

Uma aplicação de algoritmos genéticos para melhorar a confiabilidade de um sistema de reconhecimento de íris

Milena Bueno Pereira,

Antônio Cláudio Paschoarelli Veiga,

Faculdade de Engenharia Elétrica (FEELT) da Universidade Federal de Uberlândia (UFU)

Uberlândia, MG

E-mail: milenabueno@yahoo.com, acpveiga@ufu.br

Neste artigo, um método baseado em algoritmos genéticos é proposto com o objetivo de melhorar a confiabilidade de um sistema de reconhecimento de íris. A técnica proposta é uma variação do método sugerido por Daugman [4, 5] para fazer a normalização da região da íris. Daugman utilizou uma representação retangular da íris gerada a partir de uma seleção uniforme de pontos ao longo de toda sua extensão. Este artigo introduz a idéia de que se os pontos forem selecionados não uniformemente ao longo da região da íris, é possível encontrar distribuições de pontos que tornem o sistema mais confiável. Os algoritmos genéticos são usados para encontrar uma distribuição de pontos que gera um melhor resultado. Algumas simulações do sistema são descritas e os resultados experimentais confirmam a eficiência da técnica apresentada.

1 Introdução

A biometria é um método que vem sendo amplamente utilizado para se fazer o reconhecimento automático de pessoas. Normalmente, as pessoas obtêm acesso a instalações seguras usando elementos que elas conhecem, como senhas, ou algo que possuem, como cartões magnéticos. Estes métodos não são totalmente confiáveis uma vez que podem ser esquecidos, perdidos ou roubados. A biometria é uma técnica alternativa que se baseia em características físicas e comportamentais do corpo humano, como por exemplo, a face, as impressões digitais, a geometria da mão, a íris, a assinatura ou a voz. Dentre estes, o reconhecimento de pessoas através da íris tem chamado bastante atenção nas últimas décadas, uma vez que a íris apresenta uma grande riqueza de características únicas e que não mudam com o passar do tempo. É praticamente impossível encontrar duas irises com as mesmas características. Para uma dada pessoa, as características da íris direita e da esquerda são diferentes, embora sejam geneticamente idênticas, sendo que o mesmo acontece com gêmeos univitelinos.

Apesar de ser visível externamente, o que torna o método não invasivo, a íris é um órgão interno do olho e, por isso, fica muito bem protegida. A par-

tir de um ano de idade suas características, seu tamanho, formato e orientação permanecem estáveis e fixos. As informações provenientes das características da íris possuem uma disposição aleatória e não uniforme, porém, observa-se uma maior concentração das mesmas na região mais próxima da pupila. Devido a grande quantidade de informações, uma boa eficiência no reconhecimento pode ser obtida utilizando-se somente 40% ou menos da região da íris disponível para análise [6].

Este artigo tem a finalidade de comprovar que se forem utilizadas somente as regiões da íris onde se encontra a maior quantidade de informações relevantes ao reconhecimento, a confiabilidade do sistema pode aumentar.

Na próxima sessão, serão feitas algumas considerações a respeito das principais etapas necessárias ao processo de reconhecimento de íris, que são: a localização da região da íris na imagem do olho; a normalização da região da íris para lidar com inconsistências dimensionais da imagem; a codificação de características e a fase de comparação. Posteriormente, a técnica proposta assim como alguns resultados experimentais serão descritos.

2 Etapas de Processamento

2.1 Localização da Íris

Esta é a primeira etapa do sistema de reconhecimento de íris onde a região realmente pertencente à íris é isolada da imagem do olho.

A região da íris pode ser aproximada por dois círculos, um que divide a íris com a parte branca do olho e o outro, interno ao primeiro, que divide a íris com a pupila.

Geralmente, nesta etapa, são utilizados algoritmos de detecção de círculos. Algumas técnicas são mais tradicionalmente usadas como o operador integro-diferencial de Daugman [4, 5], a Transformada de Hough Circular que foi empregada por Wildes et al. [10], Tisse et al. [1] e Ma et al. [8].

