

基于快速遗传算法的指纹匹配

张圆圆, 景晓军

(北京邮电大学信息与通信工程学院, 北京 100843)

摘要: 针对标准遗传算法(GA)存在收敛速度慢且容易早熟的现象, 提出一种快速 GA 算法, 将其应用于全局点模式指纹匹配中。该算法通过在迭代过程中逐步缩小种群规模与优秀个体数目, 降低突变概率, 并尽量选择适应值高的个体, 使匹配过程快速收敛于全局最优解。实验结果表明, 该算法能提高指纹匹配的速度和准确率。

关键词: 指纹匹配; 指纹预配准; 点模式比对; 遗传算法; 模拟退火算法

Fingerprint Matching Based on Fast Genetic Algorithm

ZHANG Yuan-yuan, JING Xiao-jun

(School of Information and Communication Engineering, Beijing University of Posts and Telecommunications, Beijing 100843, China)

[Abstract] A global point pattern fingerprint matching method based on Genetic Algorithm(GA) is presented. In order to avoid the low efficiency and premature convergence of standard GA, an fast GA is proposed. The algorithm can make the matching process converge rapidly to the global optimal result through narrowing down the population size and the number of best individuals step by step, reducing the probability of mutation, and trying to select individuals with high fitness. Experimental results show that the improved algorithm can enhance the accuracy of fingerprint matching with less time cost.

[Key words] fingerprint matching; fingerprint pre-registration; point pattern comparison; Genetic Algorithm(GA); Simulated Annealing(SA) algorithm

DOI: 10.3969/j.issn.1000-3428.2011.24.005

1 概述

全局点模式指纹匹配度计算是一个相对耗时的过程, 为了提高匹配算法的效率, 要求所使用的优化算法尽快收敛。本文将遗传算法应用到指纹节点匹配的过程中。针对传统遗传算法收敛速度较慢、易早熟等问题, 对算法进行改进, 提出快速遗传算法, 在避免过早收敛的同时不断收缩种群数量, 使算法在更小的范围内进行迭代, 以提高计算精度, 加快运行速度。本文首先介绍点模式指纹匹配的基本原理及具体过程, 然后分析遗传算法的基本流程及参数设置。

2 基于遗传算法的指纹匹配

自动指纹识别系统(Automatic Fingerprint Identification System, AFIS)(如图 1 所示)主要包括指纹特征的提取和匹配。指纹匹配是基于指纹模式分类特征集的指纹模式识别过程, 将输入指纹与模板指纹进行比较, 判断其是否出自同一手指, 以达到身份鉴别或认证的目的。在早期工作中, 使用指纹的结构特征进行比对; 而目前较常用的指纹匹配算法是点模式匹配。该类方法将指纹之间的匹配转化为细节点集之间相似性的度量, 其中, 基于预配准的全局细节匹配算法最常见, 即从模板指纹节点集合和输入指纹节点集合中各寻找一个参考节点组成参考节点对, 作为两细节点集的匹配基准点, 使参考节点对在坐标和方向上完全对齐, 然后再进行相似性比对的匹配过程。点模式匹配法本质上是从两组节点中寻找最大匹配节点对的问题。这样可以将最优化方法应用到节点匹配的过程中。文献[1-2]利用遗传算法(Genetic Algorithm, GA)的全局优化能力, 将其引入指纹匹配的优化计算中, 将匹配度作为种群适应值引导搜索方向, 利用遗传算法以随机方式

