

VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ

BRNO UNIVERSITY OF TECHNOLOGY

FAKULTA INFORMAČNÍCH TECHNOLOGIÍ
ÚSTAV INTELIGENTNÍCH SYSTÉMŮ

FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY
DEPARTMENT OF INTELLIGENT SYSTEMS

ROZPOZNÁVANIE ČLOVEKA PODĽA ŽÍL V PRSTE

DIPLOMOVÁ PRÁCE

MASTER'S THESIS

AUTOR PRÁCE

AUTHOR

Bc. PETER LISÁK

BRNO 2011



VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ
BRNO UNIVERSITY OF TECHNOLOGY



FAKULTA INFORMAČNÍCH TECHNOLOGIÍ
ÚSTAV INTELIGENTNÍCH SYSTÉMŮ

FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY
DEPARTMENT OF INTELLIGENT SYSTEMS

ROZPOZNÁVÁNÍ ČLOVĚKA PODLE ŽIL PRSTU

HUMAN RECOGNITION BY FINGER VEINS

DIPLOMOVÁ PRÁCE
MASTER'S THESIS

AUTOR PRÁCE
AUTHOR

Bc. PETER LISÁK

VEDOUCÍ PRÁCE
SUPERVISOR

Ing. RADIM DVOŘÁK

BRNO 2011

Abstrakt

Diplomová práce se zabývá biometrickými systémy, konkrétně založenými na rozpoznávání člověka dle žil prstu. Popisuje metodiku vývoje nového biometrického systému. Navrhuje nové postupy porovnávání biometrických vzorů žil prstu a jejich rychlé identifikace v rozsáhlejších databázích. Verifikace je založená na porovnávání šablón pomocí podobnostních a vzdálenostních metrik, ke kterým byly navrženy metody zarovnání. Navrhovaný postup identifikace je založen na kombinaci shlukovací metody a genetického algoritmu. Druhou variantou je využití indexové stromové struktury a vyhledávání pomocí rozsahového dotazu.

Abstract

The master's thesis deals with biometric systems, especially these based on human recognition by finger veins. It describes some development principles of the new biometric system. It proposes some new approaches to the comparison of finger vein patterns and their fast identification in sizable databases. Verification is based on templates comparison by similarity and distance measures with proposed alignment approaches. The proposed method of identification is based on the combination of clustering and genetic algorithm. The second option is using the indexing tree structure and searching by range query.

Klíčová slova

Biometrie, rozpoznávání lidí, žily, žily prsta, verifikace, identifikace, zhlukování, k-means, genetické algoritmy, indexová stromová struktúra,.mvp-strom, rozsahový dotaz.

Keywords

Biometrics, human recognition, veins, finger veins, verification, identification, clustering, k-means, genetic algorithms, indexing tree structure,.mvp-tree, range query.

Citace

Peter Lisák: ROZPOZNÁVANIE ČLOVEKA PODĽA ŽÍL V PRSTE, diplomová práce, Brno, FIT VUT v Brně, 2011

ROZPOZNÁVÁNÍ ČLOVĚKA PODLE ŽIL PRSTU

Prohlášení

Prehlasujem, že som túto diplomovú prácu vypracoval samostatne pod vedením Ing. Radima Dvořáka.

Uviedol som všetky literárne pramene a publikácie, z ktorých som čerpal.

.....
Peter Lisák
21. mája 2011

Poděkování

Týmto smerom by som chcel poďakovať Ing. Radimovi Dvořákovi za cenné rady, trpezlivosť a nasmerovanie pri vypracovávaní tejto diplomovej práce.

© Peter Lisák, 2011.

Tato práce vznikla jako školní dílo na Vysokém učení technickém v Brně, Fakultě informačních technologií. Práce je chráněna autorským zákonem a její užití bez udělení oprávnění autorem je nezákonné, s výjimkou zákonem definovaných případů.

Obsah

1	Úvod	3
2	Teoretické základy	4
2.1	Biometria a biometrický systém	4
2.1.1	Hodnotenie biometrických systémov	5
2.1.2	Testovanie výkonu biometrického systému	10
2.1.3	Bezpečnosť biometrického systému	11
2.1.4	Typy biometrických systémov a ich vlastnosti	12
2.2	Rozpoznávanie podľa žíl	13
2.2.1	Žily	13
2.2.2	Žily v prstoch	16
2.2.3	Porovnanie techniky žíl s inými biometrickými metódami	17
3	Stávajúce metódy	20
3.1	Extrakcia	20
3.1.1	Porovnávanie	20
3.2	Klasifikácia	22
4	Rozbor a návrh nových metód	24
4.1	Snímacie zariadenie	24
4.2	Extrakcia a šablóna	24
4.3	Zarovnanie	26
4.3.1	Ručné zarovnanie	26
4.3.2	Naivné zarovnanie	27
4.3.3	Automatizované zarovnanie	27
4.3.4	Zarovnanie s využitím homografie	27
4.4	Verifikácia	29
4.4.1	Metrický priestor	30
4.5	Identifikácia	32
4.5.1	Kombinácia GA a k-means	33
4.5.2	Indexová stromová štruktúra	37
4.5.3	Testovanie	41
5	Implementácia riešenia	43
5.1	Extrakcia a zarovnanie	43
5.2	Verifikácia	43
5.3	Identifikácia	44
5.3.1	GA v kombinácii s k-means	44

5.3.2	Indexový MVP strom	44
6	Testovanie	45
6.1	Testovanie verifikácie	46
6.1.1	Test šablóny a postupov ohodnocovania podobnosti	46
6.1.2	Test zarovnaní šablón	47
6.1.3	Test porovnania šablón s homografickým zarovnaním	47
6.1.4	Zhodnotenie testov verifikácie	47
6.2	Testovanie identifikácie	49
6.2.1	Test identifikácie pomocou zhlukovania	50
6.2.2	Test identifikácie pomocou vytvorenia stromu	54
6.2.3	Zhodnotenie testov identifikácie a prínos v rozpoznávaní podľa žíl . .	55
7	Záver	57
A	Výsledky testov	61
B	Obsah CD	75

Kapitola 1

Úvod

Dôvodom vypracovania tejto diplomovej práce je veľký rozmach biometrických technológií. Medzi ne patrí aj rozpoznávanie ľudí podľa žíl. Táto technika sa javí ako veľmi dobrá, nielen z pohľadu vysokej presnosti, relatívnej bezpečnosti a ochrane pred ukradnutím, ale aj prijateľnosti bežnými užívateľmi pri používaní vďaka bezkontaktnosti, rýchlosti a menším problémom pri snímaní (nízka FTE¹).

Výskumná skupina STRaDe pracujúca na VUT FIT v Brne pod vedením doc. Ing. Martina Dražanského, Ph.D vyvíja vlastné zariadenie pre snímanie a rozpoznávanie človeka podľa žíl v prste. Účelom tejto práce bude navrhnúť vhodnú techniku extrakcie rysov a vytvárania šablóny pre už existujúci prototyp snímača. Ďalej vymyslieť vhodný algoritmus pre porovnávanie navrhnutých šablón a metódu indexácie v databázy, resp. vhodné klasifikovanie vzorkou podľa šablón tak, aby okrem verifikácie bola možná aj rýchla identifikácia osôb.

Táto diplomová práca sa zaoberá témou “Rozpoznávanie človeka podľa žíl v prste”. Zadanie sa skladá z niekoľkých bodov, ktoré tvoria základ nasledujúcich kapitol. Na začiatku je cieľom naštudovať si literatúru zaoberajúcu sa obecnými princípmi biometrických systémov a následne špecifikami systémov pre rozpoznávanie človeka podľa žilného riečiska. Nasledujúcou úlohou je navrhnúť novú alebo upraviť stávajúcu metódu pre rozpoznávanie osôb podľa žíl v prste. Zameriava sa hlavne na návrh šablóny žil prsta, extrakciu informácie k jej vytvoreniu, porovnávaniu šablón a na ich ukladanie a indexáciu do databáze. Navrhnuté postupy následne implementujeme a vykonáme testy, aby bolo možné ohodnotiť navrhované metódy a porovnať ich so súčasnými.

Práca je rozdelená do niekoľkých na seba nadväzujúcich kapitol. Teoretická kapitola zasväť čitateľa do základov z oblasti biometrie a biometrických systémov a hlavne rozpoznávaniu osôb pomocou žíl v prste. V ďalšej sa dozvie o už existujúcich postupoch extrakcie dát z obrazu, porovnávaní a klasifikácie šablón žíl v prste. V nasledujúcej sa stručne zhrnú dôvody k vypracovaniu tejto práce a potom sa popíšu návrhy metód pre rozpoznávanie podľa žíl v prste a to hlavne so zameraním na návrh šablóny, extrakciu informácie zo snímku k jej vytvoreniu, porovnaní šablón a na ukladanie a klasifikáciu šablón v databázy. Nasleduje implementácia navrhnutých postupov a popis zmien v špecifikácii. V predposlednej a asi najdôležitejšej kapitole sú uvedené výsledky testov navrhnutých metód, vyhodnotenie dosiahnutých výsledkov a porovnanie s metódami iných autorov. Posledná kapitola sumarizuje vykonanú prácu a predurčí ďalšie vylepšenia.

¹Miera neshopnosti zaregistrovať (viac v podkapitole 2.1.1).

Kapitola 2

Teoretické základy

V tejto kapitole sa oboznámime so základnými pojmami z biometrie a jej využitím v praxi. Ďalej so spôsobmi návrhu a vývoja nového systému, jeho testovaním a stanovením výkonu. Na záver si priblížime anatómiu krvného riečiska v prste a jeho využitie v biometrických systémoch.

2.1 Biometria a biometrický systém

Slovo biometria má pôvod v gréckych slovách bios a metron, čo sú výrazy pre život, resp. mierka, teda aké meranie života. V informačných technológiách pod pojmom biometria rozumieme automatické rozpoznávanie ľudí na základe ich charakteristických anatomických rysov (napr. tvár, otláčok prsta, dúhovka, sietnica) alebo charakteristického chovania (napr. podpis, chôdza, dynamika písania na klávesnici) [1, 2].

Princíp biometrie, tj. rozpoznávanie ľudí podľa biometrických vlastností vo svojej podstate využívame od nepamäti a neustále v každodennom živote. Pri styku s ľuďmi spoznávame známych podľa výzoru, hlasu apod.

Biometrickým systémom potom rozumieme systém, ktorý nám slúži k rozpoznávaniu osôb, a ktorý je založený na jednoznačnej identite človeka. Inak povedané jednoznačnej charakteristike osoby. Rozlišujeme identitu fyzickú a elektronickú. Pri fyzickej by malo platiť, že je pre každú osobu jedinečná (napr. DNA, otláčok prsta) a je daná anatómiou a chovaním, na rozdiel od elektronickej, kde je možné si vytvoriť niekoľko identít (napr. emailové účty).

Biometrické zariadenie pracuje s biometrickými informáciami, z ktorých sa získava tzv. príznaky, znaky alebo črty. Biometrické črty musia spĺňať tieto vlastnosti (Tab. 2.1) [1, 2]:

- Univerzálnosť – sledovaný znak majú všetci ľudia.
- Stálosť – tieto črty sú v čase nemenné.
- Vysoká medzitriedna rozmanitosť – jedinečnosť – každý jedinec má črtu jednoznačne rozdielnu a dá sa jej porovnaním jednoznačne identifikovať.
- Dostupnosť – ľahko prijateľné k použitiu pre každého užívateľa.
- Získateľnosť – existuje senzor, ktorý dokáže tieto znaky opakovane získať.

Typický biometrický systém používa senzor k získaniu biometrickej vlastnosti od osoby a porovná ju s informáciou uloženou v databázy, aby stanovil identitu. Skladá sa z dvoch častí:

	Tvár	Otlačok prsta	Geometria ruky	Žily ruky	Dúhovka	Sietnica	Podpis	Hlas	Termo- gram
Univerzalita	vysoká	stredná	stredná	stredná	vysoká	vysoká	nízka	stredná	vysoká
Jedinečnosť	nízka	vysoká	stredná	stredná	vysoká	vysoká	nízka	nízka	vysoká
Konštantnosť	stredná	vysoká	stredná	stredná	vysoká	stredná	nízka	nízka	nízka
Získateľnosť	vysoká	stredná	vysoká	stredná	stredná	nízka	vysoká	stredná	vysoká
Výkonnosť	nízka	vysoká	stredná	stredná	vysoká	vysoká	nízka	nízka	stredná
Prijateľnosť	vysoká	stredná	stredná	stredná	nízka	nízka	vysoká	vysoká	vysoká
Bezpečnosť	nízka	vysoká	stredná	vysoká	vysoká	vysoká	nízka	nízka	vysoká
Financie	nízka	nízka	stredná	stredná	vysoká	vysoká	nízka	nízka	vysoká

Tabuľka 2.1: Atribúty jednotlivých biometrických vlastností [1].

1. Registračný modul
2. Verifikačný/identifikačný modul

Vo väčšine prípadov sa oba moduly nachádzajú v jednom zariadení. Oba moduly obsahujú biometrický senzor, ktorým sa získava biometrická vlastnosť (informácia) a k jej digitalizácii [1, 2].

Úlohou registračného modulu je pomocou senzora získať, extrahovať a následne uložiť do databáze. Funkcia verifikačného/identifikačného modulu je z časti totožná s registračným, ale extrahované charakteristické rysy neukladá do databáze. Z databáze údaje len číta a vykonáva porovnanie z extrahovanými črtami a vráti výsledok (ne)zhody.

Má dva operačné módy [1]:

- Verifikácia – ide o porovnanie 1:1, kde užívateľ systému zadá svoju identitu a ten mu ju následne potvrdí alebo odmietne.
- Identifikácia – v tomto prípade sa jedná o porovnanie 1:N, kde užívateľ neprizná svoju identitu a systém sa ju snaží zistiť (vracia (ne)nájdená).

Potvrdením resp. zistením identity osoby sa overí alebo stanoví jej hodnovernosť. Tento proces sa nazýva autentizácia.

Vyextrahované črty sa ukladajú do databáze v podobe šablón (templát), nazývaných tiež referenčné šablóny. Inak povedané ide o zakódovanie biometrickej informácie do digitálnej reprezentácie individuálne charakteristík vypočítaných alebo extrahovaných z biometrického vzorku, pričom forma šablóny môže byť rozličná v závislosti od biometrickej metódy a výrobcu [2]. Tieto vlastnosti prispievajú k zvýšeniu zabezpečenia a ochrany šablóny pred narušiteľom. Pri verifikácii/identifikácii sa pracuje práve so šablónami, kde šablóna vytvorená zo vstupu senzora je porovnávaná s referenčnými templátmi v databázy.

2.1.1 Hodnotenie biometrických systémov

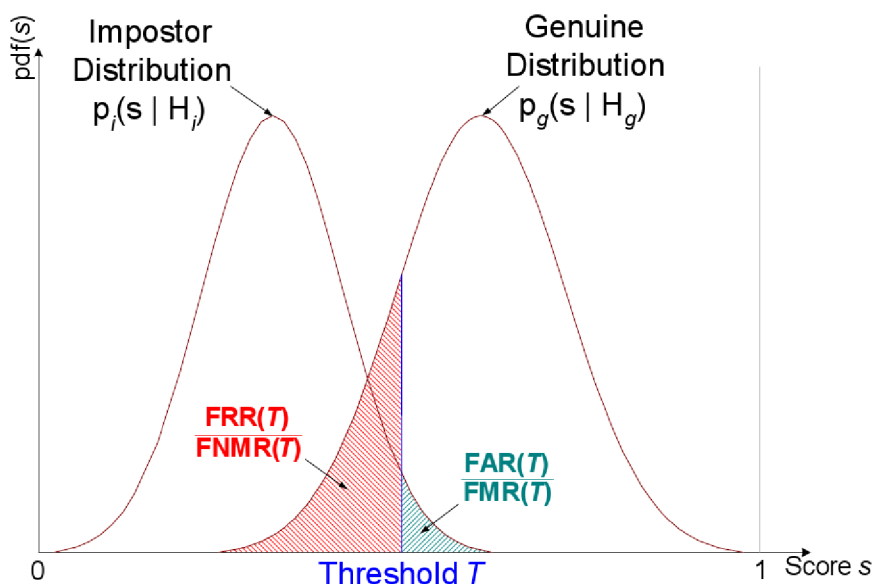
Signál zo senzora pri získavaní biometrickej informácie nie je vo svojej podstate vždy stopercentne rovnaký, a preto existuje niekoľko charakteristík, ktoré nám hodnotia spoľahlivosť a kvalitu biometrického systému. Jedná sa o štatistický pohľad na biometrický systém. Keďže v biometrii nie je možné dosiahnuť bezchybnosť, stopercentnú presnosť (ovplyvňujú to rôzne faktory ako napr. nasvietenie pri snímaní obrazu, pootočenie prsta pri snímaní otlačkov), je daný problém stanovenia rozloženia vzdialenosti rysov (črt).

- Genuine Distribution – rozloženie právoplatných rysov.
- Impostor Distribution – rozloženie neprávoplatných rysov.

Dôležitým faktorom pre výber biometrickej vlastnosti je množstvo obsiahnutej informácie – entropie. Inak povedané, čím viac entropie, tým je vlastnosť lepšia k použitiu v praxi. Neznamená to však, že vlastnosť s najväčšou entropiou sa najlepšie osvedčí aj v praktickom využití. Príliš silná entropia pri občasnej variabilite biometrickej vlastnosti môže spôsobiť nerozpoznanie právoplatnej osoby. Príliš nízka entropia zase môže spôsobiť opak – rozpoznanie neprávoplatnej identity. Preto rozlišuje dva typy chýb [1]:

- Typ 1. – odmietnutie správnej hypotézy.
- Typ 2. – prijatie chybných hypotéz.

Kvôli variabilite biometrickej vlastnosti sa pri identifikácii/verifikácii stanovuje určité skóre porovnania určujúce istotu pravdivosti odpovede systému, alebo tiež miera zhody. Leží v určitom intervale danom konkrétnou metódou. Odpoveď biometrickeho systému je založená na porovnaní skóre S s prahom T (Obrázok 2.1).



Obr. 2.1: Chyby FMR vs. FNMR / FAR vs. FRR [1].

Vo zvyšku tejto podkapitoly si rozoberieme základne typy chýb, mier a charakteristík biometrických systémov, ktoré neskôr využijeme pri porovnávaní rôznych metód a zariadení. Pri porovnaní skóre S s prahom T môžu vzniknúť tieto chyby:

- Chybná zhoda (false match, false acceptance) – dva vzory od dvoch rôznych osôb sú rozpoznané ako zhodné.
- Chybná nezghoda (false non-match, false rejection) – dva vzory od tej istej osoby sú rozpoznané ako odlišné.

Pri správnej odozve systému rozlišujeme korešpondujúce pojmy:

- Správne prijatie (true match, true acceptance) – dva vzory od tej istej osoby sú rozpoznané ako zhodné.
- Správne odmietnutie (true non-match, true rejection) – dva vzory od dvoch rôznych osôb sú rozpoznané ako odlišné.

Trieda sily funkcie (SOF)	Maximum FAR
<i>SOF-Basic</i>	0,01 (1 v 100)
<i>SOF-Medium</i>	0,0001 (1 v 10000)
<i>SOF-High</i>	0,000001 (1 v 1000000)

Tabuľka 2.2: Rozdelenie sily funkcie do tried podľa FAR [3].

Podľa odoziev biometrického systému určujeme chybové miery, ktoré ho charakterizujú [1]:

- Miera neschopnosti nasnímať – FTA (Failure to Acquire) – charakterizuje senzor
- Miera neschopnosti zaregistrovať – FTE (Failure to Enroll) – charakterizuje schopnosť algoritmu pracovať s nekvalitnou biometrickou informáciou
- Miera neschopnosti porovnať – FTM (Failure to Match) – neschopnosť systému vykonať rozhodnutie
- Miera chybných zhody – FMR (False Match Rate)
 - Pravdepodobnosť, že systém chybné rozpozná dve rôzne osoby ako zhodné. Teda povolí prístup útočníkovi.
- Miera chybných nezahod – FNMR (False Non-Match Rate)
 - Pravdepodobnosť, že systém chybné nerozpozná dva vzory od jedného užívateľa. Teda nepovolí vstup právoplatnému užívateľovi.
- Miera chybného prijatia – FAR (False Acceptance Rate)
 - Je podiel chybné akceptovaných osôb ako FMR s tým rozdielom, že berie v úvahu prípady neúspešné ešte pred samotným porovnaním (FTA, FTE).
 - Pomocou FAR sa definuje sila funkcie (porovnávacieho algoritmu), jednotlivé triedy sú uvedené v tabuľke 2.2 definované normou ISO/IEC 15480 [2, 3].
 - Počet zhodných porovnaní rozdielnych vzorov / celkový počet porovnaní rozdielnych vzorov [1]:

$$FAR = \frac{FMR}{1 - FTA} \quad (2.1)$$

- Miera chybného odmietnutia – FRR (False Rejection Rate)
 - Je podiel chybné neakceptovaných osôb ako FRR s tým rozdielom, že berie v úvahu prípady neúspešné ešte pred samotným porovnaním (FTA, FTE).

- Počet porovnaní vzorov jednej osoby klasifikovaných ako nezhodné / celkový počet porovnaní osoby [1]:

$$FRR = FTA + \frac{FNMR}{1 - FTA} \quad (2.2)$$

Miery FTA a FTE ohodnocujú výkonnosť časti systému extrahujúcej črty, na rozdiel od FMR a FNMR, ktorá meria výkon porovnávacej komponenty (algoritmu) [2].

Hodnoty FMR a FNMR vychádzajú z rozhodnutia založeného na porovnaní skóre S s prahom T. Nastavovaním rozhodovacieho prahu sa vzájomne mení hodnota FMR a FNMR, ktoré sú počítané z počtu pokusov (porovnaní) a hodnotia verifikačný algoritmus. Naproti tomu identifikačné systémy má na vstupe biometrický vzor bez identity a na výstupe sadu najpravdepodobnejších identít patriacich k vstupnému vzoru. Identifikácia má dva druhy odpovede [2]:

1. Uzatvorená množina (closed-set) – vždy vráti neprázdnu množinu kandidátov za predpokladu, že všetci užívatelia majú svoj referenčný vzor v databázy.
2. Otvorená množina (open-set) – môže vrátiť prázdnu množinu kandidátov, pretože potenciálny užívateľ nie je v databázy.

- Miera chybné neidentifikácie – FNIR (False-Negative Identification-error Rate)

- Je podiel identifikačných transakcií užívateľa registrovaného v databázy, ktorých vrátená množina kandidátov neobsahovala hľadaného užívateľa [2]:

$$FNIR = FTA + \frac{1 - FTA}{FNMR} \quad (2.3)$$

- Miera chybné identifikácie – FPIR (False-Positive Identification-error Rate)

- Je podiel identifikačných transakcií neregistrovaného užívateľa v databázy, ktorých vrátená množina kandidátov nie je prázdna [2]:

$$FPIR = \frac{1 - FTA}{1 - (1 - FMR)^N} \quad (2.4)$$

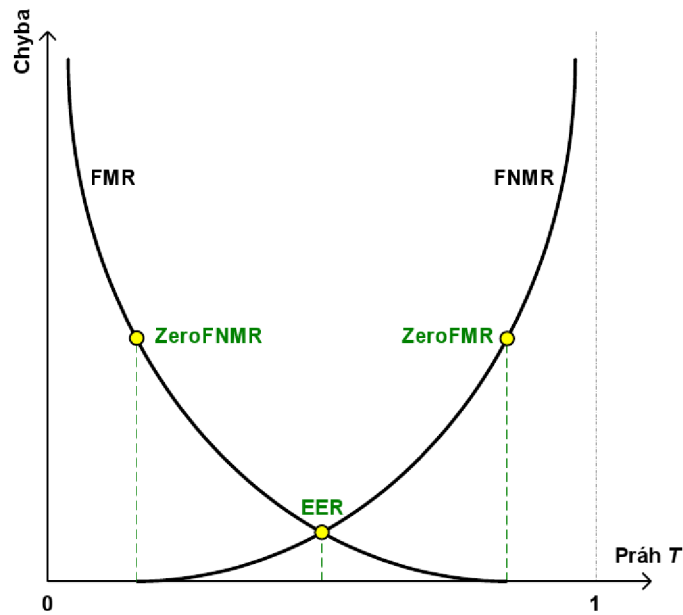
- Miera vyrovnaní chýb – ERR (Equal Error Rate) (Obrázok 2.2)

- Je daný podmienkou $FMR(T) = FNMR(T)$, kde T je prah. Platnosť tejto podmienky vyjadruje, že pri prahu T je počet chybné akceptovaných s chybné odmietnutými.

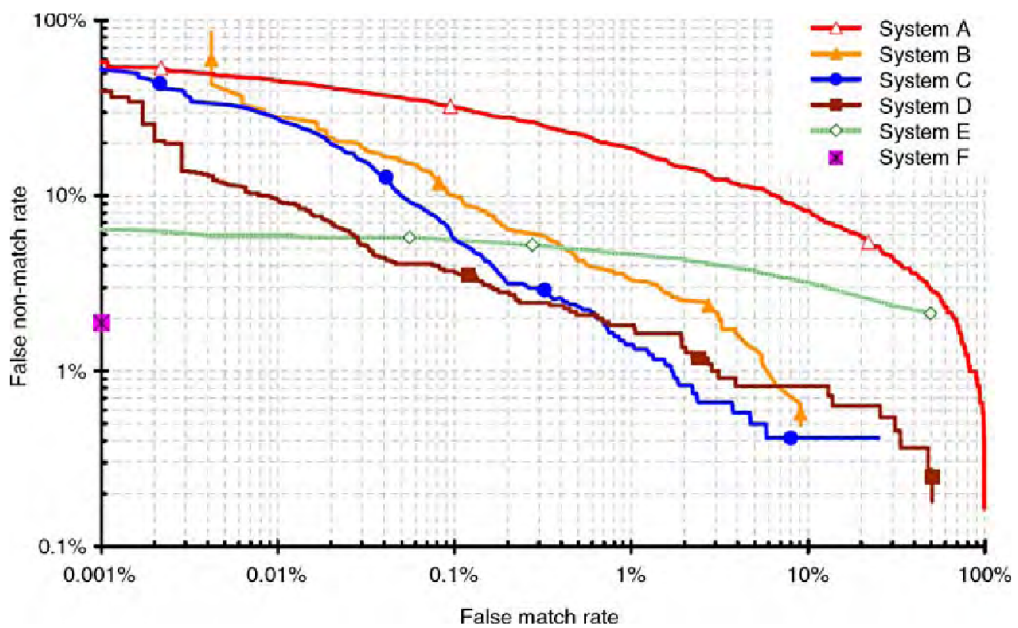
- Existuje tiež:

- * zeroFMR je dolná hranica FNMR, čiže $FMR = 0$.
- * zeroFNMR je dolná hranica FMR, čiže $FNMR = 0$.
- * FMR100 je najmenšia FNMR pre $FMR = 1\%$.
- * FMR1000 je najmenšia FNMR pre $FMR = 0,1\%$.

Za štandard v hodnotení kvalít biometrických systémov a ich grafické zobrazenie sú v súčasnosti považované ROC a DET krivky. ROC krivka (Receiver Operating Characteristic) je grafické zobrazenie výkonu klasifikovania v rôznych podmienkach. Na zvislej ose je počet



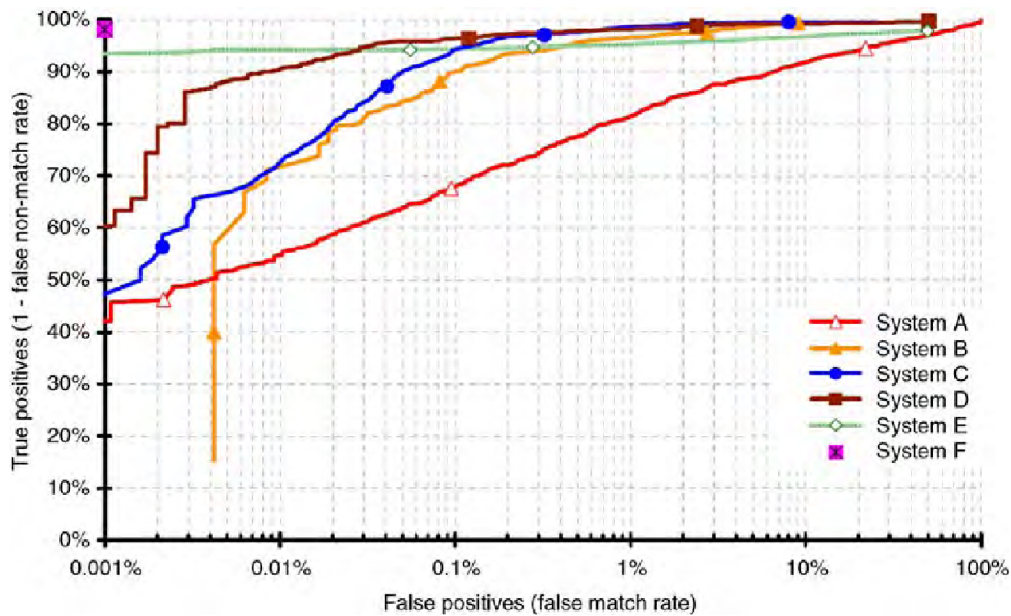
Obr. 2.2: Závislosti ERR, ZeroFMR a ZeroFNMR [2].