Existe ainda o problema da interferência da pálpebra e dos cílios que muitas vezes ocultam um pedaço de cima e de baixo da íris. Para se minimizar estas interferências, geralmente são utilizadas

técnicas para isolar e excluir estas regiões.

2.2 Normalização

Uma vez que a região referente à íris foi devidamente localizada em uma determinada imagem, torna-se necessário organizar as informações contidas nesta região de forma a permitir futuras comparações.

Para que estas comparações se processem com a devida precisão é essencial que as imagens possuam uma dimensão constante. Porém, alguns fatores contribuem para uma inconsistência dimensional destas imagens como a variação da distância entre o eixo óptico da câmara e o olho e também a variação do tamanho da pupila causada por diferentes níveis de luminosidade. Além disso, ainda existem outros fatores que agregam inconsistências entre tais imagens como uma possível rotação da câmara, inclinação da cabeça ou movimentação do olho dentro do globo ocular.

Outra questão a se considerar é o fato de que as regiões da pupila e da íris não são sempre concêntricas. Geralmente a pupila apresenta uma posição levemente nasal, ou seja, seu centro está em uma posição inferior ao centro da íris e mais próxima do nariz [5].

O processo de normalização é responsável por gerar imagens com dimensões constantes, assim, imagens da mesma íris capturadas sob condições diferentes terão suas características em uma mesma localização espacial.

John Daugman [4, 5] propôs um método para gerar uma representação retangular da região anular da íris através de coordenadas polares adimensionais. Esta representação é mostrada na Figura 1.

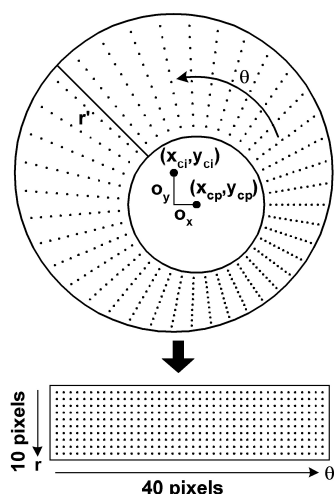


Figura 1: Representação retangular da íris

Na prática, para se aplicar o método e gerar a representação retangular, deve-se considerar o centro da pupila como ponto de referência e passar vetores radiais através da região da íris. Uma determinada quantidade de pontos é selecionada ao longo

de cada linha radial. Esta quantidade representa a resolução radial que define a dimensão vertical da representação retangular. Já a quantidade de linhas radiais representa a resolução angular que define a dimensão horizontal da representação retangular.

2.3 Codificação

Nesta etapa as informações presentes na região da íris são extraídas de forma que somente as características mais significativas sejam codificadas.

Para se extrair estas características diversas técnicas podem ser utilizadas, como a aplicação de filtros Gabor, Haar Wavelets, Laplaciano de filtros Gaussianos, filtros circulares simétricos, cruzamento por zero da transformada Wavelet e outras.

John Daugman [4, 5] utilizou a versão 2D de filtros de Gabor e quantizou a informação de fase em quatro diferentes níveis, que representam cada um dos possíveis quadrantes do plano complexo, gerando assim um template. Foi mostrado por Oppenheim and Lim [9] que a informação de fase são melhores do que as de amplitude para fornecer as informações mais significativas de uma imagem, uma vez que na codificação são descartadas informações irrelevantes como a iluminação, que é representada pela amplitude.

2.4 Comparação

Uma vez que o template representativo da região da íris foi gerado na fase de codificação, deve-se agora utilizar uma métrica para comparar dois templates.

Esta métrica deve ser capaz de medir o grau de similaridade de dois templates através da obtenção de uma faixa de valores quando são comparados templates de imagens da mesma íris (comparação intra-classe) e outra faixa de valores quando são comparados templates de íris diferentes (comparação inter-classe).

Para que o processo seja eficiente e apresente um alto grau de confiabilidade, estas faixas de valores obtidos devem ser bem distintas entre si para permitir a correta decisão de se os templates foram gerados a partir da mesma íris ou não.

