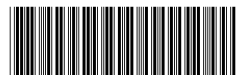


基于尺寸缩放估算的多采集仪间 指纹交叉匹配方法

申请号：[200810102316.6](#)

申请日：2008-03-20

申请(专利权)人 [中国科学院自动化研究所](#)
地址 100080北京市海淀区中关村东路95号
发明(设计)人 [田捷](#) [张阳阳](#) [杨鑫](#)
主分类号 [G06K9/00\(2006.01\)I](#)
分类号 [G06K9/00\(2006.01\)I](#)
公开(公告)号 101539993
公开(公告)日 2009-09-23
专利代理机构 [中科专利商标代理有限责任公司](#)
代理人 [周国城](#)



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 101539993 B

(45) 授权公告日 2012. 05. 23

(21) 申请号 200810102316. 6

(22) 申请日 2008. 03. 20

(73) 专利权人 中国科学院自动化研究所
地址 100080 北京市海淀区中关村东路 95 号

(72) 发明人 田捷 张阳阳 杨鑫

(74) 专利代理机构 中科专利商标代理有限责任
公司 11021
代理人 周国城

(51) Int. Cl.
G06K 9/00 (2006. 01)

(56) 对比文件
CN 1920850 A, 2007. 02. 28, 全文.
US 2005129293 A1, 2005. 06. 16, 全文.
US 2007297653 A1, 2007. 12. 27, 全文.

田捷等. 一种基于相似度聚类方法的指纹识别算法. 《中国科学 E 辑 信息科学》. 2005, 第 35 卷 (第 2 期), 186-199.

李亮等. 基于多型号指纹采集设备的指纹交叉比对算法. 《全国网络与信息安全技术研讨会“2007”》. 2007, 468-474.

审查员 伊健

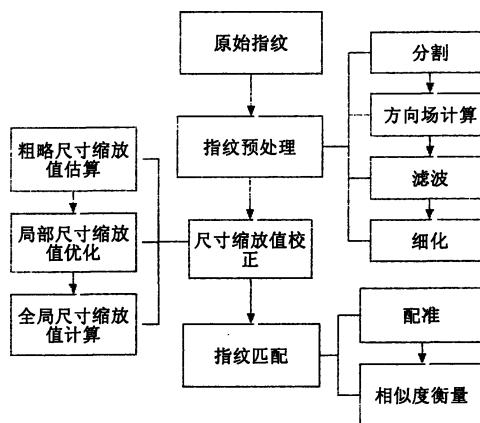
权利要求书 3 页 说明书 16 页 附图 3 页

(54) 发明名称

基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法

(57) 摘要

本发明公开了一种基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,该方法包括:A、粗略计算指纹方向场,并修正破碎区域中的方向值,依照修正后的方向场进行指纹增强;B、采用由粗到细的方法估算模板指纹和输入指纹之间的尺寸缩放值;C、采用基于细节点聚类的配准方法决定配准参数的候选值,并建立输入指纹和模板指纹间细节点序列间的对应关系;D、基于所有对应的细节点对计算归一化的相似度分数,实现基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配。利用本发明,能够有效、鲁棒地处理多种采集仪间指纹的交叉匹配,提高匹配方法的互用性,实现了多采集仪间指纹的鲁棒匹配,并可应用于多个采集仪并存的系统,在指纹识别领域具有重要的应用价值。



1. 一种基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征在于,该方法包括:

A、粗略计算指纹方向场,并修正破碎区域中的方向值,依照修正后的方向场进行指纹增强;

B、采用两个指纹的脊线距离图粗略估计全局的尺寸缩放初值,然后通过最大化两个对比的细节点特征间的相似度得到精确的局部缩放尺寸,最后采用局部尺寸缩放值的直方图峰值作为全局尺寸缩放值;

C、根据细节点间的相似度,聚类得到 N_c 个相似度最大的细节点对作为配准参数 (d_x, d_y, d_θ) ,这里 (d_x, d_y) 和 (d_θ) 分别表示图像间的平移和旋转参数的候选值,其中 $N_c = 6$,并建立输入指纹和模板指纹间细节点序列间的对应关系;

D、基于每个细节点对进行配准,得到配准后指纹间的全局相似度分数,选择细节点对配准后得到的最大全局相似度分数作为最终的匹配分数,实现基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配。

2. 根据权利要求 1 所述的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征在于,步骤 A 中所述计算指纹方向场并修正破碎区域中的方向值,具体包括:

A1、采用基于梯度的方法计算粗略的指纹方向场;

A2、用归一化的邻域方向场一致性衡量每点的方向场可信度,选取可信度低于某个阈值的点组成破碎区域;

A3、采用形态学方法除去指纹内的孤立点和空洞,完成破碎区域中方向值的修正。

3. 根据权利要求 2 所述的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征在于,步骤 A3 中所述形态学方法至少包括腐蚀和膨胀。

4. 根据权利要求 1 所述的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征在于,所述步骤 B 包括:

B1、基于模型化的脊线距离图估算模板指纹和输入指纹之间的初始尺寸缩放值 s_{l_0} ,其值是模板指纹和输入指纹全局脊线距离的商;

B2、分别在该初始尺寸缩放值邻域范围内进一步校正局部尺寸缩放值,使比对细节点之间的混合相似度最大化;

B3、采用一种等方向间隔的方式,采样每个细节点的附属脊线特征;搜索第 i 个细节点周围 R_p 半径范围内的细节点,计算第 i 个细节点和其周围细节点之间的欧式距离差,交叉的脊线数目以及脊线的方向场差,得到第 i 个细节点的邻近细节点分布,结合脊线特征和邻近细节点分布两种不同的局部特征,衡量细节点间相似度;

B4、采用求和规则融合脊线特征和邻近细节点分布两种不同的局部特征的相似度,来优化所有可能匹配的细节点对之间的局部尺寸缩放值,然后基于得到的一系列局部尺寸缩放值的直方图估算全局尺寸缩放值。

5. 根据权利要求 4 所述的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征在于,

步骤 B1 中所述模板指纹和输入指纹之间的尺寸缩放量 s_l 位于 $s_l = \rho * s_{l_0}$ 范围内, $\rho \in [0.8, 1.2]$;

步骤 B2 中所述校正局部尺寸缩放值的过程中,进一步结合等方向间隔采样的附属脊

线特征和邻域细节点结构来表示细节点特征。

6. 根据权利要求 4 所述的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征
在于,步骤 B3 所述的采样每个细节点的附属脊线特征,具体包括:

定义第 i 个细节点 m_i 的附属脊线特征为 $R_i = \{r_{i,j} | j = 1 \dots n_i\}$, n_i 为采样点的数目,
以 $r_{i,0}$ 表示第 i 个细节点特征,第 i 个细节点的附属脊线按以下规则进行跟踪和采集:相比
于上一个采样点 $r_{i,j-1}$, $r_{i,j}$ 的方向改变了一个固定值 α , α 按经验设置为 $\pi/10$:

$$\alpha = \text{sg}_{i,j} * \beta(\theta_{i,j-1}, \theta_{i,j})$$

$$\beta(\alpha_1, \alpha_2) = \begin{cases} \alpha_1 - \alpha_2 & \text{if } |\alpha_1 - \alpha_2| < \pi \\ \alpha_1 - \alpha_2 - 2\pi & \text{if } (\alpha_1 - \alpha_2) > \pi \\ \alpha_1 - \alpha_2 + 2\pi & \text{else} \end{cases}$$

这里 $\theta_{i,j}$ 是采样点 $r_{i,j}$ 的方向; $\alpha_1, \alpha_2 \in [0, 2\pi)$; $\beta(\alpha_1, \alpha_2)$ 为取值 $[-\pi, \pi]$ 之
间的旋转方向距离; $\text{sg}_{i,j} \in \{1, -1\}$ 指明旋转方向,逆时针对应 -1 ,顺时针对应 1 ;

假设第 j 个采样点的位置记录为 $(x_{i,j}, y_{i,j})$, 采样点 $r_{i,j}$ ($1 \leq j \leq n_i-1$) 按如下方式描
述:

$$r_{i,j} = \{D_{i,j}, \gamma_{i,j}, \text{sg}_{i,j}\}$$

这里 $D_{i,j} = \sqrt{(x_{i,j} - x_{i,j-1})^2 + (y_{i,j} - y_{i,j-1})^2}$ 为第 j 个采样点到第 $j-1$ 个采样点间的欧式
距离;

$$\gamma_{i,j} = \beta(\arctan\left(\frac{y_{i,j+1} - y_{i,j}}{x_{i,j+1} - x_{i,j}}\right), \arctan\left(\frac{y_{i,j} - y_{i,j-1}}{x_{i,j} - x_{i,j-1}}\right))$$

7. 根据权利要求 6 所述的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征
在于,步骤 B3 所述的邻近细节点分布,具体包括:

定义第 i 个细节点 m_i 的邻近细节点结构表示为 $\underline{M}_i = \{m_{i,j} | j = 1 \dots n'_i\}$, n'_i 为 m_i
周围 R_p 半径范围内的细节点数目, $m_{i,j}$ 为 m_i 和它的第 j 个邻近细节点 m'_j 间的分支,

$$m_{i,j} = (L_{i,j}, N_{i,j}, \beta_{i,j}^1, \beta_{i,j}^2)$$

这里 $L_{i,j}$ 表示分支的长度,取值为 m_i 和 m'_j 之间的欧式距离, $N_{i,j}$ 为与分支交叉的脊线
数目; θ_i 和 θ'_j 分别是第 i 个细节点和第 j 个邻近细节点的方向; $\alpha_{i,j}$ 是从 m_i 到 m'_j 间的连
线方向; $\beta_{i,j}^1 = \beta(\theta_i, \alpha_{i,j})$ 而 $\beta_{i,j}^2 = \beta(\theta'_j, \alpha_{i,j})$ 。

8. 根据权利要求 4 所述的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征
在于,步骤 B4 所述的优化所有可能匹配的细节点对之间的局部尺寸缩放值,具体包括:

