

郑智强, 郑建德, 高媛

(厦门大学 信息科学与技术学院, 福建 厦门 361000)

摘要:在指纹图像进行采集的过程中,由于采集者本身或采集设备等各种原因会造成大量的残缺指纹图像。而这些残缺指纹图像正是影响指纹识别正确率的关键因素。在此对残缺指纹做了大量的研究,提出了二次去伪特征点的方法,并利用自适应遗传算法设计了一种基于指纹微特征信息的匹配方法。在对残缺指纹可信特征点进行人工智能的匹配,着眼于残缺指纹的全局特征进行匹配,提升了匹配的精度与速度。

关键词:残缺指纹识别;可变界限盒;自适应遗传算法;二次去伪特征点

中图分类号:TN964-34

文献标识码:A

文章编号:1004-373X(2013)10-0083-04

Fragmentary fingerprint matching based on adaptive generic algorithm

ZHENG Jian-de, ZHENG Zhi-qiang, GAO Yuan

(School of Information Science and Technology, University of Xiamen, Xiamen 361000, China)

Abstract: In the acquisition process of fingerprint images, a lot of incomplete fingerprint images may occur due to the fingerprint itself or acquisition equipment. The fragmentary fingerprint image is an important factor that affects the fingerprint recognition correctness rate. Based on enough research on fragmentary fingerprints, a duplex pseudo-discarded characteristic point method is put forward, and a matching method based on the fingerprint feature information is designed by using the adaptive genetic algorithm to match the trustworthy characteristic points of fragmentary fingerprints by artificial intelligence method. This method improved the matching accuracy and velocity.

Keywords: fragmentary fingerprint matching; variable boundary box; adaptive generic algorithm; duplex pseudo-discarded characteristic point

指纹是人体固有的一种生物特征,具有唯一、终生不变以及与主体不可分离等独特性质,用它来作个人的身份验证^[1-2]已有上百年的历史。指纹识别算法^[3]是从指纹图像中提取指纹特征,并进行比对。指纹图像由纹谷和纹脊组成,在指纹图像中呈深灰色粗线条的部分即为纹路,其位于手指皮肤的凸出处,纹谷在指纹图像中相对纹路的灰度较亮,夹在两纹路间,位于手指皮肤的凹陷处。在指纹识别系统中,首先要进行的就是指纹图像的预处理,它对后续指纹匹配等环节起着至关重要的作用。经过指纹图像预处理后,可以提取出准确有效的指纹特征点。一个指纹识别系统一般包括如下的过程:指纹图像分割、指纹图像增强、指纹图像二值化、指纹图像细化处理以及特征点的提取。在指纹自动识别过程中,采集到的指纹存在不同程度的粘连、断裂、缺失、模糊等状况,包含了大量的噪声,使得采集到的指纹图像质量低、效果差,本文把这类指纹统一成为残缺指纹。造成这种现象的原因是由于采集设备本身的采集条件和采集参数的限制,采集者自身指纹存在缺陷,采集者采集指纹时方法不

当等。如图1所示为一个采集到的指纹图像的噪声区域。

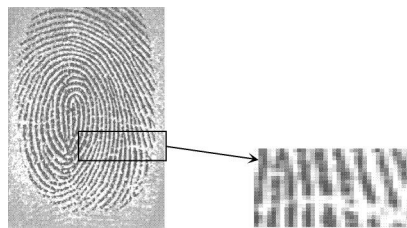


图1 指纹图像的某个噪声区域

残缺指纹图像的预处理过程与其他一般指纹图像的预处理过程基本相同,没有本质上的不同。但是在提取指纹特征过程中,如使用一般提取方法来处理残缺指纹,将会产生许多伪特征点,并对匹配指纹的准确识别率产生很大影响。所以在残缺指纹的提取过程中,去除伪特征点是关键所在,必须找到新的指纹识别法,以免受到伪特征点的影响。

1 二次去伪特征点算法

在进行图像的预处理之后,本文对处理后的指纹图像进行特征点提取,由于残缺指纹存在大量的伪特征点,故本文设计了如下的二次去伪算法来克服伪指纹特

收稿日期 2013-01-09

基金项目 福建高校产学研合作科技重大项目(0630-k42047)

