

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE ENGENHARIA ELÉTRICA
PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA



Uma Proposta para o Aumento
da Confiabilidade de um
Sistema de Reconhecimento de
Íris e sua Implementação
através de Algoritmo Genético

Milena Bueno Pereira

Julho

2005

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE ENGENHARIA ELÉTRICA
PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA

Uma Proposta para o Aumento da Confiabilidade de um Sistema de Reconhecimento de Íris e sua Implementação através de Algoritmo Genético

Milena Bueno Pereira

Texto da dissertação apresentada à
Universidade Federal de Uberlândia,
perante a banca de examinadores
abaixo, como parte dos requisitos ne-
cessários à obtenção do título de Mes-
tre em Ciências. Aprovada em 29 de
Julho de 2005.

Banca examinadora:

Antônio Cláudio P. Veiga, Dr - Orientador (UFU)
Gilberto Arantes Carrijo, Dr (UFU)
Keiji Yamanaka, Dr (UFU)
Yuzo Iano, Dr (UNICAMP)

Uma Proposta para o Aumento da Confiabilidade de um Sistema de Reconhecimento de Íris e sua Implementação através de Algoritmo Genético

Milena Bueno Pereira

Texto da dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia
como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciências.

Prof. Dr. Antônio Cláudio P. Veiga
Orientador

Prof. Dr. Darizon Alves de Andrade
Coordenador do curso de Pós-Graduação

Aos meus pais Vanderlei e Lúcia pelo apoio e dedicação...
Aos meus irmãos Aline e Alan pela amizade e compreensão...
Ao Walterson pelo incentivo e companheirismo...
E a DEUS que tornou tudo possível.

Agradecimentos

A Deus, pela minha vida, minha saúde e por tudo que tenho e sou.

Aos meus amados pais Vanderlei e Lúcia por serem meu porto seguro e estarem sempre ao meu lado. Vocês são os principais responsáveis por todas as minhas conquistas.

Aos meus adoráveis irmãos Aline e Alan pelo apoio, carinho, paciência e compreensão. Vocês são pessoas muito especiais e importantes para mim.

Ao meu querido Walterson pelo amor, amizade, incentivo, dedicação e apoio incondicional.

Ao meu orientador Prof. Antônio Cláudio Paschoarelli Veiga, pela confiança, apoio, interesse e pela importante orientação no trabalho.

A todos os meus companheiros da pós-graduação que muito me ajudaram durante estes dois anos de trabalho, em especial, ao Wemerson, Anderson e Alexandre.

Ao meu grande amigo Élvio, com quem posso contar sempre, pela amizade, companheirismo e pelas ajudas que foram fundamentais para a concretização deste trabalho.

Aos professores e funcionários da Faculdade de Engenharia Elétrica, em especial à Marli, pela amizade e colaboração em questões administrativas e acadêmicas.

À CAPES pelo suporte financeiro a este trabalho.

Resumo

Pereira, M. B. Uma Proposta para o Aumento da Confiabilidade de um Sistema de Reconhecimento de Íris e sua Implementação através de Algoritmo Genético, Uberlândia, FEELT-UFU, 2005

Nos últimos anos, os sistemas de reconhecimento de indivíduos através de características biométricas estão sendo amplamente utilizados em aplicações de segurança. Neste trabalho será descrito o processo de reconhecimento de íris que tem chamado bastante atenção devido ao seu alto grau de confiabilidade e eficiência.

O sistema de reconhecimento de íris proposto por Libor Masek [24] foi tomado como referência e todas as etapas de processamento da imagem da íris foram analisadas. Estas etapas são: a localização da região pertencente a íris na imagem; a normalização da região da íris para eliminar inconsistências dimensionais; a codificação dos padrões da estrutura da íris para a geração de um template biométrico; e finalmente, a comparação de templates que decide se os templates comparados foram gerados à partir da mesma íris ou não.

Após a simulação e análise de todas as etapas envolvidas no processamento da imagem da íris, foi proposta e implementada neste trabalho, uma técnica que objetiva uma melhoraria na confiabilidade do sistema, através da utilização dos chamados algoritmos genéticos que se encarregam de encontrar distribuições de pixels ao longo da região da íris que melhor representam as imagens utilizadas.

Para a simulação e avaliação do sistema foram utilizadas imagens de íris provenientes do banco de imagens da Academia Chinesa de Ciências - Instituto de Automação (CASIA - Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation) [46].

Palavras-chave

Reconhecimento de íris, identificação biométrica, reconhecimento de padrões, algoritmos genéticos.