Obr. 2.3: Ukážka DET krivky [2].

správne prijatých ($1 - \text{FNMR}$) a na vodorovnej ose počet nesprávne odmietnutých (FMR) pre zobrazenie výkonnosti porovnávacieho algoritmu [2]. Ekvivalentom k ROC je DET krivka (Detection Error Tradeoff) (Obrázok 2.3, 2.4).

Podľa dosahovanej FAR je možné ešte rozdeliť biometrické systémy do bezpečnostných tried (Tabuľka 2.3).



Obr. 2.4: Ukážka ROC krivky [1].

Bezpečnostná trieda	Horná hranica ($\sigma + \text{FAR}$) [%]	σ [%]	FAR [%]	n_T
Nízka	15	5	10	138
	10	2	8	707
	5	1	4	1475
Stredná	4,9	0,9	4	1821
	3,6	0,6	3	3105
	2,5	0,5	2	3012
Vysoká	1,9	0,4	1,5	3547
	1,5	0,5	1	1521
Veľmi vysoká	1	0,3	0,7	2967
	1	0,2	0,8	7622
	0,5	0,1	0,4	15305
	0,3	0,1	0,2	30671

Tabuľka 2.3: Parametre σ , FAR a n_T pre rôzne bezpečnostné triedy [1].

2.1.2 Testovanie výkonu biometrického systému

V tejto časti si rozoberieme spôsoby testovania biometrických systémov. Ohodnotenie výkonu systému, metódy alebo algoritmu nám stanoví kvalitu technológie, resp. nám pomôže pri výbere vhodnej biometrickej technológie, ktorá najlepšie vyhovuje našim požiadavkám. Samotnej príprave testovanie (zahrňuje testovaciu databázu, vyhodnocovacie protokoly a iné) je treba venovať veľkú pozornosť, pretože inak by to mohlo viesť ku skreslenému záveru a výsledku. V poslednom období vzniklo a bolo prezentovaných veľké množstvo biometrick-

ých technológií s občas až veľmi pozoruhodnými výsledkami. Avšak porovnávať tieto technológie len podľa prezentovaných výsledkov je zložité, čo viedlo k zavedeniu štandardizácie v oblasti testovania biometrických systémov. Štandardy pre testovanie technického výkonu biometrických systémov sú definované dokumentom ISO/IEC 19795-1 [2]. Pre samotného užívateľa je okrem presnosti veľmi dôležitá aj rýchlosť samotného systému, tj. napr. rýchlosť registrácie, rýchlosť odpovede a iné.

Vyhodnocovacie protokoly stanovujú ako testovať systém, navrhnúť dátové sady a merať výkonnosť. Pri publikovaní výsledkov testu je nutné doplniť vyhodnocovací protokol, testovacie metódy a dátové sady, aby bolo možné zopakovať test nezávislými odborníkmi. Samotné testovanie rozdeľujú test výkonnosti na 3 časti [2]:

1. vyhodnotenie algoritmu (Algorithm Evaluation) – odhaľuje najlepšiu technológiu alebo prístup s najväčším prínosom do budúcnosti. Väčšinou sa využíva rovnaká dátová množina k porovnaniu výkonu rôznych algoritmov, pričom hlavným kritériom je presnosť.
2. vyhodnotenie scenára (Scenario Evaluation) – ohodnocuje vyspelosť systému v požadovaných podmienkach pre triedu aplikácií. Testovacie podmienky sú, čo najviac prispôbené tým požadovaným, v ktorých má byť systém nasadený. Hlavným kritériom je presnosť a použiteľnosť (tj. rýchlosť odozvy, priechodnosť, rozšíriteľnosť).
3. prevádzkové vyhodnotenie (Operational Evaluation) – vyhodnocovanie systému v praxi. Hlavným cieľom je rozhodnúť, či systém vyhovuje požiadavkám konkrétneho nasadenia. Vyhodnocovacie kritéria sú zhodné s predošlým bodom.

Ďalej tiež stanovujú proces konfigurácie a kalibrácie systému, zber dát a dokumentovanie výsledkov tak, aby bolo možné opakovane vyhodnocovať systém v laboratórnom i skutočnom prostredí a zároveň porovnávať rôzne biometrické systémy navzájom. Prípadne odhadnúť výkonnosť systému v budúcnosti s narastajúcim počtom transakcií a záznamov databázy.

Dôležitou časťou testovania sú testovacie dáta, ich správny výber a množstvo. K zisteniu potrebného počtu testovacích dát je možné použiť tieto pravidlá [2, 4]:

1. "Rule of 3"? odpovedá na otázku: "Aká je najmenšia chybová miera, ktorá môže byť štatisticky stanovená na základe N porovnaní?". Táto hodnota je chybovou mierou p , pre ktorú je pravdepodobnosť nulovej chyby v N pokusoch, 5%. Z toho potom $p \simeq 3/N$ pre 95% istotu.
2. "Rule of 30"? K istote 90%, že skutočná chybová miera je v rozsahu $\pm 30\%$ zistenej chybovej miery, musí sa vyskytnúť aspoň 30 chýb.

2.1.3 Bezpečnosť biometrického systému

Jednou z aplikácií biometrických systémov v praxi je zabezpečovanie majetku a chránený (kontrolovaný) prístup do budov. Z tohto dôvodu sú potenciálnym cieľom útoku zškodníka. Existuje niekoľko druhov atakov na biometrický systém, resp. na niektorú jeho časť, ktoré si v tejto podkapitole stručne rozoberieme a doplníme i vhodnú ochranu proti konkrétnym útokom.

Existuje niekoľko druhov útokov:

1. Aktívny podvrh – použite pozmeneného, simulovaného alebo replikovaného biometrického vzoru s úmyslom predstierať totožnosť oprávnenej osoby.

2. Pasívny podvrh – k verifikovaniu inej osoby použije svoju vlastnú biometrickú vlastnosť.
3. Hill-Climbing Attack – útok založený na generovaní umelých dát vkladanych do systému a po analyzovaní odpovede, sa dáta upravujú. Toto sa rekurzívne opakuje, kým sa nedosiahne požadovaného výsledku. Možnosť využitia ku generovaniu syntetických vzoriek.
4. Replay Attack – útočník zaznamenáva úspešné autentifikácie od legitímneho užívateľa. Získané dáta využije k falošnému prihláseniu do systému.
5. Zero Effort Forgery (Útok s nulovou námahou) – útočník predstiera identitu oprávneného užívateľa a použije svoj vlastný biometrický vzor.

Biometrický systém obsahuje niekoľko potenciálne zraniteľných miest (Obrázok 2.5) [1, 2, 5]:

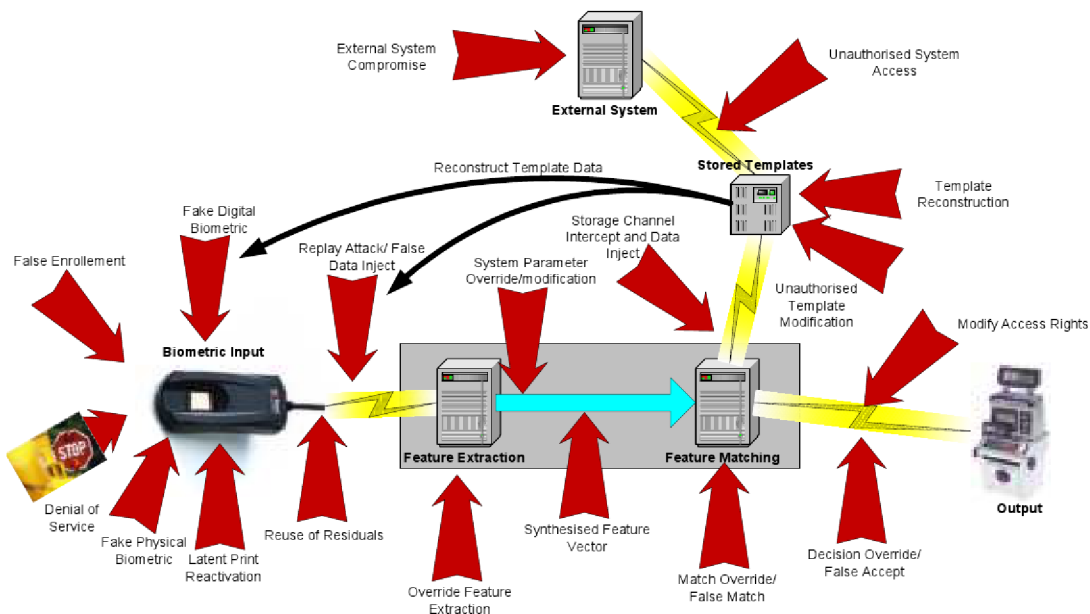
1. senzor – pravý užívateľ poskytne svoj biometrický vzor vedome alebo nevedome záškodníkovi. Záškodník podvrhne biometrickú vlastnosť (umelý prst, útok s nulovou snahou).
2. senzor/extrakcia – komunikácia medzi senzorom a extraktorom, hill-climbing, repeat attack, replikácia starých dát.
3. extrakcia - modifikácia extraktora.
4. extrakcia/porovnávací jednotka – komunikácia medzi extraktorom a porovnávacou jednotkou je modifikovaná (syntetický vektor čít).
5. porovnávací jednotka – zmena výsledku porovnania.
6. databáza – registrácia neautorizovaného užívateľa, podvrh a zmena šablóny.
7. databáza/porovnávací jednotka – blokovanie alebo zmena komunikácie medzi databázou a porovnávacou jednotkou.
8. podvrh výsledku – v prípade, ak je možné zmeniť finálne rozhodnutie, sebe lepší porovnávací algoritmus, extraktor a šablónovací systém je úplne zbytočný.

Pri zvažovaní rizík a slabých miest biometrických systémov, okrem už hore uvedených, treba brať do úvahy existenciu obranných mechanizmov ako autodiagnostika a zabezpečenie proti zlyhaniu známe aj z iných IT zariadení. K obrane proti použitiu syntetických vzorkou slúži test životnosti. K zvýšeniu robustnosti, spoľahlivosti a zníženiu náchylnosti k útoku sa využíva kombinácia viacerých biometrických vlastností (napr.: rozpoznávanie tváre a dúhovky) alebo viac príznakov jednej vlastnosti (napr.: statické a dynamické vlastnosti podpisu). Takýmto systémom sa hovorí multimodálne [2].

2.1.4 Typy biometrických systémov a ich vlastnosti

Vo všeobecnosti delíme biometrické systémy podľa používanej biometrickej vlastnosti na [7]:

- Založené na anatómií (statické)



Obr. 2.5: Zraniteľné miesta biometrického systému [6].

- otláčok prsta, dúhovka, sietnica, tvár, tvar ruky, tvar ucha, žily, DNA a iné
- Založené na správaní (dynamické)
 - podpis, hlas, rukopis, dynamika stláčania kláves, chôdza, gestikulácia a iné.

Podľa počtu biometrických vlastností sa ďalej delia na unimodálne a multimodálne. Pri výbere vhodného zabezpečovacieho biometrického zariadenia by sa mal zákazník (budúci užívateľ) rozhodovať podľa vlastností ako presnosť, priepustnosť, cena, bezpečnosť, rýchlosť, súkromnosť a použiteľnosť [2]. Taktiež hygienické aspekty zariadenia sú veľmi dôležité. V tomto prípade majú bezkontaktné metódy (žily prsta) výhodu pred kontaktnými (otlačok prsta).

V súčasnosti medzi najviac používané techniky sú snímanie otláčkov prsta a dúhovky. Avšak v poslednej dobe sa im začala vyrovnávať technika snímaní žíl. Medzi jej výhody patrí (a) bezkontaktnosť, čím sa vyhneme hygienickým problémom, (b) žily je možné detegovať len v živom tele, čím odpadá test živosti, (c) vzor žíl je voľným okom na bežnom svetle neviditeľný čo prispieva k bezpečnosti. Tieto vlastnosti predurčujú techniky rozpoznávania podľa žíl k vysoko bezpečným [7].

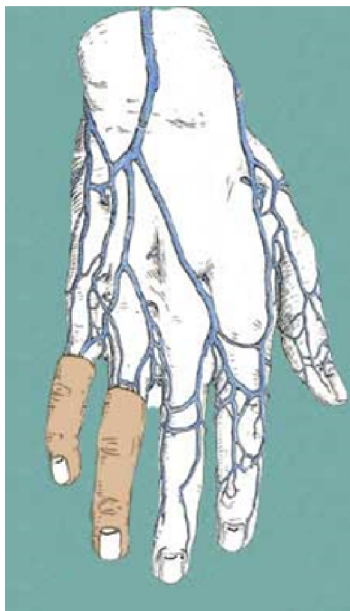
2.2 Rozpoznávanie podľa žíl

Skôr ako si bližšie popíšeme biometrické systémy rozpoznávajúce podľa žíl, ujasníme si niekoľko biologických informácií týkajúcich sa anatómie a žíl v ľudskej ruke.

2.2.1 Žily

Krvné riečisko je súčasťou srdcovo-cievneho obehového systému ľudskeho tela. Spolu so srdcom zabezpečuje zásobovanie všetkých častí tela krvou. Skladá sa z krvných ciev, ktoré tvoria periférny a uzavretý systém rúrok. Cievy sa podľa funkcie delia na [8]:

1. tepny (artérie) – vedú okysličenú krv (okrem tepny vedúcej z pravej komory srdca do pľúc).
2. žily (vény) – vedú odkysličenú krv (pľúcne žily však vedú okysličenú).
3. vlásočnice (kapiláry) – slúži k výmene dýchacích plynov v tkanivách.



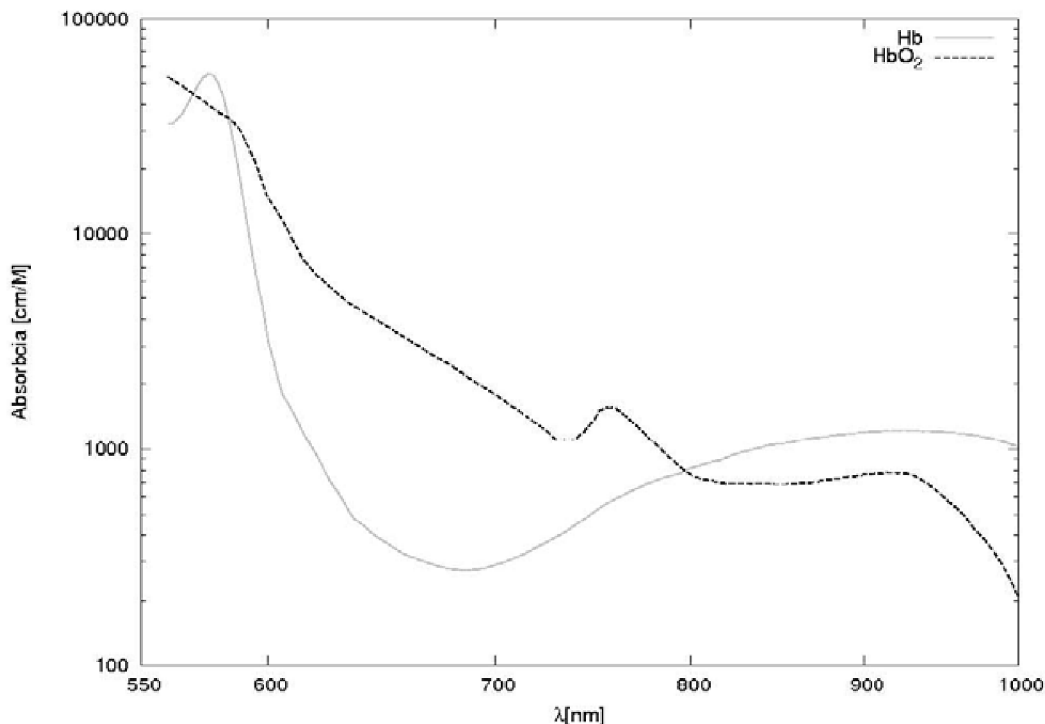
Obr. 2.6: Žily v ruke [9].

V ľudskej ruke je sústava ciev, mnohé z nich sú len niekoľko milimetrov pod kožou. V ďalšom texte ich budeme nazývať skôr žilami (biometria neberie tento pojem tak ako medicína) a neskôr aj vysvetlíme dôvod. Použitím neinvasívnych a bezpečných obrazových techník je možné zachytiť obraz väčších ciev nízko pod kožou v rôznych častiach ruky (dlaň, chrbát ruky, prst). Táto žilná štruktúra je väčšinou ľudskému oku neviditeľná a vzor vytváraný prepojením žíl je rozdielny medzi jednotlivými jedincami, dokonca i u identických dvojčiat. Pozorovaním sa tiež zistilo, že vzor vytváraný žilným riečiskom je dlhodobo nemenný. Podobne ako pri otlakoch prstov je predpovedateľný ich rast. Ich skrytie pod kožou, čo ich robí neviditeľnými pred ľudským okom, zvyšuje bezpečnosť žilného vzoru a náročnosť jeho skopírovania a zneužitia. Z tohto dôvodu môže byť táto vlastnosť využitá ako fyzický anatomický rys v biometrii.

Krvné riečisko je možné vidieť vďaka hemoglobínu obsiahnutého v krvi. Je červené krvné farbivo, ktoré je obsiahnuté v červených krvinkách. Ma schopnosť viazať molekulárny kyslík za vzniku oxyhemoglobínu (HbO_2). Po uvoľnení (napr. vo svaloch) sa z neho stáva (redukovaný) hemoglobín (Hb). Krv obsahuje ešte dve modulácie (karboxyhemoglobín (HbCO) a methemoglobin (MetHb), ale tie sú v malej koncentrácii, tak ich môžeme zanedbať. Oxyhemoglobín a (redukovaný) hemoglobín majú rozdielne absorpčné spektrá. To znamená, že pri rôznej vlnovej dĺžke majú rozdielnu intenzitu absorpcie žiarenia (Obrázok 2.7) [10].

Zväčša sú využívané dve metódy k zachyteniu žilnej štruktúry pod kožou (Obrázok 2.8) [2]:

- využitie ďalekého infračerveného FIR žiarenia (Far Infrared Thermography) – zachytáva vyžarované teplo z ruky a žíl.



Obr. 2.7: Absorpcia žiarenia krvou [10].

- využitie blízkeho infračerveného NIR žiarenia (Near Infrared Imaging) – zachytáva infračervené svetlo prepúšťané od ruky osvetlenej infračerveným svetlom.

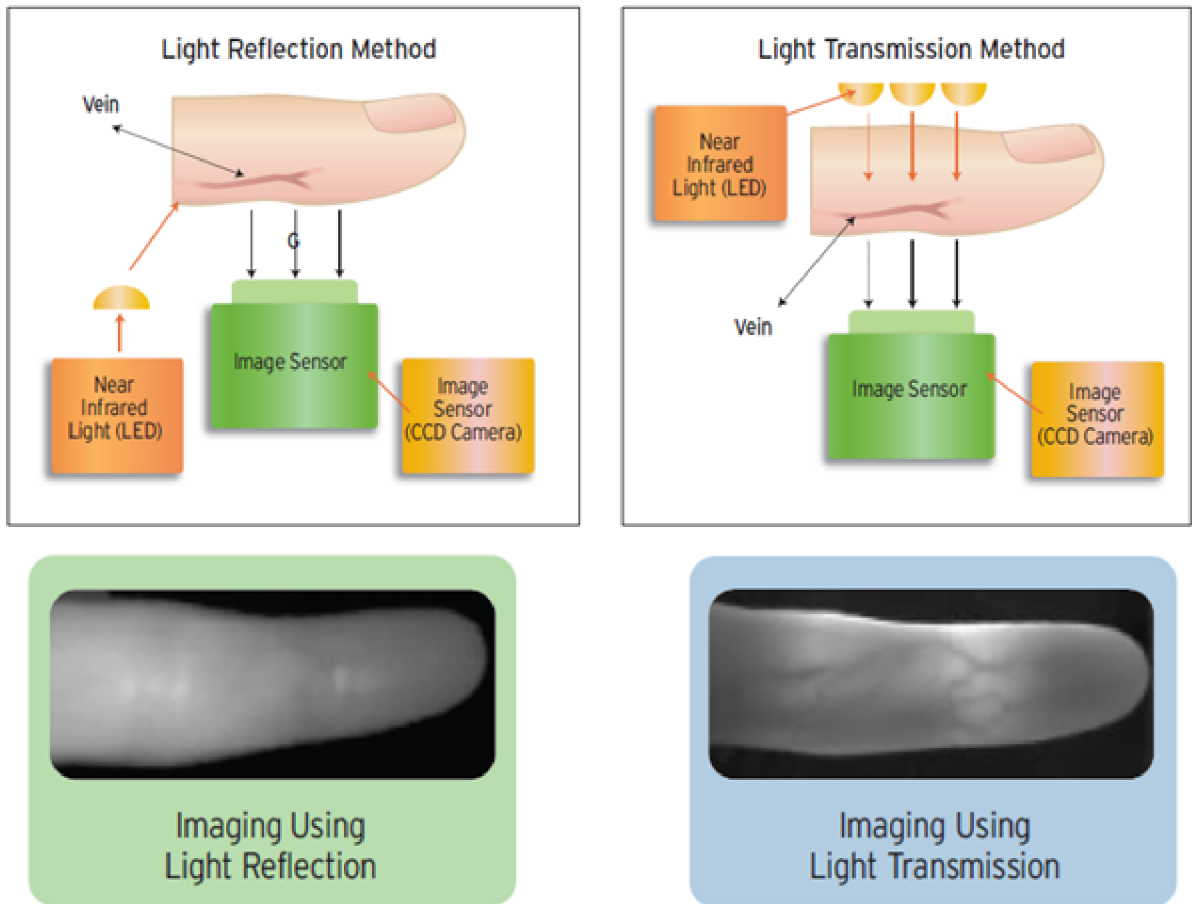
Odrazené alebo transmitované žiarenie je snímané pomocou CCD (Charge-Coupled Device) kamerou.

Tiež existuje možnosť zachytávania žilného riečiska pomocou röntgenového žiarenia, pri ktorom sa osobe vstrekuje do žíl kontrastná látka. Pri tejto metóde sa získava vysokokvalitný obraz žíl, ale metóda je invazívna a opakované vystavovanie röntgenovému žiareniu je zdraviu škodlivé. My sa ďalej budeme zaoberať metódami využívajúcimi infračervené svetlo, ktoré sú neinvazívne a cenovo dostupné.

Využitie NIR resp. FIR má svoje nedostatky. FIR metóda pasívne zachytáva vyžarované teplo z ruky, dokáže zväčša zachytiť len veľké žily, v ktorých je pomerne málo biometrických informácií. Taktiež je dosť citlivá na vonkajšie podmienky – pri vysokých teplotách sa rozdiel teploty medzi pokožkou a žilami znižuje, čím sa znižuje detekčná schopnosť. Naproti tomu NIR metóda je oveľa viac tolerantná k vplyvu vonkajších faktorov a tiež dokáže zachytiť aj menšie žily. Žily sú v zachytenom obraze pozorovateľné ako tmavšie miesta. Je tomu vďaka schopnosti hemoglobínu pohlcovať NIR žiarenie viac ako väzivá v okolí [2].

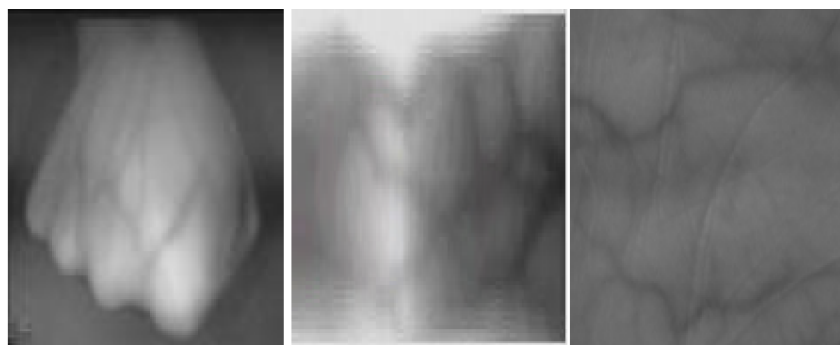
Ale pri metóde s NIR svetlom sa zistilo, že pri jedincoch so studenými rukami je problém so zachytením žilnej štruktúry [12]. Napriek tomu tento nedostatok prináša so sebou výhodu “vstavaného testovania živosti”, to znamená, že senzor zachytí žily len u živých osôb, čo má ďalší prínos k bezpečnosti.

Žily rozpoznávací techniky možno rozdeliť do troch kategórií podľa polohy snímaných žíl na žily dlane, chrbta ruky a prsta (Obrázok 2.9). Všetky tri metódy sú využiteľné v osobnej autentifikácii a identifikácii. A zatiaľ sa nepotvrdilo, že by jedna z nich prevyšovala zvyšné, jedine len zariadenie na rozpoznávanie žíl v prste môže mať relatívne menšie rozmery



Obr. 2.8: Ukážka FIR (vľavo) a NIR (vpravo) technológie [11].

[7].



Obr. 2.9: Ukážka zachytenia žíl na chrbte ruky, v prste a dlani [7].

2.2.2 Žily v prstoch

Žily v prste vytvárajú vzor, pomocou ktorého je možné autentifikovať ľudí. Pod NIR svetlom sme schopný zachytiť žily s priemerom 0,3 – 1mm a najčastejšie k tomu využívajú žily

v 3 prstoch ruky – ukazovák, prostredník, prstenník. Ako bolo spomínané, žily je možné pozorovať vďaka pohlcovaniu NIR svetla hemoglobínom, ktorý sa nachádza v červených krvinkách prúdiacich cievami (žilami i tepnami). Avšak priemer tepien je asi 1/3 priemeru žíl, preto je väčšina zobrazených ciev považovaná za žily – z toho to pomenovanie “rozpoznávanie podľa žíl” [2, 7].

Vlastnosti žíl, ktoré ich predurčujú k využitiu v biometrii [2]:

- Univerzálnosť – cievny systém je nevyhnutný pre zásobovanie buniek v tele kyslíkom a živinami. Z medicíny je známym faktom, že žily priemeru cca 0,3 – 1mm sa nachádzajú pod kožou a má ich každý človek.
- Jedinečnosť – vzor vytváraný sieťou žíl, je ovplyvňovaný rôznymi faktormi, ale nie je deterministický.
- Trvácnosť – vzor krvného riečiska sa formuje počas plodového vývinu jedinca. A počas života jedinca je relatívne stály, kvôli vzájomnému pôsobeniu buniek ciev a okolitého tkaniva. Taktiež je tu v cievach neustály kolobek krvi (obsahujúcej červené krvinky s hemoglobínom potrebného k zobrazovaniu).
- Rasové/etnické rozdiely – žiadne nie sú známe.

Všetky tieto vlastnosti boli potvrdené alebo vychádzajú z vedeckých výskumov. Firmy Central Research Laboratory, Hitachi, Ltd. a Hitachi-Omron Terminal Solutions organizovali niekoľko vedeckých stretnutí, ktorých sa zúčastnili medicínsky odborníci. Vďaka čomu sa došlo k hore uvedeným vlastnostiam žíl a ich využitiu k rozpoznávaniu osôb.

Dnes je rozpoznávanie podľa žíl v prstoch považované za jednu z najhodnovernejších a najbezpečnejších rozpoznávacích rysov. Preto je aplikovaná v rôznych bezpečnostných systémoch [2] (napríklad v bankomatoch – viď obrázok 2.10).



Obr. 2.10: Bankomat so zabudovaným snímačom žíl v prste [2].

2.2.3 Porovnanie techniky žíl s inými biometrickými metódami

Medzi významné vlastnosti techniky rozpoznávania podľa žíl, ktoré túto techniku odlišujú od iných biometrií, sú [11]:

- Odolnosť voči odcudzeniu – biometrická informácia je schovaná pod pokožkou, tým sa znižuje možnosť použitia falzifikátu alebo ukradnutia.
- Vysoká presnosť – FRR < 0,01%, FAR < 0.0001%, FTE = 0%.
- Jedinečnosť a stálosť – odlišné i pri identických dvojčatách a vekom sa nemení.
- Bezdotykovosť – použitie NIR žiarenia je neinvazívne.
- Jednoduchosť extrakcie informácie – vzor žíl je stály a ľahko zachytiteľný a umožňuje aj použitie kamier s nízkym rozlíšením.
- Veľká rýchlosť autentifikácie – verifikácia zaberie menej ako 1 sekundu.

Túto technológiu je možné využiť aj v kombinácii s iným biometriami k vytvoreniu multimodálneho systému. Napr.: spojenie žíl prsta a geometrie prsta [13], vzoru vytvoreného zakrivením pokožky vrchu prsta [14].

Biometriky	Bezpečnosť		Rýchlosť	Registrácia	Komfort		
	Ochrana pred zneužitím	Presnosť			Odolnosť	Cena	Rozmery
Otlačok prsta	zlá	normálna	normálna	zlá	zlá	dobrá	dobrá
Dúhovka	normálna	dobrá	normálna	normálna	zlá	zlá	zlá
Tvár	normálna	zlá	normálna	normálna	dobrá	zlá	zlá
Hlas	normálna	zlá	normálna	normálna	dobrá	normálna	normálna
Žily	dobrá	dobrá	dobrá	normálna	normálna	normálna	normálna

Tabuľka 2.4: Porovnanie niektorých biometrických metód [13].