进行搜索的能力, 搜索最优参考节点对。

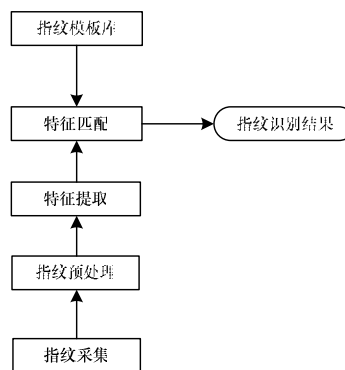


图 1 常用指纹识别系统结构

3 点模式指纹匹配计算过程

通过特征提取, 系统将指纹图像转化为特征点集表示。设输入的待比较图像为 P , 提取的特征点个数为 m , 模板指纹图像为 Q , 特征点个数为 n , 则图像 P 和 Q 可以用以下特征点向量集合表示:

$$P = \{(x_i^p, y_i^p, d_i^p, t_i^p), i = 1, 2, \dots, m\}$$
$$Q = \{(x_j^q, y_j^q, d_j^q, t_j^q), j = 1, 2, \dots, n\} \quad (1)$$

其中, x 、 y 、 d 、 t 分别表示特征点向量的横、纵坐标,

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60872148)

作者简介: 张圆圆(1974—), 女, 博士研究生, 主研方向: 图像处理, 指纹识别; 景晓军, 教授、博士后、博士生导师

收稿日期: 2011-04-28 **E-mail:** zyysky@vip.sina.com

以及特征点方向和类型。

3.1 基于参考节点对的指纹图像预配准过程

从特征点集 P 中随机选取节点 a , 点集 Q 中选取节点 b , 通过式(2)求出 2 个参考节点之间的平移因子 Δx 、 Δy 和旋转因子 $\Delta\theta$, 并将点集 P 中特征点根据转移因子进行旋转及平移变换:

$$\begin{bmatrix} x_i^p \\ y_i^p \\ d_i^p \end{bmatrix}^* = \begin{bmatrix} x_a^p \\ y_a^p \\ d_a^p \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \cos \Delta\theta & -\sin \Delta\theta & \Delta x \\ \sin \Delta\theta & \cos \Delta\theta & \Delta y \\ 0 & 0 & \Delta\theta \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} x_i^p - x_a^p \\ y_i^p - y_a^p \\ 1 \end{bmatrix} \quad (2)$$

其中, $\Delta x = x_a^p - x_b^q$; $\Delta y = y_a^p - y_b^q$; $\Delta\theta = d_a^p - d_b^q$ 。

3.2 匹配度计算

使用式(2)与点集 Q 对齐后的点集 P 称为 P^* , 下一步是计算点集 P^* 与点集 Q 中各特征点对之间的匹配(相似、拟合)程度。普遍做法是构造匹配度量计算公式, 将匹配程度量化为匹配度得分, 若分数越高, 则 2 个指纹越相似; 若分数越低, 则说明 2 个指纹图像差异越大。

在指纹匹配度计算过程中, 为消除局部形变带来的影响, 采用指纹节点的可变界限盒柔性匹配方法^[3], 允许 2 点之间的迭合程度有一定误差。界限盒定义了 2 点之间角度及距离误差的容许范围, 如误差在界限盒规定范围内, 则判定 2 点匹配。可变界限盒的距离及角度尺寸是可变的, 若点集 P^* 中的特征节点离旋转中心点 a 越近, 则界限盒的角度越大, 半径越小; 反之, 若特征节点离中心点 a 越远, 则界限盒的角度越小, 半径越大, 如图 2 所示。

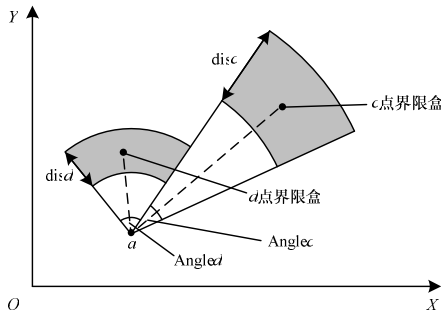


图 2 可变界限盒

令 MS 为 2 幅图像间的匹配值, MS_{ab} 为任意的一对参考节点对 $[a, b]$ 组合下的匹配值:

$$MS = \max \{MS_{ab}, a = 0, 1, 2, \dots, m; b = 0, 1, 2, \dots, n\} \quad (3)$$

式(3)说明: 2 幅指纹图像进行匹配的过程是试图找到一组参考节点 $[a, b], a \in p, 1 \leq a \leq M; b \in q, 1 \leq b \leq N$, 使其在根据式(2)旋转及平移后, 能使 2 幅图像间的匹配值达到最高。