细节点 p_i 和 q_k 的相似度计算为 $S(p_i, q_k) = \mu * S_r(p_i, q_k) + (1-\mu) * S_m(p_i, q_k)$, 这里
 $\mu \in [0, 1]$ 取值由采样点数目和邻近细节点数目共同决定,是尺寸缩放量 s_1 的函数;
 $S_r(p_i, q_k)$ 、 $S_m(p_i, q_k)$ 分别表示细节点 p_i 和 q_k 的脊线特征和邻近细节点分布两种不同的局
部特征的相似度;基于脊线距离图计算细节点对之间的尺寸缩放初始值 $s_{1,0}$,将变化范围
 $\rho \in [0.8, 1.2]$ 转换到分辨率为 0.005 的离散空间,采用模拟退火算法从这个范围内选择
最优局部尺寸缩放值,使比较的细节点间的相似度最大化。

9. 根据权利要求 8 所述的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,其特征

在于,步骤 B4 中所述的估算全局尺寸缩放值,具体包括:

以 $\{p_i = (x_i^p, y_i^p, \theta_i^p, Rp_i, Mp_i) | i = 1 \dots np\}$ 和 $\{q_k = (x_k^q, y_k^q, \theta_k^q, Rq_k, Mq_k) | k = 1 \dots nq\}$ 分别表示输入指纹和模板指纹中的细节点集, np、nq 分别表示输入指纹和模板指纹的细节点数目, x_i^p 、 y_i^p 、 θ_i^p 、 Rp_i 、 Mp_i 分别表示分别表示输入指纹第 i 个细节点的横坐标位置、纵坐标位置、方向、附属脊线特征以及邻近细节点结构, x_k^q 、 y_k^q 、 θ_k^q 、 Rq_k 、 Mq_k 分别表示分别表示模板指纹第 k 个细节点的横坐标位置、纵坐标位置、方向、附属脊线特征以及邻近细节点结构,对任意一对细节点 p_i 和 q_k 估算它们的最优局部缩放值 $sl_{i,k}$ 和它们的相似度 $S(p_i, q_k)$, 若 $S(p_i, q_k) > sThr$, 在后面的处理中考虑相应的局部尺寸缩放值, 直方图函数 $H(sl)$ 用于描述所有满足条件的细节点对之间局部尺寸缩放值的分布:

$$\text{全局尺寸缩放值 } sl_g = \frac{\sum_{sl \in U} sl * H(sl)}{\sum_{sl \in U} H(sl)} \text{---修正为邻域 } U = [sl_m - \delta_1, sl_m - \delta_2] \text{ 内局部尺寸缩}$$

放值的加权和, 这里 sl 表示尺寸缩放值, sl_m 表示尺寸缩 放值的峰值, $H(sl_m) = \max(H(sl_{i,k}))$, δ_1 和 δ_2 是确保 $H(sl)/H(sl_m) \geq 2/3$ 的最大值。

基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法

技术领域

[0001] 本发明涉及生物特征识别图像处理、模式识别、计算机技术等技术领域，特别涉及一种基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法，该方法利用从粗到细的方法进行尺寸缩放值估算和利用细节点聚类进行全局配准参数最优化。

背景技术

[0002] 随着传感技术的发展，生物特征市场上出现了多种采集仪并存的情况，例如光学采集仪、电容采集仪、热能采集仪等，这对指纹识别算法形成了新的挑战。如果在用户注册和特征提取中采用不同的采集仪，会对原始指纹数据的特性，模板结构乃至算法识别结果产生很大的影响。市场上现有的指纹识别算法大都基于特定种类的指纹，这就意味着连接到同一系统的用户必须采取相同的指纹采集仪，不仅大大增加了设备的投资，而且占用了终端的使用空间，降低了用户使用的便利性。

[0003] 譬如，在当前身份认证的应用场合逐渐向网络环境转移的形势下，以电子商务、电子政务为代表的网络身份认证，将逐渐成为指纹识别的主要应用领域。

[0004] 指纹识别技术在网络环境下的应用，会逐步走向“认证中心 + 远程终端”的模式：即认证中心负责所有样本指纹的存储和比对和管理，而在应用场合，识别过程则大多是通过在远程的服务终端采集图像、提取特征来实现的。由于各个远程终端的指纹采集设备可能并不相同，因此，如何处理针对多类型的指纹采集设备的归一化指纹识别方法成为一个亟待解决的关键问题。图 1 是采用三种不同的采集仪对同一个手指进行采集的指纹样本示意图。

[0005] 指纹识别算法处理基于多种采集仪的指纹间匹配的能力称为算法的互用性。不同采集仪采集的指纹在分辨率、噪声分布、形变模式等方面都存在差别。因此相比于传统的指纹匹配，基于多采集仪的交叉匹配需要考虑的指纹变换参数包括尺寸缩放和旋转平移等，还要注意对非线性形变的处理。

[0006] A. Ross 等进行了两种采集仪间交叉比对的研究，结果表明当指纹来自于不同采集仪时识别性能出现大幅度下降。另外，目前国际上相关的研究还比较少。

[0007] 相对与传统的常规匹配，本发明将基于多采集仪的指纹匹配称为交叉匹配。交叉匹配中的指纹变换参数除了平移、旋转、局部扭曲还包含了重要的尺寸缩放参数，增加了指纹间对应特征配对的难度。合理假设传统指纹扫描仪在水平方向和竖直方向具有相同的分辨率，则尺寸缩放参数可定义为当模板指纹与输入指纹间具有最佳一致性时需要缩放的倍数。

[0008] 至今，只有少数匹配算法考虑了不同采集仪之间的指纹变化。A. Ross 等采用基于薄板样条的非线性形变模型来处理多采集仪间细节点的位置变化，但算法集中在形变补偿方面，不能处理图像分辨率变化的情况。Jang 等采取人工方式测量采集仪在水平及竖直方向的分辨率，利用形变补偿来提高算法互用性，但算法依赖于手动操作且对刮察性采集仪无效。

[0009] 也有一些传统匹配中估算同一采集仪指纹之间的尺寸缩放值,增强算法对非线性形变的鲁棒性。He 等提出了一种最大相似度估算法对指纹之间的形变参数建模。尺寸缩放变量作为可能的形变参数空之间的一维,基于细节点特征,通过最大化整体相似度得到最优值。Tan 和 Bhanu 提出了一种基于遗传算法的最优化匹配方法。在染色体形式表示的变换空间内采用遗传算法选择最优的尺寸缩放值。

[0010] 以上两种方法将尺寸缩放参数引入变换,可能应用于多采集仪之间的指纹匹配情况,但存在两个缺点:

[0011] 首先,它们构造了包括尺寸缩放量、平移、旋转在内的变换空间,因此尺寸缩放作为空间中的一维,必须依赖于其他参数进行估算,导致估算的性能严重依赖于查找方法的有效性。

[0012] 其次,它们在优化期间都将计算得到的两列点特征(细节点)之间的相似度作为代价函数,而忽略了指纹的其他特征信息,如脊线等,限制了性能提高的空间。

[0013] 综上所述,指纹算法的互用性研究还处于起步阶段,如何实现有效鲁棒的多采集仪之间的指纹匹配,是指纹领域急需解决的重要问题之一。

发明内容

[0014] (一) 要解决的技术问题

[0015] 有鉴于此,本发明的主要目的在于提供一种基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,以应用于多个采集仪并存的系统,实现多采集仪间指纹的鲁棒匹配。

[0016] (二) 技术方案

[0017] 为达到上述目的,本发明提供了一种基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,该方法包括:

[0018] A、粗略计算指纹方向场,并修正破碎区域中的方向值,依照修正后的方向场进行指纹增强;

[0019] B、采用由粗到细的方法估算模板指纹和输入指纹之间的尺寸缩放值;

[0020] C、采用基于细节点聚类的配准方法决定配准参数的候选值,并建立输入指纹和模板指纹间细节点序列间的对应关系;

[0021] D、基于所有对应的细节点对计算归一化的相似度分数,实现基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配。

[0022] 优选地,步骤 A 中所述计算指纹方向场并修正破碎区域中的方向值,具体包括:

[0023] A1、采用基于梯度的方法计算粗略的指纹方向场;

[0024] A2、用归一化的邻域方向场一致性衡量每点的方向场可信度,选取可信度低于某个阈值的点组成破碎区域;

[0025] A3、采用形态学方法除去指纹内的孤立点和空洞,完成破碎区域中方向值的修正。

[0026] 优选地,步骤 A3 中所述形态学方法至少包括腐蚀和膨胀。

[0027] 优选地,所述步骤 B 包括:

[0028] B1、基于模型化的脊线距离图估算模板指纹和输入指纹之间的初始尺寸缩放值;

[0029] B2、分别在该初始尺寸缩放值邻域范围内进一步校正局部尺寸缩放值,使比对细

节点之间的混合相似度最大化；

[0030] B3、结合脊线特征和邻近细节点分布两种不同的局部特征，衡量细节点间相似度；

[0031] B4、基于混合特征相似度优化所有可能匹配的细节点对之间的局部尺寸缩放值，然后基于该局部尺寸缩放值的直方图估算全局尺寸缩放值。

[0032] 优选地，步骤 B1 中所述模板指纹和输入指纹之间的初始尺寸缩放值，为两幅指纹间全局脊线距离的商，最优尺寸缩放值 s_1 位于 $s_1 = \rho * s_{1_0}$ 范围内， $\rho \in [0.8, 1.2]$ ；

[0033] 步骤 B2 中所述校正局部尺寸缩放值的过程中，进一步结合等方向间隔采样的附属脊线特征和邻域细节点结构来表示细节点特征。

[0034] 优选地，所述步骤 B3 在结合脊线特征时，采用一种等方向间隔的采样方法提取脊线特征，具体包括：

[0035] 定义第 i 个细节点 m_i 的附属脊线特征为 $R_i = \{r_{i,j} | j = 1 \dots n_i\}$ ， n_i 为采样点的数目，以 $r_{i,0}$ 表示第 i 个细节点，第 i 个细节点的附属脊线按以下规则进行跟踪和采集：相比于上一个采样点 $r_{i,j-1}$ ， $r_{i,j}$ 的方向改变了一个固定值 α ， α 按经验设置为 $\pi/10$ ：

[0036] $\alpha = sg_{i,j} * \beta(\theta_{i,j-1}, \theta_{i,j})$

$$[0037] \quad \beta(\alpha_1, \alpha_2) = \begin{cases} \alpha_1 - \alpha_2 & \text{if } |\alpha_1 - \alpha_2| < \pi \\ \alpha_1 - \alpha_2 - 2\pi & \text{if } (\alpha_1 - \alpha_2) > \pi \\ \alpha_1 - \alpha_2 + 2\pi & \text{else} \end{cases}$$