Tabuľka 2.4 obsahuje porovnateľné výhody/nevýhody hlavných biometrických metód. Napr.: otlačky prstov sú známe širokou aplikovateľnosťou vďaka malým rozmerom zariadenia, naproti tomu sú náchylné na ľahké odcudzenie a tiež má problémy s nasnímaním (hlavne u starších ľudí). Dúhovka má nízku mieru chyby pri autentifikácii, ale dopláca na psychologické pocity ľudí nechať si svietiť priame svetlo do oka. Dôležitá je aj presná pozícia oka. Taktiež vybavovacia cena je vyššia oproti ostatným zariadeniam. Rozpoznávanie podľa tváre a hlasu je pre ľudí najprirodzenejším spôsobom identifikácie, ale ich presnosť je obmedzená. Zatiaľ, čo rozpoznávanie pomocou žíl ponúka vysokú presnosť, spolu s vysokou náročnosťou sfaľšovania a jednoduchosťou použitia. Vytváranosť výhod nadraduje túto technológiu nad ostatnými biometriami [15].

Jednoduchosť použitia	žily	>	otlačky prsta
Rýchlosť použitia	žily	>	otlačky prsta
Bezpečnosť	žily	=	otlačky prsta
Stresovosť	žily	>	otlačky prsta
Preferovanosť	žily	>	otlačky prsta
Ochota používať	žily	>	otlačky prsta

Tabuľka 2.5: Porovnanie názorov respondentov na systémy založené na žilách a otlačkoch prstov [16].

Podľa [16] bol vykonaný výskum v Spojenom kráľovstve s cieľom porovnať technológiu otlačkov prstov a žíl v prstoch, kde používateľmi boli starí ľudia (vekový priemer 65,7 roka).

Ďalším bodom výskumu bolo zistiť ako starí ľudia prijímajú biometrickú technológiu. Záver vyplývajúci z toho celého je, že biometrické systémy založené na žilách sú preferovanejšie touto demografickou skupinou obyvateľstva (Tab. 2.5).

Kapitola 3

Stávajúce metódy

Biometricky algoritmus je softvérová množina k overeniu totožnosti osoby pomocou biometrickej vlastnosti získanej z nejakého vzorku (žily, otláčok prsta, DNA). Algoritmus sa delí na časti extrakcie vlastností, porovnávanie šablón a prípadne klasifikácia šablón [2]. Tieto časti a niektoré používané postupy si bližšie priblížime v nasledujúcich podkapitolách.

3.1 Extrakcia

Získavanie biometrických črt z obrazu je hlavnou časťou systému, pri ktorej sa zdrojový obraz vzorky mení na zmysluplné biometrické dáta. Extrakcia dát sa vykonáva pri registrácii užívateľa do systému aj pri overovaní totožnosti užívateľa v systéme. Pri registrácii sú extrahované dáta použité k vytvoreniu šablóny, ktorá je asociovaná s užívateľovým menom alebo ID a uložená v databázy. Pri autentizácii sa extrahované dáta použijú ako vstup pre porovnávací algoritmus s preregistrovanými uloženými dátami v šablónach v databázy. Výber charakteristických črt závisí od konkrétneho extrakčného algoritmu a medzi rôznymi systémami a výrobcami sa môže líšiť. A často sú tieto postupy patentované a verejne nedostupné [2]. Pred samotnou extrakciou sa na obraz zo snímača aplikujú rôzne filtre za účelom odstrániť prípadný šum, nájdenie, vyznačenie a stenčenie žíl. Od kvality extrahovaných dát silno závisí výsledok porovnávacieho algoritmu. Musí byť robustný a vysporiadať sa s rôznym priestorovým rotovaním vstupného vzoru, zmenou osvetlenia alebo prípadne zníženým počtom charakteristických črt (napr.: aj ten istý vzor zachytený v rôznych časových obdobiach môže po extrakcii dať čiastočne odlišné dáta) [4].

V metódach od [13, 17, 18] si zvolili za extrahované charakteristické črty miesta rozdvojenia žíl a ukončenia (podobne ako pri otláčkoch prstov – bifurkácia, ukončenie). Po aplikovaní matice 3×3 , ktorou sa vyhľadali tieto markanty, získali výsledný obraz vyznačenými pozíciami týchto markantov. Jednotlivé prístupy sa líšia len v predspracovaní vstupného obrazu a stenčovaní žíl. Tieto metódy sú vhodné pre žily dlane a chrbta ruky, kde je štruktúra krvného riečiska bohatšia a tým aj väčší počet charakteristických črt. V prípade prstov, sa preto javí vhodnejšie brať do úvahy celý priebeh žíl a nielen bifurkácie a zakončenia [19]. V tomto prístupe odpadá stenčovanie krvného riečiska. Niektoré vybrané metódy porovnávanie a ich vlastnosti sú uvedené v tabuľke 3.1.

3.1.1 Porovnávanie

Podľa zvoleného spôsobu extrakcie dát sa dajú rozlíšiť dve metódy porovnávanie žíl. A to štruktúrne porovnávanie, kde sa porovnávajú sady bodov (bifurkácie a ukončenia). Tieto

Metóda	Žily	Počet obrazov	Veľkosť databáze		Ukazovatele výkonnosti
			Počet ľudí	Počet vzorov na človeka	
Im et al. (2001)	chrbát ruky	5000	-	-	FAR=0,001%, Reliability=99,45%
Kono et al. (2002)	ľavý malíček	1356	678 (479 mužov, 199 žien)	2	FAR=0,000035%-0,043%, FRR=0,1%
Lin and Fan (2004)	chrbát ruky	960	32 (29 mužov, 3 ženy)	30	FAR=2,3%, FRR=2,3%
Miura et al. (2004)	malíček	678	339 (70% mužov, 30% žien)	2	EER=0,145%
Zhang et al. (2007)	dlaň	144	24	6	recognition rate=98,8%, FAR=5,5%
Wang et al. (2008a)	chrbát ruky	820	82	10	FAR=0,46%, FRR=5,08%, EER=1,96%
Wang et al. (2008b)	chrbát ruky	141	47 (dospelí čínskeho, indského a kaukazského pôvodu)	3	EER=0%
Wanatabe (2008)	dlaň	150000	75000	2	FAR<0,00008%, FRR=0,01%
Kurnar et al. (2009)	chrbát ruky	300	100 (81 mužov, 19 žien)	3	FAR=1,14%, FRR=1,14%
Lee et al. (2009)	ukazovák, prostredník, prstenník, malíček	6400	80	80 (10 pre každý prst oboch rúk okrem palca)	EER=0,76%
Wu et al. (2009)	prostredník	250	25	10	Identification rate>99,2%
Crisan et al. (2010)	chrbát ruky	612	306	2	FAR=0,012%, FRR=1,03%
Liu et al. (2010)	prostredník	11480	164	70	Identification rate=97,8%, verification EER=0,8%

Tabuľka 3.1: Vlastnosti niektorých typických rozpoznávacích metód využívajúcich žily [4].

metódy vychádzajú s tých používaných pri otlakoch prstov, aj keď preferujú viac geometrickú informáciu pred štatistickou, kvôli menšiemu počtu charakteristických črt. Potom je šablóna reprezentovaná množinou bodov v dvojrozmernom priestore [17]. K porovnávaniu týchto šablón sa často používa výpočet modifikovanej Hausdorffovej vzdialenosti [13, 14, 17], ktorá je oproti originálnej Hausdorffovej vzdialenosti menej citlivá na malé odchýlky v pozícii bodov. Výhodou je, že nevyžaduje poznať korešpondujúce body medzi oboma množinami bodov. Je definovaná vzťahom:

$$d(X, Y) = \frac{1}{N_x} \sum_{x_i \in X} \min_{y_i \in Y} \|x_i - y_i\|. \quad (3.1)$$

A čím menšiu hodnotu dáva, tým sú si množiny bodov viac podobné. Jej vlastnosti sú: 1) jej hodnota rastie monotónne, tak ako rastie veľkosť rozdielu medzi bodmi oboch množín. 2) je odolná voči okrajovým bodom, ktoré mohli vzniknúť šumom. V experimente s modifikovanou Hausdorffovou vzdialenosťou bola dosiahnutá chyba EER = 0,761% [17].

V inej experimentálnej aplikácii dosiahli chyby EER = 1,1% a v spojení s geometriou prsta EER = 0,73% [13].

Druhou možnosťou je porovnávanie šablón založené na porovnávaní jednotlivých pixelov. Problémom týchto techník porovnávania vzorov je nutnosť presného zarovnania oboch šablón a citlivosť na rôzne priestorové deformácie (pootočené okolo osy, skosenie, posuv). Tento nedostatok je možné odstrániť vymazaním malých žíl (napr.: menších ako 3 pixle) a zmenšením obrazu vzorkovaním (napr.: maticou 3×3). Výsledok porovnania je vyvedený z miery nezhody R_m stanovujúca koreláciu medzi dvoma množinami dát. $R(x, y)$ a $I(x, y)$ sú hodnoty na pozícii (x, y) registrovaného a vstupného vzoru, w a h sú šírka a výška oboch vzorov, c_h a c_w sú vzdialenosti, o ktoré sú navzájom vzory posunuté (horizontálne, vertikálne). Dáta šablóny sú potom určené štvoruholníkom $R(x, y)$, ktorého ľavá horná pozícia je $R(c_w, c_h)$ a pravá horná $R(w - c_w, h - c_h)$. Hodnota nezhody $N_m(s, t)$ je rozdiel medzi registrovaným a vstupným vzorom na pozícii $R(c_w, c_h)$ prekrýva s $I(s, t)$ a je definovaná nasledovne:

$$N_m(s, t) = \sum_{y=0}^{h-2c_h-1} \sum_{x=0}^{w-2c_w-1} \{\phi(I(s+x, t+y), R((c_w+x, c_h+y)))\}, \quad (3.2)$$

kde ϕ je funkcia definujúca, či prekrývajúce pixely (P_1, P_2) sú pozadie, alebo žila.

$$\phi(P_1, P_2) = \begin{cases} 1 & \text{if } |P_1 - P_2| = 255 \\ 0 & \text{otherwise.} \end{cases} \quad (3.3)$$

Minimálna nezhoda N_m pod podmienkou, že porovnávané dáta sa prekrývajú na všetkých pozíciách, je definovaná ako:

$$N_m = \min_{0 \leq s \leq 2c_w, 0 \leq t \leq 2c_h} N_m(s, t). \quad (3.4)$$

Výpočtom miery nezhody sa stanoví, či dané dve množiny vzájomne korelujú, alebo nie. Je definovaná ako:

$$R_m = N_m / \left\{ \sum_{j=t_0}^{t_0+h-2c_h-1} \sum_{j=s_0}^{s_0+w-2c_w-1} \phi(I(i, j), 0) + \sum_{j=c_h}^{h-c_h-1} \sum_{i=s_w}^{w-c_w-1} \phi(0, R(i, j)) \right\}. \quad (3.5)$$

Pri experimentoch s týmto postupom dosiahli chybu EER = 0,145%, tohto dobrého výsledku bolo dosiahnuté kvalitným predspracovaním obrazu a vyextrahovaním žilného vzoru pomocou viacnásobného line trackingu [19].

Pre úplnosť uvedme ešte diplomovú prácu [20], ktorá sa venovala rovnakej téme, ale bola viac zameraná na predspracovanie vstupného obrazu. Obsahuje tiež algoritmus porovnávania. Stenčenie línií prebieha po riadkoch, čím dôjde k prerušeniu pôvodne plynulých vzorov žíl pri rozvetvovaní a horizontálnych žíl. Porovnávací algoritmus je založený na porovnávaní rozdielu vzdialenosti x súradníc bodov žíl medzi susednými žilami. Tento prístup nevyžaduje horizontálne zarovnanie. Pri teste sa dosiahlo výsledkov FAR = 0,086% a FRR = 9,17%.

3.2 Klasifikácia

Z počiatku sa mi nedarilo nájsť konkrétne riešenie klasifikácie vzorkou žilnej štruktúry či už prsta, dlane, alebo chrbta ruky. Predpokladá sa využitie prístupov známych z iných biometrických systémov. Principiálne sa vyžívajú klasifikačné metódy s použitím strojového učenia

a umelej inteligencie. Najpoužívanějšími sú Bayesov parametrický klasifikátor, klasifikátor najbližšie suseda a klasifikátor najmenej vzdialenosti [1]. Na koniec som objavil metódu identifikácie založenú na princípe LSH (locality sensitive hashing) [21].

Metóda	Žily	Velkosť databáze			Ukazovatele výkonnosti
		Počet obrazov	Počet ľudí	Počet vzorov na prst	
Tang et al. (2010)	prst	50700	5208	5	Identification rate = 98,4%, candidates = 200 (0,4%)

Tabuľka 3.2: Identifikačná metóda založena na na princípe LSH [21].

Kapitola 4

Rozbor a návrh nových metód

Na začiatok bude predstavené zariadenie, ktoré bude použité k snímaniu žíl v prste, a jeho funkcie, ktoré už ovláda, a z ktorých budem ďalej vychádzať pri rozširovaní funkčnosti. Následne v ďalších podkapitolách budú podrobne navrhnuté metódy verifikácie a identifikácie podľa žíl v prste, prípadne doplnené teoretické základy k využívaným princípom.

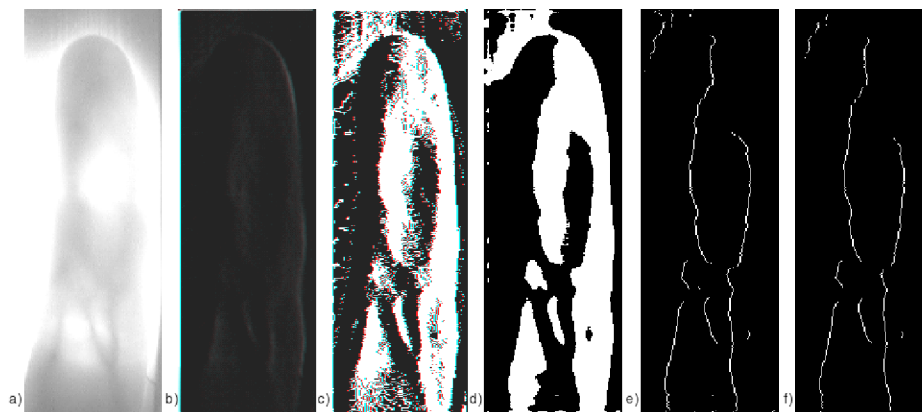
4.1 Snímacie zariadenie

Používané zariadenie je prvým prototypom pre snímanie vzoru krvného riečiska, jeho spracovanie a rozpoznanie. Skladá sa z osvetľovacej jednotky s infračervenými diódami (s odporúčenou vlnovou dĺžkou približne 900nm), digitálneho signálneho procesora (DSP) na predspracovanie, vylepšenie obrazu a nastavenie diód. Tiež obsahuje mikrokontroler na riadenie periférii a USB pripojenia a pamäť na uloženie zakódovanej šablóny. Celé zariadenie je zapuzdrené v obale a je pripojiteľné k PC cez USB port, cez ktorý je zároveň napájané. Kamera zachytáva obraz v rozlíšení 640×480 pixelov, ktorý je následne orezaný na 119×354 pixelov. Orežanie je len základne a nie moc presné s veľkou toleranciou. Presná pozícia prsta je určená v ďalšej fázy spracovania obrazu. Tento krok je len pre zníženie pamäťových nárokov pri ďalšej aplikácii filtrov na obraz (Obrázok 4.1), ktorá z bezpečnostných dôvodov prebieha v senzore. Po použití série filtrov v obraze zostane štruktúra žíl a vyznačenie polohy prsta. Detekovaná pozícia prsta je použitá k presnému orezaniu obrazu a vymaskovanie šumu na pozadí okolo prsta. Nastavenie parametrov jednotlivých filtrov je výrazne náchylné na propagáciu chyby a znehodnotenie výsledného vyfiltrovaného obrazu, preto musí byť citlivo nastavované [12].

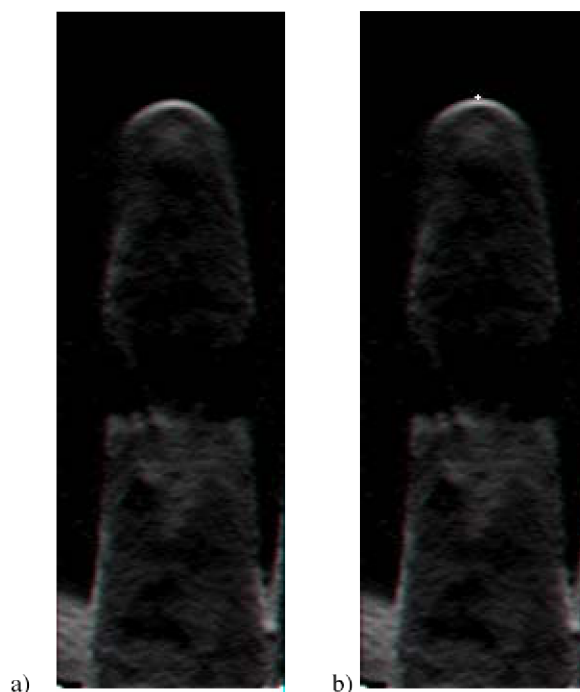
Sekvencia filtrov pozostáva z 5 blokov aplikujúcich filtre ako mediánový, zjemňujúci, konvolúcia a binarizácia (Obrázok 4.1). Určenie polohy prsta na snímku vyžaduje poznať špičku a kontúru prsta, k čomu sa využije Sobelov detektor hrán (Obrázok 4.2). Bližší popis filtrov, ich parametrov a postupu detekcie pozície prsta je dohľadateľný v článku [12].

4.2 Extrakcia a šablóna

Predspracovaním vstupného obrazu sa zistia prevažne len vertikálne žily (je to spojené s použitým detektorom hrán) [12]. Tento nedostatok by šlo odstrániť použitím vhodného algoritmu na stenčovanie resp. skeletonizáciu štruktúry krvného riečiska. Tým by sa mohlo zvýšiť množstvo informácie (entropiu) získateľné zo vzorku. Zachovali by sa tým aj bifurkácie, ale ako už bolo spomínané pred tým, množstvo charakteristických črt (bifurkácií,



Obr. 4.1: Postupné spracovanie obrazu žily v prste: a) originál, b) aplikovanie konvolúcie, c) prahovanie, d) mediánový filter, e) extrakcia žíl, f) vyfiltrovanie šumu [12].

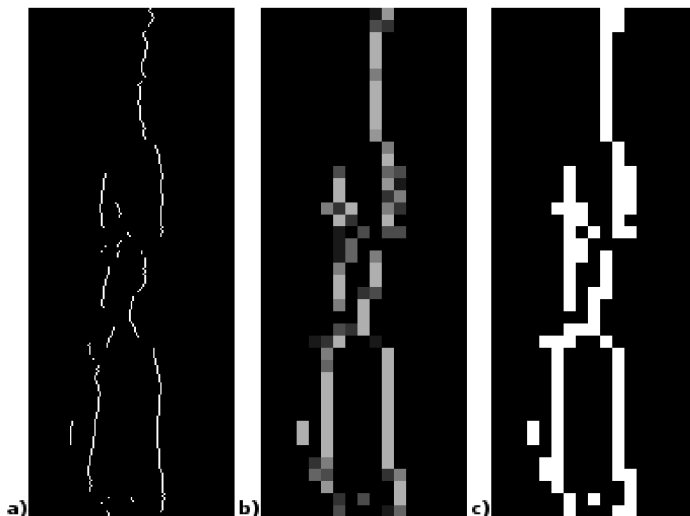


Obr. 4.2: Detekcia špičky prsta (vpravo) [12].

ukončení) je pomerne malé a nedostatočné k úspešnému porovnávaniu [17]. Preto budem vlastne extrahovať celú štruktúru žíl a vzorkovaním vytvorím šablónu.

Vstupný obraz rozdelím mriežkou na jednotlivé vzorky (Obrázok 4.3). Veľkosť vzorkovacieho okna stanovím pokusne tak, aby bola vysoká úspešnosť správneho porovnávania spolu s čo najmenším nutným množstvom uchováanej informácie. Pri veľmi veľkej vzorkovacej matici by mohlo dôjsť k spojeniu pozíčne blízkyh žíl. Nájdením optimálnej veľkosti by sa mohlo zvýšiť robustnosť voči drobným pootočeniam a posuvom prsta pri snímaní. Taktiež predpokladám, že vzorkovanie odstráni aj nepresnosti a šum vzniknutý predspracovaním obrazu a pomôže tak zvýšiť presnosť porovnávacej metódy. Rozmery vzorkovacej matice by nemuseli byť pre celý prst rovnaké, z anatomickej stavby prsta je možné vidieť, že smerom

k špičke sa počet žíl znižuje. Spresní sa tým miesto záujmu (ROI – Region of Interest), resp. jednotlivým miestam v prste sa tým dá väčšia, alebo menšia váha pri rozpoznávaní.



Obr. 4.3: Ilustračné znázornenie vytvorených šablón z obrazu stenčených žíl: a) originál, b) celočíselná šablóna (stupne šedej vyjadrujú počet žilových pixelov v okne), c) bitová šablóna (1 – biela, 0 – čierna).

Podľa toho, ako budem chápať obsah jednotlivých buniek mriežky, stanovujem dve reprezentácie šablóny. Prvou z nich je bitový vektor, ktorý bunky so žilou označuje hodnotou 1 a bez žily nulou. Druhým typom je celočíselný vektor, ktorý každú označuje počtom pixelov žíl v danej bunke (Obrázok 4.3). Za povšimnutie stojí, že celočíselná šablóna je ľahko prevoditeľná na bitovú. Taktiež je šablóna s malým vzorkovacím oknom prevzorkovateľná pomocou okna s väčším rozmerom, ktorý je násobkom rozmeru pôvodného okna.

4.3 Zarovnanie

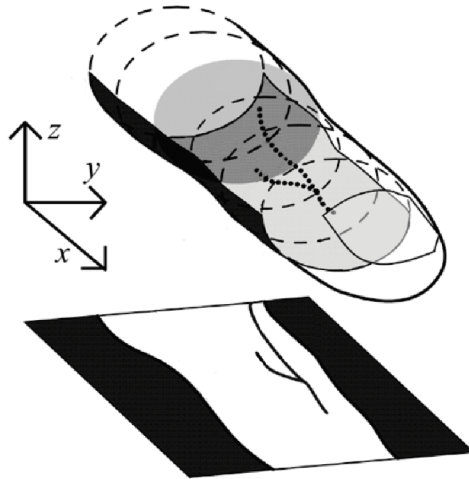
Veľkou slabinou reprezentácie extrahovaných príznakov v podobe šablón pri ich porovnávaní je ich poloha v tejto šablóne. Správna lokalizácia sledovanej vlastnosti v obraze je všeobecným problémom bezdotykových biometrických systémov. Navrhнем niekoľko postupov vzájomne zarovnať dve šablóny, aby ich prekryv bol maximálny.

Zo začiatku je nutné brať v úvahu posuv a rotáciu prsta v obraze vo všetkých troch osách (Obrázok 4.4). Posuv po ose X, pretože obraz stenčených žíl je orezaný špičkou prstu. Ostatné možné posuvy riešim zarovnaniami, prípadne sú niektoré nepresnosti pri zarovnaní zanedbateľné vzorkovaním. Niektoré postupy sa aplikujú na obrazy žíl pred vzorkovaním a iné priamo na šablónu. Niektoré drobné nepresnosti sa strácajú aj pri vzorkovaní.

4.3.1 Ručné zarovnanie

V grafickom programe ručne zarovnám navzájom všetky obrazy žíl tak, aby ich prekryv bol maximálny. Je jasné, že tento postup nie je v praxi použiteľný, ale poslúži mi k porovnaní kvality ostatných postupov pri testovaní. Pri tomto postupe som si vystačil s posuvom po ose Y a rotácii podľa osi Z. Drobné nepresnosti sú zanedbávané použitím vzorkovania.

Poznatky získané ručným zarovnaním využijem pri návrhu ďalších zarovnávaní.



Obr. 4.4: Ilustračné znázornenie os, v ktorých môže dôjsť k posuvu a rotácii pri snímaní žíl v prste.

4.3.2 Naivné zarovnanie

Naivný postup je založený na skúšaní rôznych vzájomných pozícií. Pri nájdení najlepšieho prekryvu dostanem najlepšie skóre. K polohovaniu využijem poznatku z ručného zarovnania, takže pri zarovnávaní testujem polohy len pri posuve po ose Y a rotácii okolo osi Z.

Tento postup je výpočtovo najnáročnejší, pretože vyžaduje výpočet skóre porovnania pre každú skúšanú pozíciu. A je zároveň použiteľný len pri verifikácii, pretože vzájomne zarovnávam dve šablóny.

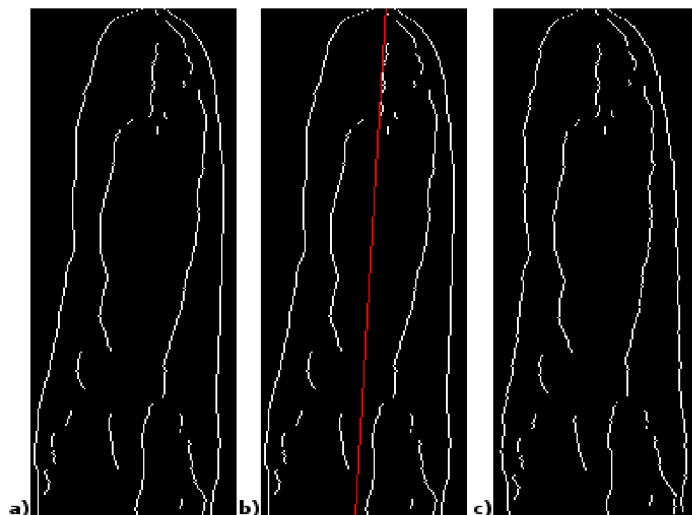
4.3.3 Automatizované zarovnanie

Pri tomto postupe sa snažím pomocou kontúry odhaliť polohu a natočenie prsta v obraze. Následne zmením polohu prsta v obraze tak, aby bol v strede a vyrovnaný (Obrázok 4.5). Polohu prsta určím pomocou osy prsta. Priamku osy získam aproximovaním bodov, ktoré sú v strede medzi ľavou a pravou kontúrou, lineárnou regresiou (konkrétne metódou najmenších štvorcov). Získam tak rovnicu priamky v smernicovom tvare $y = kx + q$, kde k je tangens uhla, ktorý mi udáva odchýlku od zvislej polohy prsta. Ďalej si stanovím bod otáčania na priamke osy prsta. Podľa polohy tohto bodu ľahko zistím posuv od stredu obrazu. Potom, čo poznám uhol natočenia a odchýlku od stredu obrazu, aplikujem na obraz afinné transformácie (rotáciu a posuv – v tomto poradí).

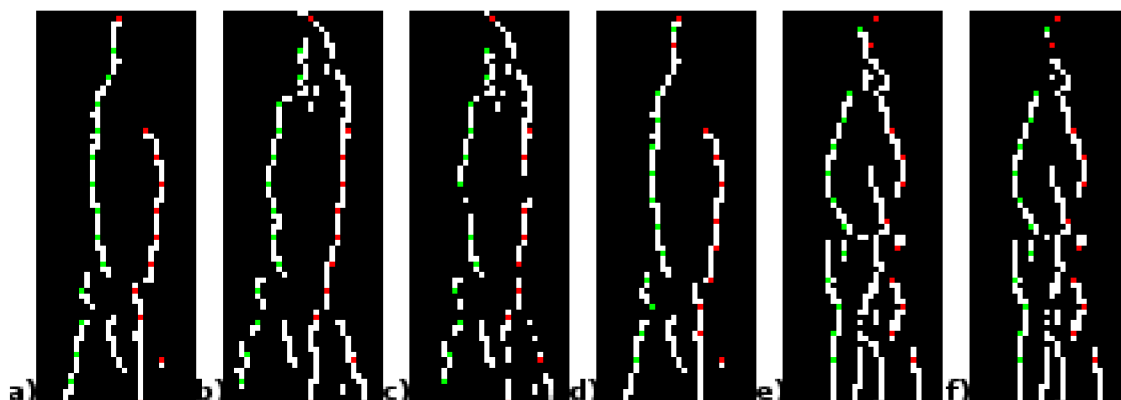
Tento prístup aplikujem pred samotnou extrakciou príznačkov, na nenavzorkovaný obraz stenčených žíl. Keďže nezarovnávam obrazy žíl medzi sebou, ale na stred obrazu, je toto zarovnanie použiteľné aj pri identifikačných metódach navrhovaných v nasledujúcich podkapitolách.

4.3.4 Zarovnanie s využitím homografie

Tento prístup by mal nahrádzať naivný postup tým, že sa pokúsi priamo nájsť najlepšiu vzájomnú polohu dvoch šablón. Hľadá súhlasné body v oboch šablónach a mapuje ich na seba pomocou homografickej transformácie.



Obr. 4.5: Ilustračné znázornenie automatizovaného zarovnania obrazu stenčených žíl spolu s kontúrou prsta: a) originál, b) nájdená os (červená), c) výsledný obraz po zarovnaní.



Obr. 4.6: Ilustračné znázornenie zarovnania šablón s využitím homografie (zelené – súhlasné body pri prechádzaní zľava doprava, červené – sprava doľava): a), b) šablóny totožného prsta, c) výsledná šablóna b po zarovnaní k šablóne a, d), e) šablóny rozdielnych prstov, f) výsledná šablóna e po zarovnaní k šablóne d.

Homografia, alebo aj projektívna transformácia je invertibilná transformácia medzi dvoma projektívnymi perspektívami, kde zásadnou vlastnosťou je mapovanie priamok opäť na priamky. Toto mapovanie je vykonané pomocou transformačnej matice homografie o veľkosti 3×3 . Pre výpočet tejto matice je nutné poznať aspoň 4 korešpondujúce body, z ktorých žiadne 3 neležia na jednej priamke. Podrobnejší postup výpočtu matice je dostupný v [22].

