モンテカルロフィルタの改良について

九州工業大学 工学部　　生駒 哲一

１．はじめに

非ガウス分布に従う粒子で近似計算を行うモンテカルロフィルタを，デルタ翼非定常振動データの解析に適用した時の問題点として，状態ベクトルが高次元の場合に十分な尤度が得られず，これは予測誤差が悪いことに起因することが判明した．この原因を詳細につきとめるために，線形ガウスモデルである時変係数ＡＲモデルをモンテカルロフィルタにより計算を行い，カルマンフィルタとの比較を行ったところ，高次元になるにつれてモンテカルロフィルタではカルマンフィルタ程の尤度が得られておらず，その原因は十分な解の探索が行われないためと考えられる．本研究では，モンテカルロフィルタで使われている近似を確認して解の探索が不十分になる原因を明確にし，これを改良する方法を検討する．

２．モンテカルロフィルタにおける近似

北川の提案しているモンテカルロフィルタ [2] は，非ガウス分布を実現値により近似し，実現値を用いた計算によって非ガウスフィルタを近似するものである．ここではモンテカルロフィルタの説明も兼ねて，近似の行われている箇所を確認する．

フィルタの問題では，時刻 t の p 次元状態ベクトルを x_t ，時刻 t の観測値を y_t，および時刻 t までの観測値の集合を Y_t と表すとき，状態空間モデル (システムモデルおよび観測モデルから成る)

$$\mathbf{x}_t = \mathbf{g}(\mathbf{x}_{t-1}, \mathbf{w}_t), \qquad y_t = h(\mathbf{x}_t, \varepsilon_t) \tag{1}$$

によってデータが生成されるものとする．この前提の下で，１期先予測の分布 $p(\mathrm{x}_t|Y_{t-1})$ とろ波の分布 $p(\mathrm{x}_t|Y_t)$ を推定するのがフィルタの問題である．

分布における近似

モンテカルロフィルタでは，これらの分布を次のような M 個の実現値 (p 次元) の集合 $\mathbf{P}_t$ および $\mathbf{F}_t$ によりそれぞれ近似する．

$$\mathbf{P}_t = \left\{\mathbf{p}_1^{(t)}, \mathbf{p}_2^{(t)}, \cdots, \mathbf{p}_M^{(t)}\right\}, \sim\ p(\mathbf{x}_t|Y_{t-1}) \qquad \mathbf{F}_t = \left\{\mathbf{f}_1^{(t)}, \mathbf{f}_2^{(t)}, \cdots, \mathbf{f}_M^{(t)}\right\} \sim\ p(\mathbf{x}_t|Y_t) \tag{2}$$

以下フィルタでは，まず初期分布を適切に決め，その分布に従う $\mathbf{P}_1$ を乱数により生成するものとする．

１期先予測における近似

各実現値ごとに，システムモデルに従って乱数 $\mathrm{w}_i^{(t)}$ を加える．

$$\mathbf{p}_i^{(t)} = \mathbf{g}(\mathbf{f}_i^{(t-1)}, \mathbf{w}_i^{(t)}) \tag{3}$$

ろ波における近似

まず各実現値の尤度 $\alpha_i^{(t)}$ を，次式のように計算する．

$$\alpha_i^{(t)} \ = \ p(y_t|\mathbf{p}_i^{(t)}) \ = \ r\left(\ h^{-1}(\ y_t\ ,\ \mathbf{p}_i^{(t)}\ )\ \right) \tag{4}$$

ここで式 (1) の $y = h(x,z)$ には $z = h^{-1}(y,x)$ となる関数 $h^{-1}(\cdot,\cdot)$ が存在するものとする．また $r(\cdot)$ は観測ノイズ ε_t の密度関数である．