[0038] 这里 $\theta_{i,j}$ 是采样点 $r_{i,j}$ 的方向； $\alpha_1, \alpha_2 \in [0, 2\pi)$ ； $\beta(\alpha_1, \alpha_2)$ 为取值 $[-\pi, \pi]$ 之间的旋转方向距离； $sg_{i,j} \in \{1, -1\}$ 指明旋转方向，逆时针对应 -1 ，顺时针对应 1 ；

[0039] 假设第 j 个采样点的位置记录为 $(x_{i,j}, y_{i,j})$ ，特征点 $r_{i,j}$ ($1 \leq j \leq n_i - 1$) 按如下方式描述：

[0040] $r_{i,j} = \{D_{i,j}, \gamma_{i,j}, sg_{i,j}\}$

[0041] 这里 $D_{i,j} = \sqrt{(x_{i,j} - x_{i,j-1})^2 + (y_{i,j} - y_{i,j-1})^2}$ 为第 j 个采样点到第 $j-1$ 个采样点间的欧式距离；

$$[0042] \quad r_{i,j} = \beta\left(\arctan \frac{y_{i,j+1} - y_{i,j}}{x_{i,j+1} - x_{i,j}}, \arctan \frac{y_{i,j} - y_{i,j-1}}{x_{i,j} - x_{i,j-1}}\right)。$$

[0043] 优选地，所述步骤 B3 在结合邻近细节点分布时，选择邻近细节点结构特征来描述细节点周围的细节点分布，具体包括：

[0044] 定义第 i 个细节点的邻近细节点结构表示为 $M_i = \{m_{i,j} | j = 1 \dots n_i\}$ ， n_i 为 m_i 周围 R_p 半径范围内的细节点数目， $m_{i,j}$ 为 m_i 和它的第 j 个邻近细节点 m_j^i 间的分支，

$$[0045] \quad m_{i,j} = (L_{i,j}, N_{i,j}, \beta_{i,j}^1, \beta_{i,j}^2)$$

[0046] 这里 $L_{i,j}$ 表示分支的长度，取值为 m_i 和 m_j^i 之间的欧式距离， $N_{i,j}$ 为与分支交叉的脊线数目； θ_i 和 θ_j^i 分别是两个点的方向； $\alpha_{i,j}$ 是从 m_i 到 m_j^i 间的连线方向； $\beta_{i,j}^1 = \beta(\theta_i, \alpha_{i,j})$ 而 $\beta_{i,j}^2 = \beta(\theta_j^i, \alpha_{j,i})$ 。

[0047] 优选地，所述步骤 B3 基于求和规则融合脊线特征和邻近细节点分布两种局部特征，估算细节点间的相似度，具体包括：

[0048] 让 $R_{p_i} = \{rp_{i,j} | j = 1 \dots np_i\}$ 和 $R_{q_k} = \{rq_{k,j} | j = 1 \dots nq_k\}$ 表示分别来自于输入指纹和模板指纹的两个细节点 p_i 和 q_k 的附属脊线信息, 且为不失一般性, 设定 $np_i \leq nq_k$, 其相似度分数计算如下:

$$[0049] \quad S_r(rp, rq) = \frac{1}{np_i - 1} \sum_{j=1}^{np_i-1} s_r(rp_{i,j}, rq_{k,j})$$

[0050] 考虑到尺寸缩放量的定义, 在比较之前点特征 $rq_{k,j}$ 应该先进行尺寸缩放 $s1$ 倍的变换, 在所有的参数中, $D_{i,j}$ 和指纹尺寸缩放值成正比, 而其他与此无关, 计算两个点特征之间每个元素的差异, 并定义相似度函数为指数形式:

[0051]

$$s_r(rp_{i,j}, rq_{k,j}) = \exp \left\{ - \left(\frac{1}{w_1} * |Dp_{i,j} - Dq_{k,j} * sl| + \frac{1}{w_2} * |\gamma p_{i,j} - \gamma q_{k,j} * sl| \right) * \text{xor}(sg_{i,j}, sg_{k,j}) \right\}$$

[0052] 这里当 sg_1 和 sg_2 相等时, $\text{xor}(sg_1, sg_2) = 1$, 否则为 0; w_1 和 w_2 分别为距离和旋转角度的权值, w_1 为经验值, 设为输入指纹全局脊线距离的两倍, $w_2 = \pi/12$;

[0053] 让 $M_{p_i} = \{mp_{i,j} | j = 1 \dots np_j\}$ 和 $M_{q_k} = \{mq_{k,l} | l = 1 \dots nq_k\}$ 分别表示来自输入指纹和模板指纹中对应细节点 p_i 和 q_k 的两个邻近细节点结构, R_p 为输入指纹中的结构半径, 而模板指纹中结构半径 $R_q = R_p / (s1_0 * 0.8)$;

[0054] 对每一对来自于两个结构的分支 $mp_{i,j}$ 和 $mq_{k,l}$, 计算它们由四个参数组成的差别向量如下:

[0055]

$$(L_d, N_d, \beta_d^1, \beta_d^2) = (|Lp_{i,j} - Lq_{k,l}|, |Np_{i,j} - Nq_{k,l}|, |\beta(\beta p_{i,j}^1 - \beta q_{k,l}^1)|, |\beta(\beta p_{i,j}^2 - \beta q_{k,l}^2)|)$$

[0056] , 一旦差别向量满足以下条件: $N_d < N_{thr}$, $\beta_d^1 < \beta_{thr}$ 和 $\beta_d^2 < \beta_{thr}$, 则认为分支对匹配, 其相似度分数计算如下:

$$[0057] \quad (\bar{L}_d, \bar{\beta}_d^1, \bar{\beta}_d^2) = \frac{1}{n_{match}} \sum_{n=1}^{n_{match}} (L_{d,n}, \beta_{d,n}^1, \beta_{d,n}^2)$$

$$[0058] \quad S_m(p, q) = \exp \left\{ - \left(\frac{1}{\lambda_1} * \bar{L}_d + \frac{1}{\lambda_2} * \bar{\beta}_d^1 + \frac{1}{\lambda_3} * \bar{\beta}_d^2 \right) \right\}$$

[0059] 这里 n_{match} 为匹配上的分支对数, λ_1 和 λ_2 分别是距离及旋转角度的权值, λ_1 为经验值, 设为输入指纹全局脊线距离的两倍, 而 $\lambda_2 = \pi/10$ 。

[0060] 优选地, 步骤 B4 中所述基于混合特征相似度优化所有可能匹配的细节点对之间的局部尺寸缩放值, 具体包括:

[0061] 细节点 p_i 和 q_k 的相似度计算为 $S(p_i, q_k) = \mu * S_r(p_i, q_k) + (1 - \mu) * S_m(p_i, q_k)$, 这里 $\mu \in [0, 1]$ 取值由采样点数目和邻近细节点数目共同决定, 是尺寸缩放量 $s1$ 的函数; 基于脊线距离图计算细节点对之间的尺寸缩放初始值 $s1_0$, 将变化范围 $\rho \in [0.8, 1.2]$ 转换到分辨率为 0.005 的离散空间, 采用模拟退火算法从这个范围内选择最优局部尺寸缩放值, 使比较的细节点间的相似度最大化。

[0062] 优选地, 步骤 B4 中所述基于局部尺寸缩放值的直方图估算全局尺寸缩放值, 具体包括:

[0063] 以 $\{p_i = (x_i^p, y_i^p, \theta_i^p, Rp_i, Mp_i) | i = 1 \dots np\}$ 和

$\{q_k = (x_k^q, y_k^q, \theta_k^q, Rq_k, Mq_k) | k = 1 \dots nq\}$ 分别表示输入指纹和模板指纹中的细节点集, 对任意一对细节点 p_i 和 q_k 估算它们的最优局部缩放值 $sl_{i,k}$ 和它们的相似度 $S(p_i, q_k)$, 若 $S(p_i, q_k) > sThr$, 在后面的处理中考虑相应的局部尺寸缩放值, 直方图函数 $H(sl)$ 用于描述所有满足条件的细节点对之间局部尺寸缩放值的分布;

[0064] 全局尺寸缩放值 $sl_g = \frac{\sum_{sl \in U} sl * H(sl)}{\sum_{sl \in U} H(sl)}$ 修正为邻域 $U = [sl_m - \delta_1, sl_m - \delta_2]$ 内局部尺

寸缩放值的加权和, 这里 $H(sl_m) = \max(H(sl_{i,k}))$, δ_1 和 δ_2 是确保 $H(sl)/H(sl_m) \geq 2/3$ 的最大值。

[0065] 优选地, 步骤 C 中所述采用基于细节点聚类的配准方法决定配准参数的候选值, 具体包括:

[0066] 基于全局尺寸缩放值 sl_g 更新每对细节点间的混合相似度 $S(p_i, q_k)$, 建立关系数组 $R = \{r_n\}_{n=1}^N$ 来按相似度递减次序存储满足 $S(p_i, q_k) > sThr$ 的细节点对, 采用集合 $L = \{l_n\}_{n=1}^N$ 存数变换矢量 $l^n = (dx, dy, d\beta)^T$:

[0067] $d\beta = \beta(\beta_i^p, \beta_k^q)$ 和 $\begin{bmatrix} dx \\ dy \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_i^p \\ y_i^p \end{bmatrix} - sl_g * R_{d\beta} \begin{bmatrix} x_k^p \\ y_k^p \end{bmatrix}$

[0068] 这里 $(dx, dy)^T$ 和 $d\beta$ 表示平移和旋转参数, 而 $R_{d\beta}$ 为顺时针旋转 $d\beta$ 的 2×2 算子;

[0069] 聚类中心初始化为 N_c 个相似度最大的细节点对, 假设 $N_c = 6$, 按如下步骤聚类可匹配的细节点:

[0070] 步骤 1: 初始化: $n = 0$; 将 N_c 个类设为空; 范围 $B = (dx, dy, d\theta)$ 按经验值设置;

[0071] 步骤 2: $n = n + 1$; 如果 $n > N_c$, 返回类集合 $\{C_n\}_{n=1}^{N_c}$, 否则在第 n 个类 C_n 中插入集合 L 中的第 n 个变换向量, 并设聚类中心 $lc_n = l_n$;