Problémom je vyhľadanie súhlasných bodov. Predpokladáme teda, že súhlasné body majú približne rovnaké súradnice v obraze. Aby som tento predpoklad podporil, toto zarovnanie aplikujem na šablóny vytvorené z automaticky zarovnaných obrazov stenčených žíl. Algoritmus potom nájde žilu v jednom obraze a vyhľadáva k nej súhlasnú v druhom v tom istom riadku (osa Y) a v určitom okolí ϵ y-ovej polohy z prvého obrazu. Okolie po ose X (po riadkoch) zanedbávam, keďže ako už bolo spomínané predtým v tejto ose berieme obrazy ako riadne zarovnané.

Algorithm 1 Pseudokód algoritmu hľadajúceho súhlasné body.

Inputs:

img1, img2; # Dva obrazy alebo šablóny.
 ε ; # Veľkosť okolia.
step; # Veľkosť kroku po nájdení páru.

Outputs:

$P = \{(a_i, b_i) \mid a_i \in img1 \wedge b_i \in img2\}$; # Množina nájdených zhodných bodov.

function findPointFromLeft(img,point) # Vyhľadá žilu zľava doprava.
function findPointFromRight(img,point) # Vyhľadá žilu sprava doľava.
function findPointFromLeftInNeighbourhood(img,point, ε) # Vyhľadá žilu sprava doľava v ε okolí.
function findPointFromRightInNeighbourhood(img,point, ε) # Vyhľadá žilu sprava doľava v ε okolí.

```
for all lines of img1 do  
  if findPointFromLeft(img1,a) then  
    if findPointFromLeftInNeighbourhood(img2,b, $\varepsilon$ ) then  
      insert pair (a,b) into P;  
      act_line += step;  
    end if  
  end if  
end for  
for all lines of img2 do  
  if findPointFromRight(img2,a) then  
    if findPointFromRightInNeighbourhood(img1,b, $\varepsilon$ ) then  
      insert pair (a,b) into P;  
      act_line += step;  
    end if  
  end if  
end for
```

Po vykonaní algoritmu 1 dostanem množinu korešpondujúcich bodov, ktorá môže obsahovať viac ako 2 body na jednej priamke. Takéto body vyhľadám a ponechám len dva najvzdialenejšie. V prípade, že početnosť výslednej množiny je menšia ako 4, tak zarovnanie neprebehne – je veľmi pravdepodobné, že dané dve šablóny patria rozdielnym vzorom.

4.4 Verifikácia

V predchádzajúcom texte boli popísané zvolené vlastnosti, ktoré budu extrahované z obrazu a taktiež spôsob ich transformácie do šablóny. Potom boli navrhnuté tri metódy ako zarovnávať tieto šablóny. Teraz si prejdeme možnosti porovnávania dvoch šablón. Navrhovaná šablóna vzoru biometrickej informácie získanej zo štruktúry žíl v prste má tvar bitového vektora, prípadne celočíselného vektora. Existuje niekoľko rôznych prístupov k výpočtu miery podobnosti (similarity) alebo rozdielnosti (disimilarity) dvoch bitových vektorov (Tab. 4.1) [23] (pri celočíselných sú to výpočty vzdialenosti). Čím menšia hodnota tým sú si šablóny podobnejšie, resp. bližšie. Táto technika sa osvedčila v rozpoznávaní ručne písaného písma

[24].

Jaccardov koeficient

Podobnosť dvoch množín A a B je možné vyjadriť pomocou Jaccardovho koeficientu $J(A, B)$, ktorý je definovaný pomocou pomeru kardinalít ich prienikov a zjednotení. Jaccardova vzdialenosť $d_J(A, B)$ je potom:

$$d_J(A, B) = 1 - J(A, B) = 1 - \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} \quad (4.1)$$

Toto je jednoducho aplikovateľné na bitové vektory (vzorec je uvedený v tabuľke 4.1).

4.4.1 Metrický priestor

Okrem bitovej šablóny boli v podkapitole 4.2 navrhnutá i celočíselnú šablónu, čo je vlastne objekt v metrickom priestore. Metrický priestor M je usporiadaná dvojica (D, d) , kde D je dátová doména objektov a d je metrika alebo vzdialenostná funkcia – udáva vzdialenosť medzi objektami. Metrika d musí spĺňať nasledujúce vlastnosti [25, 26]:

1. nezápornosť: $\forall x, y \in D : d(x, y) \geq 0$
2. symetrickosť: $\forall x, y \in D : d(x, y) = d(y, x)$
3. identita: $\forall x \in D : d(x, x) = 0$
4. trojuholníková nerovnosť: $\forall x, y, z \in D : d(x, y) \leq d(x, z) + d(z, y)$

Minkowského metriky

Metrický priestor je možné popisovať pomocou Minkowského metriky, ktorá tvorí skupinu metrických funkcií označovanú tiež ako L_p metriky. Ich tvar je závislý na parametre $p \geq 1$. Predpis pre obecný n -dimenzionálny vektor je definovaný ako [26]:

$$L_p[(x_1, \dots, x_n), (y_1, \dots, y_n)] = \sqrt[p]{\sum_{i=1}^n \|x_i - y_i\|^p}. \quad (4.2)$$

Pre $p = 1$ dostávame Manhattanskú vzdialenosť [26]:

$$L_1 = \sum_{i=1}^n \|x_i - y_i\|. \quad (4.3)$$

Pre $p = 2$ získavame Euklidovú vzdialenosť [26]:

$$L_2 = \sqrt{\sum_{i=1}^n \|x_i - y_i\|^2}. \quad (4.4)$$

V prípade $p \rightarrow \infty$ dostaneme maximálnu vzdialenosť [26]:

$$L_\infty = \max_{i=1}^n \|x_i - y_i\|. \quad (4.5)$$

Kosínova vzdialenosť

Ďalšou možnou metrikou je kosínova vzdialenosť (podobnosť), ktorá meria kosínus uhla medzi dvoma vektormi v n -dimenzionálnom priestore [25, 26]:

$$\cos\theta = \frac{\vec{x}\vec{y}}{\|\vec{x}\|\|\vec{y}\|} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n y_i^2}}. \quad (4.6)$$

Obor hodnôt tejto metriky je v $-1 \leq \cos\theta \leq 1$ z čoho je zrejmé, že nespĺňa vlastnosť nezápornosti. Avšak nami porovnávané celočíselné vektory (šablóny) obsahujú len nezáporné hodnoty v dimenziách, čo nám obmedzuje obor hodnôt kosínovej vzdialenosti na $0 \leq \cos\theta \leq 1$. Výsledok ešte odčítame od hodnoty 1 tak, aby menšia hodnota vyjadrovala bližšie vektory (výsledný vzorec je v tabuľke 4.1).

Použité podobnostné a vzdialenostné metriky

V nasledujúcej tabuľke 4.1 sú uvedené všetky použité resp. testované metriky. Podobnostné metriky sú upravené tak, aby vlastne ohodnocovali rozdielnosť dvoch objektov. To znamená, že menšia hodnota vyjadruje vyššiu podobnosť objektov, podobne ako pri vzdialenosti.

Rozdielnosť		Vzdialenosť	
Názov metódy	Vzorec	Názov metódy	Vzorec
simple matching	$\frac{a+b}{a+b+c+d}$	Euklidová	$\sqrt{\sum_{i=1}^n (q_i - p_i)^2}$
Jaccard	$\frac{b+c}{a+b+c}$	Manhattan (city block)	$\sum_{i=1}^n q_i - p_i $
Dice	$\frac{b+c}{2a+b+c}$	Canberra	$\sum_{i=1}^n \frac{ q_i - p_i }{ q_i + p_i }$
Yule	$\frac{bc}{ad+bc}$	Sorensen	$\sum_{i=1}^n \frac{ q_i - p_i }{\sum_{i=1}^n (q_i + p_i)}$
Rogers a Tanimoto	$\frac{2(b+c)}{a+2(b+c)+d}$	kosínová	$1 - \frac{\sum_{i=1}^n q_i p_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n q_i^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n p_i^2}}$
Sokal a Sneath	$\frac{2(b+c)}{a+2(b+c)}$		

Tabuľka 4.1: Použité spôsoby výpočtu miery rozdielnosti a vzdialenosti [23, 27].

Kde premenné a , b , c , a d sú definované pre dva porovnávané vektory i a j v tabuľke 4.2.

$j \setminus i$	1	0	Súčet
1	$a = i \cdot j$	$b = \neg i \cdot j$	$a + b$
0	$c = i \cdot \neg j$	$d = \neg i \cdot \neg j$	$c + d$
Súčet	$a + c$	$b + d$	$n = a + b + c + d$

Tabuľka 4.2: Hodnoty premenných a , b , c , a d pri porovnávaní dvoch vektorov i a j .

Výsledkom porovnania bude priemerné skóre s pre daný vzor a jedného užívateľa z porovnaní so všetkými vzormi b_i registrovaného užívateľa:

$$s = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m D(a, b_i), \quad (4.7)$$

kde m je počet vzorov jedného užívateľa a $D(a, b_i)$ je funkcia pre výpočet ohodnocovacieho skóre podobnosti dvoch vzorov.

Vyskúšam všetky z týchto mier rozdielností (vzdialeností) na porovnávanie dvoch šablón vytvorených rôznym vzorkovaním extrahovaných žíl (3×3 , 4×4 , 5×5 , ...). Za pomoci grafu distribúcie právoplatných a neprávoplatných znakov nastavím rozhodovací prah pre EER. Následne vytvorím ROC krivku pre všetky testované metódy podobnosti a šablóny s rôznym vzorkovaním. Podľa výsledkov sa rozhodnem pre najlepšiu metódu porovnávania vzorov krvného riečiska v prste. Výsledky využijem aj pri výbere vhodnej metódy a veľkosti vzorkovacieho okna pre identifikačné metódy.

4.5 Identifikácia

Identifikácia je druhou funkciou biometrického systému, pri ktorej sa vstupnému vzoru priraduje identita. Z laického pohľadu ide vlastne o porovnávanie vstupného vzoru so všetkými registrovanými vzormi v databáze. Prechádzať celú databázu nie je časovo ani zdrojovo efektívne. Lepším riešením je k porovnaniu vybrať z databáze podmnožinu možných kandidátnych vzorov. Šablóny databázy by sa rozdelili do kategórií, ktoré by obsahovali vzájomne podobné vzory podľa stanovených kritérií.

Celočíselné vektory reprezentujúce šablóny je možné chápať aj ako objekty vo viacrozmerom dimenzionálnom priestore. V oblasti strojového učenia existujú metódy bez učiteľa rozdeľujúce prvky v priestore do zhlukov (clusterov) [28, 29]. Tieto metódy sa delia podľa prístupu k rozdeľovaniu na:

- Hierarchické – organizujú analyzované objekty do hierarchického systému zhlukov. Vytvára stromová štruktúra (dendrogram) vyjadrujúca vzájomné spájanie zhlukov. Má dva prístupy: zdola-nahor – jednotlivé zhluky sú spájané do väčších, zhora-nadol – postupne sa delia existujúce zhluky na menšie.
- Nehierarchické – organizujú objekty do nehierarchického systému zhlukov.

Ďalšou možnosťou je vytvorenie indexovej stromovej štruktúry vo viacrozmerných priestoroch. Existuje niekoľko postupov vytvárania takýchto štruktúr, ktorých všeobecným rysom je prevzorkovanie prvku na menší počet rozmerov, z ktorých sa vytvára indexový strom. Pri identifikácii sa tento strom prechádza a vyhľadávajú sa najvhodnejší kandidáti na následne porovnanie v pôvodnom tvare (tj. pred prevzorkovaním). Niektoré konkrétne algoritmy si priblížime v samostatnej podkapitole (4.5.2).

Ďalším spoločným rysom (prvý je vyber kandidátov k následnému porovnávaniu) je, že identifikačné modely sú vytvárané na menších šablónach (tj. väčšie vzorkovanie – prebieha menej presne výber (porovnávanie) kandidátov) a následne porovnávanie kandidátov je vykonané na väčších šablónach (tj. menšie vzorkovacie okno – presnejšie porovnanie).

Aplikujem tiež postup, pri ktorom budem neznámy vzor porovnávať so všetkými vzormi registrovanými v databáze. Neznámy vzor bude identifikovať vzor s databázy, s ktorým má najlepšie vzájomné skóre. Postup je síce veľmi výpočtovo neefektívny, ale poslúži nám ako ukazovateľ kvality ostatných navrhovaných prístupov k identifikácii.

4.5.1 Kombinácia GA a k-means

K zhľukovaniu využijeme algoritmus k-means (nehierarchická metóda), ktorý má túto podobu [28, 8]:

Algorithm 2 Pseudokód algoritmu k-means.

Inputs:

$I = i_1, \dots, i_k;$ # Množina objektov k zhľukovaniu
 $n;$ # Počet zhľukov

Outputs:

$C = c_1, \dots, c_n;$ # stredy zhľukov
 $m : I \rightarrow C;$ # príslušnosť do zhľuku

Set C to initial value; # napr.náhodný výber z I

for all $i_j \in I$ **do**

$m(i_j) = \operatorname{argmin}_{k \in \{1..n\}}(\operatorname{distance}(i_j, c_k));$

end for

while m has changed **do**

for all $j \in \{1..n\}$ **do**

recompute i has the centroid of i — $m(i) = j;$

end for

for all $i_j \in P$ **do**

$m(i_j) = \operatorname{argmin}_{k \in \{1..n\}}(\operatorname{distance}(i_j, c_k));$

end for

end while

Výsledné rozdelenie do zhľukov je závislé na počiatočnom zvolení výber stredov zhľukov. Mojou úlohou bude získať také rozdelenie, aby identifikácia bola čo najviac efektívna. K tomu si musím odpovedať na otázku: “Ako má vypadať ideálne rozdelenie?”.

Odpoveď:

1. šablóny patriace jednému vstupnému vzoru by mali patriť do jedného zhľuku.
2. robustnosť zhľukov – vnútorná vzdialenosť v rámci zhľuku čo najmenšia a vonkajšia vzdialenosť medzi zhľukmi čo najväčšia.
3. podobne veľké zhľuky (počet prvkov v zhľuku).

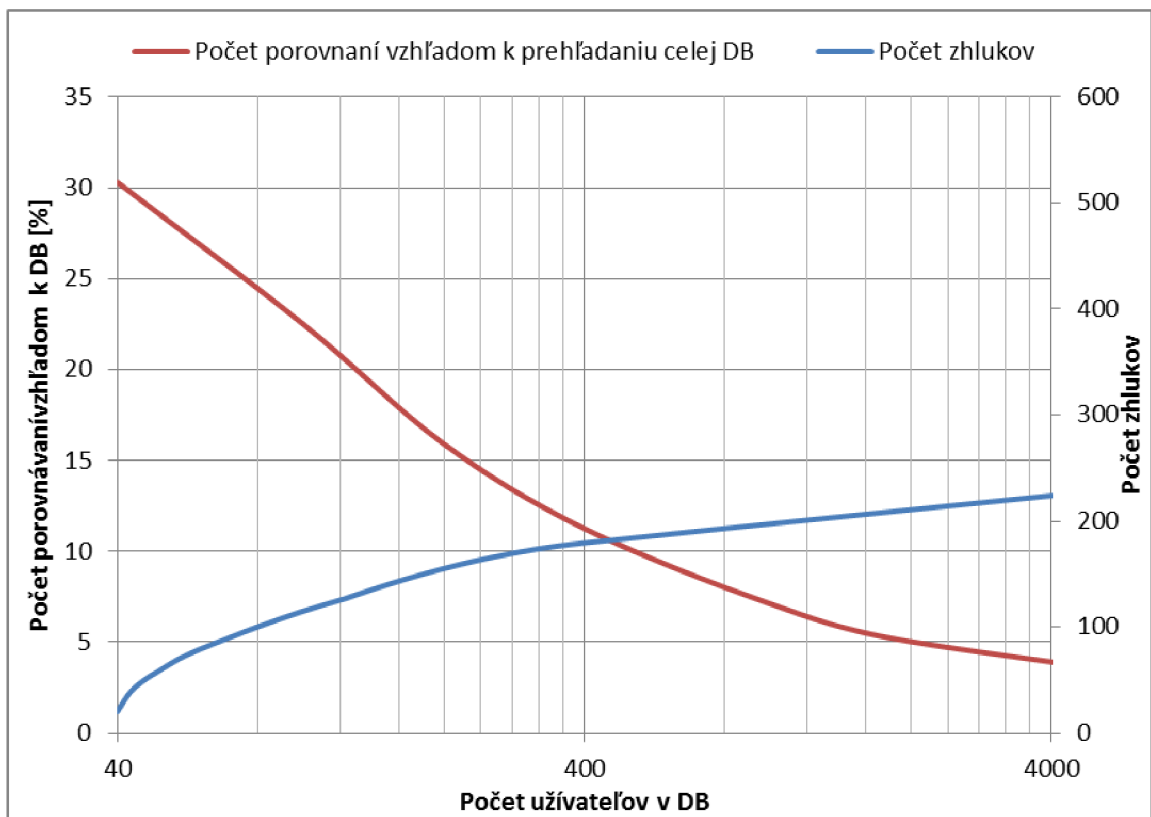
Časová náročnosť tohto algoritmu je $O(ikn)$, kde n je počet prvkov priestoru, k je počet zhľukov a i je počet iterácií algoritmu. To mi z vytvorenia modelu, ktorý bude ďalej použiteľný k identifikácii neznámych šablón, robí časovo náročnú operáciu. Čiastočné zníženie je možné vykonať použitím šablóny vytvorených s väčším vzorkovacím oknom (ďalej len identifikačné okno – šablóna bude mať menší počet rozmerov). Urýchlim tak vytváranie zhľukov i výber kandidátov, ktoré následne porovnávame v podobe vytvorenej s menším oknom (ďalej len porovnávacie okno), kde je predpoklad väčšej rozlišovacej schopnosti. Pomer vzorkovacích okien pri porovnaní a vytváraní identifikačného modelu sa mi odrazí aj na počte zhľukov a počte výberu kandidátov.

Dôležitým parametrom je aj hodnota k udávajúca počet zhľukov. Mojm cieľom je znížiť počet porovnaní k identifikácii vstupného vzoru. Preto uvažujem, že náročnosť po rovnania vzoru so stredom zhľuku je rovnaká ako pri porovnaní s registrovaným vzorom a prvky v

zhlukoch sú rozdelené rovnomerne. Potom sa ideálny najmenší počet porovnaní pri identifikácii rovná:

$$\operatorname{argmin}_{k>0} \left(\alpha \cdot k + \frac{n}{k} \right), \quad (4.8)$$

kde α je pomer obtiažnosti porovnávanie šablóny pri identifikácii a verifikácii (napr.: pomer porovnávacieho a identifikačného okna), k je počet zhlukov a n je počet užívateľov. Tento vzorec platí pre rovnomerne rozložené prvky v priestore. Približuje nám minimálny počet zhlukov a bude mi slúžiť ako odrazová hodnota, keďže nemám predstavu o rozložení prvkov v priestore. Okrem testovania mi poslúži aj k ohodnoteniu mojej navrhovanej metódy. V grafe 4.7 je možné vidieť aký bude minimálny počet zhlukov s rastúcim počtom užívateľov a tiež minimálny počet nutných porovnávacích operácii v rovnomerne rozloženej databázy.



Obr. 4.7: Graf zmeny počtu zhlukov a potrebných porovnávacích operácii vzhľadom k prehľadaniu celej databázy s rastúcim počtom užívateľov v databázy.

Navrhovaný algoritmus bude hľadať ideálny počiatkový výber stredov zhlukov a ich počet pre algoritmus k-means tak, aby identifikácia na danej databázy fungovala, čo najlepšie. Mám za úlohu prehľadávať veľké množstvo možností, ktoré sa z narastajúcou databázou zväčšuje. Z toho dôvodu bude navrhovaný postup rozdeľovania do zhlukov postavený na princípe genetických algoritmov. Pseudokód genetického algoritmu:

Výsledný identifikačný model tvoria zhluky (množiny) s registrovanými užívateľmi. Tieto množiny nemusia byť disjunktné, pretože pre jedného užívateľa máme viac vzorov, ktoré nemusia spadať do spoločného zhľuku. A keďže pri porovnávaní je výsledné skóre priemerom

Algorithm 3 Pseudokód genetického algoritmu [30].

```
t := 0; # počiatočný čas
initpopulation P(t); # náhodné vygenerovanie populácie jedincov
evaluate P(t); # ohodnotenie všetkých jedincov populácie
while not finished do
  t := t + 1; # zvýšenie čísla populácie
  P' := selectpar P(t); # selekcia rodičov
  recombine P'(t); # rekombinácia vybraných rodičov
  mutate P'(t); # náhodná mutácia potomkov
  evaluate P'(t); # ohodnotenie nových potomkov
  P := survive P,P'(t); # obnova populácie ďalšej generácií
end while
```

z porovnaní s každým vzorom, nás vedie k tomu, že výsledkom je rozdelenie užívateľov a nie vzorov do zhlukov.

Pri návrhu genetických algoritmov je treba vyriešiť nasledujúce časti:

- Reprezentácia problému (jeho zakódovanie do chromozómu).
- Generovanie počiatočnej populácie.
- Vyhodnotenie jedincov (fitness funkciou).
- Operátory selekcie.
- Operátory rekombinácie (kríženia).
- Operátory mutácie.
- Obnova populácie.
- Veľkosť populácie.
- Ukončenie algoritmu.

Z princípu genetických algoritmov vyplýva, že nájdené riešenie nemusí byť to najlepšie, ale vďaka svojej robustnosti a schopnosti riešiť zložité optimalizačné úlohy je vhodným riešením nášho problému [30].

Zakódovanie chromozómu

Chromozómom sú reprezentované jednotlivé riešenia daného problému. Ich vhodné zakódovanie do chromozómu je dôležité pre ďalší výber genetických operátorov (kríženie, mutácia, selekcia) a jeho vyhodnocovanie fitness funkciou. V našom prípade bude mať chromozóm formu vektora celých čísel. Jednotlivé prvky vektora budú ID vzoriek v databáze, ktoré sú určené ako počiatočné stredy pre algoritmus k-means. Počet prvkov vektora stanovuje hodnotu k .

Fitness funkcia

Jej úlohou je ohodnotiť jednotlivých jedincov. V našom prípade bude simulovať rozdelenie vzorov v databáze do zhlukov pomocou algoritmu k-means. Kvalita výsledného rozdelenia sa bude ohodnocovať. Vzorec určený pre výpočet ohodnotenia kvality rozdelenia do zhlukov má nasledujúcu podobu [28]:

$$Err_{cluster} = \alpha(countOfClusters) + \beta \sum_{allClusters} insideDistance - \gamma \sum_{allPairsOfClusters} outsideDistance. \quad (4.9)$$

Snažím sa minimalizovať počet porovnaní potrebných k identifikácii prvku tak, aby bol pre každý identifikovaný prvok približne rovnaký. To znamená, že zhluky sú početne vyvážené. Výpočet fitness hodnoty je možné chápať aj ako simulovanie identifikácie tak, že porovnáваме neznámy vzor s každým stredom zhluku a vybraný kandidát sa nachádzajú v najbližšom zhluku. Výsledná fitness hodnota je potom súčtom počtu zhlukov vynásobených pomerom veľkostí vzorkovacích okien, priemerným počtom prvkov zhluku a smerodajnou odchýlkou tohto počtu. Túto hodnotu sa snažím minimalizovať. Prvé časť výpočtu je totožná s vzorcom 4.8 a smerodajná odchýlka zaručuje podmienku početne vyvážených zhlukov. Podmienka robustnosti je splnená z princípu algoritmu k-means. Poslednou podmienkou je prislusnosť vzorov jedného prsta do zhodného zhluku, ktorú zabezpečuje kvalitné automatické zarovnanie šablón a smerodajná odchýlka vo fitness funkcii.

Za úvahu stojí tiež využitie modifikácie algoritmu k-means s názvom k-median (stred zhluku je medián a nie priemer ako pri k-means), alebo k-medoids (za stred zhluku je považovaný jeden z prvkov zhluku).

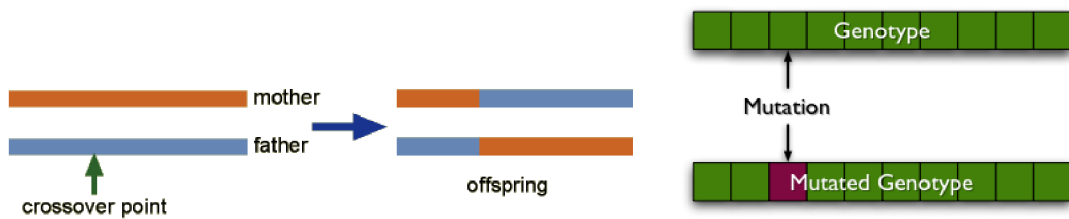
Pri realizácii identifikácie v reálnej praxi môže nastať situácia, keď do databáze budem chcieť pridať ďalších užívateľov. V takejto situácii by mala identifikačná metóda reagovať na pridanie nového užívateľa prerozdelením užívateľov v rámci tried tak, aby identifikačný model nezhoršil svoje identifikačné vlastnosti. Naš systém by mal reagovať na pridanie nového užívateľa spustením algoritmu k-means (bez použitia GA) nad databázou s počiatočnými stredmi zhlukov inicializovanými na hodnoty súčasných centroidov. Výsledné rozdelenie ohodnotíme fitness funkciou z GA a porovnáme jeho hodnotu s fitness hodnotou rozdelenia databázy pred pridaním nového užívateľa. Podľa veľkosti rozdielu rozhodneme či výsledný upravený identifikačný model je dostačujúci, alebo bude nutné celý model zrušiť a začať vytváranie odznova pomocou GA v kombinácii s k-means. Hodnotu prahu pre toto rozhodnutie je nutné stanoviť testovaním. Tak isto určím počet novo pridaných užívateľov, po ktorých sa znova aplikuje na databázu k-means prípadne sa rovno pôvodne rozdelenie zahodí a vytvorí sa nové s GA v kombinácii s k-means.

Genetické operátory

Mutačný operátor bude mať funkciu bodovej mutácie (obrázok 4.8). Na zvolené miesto vo vektore vygeneruje novú ID hodnotu vzorky z databáze. Rozdielna dĺžka chromozómov nabáda okrem zmeny prvku vo vektore aj k pridaniu prvku, čím sa zvýši počet zhlukov, alebo odstrániť prvok, čím sa zmenší počet zhlukov.

Za spôsob rekombinácie jedincov som vybral jednobodové kríženie (obrázok 4.8). Bod kríženia vyberám podľa veľkosti menšieho z chromozómov. Po krížení sa vzniknú dva jedince s dĺžkou jedného z rodičov.

Databáza, ktorú budem rozdeľovať do zhlukov, môže a bude obsahovať viac šablón pre jeden prst. Preto som sa rozhodol, aby nemohla nastať situácia, že v chromozóme nebudú



Obr. 4.8: Grafické znázornenie jednobodového križenia (vľavo) a jednobodovej mutácie.

vzorky toho istého prsta. Týmto, tiež podporím myšlienku, aby vzorky jedného prsta boli v totožnom zhľuku. Oba operátory (mutačný i rekombinačný) budú upravené tak, aby nedošlo k situácii, že medzi inicializačnými centroidmi budú šablóny toho istého vzoru – v podstate sa jedná o permutačné možnosti. Podobne bude upravená i inicializačná funkcia.

Selekciu vykonám najbežnejšie používaným ruletovým výberom, kde pravdepodobnosť výberu jedinca je úmerná jeho fitness hodnote [30].

4.5.2 Indexová stromová štruktúra

Existuje množstvo algoritmov rozdeľujúcich databázy do stromových štruktúr. V klasických databázach sa často využívajú B a B+ stromy. Položky databázy sú rozdelené do menších skupín tak, že je možné pri vyhľadávaní prehľadávať len niektoré skupiny. Tohto princípu využijem aj pri vyhľadávaní v našej databázy. Tieto indexové štruktúry vedú zaobchádzať s tradičnými dátami ako numerické, reťazcové a pod. Avšak už nepodporujú priestorové vyhľadávanie. Takúto funkciu podporujú R stromy alebo kd-stromy. Ale tieto štruktúry zase nie sú vhodné k uchovávaniu a vyhľadávaní vo vysoko rozmerných priestoroch. Takéto položky si potom vyžadujú nový prístup nazývaný tiež indexovanie metrických priestorov[25].

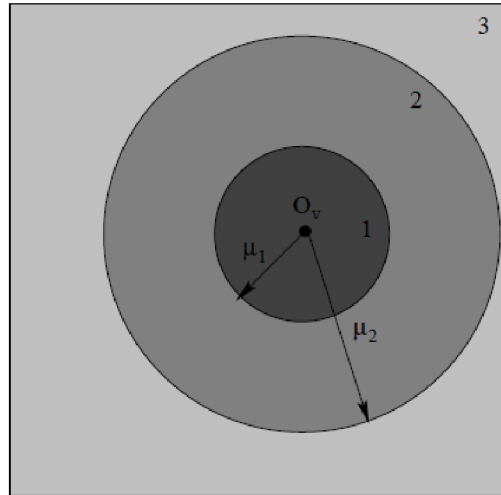
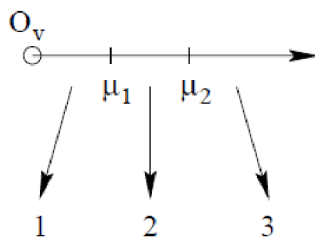
Metrický priestor sa môže rozdeliť podľa princípu delenia metrického priestoru na:

1. sférické delenie (ball partitioning)
2. delenie na základe roviny (generalized hyperplane partitioning)
3. delenie pomocou vyňatého stredu (excluded middle partitioning)

Jednou z najznámejších indexových stromových štruktúr realizujúcich sférické rozdelenie je strom významných bodov (vantage point tree). Využijeme jednu z jeho zovšeobecnenie s názvom MVP strom (multiple-vantage point tree). Položky sú rozdelené do ekvivalentných tried podľa ich vzdialenosti od pivotov. V porovnaní s VP stromom, môže mať viac pivotov v každej úrovni, v listoch obsahuje tiež ďalšie prídavné informácie k obmedzeniu prehľadávaného priestoru. Pivoty rozdeľujú prvky do skupín s rovnakou kardinalitou. V binárnom VP strome by bol deliacim bodom medián zo všetkých vzdialenosti prvkov vzhľadom k pivotu. Na obrázku 4.9 je možné vidieť rozdelenie do troch skupín.

