

# 대규모 지문식별시스템을 위한 2단계 분류

민준기<sup>0</sup> 윤은경 조성배  
연세대학교 컴퓨터과학과  
{loomlike<sup>0</sup>, ekfree, sbcho}@sclab.yonsei.ac.kr

## Two-level Classification for Large-scale Fingerprint Identification System

Junki Min<sup>0</sup>, Eun Kyung Youn and Sung-Bae Cho  
Dept. of Computer Science, Yonsei University

### 요 약

지문인식시스템은 크게 지문의 특징 추출단계, 입력지문과 유사한 후보지문을 찾는 검색단계, 마지막으  
로 입력지문과 후보지문들 간의 동일성을 판단하는 검증단계의 세 부분으로 나뉠 수 있다. 그리고 대규모  
지문 데이터베이스를 기반으로 인식시스템을 구축하는 경우, 지문인식의 정확성과 더불어 신속성도 함께  
고려해야 한다. 본 논문에서는 지문인식시스템의 전체 성능 향상을 위해 분류 단계에서의 개선방안으로  
유전자알고리즘 기반의 특징 선택과 이의 조합을 다중분류기로 구축하는 2단계분류방법을 제안한다.  
NIST 데이터베이스 4에 대하여 실험한 결과 기존연구의 결과에 필적하는 분류율을 나타냈으며, 유전자알  
고리즘을 통해 적합한 방향성 조합을 제시할 수 있었다.

### 1. 서 론

대부분의 지문인식시스템은 DB의 크기가 작은 경우 (1000개 이하의 지문영상)에는 약 97%의 정확성을 나타 내지만 DB의 크기가 증가함에 따라 인식율이 떨어지고 인식시스템의 처리 속도도 둔화된다[1]. 따라서 데이터 베이스에 있는 모든 지문영상들을 미리 정의된 분류기준 에 의해 몇 개의 집단으로 나누면, 지문 분류의 인덱스 로 사용할 수 있기 때문에 인식 속도와 정확성 문제를 동시에 해결할 수 있다.

본 논문에서는 지문분류 시 특징 벡터로 사용되는 핑 거코드를 생성하기 위한 가보필터의 방향성 계산에서 임 의로 방향성을 선택했던 기존의 방식을 개선하여 보다 적합한 정보를 찾기 위해 유전자알고리즘(GA)을 이용한다. 이렇게 추출된 특징들은 그림 1과 같이 분류기를 통 해 분류되고 그 결과가 최종적으로 신경망을 통해 결합 된다.

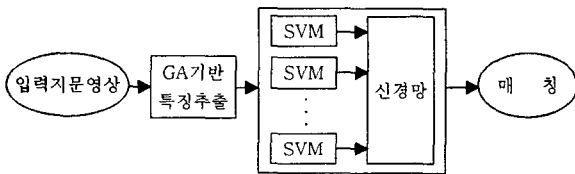


그림 1. 제안하는 시스템의 구조

### 2. 배경

#### 2.1 지문분류

지문은 융선과 골, 특이점(singular point)이라 불리는 중심점(core)과 삼각주(delta)의 개수와 위치에 따라 분류된다. 그림 2는 E. R. Henry가 제안한 지문의 5가지 분류이다[2]. 자연인의 지문은 대체로 그림에서와 같이 arch는 중심점과 삼각주가 없고, loop와 tented arch는 하나의 중심점과 삼각주를 가지는데, 특히 tented arch는 중심점과 삼각주가 수직으로 연결된다. Left loop는

중심점이 있는 loop가 삼각주의 왼쪽에 있으며, right loop는 loop가 삼각주의 오른쪽에 있다. Whorl은 두 개 의 중심점과 삼각주를 가지는 것이 특징이다.



그림 2. 지문의 5가지 분류

#### 2.2 핑거코드 추출

입력받은 지문에서 특이점을 찾아 이를 중심으로 48개 의 색터를 만들고 각 색터에 속한 영상을 정규화 시킨 다. 여기에 4방향(0°, 45°, 90°, 135°) 가보(Gabor) 필터 를 통과시키면 그림 3과 같은 영상을 얻는다[3].