[0072] 步骤 3: 其余的向量 $\{l_j, j \neq n\}$ 依次和 lc_n 比较, 如果差别在预先设置的范围内, 将 l_j 插入第 n 个类 C_n ; 如果第 j 个索引对为 (i, k) , 则在下面的比较中忽略所有包括细节点 p_i 和 q_k 的索引对; 如果在此步骤中没有选中任何向量, 那么转到步骤 2, 否则转到步骤 4;

[0073] 步骤 4: 将 lc_n 重新计算为第 n 个类中所有元素的平均值, 如果 lc_n 和 l_n 的差异不超过设定范围, 转到步骤 3, 否则迭代结束并转到步骤 2;

[0074] 将聚类中心集 $\{lc_n, n = 1 \dots N_c\}$ 设为全局配准向量的候选值, 同时完成细节配对, 得到的类集合中包含对应配准下匹配的细节点对;

[0075] 基于每个类中的匹配细节点对估算全局相似度分数 $\{S_g^n(P, Q), n = 1 \dots N_c\}$, 只考虑指纹配准后重叠区域内的细节点, 计算相似度如下:

[0076] $S_g^n(P, Q) = \frac{M_n}{M_n^p * M_n^q} * \sum_{(i,k) \in C_n} S(p_i, q_k)$

[0077] 这里 M_n 为第 n 个类中的细节点对的数目, M_n^p 和 M_n^q 分别表示指纹配准后重叠区域

内的细节点数目,选择相似度集合中的最大值为最终的匹配分数。

[0078] (三)有益效果

[0079] 从上述方案可以看出,本发明具有以下有益效果:

[0080] 1、本发明提供的这种基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,能够有效、鲁棒地处理多种采集仪间指纹的交叉匹配,提高匹配方法的互用性,实现了多采集仪间指纹的鲁棒匹配,并可应用于多个采集仪并存的系统,在指纹识别领域具有重要的应用价值。

[0081] 2、由于不同的采集仪会带来不同的噪声分布和形变模式,要求指纹预处理具有相应的鲁棒性。实验结果显示,本发明提供的这种基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配方法,在三个经典采集仪之间的交叉匹配中取得了相对好的性能。虽然从粗到细的方法占用了较多的处理时间,但它不需要进行手工测量估算。全局尺寸缩放值允许在预定的范围内变化,因此本发明对严重形变的指纹处理具有一定适应性。

附图说明

[0082] 图1是三种不同的采集仪对同一个手指进行采集的指纹样本示意图。

[0083] 图2是本发明提供的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配的方法流程图。

[0084] 图3是第*i*个细节点 m_i 和其附属脊线特征;箭头表示采样点的方向。

[0085] 图4是 m_i 和它的第*j*个邻近细节点 m_j^i 之间分支的示意图。

[0086] 图5是来自输入指纹和模板指纹中对应细节点对 p_i 和 q_k 的两个邻近细节点结构的示意图。

[0087] 图6是真匹配中的两枚指纹的示意图。

[0088] 图7是真匹配中局部尺寸缩放值的直方图 $H(s_1)$ 。

[0089] 图8是滤波后的直方图,标记了变量 s_{1_m} 及区域 U 。

具体实施方式

[0090] 为使本发明的目的、技术方案和优点更加清楚明白,以下结合具体实施例,并参照附图,对本发明进一步详细说明。

[0091] 本发明的核心思想是:由于不同采集仪具有不同的分辨率和形变模式,除了常规的指纹变换参数,还需要在匹配中加入尺寸缩放参数估算、全局配准参数优化等步骤。预处理后,采用由粗到细的方法估算模板指纹和输入指纹之间的尺寸缩放值。首先,基于指纹模型化的脊线距离图粗略估计全局的尺寸缩放初值;然后通过最大化两个对比的细节点特征(包括等方向脊线采样及邻近细节点结构)之间的相似度得到较精确的局部缩放尺寸;最后全局尺寸缩放值估算为匹配上的细节点对之间的局部尺寸缩放值直方图的峰值;基于细节点聚类的配准方法决定配准参数的候选值,并建立输入指纹和模板指纹间细节点序列之间的对应关系,以及基于所有匹配上的细节点对计算归一化的相似度分数。

[0092] 另外,本发明提供的这种基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配的方法,在从三种不同采集仪获得的CASIA Fingerpass数据库上进行实验,结果证明了该方法对多类型指纹间变化的有效性。

[0093] 基于上述的技术思路,将指纹图像的交叉匹配过程划分为若干个步骤,以下简要介绍执行每个步骤时需要注意的关键问题,来改进目前的系统,建立多采集仪间指纹图像的交叉匹配理论框架及系统原型。

[0094] 指纹预处理:由于采集仪的不同成像原理,指纹在分辨率、质量、噪声特征等方面变化很大。原始指纹需要进行预处理以去除噪声,得到较清晰的脊线信息。

[0095] 尺寸缩放值估算:采用一种从粗到细的方法完成输入指纹和模板指纹之间的全局尺寸缩放校正。初始尺寸缩放值基于模型化的脊线距离图进行估算。局部尺寸缩放值分别在初始值邻域范围内进一步校正,使比对细节点之间的混合相似度最大化。在校正过程中,结合等方向间隔采样的附属脊线特征和邻域细节点结构表示细节点特征。基于求和规则的混合特征能有效的衡量细节点之间相似度。最后全局尺寸缩放值由所有可能匹配的细节点对间局部尺寸缩放值的直方图决定。

[0096] 全局配准参数优化:采用一种基于细节点聚类的方法鲁棒获取全局配准参数。配准步骤中对一幅指纹进行旋转平移使它的特征能最大程度上和另一枚指纹中的对应特征重合。进一步结合所有配对的细节点计算输入指纹和模板指纹之间的相似度。

[0097] 从指纹中提取新的特征,一类是与尺寸缩放无关的特征,如细节点之间脊线数目等;一类是与尺寸缩放部分相关的特征,如细节点、脊线采样点信息等(包括坐标位置和方向);另一类是能直接反映尺寸缩放参数的特征,如脊线距离等。选择合适的特征做基础,可以在匹配过程中有效的从中提取最佳缩放值。

[0098] 图2是本发明提供的基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配的方法流程图,该方法包括以下步骤:

[0099] 步骤201:粗略计算指纹方向场,并修正破碎区域中的方向值,依照修正后的方向场进行指纹增强;

[0100] 步骤202:采用由粗到细的方法估算模板指纹和输入指纹之间的尺寸缩放值;

[0101] 步骤203:采用基于细节点聚类的配准方法决定配准参数的候选值,并建立输入指纹和模板指纹间细节点序列间的对应关系;

[0102] 步骤204:基于所有对应的细节点对计算归一化的相似度分数,实现基于尺寸缩放估算的多采集仪间指纹交叉匹配。

[0103] 上述步骤201中所述计算指纹方向场并修正破碎区域中的方向值,具体包括:

[0104] 步骤2011:采用基于梯度的方法计算粗略的指纹方向场;

[0105] 步骤2012:用归一化的邻域方向场一致性衡量每点的方向场可信度,选取可信度低于某个阈值的点组成破碎区域;

[0106] 步骤2013:采用形态学方法(包括腐蚀和膨胀)除去指纹内的孤立点和空洞,完成破碎区域中方向值的修正。

[0107] 上述步骤202进一步包括以下子步骤:

[0108] 步骤2021:基于模型化的脊线距离图估算模板指纹和输入指纹之间的初始尺寸缩放值;所述模板指纹和输入指纹之间的初始尺寸缩放值,为两幅指纹间全局脊线距离的商,最优尺寸缩放值 s_1 位于 $s_1 = \rho * s_{1_0}$ 范围内, $\rho \in [0.8, 1.2]$ 。

[0109] 步骤2022:分别在该初始尺寸缩放值邻域范围内进一步校正局部尺寸缩放值,使比对细节点之间的混合相似度最大化;所述校正局部尺寸缩放值的过程中,进一步结合等

方向间隔采样的附属脊线特征和邻域细节点结构来表示细节点特征。

[0110] 步骤 2023 :结合脊线特征和邻近细节点分布两种不同的局部特征,衡量细节点间相似度;

[0111] 步骤 2024 :基于混合特征相似度优化所有可能匹配的细节点对之间的局部尺寸缩放值,然后基于该局部尺寸缩放值的直方图估算全局尺寸缩放值。

[0112] 上述步骤 2023 在结合脊线特征时,采用一种等方向间隔的采样方法提取脊线特征,具体包括:

[0113] 定义第 i 个细节点 m_i 的附属脊线特征为 $R_i = \{r_{i,j} | j = 1 \dots n_i\}$, n_i 为采样点的数目,以 $r_{i,0}$ 表示第 i 个细节点,第 i 个细节点的附属脊线按以下规则进行跟踪和采集:相比于上一个采样点 $r_{i,j-1}$, $r_{i,j}$ 的方向改变了一个固定值 α , α 按经验设置为 $\pi/10$:

[0114] $\alpha = \text{sg}_{i,j} * \beta(\theta_{i,j-1}, \theta_{i,j})$

$$[0115] \quad \beta(\alpha_1, \alpha_2) = \begin{cases} \alpha_1 - \alpha_2 & \text{if } |\alpha_1 - \alpha_2| < \pi \\ \alpha_1 - \alpha_2 - 2\pi & \text{if } (\alpha_1 - \alpha_2) > \pi \\ \alpha_1 - \alpha_2 - 2\pi & \text{else} \end{cases}$$

[0116] 这里 $\theta_{i,j}$ 是采样点 $r_{i,j}$ 的方向; $\alpha_1, \alpha_2 \in [0, 2\pi)$; $\beta(\alpha_1, \alpha_2)$ 为取值 $[-\pi, \pi]$ 之间的旋转方向距离; $\text{sg}_{i,j} \in \{1, -1\}$ 指明旋转方向,逆时针对应 -1 ,顺时针对应 1 ;

[0117] 假设第 j 个采样点的位置记录为 $(x_{i,j}, y_{i,j})$, 特征点 $r_{i,j} (1 \leq j \leq n_i - 1)$ 按如下方式描述:

[0118] $r_{i,j} = \{D_{i,j}, y_{i,j}, \text{sg}_{i,j}\}$

[0119] 这里 $D_{i,j} = \sqrt{(x_{i,j} - x_{i,j-1})^2 + (y_{i,j} - y_{i,j-1})^2}$ 为第 j 个采样点到第 $j-1$ 个采样点间的欧式距离;

$$[0120] \quad r_{i,j} = \beta\left(\arctan \frac{y_{i,j+1} - y_{i,j}}{x_{i,j+1} - x_{i,j}}, \arctan \frac{y_{i,j} - y_{i,j-1}}{x_{i,j} - x_{i,j-1}}\right)。$$

[0121] 上述步骤 2023 在结合邻近细节点分布时,选择邻近细节点结构特征来描述细节点周围的细节点分布,具体包括:

[0122] 定义第 i 个细节点的邻近细节点结构表示为 $M_i = \{m_{i,j} | j = 1 \dots n_i\}$, n_i 为 m_i 周围 R_p 半径范围内的细节点数目, $m_{i,j}$ 为 m_i 和它的第 j 个邻近细节点 m_j^i 间的分支,

[0123] $m_{i,j} = (L_{i,j}, N_{i,j}, \beta_{i,j}^1, \beta_{i,j}^2)$

[0124] 这里 $L_{i,j}$ 表示分支的长度,取值为 m_i 和 m_j^i 之间的欧式距离, $N_{i,j}$ 为与分支交叉的脊线数目; θ_i 和 θ_j^i 分别是两个点的方向; $\alpha_{i,j}$ 是从 m_i 到 m_j^i 间的连线方向; $\beta_{i,j}^1 = \beta(\theta_i, \alpha_{i,j})$ 而 $\beta_{i,j}^2 = \beta(\theta_j^i, \alpha_{j,i})$ 。

[0125] 上述步骤 2023 基于求和规则融合脊线特征和邻近细节点分布两种局部特征,估算细节点间的相似度,具体包括:

[0126] 让 $Rp_i = \{rp_{i,j} | j = 1 \dots np_i\}$ 和 $Rq_k = \{rq_{k,j} | j = 1 \dots nq_k\}$ 表示分别来自于输入指纹和模板指纹的两个细节点 p_i 和 q_k 的附属脊线信息,且为不失一般性,设定 $np_i \leq nq_k$, 其相似度分数计算如下:

$$[0127] \quad S_r(rp, rq) = \frac{1}{np_i - 1} \sum_{j=1}^{np_i-1} s_r(rp_{i,j}, rq_{k,j})$$

[0128] 考虑到尺寸缩放量的定义, 在比较之前点特征 $rq_{k,j}$ 应该先进行尺寸缩放 $s1$ 倍的变换, 在所有的参数中, $D_{i,j}$ 和指纹尺寸缩放值成正比, 而其他与此无关, 计算两个点特征之间每个元素的差异, 并定义相似度函数为指数形式;

[0129]

$$s_r(rp_{i,j}, rq_{k,j}) = \exp \left\{ - \left(\frac{1}{w_1} * |Dp_{i,j} - Dq_{k,j} * sl| + \frac{1}{w_2} * |\gamma p_{i,j} - \gamma q_{k,j} * sl| \right) * \text{xor}(sg_{i,j}, sg_{k,j}) \right\}$$

[0130] 这里当 sg_1 和 sg_2 相等时, $\text{xor}(sg_1, sg_2) = 1$, 否则为 0; w_1 和 w_2 分别为距离和旋转角度的权值, w_1 为经验值, 设为输入指纹全局脊线距离的两倍, $w_2 = \pi / 12$;

[0131] 让 $Mp_i = \{mp_{i,j} | j = 1 \dots np_j\}$ 和 $Mq_k = \{mq_{k,l} | l = 1 \dots nq_k\}$ 分别表示来自输入指纹和模板指纹中对应节点 p_i 和 q_k 的两个邻近细节点结构, R_p 为输入指纹中的结构半径, 而模板指纹中结构半径 $R_q = R_p / (s1_0 * 0.8)$;

[0132] 对每一对来自于两个结构的分支 $mp_{i,j}$ 和 $mq_{k,l}$, 计算它们由四个参数组成的差别向量如下:

[0133]

$$(L_d, N_d, \beta_d^1, \beta_d^2) = (|Lp_{i,j} - Lq_{k,l}|, |Np_{i,j} - Nq_{k,l}|, |\beta(\beta p_{i,j}^1 - \beta q_{k,l}^1)|, |\beta(\beta p_{i,j}^2 - \beta q_{k,l}^2)|)$$

[0134] , 一旦差别向量满足一下条件: $N_d < N_{thr}$, $\beta_d^1 < \beta_{thr}$ 和 $\beta_d^2 < \beta_{thr}$, 则认为分支对匹配, 其相似度分数计算如下:

$$[0135] \quad (\bar{L}_d, \bar{\beta}_d^1, \bar{\beta}_d^2) = \frac{1}{n_{match}} \sum_{n=1}^{n_{match}} (L_{d,n}, \beta_{d,n}^1, \beta_{d,n}^2)$$

$$[0136] \quad S_m(p, q) = \exp \left\{ - \left(\frac{1}{\lambda_1} * \bar{L}_d + \frac{1}{\lambda_2} * \bar{\beta}_d^1 + \frac{1}{\lambda_3} * \bar{\beta}_d^2 \right) \right\}$$

[0137] 这里 n_{match} 为匹配上的分支对数, λ_1 和 λ_2 分别是距离及旋转角度的权值, λ_1 为经验值, 设为输入指纹全局脊线距离的两倍而 $\lambda_2 = \pi / 10$ 。

[0138] 上述步骤 2024 中所述基于混合特征相似度优化所有可能匹配的细节点对之间的局部尺寸缩放值, 具体包括:

[0139] 细节点 p_i 和 q_k 的相似度计算为 $S(p_i, q_k) = \mu * S_r(p_i, q_k) + (1 - \mu) * S_m(p_i, q_k)$, 这里 $\mu \in [0, 1]$ 取值由采样点数目和邻近细节点数目共同决定, 是尺寸缩放量 $s1$ 的函数; 基于脊线距离图计算细节点对之间的尺寸缩放初始值 $s1_0$, 将变化范围 $\rho \in [0.8, 1.2]$ 转换到分辨率为 0.005 的离散空间, 采用模拟退火算法从这个范围内选择最优局部尺寸缩放值, 使比较的细节点间的相似度最大化。

[0140] 上述步骤 2024 中所述基于局部尺寸缩放值的直方图估算全局尺寸缩放值, 具体包括:

[0141] 以 $\{p_i = (x_i^p, y_i^p, \theta_i^p, R_{p_i}, Mp_i) | i = 1 \dots np\}$ 和 $\{q_k = (x_k^q, y_k^q, \theta_k^q, R_{q_k}, Mq_k) | k = 1 \dots nq\}$

分别表示输入指纹和模板指纹中的细节点集, 对任意一对细节点 p_i 和 q_k 估算它们的最优局

部缩放值 $sl_{i,k}$ 和 它们的相似度 $S(p_i, q_k)$, 若 $S(p_i, q_k) > sThr$, 在后面的处理中考虑相应的局部尺寸缩放值, 直方图函数 $H(sl)$ 用于描述所有满足条件的细节点对之间局部尺寸缩放值的分布;

$$[0142] \quad \text{全局尺寸缩放值 } sl_g = \frac{\sum_{sl \in U} sl * H(sl)}{\sum_{sl \in U} H(sl)} \text{ 修正为邻域 } U = [sl_m - \delta_1, sl_m - \delta_2] \text{ 内局部尺}$$

寸缩放值的加权和, 这里 $H(sl_m) = \max(H(sl_{i,k}))$, δ_1 和 δ_2 是确保 $H(sl)/H(sl_m) \geq 2/3$ 的最大值。

[0143] 上述步骤 203 中所述采用基于细节点聚类的配准方法决定配准参数的候选值, 具体包括:

[0144] 基于全局尺寸缩放值 sl_g 更新每对细节点间的混合相似度 $S(p_i, q_k)$, 建立关系数组 $R = \{r_n\}_{n=1}^N$ 来按相似度递减次序存储满足 $S(p_i, q_k) > sThr$ 的细节点对, 采用集合 $L = \{l_n\}_{n=1}^N$ 存数变换矢量 $l^n = (dx, dy, d\beta)^T$:

$$[0145] \quad d\beta = \beta(\beta_i^p, \beta_k^q) \text{ 和 } \begin{bmatrix} dx \\ dy \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_i^p \\ y_i^p \end{bmatrix} - sl_g * R_{d\beta} \begin{bmatrix} x_k^p \\ y_k^p \end{bmatrix}$$

[0146] 这里 $(dx, dy)^T$ 和 $d\beta$ 表示平移和旋转参数, 而 $R_{d\beta}$ 为顺时针旋转 $d\beta$ 的 2×2 算子;

[0147] 聚类中心初始化为 N_c 个相似度最大的细节点对, 假设 $N_c = 6$, 按如下步骤聚类可匹配的细节点:

[0148] 步骤 1: 初始化: $n = 0$; 将 N_c 个类设为空; 范围 $B = (dx, dy, d\theta)$ 按经验值设置;

[0149] 步骤 2: $n = n+1$; 如果 $n > N_c$, 返回类集合 $\{C_n\}_{n=1}^{N_c}$, 否则在第 n 个类 C_n 中插入集合 L 中的第 n 个变换向量, 并设聚类中心 $lc_n = l_n$;

[0150] 步骤 3: 其余的向量 $\{l_{j,j \neq n}\}$ 依次和 lc_n 比较, 如果差别在预先设置的范围内, 将 l_j 插入第 n 个类 C_n ; 如果第 j 个索引对为 (i, k) , 则在下面的比较中忽略所有包括细节点 p_i 和 q_k 的索引对; 如果在此步骤中没有选中任何向量, 那么转到步骤 2, 否则转到步骤 4;

[0151] 步骤 4: 将 lc_n 重新计算为第 n 个类中所有元素的平均值, 如果 lc_n 和 l_n 的差异不超过设定范围, 转到步骤 3, 否则迭代结束并转到步骤 2;

[0152] 将聚类中心集 $\{lc_n, n = 1 \dots N_c\}$ 设为全局配准向量的候选值, 同时完成细节配对, 得到的类集合中包含对应配准下匹配的细节点对;

[0153] 基于每个类中的匹配细节点对估算全局相似度分数 $\{S_g^n(P, Q), n = 1 \dots N_c\}$, 只考虑指纹配准后重叠区域内的细节点, 计算相似度如下:

$$[0154] \quad S_g^n(P, Q) = \frac{M_n}{M_n^p * M_n^q} * \sum_{(i,k) \in C_n} S(p_i, q_k)$$