4 基于改进 GA 的指纹匹配方法

对于寻优算法来说, 搜索空间的大小及算法的收敛速度直接影响寻优效率。基于遗传算法的点模式指纹匹配方法搜索空间较大, 且传统遗传算法收敛速度较慢, 影响了匹配算法的效率。文献[1]使用 3 点配准方式, 为了缩小搜索空间, 在指纹预配准阶段进行指纹初匹配, 只针对符合条件的 L 个参考节点对 ($L < n, L < m$) 进行匹配度计算, 使算法的搜索空间由 $c_n^3 c_m^3 p_3^3$ 缩小为 $c_L^3 p_3^3$, 这样做的代价是使算法的匹配结果正确性受到影响。文献[2]针对图像的预配准转移因子进行二进制编码, 以种群大小为 50 为例, 平均需要 50 代~150 代循环才能达到收敛。为了在取得更准确的匹配结果的同时提高运行效率, 本文对传统遗传算法进行改进, 提出一种基于全局

匹配的 GA 快速算法。

4.1 适应度计算

遗传算法使用适应度(fitness)导引寻优方向。适应度由适应度函数得出, 目的是度量群体中各个个体的优良程度。适应度高的个体, 其基因遗传到下一代的概率较大; 相反, 适应度低的个体遗传到下一代的概率较小。本文选择参考节点对 $[a, b]$ 的匹配度 MS_{ab} 作为算法的适应度函数, 即:

$$fitness([a, b]) = MS_{ab}$$

4.2 算子及参数选择

算子及参数选择具体如下:

(1)编码。采用自然数编码, 每个个体的编码由 2 个基因表示:

$$\{a, b\}, a \in p, 1 \leq a \leq m; b \in q, 1 \leq b \leq n$$

(2)初始种群。选择较大的种群数量有助于保持个体的多样性。根据指纹图像的平均特征点数量, 将初始种群数定为 $N=50$ 。

(3)杂交算子。采用两两交叉的杂交算子, 即将当前种群以随机方式两两组合, 对每对组合都进行基因互换。

(4)变异算子。首先在种群中以一定的概率随机地选择某些个体, 然后随机地改变个体中基因的值。本文定义初始突变速率为 0.5。

(5)生存策略。生存策略也称为选择算子, 决定新生成的个体替换父代个体加入种群的策略。本文没有使用传统的轮盘赌选择算法, 而是在每轮迭代结束后, 选择每代中适应值最优的前 S 个优秀个体复制到子代中。

4.3 快速 GA 算法

遗传算法以概率为 1 收敛^[4], 随着迭代的进行, 染色体基因逐渐集中于最优解附近。实验表明, 指纹匹配的迭代寻优过程中, 在算法适应度的引导下, 种群个体会逐渐向指纹图像的非形变稳定区域^[5]集中; 算法的种群规模 N 与优秀个体数目 S 对算法的收敛速度有很大影响, 种群数量一定时, S 取值越大, 算法收敛于全局最优解的可能性越大, 但同时会使算法的收敛速度变慢^[6]; 同样, 大的突变速率也可以防止算法早熟, 但同样会使收敛速度变慢。

基于以上讨论, 为了在确保算法收敛于全局最优解的同时加快收敛速度, 本文针对标准遗传算法进行改进, 提出了快速 GA 算法, 主要改进如下:

(1)随着迭代的进行, 不断缩小种群规模 N 及优秀个体数目 S 。设第 i 代的种群数量为 $N[i]$, 优秀个体数为 $S[i]$, 得到:

$$\begin{cases} k = \lfloor \frac{mN}{l} \rfloor \\ N[i] = N - (i-1) \times k, i = 1, 2, \dots \\ S[i] = N[i] - k \end{cases} \quad (4)$$