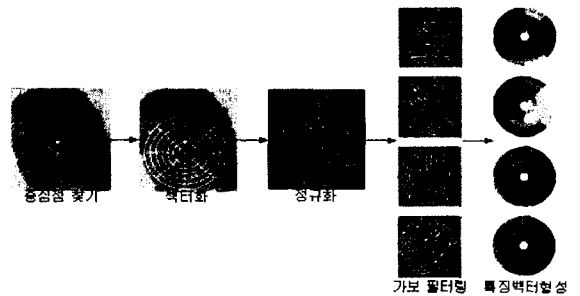


그림 3. 핑거코드 추출 과정

가보는 방향성과 주파수 특성을 갖는 대역필터이므로 가 보의 방향과 주파수 대역에 맞는 부분은 증폭되고 그렇지 않은 부분은 감쇄된다. 가보 필터를 통과시킨 영상을 48개 의 색터로 나누어 색터별로 각각의 표준편차를 구해서 핑 거코드를 생성한다. 해당 색터가 가보 필터의 방향과 주파 수 대역에 맞으면 융선과 골 간의 구분이 뚜렷해져서 색터 별 표준편차는 커지고, 맞지 않으면 영상이 왜곡되어 작아

진다. 이와 같이 계산된 핑거코드는 지문 분류에서 특징 벡터로 사용된다. 대부분의 핑거코드를 이용한 분류에서 가보 필터의 방향성을 계산하는데 상당한 시간이 소요되기 때문에 임의로 방향성을 정하여 테스트를 진행한다.

본 논문에서는 분류에 보다 적합한 정보를 찾기 위해 유전자알고리즘을 이용하여 필터의 방향성 조합을 선택한다.

### 3 2단계 분류구조

#### 3.1 유전자 알고리즘기반 특징선택

GA는 자연의 적자생존을 모델링한 것으로, 다수의 개체를 동시에 진화시켜 가면서 최적의 해를 찾는 효과적인 탐색 알고리즘이다[4]. GA는 염색체로 의사결정 대안을 표현하고 적합도 함수로 의사결정의 타당성을 평가한다. 부모와 자식 세대로부터 적합도가 높은 개체의 집합이 살아남아 다음 세대의 자손을 생성하는 부모가 되며, 자손은 선택, 교차, 돌연변이 연산을 통해서 생성된다. 본 논문에서는 지문분류에 적합한 정보를 선택하기 위한 가보 필터의 최적 방향성을 찾고자 GA를 이용하는 방법을 제안한다.

특징추출을 위한 방향성조합을 구성하기 위해 중심점 찾기, 섹터분할, 정규화, 가보 필터링, 특징 벡터 계산 등의 과정을 수행한다. 먼저 중심점을 찾는 과정은 다음과 같다.

- 1) 지문영상을  $\omega \times \omega$  크기의 블록으로 나누어 각각의 방향성  $\theta(i, j)$ 를 다음 식을 이용하여 계산한다[5].

$$V_x(i, j) = \sum_{u=\frac{i-\omega}{2}}^{i+\frac{\omega}{2}} \sum_{v=\frac{j-\omega}{2}}^{j+\frac{\omega}{2}} 2\partial_x(u, v)\partial_y(u, v)$$

$$V_y(i, j) = \sum_{u=\frac{i-\omega}{2}}^{i+\frac{\omega}{2}} \sum_{v=\frac{j-\omega}{2}}^{j+\frac{\omega}{2}} (\partial_x^2(u, v)\partial_y^2(u, v))$$

$$\theta(i, j) = \frac{1}{2} \tan^{-1} \left( \frac{V_y(i, j)}{V_x(i, j)} \right)$$

- 2)  $\theta$ 의 sin 값으로 구성된 영상(E)을 구한다.  
 $E(i, j) = \sin(\theta(i, j))$
- 3) 중심점을 나타낼 레이블 영상 A를 초기화 한다.
- 4) E의 각 픽셀  $(i, j)$ 에 대해 그림 4에서처럼 영역을 구분한 후, 다음 식과 같이 계산하여 레이블 영상을 구성한다. 반원의 반지름은 블록의 크기( $\omega=16$ )와 동일하다.

$$A(i, j) = \sum_{R1} E(i, j) - \sum_{R2} E(i, j)$$

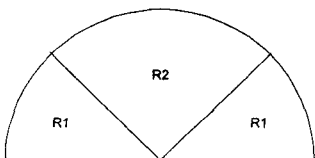


그림 4. 레이블 영상을 계산하기 위한 영역 구분

- 5) 레이블 영상에서 최대값을 가지는 부분이 중심점이다.