Uma métrica muito utilizada é o cálculo da distância de Hamming.

Todas estas etapas são de extrema importância para a execução do processo de reconhecimento de íris. Quanto mais eficiente for cada uma delas no cumprimento de sua função, mais eficiente será o sistema como um todo. Este artigo focaliza a etapa da representação retangular da região da íris (normalização) e sugere uma variação do método de Daugman com o objetivo de aumentar a confiabilidade do sistema.

3 Ambiente de Decisão, Taxas de Erro e Decidabilidade

O grande objetivo de um sistema de reconhecimento de íris é ser capaz de obter uma boa separação entre as distribuições de distância de Hamming geradas a partir de comparações intra-classe e inter-classe. A representação das duas distribuições é chamada de "ambiente de decisão", pois ela revela o quanto os dois casos estão separados e o quanto o sistema é confiável, uma vez que a sobreposição entre as distribuições provoca taxas de erro. A figura 2 mostra um exemplo de ambiente e decisão.

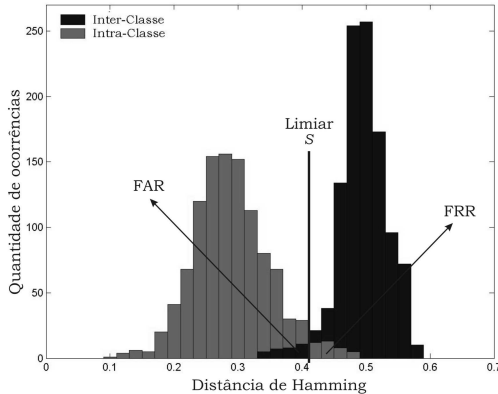


Figura 2: Ambiente de decisão

Para decidir se dois template foram gerados à partir de uma mesma íris ou não, deve-se pre-determinar um valor de distância de Hamming para ser o ponto de separação (limiar) entre as duas distribuições. Porém, os sistemas de biometria, em geral, não são perfeitos. Pode haver uma sobreposição entre as duas distribuições, o que representará erros na tomada de decisão.

Nos sistemas de biometria são tratados dois tipos de taxas de erro. A primeira é chamada de taxa de erro de falsa aceitação (FAR - False Accept Rate) que representa a probabilidade de um impostor ser aceito pelo sistema. A outra taxa é chamada de taxa de erro de falsa rejeição (FRR - False Reject Rate) que representa a probabilidade de um indivíduo apto ser considerado impostor e, portanto, ser recusado pelo sistema.

Um parâmetro chamado "decidabilidade" [5] mede a separação levando em consideração a média e o desvio padrão das duas distribuições e é independente do limiar adotado para decisão. Sendo μ_1 e μ_2 as médias e σ_1 e σ_2 os desvios padrões das duas distribuições, a decidabilidade é dada por:

$$d' = \frac{|\mu_1 - \mu_2|}{\sqrt{(\sigma_1^2 + \sigma_2^2)/2}} \quad (1)$$

A performance de qualquer sistema de biometria pode ser calibrada pelo seu valor de decidabilidade. Quanto maior a decidabilidade, maior a separação entre as distribuições intra-classe e inter-classe e

conseqüentemente, maior a precisão no reconhecimento.

4 Formulando o Problema

O processo de geração da representação retangular da região da íris proposto por Daugman sugere uma seleção uniforme de pontos (pixels) ao longo de toda a extensão da íris, como mostrado na figura 3(a). Estes pixels são, posteriormente, codificados e utilizados para a comparação. A quantidade de pontos selecionados é determinada pelas resoluções radial e angular utilizada.

Este artigo propõe manter as mesmas resoluções radial e angular, porém não utilizar uma seleção uniforme de pontos ao longo de toda extensão da íris na direção radial (nota: na direção angular continua-se com uma varredura uniforme) mas sim, tentar selecionar pixels da imagem que armazenem mais informações e que melhor a representam.