リサンプリングにおける近似

次に $\mathbf{p}_k^{(t)}$ の選ばれる確率を $\alpha_k^{(t)}/\sum_{j=1}^{M}\alpha_j^{(t)}$ としてリサンプリングを行い，$\mathbf{f}_j^{(t)}$ を得る．

$$\mathbf{f}_j^{(t)} \ \sim\ \mathbf{p}_k^{(t)} \ \text{ with prob. } \alpha_k^{(t)}/\sum_{j=1}^{M}\alpha_j^{(t)}, \ \ k = 1, 2, \cdots, M \tag{5}$$

尤度計算における近似

各実現値の尤度 $\alpha_i^{(t)}$ から，次式により尤度 $l(\vartheta)$ が近似的に計算される．

$$l(\vartheta) \;=\; \sum_{t=1}^{N} \log p(y_t|Y_{t-1}) \;\simeq\; \sum_{t=1}^{N} \log \left(\sum_{j=1}^{M} \alpha_j^{(t)} \right) - N \log M \tag{6}$$

３．近似の検討

上述の近似のうち，線形ガウスの場合について以下を確認した．まず粒子により分布が十分に記述されているかについては，平均ベクトルと分散共分散行列について十分な近似が得られていることを確認した．次に１期先予測において乱数を加えた結果は，カルマンフィルタに基づく結果とほぼ一致することを確認した．そしてリサンプリングについては，尤度を累積して経験分布関数を計算する箇所で，数値計算に関する誤差はほどんど無いことを確認した．最後に尤度の計算については，数値積分による値と比較したが，十分な近似であることが判った．

上記の個々の方法を調べた限りでは，数値計算的な誤差や近似に対する大きな誤差は一見して無いように思える．しかしリサンプリングについて良く検討してみると，粒子により平均や分散の値はよく近似されているものの，裾の広がりは最も外れた粒子の位置までと限定されているため，分布の裾部分での乖離が大きく，探索能力が下がっているものと考えられる．

４．改良について

解の探索能力の改良として，以下の３つを検討する．具体的な結果については，口頭発表にて報告する．

１期先予測とろ波を繰り返す

同じ時刻のデータに対して，１期先予測とろ波を繰り返し行うことで，必要な解の変化量を得ることができると考えられる．しかし繰り返しを多くし過ぎると，１時刻のデータだけにあてはまるようになってしまうので，適当な短い時間区間のデータについて，この繰り返しを行う方がより良いと考えられる．

遺伝的アルゴリズムにおける交叉の導入

遺伝的アルゴリズムとモンテカルロフィルタとの類似性が指摘されており [1]，淘汰はリサンプリングに，突然変異は１期先予測に対応しているが，交叉に相当するものはモンテカルロフィルタには無い．改良の方法として，交叉に相当する操作の導入が考えられる．交叉は，まず２つの粒子をランダムに取り出し，次に粒子を構成するベクトルの要素の並びをランダムに決めた箇所で切断し，これらを交換して新しい二つの粒子を生成する．交叉の操作により，例えば分布が単峰の場合には，裾の部分に新たな粒子が得られ，探索能力が向上したことになる．

交叉の外挿に相当する操作を導入

交叉は，単なるノイズ印加に比べると，裾に近い粒子を得る効果があるが，２つの粒子の性質を掛け合わせるため，どちらかと言えば内挿に近い．２つの粒子の間以外の領域を探索するためには，交叉よりも外挿に近い操作が必要である．ここでは上述の交叉とは異なり，２つの粒子を結ぶ直線によって外挿を行い，裾に近い粒子を得る．この方法では，外挿のステップ幅を線形探索によって決めることも可能と考えられる．

参考文献

[1] T.Higuchi: Monte Carlo filter using the Genetic algorithm operators, Journal of Statistical Computation and Simulation, Vol.59, No.1, pp.1-23(1997).

[2] G.Kitagawa: Monte Carlo filter and smoother for non-Gaussian nonlinear state space models, *Journal of Computational Graphical Statistics*, **5**, No.1, pp.1-25(1996).