征点的干扰。

1.1 脊线跟踪算法

本文采用基于微特征的脊线跟踪算法,用以找出伪特征结构。算法主要是这样实现的:首先在细化后的图像上,从每一个未被访问的末梢点出发,开辟新的脊线并沿着该脊线前进,记录走过的像素点,将它的横、纵坐标以及节点类型保存到链表中。如图2所示,其中 P_{i-1} 是上一个跟踪过的点, P_i 是当前点, P_{i+1} 是下一个要跟踪的点。然后算法判断当前点的类型和它的邻接点,如果是分叉点且有未访问的邻接点,则建立新的脊线进行深度跟踪,否则继续在当前脊线上进行探索。脊线跟踪完毕后,每条链表的头尾是特征点,而中间节点都是连续点。

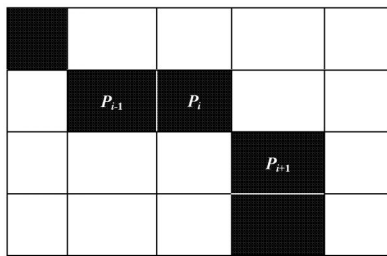


图2 脊线上的3个相邻点

算法的伪代码如下:

脊线跟踪算法 RidgeTrace(P_i , Pointlist)

Input:

P_i 表示当前跟踪的点

Pointlist表示正在跟踪的脊线

将 P_i 标记为已访问;

if (P_i 不是分叉点)

搜索 P_i 的 3×3 窗口中邻接节点 P_{i+1} ;

if (P_{i+1} 是分叉点且未被访问)

当前链表Pointlist结束;

将 P_{i+1} 作为当前点 RidgeTrace (P_{i+1} , NULL);

else if (P_{i+1} 是被访问的分叉点 或者 P_{i+1} 是端点)

当前链表Pointlist结束 返回;

else // P_i 是连续点且未被访问

以 P_{i+1} 作为当前点 Pointlist作为当前链表进行;

RidgeTrace(P_{i+1} , Pointlist);

end if

else if (P_i 是分叉点)

for all P_i 的 3×3 窗口中未跟踪的节点 P_{i+1} do

NewPointlist \leftarrow P_{i+1} //建立新的脊线链表

//以 P_{i+1} 作为当前点 NewPointlist作为当前链表进行;

RidgeTrace(P_{i+1} , NewPointlist);

end for

end if

1.2 残缺指纹图像的第二次去伪特征

在进行了一般指纹图像处理的 指纹特征提取 \rightarrow 脊线跟踪 \rightarrow 删除毛刺、洞、桥 \rightarrow 连接断裂脊线 \rightarrow 删除短脊线 \rightarrow 删除边界特征点 一次去伪特征之后,大部分的伪特征点可以得到消除。但是对于残缺指纹来说,由于残缺指纹图像有大量的模糊指纹区域,进行脊线跟踪算法之后,仍会在模糊指纹区域周围产生大量的伪特征点。图3为FVC 2004指纹测试库中的一幅残缺指纹

图,依次经过二值化、细化、提取特征点后的图像。可以看出,残缺指纹图像的增强、二值化、细化处理过程与一般指纹图像差别不大。但细化后提取特征点时,将会出现大量伪特征点,图3中红色圈起部分,其中的绝大部分是伪特征点。



图3 残缺指纹图像的特征提取

其中图3(a)~(d)分别为原始指纹图像、二值化后图像、细化后图像、直接提取特征点。如此多的伪特征点,会严重影响指纹的准确识别率。所以对于残缺指纹,必须去除模糊区域的伪特征点。大部分伪特征点产生在指纹缺失的区域,且基本上都是端点,基本没有分叉点,又因为大部分指纹的纹线间距约为7像素左右,所以可以构造如下算法来去除残缺指纹缺失区域的伪特征点。