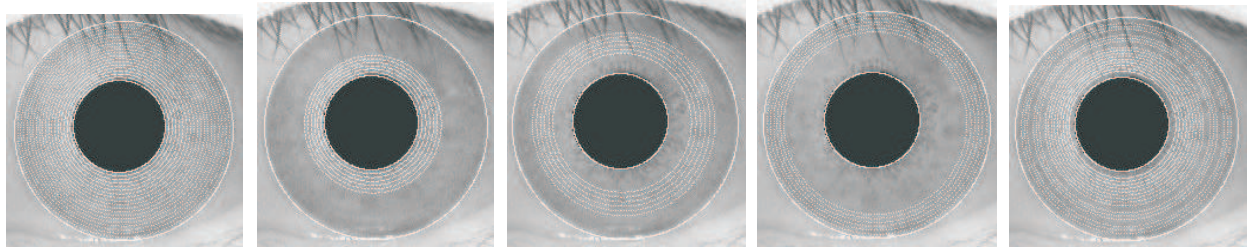
Inicialmente, foi realizado um procedimento bastante simples com o objetivo de se avaliar a influência de algumas regiões da íris no reconhecimento. Dividiu-se a íris em três regiões anulares, como mostrado nas figuras 3(b), 3(c) e 3(d) e o sistema foi testado considerando cada uma destas regiões separadamente. Os pixels também foram escolhidos uniformemente na direção radial, porém somente dentro da região pré-definida.

Foi encontrado experimentalmente que a dimensão da representação retangular da íris mais interessante de ser utilizada na implementação do sistema com a normalização uniforme de Daugman é de 18×240 pixels. Assim, a divisão da região da íris em três na direção radial implica que a resolução radial destas sub-regiões deve ser 6 pixels, mantendo a mesma resolução angular de 240 pixels.

A métrica utilizada para se medir a performance do sistema foi a decidabilidade. Observando a tabela 1, é possível perceber que as regiões interna e central oferecem um melhor resultado (maior decidabilidade) do que a região externa. Com certeza isto se deve ao fato de que nestas regiões há uma maior quantidade de informações de características inerentes à sua estrutura. Além disso, a região mais externa geralmente sofre influência das pálpebras e dos cílios.

Através deste simples teste, observa-se que realmente há uma variação na performance do sistema quando são selecionados pontos em regiões diferentes. Isto sugere que pode haver uma determinada distribuição de pontos na região da íris que torna o processo mais confiável do que quando se utiliza uma seleção uniforme de pontos ao longo de toda a extensão íris.

Para confirmar a relação entre a distribuição de pontos em regiões específicas e a confiabilidade do sistema, foi utilizado um novo procedimento em que



(a) Distribuição Uniforme (Daugman) (b) Região Interna (c) Região Central (d) Região Externa (e) Melhor distribuição da combinação de 6 regiões

Figura 3: Representação das distribuições

o número de regiões é aumentado e são utilizadas combinações de regiões.

Primeiramente, dividiu-se a região da íris não em três, mas em dez regiões anulares. Para a geração da representação retangular, com uma resolução de 18×240 pixels, seis regiões diferentes são escolhidas em cada simulação e são retirados três pontos na direção radial de cada uma delas.

Desta forma, a quantidade de combinações de regiões possível é:

$$C_6^{10} = \binom{10}{6} = \frac{10!}{6!(10-6)!} \cong 210 \quad (2)$$

Todas as 210 combinações foram testadas e o desempenho do sistema foi medido para cada uma delas. Como mostrado na tabela 1, foi possível encontrar uma distribuição de pontos que torna o sistema mais confiável do que quando se utiliza a distribuição uniforme de Daugman. A melhor distribuição de pontos foi dada pela utilização das regiões 2, 3, 4, 5, 7 e 9, considerando a região mais próxima da pupila como sendo a região 1 e a da extremidade externa da íris como sendo a região 10. Assim, foram selecionados 3 pixels de cada uma destas regiões. A figura 3(e) ilustra estes pixels e como se pode observar, a maioria deles são provenientes das regiões centrais da íris e em geral, mais próximas da pupila.