Abstract

Pereira, M. B. *A Proposal to Increase the Reliability of an Iris Recognition System and its Implementation through Genetic Algorithm*, Uberlândia, FEELT-UFU, 2005

In the last few years, recognition systems based on biometric characteristics are being largely used for security applications. In this work, it will be described the iris recognition process, which have been called so much attention due to the high degree of efficiency and reliability that can be achieved.

The iris recognition system proposed by Libor Masek [24] was taken as reference and all stages required to process the iris image were analyzed. These stages are: the localization of the iris region in the image; the normalization of the iris region to eliminate dimensional inconsistencies; the codification of the iris structure patterns to generate the biometric template; and finally, the comparison of templates to decide whether they were generated from the same iris or not.

After the simulation and analysis of all stages evolved in the iris image processing, a technique was proposed and implemented in this work, with the aim of improving the system reliability through the use of genetic algorithms that take charge of looking for distributions of pixels along the iris region which better represent the images used.

For the simulation and the evaluation of the system, it was used the iris images from the images database of the Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation (CASIA) [46].

Keywords

Iris recognition, biometric identification, pattern recognition, genetic algorithms.

Sumário

Sumário	viii
Lista de Figuras	x
Lista de Tabelas	xiii
Simbologia	xiv
1 Introdução	1
1.1 Objetivos	2
1.2 Estrutura da dissertação	3
1.3 Considerações iniciais	4
2 Biometria e o sistema de reconhecimento de íris	5
2.1 Biometria	5
2.2 Principais Técnicas Biométricas	7
2.2.1 Impressão digital	7
2.2.2 Geometria da mão	8
2.2.3 Face	9
2.2.4 Retina	10
2.2.5 Voz	12
2.2.6 Assinatura	13
2.3 Características de sistemas de biometria	14
2.4 Reconhecimento de íris	16
2.4.1 Estrutura da íris humana como elemento confiável de reconhecimento	16
2.4.2 Particularidades da íris	19
2.4.3 Sistema de reconhecimento de íris	21

3	Etapas de processamento	24
3.1	Localização	24
3.1.1	Descrição do método utilizado	26
3.1.2	Resultados da implementação	33
3.2	Normalização	36
3.2.1	Descrição do método utilizado	37
3.2.2	Resultados da implementação	41
3.3	Codificação	42
3.3.1	Descrição do método utilizado	42
3.3.2	Resultados da implementação	46
3.4	Comparação	48
3.4.1	Descrição do método utilizado	48
4	Definições importantes	52
4.1	Ambiente de Decisão e as Taxas de Erro	52
4.2	Decidabilidade	55
4.3	Resolução do Template	56
4.4	Quantidade de deslocamentos	57
5	Proposta de uma nova metodologia	59
5.1	Formulação do problema	60
5.2	Algoritmos genéticos	65
5.3	Implementação da metodologia proposta	70
6	Resultados Experimentais	74
6.1	Imagens utilizadas	75
6.2	Resultados	76
6.3	Comparações de algoritmos	81
7	Conclusões	83
7.1	Resumo da implementação e dos resultados	83
7.2	Conclusões gerais e contribuições	86
7.3	Publicações	87
7.4	Trabalhos futuros	88
	Referências Bibliográficas	89

Lista de Figuras

2.1	<i>Diagrama esquemático do sistema de verificação biométrica . . .</i>	16
2.2	<i>a)Vista frontal do olho; b)Seção frontal da estrutura da íris; c)Seção transversal da estrutura da íris.</i>	18
2.3	<i>Etapas do sistema de reconhecimento de íris</i>	23
3.1	<i>Imagem de olho do banco de imagens CASIA [46]</i>	25
3.2	<i>Representação geométrica de um círculo</i>	27
3.3	<i>a)Plano x-y ; b)Espaço de parâmetros</i>	27
3.4	<i>Acumulador de votos</i>	28
3.5	<i>a)Imagem de um olho (068_2_1 do banco de dados CASIA); b)Mapa de bordas correspondente; c)Mapa de bordas utilizando somente gradiente vertical; d)Mapa de bordas utilizando so- mente gradiente horizontal</i>	30
3.6	<i>a)Imagem de um olho (075_1_2 do banco de dados CASIA); b)Mapa de bordas correspondente; c)Mapa de bordas utilizando somente gradiente vertical; d)Mapa de bordas utilizando so- mente gradiente horizontal</i>	30
3.7	<i>Estágios do processo de exclusão das pálpebras a)Imagem ori- ginal proveniente do banco de imagens CASIA [46]; b)Linhas detectadas através da Transformada de Hough Linear corres- pondente às bordas das pálpebras superior e inferior; c)Linhas horizontais que interceptam as primeiras no ponto de borda da íris mais próximo à pupila; d)Exclusão das regiões acima da linha horizontal referente à pálpebra superior e abaixo da referente à pálpebra inferior.</i>	32
3.8	<i>Exemplo de resultados do processo de localização da região da íris. Imagens do banco de dados CASIA [46].</i>	33
3.9	<i>Exemplos de resultados do processo de exclusão das pálpebras e cílios. Imagens do banco de dados CASIA [46].</i>	34
3.10	<i>Representação retangular da região da íris proposta por John Daugman [7], [9], [10], [5]</i>	37