[0155] 这里 M_n 为第 n 个类中的细节点对的数目, M_n^p 和 M_n^q 分别表示指纹配准后重叠区域内的细节点数目, 选择相似度集合中的最大值为最终的匹配分数。

[0156] 下面对本发明中提出的基于尺寸缩放估算的指纹交叉匹配方法的各个步骤, 尤其是特征提取、尺寸缩放估算和全局配准参数最优化部分进行介绍, 详细步骤如下:

[0157] 1) 指纹预处理

[0158] 由于不同采集仪的不同成像原理, 指纹在分辨率、质量、噪声特征等方面变化很大。原始指纹需要进行预处理以去除噪声, 得到较清晰的脊线信息。增强方法用于处理包含破碎区域的指纹。具体操作有:

[0159] (1)、分割: 原始指纹被分为尺寸 $n \times n$ 的很多方块, 对每个方块, 计算三个统计特征, 平均值, 灰度方差及聚类程度。采用一个线性分类器, 确定某个方块是否属于有效的前景区域。

[0160] (2)、方向场计算: 首先, 采用基于梯度的方法计算粗略的方向场。然后用归一化的邻域方向场一致性衡量每点的方向场可信度。那些可信度低于某个阈值的点组成破碎区域。采用形态学的步骤如腐蚀、膨胀等来除去指纹内的孤立点和空洞。假设破碎区域内的方向场计算不正确, 并由混合方向场模型进行纠正。

[0161] (3)、滤波: 采用 Gabor 滤波器增强脊线和去除噪声。

[0162] (4)、细化: 细化二值化脊线得到指纹骨架。一系列的后处理步骤被用于切断短脊线, 去除环以及去除伪细节点。

[0163] 2) 尺寸缩放值估算

[0164] 采用一种从粗到细方法完成输入指纹和模板指纹之间的全局尺寸缩放校正。初始尺寸缩放值基于模型化的脊线距离图进行估算。局部尺寸缩放值分别在初始值邻域范围内进一步校正, 使比对细节点之间的混合相似度最大化。在校正过程中, 结合附属脊线特征和邻域细节点结构表示细节点特征。基于求和规则的混合特征能有效的衡量细节点之间相似度。最后全局尺寸缩放值由所有可能匹配的细节点对间局部尺寸缩放值的直方图决定。

[0165] 脊线距离定义为沿垂直脊线的方向连接两个相邻平行脊线中心的线段的长度。它是指纹中稳定的特征之一, 能有效的刻画多种类型指纹之间的尺度差别。脊线距离计算的研究主要包含两种方式: 一是频域方法, 另外一种是在空域方法。前者对噪声具有鲁棒性, 但需要大规模的计算开销。因此本发明的方法中全局脊线距离图由后面的方法计算得到。但是脊线距离在细节点和奇异点附近会剧烈变化。考虑到脊线距离的连续性, 有理由采用多项式逼近来平滑图中的噪点。经证明模型化的图相比于原始图对噪声和形变更鲁棒。基于实验结果, 选择 4 次多项式模型, 折衷计算开销和估算精确度。然后计算模型化后的图中所有点的平均值作为该指纹的全局脊线距离。

[0166] 这里脊线距离用于估算输入指纹和模板指纹之间的初始尺寸缩放值。初步将初始尺寸缩放值 s_{l_0} 定为两幅指纹间全局脊线距离的商。但是由于指纹形变及脊线距离估算中不可避免的误差, s_{l_0} 不适合直接应用于识别。参考本发明具体的实验结果, 最优尺寸缩放值 s_l 一般位于 $s_l = \rho * s_{l_0}$ 范围内, $\rho \in [0.8, 1.2]$ 。

[0167] 采取传统方法从细化指纹中提取细节点序列, 表示为 $\{M^k = (x_m^k, y_m^k, \theta_m^k) | 1 \leq k \leq K\}$, 这里 K 为指纹细节点数目, (x_m^k, y_m^k) 和 $\theta_m^k \in [0, 2\pi)$ 分别为第 k 个细节点 M^k 的位置和方向。提取两种局部特征: 附属脊线特征及邻近细节点结构来表示指纹中的细节点。附属脊线特征描述了细节点相连的脊线纹理。它包括按等角度间距沿脊线采样得到的点集。同时, 邻近细节点结构表示一个细节点设定邻域内的细节点分布情况。这两种特征由相对于中心细节点的坐标和方向信息组成, 因此他们具有旋转和平移不变形。

[0168] (1)、附属脊线特征：脊线特征保存了指纹整体区域内丰富的信息，有效的加强了指纹的唯一性。在已有的研究中，很多方法提出通过等间隔采样或提取细化脊线的曲率等将脊线信息加入到指纹表示中。但是由于输入指纹和模板指纹间存在尺寸缩放，这些特征不能直接用于交叉匹配。

[0169] 在这里本发明提出一种等方向采样方法来记录相应的脊线信息。图 3 显示了第 i 个细节点及它的附属脊线特征 $R_i = \{r_{i,j} | j = 1 \dots n_i\}$, n_i 为采样点的数目。为了简化表示形式，以 $r_{i,0}$ 表示第 i 个细节点。第 i 个细节点的附属脊线按以下规则进行跟踪和采集：相比于上一个采样点 $r_{i,j-1}$, $r_{i,j}$ 的方向改变了一个固定值 α (实验中 $\alpha = \pi/10$)：

$$[0170] \quad \alpha = \text{sg}_{i,j} * \beta(\theta_{i,j-1}, \theta_{i,j})$$

$$[0171] \quad \beta(\alpha_1, \alpha_2) = \begin{cases} \alpha_1 - \alpha_2 & \text{if } |\alpha_1 - \alpha_2| < \pi \\ \alpha_1 - \alpha_2 - 2\pi & \text{if } (\alpha_1 - \alpha_2) > \pi \\ \alpha_1 - \alpha_2 + 2\pi & \text{else} \end{cases}$$

[0172] 这里 $\theta_{i,j}$ 是采样点 $r_{i,j}$ 的方向； $\alpha_1, \alpha_2 \in [0, 2\pi)$ ； $\beta(\alpha_1, \alpha_2)$ 为取值 $[-\pi, \pi]$ 之间的旋转方向距离； $\text{sg}_{i,j} \in \{1, -1\}$ 指明方向旋转是逆时针还是顺时针进行。跟踪脊线直到遇到另一个细节点或到达指纹边界。如果脊线的整体长度小于 1Thr ，则细节点及其附属脊线特征都被判定为伪特征并删除。

[0173] 假设第 j 个采样点的位置记录为 $(x_{i,j}, y_{i,j})$ ，特征点 $r_{i,j}$ ($1 \leq j \leq n_i - 1$) 按如下方式描述：

$$[0174] \quad r_{i,j} = \{D_{i,j}, y_{i,j}, \text{sg}_{i,j}\}$$

[0175] 这里 $D_{i,j} = \sqrt{(x_{i,j} - x_{i,j-1})^2 + (y_{i,j} - y_{i,j-1})^2}$ 为第 j 个采样点到第 $j-1$ 个采样点之间的欧式距离；

$$[0176] \quad r_{i,j} = \beta\left(\arctan \frac{y_{i,j+1} - y_{i,j}}{x_{i,j+1} - x_{i,j}}, \arctan \frac{y_{i,j} - y_{i,j-1}}{x_{i,j} - x_{i,j-1}}\right)$$

[0177] 表示从连线 $r_{i,j-1}r_{i,j}$ 到 $r_{i,j}r_{i,j+1}$ 之间的旋转角度。

[0178] 附属脊线特征精准的描述了细节点周围的局部纹理走向。无论是否存在尺寸缩放，它都能从输入指纹和模板指纹间匹配的脊线对中提取对应点。注意相比与较平缓的脊线，弯曲度大的脊线包含了更丰富的有用信息，需要更多的采样点来表示。如果脊线几乎不弯曲，则不存在采样点。相比于传统的等间隔采样，本方法可以鲁棒的调整采集密度，有效的记录脊线信息。将来的工作，会考虑不仅沿细节点附属脊线而且沿附属谷线提取采样点以包含更多的信息。

[0179] 让 $R_{p_i} = \{rp_{i,j} | j = 1 \dots np_i\}$ 和 $R_{q_k} = \{rq_{k,j} | j = 1 \dots nq_k\}$ 表示分别来自于输入指纹和模板指纹的两个细节点 p_i 和 q_k 的附属脊线信息。它们的相似度计算为来自于两条脊线的所有对应采样点间相似度的均值。(不失一般性，设定 $np_i \leq nq_k$)：

$$[0180] \quad S_r(rp, rq) = \frac{1}{np_i - 1} \sum_{j=1}^{np_i-1} s_r(rp_{i,j}, rq_{k,j})$$

[0181] 考虑到尺寸缩放量的定义，在比较之前点特征 $rq_{k,j}$ 应该先进行尺寸缩放 $s1$ 倍的变换。在所有的参数中， $D_{i,j}$ 和指纹尺寸缩放值成正比，而其他与此无关。计算两个点特征

间每个元素的差异,并定义相似度函数为指数形式。

[0182]

$$s_r(rp_{i,j},rq_{k,j}) = \exp \left\{ - \left(\frac{1}{w_1} * |Dp_{i,j} - Dq_{k,j} * sl| + \frac{1}{w_2} * |\gamma p_{i,j} - \gamma q_{k,j} * sl| \right) * \text{xor}(sg_{i,j},sg_{k,j}) \right\}$$

[0183] 这里当 sg_1 和 sg_2 相等时, $\text{xor}(sg_1,sg_2) = 1$, 否则为 0; w_1 和 w_2 分别为距离和旋转角度的权值。在本发明的实验中, w_1 为经验值, 设置为输入指纹全局脊线距离的两倍, $w_2 = \pi/12$ 。