두 번째로 중심점을 중심으로 관심영역을 섹터 S<sub>i</sub>로 분할한다.

$$S_i = \{(x, y) | b(T_i + 1) \leq r < b(T_i + 2), \theta_i \leq \theta < \theta_{i+1}, 1 \leq x \leq N, 1 \leq y \leq M\}$$

$$T_i = i \text{ div } k,$$

$$\theta_i = (i \text{ mod } k) \times (2\pi / k),$$

$$r = \sqrt{(x - x_c)^2 + (y - y_c)^2},$$

$$\theta = \tan^{-1}((y - y_c)/(x - x_c))$$

여기서  $(x_c, y_c)$ 는 중심점을 나타내며,  $b$ 는 각 밴드의 두께,  $k$ 는 각 밴드가 가지는 섹터의 개수이다.  $B$ 를 밴드의 수라 할 때,  $i$ 는 0부터  $B \times k - 1$ 까지의 인덱스를 가진다. 본 논문에서는  $b=30, B=5, k=16$ 으로 설정하여 총 80개의 섹터를 분할하였다.

섹터 분할 후에는 2.2에서 기술한 바와 같이 정규화를 거친 후 가보 필터를 통과시킨다. 가보 필터는 0도~180도까지 10도 간격으로 영상에 적용하여 각 영상에 대해 18개 방향성 정보를 모두 추출하여 핑거코드를 얻는다.

이렇게 얻은 정보를 바탕으로 GA를 이용해 최적의 방향성 집합을 선택하여 SVM과 신경망으로 최종 분류를 한다. 제안하는 방향성선택 방법은 그림 5와 같다.

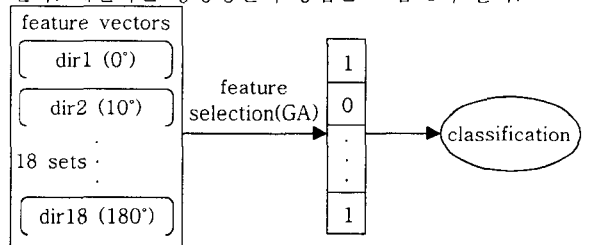


그림 5. GA기반 특징 선택

이와같이 18개의 방향성 특징들은 이진 스트링구조로 표현되며, 각각의 비트 값은 1이면 해당 특징을 사용하고 0이면 사용하지 않음을 의미한다. 이렇게 생성된 이진 스트링 염색체는 GA를 통해 최적의 방향성 특징조합을 찾는데 사용된다.

#### 3.2 다중분류기

본 연구에서 사용할 1차 분류기는 현재 널리 연구되고 있는 support vector machine(SVM)이며[6], 앞서 제안한 GA기반 방법으로 방향성조합을 선택하여 특징 조합을 분류기의 입력으로 사용한다.

5개의 지문 클래스 간의 차이가 크지 않은 경우가 많고, 동일한 클래스에 속하는 지문들 간에도 영상에 따라 차이가 있을 수 있다. 따라서 5개의 클래스들을 2개씩 묶은  ${}_5C_2(10)$ 개의 이진클래스 문제로 분해함으로써 보다 단순하고 정확한 분류를 할 수 있다[3]. 이 경우, L과 R을 분류하는 SVM은 L과 R로 레이블되어 있는 데이터만을 이용하여 학습한다.

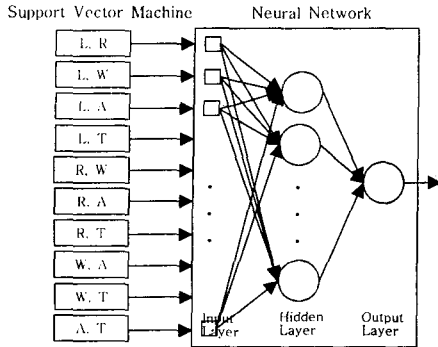


그림 6. 분류기 결합 방법

그림 6과 같이 먼저 10개의 SVM을 이용하여 1차 분류를 한 뒤, 그 결과를 신경망의 입력으로 사용하여 2차 분류를 진행한다. 이와같은 SVM과 신경망을 결합하는 목적은 2단계 분류를 통한 분류 성능 향상에 있다.