3.11	<i>Esboço do processo de normalização com resolução radial igual a 10 pixels e resolução angular igual a 40 pixels</i>	39
3.12	<i>a)Pixels selecionados na imagem original para geração da representação retangular da íris; b)Representação retangular da região da íris com dimensões 18x240 pixels; c)Máscara de ruídos: a parte branca representa as regiões que sofrem interferência das pálpebras e cílios (dimensões: 18x240 pixels).</i>	41
3.13	<i>Par de filtros de Gabor em quadratura.</i>	43
3.14	<i>Função de transferência da componente de simetria par do filtro de Gabor com uma largura de banda grande. As duas Gaussianas que formam a função se sobrepõem na origem resultando em uma componente DC significativa.</i>	44
3.15	<i>Plano complexo usado para quantização</i>	45
3.16	<i>a)Representação normalizada da íris com dimensões 18x240 pixels; b)Máscara de ruídos com dimensões 18x240 pixels; c)Template binário com dimensões 18x480 pixels, gerado à partir da codificação de cada pixel da representação normalizada da íris, sendo que cada pixels é codificado por dois bits; d)Codificação da máscara de ruídos com dimensões 18x480 (cada pixels da máscara de ruídos é codificada por dois bits.)</i>	47
3.17	<i>Representação de 1 deslocamento onde são deslocados sempre dois bits de cada vez, pois cada pixel da representação normalizada da íris é codificada por dois bits. Deve-se considerar somente a menor distância de Hamming que, neste caso, é igual a 0,28 e representa o melhor casamento entre os dois templates comparados.</i>	51
4.1	<i>Ambiente de decisão: distribuições de distância de Hamming geradas a partir de comparações intra-classe e inter-classe</i>	53
5.1	<i>Representação das distribuições</i>	61
5.2	<i>Divisão da íris em 10 regiões anulares.</i>	62
5.3	<i>Representação do crossover de um ponto de corte</i>	68
5.4	<i>Representação da mutação simples</i>	68
5.5	<i>Mutação trocada (Swap mutation)</i>	72
5.6	<i>Ilustração da quantidade de mutações trocadas que um indivíduo pode sofrer no momento da reprodução.</i>	72
6.1	<i>Curvas ilustrativas da evolução da aptidão média e da aptidão do melhor indivíduo de cada geração</i>	76
6.2	<i>Melhor distribuição de pixels encontrada na 40ª geração do AG.</i>	78

6.3	<i>Distribuições das distâncias de Hamming geradas pelas comparações intra-classe e inter-classe.</i>	79
-----	---	----

Lista de Tabelas

4.1	<i>Valores de decidabilidade obtidos em função da resolução da representação retangular da íris. Os valores na horizontal representam a resolução angular em pixels e os na vertical representam a resolução radial em pixels.</i>	56
4.2	<i>Valores de decidabilidade obtidos em função da quantidade de deslocamentos.</i>	58
5.1	<i>Resultados da utilização de diferentes distribuições de pixels da região da íris para normalização.</i>	63
6.1	<i>Valores de aptidão média e da máxima aptidão obtidos em cada geração do AG.</i>	77
6.2	<i>Taxas de erro obtidas para diferentes valores de limiar.</i>	80
6.3	<i>Desempenho de algoritmos</i>	81
6.4	<i>Comparação do algoritmo proposto com o de Libor Masek.</i>	82

Lista de acrônimos

CASIA – Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation (banco de imagens da Academia Chinesa de Ciências - Instituto de Automação)

TH – Transformada de Hough

THC – Transformada de Hough Circular

DH – Distância de Hamming

FRR – False Reject Rate (Taxa de erro de falsa rejeição)

FAR – False Accept Rate (Taxa de erro de falsa aceitação)

AG – Algoritmo Genético

Capítulo 1

Introdução

Existe uma preocupação mundial crescente com relação a garantia da segurança. Nos últimos anos, principalmente depois do atentado terrorista de 11 de Setembro, esta preocupação se tornou mais intensa obrigando os governos federais a investirem grandes quantias na segurança nacional. Ferramentas como senhas e cartões magnéticos, que representam as alternativas mais tradicionalmente utilizadas para o controle de acesso e identificação de usuários, passaram a não ser mais suficientes para garantir a segurança desejada, uma vez que são bastante vulneráveis a fraudes.

