个 $n \times n \times m$ 的三维数组,表示各状态转移时可能产生各种行为的概率; R 是一个 $n \times k$ 矩阵,表示各状态下各环境因子出现的概率

为将 Agent 的初始状态概率向量及其状态转移概率矩阵组合起来,本文为 HMM 设定一个初始状态,Agent 不能从其他状态转换回初始状态.对于整个进化算法而言,Agent 的内部状态数 n 是可变的

3.2 种群初始化

初始种群中每个 HMM 的内部状态数 n 可以随机选取,但应根据具体问题设定一个合理的范围 n 确定后,表示每个 HMM 的三元组 P, B 和 R 中的各项,可用 $0.0 \sim 1.0$ 范围内的随机数进行填充.需要注意的是, P, B 和 R 需要满足各自的归一化条件,例如 P 矩阵的每一列元素之和应为 1, 因为 $\sum_j t_{ij} = 1, \pi_i = 1$

3.3 进化算子

为更好地搜索 HMM 的模型空间,本文定义了一些交叉组合和变异算子,它们作用在选中的 HMM 个体上,可改变其拓扑结构和模型参数

为算法的交叉组合操作定义一个维交叉算子,作用于基因型表示中 B 数组和 R 矩阵的最后一维.对于 R 矩阵而言,其实是对两个 R 矩阵各自随机选择的列进行操作.对于选定的两个摘自双亲 HMM 的一维序列,执行通常的单点或多点交叉,并对产生的子序列进行归一化

算法定义的变异算子包括:

添加新状态: 增加新的内部状态,并在基因型表示中添加新的随机项;

删除某状态: 删除随机选取的某内部状态,并在基因型表示中删除所有对应项;

添加新的状态转移项: 在状态转移矩阵中选取一个值为 0.0 的项,代之一个 0.0~1.0 之间的随机数,并对该矩阵进行归一化;

删除原有的状态转移项: 在状态转移矩阵中选取一个非零的项代之 0.0,并对该矩阵进行归一化;

单点交换: 在 P (或 B, R) 中随机选取两项进行交换,并进行归一化;

单点变异: 在 P (或 B, R) 中随机选取一项, 进行高斯变异操作并进行归一化, 变异所取的方差 $\text{var} = 1/(\text{generation} + 1)$ 具有退火特性, 随着进化代数的递增而减小

3.4 适配度函数

进化算法的目的是为找到某个 HMM 模型, 使该模型具有尽量高的数据序列预测精度, 并使模型不致过于复杂 本文采用如下 Bayesian 信息条件^[8] 为 HMM 模型的适配度评价函数, 以求在预测精度和模型复杂度之间取得平衡

$$\text{fitness} = \log(P(O|\lambda)) + \omega \frac{\log(l+1)}{2} p. \quad (3)$$

其中: $P(O|\lambda)$ 表示在给定 HMM 模型下数据序列发生的概率, 它可通过 HMM 的前向算法^[11] 计算得到; ω 为模型复杂度惩罚因子; l 为观察到的数据序列长度; p 为模型中自由参数的数量, 包括基因型中的 P, B 和 R .

3.5 HMM 进化算法

本文的 HMM 进化算法在种群初始化之后, 每一代种群都需要进行交叉、变异和选择产生新种群, 直到满足终止条件 (通常是迭代到一定的代数). 如果按照一定的概率被选中, 则种群中每个个体都可通过交叉组合或变异操作产生自己的后代, 其中交叉组合和变异采用的算子前已介绍过, 具体某一次操作选择哪个交叉 (或变异) 算子则是随机的 产生出新个体后, 所有的 HMM 个体按照一定的规则 (例如锦标赛), 根据其适配值参与下一代种群的竞争 算法流程如下面的伪码所示:

HMM 进化算法

```

begin
  初始化 HMM 种群
  while (not 终止条件) do
    begin
      计算种群中所有个体的适配值
      交叉组合种群中的个体
      个体变异
      计算所有新产生个体的适配值
      根据适配值选择产生新一代种群
    end
  end
end
    
```

