

# Verificação de Impressões Digitais usando Algoritmos Genéticos

Matheus Giovanni Pires, Fernando Vieira Duarte, Adilson Gonzaga

Escola de Engenharia de São Carlos – Universidade de São Paulo (EESC-USP)  
Av. Trabalhador São-Carlense, 400 – Centro – 13.566-590 – São Carlos – SP – Brasil  
Tel.(16) 3373-9363 – FAX.(16) 3373-9372

mgpires@gmail.com, ferduarte@terra.com.br, adilson@sel.eesc.usp.br

**Abstract.** *The biometric recognition problem of a person through fingerprint can be categorized in two applications types: verification and identification. This work presents a genetic algorithm aimed at verifying if two different fingerprints belonging to the same finger from two sets of minutiae extracted. Experiments with FVC2004 image database were performed and the results were commented.*

**Resumo.** *O problema do reconhecimento biométrico de uma pessoa por meio de impressões digitais pode ser categorizado em dois tipos: verificação e identificação. Neste artigo é apresentado um algoritmo genético para verificar se duas impressões digitais diferentes correspondem a um mesmo dedo a partir das minúcias extraídas de cada impressão digital. Experimentos com a base de imagens do FVC2004 foram realizados e, por fim, os resultados foram comentados.*

## 1. Introdução

A verificação de impressões digitais ainda é um problema desafiador devido à necessidade de processamento intensivo. Os sistemas de verificação de impressões digitais estão normalmente associados à identificação criminal, porém atualmente também estão sendo usados em aplicações comerciais, tais como controle de acesso e segurança em transações financeiras. Há dois tipos de aplicações para os sistemas de reconhecimento de impressões digitais: *verificação* e *identificação*. Em um sistema de verificação, a entrada do sistema é uma consulta a uma impressão digital e uma identidade (ID), o qual verifica se o ID é consistente ou não com a impressão digital. Em um sistema de identificação, a entrada do sistema é somente uma consulta a uma impressão digital, o qual tenta responder a seguinte questão: Existe alguma impressão digital na base de dados que se pareça com a impressão digital consultada? A resposta é uma pequena lista de impressões digitais.

Uma impressão digital é formada por um grupo de curvas. As características mais comuns incluem os *pontos finais* e as *bifurcações*, chamadas de *minúcias*, como ilustra a Figura 1. Geralmente os algoritmos para verificação de impressões digitais possuem duas etapas: alinhar as minúcias e encontrar as minúcias correspondentes entre duas impressões digitais. A primeira etapa é necessária devido à presença de distorções entre dois conjuntos de minúcias extraídos de diferentes impressões digitais de um mesmo dedo, incluindo translação, rotação e escala, dificultando a localização de minúcias correspondentes.

O objetivo deste trabalho é apresentar um algoritmo genético para minimizar os efeitos das distorções e efetuar a verificação de dois conjuntos de minúcias diferentes extraídos de um mesmo dedo.

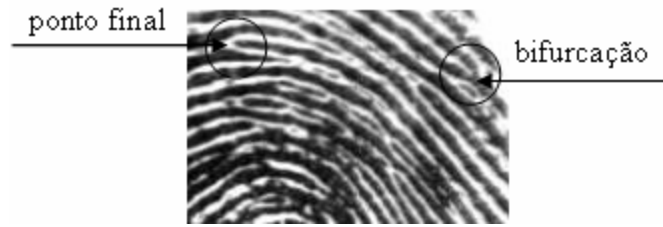


Figura 1. Exemplo de minúcias.

## 2. Formalização do problema da verificação biométrica

O problema da verificação biométrica pode ser formulado da seguinte forma. Considere uma impressão digital  $T$  de uma pessoa e uma outra impressão digital  $L$  de entrada para verificação. Se  $T \neq L$ , então as impressões digitais não são da mesma pessoa, caso contrário, são da mesma pessoa [Maltoni et al. 2003]. Portanto, a verificação consiste em determinar se um par de impressões digitais pertence ou não a uma mesma pessoa, através de um grau de similaridade entre eles dado por um limiar  $Fit$ .