Portanto, fica provado que se forem selecionadas regiões específicas da íris para a geração da representação retangular, a confiabilidade do sistema aumenta.

Uma maneira de melhorar esta idéia é fazer uma busca não das regiões que melhor representam a íris, mas sim, dos melhores pontos (pixels). Na realidade, o tratamento empregado continua sendo o mesmo, porém, é como se fossem consideradas regiões anulares de espessura unitária, igual a um pixel (círculo). Com certeza, o desempenho do sistema seria melhorado se, para um determinado banco de imagens, fosse possível selecionar uma determinada distribuição de pixels que fornecesse uma melhor distinção entre as imagens geradas à partir de íris diferentes e, ao mesmo tempo, favorecesse a correspondência entre imagens geradas à partir da mesma íris. O grande problema é que a quantidade

de combinações de pixels possível é muito grande e o teste de cada uma delas para encontrar a melhor demandaria um processamento computacional inviável.

As íris do banco de imagens utilizado possuem em média 65 pixels entre a borda da pupila e a borda externa da íris. Considerando somente 40 pixels disponíveis para serem selecionados na direção radial, o número de combinações possíveis para a busca pelos melhores 18 pixels (para manter a resolução da representação retangular) seria:

$$C_{18}^{40} = \binom{40}{18} = \frac{40!}{18!(40-18)!} \cong 1,1338 * 10^{11} \quad (3)$$

Atualmente, é quase impossível processar um número tão grande de combinações com o método tradicional. Porém, existem algumas técnicas que são freqüentemente empregadas para resolver este tipo de problema, em que se tem um espaço de busca muito grande. Uma alternativa que, a princípio, parece ser adequada é a utilização dos chamados algoritmos genéticos.

5 Aplicação de Algoritmos Genéticos

Algoritmos genéticos (AGs) são inspirados no princípio Darwiniano da evolução das espécies e na genética [3] e usam uma analogia direta com o comportamento natural. Eles trabalham com uma população de indivíduos, sendo que cada indivíduo da população representa uma possível solução para um dado problema. À cada indivíduo é atribuído um determinado valor de aptidão. O valor de aptidão deve fornecer uma informação a respeito do quanto um indivíduo é bom (apto) para servir como solução para o problema. Quanto mais apto for um indivíduo, maior a probabilidade dele ser escolhido para reprodução.

Os AGs são capazes de “evoluir” soluções para diversos problemas, desde que eles sejam adequadamente codificados. Uma das inúmeras aplicações dos AGs é resolver problemas com grandes espaços de busca e com características que precisem ser

combinadas em busca da melhor solução. Portanto, a utilização de AGs será muito importante para a solução dos problemas encontrados neste trabalho.

É importante saber que os AGs não garantem encontrar a melhor de todas as soluções possíveis para um problema, mas geralmente eles são muito bons em encontrar uma solução aceitável em um tempo também aceitável.

Para implementar um AG é necessário, primeiramente, escolher uma codificação ou representação adequada para o problema e definir a função de aptidão que irá estabelecer valores de aptidão para cada indivíduo. Deve-se também projetar o método de seleção dos indivíduos mais aptos para a reprodução e definir as regras de recombinação das características.

Cada possível solução para o problema é representada por um conjunto de parâmetros ou genes. Os genes são unidos para formar uma string de valores ou um cromossomo. A representação binária é a mais comum por ser simples e fácil de ser manipulada por operadores genéticos.

Os operadores genéticos mais tradicionais são o crossover (cruzamento) e a mutação. No primeiro caso, dois indivíduos da população são selecionados e seus cromossomos são cortados em uma posição aleatória. Assim, são produzidas duas caudas que são trocadas entre os dois cromossomos para dar origem a dois novos indivíduos completos. A mutação é, geralmente, aplicada a cada descendente individualmente depois do crossover. Ela altera alguns genes do cromossomo de uma maneira aleatória e com baixa probabilidade. A mutação é vista, tradicionalmente como um operador secundário, entretanto, alguns exemplos na natureza mostram que a reprodução assexuada pode originar criaturas sofisticadas sem a presença de cruzamentos (crossover). Schaffer et al. [7] concluíram, através de experimentos, que a utilização somente da mutação é tão poderosa quanto o crossover na tarefa de realizar uma busca. Spears [11] sugeriu que um operador de mutação adequadamente projetado pode fazer tudo que o crossover pode.