A partir da necessidade de evitar estas fraudes e conseqüentemente, aumentar a confiabilidade de dispositivos de segurança, emergiram as chamadas técnicas de biometria. *Bio* = vida e *metria* = medida, ou seja, o termo biometria representa uma medida da vida ou de características físicas, biológicas ou comportamentais dos indivíduos.

A aplicação de biometria, bem como a busca por tecnologias cada vez mais confiáveis e eficientes têm crescido consideravelmente nos últimos anos. Dentre as diversas técnicas biométricas, o reconhecimento de indivíduos pela

íris, que é o assunto tratado neste trabalho, chama bastante atenção, uma vez que a íris é um elemento muito rico em detalhes e garante a unicidade dos padrões de cada indivíduos.

1.1 Objetivos

Os principais objetivos deste trabalho são:

- Analisar um sistema de reconhecimento de íris completo que permita a realização de simulações e avaliações de seu desempenho;
- Confirmar a capacidade de se distinguir indivíduos através da análise das características de sua íris;
- Propor um método, baseado em algoritmos genéticos, para melhorar o desempenho do sistema implementado por Libor Masek [24], no que tange a confiabilidade;
- Desenvolver um know-how nacional e local para aplicações de sistemas de reconhecimento de íris.

A fim de atingir estes objetos, foram estabelecidas as seguintes metas:

- Estudar as características das técnicas de biometria para entender todos os aspectos envolvidos no processo;
- Estudar, compreender e simular cada uma das etapas do processamento da imagem da íris;
- Propor modificações no sistema a fim de atingir uma maior confiabilidade;

- Estudar a teoria de algoritmos genéticos e implementar a modificação mencionada no ítem anterior, que é técnica proposta neste trabalho;
- Realizar simulações do sistema modificado e avaliar os resultados obtidos comparativamente.

1.2 Estrutura da dissertação

Todas as informações envolvidas no desenvolvimento deste trabalho estão descritas em cada um dos capítulos. Estruturalmente, esta dissertação está dividida da seguinte forma:

- *Capítulo 1*: Apresentação dos objetivos e da estrutura do trabalho;
- *Capítulo 2*: Introdução sobre biometria e as principais técnicas biométricas e descrição da estrutura da íris e das principais características de sistemas de reconhecimento de íris.
- *Capítulo 3*: Descrição de cada uma das etapas de processamento do sistema de reconhecimento de íris.
- *Capítulo 4*: Apresentação de algumas definições e determinação de alguns parâmetros importantes para o sistema de reconhecimento de íris;
- *Capítulo 5*: Formulação do problema, apresentação e implementação do método proposto e descrição de algoritmos genéticos;
- *Capítulo 6*: Exposição dos resultados experimentais e comparação entre algoritmos;

- *Capítulo 7*: Resumo da implementação e dos resultados obtidos, apresentação das conclusões finais e sugestões para trabalhos futuros.

1.3 Considerações iniciais

Grande parte das simulações foram baseadas no sistema implementado por Libor Masek [24]. Isto foi realizado com o objetivo de comparar o desempenho do sistema proposto com o dele. Em todas as etapas foram utilizadas as técnicas sugeridas por [24], sendo que a única variação entre os dois sistemas acontece na etapa de normalização.

Para a simulação e avaliação do sistema, foram utilizadas as imagens de íris do banco de imagens da Academia Chinesa de Ciências - Instituto de Automação (CASIA - Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation) [46].

Capítulo 2

Biometria e o sistema de reconhecimento de íris

2.1 Biometria

O termo “biometria” envolve uma grande variedade de métodos para se medir e analisar as características humanas. Tecnologias baseadas em biometria vêm sendo amplamente utilizadas com o objetivo de reconhecer a identidade de pessoas automaticamente. 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 se baseia em características físicas do corpo humano, como por exemplo, a face, as impressões digitais, o formato da mão, a íris e a retina e em características comportamentais, como por exemplo, a assinatura e a voz.

Nas últimas décadas as diversas técnicas de biometria vêm sendo amplamente empregadas mundialmente. Esta tecnologia pode ser utilizada em diversas aplicações como o controle de acesso físico em empresas, escolas e clubes, controle de acesso e consumo em recintos públicos (estádios, discotecas, supermercados, restaurantes, etc), proteção de redes de informática, relógio de ponto (controle de assiduidade), vigilância em espaços públicos, segurança de sistemas, substituição de documentos de identificação, e enfim, toda aplicação que exija uma senha ou qualquer espécie de identificação. Observa-se uma preocupação cada vez maior com a segurança, a privacidade e também com a comodidade que a biometria oferece.