Para definir formalmente este problema, considere dois conjuntos de minúcias  $\{(x_{n,1}, x_{n,2})\}$  e  $\{(y_{n,1}, y_{n,2})\}$ , denominados *template* e *query*, os quais representam a impressão digital de uma pessoa e a entrada do sistema para a verificação, respectivamente, onde  $n = 1, 2, 3, \dots, N$ ,  $m = 1, 2, 3, \dots, M$ ,  $(x_{n,1}, x_{n,2})$  e  $(y_{n,1}, y_{n,2})$  são as coordenadas dos conjuntos de minúcias. Sendo assim, através de uma função  $Y_i = F(X_i)$  de escala, rotação e translação entre  $X_i(x_{i,1}, x_{i,2})$  e  $Y_i(y_{i,1}, y_{i,2})$  é possível aproximar dois conjuntos de minúcias. Esta função pode ser simplificada como

$$Y_i = s \cdot R \cdot X_i + T, \quad (1)$$

onde  $s$  é o fator de escala,  $R = \begin{bmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{bmatrix}$ ,  $\theta$  é o ângulo de rotação entre as duas impressões digitais e  $T = [Tx \ Ty]^T$  é o vetor de translação [Tan e Bhanu 2006]. Sendo assim, este trabalho tem por objetivo encontrar uma transformação otimizada para mapear qualquer par de impressões digitais.

A Figura 2 ilustra todos os passos necessários para a verificação de duas impressões digitais. O módulo *Extração de minúcias* é responsável por detectar as minúcias (pontos finais e bifurcações) das impressões digitais que serão verificadas pelo módulo *Otimização genética* (ver seção 3). A extração das minúcias é baseada em uma metodologia apresentada por Raymond Thai [Thai 2003].

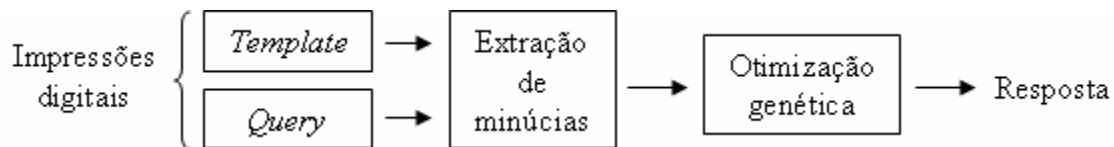


Figura 2. Esquema do processo de verificação de impressões digitais.

## 3. Otimização genética

Algoritmos Genéticos são métodos de otimização e busca baseados nos mecanismos da seleção natural introduzidos por John Holland [Holland 1975]. Devido a grande capacidade de explorar espaços de busca grandes e irregulares, os algoritmos genéticos têm sido bastante utilizados para estes tipos de problemas. Um algoritmo genético simples possui uma estrutura conforme o pseudocódigo ilustrado na Figura 3 [Michalewicz 1996]:

## Programa AG

### Início

$t \leftarrow 0$

Inicializar  $P(t)$

Avaliar  $P(t)$

**Enquanto** (Não Terminou) **Faça**

### Início

$t \leftarrow t + 1$

Selecionar  $P(t)$  de  $P(t - 1)$

Alterar  $P(t)$

Avaliar  $P(t)$

### Fim

### Fim

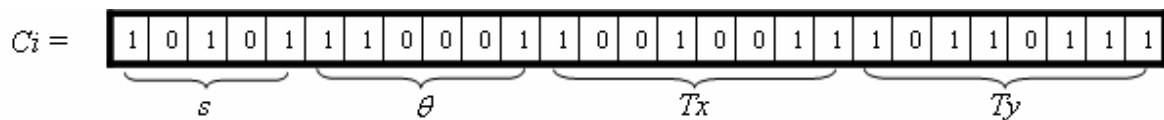
**Figura 3. Pseudocódigo de um algoritmo genético simples.**