4 实验结果及分析

本文通过仿真实验对所提出的建模方法进行验证. 实验目的是为获取一个 Agent 系统 (示教 Agent) 的运动控制规则 该 Agent 在一个 U 型网格中往复移动, 其可能的位置包括 $e_0 \sim e_{10}$, 如图 2 所示 Agent 在运动中可能采取的行为包括前进、调头

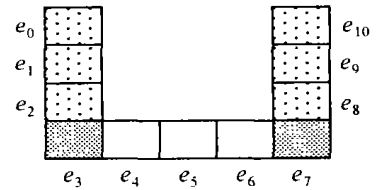


图 2 Agent 所处环境

和拐弯 3 种, 其运动控制规则如下:

当 Agent 处于区域 $\{e_0, e_1, e_2\}$ 或 $\{e_8, e_9, e_{10}\}$ 且运动方向向上时, Agent 采取调头行为, 以使运动方向变成向下;

当 Agent 在前进时, 通过 e_3 或 e_7 位置, 停在该处并采取拐弯行为调整其运动方向, 例如 Agent 向右到达 e_7 时, 将停在该处并将其运动方向调整为向上;

其他时刻, Agent 会采取前进行为, 即按当前的运动方向随机地向前移动 1 ~ 3 格

在对 Agent 实际的内部动力学规则一无所知的前提下, 实验目的是希望通过观察示教 Agent 在各连续时刻的位置序列 (即输出的环境变量 e_t), 及其采取的行为序列 (a_t), 使用 HMM 建模示教 Agent 的动态行为, 获取对环境理解分割方式及其行为模式的知识 需要关注的是, 在自行进化得到的 HMM 模型中, 所包含的状态能否表示一些不可直接观察的因素. 例如调头区域的概念 (区域 $\{e_0, e_1, e_2\}$ 和 $\{e_8, e_9, e_{10}\}$), 转向区域的概念 (区域 $\{e_3\}$ 和 $\{e_7\}$), 前进时步伐的大小 (1 ~ 3 格). 需要注意的是, 实验中 Agent 的运动方向是不可直接观察的

通过对多个观察序列 e_t 和 a_t 的迭代进化训练, 得到的 HMM 模型包含 10 个内部状态 ($s_0 \sim s_9$), 其 $\Pr(e_t|s) = \Pr(e_t = e | s_t = i)$ 和 $\Pr(s_t|e) = \Pr(s_t = i | e_t = e)$ 分别如表 1 和表 2 所示 $\Pr(e|s)$ 即为 HMM 模型中的 R 矩阵, 表示在各内部状态 ($s_0 \sim s_9$) 下所有环境变量 (即位置 $e_0 \sim e_{10}$) 出现的概率; $\Pr(s|e)$ 由 $\Pr(e|s)$ 通过贝叶斯公式计算得到

表 1 HMM 模型中的 $\Pr(e|s)$

s	e										
	e_0	e_1	e_2	e_3	e_4	e_5	e_6	e_7	e_8	e_9	e_{10}
s_0				0.87							
s_1	0.21	0.47	0.32								
s_2									0.31	0.42	0.25
s_3								0.84			
s_4					0.26	0.31	0.27				
s_5					0.35	0.28	0.34				
s_6	0.41	0.25	0.21								
s_7					0.84						
s_8									0.80		
s_9									0.39	0.29	0.28

表 2 HMM 模型中的 $\Pr(s|e)$

s	e									
	s0	s1	s2	s3	s4	s5	s6	s7	s8	s9
e0	0.32						0.63			
e1	0.61						0.31			
e2	0.58						0.38			
e3	0.50							0.48		
e4				0.36	0.48					
e5				0.44	0.42					
e6				0.38	0.46					
e7			0.48					0.46		
e8		0.41							0.50	
e9		0.49							0.38	
e10		0.35							0.39	

$$\Pr(s|e) = \frac{\Pr(e|s)\Pr(s)}{\Pr(e)} = \frac{\Pr(e|s)\Pr(s)}{\sum_s \Pr(e|s)\Pr(s)}$$