No Brasil já se utilizam aplicações de biometria, porém, a tecnologia é importada de países desenvolvidos. Seria muito interessante para o país deter este tipo de tecnologia uma vez que o mercado se apresenta favorável e promissor. É extremamente necessário incentivar os pesquisadores e investir nos centros de pesquisa e desenvolvimento, como as universidades.

Neste trabalho, será tratada uma técnica biométrica que tem chamado bastante atenção nas últimas décadas: o reconhecimento de íris.

Na seção seguinte são feitos breves comentários a respeito de outras técnicas biométricas que podem ser utilizadas.

2.2 Principais Técnicas Biométricas

2.2.1 Impressão digital



A tecnologia de reconhecimento através da impressão digital utiliza os padrões encontrados na ponta dos dedos. Estes padrões se caracterizam pela disposição de estrias bem finas que podem ser usadas para o reconhecimento uma vez que nunca foram encontradas duas impressões digitais exatamente idênticas. Estas características, normalmente, se desenvolvem nas mãos e pés alguns meses antes do nascimento e permanecem constantes a menos que se sofra algum corte ou machucado acidental [30].

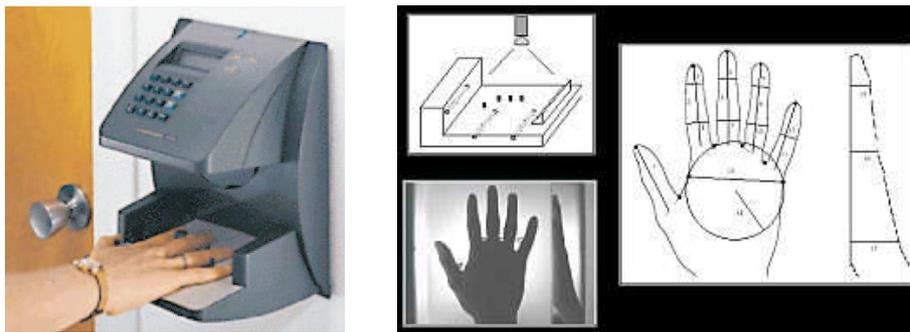
A imagem da impressão digital pode ser capturada através de ferramentas ópticas, elétricas ou através de ultrassom. Então, a imagem é codificada para a geração de um template. Existem dois métodos que são mais utilizados para a geração destes templates. Um deles é a localização dos mínimos detalhes da impressão digital, como os pontos de início e término das estrias e os pontos onde uma estria se divide em duas. O outro método se baseia na coincidência da disposição das estrias [30].

Alguns fatores se apresentam como obstáculos ao processo de reconhecimento da impressão digital, principalmente no que se refere à aquisição da imagem. Em uma pequena porcentagem da população, a impressão digital não pode ser capturada pois podem estar ressecadas e gastas por causa da idade, podem estar sujas, podem ter sofrido alguma ação de componentes químicos corrosivos ou podem ser provenientes de pessoas que desenvolvem

intenso trabalho manual. Além disso, o dispositivo de captura da imagem pode ficar sujo, oleoso e encardido uma vez que é necessário um contato direto com o dedo. Isso interfere na qualidade da imagem e pode provocar erros consideráveis [23].

Existe uma certa resistência dos usuários devido ao fato de que, historicamente, as impressões digitais eram usadas por agências de execução de lei para identificar criminosos. Além disso, algumas pessoas, por questões de higiene, têm receio em colocar o dedo no dispositivo de captura que foi tocado por muitas pessoas estranhas [30].

2.2.2 Geometria da mão



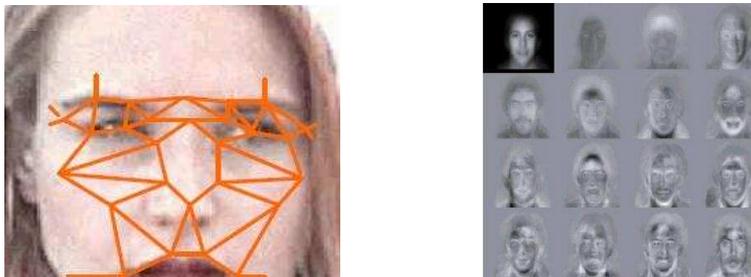
O processo de reconhecimento através da geometria da mão envolve a análise e mensuração do formato da mão. Esta técnica parte da premissa de que a mão de cada indivíduo, embora mude com o tempo, mantém algumas características constantes. As medidas mais usadas são o comprimento dos dedos, a distância entre as juntas e o formato dos nós dos dedos. Os desenhos da palma da mão e dos dedos não são utilizados [23]. Para se capturar as características desejadas, o usuário deve repousar a mão sobre a superfície do sensor em uma posição pré definida.