Durante a iteração  $t$ , o algoritmo genético mantém uma população de soluções candidatas (cromossomos). Cada solução é avaliada para medir seu *fitness* (ou aptidão), ou seja, a qualidade da solução do problema representada por este cromossomo. Então, uma nova população (iteração  $t + 1$ ) é formada pela seleção dos indivíduos mais aptos. Alguns membros desta nova população sofrerão alterações devido à ação dos operadores genéticos de cruzamento e mutação, enquanto outros permanecerão intactos. O cruzamento combina as características de dois cromossomos pais para formar dois cromossomos filhos. O objetivo da aplicação do cruzamento é trocar informações entre soluções em potencial. A mutação altera aleatoriamente um ou mais genes de um cromossomo selecionado, com o intuito de introduzir informação extra para a população.

Conforme apresentado na equação 1, os parâmetros que precisam ser otimizados são  $s$ ,  $\theta$ ,  $T_x$  e  $T_y$ .

### 3.1 Codificação dos cromossomos e população inicial

Baseado no trabalho de Xuejun Tan e Bir Bhanu [Tan e Bhanu 2006], o intervalo de valores para os parâmetros foram definidos da seguinte forma:  $0.9 \leq s \leq 1.1$ ,  $-30 \leq \theta \leq 30$ ,  $-120 \leq T_x \leq 120$ ,  $-120 \leq T_y \leq 120$ . As escalas para estes parâmetros são 0.01,  $1^\circ$ , 1 pixel e 1 pixel, respectivamente. A codificação dos cromossomos é binária, sendo que o número de bits necessários para representar  $s$ ,  $\theta$ ,  $T_x$  e  $T_y$  são 5, 6, 8 e 8, respectivamente. A Figura 3 ilustra a codificação do cromossomo  $C_i$ , onde  $i=1,2,3, \dots, T_p$  ( $T_p$  representa o tamanho da população). A população inicial é gerada de forma aleatória.



**Figura 4. Codificação cromossômica.**

### 3.2 Função de avaliação

Durante o processo evolutivo, a população é avaliada e cada cromossomo recebe uma nota, denominada *aptidão*, refletindo a qualidade da solução que ele representa. A função de avaliação adotada neste artigo é baseada em [Tan e Bhanu 2006], a qual é definida em dois passos.

Primeiramente verifica-se a consistência global entre dois conjuntos de minúcias e em seguida, uma análise mais detalhada das minúcias é realizada para constatar a consistência local das impressões digitais.

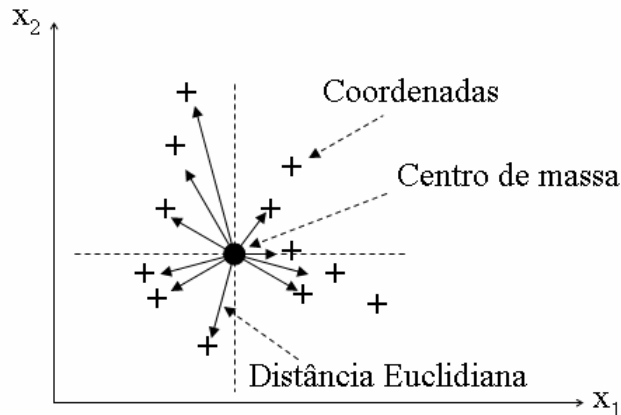
**Passo 1:** Seja os conjuntos de minúcias  $(x_{n,1}, x_{n,2})$  e  $(y_{n,1}, y_{n,2})$  do *template* e *query*, respectivamente  $(n = 1, 2, 3, \dots, N)$ . Usando a transformação descrita pela equação 1 é calculado a distância  $Dn$  das minúcias entre as impressões digitais *template* e *query*. Considerando o menor  $Dn$  calculado e se este for menor que um determinado limiar  $Td$ , as minúcias  $n$  são consideradas correspondentes.