[0184] (2)、邻近细节点结构: 选择另一种局部特征来描述某个细节点周围的邻近细节点分布。第 i 个细节点的邻近细节点结构表示为 $M_i = \{m_{i,j} | j = 1 \dots n_i\}$, 这里 n_i 为 m_i 周围 R_p 半径范围内的细节点数目。如图 4 所示, $m_{i,j}$ 用于描述 m_i 和它的第 j 个邻近细节点 m_j^i 之间的分支。

$$[0185] \quad m_{i,j} = (L_{i,j}, N_{i,j}, \beta_{i,j}^1, \beta_{i,j}^2)$$

[0186] 这里 $L_{i,j}$ 表示分支的长度, 取值为 m_i 和 m_j^i 之间的欧式距离。 $N_{i,j}$ 记录了和分支交叉的脊线条数, 值在特征提取步骤计算; θ_i 和 θ_j^i 分别是两个点的方向; $\alpha_{i,j}$ 是从 m_i 到 m_j^i 之间的连线方向; $\beta_{i,j}^1 = \beta(\theta_i, \alpha_{i,j})$ 而 $\beta_{i,j}^2 = \beta(\theta_j^i, \alpha_{i,j})$; $\beta(\alpha_1, \alpha_2)$ 在上文中定义为方向距离函数。在这个参数中, $L_{i,j}$ 和指纹尺寸缩放值成正比, 而其他的都与此无关。

[0187] 让 $M_{p_i} = \{mp_{i,j} | j = 1 \dots np_j\}$ 和 $M_{q_k} = \{mq_{k,l} | l = 1 \dots nq_k\}$ 分别表示来自输入指纹和模板指纹中对应细节点对 p_i 和 q_k 的两个邻近细节点结构。假定尺寸缩放量 sl 的变化范围为 $sl_0 * \rho$, $\rho \in [0.8, 1.2]$, 选择模板指纹中半径 $R_q = R_p / (sl_0 * 0.8)$ 以保证模板指纹中的细节点结构包含了所有必需的细节点。但是由于局部形变, 仍有可能错过一些边缘处的细节点。图 5 显示了一对来自输入指纹和模板指纹的对应细节点 p_i 和 q_k 的结构。

[0188] 对每一对来自于两个结构的分支 $mp_{i,j}$ 和 $mq_{k,l}$, 计算它们由四个参数组成的差别向量如下:

[0189]

$$(L_d, N_d, \beta_d^1, \beta_d^2) = (|Lp_{i,j} - Lq_{k,l}|, |Np_{i,j} - Nq_{k,l}|, |\beta(\beta p_{i,j}^1 - \beta q_{k,l}^1)|, |\beta(\beta p_{i,j}^2 - \beta q_{k,l}^2)|)$$

[0190] 由于 $N_{i,j}$ 与分支的长度成正比, 但与尺寸缩放无关。它取代 L_d 用于设置匹配的分支对的界限值。一旦差别向量满足以下条件: $N_d < N_{thr}$, $\beta_d^1 < \beta_{thr}$ 和 $\beta_d^2 < \beta_{thr}$, 则认为分支对匹配。如果分支的长度较小, 细节点的微小位移都会导致方向角的大幅度变化。另一方面, 如果长度较大, 分支少量的旋转也会带来细节点位置的较大偏移。因此采用可变向量盒的方法来决定阈值 N_{thr} 和 β_{thr} 。

[0191] 按最小差别向量原则从 M_{q_k} 中选择 M_{p_i} 中的每个分支的对应分支。如果比值 n_{match}/n_{p_i} 超过某个特定阈值, 则认为比较的结构匹配。它们之间的相似度基于 n_{match} 对匹配上的分支之间的差别向量 $(\bar{L}_d, \bar{\beta}_d^1, \bar{\beta}_d^2)$ 进行计算:

$$[0192] \quad S_m(p, q) = \exp \left\{ - \left(\frac{1}{\lambda_1} * \bar{L}_d + \frac{1}{\lambda_2} * \bar{\beta}_d^1 + \frac{1}{\lambda_3} * \bar{\beta}_d^2 \right) \right\}$$

[0193] 这里 λ_1 和 λ_2 分别是距离及旋转角度的权值。在本发明的实验中, λ_1 设为输入

指纹全局脊线距离的两倍,而 $\lambda_2 = \pi / 10$ 。

[0194] (3)、基于混合特征相似度优化局部的尺寸缩放值:选择了两种局部特征用于细节节点描述。它们独立的描述细节节点特征,实现了有效的互补。在匹配阶段融合两个特征可以提高指纹认证的性能。在匹配分数层按求和融合规则结合附属脊线特征和邻近细节节点结构。细节节点 p 和 q 的相似度计算为 $S(p, q) = \mu * S_r(p, q) + (1 - \mu) * S_m(p, q)$, 这里 $\mu \in [0, 1]$ 取值由采样点数目和邻近细节节点数目共同决定。它是尺寸缩放量 s_l 的函数。按上述的方法,基于脊线距离图计算细节节点对之间的尺寸缩放初始值 s_{l_0} 。将变化范围 $\rho \in [0.8, 1.2]$ 转换到分辨率为 0.005 的离散空间。采用模拟退火方法从这个范围内选择最优局部尺寸缩放值,使比较的细节节点之间的相似度最大化。

[0195] (4)、基于直方图的全局尺寸缩放值估算:以 $\{p_i = (x_i^p, y_i^p, \theta_i^p, Rp_i, Mp_i) | i = 1 \dots np\}$ 和 $\{q_k = (x_k^q, y_k^q, \theta_k^q, Rq_k, Mq_k) | k = 1 \dots nq\}$ 分别表示输入指纹和模板指纹中的两列细节节点。对每一对细节节点 p_i 和 q_k , 估算它们的最优局部缩放值 $s_{l_{i,k}}$ 和它们的相似度 $S(p_i, q_k)$, 若 $S(p_i, q_k) > s_{Thr}$, 在后面的处理中考虑相应的局部尺寸缩放值。直方图函数 $H(s_l)$ 用于描述所有满足条件的细节节点对之间局部尺寸缩放值的分布。由于估算过程的误差,直方图中可能存在毛刺。实验中采取高斯滤波器来有效消除毛刺平滑直方图。如果匹配的指纹来自于同一手指,那么 $s_{l_{i,k}}$ 的值将集中在全局最优尺寸缩放值 s_{l_g} 周围。图 6、7、8 分别给出真匹配中的两枚指纹及它们平滑前后的直方图。

[0196] 理论上全局尺寸缩放量 s_{l_g} 依据条件 $H(s_{l_g}) = \max(H(s_{l_{i,k}}))$ 选取。但是实际上 s_{l_g} 可能受噪声或形变的影响出现一定程度的偏移。全局尺寸缩放值修正为邻域 $U = [s_{l_m} - \delta_1, s_{l_m} + \delta_2]$ 内 $s_{l_{i,k}}$ 值的加权和,这里 $H(s_{l_m}) = \max(H(s_{l_{i,k}}))$, δ_1 和 δ_2 是确保 $H(s_l) / H(s_{l_m}) \geq 2/3$ 的最大值。

$$[0197] \quad s_{l_g} = \frac{\sum_{s_l \in U} s_l * H(s_l)}{\sum_{s_l \in U} H(s_l)}$$

[0198] 变量 δ 代表了尺寸缩放量的集中程度,具有分辨真假匹配的能力。如果间隔 U 远大于预定的宽度,则认为尺寸缩放量分布无序而指纹对不匹配。

[0199] 3) 全局配准参数优化

[0200] 采用一种基于细节节点聚类的方法鲁棒获取全局配准参数。配准步骤中对一幅指纹进行旋转平移使它的特征能最大程度上和另一枚指纹中的对应特征重合。进一步结合所有配对的细节节点计算输入指纹和模板指纹之间的相似度。基于全局尺寸缩放值 s_{l_g} 更新每对细节节点之间的混合相似度 $S(p_i, q_k)$ 。建立关系数组 $R = \{r_n\}_{n=1}^N$ 来按相似度递减次序存储满足 $S(p_i, q_k) > s_{Thr}$ 的细节节点对。相应的采用集合 $L = \{l_n\}_{n=1}^N$ 存储数变换矢量 $l^n = (dx, dy, d\beta)^T$:

$$[0201] \quad d\beta = \beta(\beta_i^p, \beta_k^q) \text{ 和 } \begin{bmatrix} dx \\ dy \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_i^p \\ y_i^p \end{bmatrix} - s_{l_g} * R_{d\beta} \begin{bmatrix} x_k^p \\ y_k^p \end{bmatrix}$$

[0202] 这里 $(dx, dy)^T$ 和 $d\beta$ 表示平移和旋转参数,而 $R_{d\beta}$ 为顺时针旋转 $d\beta$ 的 2×2 算子。

[0203] 取代选择单个细节点对计算配准参数,采用有效的聚类方法来配准指纹,这里聚类中心初始化为 N_c 个相似度最大的细节点对(本发明的试验中, $N_c = 6$)。依据变换向量的相似度按如下步骤聚类可匹配的细节点:

[0204] 步骤 1:初始化: $n = 0$; 将 N_c 个类设为空; 范围 $B = (dx, dy, d\theta)$ 按经验值设置。

[0205] 步骤 2: $n = n + 1$ 。如果 $n > N_c$, 返回类集合 $\{C_n\}_{n=1}^{N_c}$, 否则在第 n 个类 C_n 中插入集合 L 中的第 n 个变换向量, 并设聚类中心 $lc_n = l_n$ 。

[0206] 步骤 3: 另外的向量 $\{l_{j,j} \neq n\}$ 依次和 lc_n 比较。如果差别在预先设置的范围 B 内, 将 l_j 插入第 n 个类 C_n 。如果第 j 个索引对为 (i, k) , 那么在下面的比较中忽略所有包括细节点 p_i 和 q_k 的索引对。如果在此步骤中没有选中任何向量, 那么转到步骤 2, 否则转到步骤 4。

[0207] 步骤 4: lc_n 重新计算为第 n 个类中所有元素的平均值。如果 lc_n 和 l_n 之间的差别不超过设定范围 B , 转到步骤 3, 否则迭代结束并转到步骤 2。这个约束用于防止聚类中心产生过多的偏移。

[0208] 将聚类中心集 $\{lc_n, n = 1 \dots N_c\}$ 设为全局配准向量的候选值, 同时完成了细节配对。得到的类集合中包含了对应配准下匹配的细节点对。

[0209] 对每个类中的匹配细节点对估算其全局相似度分数 $\{S_g^n(P, Q), n = 1 \dots N_c\}$ 。只考虑指纹配准后重叠区域内的细节点, 计算相似度如下:

$$[0210] \quad S_g^n(P, Q) = \frac{M_n}{M_n^p * M_n^q} * \sum_{(i,k) \in C_n} S(p_i, q_k)$$