4. 실험 및 결과

4.1 실험 환경

제안하는 방법을 적용시키기 위하여 본 논문에서는 NIST DB 4를 사용하였다[7]. 이 데이터는 left loop (L), right loop (R), whorl (W), arch (A), tented arch (T) 의 5개 지문 클래스로 구분되어있으며 그 중 2000개를 선택하여 학습 데이터로, 나머지 2000개는 테스트 데이터로 사용하였다.

신경망은 40개의 뉴런을 가진 은닉층 한 개와 320개의 뉴런으로 이루어진 입력층, 5개의 출력값을 가진 출력층으로 구성되어 있으며, SVM은 LIBSVM 패키지를 이용하였다. 특징선택을 위한 GA의 기본 환경 변수는 표 1과 같이 설정하였고, 교차는 1점 교차, 선택은 룰렛휠 방법을 사용하였다.

표 1. 실험 환경 변수

유전연산 변수	값	신경망 변수	값
집단의 크기	15	학습율	0.3
선택율	0.8	모멘텀	0.5
교차율	0.8	최대 반복수	1500
돌연변이율	N/A	최소 오류	0.02

4.2 실험 결과

GA를 통해 선택된 방향성은 표 2와 같다.

표 2. 특징 선택 결과

순위	특징조합(방향성)
1	10, 50, 100, 130
2	10, 50, 110, 130, 150
3	40, 60, 120, 130, 160
4	50, 60, 70, 100, 170
5	20, 90, 100, 160

가장 우수한 분류성능을 보인 방향성조합(10, 50, 100, 130)이 기존의 연구에서 사용한 방향성조합(0, 45, 90, 135)과 유사함으로써, 그 적합도가 GA를 통해 증명

되었다. 이를 이용한 2단계분류역시 기존의 연구(90%)와 비슷한 결과(89%)를 보였다. 표 3은 분류기 결합 결과를 보여준다.

표 3. 분류기 결합 결과

True Class	Assigned Class				
	L	R	W	A	T
L	183	8	4	2	0
R	0	186	3	4	5
W	3	0	187	3	4
A	1	1	2	202	17
T	6	3	8	36	132

또한, 제안한 분류기결합방법과의 성능 비교를 위해서 표 2에서 선택한 특징을 사용하여 단일 분류기로 분류를 해보았다. 그 결과, 신경망의 분류율은 87.0%, SVM은 86.7%로, GA를 사용하지 않았던 기존의 연구(신경망 86.4%, SVM 86.1%)보다 향상된 성능을 보였지만, 제안한 방법에는 미치지 못했다.

5. 결 론

본 논문에서는 대규모 지문인식시스템이 지닌 문제점들을 파악하여 이를 개선, 전체 성능을 향상시키고자 GA 기반의 특징선택 및 분류기결합 방법을 제안하였다. 그 결과, 기존연구와 유사한 양상을 보여줌으로, 기존연구의 방향성 조합에 대해 GA를 통한 과학적 근거를 제시하였다. 또한 단일 분류기만을 사용한 경우에 기존연구보다 향상된 성능을 얻으로써, 이를 통한 분류기 결합에 새로운 가능성을 보였다.

감사의 글

본 연구는 생체인식연구센터(KOSEF)에서 지원받았음.

참고문헌

- [1] J.-H. Chang and K.-C. Fan, "A New Model for Fingerprint Classification by Ridge Distribution Sequences," *Pattern Recognition*, No. 35, pp. 1209-1223, 2002.
- [2] E. R. Henry, *Classification and Uses of Fingerprints*, London: rout-ledge, 1900.
- [3] S. Prabhakar, "Fingerprint Classification and Matching Using a Filterbank," *Ph. D. Dissertation*, Michigan State University, 2001.
- [4] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison Wesley, 1989.
- [5] A. Rao, *A Taxonomy for Texture Description and Identification*, New York, NY: Springer-Verlag, 1990.
- [6] N. Cristianini and J. S-Taylor, *An Introduction to Support Vector Machines*, Cambridge University Press, 2000.
- [7] C. I. Watson and C. L. Wilson, *NIST Special Database 4*, Fingerprint Database. U. S. Nat'l Inst. of Standards and Technology, 1992.