Para resolver o problema descrito na seção anterior foi utilizado uma representação binária de 40 bits onde cada bit (ou, na linguagem de AGs, cada gene do cromossomo) representa um dos possíveis pixels que podem ser selecionados na direção radial. Quando o valor de um bit é 1 significa que o pixel a quem ele se refere é selecionado e quando o valor do bit é 0 o pixel não é selecionado.

Para manter a resolução da representação retangular da íris, serão escolhidos sempre 18 pixels ao longo da direção radial, portanto um cromossomo só é válido quando possui 18 bits iguais a 1 e os outros 22 iguais a 0.

A função de aptidão é a decidabilidade. Quanto maior o valor da decidabilidade para uma determinada distribuição de pontos, maior a aptidão do

indivíduo e maior a probabilidade deste ser selecionado para a reprodução.

Para a reprodução foi utilizado somente um operador de mutação. Como o problema em questão trata-se de um reordenamento, um mecanismo de reprodução adequado ao problema em questão é a mutação trocada (swap mutation) que funciona da seguinte maneira. Primeiro é selecionado um indivíduo da população atual e são escolhidos aleatoriamente dois genes, sendo um igual a 1 e o outro igual a 0. Então estes genes são trocados de lugar dando origem a um descendente válido. Este procedimento é ilustrado na figura 4.

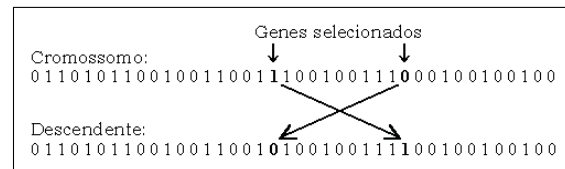


Figura 4: Mutação trocada (Swap mutation)

Para garantir que a próxima população será formada por indivíduos melhores, ou seja, a população converge para um melhor resultado, os descendentes são reunidos com os ancestrais e então os mais aptos são selecionados para formar a próxima geração.

6 Resultados Experimentais

Para se processar os testes, foram utilizadas imagens de olhos provenientes do banco de dados da Academia Chinesa de Ciências - Instituto de Automação (CASIA - Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation) [2]. Estas imagens foram obtidas especialmente para serem usadas em pesquisas de reconhecimento de íris, usando uma luz próxima da infravermelha, portanto, as características da região da íris são facilmente visíveis e existe um bom contraste entre a pupila, a íris e a parte branca do olho.

Foi obtido experimentalmente que uma resolução adequada para a representação retangular da íris é 18x240 pixels, ou seja, uma resolução radial de 18 pixels e uma resolução angular de 240 pixels. As imagens utilizadas para simular o sistema permitiram o processamento de 1840 comparações intra-classe e 21840 comparações inter-classe.

As simulações foram processadas, primeiramente, com a distribuição uniforme de pontos proposta por Daugman. Depois a íris foi dividida em três regiões anulares e o sistema foi testado para cada uma delas separadamente. Em seguida dividiu-se a íris em dez regiões anulares que foram combinadas seis a seis. A performance do sistema foi testada para todas as 210 combinações diferentes para encontrar aquela que oferece o melhor resultado. Os resultados de todas as simulações estão apresentados na tabela 1.

Finalmente, o algoritmo genético foi utilizado para avaliar diversas combinações de 18 pixels de

um total de 40 pixels na direção radial, para encontrar uma solução aceitável que tende à melhor solução. Foi utilizada uma população inicial aleatória de 100 indivíduos e foram processadas 19 gerações. A evolução do AG pode ser observada no gráfico da figura 5. Nota-se que o AG apresenta uma boa convergência uma vez que, a cada geração, a aptidão média da população se aproxima mais da aptidão do melhor indivíduo.