(1)对于每个特征点进行验证,若不满足以下条件,则认为该点是伪特征点,把它从特征点集合中去除。

(2)以特征点 P_{ij} (其中 i, j 为特征点 P 的坐标)为中心,构造一个窗口大小为 M 的正方形块,即 $M \times M$ 字块。本文中 M 取值21较合适。

(3)按照下式计算出 $sum_1, sum_2, sum_3, sum_4$ 的值。

$$\begin{cases} sum_1 = \sum_{m=i-10, n=j-5}^{i-1, j+5} (1 - B(m, n)) \\ sum_2 = \sum_{m=i+1, n=j-5}^{i+10, j+5} (1 - B(m, n)) \\ sum_3 = \sum_{m=i-5, n=j-10}^{i+5, j-1} (1 - B(m, n)) \\ sum_4 = \sum_{m=i-5, n=j+1}^{i+5, j+10} (1 - B(m, n)) \end{cases}$$

式中 $B(m, n)$ 为细化后的单色指纹图像,指纹部分为0,背景为1。

(4)若 $sum_1, sum_2, sum_3, sum_4$ 中,任一值小于 T (本文取 $T=5$)则可认为该点为伪特征点,并从指纹特征点集合中删除。通过以上步骤的处理,因疤痕或其他原因造成的部分指纹缺失,而造成的伪特征点基本上就可以全部去除了。

2 基于自适应遗传算法的匹配

鉴于上文对残缺指纹匹配现状的分析,必须设计一种基于全局信息的人工智能的指纹匹配方法。本文设

计了基于自适应遗传算法^[4]的残缺指纹匹配算法。在该算法中,指纹比对被划分为 2 个步骤。首先利用遗传算法搜索可能将 2 幅指纹特征点集对齐的参数,然后再确定点的位置匹配关系。遗传算法是一种优秀的智能搜索算法,具有并行度高特点。但是,传统的遗传算法在求解上述模型最优解的时候,会出现早熟与容易进入局部限等问题。本文根据自适应遗传算法的思想,设计了基于自适应遗传算法的最优偏移搜索算法,实验证实该算法是高效的。

2.1 匹配模型

设残缺指纹 1 的特征点集合为 M_1 , 残缺指纹 2 的特征点集合为 M_2 , 则遗传算法的个体为 $P:(m_1, m_2)$, 其中 $m_1 \in M_1, m_2 \in M_2$ 。以个体 P 中所包含的两个特征点为参考点, 将特征点集 M_2 移动到 M_1 的偏移参数为 (x, y) , 其中:

$$x = m_1x - m_2x, \quad y = m_1y - m_2y, \quad \theta = m_1 - m_2$$

将 M_2 任意点 (x, y) 由 P 进行偏移至 M_1 如下:

$$\begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} m_1x \\ m_1y \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \cos & -\sin & 0 \\ -\sin & \cos & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x - m_2x \\ y - m_2y \end{bmatrix}$$

通过上面的计算即使可以使两组特征点集以 m_1, m_2 为基准对齐。但是由于指纹在采集区域形变与图像处理里的微偏移, 对应特征点之间总是存在着一定的偏移。本文使用可变界限盒的方法进行特征点的匹配。以 m_1 与 m_2 为参考点, 计算两组特征点之间的相互匹配点数。当偏转之后的目标特征点集 m_2' 中的特征点 $a_2(x_2, y_2, \theta_2)$ 与特征点 $a_1(x_1, y_1, \theta_1) \in M_1$ 满足:

$$\begin{cases} |a_2m_2| - |a_1m_1| < \text{dis} \\ |\theta_1 - \theta_2| < \text{angle} \end{cases}$$

视特征点 a_1, a_2 为相应的特征点, 匹配度加 1。可变界限盒是在上述容差匹配方式的基础上, 针对指纹数据的特点对 dis, angle 进行变化。对于距离基准点小的特征点, dis 越小, angle 越大; 对于距离基准点大的特征点, dis 越大, angle 越小。由于 FVC 2004 中指纹图像数据的大小与精确, 本文实验时, 使用如下的变化函数调整界限盒的大小:

$$\begin{cases} \text{angle} = -0.0014 \cdot \text{len} + 0.4 \\ \text{dis} = 0.034 \cdot \text{len} + 4 \end{cases}$$