$$Dn = \min \left\{ \left\| F \left( \begin{bmatrix} x_{n,1} \\ x_{n,2} \end{bmatrix} \right) - \begin{bmatrix} y_{n,1} \\ y_{n,2} \end{bmatrix} \right\| \right\} \quad (2)$$

O valor da função de avaliação é o número de minúcias correspondentes encontradas. Caso este valor seja maior que o limiar  $Td$ , o segundo passo da função de avaliação é executado, caso contrário, não.

**Passo 2:** A consistência local das minúcias é feita a partir da similaridade entre triângulos formados pelas minúcias correspondentes encontradas no passo 1. Esta metodologia está relatada em [Bhanu e Tan 2003]. Portanto, o valor da função de avaliação é o número de triângulos similares formados. Entretanto, este trabalho propõe uma nova abordagem com o objetivo de simplificar a função de avaliação. Esta modificação consiste em alterar o passo 2 para as seguintes etapas:

1. Calcular o centro de massa para cada conjunto de minúcias.
2. A partir das minúcias correspondentes encontradas no passo 1, calcular a distância Euclidiana das mesmas em relação ao centro de massa. A Figura 5 ilustra este processo.
3. Dado um par de minúcias correspondentes determinadas no passo 1, verifica-se a diferença entre as distâncias calculadas. Se esta for menor que um limiar  $Tf$  as minúcias são consideradas correspondentes, caso contrário, não.
4. A aptidão de cada cromossomo é dada pelo número de minúcias correspondentes.



**Figura 5. Distância Euclidiana entre coordenadas e centro de massa.**

A resposta para a verificação de duas impressões digitais é obtida pelo melhor cromossomo encontrado após a otimização genética e por um limiar  $Fit$ , ou seja, a resposta do sistema dá-se pela seguinte condição: se o valor de aptidão do melhor cromossomo for maior ou igual à  $Fit$ , as impressões digitais pertencem ao mesmo dedo, caso contrário, não.

### 3.3 Operadores genéticos e outros parâmetros

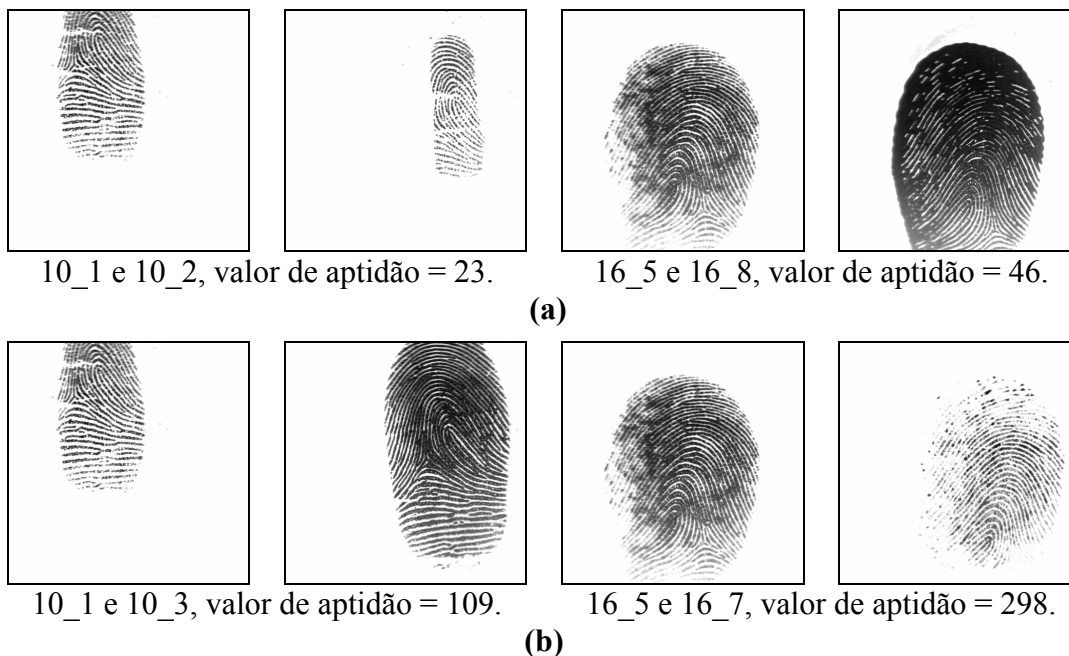
Os operadores genéticos utilizados neste trabalho foram: Mutação Simples, Cruzamento Uniforme e seleção pela Roda da Roleta e Elitismo. Os valores dos parâmetros do algoritmo genético são descritos na Tabela 1.