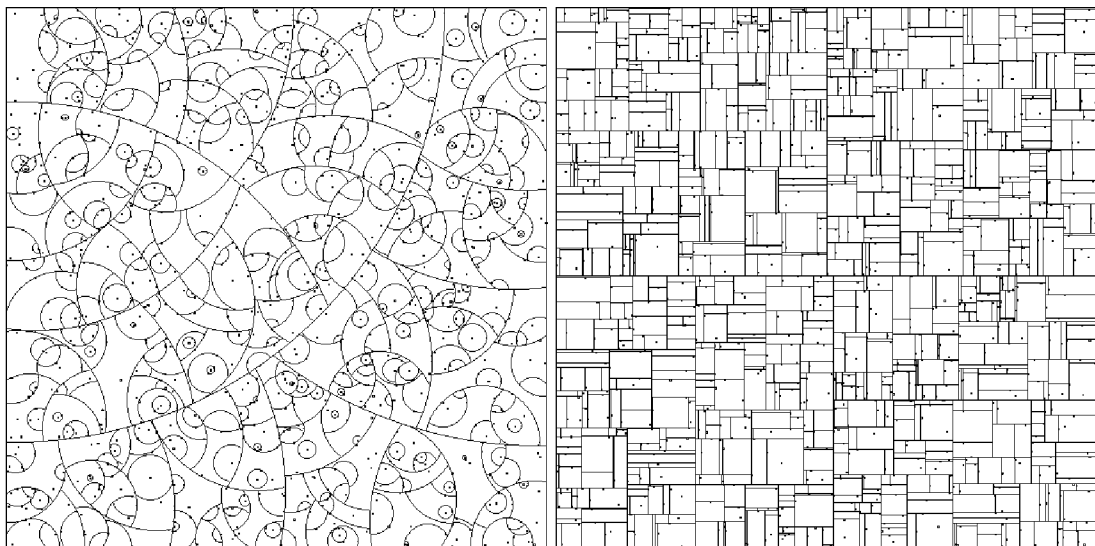
MVP strom má štyri základné parametre:

1. počet pivotov v každom uzle (v)
2. počet častí vytvorených každým pivotom (m)
3. maximálny počet prvkov v listoch (f)



Obr. 4.9: Uzol deliaci prvky do troch skupín a zobrazenie tohto rozdelenia v priestore.

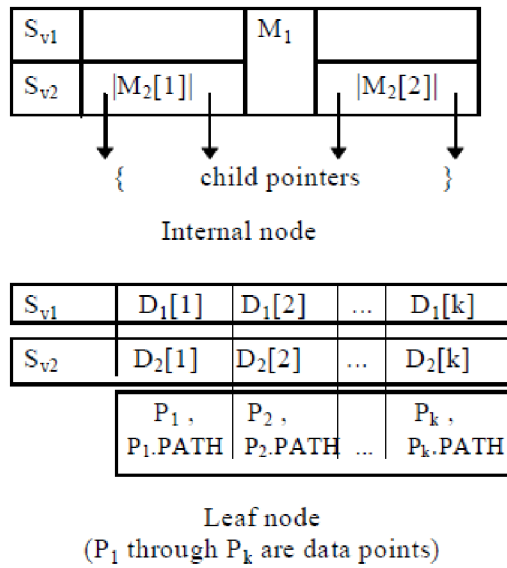
4. počet vzdialeností uložených v listoch (p)



Obr. 4.10: Rozdelenie priestoru pomocou VP stromu (vľavo) a kd-stromu [8].

V každom uzle generalizovaného MVP stromu sú prvky rozdelené do v skupín prvým pivotom, každá z týchto skupín je ďalej delená druhým pivotom znova na v skupín, a tak ďalej až kým nerozdelí celú vstupnú množinu dát. Pred samotným delením sú prvky zoradené podľa ich vzdialenosti od pivota, a potom rozdelené do v skupín s rovnakou (približne) kardinalitou. Počet potomkov každého uzla je rovný m^v . Listový uzol obsahuje vzdialenosti dátami f a m pivotmi tohto listu. Ďalej tiež obsahuje $f \cdot p$ vzdialeností medzi každým dátovým objektom x a prvými p pivotmi na ceste stromovou štruktúrou z koreňa k uzlu obsahujúci objekt x . Štruktúru je vidieť na obrázku 4.11.

Odporúčaný výber pivotov je nasledovný, prvý pivot sa vyberie náhodne a každý ďalší pivot je najvzdialenejším prvkom k predošlému pivotu. Týmto postupom sa zvýši efektívnosť rozdelenia priestoru a vyhľadávania v tomto rozdelení.



Obr. 4.11: Štruktúra uzlov v binárnom MVP strome [25].

MVP strom s parametrami m, v, k a p je možné zostrojiť staticky pomocou algoritmu 4, kde daný vstup konečnú n -prvkovú množinu prvkov $S = \{S_1, \dots, S_n\}$ a metrickú vzdialenostnú funkciu $d(S_i, S_j)$.

Algoritmus vytvára strom zhora dole a je teda skôr statickou stromovou štruktúrou. Vytvorený strom je tiež vyvážený. Napriek tomu, že sa jedna o statický strom je možné dynamicky vkladať prvky. Strom potom ľahko rastie ostávajúc vyvážený prípadne má blízko k vyváženému. Ak sa po vloženia spôsobia skosenie stromu (vtedy ak novo vložené prvky zmenia rozloženie vzdialeností), celková rekonštrukcia stromu by mohla byť vykonaná. Počet vypočítaných vzdialeností závisí od počtu uchovaných vzdialeností uložených v listoch[25, 26].

Vyhľadávanie v metrickom priestore

V metrických priestoroch sa nevyhľadávajú objekty presne zhodné, ale podobne k dopytovanému objektu. Od toho sú odvodené dva typy vyhľadávania (viď obrázok 4.12): rozsahový dopyt (range query) a k -najbližších susedov (k -nearest neighbour query).

Matematická definícia rozsahového dopytu je ??:

$$R(q, r) = \{x \in M \mid (q, x) \leq r\}, \quad (4.10)$$

kde q je dopytovaný objekt a r je rozsah tolerance alebo aj polomer dotazu. K tomu, aby sme nemuseli zisťovať vzdialenosť medzi dopytovaným objektom a každým objektom v databáze, rozdelíme objekty do podmnožín.

Pri rozsahovom dopyte je nutné stanoviť polomer r . A môže sa stať, že pre daný polomer nám dopyt nevráti, žiadne alebo príliš mnoho výsledkov. Alternatívou je potom dopyt na k najbližších susedov ??:

$$kNN(q) = \{R \mid R \subseteq X, |R| = k \wedge \forall x \in X - R : d(q, x) \leq d(q, y)\}. \quad (4.11)$$

Upravím si algoritmus pre rozsahové vyhľadávanie, pri ktorom použijeme viacero polomerov (Algoritmus 5). Vplyv viacerých polomerov si ukážeme pri testovaní, kde by nám mal

Algorithm 4 Pseudokód algoritmu statického vytvorenia MVP stromu [25].

Inputs: $S = \{S_1, \dots, S_n\}$

Konečná množina prvkov

 $d(S_i, S_j)$

Metrická vzdialenostná funkcia

if $|S| = 0$ **then**

create empty tree and return

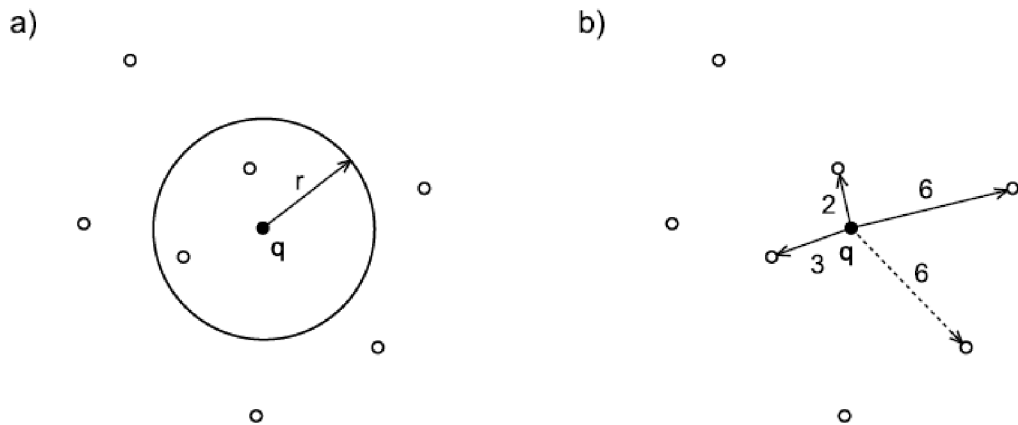
end if**if** $|S| \leq k$ **then**

create a leaf node L, insert all items from a set S into L and return

else if $|S| > k$ **then**arbitrary choose pivot S_{v1} from S and delete it from Scompute all distances $d(S_i, S_{v1})$, where $S_i \in S$ **if** $level \leq p$ **then** $S_i.PATH[level] = d(S_i, S_{v1})$ $level = level + 1$ **end if**order items in S with respect to their distances from S_{v1} and break the list into m lists SR_1, \dots, SR_m of equal cardinality recording all the distance values at cutoff points $j = 2$ **while** $j \leq v$ **do**choose pivot S_{vj} to be the farthest point from $S_{v(j-1)}$ in $SR_{m, \dots, m}$ and delete it from $SR_{m, \dots, m}$ calculate all distances $d(S_j, S_{vj})$, where $S_j \in SR_{i1, \dots, i(j-1)}$, where $i1, \dots, i(j-1) = 1, \dots, m$ **if** $level \leq p$ **then** $S_i.PATH[level] = d(S_j, S_{vj})$ **end if**use these distances to partition each of the $SR_{i1, \dots, i(j-1)}$ regions further into m more regions, creating $SR_{i1, \dots, ij}$ and record cutoff values $level = level + 1$ $j = j + 1$ **end while**recursively create the mvpt-tree on each of the m^v partitions, namely $SR_{i1, \dots, iv}$, where $i1, \dots, iv = 1, \dots, m$ **end if**

tento prístup lepšie filtrovať kandidátov a ušetriť porovnávacie operácie pri prechádzaní stromu. Algoritmus prechádza strom od koreňa k uzlom a v každom uzle sa rozhoduje, v ktorých vetvách bude vyhľadávanie pokračovať. To znamená, že v najhoršom prípade môže prejsť celý strom. Originálny algoritmus pre dva pivoty je v [25].

Druhá navrhovaná identifikačná metóda bude vychádzať z indexovej stromovej štruktúry typu MVP strom. K zostaveniu stromu využijem generalizovaný algoritmus 4 a k vyhľadaniu kandidátov použijem algoritmus 5, ktorý oproti originálu z [25] pracuje s tromi prahmi. Vybraných kandidátov ďalej porovnávam rovnako ako v predošlej identifikačnej metóde. Cieľ testovania bude odhaliť vhodné nastavenie parametrov zovšeobecneného MVP stromu a prahov vyhľadávania. A samozrejme prínos indexového stromu k výberu kandidá-



Obr. 4.12: Typy dopytov a) rozsahový dopyt, b) dopyt na k -najbližších susedov ($k = 3$) [25].

tov.

4.5.3 Testovanie

Aby som overil správnosť a úspešnosť navrhnutej metódy, je nutné otestovať výsledné rozdelenie na vzorkách prstov, ktoré nie sú v databáze. Testovať budem spôsobom podobným cross-validácií používaným k testovaniu klasifikačných metód strojového učenia s učiteľom. Pre každý prst je k dispozícii n vzoriek. Z každej tejto n -tice vyberiem po jednej vzorke, ktoré mi budú tvoriť testovaciu množinu. Množina zo zvyšných $n - 1$ vzoriek bude tvoriť množinu k vytváraniu modelu. Týmto spôsobom si vytvorím n testovacích súprav, čo by nám malo aspoň čiastočne vynahraďiť malú veľkosť databáze. Výsledky na koniec spolu spriemerujem.

Navrhované postupy a metódy obsahujú množstvo neznámych hodnôt, ako je veľkosť vzorkovacieho okna pri vytváraní šablóny, výber vhodného výpočtu porovnania a vzdialenosti šablón pri porovnávaní alebo identifikácii. Taktiež bude testovanie zamerané na ohodnotenie navrhnutých postupov zarovnaní šablón. Jednotlivé testy budú bližšie popísané v kapitole 6.

Algorithm 5 Algoritmus rozsahového vyhľadávania.

Inputs:

T # MVP stromová štruktúra, ukazovateľ na koreň
 Q # hľadaný objekt
 $r1, r2, r3$ # polomery vyhľadávania

Outputs:

A je množina kandidátov

for all $S_{vj} \in S_v$ **do**

if $d(Q, S_{vj}) \leq r1$ **then**

 add pivot S_{vj} into A

end if

end for

if the current node is a leaf node **then**

for all data points S_i in the node **do**

 find recorded distances between the point S_i and every pivot in the node

if for all S_{vj} , $d(Q, S_{vj}) - r2 \leq d(S_i, S_{vj}) \leq d(Q, S_{vj}) + r2$ **then**

if for all $i = 1 \dots p$ ($PATH[i] - r \leq S_i.PATH[i] \leq PATH[i] + r$) holds **then**

 compute $d(Q, S_i)$

if $d(Q, S_i) \leq r$ **then**

 add S_i into A

end if

end if

end if

end for

else if the current node is an internal node **then**

for all $S_{vj} \in S_v$ **do**

if $level + j \leq p$ **then**

$PATH[level + j] = d(Q, S_{vj})$

end if

end for

 level = level + count of pivots

 find branches for recursively search by comparing $d(Q, S_{vj}) + r3 \leq M_{ij}$ for left branch

 and $d(Q, S_{vj}) - r3 \geq M_{ij}$ for right branch

end if

Kapitola 5

Implementácia riešenia

V tejto kapitole si popíšeme implementáciu jednotlivých častí riešenia práce a zmeny oproti návrhu. Navrhnuté metódy extrakcie, zarovnania, verifikácie a identifikácie boli implementované v jazyku C++ s využitím knižníc OpenCV (Open Source Computer Vision) [31] a GALib (Genetic Algorithms Library) [32] za účelom následného testovania týchto postupov. Samotná implementácia navrhnutých metód a prístupov nie je nosnou časťou tejto diplomovej práce, preto v nasledujúcich podkapitolách vypichneme len špecifiká implementácie a prípadne zmeny v návrhu. Pre detailnejší popis jednotlivých tried a funkcií bude čitateľ odkázaný na programovú dokumentáciu. Implementácia bola testovaná pod 64bit. operačným systémom Windows 7.

Knižnica OpenCV obsahuje metódy a funkcie pre spracovanie obrazu a počítačové videnie. Knižnica GALib obsahuje množinu algoritmov pre genetické algoritmy.

Cieľom aplikácie je otestovať navrhnuté metódy rozpoznávania človeka podľa žíl v prste. Preto je výsledný program vytvorený ako konzolová aplikácia s možnosťou nastavenia širokého výberu parametrov. Tieto parametre sú bližšie popísané v užívateľskej príručke, ktorá je priložená k tejto diplomovej práci na digitálnom nosiči.

5.1 Extrakcia a zarovnanie

Vytvorené šablóny sa ukladajú vo formáte BMP (8-bit šedotónový), kde jednotlivé pixely sú dimenziami vektora šablóny. Ukladá sa len celočíselný vektor (bitový je ľahko z neho odvoditeľný). Použitím 8-bitového šedotónového BMP sme obmedzili maximálnu hodnotu jednotlivých dimenzií vektora na 255. Z toho vyplýva, že maximálny rozmer vzorkovacieho okna bude 16×16 . K uloženiu šablóny sa využíva maticový dátový typ z knižnice OpenCV a k implementácii zarovnaní sa tiež využívajú niektoré transformačné funkcie z OpenCV.

5.2 Verifikácia

Boli implementované všetky spôsoby výpočtu rozdielností a vzdialeností pre bitové a celočíselné šablóny uvedené v tabuľke 4.1. Pre detailnejší popis triedy a jej metód obstarávajúcich porovnanie dvoch šablón viď programová dokumentácia uložená na priloženom digitálnom nosiči.

5.3 Identifikácia

Oba identifikačné prístupy sú implementované vo vlastnej triede využívajúc triedy vytvorené pre porovnávanie a zarovnávanie. Je tak možné identifikovať pomocou rôznych porovnávacích metód a zarovnaní.

5.3.1 GA v kombinácii s k-means

K implementovaniu genetického algoritmu boli použité funkcie z knižnice GALib. Zhlukovacia metóda bola implementovaná v podobe algoritmu k-means v klasickej podobe. Samozrejme existujú rôzne optimalizácie algoritmu k-means, avšak vzhľadom k účelu si vystačíme aj so základným algoritmom. Účel je hlavne otestovať navrhnutú metódu a zistiť jej možnosti, optimalizovanie môže byť úlohou do budúca pre ďalšie vylepšenia.

Inicializačná funkcia najskôr náhodne určí dĺžku chromozómu (počet zhlukov), a potom náhodne vyberá šablóny z databázy ako inicializačné stredy zhlukov. Pri každom výbere kontroluje, či už nie je v chromozóme šablóna toho istého užívateľa (prsta). V prípade zhody sa generuje nový (zachovanie permutácie).

Pri mutácii sa najskôr rozhodne, či mutácia bude rozširovať, skracovať, alebo sa dĺžka chromozómu nezmení. Ak sa bude generovať nový prípadne meniť vybraná pozícia v chromozóme opäť sa novo vygenerovaný prvok kontroluje s existujúcimi v chromozóme. V prípade, že dĺžka chromozómu je rovná počtu užívateľov v databázy, nie je možné nájsť takú šablónu užívateľa, ktorý by nebol ešte v chromozóme. V tomto prípade sa na určenej pozícii vyberie iná šablóna toho istého užívateľa (zachovanie permutácie).

Operátor kríženia je jednobodový, a keďže má zachovávať permutácie, je k tomu aj uspôsobený. Najprv sa stanoví bod kríženia. Prvky po bod kríženia sa vložia novým potomkom (každý rodič jednému potomkovi). Zvyšok nových chromozómov sa doplní prvkami od druhého rodiča a to tak, že druhý rodič sa postupne prechádza a kontroluje či sa daný prvok už nenachádza v potomkovi (zachovanie permutácie). Toto sa opakuje, kým sa nenaplní nový chromozóm. Potomkovia dedia svoju dĺžku po rodičoch.

Fitness funkcia počíta skóre ako počet porovnávacích operácií nutných k identifikácii jednej šablóny. Je to teda počet zhlukov násobených pomerom obtiažnosti porovnávacích operácií pri porovnávaní kandidátov a výbere kandidátov, k tomu je pripočítaný priemerný počet užívateľov v zhluke a štandardná odchýlka tohto počtu. Táto hodnota sa minimalizuje.

5.3.2 Indexový MVP strom

MVP strom bol implementovaný v podobe všeobecného algoritmu statickej výstavby stromu. Pri testovaní je možné potom nastavovať parametre, ktorými sa upravuje výška a šírka výsledného stromu. Pôvodne bol zámer implementovať originálny algoritmus pre rozsahové vyhľadávanie, ale pri prvotných testoch sa ukázalo, že je lepšie použiť v jednotlivých krokoch rôzne polomery. Prvý polomer rozhoduje o tom, v ktorej vetve sa bude pokračovať. Druhý polomer udáva, aký rozdiel vo vzdialenosti od prvých p pivotov budeme tolerovať. Tretím polomerom rozumieme prahovú, ktorú daná položka databáze nesmie prekročiť, aby bola vybraná medzi kandidátov. Upravený algoritmus je už priamo popísaný v návrhu. Pri implementácii sa žiadne ďalšie problémy nevyskytli, viac viď v projektovej dokumentácii.

Kapitola 6

Testovanie

V tejto kapitole a jej podkapitolách si bližšie preberieme jednotlivé vykonané testy, dôvody testovania a ich vyhodnotenie. Testy boli pomerne rozsiahle, a preto sú v tejto kapitole spomenuté len významné a prínosné výsledky. Kompletné tabuľky s výsledkami sú uvedené v dodatku A.

Testujem postupne od šablón, cez porovnávacie metódy až po rozpoznávanie. Testy boli vykonané na čo najširšom spektre nastavení tak, aby bolo možné dobre ohodnotiť vlastnosti navrhnutých postupov. Testovacia databáza bola pomerne malá, preto niektoré prínosy navrhnutých metód nebudú tak zreteľné. Na konkrétne prípady bude poukázané.

K dispozícii som mal databázu už zosnímaných žíl v prste pomocou už spomínaného snímacieho zariadenia vyvíjaného skupinou STRaDe [12]. Obsahuje prsty (prstenník, prostredník, ukazovák) oboch rúk od siedmich užívateľov a pre každý prst 3 vzorky. Mám tak k dispozícii databázu štyridsiatich dvoch jedinečných prstov. Z nich niektoré vzory neobsahujú špičku prsta, čo spôsobuje problém pri vertikálnom zarovnaní. Tieto vzory prstov vyradím, a tak konečná testovacia databáza obsahuje trojice vzorov pre 40 prstov. Podľa návrhu testovania v 4.5.3 si vytvorím tri cross-validačné testovacie súbory. Konečné výsledky sú priemerom všetkých troch cross-validačných testov.

Počet dvojíc zhodného prsta je nepomerne menší ako dvojíc odlišných prstov (konkrétne je to 4680:120). Keby všetky testované dvojice označíme ako nezhodné, výsledná celková presnosť (ACC) by bola 97,5%. Laický čitateľ by mohol túto hodnotu považovať za veľmi kvalitnú, ale opak je pravdou. Preto dôležitým ukazovateľom kvality je hodnota EER – udáva vyrovnanú chybu FMR a FNMR. Priebeh a vzájomný vzťah týchto dvoch chýb je možné sledovať na ROC krivke (prípadne DET krivke). Podľa nastavenia prahu je potom ľahké z tejto krivky odčítať aké budú hodnoty FMR a FNMR. Hodnota AUC vyjadrujúca plochu pod ROC krivkou budem brať ako ďalší ukazovateľ kvality. Čím menšia FNMR a FMR, tým je väčšia plocha pod krivkou. Takže je snaha dosiahnuť maximalizovať túto plochu.

Pri hodnotení identifikácie budem sledovať celkovú identifikačnú presnosť a presnosť ukazujúcu, či sa nachádza medzi vybranými kandidátmi hľadaná identita. Ďalším hodnotením je počet porovnaní potrebných k identifikácii. Pri identifikácii dochádza k porovnávaniam dvoch typov šablón. Aby som počet týchto porovnaní premietli do jednej hodnoty, vypočítam ich pomocou nasledujúceho vzorca:

$$c = c_i \cdot \alpha + c_p \cdot m, \quad (6.1)$$

kde c je výsledný počet porovnávacích operácií, c_i je počet porovnaní pri výbere kandidátov (napr. pri identifikácii zhlukovaním je tento počet rovný počtu zhlukov), α je pomer

náročností porovnania kandidátov a pri výbere kandidátov (v našom prípade pracujeme s pomerom porovnávacieho a identifikačného okna), c_p je počet porovnávaných kandidátov a m je počet šablón pre jedného užívateľa.

Vo všeobecnosti budem považovať porovnanie binárnych šablón za rovnocenné ako porovnanie celočíselných pri rovnakom vzorkovacom okne. Potom hodnotu α vo vzorci 4.8 bude hodnota pomeru porovnávacieho a identifikačného okna. V reálnej praxi by bolo vhodné do α zakomponovať aj to, že porovnávanie bitovej šablóny je možné implementovať v rýchlejšej podobe ako porovnávanie číselných šablón. Taktiež pri porovnávaní by šlo zakomponovať čas potrebný k zarovnaniu. Pri testovaní tieto rozdiely zanedbám a využijem len pomeru okien.

K spracovaniu výsledkov testov bolo použité softvérové prostredie s názvom R, ktoré je určené k štatistickému počítaniu a vytváraníu grafov [33].

Test bol vykonaný na notebooku s procesorom AMD Turion 64 X2 Mobile Technology TL-60 2GHz a so 64bit. operačným systémom Windows 7.

6.1 Testovanie verifikácie

V nasledujúcich podkapitolách sa zameriame na testovanie navrhnutých šablón a extrahovaných vlastností zo žilnej štruktúry prsta. Taktiež sa zameriame na výber vhodných porovnávacích metrík a vzorkovacích okien. V neposlednom rade ohodnotíme kvality navrhnutých zarovnaní.

6.1.1 Test šablóny a postupov ohodnocovania podobnosti

Tento test je zameraný na porovnanie úspešnosti verifikácie pomocou šablóny (binárnych alebo celočíselných) vytvorenej pomocou rôzne veľkého vzorkovacieho okna. Okrem toho porovnávam i úspešnosť jednotlivých spôsobov výpočtu rozdielnosti a vzdialeností. Pred samotným vytváraním šablón som obrazy žíl ručne zarovnal v grafickom programe Gimp [34]. To by nám malo zaručiť pravdepodobne maximálne najlepšie výsledky. Kompletné výsledky je možné vidieť v tabuľke A.3.

Testoval som šablóny vytvorené veľkosťou okna od 3×3 až po 10×10 a porovnávacie metódy z tabuľky 4.1 pre binárne i celočíselné šablóny.

Zo vzdialenostných metrík majú kosinova a Sorensonova vzdialenosť najlepšiu rozlišovaciu schopnosť. Ostatné vzdialenostné metriky sú výraznejšie horšie, preto ich v ďalších testoch (zarovnaní a identifikácie) nebudem používať. Z binárnych som si ďalej vybral Jacardov, Diceov, Yuleov a Sokal-Sneathov výpočet rozdielnosti. Tento test nebol vykonaný na dostatočne veľkej databáze, aby bolo možné jasne rozhodnúť o výbere najlepších porovnávacích spôsobov (týka sa to hlavne binárnych, kde nevybrané metódy sa príliš nelíšia od vybraných). Avšak ďalšie testy zarovnania a identifikácie uskutočním už len na vybraných typoch.

Pri výbere vhodného vzorkovacieho okna sme obmedzený nasledujúcimi podmienkami:

1. malá EER, tvar ROC krivky (resp. najväčšia AUC)
2. snažíme sa o čo najväčšie okno, z čoho vyplynie menšia šablóna
3. vybrať taký rozmer, aby mal násobok do hodnoty 16 (vyplýva z implementačných detailov v podkapitole 5.1)

V tabuľke 6.1 vidíme, že pre ručne zarovnané šablóny som dosiahol EER 0,67 – 0,83%. Výsledky ukazujú potencionálne maximum. Je jasné, že takéto zarovnanie nie je v bežnej praxi použiteľné. Preto slúži ako referenčný výsledok pre ostatné zarovnania.

	Metóda [okno] (ručne zarovnané)					
	Jaccard [6 × 6]	Dice [6 × 6]	Yule [4 × 4]	Sokal [6 × 6]	Sorensen [7 × 7]	Cosine [7 × 7]
AUC	99.94%	99.94%	99.98%	99.94%	99.99%	99.98%
ERR	0.83%	0.83%	0.79%	0.83%	0.67%	0.75%

Tabuľka 6.1: Najlepšie dosiahnuté výsledky vybraných porovnávacích metrík.

K ďalším testom som vybral veľkosti okien 3×3 až 6×6 , na ktorých budem testovať navrhnuté metódy zarovnania šablón.

6.1.2 Test zarovnaní šablón

Z predošlého testu (podkapitola 6.1.1) som vybral najvhodnejšie (najúspešnejšie) veľkosti vzorkovacieho okna (3×3 až 8×8) pre vytváranie šablóny ako i spôsoby výpočtu podobnosti. Budem porovnávať naivné a automatické zarovnanie vzhľadom k ručne zarovnanému porovnaniu z predchádzajúceho testu (podkapitola 6.1.1) a k nezarovnaným šablónam.

Posledný navrhovaný spôsob zarovnania s využitím homografie budem testovať v nasledujúcom teste (podkapitola 6.1.3). Tiež testujem prínos pridania kontúry prsta do šablóny. Kompletné výsledky je opäť možné vidieť v dodatku A v tabuľkách A.4 a A.5 a v grafoch A.1, A.2, A.3 a A.4.

Podľa výsledkov v tabuľke 6.2 vidíme, že naivné zarovnávanie sa približuje ručnému zarovnávaníu (EER 1,65%). Automatické zarovnanie výrazne zlepši výsledky v porovnaní bez použitia zarovnania. Výsledky sa pohybujú pre EER 5 – 9%. Pri použití automatického zarovnávanía dostávame lepších výsledkov, ak je v šablóne zakódovaná žilná štruktúra i kontúra prsta. Narozdiel tomu pri naivnom zarovnaní dosahujeme lepších výsledkov so šablónami vytvorenými len zo žilnej štruktúry (v oboch prípadoch je rozdiel EER asi 3%). Bez použitia zarovnania sú výsledky porovnávanía oboch typov šablón tak nekvalitné, že sú oboje nepoužiteľné (EER viac ako 26%).