两组指纹的匹配度决定指纹是否匹配, 匹配度越高表示越相似。当匹配度越过阈值 l , 认为指纹是匹配的。本文中, $l = \min(M_1, \text{count}, M_2, \text{count})/3$ 且 l 不可小于 5。

2.2 搜索算法

如上所建立的匹配模型中, 快速搜索到合适的基准点对是匹配算法的关键所在。本文使用自适应遗传算

法进行基准点的搜索。其中, 个体由 2 位基因组成, 分别代表特征点在特征点集中的序号, 使用自然数进行编码。个体的适应值由点对为基准点计算的指纹匹配值决定。同时, 搜索过程中引入历史队列, 将历史优化个体保存, 与新生成的子代共同竞争成为下一个子代, 消除子代的后退。随着搜索的进行与最优个体的进步, 本文自适应地降低变异概率, 同时缩小种族大小, 加快收敛速度。算法流程如图 4 所示。

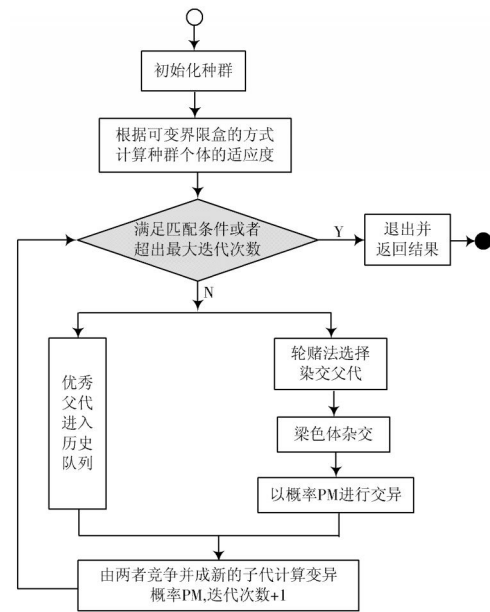


图 4 自适应遗传算法搜索流程

(1)初始种群: 在解空间中随机生成的初始染色体可能会在某一局部区域集中分布。其携带的基因信息无法代表整个解空间, 导致种群过早丧失遗传优势。使用平均小区间方法可以更好地分布得到优化解。由于点对之间的数据没有具备一定的特定特征。正常采集情况下, 指纹图像都应当是正立, 同时以指纹中心居中。本文中的指纹特征点编号在处理的过程中自下向上增大。因此, 本文在初始化种群时, 以一定概率偏向于选取编号相差小于 10 的个体对。初始种群使用随机方法进行, 初始种群大小为 30。

(2)选择策略: 由于匹配模型的特性, 对于高适应度的个体之间的杂交的后代往往没有优势是可以继承的。为充分利用父代种群在遗传算子中引入长度为 Q ($Q < N$) 的先入先出的历史队列。每次迭代完成之后, 检查该个体是否已经存在, 若没有, 则将个体加入到历史队列中。在选择操作时, 历史队列中保存的优秀个体与经过交叉和变异算子作用过的子代种群共同竞争, 使用轮盘法进行选择。历史队列的引入客观上增多了进化的有效个体样本数, 同时增加了种群的遗传多样性。

(3)交叉策略: 根据个体的适应度, 采用轮赌法的方

式选择交叉的个体,交换一组等位基因进行杂交。

(4)变异策略 对于交叉得到的个体,以变异概率 p_m 进行变异。为了保证进化后期的局部搜索效率,一个理想的变异算子,其随机变异幅度的平均值应与迭代次数成反比。同时,保证携带的遗传信息在取值范围内。随着搜索的进行,变异率 p_m 将自适应地发生改变。

$$p_m = 0.5 - (\text{index}/2 \text{ gen})^{\text{score}}$$

3 实验与分析

本文采用FVC 2004指纹库中DB_1中的 10×8 枚指纹进行了FVC标准测试。对于10枚不同手指的8次采样,FRR由同一枚指纹的不同采样两两进行100次运算,FAR由不同指纹的第一枚指纹两两进行100次运算。对于FAR的计算过程,总共匹配计算 c_{10}^2 100次计算;对于FRR的测试过程中,共进行 $10 \times c_8^2$ 100次匹配计算。由于在FVC 2004网站提供的测试报告^[5]中曾经指出,来自于测试指纹库中20%的质量较差的指纹图像是造成识别率偏低的主要原因。将实验算法与文献^[6]的算法进行比较。