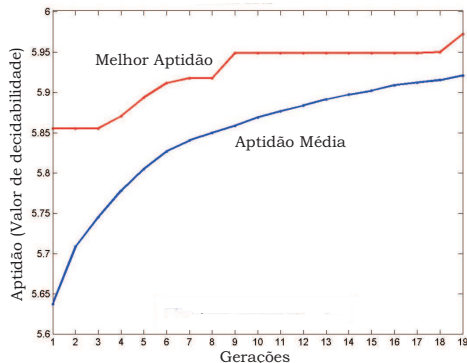


Figura 5: Evolução do AG

A melhor distribuição de pixels obtida pelo AG está ilustrada na figura 6 e o seu respectivo valor de decidabilidade está mostrado na tabela 1.

Observa-se que os pixels selecionados estão mais concentrados nas regiões centrais da íris e, ligeiramente, mais próximas à pupila.

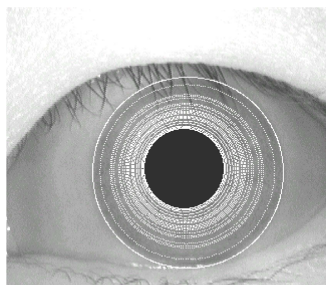


Figura 6: Melhor distribuição de pixels obtida pelo AG.

Simulação	Decidab.	Precisão
Distribuição uniforme (Daugman)	5,7290	99,49%
Região Interna	5,0848	99,22%
Região Central	4,5441	97,04%
Região Externa	2,3015	76,28%
Melhor resultado da combinação de 6 regiões	5,8329	99,729%
Algoritmo genético	5,9722	99,744%

Tabela 1: Resultados experimentais.

7 Conclusão

Este trabalho mostrou que a utilização de algoritmos genéticos foi eficiente uma vez que o processo convergiu para uma melhor distribuição de pontos ao longo da região da íris. Foi possível encontrar

uma distribuição de pontos que torna o sistema mais confiável.

Os resultados mostraram que é melhor selecionar pontos das regiões centrais da íris e daquelas mais próximas da pupila. Isto significa que os padrões da íris estão mais concentrados nestas regiões.

Referências

- [1] C. Tisse, L. Martin, L. Torres, M. Robert. "Person identification technique using human iris recognition". International Conference on Vision Interface, Canada, 2002.
- [2] Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation, Database of 756 Greyscale Eye Images, www.sinobiometrics.com, Version 1.0, 2003.
- [3] D. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Addison Wesley 1989.
- [4] Daugman J. G., "High confidence visual recognition of person by a test of statistical independence", IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Volume: 15, No. 11, 1993, pp.1148-1161.
- [5] Daugman J. G., "How iris recognition works". Proceedings of 2002 International Conference on Image Processing, Vol. 1, 2002.
- [6] G.O. Williams, "Iris Recognition Technology", IEEE Aerospace and Electronics Systems Magazine, 12(4), 1997, pp.23-29.
- [7] J. D. Schaffer, R. A. Caruna, Eshelman L. J. e R. Das. "A study of control parameters affecting online performance of genetic algorithms for function optimisation". Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, pages 51-60, 1989.
- [8] L. Ma, Y. Wang, T. Tan. "Iris recognition using circular symmetric filters". National Laboratory of Pattern Recognition, Institute of Automation, Chinese Academy of Sciences, 2002.
- [9] Oppenheim J. Lim. "The importance of phase in signals". Proceedings of the IEEE 69, 529-541, 1981.
- [10] R. Wildes, J. Asmuth, G. Green, S. Hsu, R. Kolczynski, J. Matey, S. McBride. "A system for automated iris recognition". Proceedings IEEE Workshop on Applications of Computer Vision, Sarasota, FL, pp.121-128, 1994.
- [11] Spears W. M. "Crossover or mutation?", Foundations of Genetics Algorithms, 2, pages 221-237, 1993.