[0211] 这里 M_n 为第 n 个类中的细节点对的数目。 M_n^p 和 M_n^q 分别表示指纹 P 和 Q 配准后重叠区域内的细节点数目。选择相似度集合中的最大值为最终的匹配分数。

[0212] 实施例

[0213] 已经将此方法应用到某网络身份认证的系统。采用面向对象的设计方法和软件工程规范, 用 C++ 语言实现的、可方便的基于现有的指纹识别系统实现。采用基于由三个不同采集仪采集组成的数据库, 进行一系列的实验来验证混合细节点特征的分辨力、聚类配准的有效性及其交叉匹配中从粗到细进行尺寸缩放校正的必要性。所有的实验都在 P43. 2GHZ 的 PC 机上进行。

[0214] 1) 指纹数据库

[0215] 数据采集是自动指纹识别系统中的重要步骤之一。本发明的实验中, 交叉匹配数据库来自于三种市场上具有代表性的采集仪: 光学按压式采集仪 UrU 4000, 电容按压式采集仪 Authentec AFS-2 和热能刮察式采集仪 Symwave sw6800。不同数据库中具有相同索引号的指纹来自于同一个手指。下表 1 描述了数据库 CASIA Fingerpass DB1, DB2 和 DB3 中三种采集仪的特征, 它们是在线可下载的。每个数据库包含 100×10 枚指纹。采集过程中对图像的质量、重叠面积、按压或刮察力道不做控制。来自光学采集仪的 DB1 中的指纹具有较大的采集面积和较好的图像质量。DB2 中的指纹存在部分破碎, 而且由于低分辨率和采集面积小来自于相同手指的指纹常常只有小面积重叠。由于热能刮察采集仪对手指湿度和采集动作敏感, DB3 中的指纹质量较差且常伴有严重的形变。

[0216]

数据库	采集仪	图像尺寸	分辨率 (dpi)	数据规模
DB1	UrU 4000	300×300	512	100×10
DB2	Authentec AFS-2	128×128	250	100×10
DB3	Symwave sw6800	288×384	500	100×10

[0217] 表 1

[0218] 2) 数据库测试

[0219] 在 CASIA Fingerprint DB1 和 DB2, DB1 和 DB3, DB2 和 DB3 之间进行了三组交叉匹配实验。在 FVC 的真匹配中, 每个指纹都与同一手指采集的其他指纹比较从而得到误据率 (FNMR)。在假匹配中, 每个手指的第一枚指纹都与其他手指的第一枚指纹比较从而得到误匹配率 (FMR)。交叉匹配中, 指纹匹配的顺序参考 FVC 的规则决定。唯一的差别在于交叉匹配中输入指纹和模板指纹来自于不同采集仪采集的数据库, 而 FVC 中都来自于同一个数据库。表 2 显示了 CASIA Fingerprint 数据库上交叉匹配的性能比较, 包括四个指标 EER, FMR100, FMR1000, AvgTime。

[0220]

数据库	EER (%)	FMR100 (%)	FMR1000 (%)	AvgTime (ms)
DB1 vs DB2	3.11	4.59	11.89	73.5
DB1 vs DB3	4.05	8.49	20.37	98.2
DB2 vs DB3	5.53	10.14	19.68	83.5

[0221] 表 2

[0222] 该方法的平均 EER 值达到 4.23%, 而最高 EER 值为 DB2 和 DB3 之间的交叉匹配的 5.53%, 这个性能在应用中是可接受的。虽然预处理和特征提取过程较常规识别复杂, 但每对指纹之间的交叉匹配平均占用时间小于 0.1s。注意实验中的匹配时间不包括局部特征提取处理。该方法具有可靠性、有效性和鲁棒性。

[0223] 以上所述, 仅为本发明中的具体实施方式, 但本发明的保护范围并不局限于此, 任何熟悉该技术的人在本发明所揭露的技术范围内, 可理解想到的变换或替换, 都应涵盖在本发明的包含范围之内。因此, 本发明的保护范围应该以权利要求书的保护范围为准。

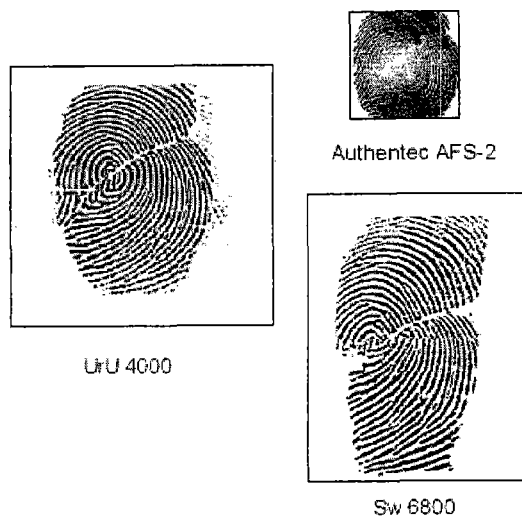


图 1

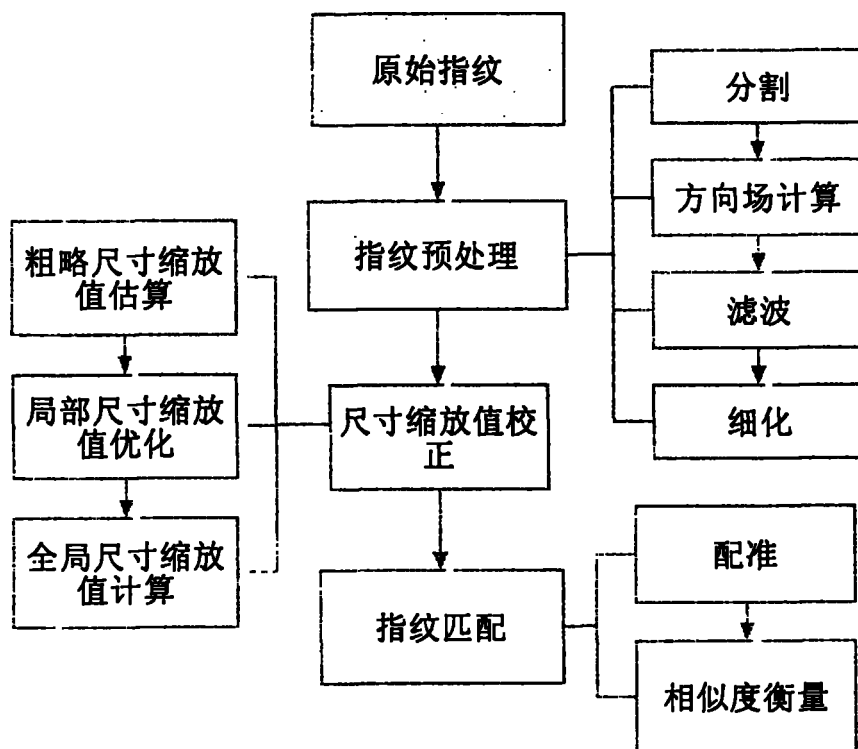


图 2

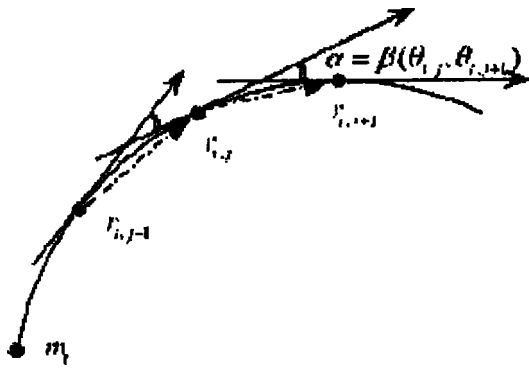


图 3

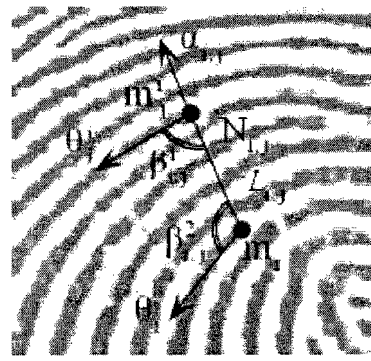


图 4

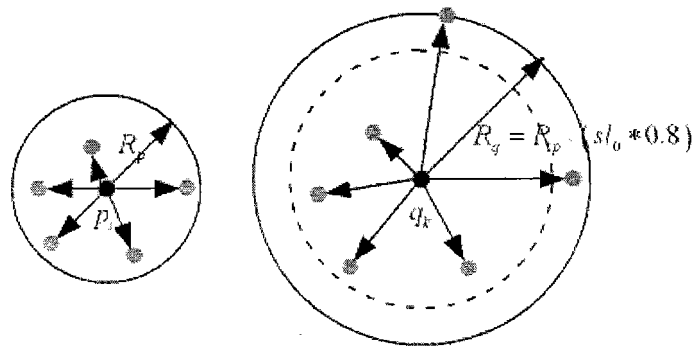


图 5



图 6

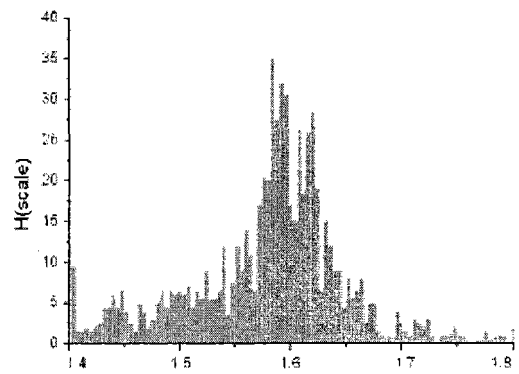


图 7

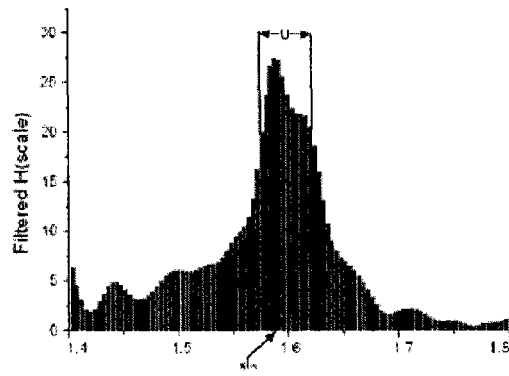


图 8