它表示从环境变量 ($e_0 \sim e_{10}$) 到内部状态的概率映射关系

为了便于观察, 表 1 和表 2 只列出了较大的概率项, 忽略了接近 0 的概率项. 在表 1 中, s_0 所在行仅有一个主要项, 即 e_3 ; s_1 行的概率主要分布在 e_0, e_1 和 e_2 上, 可解释为在对 Agent 的建模中, $\{e_3\}$ 被认为是一个内部状态, $\{e_0, e_1, e_2\}$ 被组织为另一个状态. 进一步观察表 1, 可认为整个环境被划分为 5 个区域, 即 $\{e_0, e_1, e_2\}$, $\{e_8, e_9, e_{10}\}$, $\{e_3\}$, $\{e_7\}$ 和 $\{e_4, e_5, e_6\}$. 前两个区域可解释为 Agent 的调头区域, $\{e_3\}$ 和 $\{e_7\}$ 对应于 Agent 的转向区域, $\{e_4, e_5, e_6\}$ 相当于 Agent 的前进区域. 区域长度为 3, 且在三处的概率分布大概相等, 意味着 Agent 前进的步伐为 1~3, 并且步伐大小为 1~3 的概率大致相同.

从表 2 可以看出, 每个环境变量都大致对应两个内部状态. 例如 e_3 所在行 s_0 和 s_7 的概率大致相等, e_5 所在行映射到 s_4 和 s_5 两个状态, 可解释为最终的 HMM 模型总结出了 Agent 运动方向的概念. 对于任一个位置, Agent 都有两个可能的运动方向, 而运动方向的概念在训练样本中本来是不可观察的.

5 结 语

本文借助于进化算法的全局搜索能力, 提出了

使用改进的遗传算法搜索 HMM 模型空间以建模动态 Agent 系统行为的方法. 实验结果表明, 该方法对 Agent 行为的理解较为合理, 对 Agent 环境的分割方式也与观测相吻合. 下一步的研究包括该方法在具体应用领域(如 RoboCup 机器人足球比赛)中的应用, 以及如何将其推广到多 Agent 系统建模环境.

参考文献 (References)

- [1] Raphael C. Automatic Segmentation of Acoustic Musical Signals Using Hidden Markov Models [J]. *IEEE Trans on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1999, 21(4): 360-370
- [2] Morris A P, Whittaker J C, Balding D J. Bayesian Fine-scale Mapping of Disease Loci by Hidden Markov Models [J]. *American J of Human Genetics*, 2000, 67(1): 155-169
- [3] Baltzakis H, Trahanias P. A Hybrid Framework for Mobile Robot Localization: Formulation Using Switching State-space Models [J]. *Autonomous Robots*, 2003, 15(2): 169-191
- [4] Won K J, Prugel B A, Krogh A. Training HMM Structure with Genetic Algorithm for Biological Sequence Analysis [J]. *Bioinformatics*, 2004, 20(18): 3613-3619
- [5] Kwong S, Chau C. Analysis of Parallel Genetic Algorithms on HMM Based Speech Recognition System [A]. *Proc of ICASSP [C]* Munich, 1997: 1229-1233
- [6] Kwong S, Chau C, Man K, et al. Optimisation of HMM Topology and Its Model Parameters by Genetic Algorithms [J]. *Pattern Recognition*, 2001, 34(2): 509-522
- [7] Noda Itsuki. Segmentation of Environments Using Hidden Markov Modeling of Other Agents [A]. *Proc of AAMAS-2002 [C]* Bologna, 2002: 1395-1396
- [8] Murphy K, Mian S. *Modelling Gene Expression Data Using Dynamic Bayesian Networks* [R]. Berkeley: University of California, 1999