表1 自适应遗传算法与相似三角形算法对比 %

	基于相似三角形的指纹匹配算法		
	$T_c=8$	$T_c=10$	$T_c=12$
FRR	15.8	18.4	19.7
FAR	6.57	7.48	8.34
基于自适应遗传算法的残缺匹配算法			
FRR	9.07		
FAR	小于0.01		

由上可以看出,基于自适应遗传算法的性能要优于相似三角形匹配算法,特别的是在于错误接收率真上。这是由于在未进行二次去伪特征点的特征点集中存在着大量的伪特征点,从而导致三角形算法性能低下。本文的算法在进行的4 500次不同指纹匹配中未出现1次的误接收,体现了匹配模型的优越性。其中,9.07%的错误率是由2 541次误拒绝造成。在测算的过程中,103组拒绝663次(/2 800次),110组拒绝921次(/2 800次)。其拒绝的主要原因是由于同一枚指纹在采集的时候所采集的区域几乎完全不同,如110组中的6与7样本。

左采集区在中心之下,右采集区在中心以下,无法匹配。时间上,本文实验的算法在匹配的指纹样本上面的平均迭代次数仅为4.955次(31 ms),优于文献^[7]中的

使用的算法迭代次数10次(42 ms)与文献^[8]中使用的算法迭代30次(120 ms)。而对于无法匹配的指纹(测试FRR实验),本文的算法的平均迭代次数为9.08次(60 ms)。可见,本文算法的搜索快速且有效的。

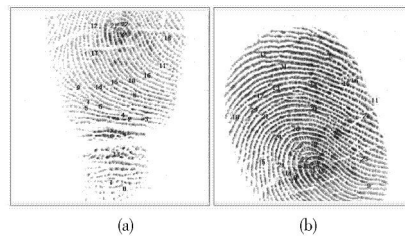


图5 FVC 2004 DB_1中110_6与110_7

4 结语

本文对残缺指纹匹配做了大量的研究,提出了二次去伪特征点的算法和基于自适应遗传算法的残缺指纹匹配方法,利用自适应遗传算法有效地解决了残缺指纹的指纹特征点匹配问题,它将在速度及准确性方面均有较大的提高。在对于少量共同区域的同手指不同采样的匹配中,本文的算法表现差不理想(致使总体的FAR降低)。未来的研究将对该情况下的匹配方案进行研究,从而完善匹配算法。

参 考 文 献

- [1] ZHANG D. Automated biometrics technologies and systems [M]. [S.l.]: Kluwer Academic Publishers, 2000.
- [2] JAIN A K, ROSS A, PRABHAKAR S. An introduction to biometric recognition [J]. IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology, 2004, 14(1): 4-20.
- [3] 柴晓光,岑宝焱.民用指纹识别技术[M].北京:人民邮电出版社,2004.
- [4] 朱钰,韩昌佩.一种种群自适应收敛的快速遗传算法[J].计算机科学,2012(30): 9-12.
- [5] Anon. FVC2004 [EB/OL]. [2012-10-05]. <http://bias.csr.unibo.it/fvc2006/default>.
- [6] Zheng Jiande, Gao Yuan, Zhang Mingzhi. Fingerprint matching algorithm based on similar vector triangle[J]. Proceedings of the 2009 2nd International Congress on Image and Signal Processing, 2009.
- [7] 张圆圆,景晓军.基于快速遗传算法的指纹匹配[J].计算机工程,2011,24(3): 39-42.
- [8] 洪波,荣钢,黄韬.一种基于遗传算法的指纹比对算法[J].清华大学学报:自然科学版,2001,41(3): 93-96.