6.1.3 Test porovnania šablón s homografickým zarovnaním

Tento test používa šablóny vytvorené rovnakým oknom ako v predchádzajúcom teste (podkapitola 6.1.2) kódujúcich len žilnú štruktúru. Testujem zarovnanie použitím homografie. Toto zarovnanie by malo byť rýchlejšou alternatívou (v počte porovnávacích operácií) k naivnému zarovnaníu. Kompletné výsledky sú v tabuľke A.6 a v grafe A.5.

Najlepšie výsledky sú uvedené v tabuľke 6.3. Vidíme, že nedosahuje úspešnosti naivného zarovnania, ale mierne vylepšuje automatické zarovnanie žilnej štruktúry (konkrétne EER 5,83%).

6.1.4 Zhodnotenie testov verifikácie

V predchádzajúcich testoch som otestoval niekoľko porovnávacích metrík a z nich vybral 4 (Jaccard, Dice, Yule a Sokal-Sneath) pre porovnávanie bitových šablón a 2 (Sorensen, Cosine) pre celočíslíkové šablóny. Najlepšie rozmery pre vzorkovacie okná šablón sa ukazujú

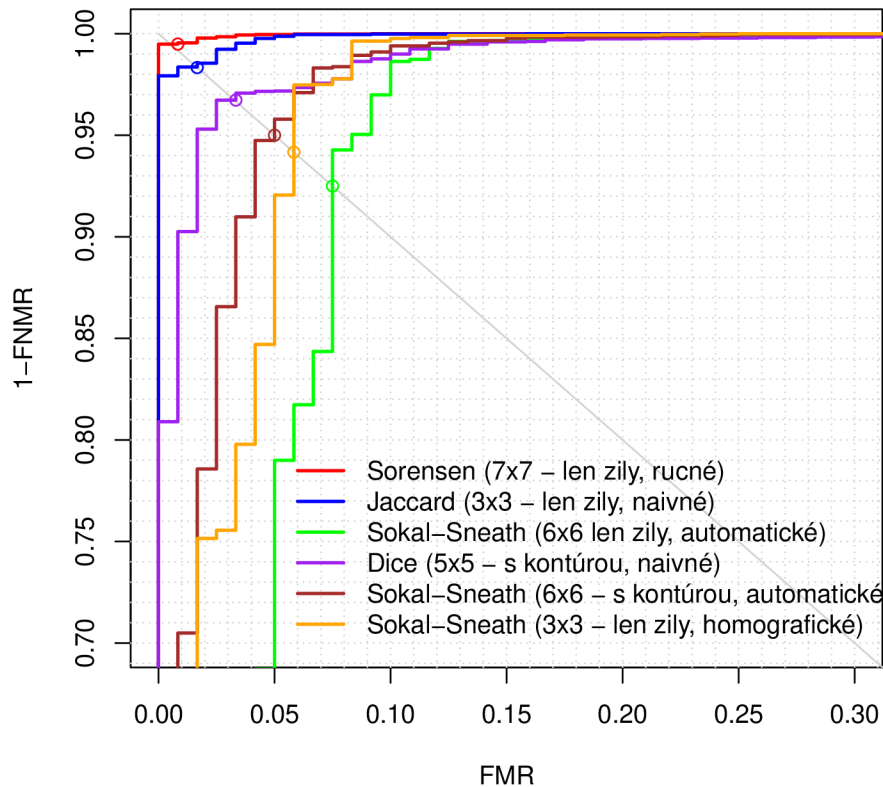
Len žily							
Zarovnanie		Jaccard	Dice	Yule	Sokal	Sorensen	Cosine
6 × 6							
žiadne	AUC	78.95%	77.84%	67.77%	79.46%	77.45%	76.97%
	EER	26.67%	27.50%	37.50%	26.67%	27.50%	28.33%
3 × 3							
naivné	AUC	99.94%	99.94%	99.50%	99.94%	99.86%	99.88%
	EER	1.66%	1.67%	4.17%	1.65%	1.67%	1.67%
6 × 6							
automatické	AUC	95.90%	95.71%	92.02%	95.99%	94.72%	94.54%
	EER	7.50%	8.33%	14.17%	7.50%	9.17%	9.17%
Žily s kontúrou							
6 × 6							
žiadne	AUC	77.57%	76.36%	71.35%	78.14%	75.90%	75.68%
	EER	27.50%	30.00%	35.83%	26.67%	29.17%	29.17%
5 × 5							
naivné	AUC	99.48%	99.46%	98.95%	99.49%	99.16%	99.18%
	EER	3.33%	3.30%	6.60%	3.33%	4.96%	4.85%
6 × 6							
automatické	AUC	98.91%	98.89%	98.35%	98.93%	98.81%	98.81%
	EER	5.00%	5.00%	5.83%	5.00%	5.83%	5.83%

Tabuľka 6.2: Najlepšie dosiahnuté výsledky zarovnaní pre vybrané porovnávacie metriky.

	Jaccard	Dice	Yule	Sokal	Sorensen	Cosine
AUC	97.80%	97.77%	96.59%	97.82%	97.80%	97.84%
EER	5.83%	5.83%	8.33%	5.83%	5.83%	5.83%

Tabuľka 6.3: Najlepšie výsledky verifikácie s homografickým zarovnaním pre vzorkovacie okno šablóny 3 × 3 a kódovanie samotnej žilnej štruktúry.

veľkosti 3×3 až 6×6 . Navrhnuté zarovňavacie metódy sa tiež ukázali ako veľmi prínosné. Najlepšie obstal naivný prístup, ktorý sa najviac priblížil výsledku ručne zarovnaných šablón (obrázok 6.1). Ďalej sa umiestnilo zarovnanie použitím homografie a po nej automatické, ktoré je možné vylepšiť pridaním kontúry prsta do šablóny.



Obr. 6.1: ROC krivky vybraných porovnávacích metrík v kombinácii s rôznym zarovnaním šablón a vzorkovacím oknom.

V porovnaní s publikovanými metódami iných autorov (stručný prehľad je uvedený v tabuľke 3.1) som dosiahol porovnateľné hodnoty EER. Zlepšenie je možné použitím viacerých vzorov na človeka. Hodnoty FMR a FNMR je možné odčítať z ROC kriviek v závislosti na tom, aké sú požiadavky užívateľa bezpečnosť systému.

6.2 Testovanie identifikácie

Po otestovaní zarovňania šablón a verifikácie som zúžil množinu porovnávacích metrík. Tie ďalej využijem k testovaniu navrhnutých identifikačných metód. Okrem toho, naznačím v testoch i možný smer zlepšenia identifikácie.

Pri testovaní oboch identifikačných metód predpokladám, že daný užívateľ je už registrovaný v databáze. Neurčujem žiaden prah pre porovnávacie skóre, identitu neznámemu vzoru priradím podľa najlepšieho skóre.

6.2.1 Test identifikácie pomocou zhlukovania

Pri nasledujúcich testoch identifikácie použijem k vytváraniu identifikačných modelov, a potom k výberu kandidátov väčší rozmer vzorkovacieho okna (konkrétne 12×12 , 15×15 a 16×16) a menší k následnému porovnávaniu (3×3 , 4×4 , 5×5 a 6×6).

Najskôr stanovím presnosť identifikácie porovnávaním neznámej šablóny so všetkými v databáze s použitím naivného zarovnania. Najlepšie skóre mi stanoví identitu neznámej šablóny.

Úspešnosť identifikácie				
Okno	Jaccard	Dice	Yule	Sokal-Sneath
3×3	99.17%	98.33%	98.33%	95.00%
4×4	99.17%	99.17%	99.17%	96.67%
5×5	99.17%	99.17%	97.50%	95.83%
6×6	97.50%	96.67%	93.33%	93.33%

Tabuľka 6.4: Výsledky identifikácie neznámej šablóny porovnávaním s celou databázou.

Výsledky v tabuľke 6.4 sú porovnateľné s výsledkami dosiahnutými totožným spôsobom uvedenými v článku [21], kde je presnosť 99,9%. Avšak je nutné dodať, že ich databáza obsahovala 5 vzorov pre jeden prst. Počet porovnaní nutných k identifikácii jednej šablóny je 80 (2 vzory pre každých 40 prstov). Podľa vzorca 4.8 som si dopočítal teoretický počet kandidátov a porovnávacích operácií pre rovnako veľkú databázu (tabuľka 6.5).

Okno [porov./ident.]	α	Počet porovnaní	Počet porovnaní vzhľadom k celej DB	Počet zhluk.	Kandidátov
$3 \times 3/12 \times 12$	0.250	9.41	11.76%	13	3.08
$4 \times 4/12 \times 12$	0.333	10.94	13.68%	11	3.64
$6 \times 6/12 \times 12$	0.500	13.38	16.73%	9	4.44
$3 \times 3/15 \times 15$	0.200	8.52	10.65%	14	2.86
$5 \times 5/15 \times 15$	0.333	10.94	13.68%	11	3.64
$4 \times 4/16 \times 16$	0.250	9.41	11.76%	13	3.08

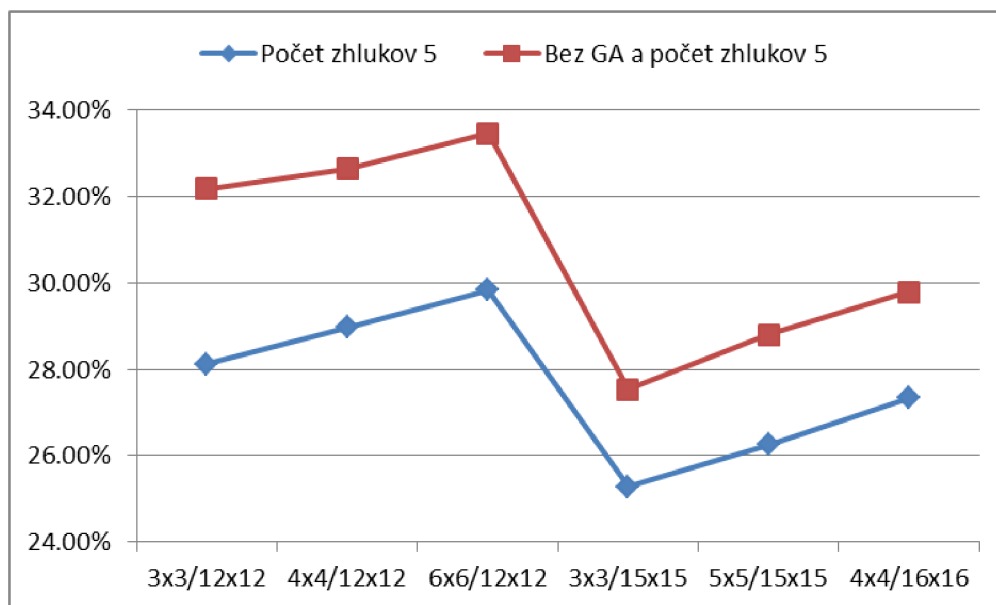
Tabuľka 6.5: Teoretické hodnoty, ku ktorým sa chceme priblížiť.

Testoval som 6 rôznych kombinácií porovnávacieho a identifikačného okna. Šablóny pri vytváraní sú zarovnané automaticky a kódovanou vlastnosťou sú žilná štruktúra a kontúra a k porovnaniu je vybraná Sorensenova metrika. Pri porovnávaní kandidátov využívame naivného zarovnania šablón vytvorených len zo žilnej štruktúry a k porovnaniu je vybraný Jaccardov koeficient. Tento výber vyplýva z výsledkov testu v podkapitolách 6.1.2, 6.1.3 a testu identifikácie prechádzaním celej databázy (tabuľka 6.4). Nastavenie parametrov GA je 5 generácií, 4 populácie, pravdepodobnosť kríženia 0,8, pravdepodobnosť mutácie 0,1, hodnota α je pomer okien (parametre jednotlivých testov sú v tabuľke A.1). Parametre GA sú vo všetkých testoch rovnaké (ak sa neuvedie inak). To isté sa týka i použitých metrik. Test sleduje správne nájdenie počtu zhlukov pre danú databázu pomocou GA a vzorca, a následne vplyv GA na zlepšenie rovnomernej distribúcie prvkov v zhlukoch.

Okno [porov./ident.]	Počet porovnaní	Počet porovnaní vzhľadom k celej DB	Počet zhlukov	Úspešnosť nájdania správneho zhluku	Úspešnosť identi- fikácie	Kandidátov
3 × 3/12 × 12	11.25	14.06%	21.36	86.27%	86.27%	2.96
4 × 4/12 × 12	13.21	16.51%	19.13	85.75%	85.68%	3.42
6 × 6/12 × 12	16.58	20.73%	16.23	86.05%	85.82%	4.23
3 × 3/15 × 15	9.852	12.32%	23.41	87.42%	87.42%	2.59
5 × 5/15 × 15	12.93	16.16%	18.32	87.28%	86.63%	3.42
4 × 4/16 × 16	11.20	14.00%	20.97	86.55%	86.42%	2.99

Tabuľka 6.6: Identifikácia pomocou GA v kombinácii s k-means (test č. 3 v tabuľke A.7).

Kompletné výsledky sú v tabuľke A.7. Úspešnosť nájdania správneho zhluku sa vo všetkých prípadoch tohto testu rovná približne 84 – 87%, následná úspešnosť správnej identifikácie sa líši len v desatinách percent. To znamená, že úspešnosť nájdania správneho zhluku je v identifikácii veľmi dôležitým faktorom. Ukázalo sa, že GA dokáže nájsť lepší počet zhlukov ako použitie vzorca 4.8. Toto sa odzrkadli na počte vybraných kandidátov, kde som sa dostal na hodnotu približne troch porovnávaných kandidátov a v celkovom počte porovnávacích operácií vzhľadom k prehľadávaniu celej databázy som sa dostal na úroveň približne 12% (tabuľka 6.6). Tak isto sa dokážem dosahovanými počtom kandidátov a porovnávacích operácií priblížiť k teoretickým uvedených v tabuľke 6.5.



Obr. 6.2: Zníženie počtu porovnávacích operácií použitím GA.

Ak budeme sledovať vplyv GA na rovnomerné rozloženie počtu prvkov v rámci zhlukov (testy 1, 3, 4 a 5 v tabuľke A.7), tak vidíme, že sa na počte kandidátov a porovnávacích operácií nijak výrazne neprejavuje. Je to tým, že počet kandidátov v rámci zhlukov je malým, čím je aj ich veľmi pravdepodobné rovnomerné rozloženie počtu prvkov v zhlukoch. Ak znížime počet zhlukov, čím zvýšime počet užívateľov v zhlukoch, vplyv GA na rovnomerne rozloženie počtu užívateľov v zhlukoch vzrastie (tabuľka A.8 a graf 6.2). Tento

test je samozrejme len ukázkou z dôvodu, že máme k dispozícii len malú databázu a sleduje rozdiel v počte porovnávacích operácií s použitím GA a bez.

V nasledujúcich testoch skúmam možnosti zlepšenia úspešnosti nájdenia správneho zhluku. Prvou možnosťou je zlepšenie zarovnania použitím ručne zarovnaných šablón (tabuľka 6.7). Momentálne nemám vymyslené iné a lepšie automatizované zarovnanie ako je spomenuté v tejto diplomovej práci, ale ručné zarovnanie nám ukáže vplyv na identifikáciu a hraničné možnosti úspešnosti navrhovanej identifikačnej metódy. Z výsledkov v tabuľke 6.7 vidíme zlepšenie úspešnosti identifikácie približne 5 – 10%, tak isto mierne zlepšenie v počte kandidátov a nutných porovnávacích operácií.

Okno [porov./ident.]	Počet porovnaní	Počet porovnaní vzhľadom k celej DB	Počet zhlukov	Úspešnosť nájdania správneho zhluku	Úspešnosť identi- fikácie	Kandidátov
3 × 3/12 × 12	10.80	13.50%	13	91.67%	91.67%	3.78
4 × 4/12 × 12	12.51	15.64%	13	95.00%	95.00%	4.09
6 × 6/12 × 12	14.55	18.19%	12.67	94.17%	94.17%	4.11
3 × 3/15 × 15	9.43	11.79%	28	97.50%	97.50%	1.92
5 × 5/15 × 15	13.20	16.50%	13	91.67%	91.67%	4.43
4 × 4/16 × 16	11.48	14.35%	18.33	92.50%	92.50%	3.45

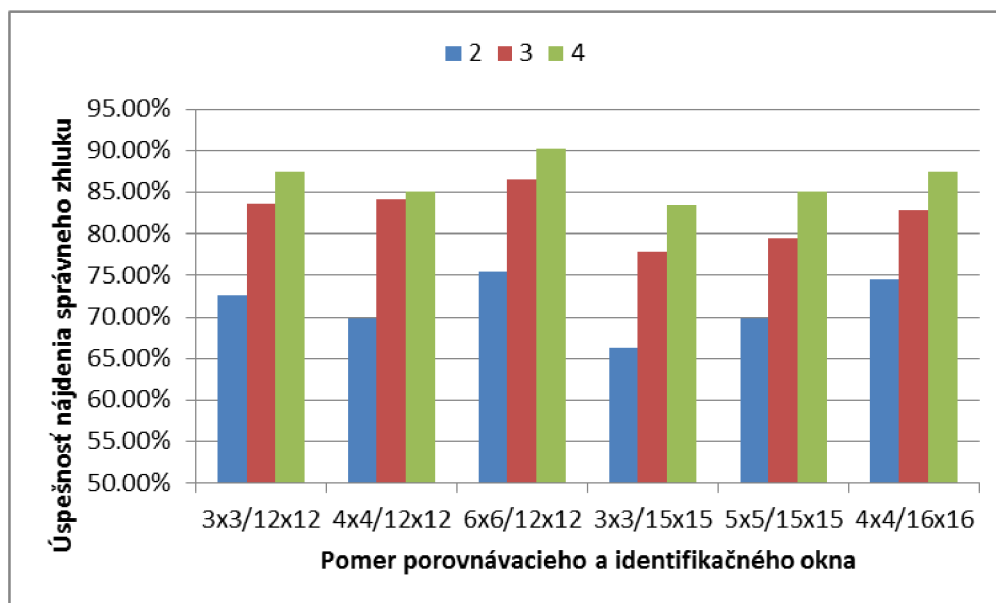
Tabuľka 6.7: Výsledky identifikácie s ručne zarovnanými šablónami (test č. 8 v tabuľke A.9).

Zvýšenie šance nájdenie správneho zhluku je možné dosiahnuť okrem zarovnania, i zvýšením počtu vzoriek na jeden prst. Ukážeme si to nasledujúcim experimentom, ku ktorému použijeme databázu zo zdroja [35]. Ide o databázu žíl prstov vytvorených výskumnou skupinou Laboratória umelej inteligencie na Pekingskej univerzite (AI Lab of Peking University). Na ich stránkach je voľne dostupná databáza 20 prstov (pre každý prst 8 vzoriek).

Počet vzoriek	2	3	4
Okno [porov./ident.]	Hit rate		
3 × 3/12 × 12	72.52%	83.63%	87.48%
4 × 4/12 × 12	69.87%	84.13%	85.04%
6 × 6/12 × 12	75.40%	86.50%	90.16%
3 × 3/15 × 15	66.33%	77.82%	83.54%
5 × 5/15 × 15	69.90%	79.45%	85.16%
4 × 4/16 × 16	74.50%	82.90%	87.54%

Tabuľka 6.8: Test na zvýšenie úspešnosti nájdenia správneho zhluku zvýšením počtu vzoriek pre jeden prst.

Jednotlivé obrazy žíl v prstoch boli zachytené iným zariadením, pre aký bol vyvíjaný postup predspracovania a stencovania žíl nami použitý algoritmus [12]. Z toho dôvodu sa hodnoty úspešnosti môžu a budú líšiť, ale pre nás je dôležité sledovať smer zmeny úspešnosti trafenia správneho zhluku s narastajúcim počtom vzoriek pre jeden prst. Z tabuľky 6.8 a grafu 6.3 je vidieť, že so zvyšujúcim počtom vzoriek pre jeden prst sa zvýši aj úspešnosť



Obr. 6.3: Rozdiel v úspešnosti nájdenia správneho zhluku s narastajúcim počtom vzoriek pre jeden prst.

nájdenia správneho zhluku.

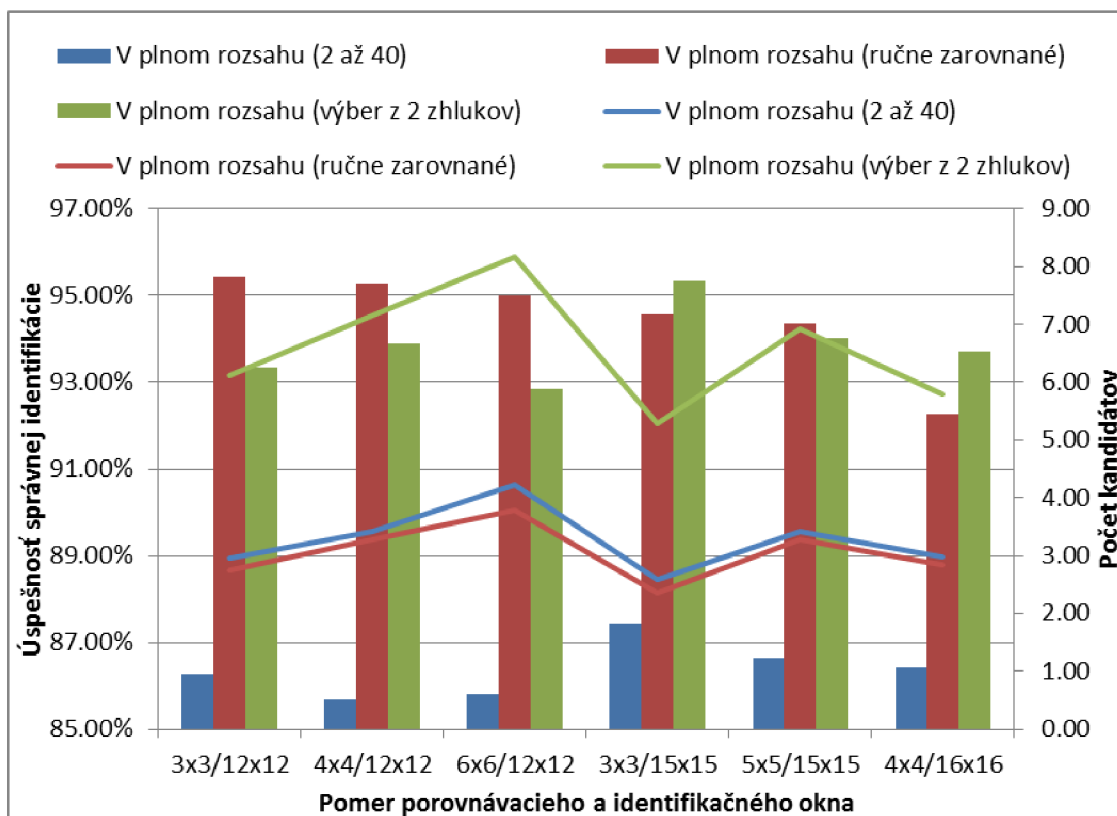
Ďalšou možnosťou ako zvýšiť úroveň identifikácie je vyberať kandidátov z viacerých zhlukov. Toto bolo náplňou nasledujúceho testu, kde sa menil počet zhlukov určených k prehľadávaniu.

Okno [porov./ident.]	Počet porovnaní	Počet porovnaní vzhľadom k celej DB	Počet zhlukov	Úspešnosť nájdenia správneho zhluku	Úspešnosť identi- fikácie	Kandidátov
3 × 3/12 × 12	17.55	21.94%	21.29	93.33%	93.33%	6.12
4 × 4/12 × 12	20.52	25.65%	18.62	94.07%	93.88%	7.16
6 × 6/12 × 12	24.52	30.65%	16.33	93.50%	92.83%	8.18
3 × 3/15 × 15	15.18	18.98%	22.97	95.32%	95.32%	5.29
5 × 5/15 × 15	19.82	24.78%	17.89	95.62%	94.02%	6.93
4 × 4/16 × 16	17.03	21.29%	21.72	93.82%	93.70%	5.80

Tabuľka 6.9: Výsledky identifikácie s výberom kandidátov z dvoch zhlukov (test č. 9 v tabuľke A.9).

Výberom kandidátov z 2 zhlukov (dva najbližšie k nášmu neznámemu vzoru) pri rovnakých podmienkach ako v teste č. 3 (tabuľka 6.6) sa úspešnosť správnej identifikácie zvýšila o 7 – 8%, avšak počet kandidátov sa pochopiteľne zdvojnásobil, čo sa odrazilo aj na počte nutných porovnávacích operácií. Grafické porovnanie navrhutej metódy a jej vylepšení je na obrázku 6.4.

Test na chovanie identifikačného modelu po pridaní nových užívateľov som nevykonával vzhľadom na už spomínaný malý rozsah testovacej databázy. Testy by prebiehali približne nasledovne, najskôr by sa skúmal vplyv pridaní nových užívateľov na vlastnosti identifikačného modelu. Ďalej vplyv po opätovnom spustení k-means nad rozšírenou databázou.



Obr. 6.4: Grafické znázornenie efektu vylepšení vzhľadom k úspešnosti identifikácie a počtu kandidátov.

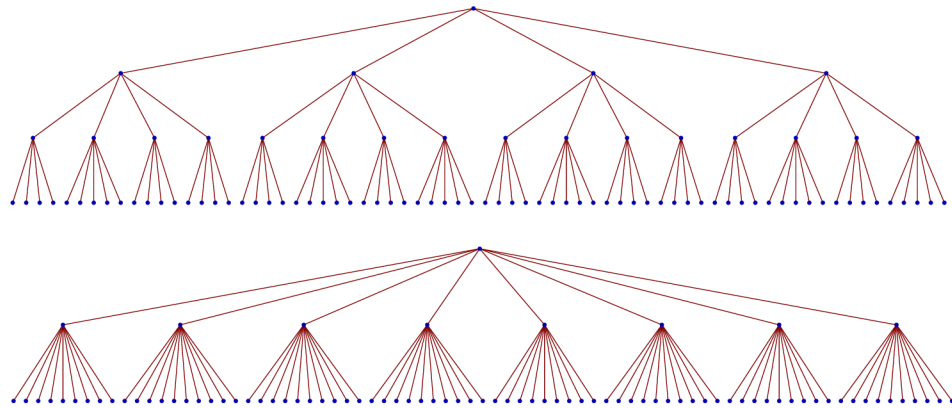
Výsledkom oboch testov by malo byť rozhodnutie o hodnote prahov, po ktorých prekročení by sa spustilo znova zhlukovanie resp. GA so zhlukovaním.

6.2.2 Test identifikácie pomocou vytvorenia stromu

Na začiatku je treba si zvoliť parametre, ktoré definujú tvar výsledného stromu. To znamená zvoliť si počet v pivotov vo vnútorných uzloch, na koľko častí m delí položky jeden pivot (implikuje počet m^v potomkov uzla) a počet f položiek uložených v listovom uzle.

Testoval som dve rôzne výsledné stromové štruktúry, ktorých grafickú podobu je možné vidieť na obrázku 6.5 (presné parametre oboch stromov sú v tabuľke A.2). Výsledky sú opäť v dodatku A v tabuľke A.10. Tak isto sa testoval vplyv použitia troch polomerov vzhľadom k jednému (test 1. a 2., resp. 3. a 4. v tabuľke A.10) Tak isto je možné pozorovať správnosť nastavenia polomerov vzhľadom k štruktúre výsledného stromu (testy 1. – 5. v tabuľke A.10).

Stromové štruktúry boli volené tak, aby pri prechádzaní stromom odpadalo čo najviac vetiev stromu. Hľadanie vhodných polomerov prebiehalo tak, že všetky tri polomery sa nastavujú na plný rozsah (tj. v našom prípade 1), a potom sa postupne znižovala hodnota prvého polomeru, pokiaľ nám vyhovovala výsledná úspešnosť a počet nutných porovnávacích operácií. Takto sme ďalej pokračovali s druhým a tretím polomerom. Z pozorovania vyplynulo, že tretí polomer je možné nastaviť podľa rozsahu dosahovaných porovnávacích skóre pre šablóny totožného prstu. Vzájomný vzťah týchto troch polomerov je: $r_1 < r_2 < r_3$.



Obr. 6.5: Grafické znázornenie výsledného MVP-stromu na testovacej databáze pre rôzne parametre: $m = 2$, $v = 2$ a $f = 18$ (hore), $m = 2$, $v = 3$ a $f = 18$ (dole).

Okno [porov./ident.]	Počet porov- naní	Počet porov- naní vzhľadom k celej DB	Úspešnosť nájdania správneho zhľuku	Úspešnosť identi- fikácie	Kandidátov
$3 \times 3/12 \times 12$	11.55	14.43%	88.72%	88.72%	1.53
$4 \times 4/12 \times 12$	14.56	18.20%	88.63%	88.63%	1.53
$6 \times 6/12 \times 12$	19.86	24.82%	88.67%	88.67%	1.53
$3 \times 3/15 \times 15$	10.60	13.25%	91.17%	91.17%	2.15
$5 \times 5/15 \times 15$	14.85	18.56%	90.95%	89.62%	2.15
$4 \times 4/16 \times 16$	12.17	15.21%	90.32%	90.32%	2.59

Tabuľka 6.10: Výsledky 1. testu (parametre testu v tabuľke A.2), ktorý dopadol najlepšie vzhľadom na presnosť identifikácie a počet nutných porovnávacích operácií.