其中, N 为初始种群数量; k 为每代的种群数缩小步长, 计算时进行下取整处理; l 为算法总的迭代次数; m 为一个系数, 目的是控制种群规模的最终大小。

(2)对变异算子进行退火处理, 初始选择一个较大的突变概率, 随着迭代的进行逐步减小, 设初始突变概率为 V , 第 i 代变异算子为 $V[i]$, 其退火公式定义如下:

$$V[i] = \frac{N[i]}{N} V, i = 1, 2, \dots \quad (5)$$

(3)对低适应值的子代替换父代的概率 p 采用文献[1]中的方法进行模拟退火处理。退火过程如下:

$$T_{i+1} = (0.95)^i T_i, T_0 = 1\ 500, i = 0, 1, 2, \dots \quad (6)$$

替换概率 p 计算如下:

$$p = e^{-\frac{fitness-avg}{T[i]}} \quad (7)$$

其中, $fitness$ 为子代的适应值; avg 为当代种群的适应度平均值; $T[i]$ 为当前退火温度。

在以上所做的改进中, 在迭代初期对种群规模 N 、优秀个体数目 S 、突变概率及对低适应值个体的接受概率取比较大的值, 以保持算法的基因多样性, 防止早熟现象。随着迭代进行, 种群个体逐渐集中于最优解附近, 此时逐步缩小种群规模及优秀个体数目, 降低突变概率, 并尽量选择高适应值的个体, 以加快算法的收敛, 提高算法效率。

GA 快速算法流程具体如下:

Step1 生成初始种群 $N=50$, 计算群中每个个体的适应度 $fitness(N)$ 。

Step2 计算种群收敛量步长 k ; $T=T_0$ 设置初始退火温度; $i=0$ 设置进化代数。

Step3 $i=i+1$; 进化代数增加一代, 如果 $i>l$ (进化迭代次数), 退出循环, 返回 $max_fitness$; 计算当前种群中个体适应度的平均值 avg ; $T = (0.95)^i T$; 逐步退火。

Step4 将群中个体两两随机配对, 将每对个体作为父本 $P1$ 、 $P2$, 对每一对父本均进行交叉, 并依据变异概率 $V[i]$ 进行基因突变, 生成子代 $C1$ 、 $C2$, 计算其适应值 $fitness(C1)$ 、 $fitness(C2)$; 如子代的适应值大于 avg , 则从群中随机选择一个适应值低于 avg 的个体替换, 否则以概率 p 进行替换。

Step5 如果种群最大适应值 $max_fitness$ 大于匹配阈值, 退出循环, 返回 $max_fitness$ 。将群中个体按适应度大小排序, 取前 $S[i]$ 个个体进入子代。 $N[i+1]=N[i]-k$; 以步长 k 缩小种群规模。

Step6 返回 Step3, 进行新一轮的进化。

5 实验结果与分析

使用 FVC2002 提供的指纹数据库 DB1 中的 80 枚指纹进行匹配实验, 数据库的规模为 10×8 , 即采集 10 个不同手指, 每个手指采集了 8 个样本, 测试方法和 FVC 一样: 将所有手指的第 1 个样本两两比对, 以测试错误接受率; 对于同一手指的不同样本两两比对, 以测试错误拒绝率。测试结果得到如图 3 所示的 ROC 曲线。匹配算法的 ROC 曲线越接近横坐标轴, 说明该算法的正确率越高。图 3 中显示的 2 条 ROC 曲线分别是本文提出的快速遗传算法经过 10 次迭代的结果, 与

标准遗传算法经过 30 次迭代的结果。可以看出, 快速算法大大提高了匹配算法的收敛速度。经过测算, 使用快速算法迭代 10 次(平均耗时为 44 ms)的匹配结果与使用标准遗传算法迭代 50 次(平均耗时为 129 ms)的匹配结果大致相当, 快速算法收敛所需的时间仅为标准遗传算法的 1/3 左右, 算法效率得到很大提高。