**Tabela 1. Parâmetros do algoritmo genético.**

Parâmetro	Valor
Número de gerações	100
$Tp$ (tamanho da população)	100
Taxa de cruzamento	0,7
Taxa de mutação	0,2
Taxa de elitismo	0,1
$Td$	12
$Tf$	6

### 4. Experimentos e resultados

Para testar a abordagem proposta foram realizados experimentos aplicando a verificação das impressões digitais combinando todas as imagens pertencentes à mesma classe, totalizando 28 verificações para cada classe de impressão digital. A Figura 6 ilustra exemplos destes experimentos.



**Figura 6. Exemplos de resultados da verificação de impressões digitais. (a) Verificação com valor baixo de aptidão. (b) Verificação com valor alto de aptidão.**

A Tabela 2 mostra a precisão do sistema variando o limiar  $Fit$  de maneira crescente, conforme descrito na seção 3.2.

**Tabela 2. Resultados variando o limiar Fit.**

<b>Limiar (Fit)</b>	<b>Precisão</b>
10	100%
20	74%
30	64%
40	54%
50	46%
60	39%
70	33%
80	28%
90	24%
100	21%

A partir dos resultados apresentados na Tabela 1 é possível observar que à medida que o valor do limiar *Fit* é incrementado, a precisão do sistema diminui. Isto acontece em função de que o sistema se torna mais restrito ou rígido conforme o aumento de *Fit*, ou seja, o sistema considera um número maior de características correspondentes entre duas impressões digitais para verificar a correspondência entre elas.

## **5. Conclusões**

Neste trabalho foi apresentado um sistema de verificação de impressões digitais baseado em otimização genética. Os experimentos utilizaram a base de imagens do FVC2004, a qual contém imagens com alto grau de distorções, tais como rotação, translação e escala, dificultando o processo de verificação. Devido à baixa qualidade das imagens, o processo de extração de minúcias retornou uma grande quantidade de minúcias, dificultando o processo de verificação. Entretanto, pode-se notar que a abordagem proposta apresentou resultados satisfatórios. Em trabalhos futuros, pretende-se realizar a comparação com outros trabalhos, a realização de experimentos utilizando outras bases de imagens e o uso de outros métodos para a extração de minúcias.

## **Referências**

- Bhanu, B. e Tan, X., *Fingerprint indexing base don novel features of minutiae triplets*, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, pp. 616-622, 2003.
- Holland, J. H., *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, The University of Michigan Press, 1975.
- Maltoni, D., Maio, D., Jain, A.K. e Prabhakar, S., *Handbook of Fingerprint Recognition*, Springer-Verlag, New York, 2003.
- Michalewicz, Z., *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Springer, 1996.
- Tan, X., e Bhanu, B., *Fingerprint Matching by Genetic Algorithms*, The Journal of the Pattern Recognition Society, Elsevier Ltd., pp. 465-477, 2006.
- Thai, R., *Fingerprint Image Enhancement and Minutiae Extraction*, Report submitted as partial fulfillment to School of Computer Science and Software Engineering, The University of Western Australia, 2003.