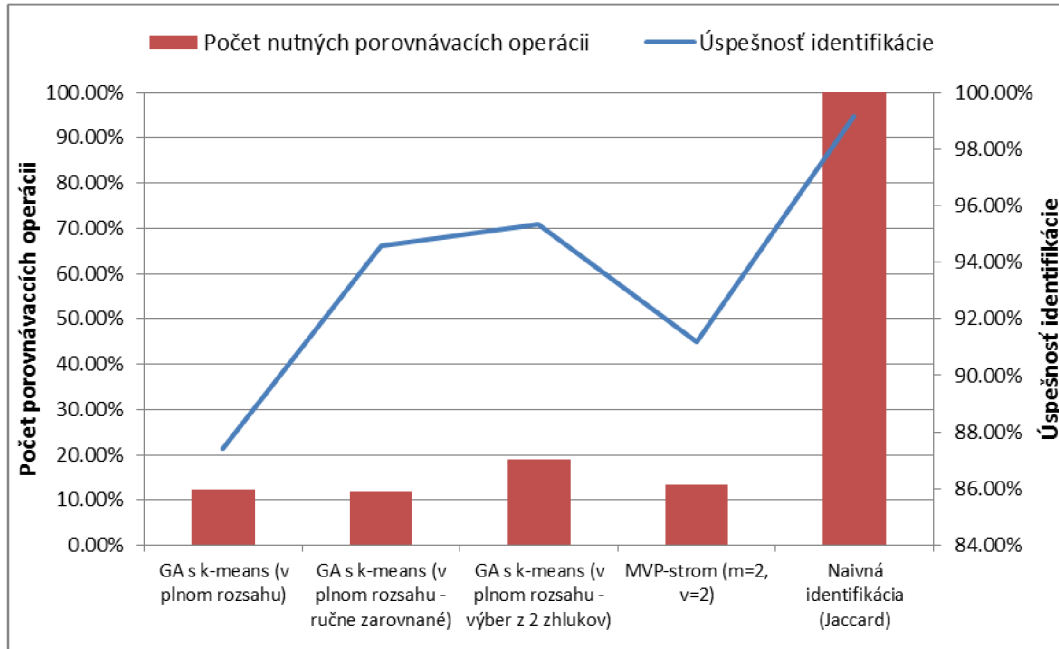
Volil som hodnoty polomerov tak, aby sa počet porovnávacích operácií, resp. počet kandidátov približoval k hodnotám identifikácie pomocou GA s k-means (testu v tabuľke 6.6). Úspešnosť bola pri tejto identifikácii mierne vyššia – približne 88 – 91%. Zvýšenie presnosti je možné zväčšením polomerov vyhľadávania, čo však ovplyvní aj počet porovnávacích operácií.

6.2.3 Zhodnotenie testov identifikácie a prínos v rozpoznávaní podľa žíl

Otestoval som dve navrhnuté identifikačné metódy. Tolerujem určitý pokles identifikačnej schopnosti vzhľadom na ušetrný výpočtový čas v porovnaní s lineárnym vyhľadávaním v databáze (naivná identifikácia v tabuľke 6.4). Tak isto som navrhol a otestoval možné vylepšenia identifikačnej schopnosti.

V porovnaní s jedinou nájdenou metódou [21] (tabuľka 3.2) je úspešnosť identifikácie mojimi navrhovanými metódami o 3 – 10% horšia. Taktiež počet kandidátov percentuálne prepočítaných na veľkosť databáze je horší (môj počet je 7,5 – 17,5%). Avšak podľa vzorca

4.8 pre rovnomerne rozloženie prvkov v priestore by mi pre rovnako veľkú databázu vychádzalo 0,4% kandidátov, čím sa už dostávam na rovnakú hranicu (a pri teste sa ukázalo, že je možné sa k tejto hranici priblížiť aj na reálnych dátach). Tak isto ich databáza obsahovala päť vzoriek pre jeden prst. Ukázal som v testoch, že väčší počet vzoriek zvyšuje presnosť identifikácie.



Obr. 6.6: Porovnanie výsledkov navrhnutých identifikačných metód (vzorkovacie okno: $3 \times 3/15 \times 15$).

Nevýhodou metódy založenej na GA s k-means je značná náročnosť vytvárania identifikačného modelu, ktorá z rastúcou veľkosťou databázy rapídne rastie. Naopak výhodou, ktorá sa prejavuje s rastúcou databázou je, že počet nutných porovnávacích operácií v percentuálnom vyjadrení klesá. Tak isto po vytvorení je možné presne určiť maximálny a minimálny počet porovnávacích operácií (odvoditeľné od počtu zhhlukov a počtu prvkov v zhlukoch).

Nevýhodou metódy založenej na vyhľadávaní v MVP-strome je možnosť prehľadania celého stromu. Toto sa dá čiastočne ovplyvniť nastavením polomerov vyhľadávania, alebo vhodným zvolením štruktúry stromu. Obe avšak môžu ovplyvniť presnosť identifikácie. Pri testovaní som však pri rovnakom počte porovnávacích operácií dosiaholi o čosi vyššiu presnosť ako pri GA s k-means. Výhodou je nižšia výpočtová náročnosť pri vytváraní indexového stromu.

Pri rozdeľovaní prvkov do zhhlukov pomocou k-means je treba $O(ikn)$ porovnávacích operácií (viď podkapitola 4.5.1). Pri použití s GA je ešte tento počet násobený veľkosťou populácie a počtom generácií. Vytváranie stromu vyžaduje pri jednom konštrukčnom kroku $O(n \log_m n)$ porovnávacích výpočtov.

Kapitola 7

Záver

Cieľom tejto diplomovej práce bolo naštudovať patričnú literatúru týkajúcu sa princípov biometrických systémov a následne špecifikácie systémov rozpoznávania osôb podľa žilného riečiska. Podľa získaných informácií ďalej navrhnuť novú alebo upraviť stávajúcu metódu rozpoznávania ľudí podľa žíl v prste. Práca je hlavne zameraná na návrh šablóny žíl prsta, extrakciu informácie zo snímku k vytvoreniu šablóny, jej porovnávaníu, ukladaniu do databáze a kategorizáciu v rámci databáze k rýchlej identifikácii. Následnou nosnou časťou je testovanie implementovaných navrhnutých metód.

Čitateľ tohto textu by mal získať celkový prehľad o problematike a aktuálnej technológii v oblasti biometrie. Ďalej bol oboznámený s návrhom a testovaním nových metód rozpoznávania podľa žíl v prste. Práca nadväzuje na výskum skupiny STRaDe a ich vývoj zariadenia na snímanie žíl v prste. K návrhu využíva už navrhnutý postup predspracovania vstupného obrazu krvného riečiska.

Navrhli sme a otestovali metódu verifikácie založenú porovnávaním šablón v podobe bitových resp. celočíselných vektorov spolu s zarovnávacími postupmi. Cieľom bolo dosiahnuť veľmi nízku hodnotu EER (1,65%). Otestovali sme rôzne metriky výpočtu podobností, avšak na jasné rozhodnutie pre výber najlepšej je nutná väčšia databáza. Postup obstál aj v porovnaní s už publikovanými metódami.

Ďalej sme navrhli dve identifikačné metódy s úspešnosťou správnej identifikácie okolo 90%. S týmto sme sa neuspokojili a prišli s ďalšími vylepšeniami, ktoré posunuli úspešnosť až na 95%, pričom počet vybraných kandidátov sa pohyboval na úrovni 2 až 4 zo 40 užívateľov v databáze. Metóda založená na GA s k-means dáva predpoklad pre lepšie výsledky (ušetrené porovnávacie výpočty pri identifikácii) so zväčšujúcou sa databázou. Lenže kvôli značnej náročnosti pri vytváraní identifikačného modelu je obmedzené jej reálne využitie. Možnosť zníženia náročnosti ponúkajú optimalizované algoritmy zhlukovania podobné k-means. Využiteľnejšou variantou identifikácie vzhľadom na náročnosť vytvorenia identifikačného modelu sa preto ukazujú indexové stromy.

Okrem toho sme ukázali, akým spôsobom postupovať pri ďalšom testovaní na väčšej množine dát a naznačili niektoré ďalšie možnosti zlepšenia. Výsledky tejto práce boli prezentované na študentskej súťažnej konferencii STUDENT EEICT 2011 a publikované v článku s názvom Human Recognition by Finger Veins. Tento príspevok bol ocenený tretím miestom v kategórii Inteligentné systémy v rámci tejto súťaže.

Literatúra

- [1] Dražanský, M.: *Biometrické systémy : Studijní opora*. FIT VUT v Brně, 2006 [cit. 2011-01-26], 131 s.
- [2] Li, S. Z.: *Encyclopedia of Biometrics*. Springer Publishing Company, Incorporated, první vydání, 2009, ISBN 0387730028, 9780387730028, 1433 s.
- [3] The Biometric Evaluation Methodology Working Group: Common Criteria : Common Methodology for Information Technology Security Evaluation [online]. Dostupné na WWW: http://www.cesg.gov.uk/policy_technologies/biometrics/media/bem_10.pdf, August 2002 [cit. 2010-11-24].
- [4] Mansfield, A. J.; Wayman, J. L.: Best Practices in Testing and Reporting Performance of Biometric Devices. 2002, ISSN 1471-0005.
- [5] Ratha, N. K.; Connell, J. H.; Bolle, R. M.: Enhancing security and privacy in biometrics-based authentication systems. *IBM Syst. J.*, ročník 40, Marec 2001: s. 614–634, ISSN 0018-8670.
- [6] Roberts, C. M.: Biometric Attack Vectors and Defence. *Computers & Security*, ročník 26, č. 1, Február 2007: s. 14–25.
- [7] Luo, H., et al.: A Survey of Vein Recognition Techniques. *International Technology Journal*, ročník 9, č. 6, December 2009: s. 1142–1149.
- [8] Wikipedia : Slobodná encyklopédia [online]. Dostupné na WWW: <http://www.wikipedia.org>.
- [9] Norman, W.: The Study of the Upper Limb & Back : Veins of the Hand [online]. Dostupné na WWW: <http://home.comcast.net/~wnor/lesson5veinsofhand.htm>, 1999 [cit. 2010-12-20].
- [10] Pandošćák, M.; Orság, F.; Dražanský M.: Biometrics Systems Performance Testing – Vein Technology [online]. Dostupné na WWW: <http://www.feec.vutbr.cz/EEICT/2009/sbornik/01-Bakalarske%20projekty/01-Elektronika%20a%20komunikace/11-xpando00.pdf>, 2010 [cit. 2010-11-24].
- [11] Sakhalkar, D.: Finger Vein Authentication Technique - A Fast and Highly Secure Approach for Customer Authentication [online]. Dostupné na WWW: http://www.cognizant.com/html/content/bluepapers/Finger_Vein_Authentication_technique.pdf, 2009 [cit. 2010-12-20].

- [12] Hejtmánková, D.; Dvořák, R.; Dražanský, M.; Orság, F.: A New Method of Finger Veins Detection. *International Journal of Bio-Science and Bio-Technology*, ročník 1, č. 1, December 2009: s. 11–16.
- [13] Kang, B. J.; Park, K. R.: Multimodal Biometric Authentication Based on the Fusion of Finger Vein and Finger Geometry. *Optical Engineering*, ročník 48, č. 9, September 2009: s. 1–3.
- [14] Yang, W.; Yu, X.; Liao, Q.: Personal Authentication Using Finger Vein Pattern and Finger-dorsa Texture Fusion. 2009: s. 905–908.
- [15] Hashimoto, J.: Finger Vein Authentication Technology and Its Future. *VLSI Circuits*, 2006: s. 5–8.
- [16] Riley, C.; McCracken, H.; Buckner, K.: Fingers, Veins and the Grey Pound: Accessibility of Biometric Technology. 2007: s. 149–152.
- [17] Yu, C. B., et al.: Finger-vein Image Recognition Combining Modified Hausdorff Distance with Minutiae Feature Matching. *Interdisciplinary Sciences: Computational Life Sciences*, ročník 1, č. 4, 2009: s. 280–289.
- [18] Ding, Y.; Zhuang, D.; Wang, K.: A Study of Hand Vein Recognition Method. *Proceedings of the IEEE International Conference on Mechatronics & Automation*, ročník 4, č. 1, 2005: s. 2106–2110.
- [19] Miura, N.; Nagasaka, A.; Miyatake, T.: Feature Extraction of Finger-vein Patterns Based on Repeated Line Tracking and its Application to Personal Identification. *Machine Vision and Applications*, ročník 15, October 2004: s. 194–203, ISSN 0932-8092.
- [20] Szalayová, L.: *Rozpoznávání žil prstů lidské ruky*. Diplomová práce, FIT VUT v Brně, 2010.
- [21] Tang, D.; Huang, B.; Li, R.; Li, W.: A Person Retrieval Solution Using Finger Vein Patterns. In *Proceedings of the 2010 20th International Conference on Pattern Recognition*, ICPR '10, Washington, DC, USA: IEEE Computer Society, 2010, ISBN 978-0-7695-4109-9, s. 1306–1309.
- [22] Beneda, M.: Homografie a epipolární geometrie [online]. Dostupné na WWW: <http://trilobit.fai.utb.cz/homografie-a-epipolarni-geometrie>, 2010 [cit. 2011-04-14], ISSN 1804-1795.
- [23] Choi, S. S.; Cha, S. H.; Tappert, Ch. C.: A Survey of Binary Similarity and Distance Measures. *Journal of Systemics, Cybernetics and Informatics*, ročník 8, č. 1, 2010: s. 43–48, ISSN 1690-4524.
- [24] Zhang, B.; Srihari, S. N.: Binary Vector Dissimilarity Measures for Handwriting Identification. *Document Recognition and Retrieval X*, ročník 5010, č. 1, 2003: s. 28–38.
- [25] Bozkaya, T.; Ozsoyoglu, M.: Indexing Large Metric Spaces for Similarity Search Queries. *ACM Trans. Database Syst.*, ročník 24, September 1999: s. 361–404, ISSN 0362-5915.

- [26] Yianilos, P. N.: Data Structures and Algorithms for Nearest Neighbor Search in General Metric Spaces. In *Proceedings of the fourth annual ACM-SIAM Symposium on Discrete algorithms*, SODA '93, Philadelphia, PA, USA: Society for Industrial and Applied Mathematics, 1993, ISBN 0-89871-313-7, s. 311–321.
- [27] Research, W.: Wolfram Mathematica - Wolfram Mathematica 8 Documentation. Dostupné na WWW: <http://reference.wolfram.com/mathematica/guide/Mathematica.html>, 2011 [cit. 2011-04-17].
- [28] Zbořil, F. V.: Soft Computing: Presentace přednášek [online]. 2010.
- [29] Zemčík, P. a kol.: Počítačové vidění: Presentace přednášek [online]. 2010.
- [30] Schwarz, J. a kol.: Aplikované evoluční algoritmy: Presentace přednášek [online]. 2009.
- [31] Bradski, G.: The OpenCV Library. *Dr. Dobb's Journal of Software Tools*, 2000.
- [32] GALib: Matthew's C++ Genetic Algorithms Library. Dostupné na WWW: <http://lancet.mit.edu/ga/>, 2011 [cit. 2011-05-03].
- [33] Gentleman, R., R.; Ihaka: The R Project for Statistical Computing. Dostupné na WWW: <http://www.r-project.org/>, 2011 [cit. 2011-04-21].
- [34] GIMP - The GNU Image Manipulation Program. Dostupné na WWW: <http://www.gimp.org/>, 2011 [cit. 2011-05-03].
- [35] Recognition Algorithm Test Engine - AI Lab of Peking University - PKU Finger Vein Database (V4). Dostupné na WWW: <http://rate.pku.edu.cn/RATE/showdatabase?database=1017>, 2011 [cit. 2011-04-21].

Dodatok A

Výsledky testov

Nasledujúce stránky obsahujú tabuľky a grafy s výsledkami testov vykonanými v kapitole 6. Tabuľky sú pomerne rozsiahla, a preto v samotnom texte sú len tabuľky s najlepšimi výsledkami, prípadne s takými čo stoja za pozornosť.

Parametre GA										
pravd. mutácie										0.8
pravd. kríženia										0.1
poč. jedincov										4
poč. generácii										5
max. poč. iterácii k-means										20
bit. metrika										Jaccard
celočís. metrika										Sorensen
zarov. pri výbere kandid.										automatické
zarov. pri porovnávaní kandid.										naivné

Okno	α	Test (min. k – max. k)								
		1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8. ¹	9.
$3 \times 3/12 \times 12$	0.250	18 – 18	2 – 40	18 – 18	29 – 29	29 – 29	5 – 5	5 – 5	2 – 40	2 – 40
$4 \times 4/12 \times 12$	0.333	15 – 15	2 – 40	15 – 15	25 – 25	25 – 25	5 – 5	5 – 5	2 – 40	2 – 40
$6 \times 6/12 \times 12$	0.500	13 – 13	2 – 40	13 – 13	21 – 21	21 – 21	5 – 5	5 – 5	2 – 40	2 – 40
$3 \times 3/15 \times 15$	0.200	20 – 20	2 – 40	20 – 20	31 – 31	31 – 31	5 – 5	5 – 5	2 – 40	2 – 40
$5 \times 5/15 \times 15$	0.333	15 – 15	2 – 40	15 – 15	26 – 26	26 – 26	5 – 5	5 – 5	2 – 40	2 – 40
$4 \times 4/16 \times 16$	0.250	18 – 18	2 – 40	18 – 18	29 – 29	29 – 29	5 – 5	5 – 5	2 – 40	2 – 40
GA?		áno	áno	nie	áno	nie	áno	nie	áno	áno

Tabuľka A.1: Parametre testov identifikácie pomocou k-means v kombinácii s GA.

¹V tomto teste boli pri výbere kandidátov použité ručne zarovnané šablóny.

Param. 1. MVP stromu		Okno	Test (polomer1/polomer2/polomer3)	
			1.	2.
<i>m</i>	2	$3 \times 3/12 \times 12$	(0.07/0.12/0.26)	(0.26/0.26/0.26)
<i>v</i>	2	$4 \times 4/12 \times 12$	(0.07/0.12/0.26)	(0.26/0.26/0.26)
<i>p</i>	15	$6 \times 6/12 \times 12$	(0.07/0.12/0.26)	(0.26/0.26/0.26)
<i>f</i>	18	$3 \times 3/15 \times 15$	(0.06/0.12/0.23)	(0.23/0.23/0.23)
bit. metrika	Jaccard	$5 \times 5/15 \times 15$	(0.06/0.12/0.23)	(0.23/0.23/0.23)
celočís. metrika	Sorensen	$4 \times 4/16 \times 16$	(0.05/0.11/0.23)	(0.23/0.23/0.23)
zarovnanie pri výbere kandidátov	automatické			
zarovnanie pri porovnávaní kandidátov	naivné			

Param. 2. MVP stromu		Okno	Test (polomer1/polomer2/polomer3)		
			3.	4.	5.
<i>m</i>	2	$3 \times 3/12 \times 12$	(0.07/0.12/0.26)	(0.26/0.26/0.26)	(0.09,0.18,0.26)
<i>v</i>	3	$4 \times 4/12 \times 12$	(0.07/0.12/0.26)	(0.26/0.26/0.26)	(0.09,0.18,0.26)
<i>p</i>	15	$6 \times 6/12 \times 12$	(0.07/0.12/0.26)	(0.26/0.26/0.26)	(0.09,0.18,0.26)
<i>f</i>	18	$3 \times 3/15 \times 15$	(0.06/0.12/0.23)	(0.23/0.23/0.23)	(0.08,0.16,0.23)
bit. metrika	Jaccard	$5 \times 5/15 \times 15$	(0.06/0.12/0.23)	(0.23/0.23/0.23)	(0.08,0.16,0.23)
celočís. metrika	Sorensen	$4 \times 4/16 \times 16$	(0.05/0.11/0.23)	(0.23/0.23/0.23)	(0.07,0.15,0.23)
zarovnanie pri výbere kandidátov	automatické				
zarovnanie pri porovnávaní kandidátov	naivné				

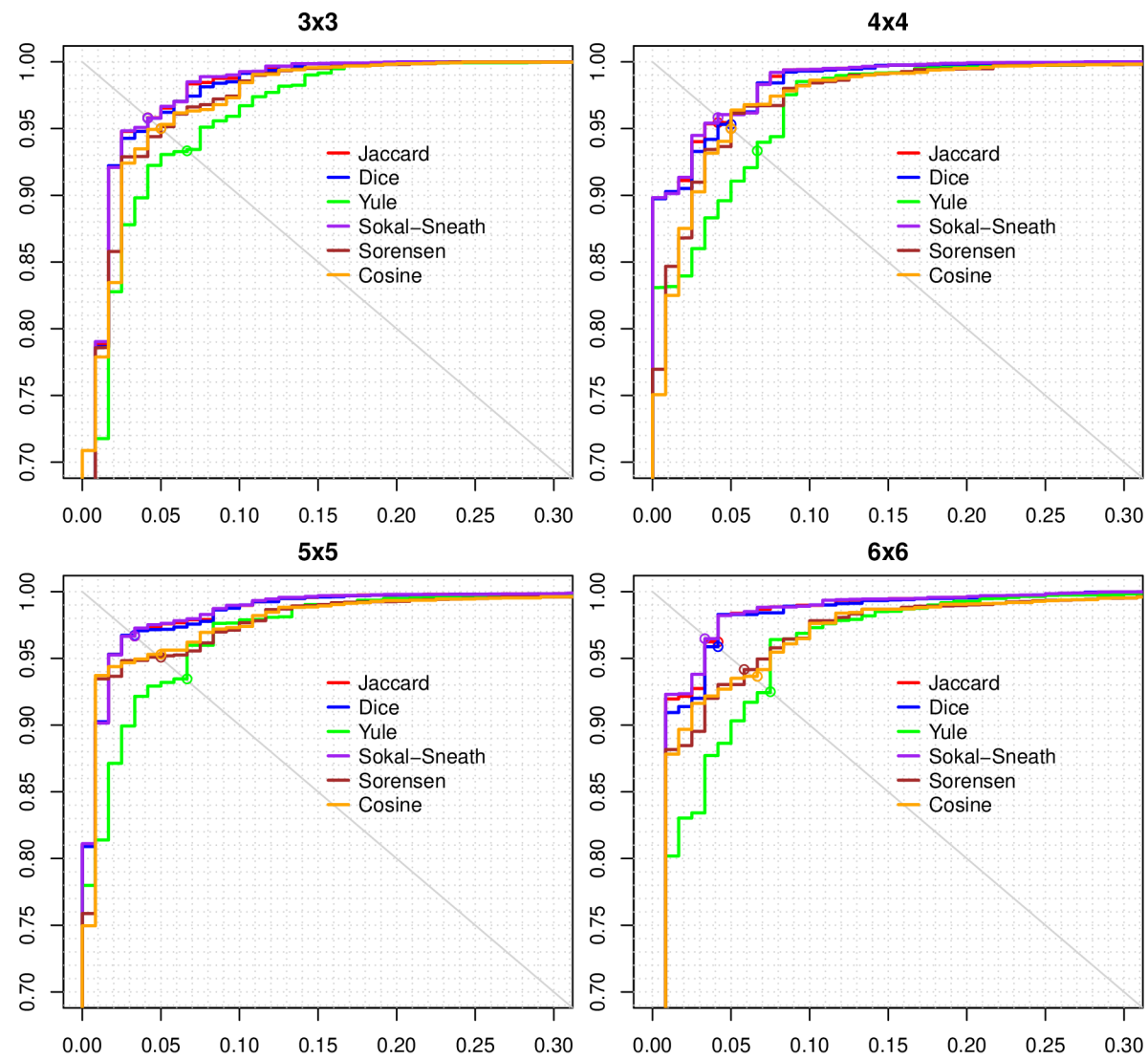
Tabuľka A.2: Parametre testov identifikácie pomocou MVP stromu.

		Miery nepodobnosti						Vzdialenosti				
		Simple	Jaccard	Dice	Yule	Rogers	Sokal	Euklid	CityBlock	Canberra	Sorensen	Cosine
3×3	AUC	96.0942%	99.8924%	99.8876%	99.9842%	96.1262%	99.8958%	87.1299%	91.1624%	92.9785%	99.9491%	99.9290%
	EER	8.3333%	0.8654%	0.8654%	0.8333%	8.3333%	0.8547%	16.6667%	11.6667%	11.6667%	0.8333%	0.9188%
4×4	AUC	98.9281%	99.9274%	99.9247%	99.9760%	98.9468%	99.9290%	88.0230%	91.4644%	95.9068%	99.9742%	99.9614%
	EER	4.9893%	0.9081%	0.9188%	0.7906%	4.9893%	0.9081%	15.0000%	10.8120%	10.0000%	0.8333%	0.8654%
5×5	AUC	99.6197%	99.9339%	99.9313%	99.9708%	99.6287%	99.9363%	88.0735%	91.5848%	98.0361%	99.9815%	99.9715%
	EER	4.2094%	0.8654%	0.8761%	0.8333%	4.1667%	0.8654%	15.0000%	10.7265%	8.3974%	0.8333%	0.8333%
6×6	AUC	99.8291%	99.9402%	99.9370%	99.9667%	99.8355%	99.9428%	88.1419%	91.7292%	99.2139%	99.9874%	99.9847%
	EER	3.3120%	0.8333%	0.8333%	0.9295%	3.3333%	0.8333%	13.3333%	9.9679%	5.6838%	0.7265%	0.7585%
7×7	AUC	99.8058%	99.9119%	99.9071%	99.9290%	99.8151%	99.9152%	88.4558%	91.7916%	99.3817%	99.9870%	99.9806%
	EER	2.5000%	0.9188%	0.9295%	1.6667%	2.5000%	0.9081%	15.8654%	9.9893%	4.1667%	0.6731%	0.7479%
8×8	AUC	99.7365%	99.9525%	99.9482%	99.9256%	99.7468%	99.9550%	87.7861%	91.7315%	99.3049%	99.9799%	99.9786%
	EER	2.4573%	0.8654%	0.8761%	1.6667%	2.5107%	0.8654%	16.7735%	10.8226%	4.0385%	0.8333%	0.8333%
9×9	AUC	99.7598%	99.8819%	99.8777%	99.8787%	99.7672%	99.8875%	87.1789%	91.7240%	99.6284%	99.9548%	99.9306%
	EER	1.9231%	1.6667%	1.6667%	1.6667%	1.7735%	1.6667%	16.8269%	10.8440%	2.5000%	0.8333%	0.8333%
10×10	AUC	99.5557%	99.9041%	99.8989%	99.7997%	99.5711%	99.9079%	87.3486%	91.6782%	99.2572%	99.9476%	99.9313%
	EER	3.2692%	1.0256%	1.0256%	2.3397%	3.3333%	0.9936%	17.4252%	10.8226%	4.1880%	0.8333%	0.9081%

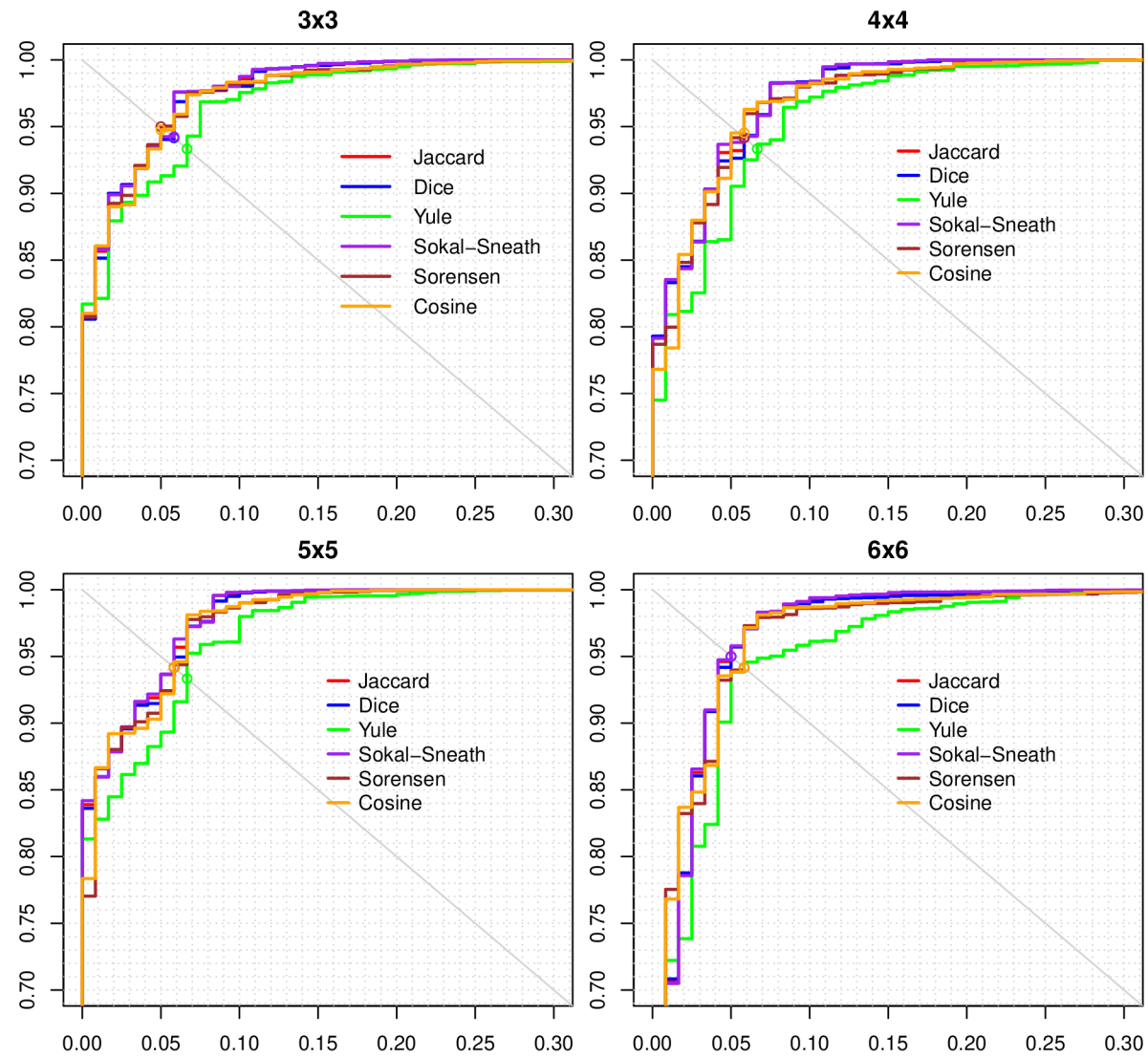
Tabuľka A.3: Výsledky testov zameraných na nájdenie optimálnej veľkosti vzorkovacieho okna ($3 \times 3 - 10 \times 10$) a vhodnej metódy porovnania ručne zarovnaných šablón.