A geometria da mão não é considerada uma técnica biométrica de controle de acesso tão confiável, uma vez que existe uma grande semelhança entre as características das mãos dos indivíduos. Na mão não existem tantas informações de diferenciação se compararmos, por exemplo, com a impressão digital ou a íris [30].

Esta técnica não é prejudicada pela presença de cicatrizes ou sujeiras, porém, grandes ferimentos na mão e o uso de jóias pode interferir na comparação.

A aceitação dos usuários é favorável, apesar de o processo exigir um pouco de treino para ser utilizado e apesar de existir o problema da higiene, por ser necessário um contato direto com o dispositivo [30].

2.2.3 Face



O reconhecimento facial é uma tecnologia biométrica que identifica as pessoas através de suas características faciais [23]. Estes sistemas capturam a imagem da face através de uma câmera e um template é gerado para ser utilizado para comparação.

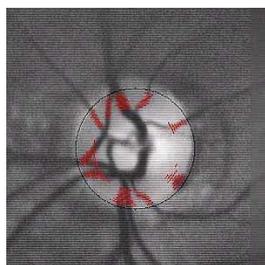
Existem dois métodos principais que são empregados para a geração do template. O primeiro deles é a análise de características locais. Dezenas de imagens de regiões da face são capturadas resultando em campos de características específicos como os olhos, o nariz, a boca e a bochecha. Estes

campos específicos são usados como blocos de uma rede topográfica. Os tipos de blocos e suas posições são usados para identificar uma face. O segundo método considera a face como um todo. Um conjunto de imagens de face são usadas para gerar um conjunto de imagens bi-dimensionais e em tons de cinza que irão produzir o template biométrico. O template da imagem a ser testada é comparada com o template armazenado e o grau de variação entre eles determina se a face foi reconhecida ou não [30].

A eficiência de um sistema de reconhecimento de face é fortemente influenciada por fatores externos e ambientais, principalmente as condições de iluminação. A variação da qualidade da câmera, a posição do rosto, a expressão facial e características faciais como o corte de cabelo, barba, bigode, maquiagem e óculos, também interferem no desempenho do processo. Portanto, os sistemas de reconhecimento de face são mais eficientes quando usados em um ambiente de iluminação consistente e contando com a cooperação dos usuário. A tecnologia de reconhecimento da face não é capaz de distinguir gêmeos idênticos.

É uma tecnologia biométrica bem aceita pelos usuários por ser uma das menos invasivas. Porém, existe um consenso de que estes sistemas podem ser facilmente fraudados, portanto possui baixa confiabilidade [30].

2.2.4 Retina



O reconhecimento através da retina é baseado na análise da disposição dos vasos sanguíneos na retina que é um nervo muito fino e fica localizada atrás do olho. A disposição deste vasos é única para cada pessoa, não existindo duas retinas iguais nem em gêmeos idênticos. As características da retina permanecem constante ao longo de toda a vida, exceto no caso de algumas doenças como diabetes, glaucoma, pressão alta e AIDS [30].

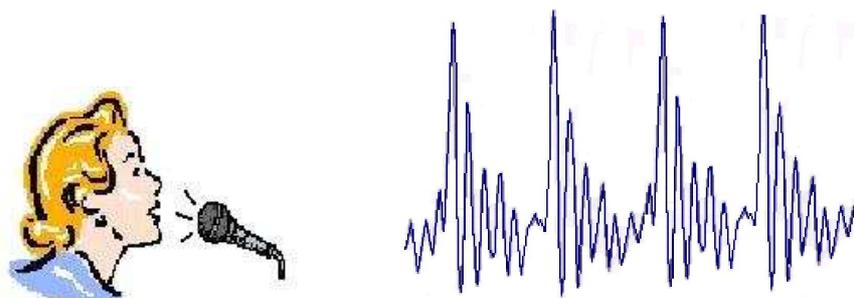
Os dispositivos de captura da imagem da retina projetam uma luz infravermelha de baixa intensidade através da pupila até chegar na retina. É praticamente impossível replicar a imagem produzida por uma retina humana, portanto, esta tecnologia, assim como o reconhecimento de íris, é considerada a técnica biométrica mais precisa e confiável.

O reconhecimento da retina é o mais difícil de ser utilizado. As tecnologias mais antigas de captura da imagem requeriam que o usuário focalizasse repetidamente uma luz verde através de um pequeno orifício no dispositivo de leitura. Esta luz ficava à aproximadamente 1cm de distância do olho e era necessário manter a focalização por 10 a 12 segundos. Entretanto, uma tecnologia desenvolvida recentemente é capaz de capturar a imagem da retina a uma distância de até 1m do olho e em 1.5 segundos. A tecnologia mais antiga sofre interferências de óculos, lentes de contato e problemas como a catarata, enquanto a tecnologia mais nova se acomoda melhor a estes fatores [30].