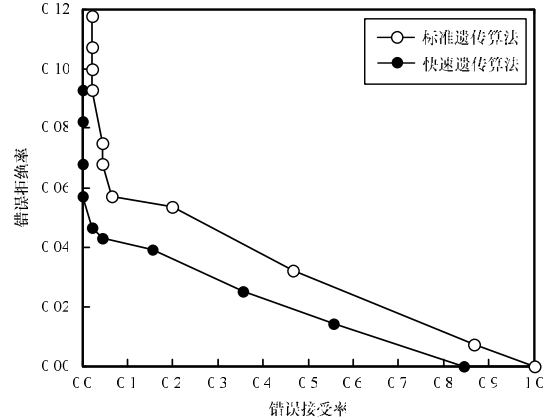


图 3 基于 2 种算法的指纹匹配性能

6 结束语

基于预配准的指纹点模式匹配是一类最优化问题, 通过不断更换指纹参考节点对, 试图从 2 组节点中寻找指纹匹配度最大值。本文从多角度、多机理的优化思想出发, 提出基于快速遗传算法的指纹匹配算法。实验结果表明, 使用该算法可有效提高匹配算法的性能及匹配效率。

参考文献

- [1] 漆远, 田捷, 邓翔. 基于遗传算法的指纹图匹配算法及应用[J]. 软件学报, 2000, 11(4): 488-493.
- [2] 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.
- [3] 游林儒, 劳中建, 丁飞. 基于矢量三角形的快速指纹细节匹配算法[J]. 计算机工程, 2007, 33(11): 179-181.
- [4] 王雪梅, 王义和. 模拟退火算法与遗传算法的结合[J]. 计算机学报, 1997, 20(4): 381-384.
- [5] 陈小光, 封举富. 基于稳定区域的形变指纹匹配算法[J]. 中国图象图形学报, 2010, 15(8): 1220-1229.
- [6] 金菊良, 杨晓华, 丁晶. 标准遗传算法的改进方案——加速遗传算法[J]. 系统工程理论与实践, 2001, 21(1): 8-13.

编辑 陆燕菲

(上接第 12 页)

其他标量或矢量降噪处理法, 只要对于 H、S 域有降噪效果即可替换应用。而且在替换 H 域和在替换 S 域时所用的分量处理法可以是不同的方法, 选择的依据是各方法对应的处理效果, 对 H 域特别有效的方法用以处理替换 H 域, 对 S 特别有效的方法用以处理替换 S 域。另外, 本文基于 HSI 彩色空间模型说明效果, 所以由各种彩色空间模型之间的共性可以合理外推出, 这里的彩色空间模型并不仅限于 HSI, 在未来工作中可以尝试其他不带有 RGB 颜色分量偏向的空间模型, 如 HSV、HSL、YUV、YIQ 等。

参考文献

- [1] Koschan A, Abidi M. Digital Color Image Processing[M]. [S. l.]: John Wiley & Sons Inc., 2009.
- [2] Gonzalez R C, Woods R E. Digital Image Processing[M]. 阮秋琦,

阮宇智, 译, 北京: 电子工业出版社, 2004.

- [3] 冷成财, 赵凤群, 刘向增, 等. 图像平滑的自适应保真全变分模型[J]. 计算机工程, 2010, 36(14): 172-173.
- [4] 杨欧, 郭宝平, 郭轩, 等. 基于 HSI 彩色空间的加权中值滤波算法[J]. 科学技术与工程, 2007, 7(14): 3408-3413.
- [5] 王文远. 基于去相关性准则的单幅图像信噪比估计[J]. 计算机工程, 2010, 36(1): 227-228, 235.
- [6] 郝锐, 彭进业, 王大凯. 基于色度-亮度全变分模型的彩色图像放大[J]. 计算机工程, 2009, 35(21): 211-212.
- [7] 王敏琴, 韩国强. 基于全变分和边界重构的纹理图像修复方法[J]. 计算机工程, 2011, 37(1): 220-223.
- [8] 史瑞芝. 用于腹腔镜手术机器人立体视觉系统的研究与实现[D]. 天津: 南开大学, 2009.

编辑 任吉慧