Zarovnanie		Žily s kontúrou					
		Jaccard	Dice	Yule	Sokal	Sorensen	Cosine
3×3							
žiadne	AUC	72.0472%	71.4314%	63.6527%	72.3435%	70.8149%	70.5981%
	EER	29.1667%	30.0000%	40.0000%	29.1667%	30.0000%	30.8333%
naivné	AUC	99.1902%	99.1636%	98.5301%	99.2067%	99.0323%	99.0304%
	EER	4.1774%	4.1880%	6.6667%	4.1880%	5.0000%	5.0000%
automatické	AUC	99.2450%	99.2242%	98.9302%	99.2530%	99.1622%	99.1528%
	EER	5.8120%	5.8333%	6.6667%	5.7906%	5.0000%	5.1175%
4×4							
žiadne	AUC	73.5174%	72.8177%	66.3827%	73.8453%	71.9348%	71.7236%
	EER	30.8333%	31.6667%	37.5000%	30.8333%	30.8333%	30.8333%
naivné	AUC	99.4979%	99.4656%	98.9059%	99.5144%	99.1110%	99.0860%
	EER	4.3590%	4.8397%	6.6667%	4.1667%	5.0000%	5.0000%
automatické	AUC	99.0926%	99.0804%	98.6245%	99.1038%	98.9882%	98.9786%
	EER	5.8333%	5.8333%	6.6667%	5.8333%	5.8333%	5.6517%
5×5							
žiadne	AUC	75.1873%	74.3011%	68.0734%	75.5873%	73.3383%	73.1211%
	EER	30.0000%	30.0000%	37.5000%	30.0000%	30.0000%	30.6944%
naivné	AUC	99.4760%	99.4576%	98.9516%	99.4902%	99.1588%	99.1807%
	EER	3.3333%	3.3013%	6.6026%	3.3333%	4.9573%	4.8504%
automatické	AUC	99.2787%	99.2584%	98.8503%	99.2924%	99.1421%	99.1624%
	EER	5.8333%	5.8333%	6.6667%	5.8333%	5.8333%	5.8333%
6×6							
žiadne	AUC	77.5711%	76.3630%	71.3454%	78.1392%	75.9003%	75.6807%
	EER	27.5000%	30.0000%	35.8333%	26.6667%	29.1667%	29.1667%
naivné	AUC	99.0646%	99.0256%	98.1506%	99.0889%	98.5640%	98.5814%
	EER	3.9637%	4.1453%	7.5000%	3.4295%	5.8333%	6.5064%
automatické	AUC	98.9131%	98.8905%	98.3535%	98.9265%	98.8084%	98.8103%
	EER	5.0000%	5.0000%	5.8333%	5.0000%	5.8333%	5.8333%

Tabuľka A.4: Výsledky testov zameraných na rôzne zarovnanie a pridanie kontúry ako vlastnosti do šablóny.



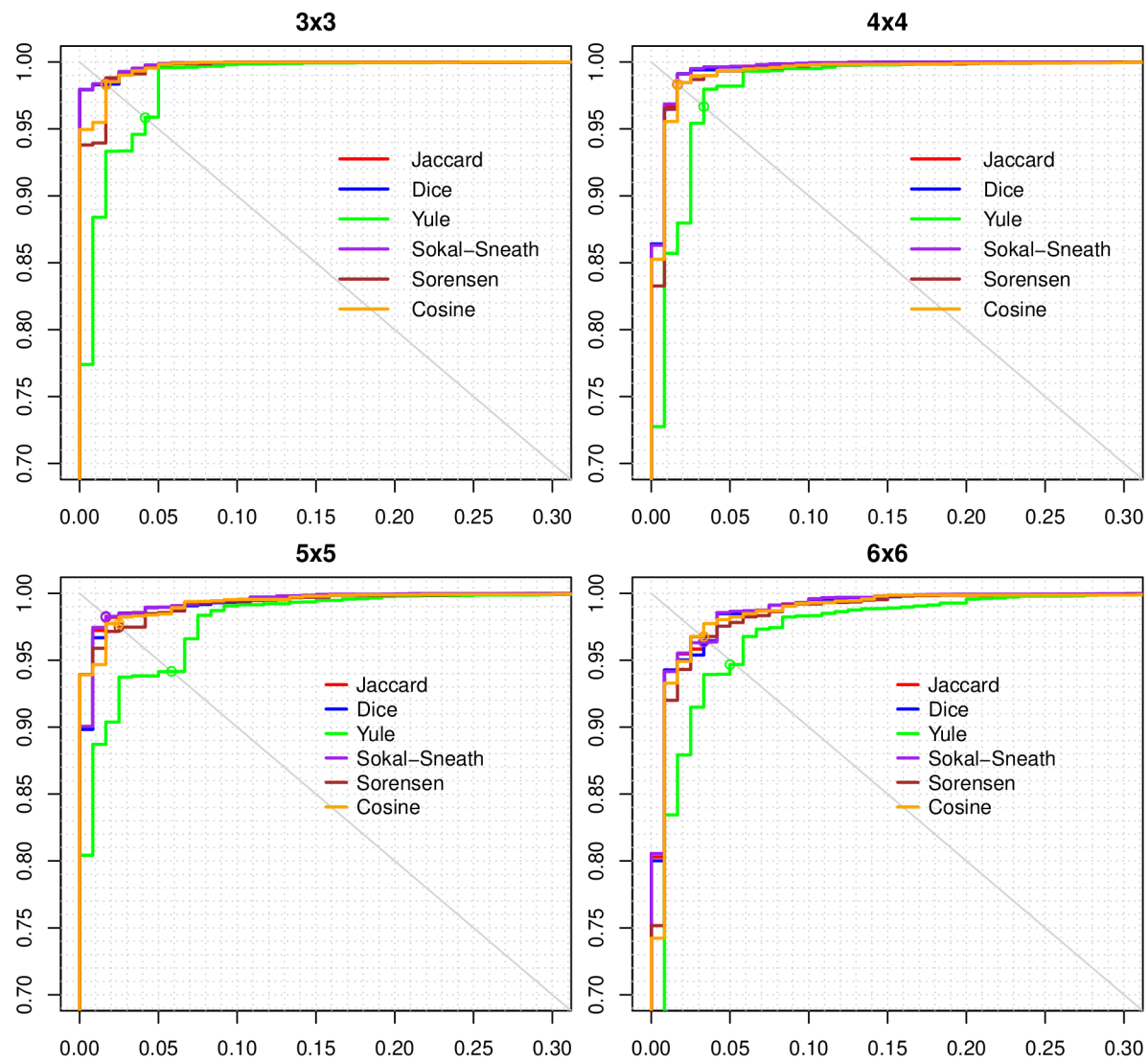
Obr. A.1: ROC krivky verifikácie s naivným zarovnaním šablón vytvorených z o žilnej štruktúry a kontúry prsta.



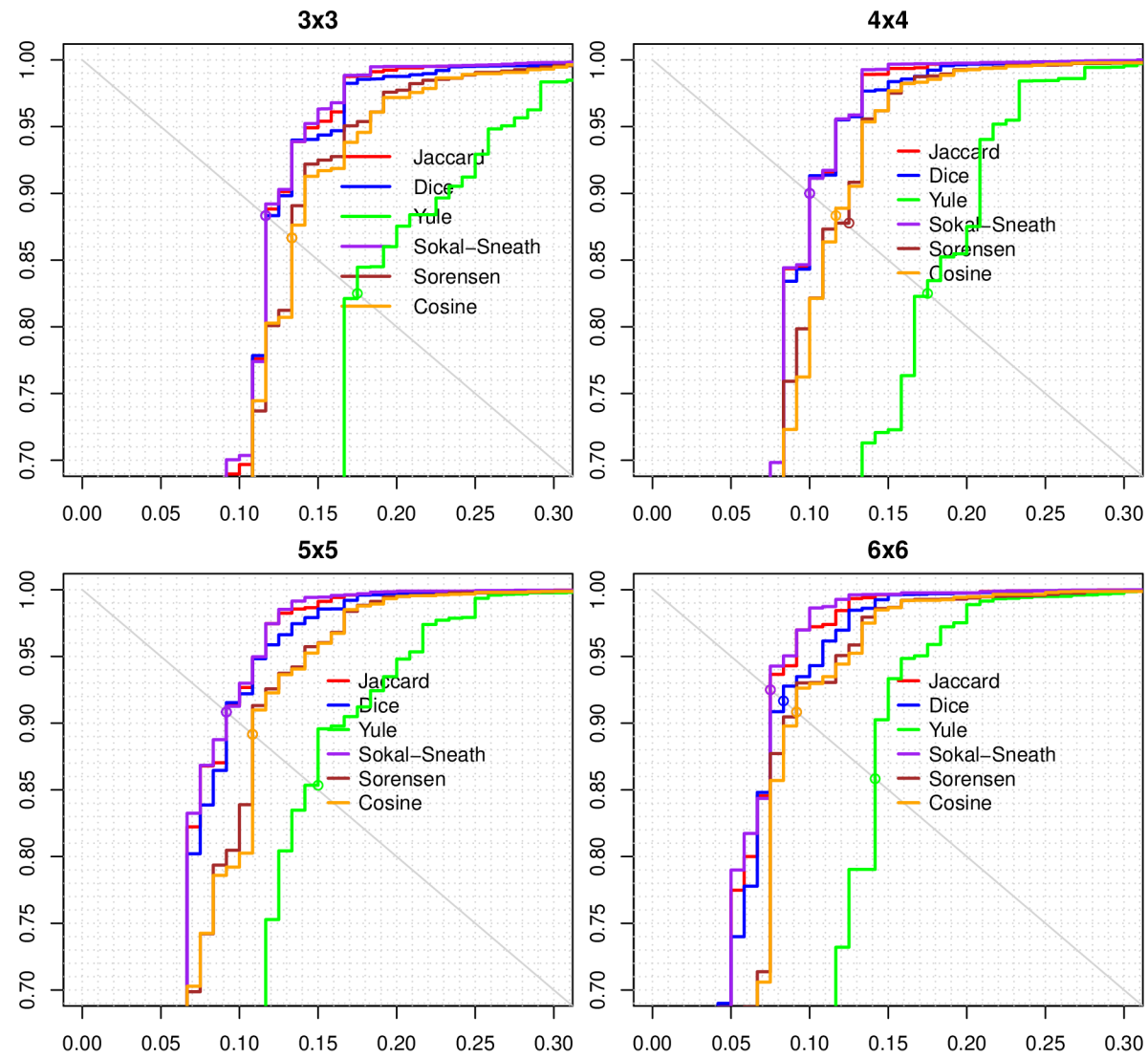
Obr. A.2: ROC krivky verifikácie s automatickým zarovnaním šablón vytvorených z o žilnej štruktúry a kontúry prsta.

Zarovnanie	Len žily						
	Jaccard	Dice	Yule	Sokal	Sorensen	Cosine	
3×3							
žiadne	AUC	74.0796%	73.4443%	57.1866%	74.3819%	73.0136%	72.7390%
	EER	30.0000%	30.0000%	45.0000%	29.1667%	31.6667%	31.6667%
naivné	AUC	99.9407%	99.9357%	99.4982%	99.9434%	99.8600%	99.8844%
	EER	1.6560%	1.6667%	4.1667%	1.6453%	1.6667%	1.6667%
automatické	AUC	92.3032%	92.1866%	87.5000%	92.3632%	90.9610%	90.6813%
	EER	11.6667%	11.6667%	17.5000%	11.6667%	13.3333%	13.3333%
4×4							
žiadne	AUC	75.1035%	74.3755%	59.6443%	75.4489%	74.3293%	73.9958%
	EER	30.0000%	30.0000%	45.0000%	30.0000%	29.9359%	30.0000%
naivné	AUC	99.8264%	99.8218%	99.4231%	99.8301%	99.7482%	99.7612%
	EER	1.6667%	1.6667%	3.3333%	1.6667%	1.6667%	1.6667%
automatické	AUC	93.3593%	93.2158%	88.7539%	93.4245%	92.3007%	92.1592%
	EER	10.0000%	10.0000%	17.5000%	10.0000%	12.3611%	11.6667%
5×5							
žiadne	AUC	77.2571%	76.1969%	63.2762%	77.7323%	75.0153%	74.5015%
	EER	28.3333%	28.3333%	40.0000%	28.3333%	29.1667%	29.1667%
naivné	AUC	99.7769%	99.7678%	99.2673%	99.7853%	99.7418%	99.7621%
	EER	1.7308%	1.6987%	5.8333%	1.6987%	2.5107%	2.3825%
automatické	AUC	95.2163%	95.0792%	91.5652%	95.2726%	93.6889%	93.5395%
	EER	9.1667%	9.1667%	14.8291%	9.1667%	10.8333%	10.8333%
6×6							
žiadne	AUC	78.9503%	77.8362%	67.7734%	79.4598%	77.4493%	76.9701%
	EER	26.6667%	27.5000%	37.5000%	26.6667%	27.5000%	28.3333%
naivné	AUC	99.5878%	99.5707%	98.9875%	99.5976%	99.4674%	99.5062%
	EER	3.4615%	3.4402%	5.1603%	3.4829%	3.2906%	3.2799%
automatické	AUC	95.9030%	95.7124%	92.0154%	95.9852%	94.7150%	94.5443%
	EER	7.5000%	8.3333%	14.1667%	7.5000%	9.1667%	9.1667%

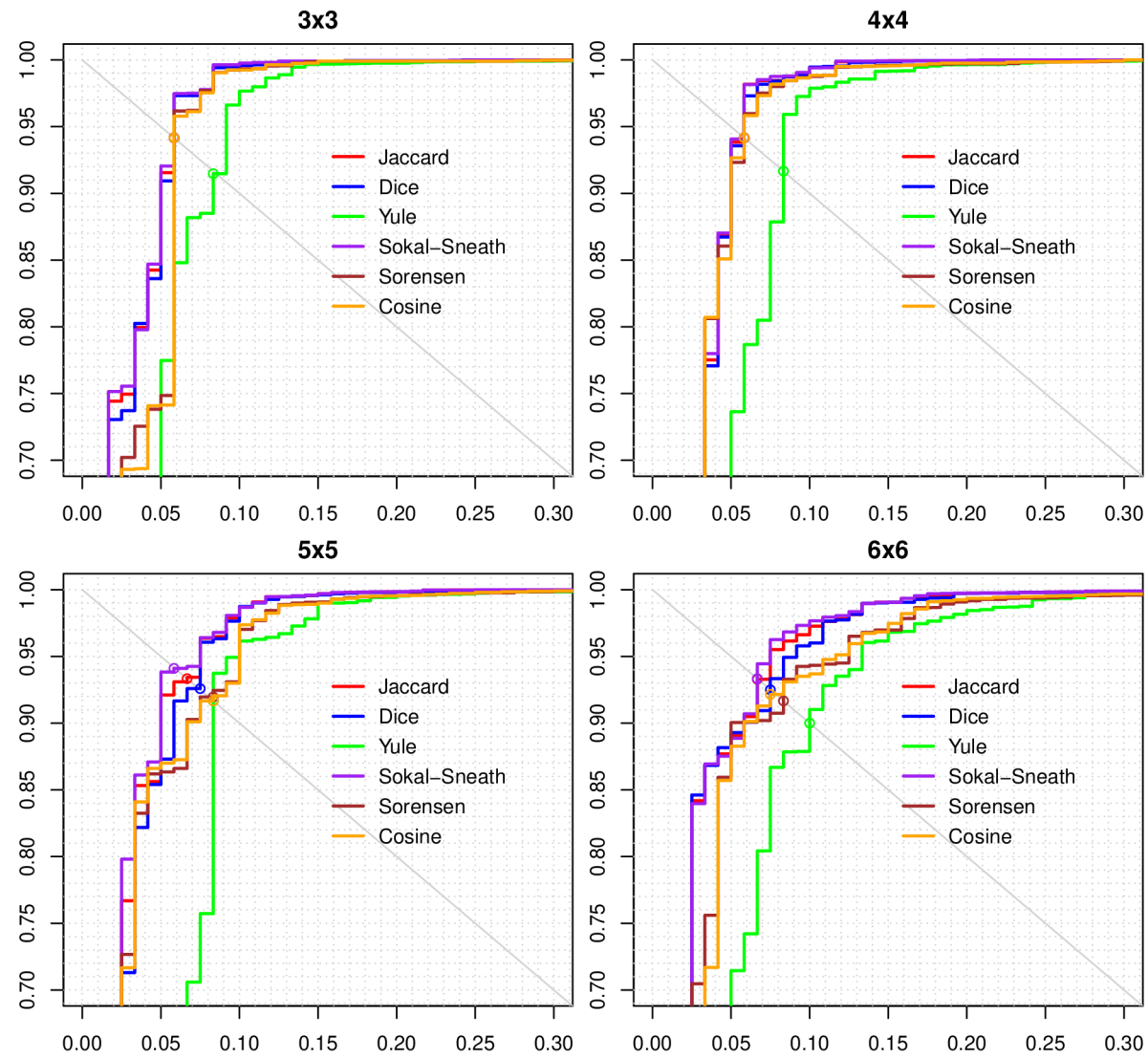
Tabuľka A.5: Výsledky testov zameraných na rôzne zarovnanie šablón vytvorených len zo žilnej štruktúry.



Obr. A.3: ROC krivky verifikácie s naivným zarovnaním šablón vytvorených zo žilnej štruktúry.



Obr. A.4: ROC krivky verifikácie s naivným zarovnaním šablón vytvorených zo žilnej štruktúry.



Obr. A.5: ROC krivky verifikácie s homografickým zarovnaním.

Okno		Jaccard	Dice	Yule	Sokal	Sorensen	Cosine
3×3	AUC	98.0662%	98.0233%	96.7195%	98.0890%	97.5054%	97.4240%
	EER	5.8333%	5.8333%	8.4295%	5.8333%	5.8333%	5.8333%
4×4	AUC	97.7997%	97.7671%	96.5913%	97.8178%	97.8016%	97.8386%
	EER	5.8333%	5.8333%	8.3333%	5.8333%	5.8333%	5.8333%
5×5	AUC	98.0374%	97.8857%	95.5754%	98.1234%	97.5524%	97.5053%
	EER	6.6667%	7.4573%	8.3333%	5.8654%	8.1838%	8.3333%
6×6	AUC	97.7918%	97.7196%	95.5119%	97.8310%	97.0879%	97.0068%
	EER	6.6880%	7.5000%	10.0000%	6.6667%	8.3333%	7.6709%

Tabuľka A.6: Výsledky testov zameraných na zarovnanie s využitím homografie.

Test	Okno [porov./ident.]	Počet porov- naní	Počet porov- naní vzhľadom k celej DB	Počet zhluk.	Úspešnosť nájdania správneho zhluku	Úspešnosť identi- fikácie	Kandidátov
1.	Počet	$3 \times 3/12 \times 12$	12.09	15.11%	13	84.92%	4.42
	zhlukov podľa vzorca 4.8	$4 \times 4/12 \times 12$	14.02	17.53%	11	85.22%	5.18
		$6 \times 6/12 \times 12$	16.88	21.10%	9	85.85%	6.19
		$3 \times 3/15 \times 15$	10.71	13.39%	14	87.32%	3.95
		$5 \times 5/15 \times 15$	13.42	16.78%	11	88.15%	4.88
$4 \times 4/16 \times 16$	11.97	14.96%	13	85.20%	4.36		
2.	V plnom rozsahu (2 až 40)	$3 \times 3/12 \times 12$	11.25	14.06%	21.36	86.27%	2.96
		$4 \times 4/12 \times 12$	13.21	16.51%	19.13	85.75%	3.42
		$6 \times 6/12 \times 12$	16.58	20.73%	16.23	86.05%	4.23
		$3 \times 3/15 \times 15$	9.852	12.32%	23.41	87.42%	2.59
		$5 \times 5/15 \times 15$	12.93	16.16%	18.32	87.28%	3.42
$4 \times 4/16 \times 16$	11.2	14.00%	20.97	86.55%	2.98		
3.	Bez GA podľa vzorca 4.8	$3 \times 3/12 \times 12$	13.18	16.48%	13	84.62%	4.96
		$4 \times 4/12 \times 12$	15.35	19.19%	11	85.42%	5.85
		$6 \times 6/12 \times 12$	18.37	22.96%	9	85.57%	6.93
		$3 \times 3/15 \times 15$	11.31	14.14%	14	86.98%	4.26
		$5 \times 5/15 \times 15$	14.11	17.64%	11	87.47%	5.22
$4 \times 4/16 \times 16$	13.02	16.28%	13	85.42%	4.88		
4.	Podľa priemerného počtu z 3. testu	$3 \times 3/12 \times 12$	10.82	13.53%	21	86.43%	2.79
		$4 \times 4/12 \times 12$	12.64	15.80%	16	85.42%	3.66
		$6 \times 6/12 \times 12$	15.33	19.16%	16	85.25%	3.66
		$3 \times 3/15 \times 15$	9.619	12.02%	23	87.15%	2.51
		$5 \times 5/15 \times 15$	12.35	15.44%	18	87.62%	3.18
$4 \times 4/16 \times 16$	10.72	13.40%	21	87.08%	2.73		
5.	Bez GA podľa priemerného počtu z 3. testu	$3 \times 3/12 \times 12$	11.22	14.03%	21	85.73%	2.99
		$4 \times 4/12 \times 12$	13.36	16.70%	16	84.87%	4.02
		$6 \times 6/12 \times 12$	16.02	20.03%	16	85.33%	4.01
		$3 \times 3/15 \times 15$	9.941	12.43%	23	87.57%	2.67
		$5 \times 5/15 \times 15$	12.77	15.96%	18	87.12%	3.39
$4 \times 4/16 \times 16$	11.16	13.95%	21	86.90%	2.96		

Tabuľka A.7: Výsledky testov identifikácie použitím zhlukovania (identifikačné šablóny sú vytvorené zo žilnej štruktúry a kontúry prsta porovnávané Sorensenovou metrikou, porovnávacie šablóny obsahujú len žilnú štruktúru a sú porovnávané Jaccardovým koeficientom, parametre GA: 5 generácii, 4 populácie, pravdepodobnosť kríženia 0.8, pravdepodobnosť mutácie 0.1, hodnota α je pomer okien).

		Okno [porov./ident.]	Počet porovnaní	Počet porovnaní vzhľadom k celej DB	Kandidátov
6.	S GA a počet zhlukov 5	3 × 3/12 × 12	22.49	28.11%	10.62
		4 × 4/12 × 12	23.17	28.96%	10.75
		6 × 6/12 × 12	23.86	29.83%	10.68
		3 × 3/15 × 15	20.22	25.28%	9.61
		5 × 5/15 × 15	21	26.25%	9.67
		4 × 4/16 × 16	21.86	27.33%	10.30
7.	Bez GA a počet zhlukov 5	3 × 3/12 × 12	25.73	32.16%	12.24
		4 × 4/12 × 12	26.11	32.64%	12.22
		6 × 6/12 × 12	26.76	33.45%	12.13
		3 × 3/15 × 15	22.03	27.54%	10.51
		5 × 5/15 × 15	23.03	28.79%	10.68
		4 × 4/16 × 16	23.82	29.78%	11.29

Tabuľka A.8: Test vplyvu GA na rovnomerné rozloženie počtu užívateľov v zhlukoch.

Test	Okno [porov./ident.]	Počet porov- naní	Počet porov- naní vzhľadom k celej DB	Počet zhluk.	Úspešnosť nájdania správneho zhluku	Úspešnosť identi- fikácie	Kandidátov	
8.	V plnom rozsahu (ručne zarovnané)	3 × 3/12 × 12	10.63	13.29%	20.54	95.42%	95.42%	2.75
		4 × 4/12 × 12	12.35	15.44%	17.41	95.28%	95.28%	3.28
		6 × 6/12 × 12	15.15	18.94%	15.13	95.05%	95.00%	3.79
		3 × 3/15 × 15	9.51	11.89%	24.07	94.57%	94.57%	2.35
		5 × 5/15 × 15	12.63	15.79%	18.19	94.37%	94.35%	3.29
		4 × 4/16 × 16	10.80	13.50%	20.57	92.27%	92.27%	2.83
9.	V plnom rozsahu (výber z 2 zhlukov)	3 × 3/12 × 12	17.55	21.94%	21.29	93.33%	93.33%	6.12
		4 × 4/12 × 12	20.52	25.65%	18.62	94.07%	93.88%	7.16
		6 × 6/12 × 12	24.52	30.65%	16.33	93.50%	92.83%	8.18
		3 × 3/15 × 15	15.18	18.98%	22.97	95.32%	95.32%	5.29
		5 × 5/15 × 15	19.82	24.78%	17.89	95.62%	94.02%	6.93
		4 × 4/16 × 16	17.03	21.29%	21.72	93.82%	93.70%	5.80

Tabuľka A.9: Vylepšenie identifikácie zlepšením zarovnania šablón (ručne) alebo výberom kandidátov z viacerých zhlukov.

	Okno [porov./ident.]	Počet porov- naní	Počet porov- naní vzhľadom k celej DB	Úspešnosť nájdienia správneho zhluku	Úspešnosť identi- fikácie	Kandidátov
1.	$3 \times 3/12 \times 12$	11.55	14.43%	88.72%	88.72%	1.53
	$4 \times 4/12 \times 12$	14.56	18.20%	88.63%	88.63%	1.53
	$6 \times 6/12 \times 12$	19.86	24.82%	88.67%	88.67%	1.53
	$3 \times 3/15 \times 15$	10.60	13.25%	91.17%	91.17%	2.15
	$5 \times 5/15 \times 15$	14.85	18.56%	90.95%	89.62%	2.15
	$4 \times 4/16 \times 16$	12.17	15.21%	90.32%	90.32%	2.59
2.	$3 \times 3/12 \times 12$	21.72	27.15%	90.00%	90.00%	1.61
	$4 \times 4/12 \times 12$	27.98	34.97%	90.00%	90.00%	1.61
	$6 \times 6/12 \times 12$	40.39	50.49%	90.00%	90.00%	1.61
	$3 \times 3/15 \times 15$	18.35	22.94%	94.17%	94.17%	2.34
	$5 \times 5/15 \times 15$	27.58	34.48%	94.17%	92.50%	2.34
	$4 \times 4/16 \times 16$	24.10	30.13%	94.17%	94.17%	3.17
3.	$3 \times 3/12 \times 12$	8.41	10.51%	74.70%	74.70%	1.27
	$4 \times 4/12 \times 12$	10.42	13.03%	75.67%	75.67%	1.27
	$6 \times 6/12 \times 12$	14.35	17.93%	74.48%	74.48%	1.26
	$3 \times 3/15 \times 15$	8.08	10.10%	80.38%	80.38%	1.76
	$5 \times 5/15 \times 15$	11.15	13.94%	80.37%	79.63%	1.76
	$4 \times 4/16 \times 16$	9.43	11.78%	80.75%	80.75%	2.16
4.	$3 \times 3/12 \times 12$	21.04	26.30%	89.07%	89.07%	1.59
	$4 \times 4/12 \times 12$	26.98	33.72%	89.12%	89.12%	1.59
	$6 \times 6/12 \times 12$	38.82	48.52%	89.03%	89.03%	1.59
	$3 \times 3/15 \times 15$	17.85	22.32%	92.05%	92.05%	2.26
	$5 \times 5/15 \times 15$	26.91	33.64%	92.28%	90.75%	2.26
	$4 \times 4/16 \times 16$	23.57	29.46%	93.60%	93.60%	3.12
5.	$3 \times 3/12 \times 12$	12.99	16.24%	84.43%	84.43%	1.45
	$4 \times 4/12 \times 12$	16.49	20.61%	84.98%	84.98%	1.50
	$6 \times 6/12 \times 12$	23.01	28.77%	84.57%	84.57%	1.49
	$3 \times 3/15 \times 15$	11.11	13.88%	87.24%	87.24%	2.04
	$5 \times 5/15 \times 15$	15.82	19.77%	88.12%	86.95%	2.06
	$4 \times 4/16 \times 16$	14.41	18.01%	88.46%	88.46%	3.18

Tabuľka A.10: Výsledky testov identifikácie pomocou MVP stromu.

Dodatok B

Obsah CD

1. Elektronická podoba textu diplomovej práce
2. Zdrojové súbory implementácie navrhnutých metód
3. Projektová dokumentácia
4. Užívateľská príručka