Embora o processo de reconhecimento da retina seja completamente seguro, os usuários tendem a apresentar alguma resistência uma vez que o olho é uma área muito delicada e como é necessário a utilização de raios infra-vermelhos, eles consideram o método muito invasivo. Além disso, outro incômodo seria a grande proximidade com o equipamento. Porém, a tecnologia mais nova consegue melhorar um pouco esta situação. Um outro fator considerado pelos usuários está ligado a privacidade uma vez que alguns vasos

sanguíneos da retina podem ser associados com determinadas doenças [30].

2.2.5 Voz



O reconhecimento de pessoas através da voz se baseia em características particulares do sistema vocal dos indivíduos que resultam em variações do ritmo, tom e fluxo da voz [23].

Amostras da fala de uma determinada pessoa são capturadas através de um microfone ou o vocal de um telefone. Estas amostras são codificadas para a geração de um template que será armazenado para futura comparação. Quando a pessoa deseja ser reconhecida, o sistema requer que ela fale algo para que as características de sua voz sejam comparadas com o template armazenado.

Existem sistemas que utilizam algumas palavras predefinidas que são usadas tanto no cadastramento quanto no momento do reconhecimento. Outros sistemas não dependem de palavras específicas e são treinados para reconhecerem as características particulares de uma voz independentemente das palavras que forem ditas. Estes últimos são, geralmente, sistemas menos confiáveis [30].

Embora o reconhecimento de voz possa ser usado para o controle de acesso físico de pessoas, ele é mais frequentemente utilizado em ambientes em que a

voz é o único recurso biométrico disponível, como em telefones ou call centers.

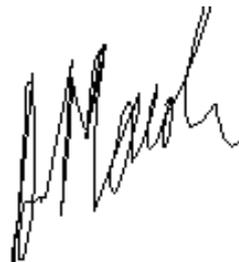
Para se capturar a voz, o usuário deve se posicionar perto do dispositivo de aquisição e deve falar claramente, tomando o cuidado de falar da mesma maneira tanto no momento do armazenamento quanto para a identificação.

Existem fatores que interferem no desempenho do sistema, como um resfriado, o barulho do ambiente, a qualidade do dispositivo de aquisição de som e também o fato de os processos de armazenamento e de reconhecimento serem realizados em ambientes diferentes ou utilizando diferentes equipamentos para capturar a voz [30].

Alguns sistemas de reconhecimento de voz oferecem segurança contra o uso de vozes gravadas para tentar enganar o sistema. As propriedades eletrônicas dos dispositivos de gravação mudam a acústica de forma que, nestes sistemas, a amostra da voz gravada não é confundida com a voz armazenada.

Esta técnica biométrica é a mais bem aceita pelos usuários uma vez que é considerada a menos invasiva e de fácil utilização [30].

2.2.6 Assinatura



O sistema de reconhecimento de pessoas pela assinatura analisa a maneira que o usuário assina o seu nome. O usuário deve assinar sobre uma prancheta digital e o sistema analisa algumas características da assinatura como a velocidade, a aceleração, a ordem e o número de batidas e a pressão.

O sistema compara não só a aparência da assinatura, mas também, como ela é feita [23].

A utilização do reconhecimento de assinatura para o controle de acesso é um pouco limitada, pois um bom falsificador de assinaturas pode enganar o sistema e provocar uma falsa aceitação no momento do reconhecimento [30].

Alguns fatores podem afetar a eficiência do sistema como o usuário assinar muito rápido ou não possuir uma assinatura regular ou assinar em posições diferentes ou quando a assinatura varia com o estado emocional e de saúde do usuário.

Diferentemente das outras técnicas de biometria, o reconhecimento pela assinatura possui uma sinergia com os processos existentes. As pessoas já estão acostumadas a assinar como um meio de identificação e, portanto, não existe resistência em transferir esta prática para aplicações de biometria. Porém, a prancheta digital é um pouco inconveniente como um dispositivo de entrada e a principal crítica é que, geralmente, o usuário não vê o que está escrevendo [30].

2.3 Características de sistemas de biometria

Apesar das tecnologias biométricas medirem características distintas, todos os sistemas de reconhecimento biométrico envolvem um processo similar que inclui basicamente duas fases. Primeiro, o usuário precisa se registrar no sistema, permitindo a coleta do elemento biométrico que pode ser a impressão digital, a imagem da íris ou da face, gravação da voz, entre outros elementos mensuráveis. As características-chave são extraídas e convertidas em um código padrão ou template, que é armazenado. Na prática, o sistema não grava a foto do olho ou da impressão digital, mas sim o código (template)

que representa a identidade biométrica do usuário. Numa segunda fase, para que um usuário tenha acesso ao sistema, é preciso que ele apresente sua característica biométrica, que será comparada ao padrão que foi registrado no banco de dados. A coincidência entre o padrão gravado e o coletado em tempo real raramente será perfeita. O sistema pode ser configurado para ser mais ou menos tolerante, procurando minimizar o número de rejeições e ao mesmo tempo tentando impedir que um falso usuário obtenha acesso.

As técnicas de reconhecimento por meio da biometria podem ser adotadas para a verificação ou para a identificação. No primeiro caso, o usuário se apresenta como sendo uma determinada pessoa e o sistema confere a veracidade da informação. Se for o caso, o usuário terá acesso ao que é restrito. Sistemas desse tipo são chamados de 1-1 (um-para-um), pois a medida biométrica que se apresenta é simplesmente checada com a que foi registrada no banco de dados, durante o cadastramento desse usuário.

No segundo caso, a identificação de uma pessoa ocorre quando se tem o dado biométrico dela e se faz uma busca num banco de dados, comparando as informações até que se encontre (ou não) um registro idêntico ao que é procurado, com certa margem de erro inclusa. Sistemas desse tipo são conhecidos por 1-n (um-para-muitos), pois o dado de uma pessoa é comparado ao de várias outras.

O esquema da figura [2.1](#) descreve o processo envolvido em um sistema biométrico de verificação.

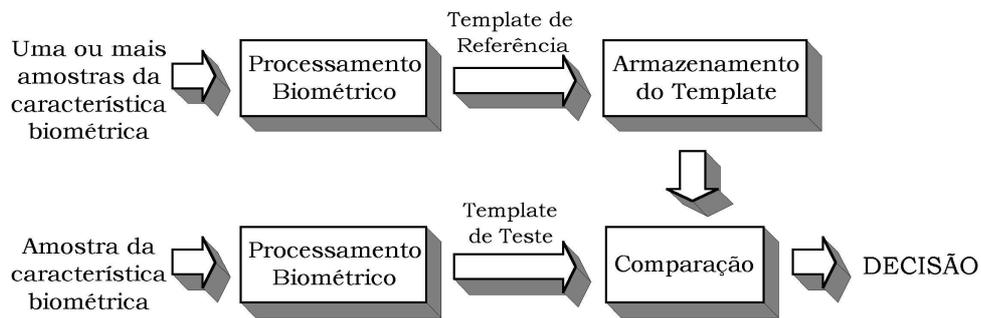
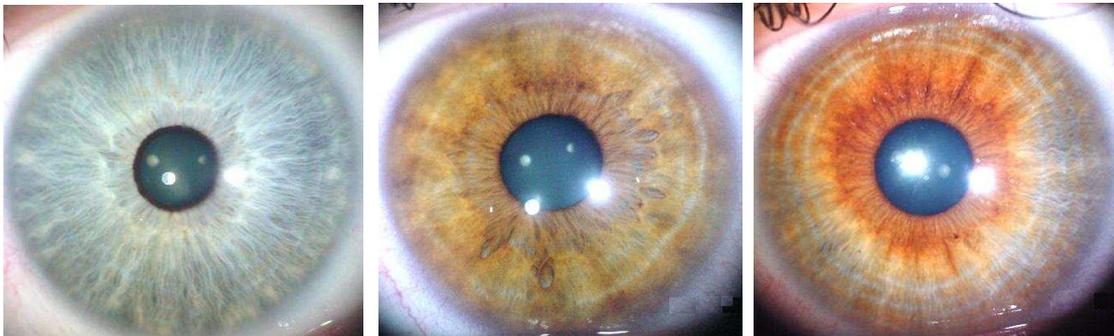


Figura 2.1: Diagrama esquemático do sistema de verificação biométrica

2.4 Reconhecimento de íris

2.4.1 Estrutura da íris humana como elemento confiável de reconhecimento



Íris é o nome que se dá à região colorida do olho. Trata-se de uma membrana contrátil, diferentemente pigmentada nos indivíduos, a dar-lhes a cor dos olhos. É centralizada por um orifício (pupila) e sua extremidade é formada por um conjunto de fibras musculares lisas que se estreitando ou dilatando regula a quantidade de raios luminosos que deverão atravessar os

meios internos para ir impressionar a retina. Em sua base, a íris é anexada ao corpo ciliar. Na frente da íris está localizada a córnea que é uma membrana transparente e está separada da íris apenas por um estreito espaço denominado câmara anterior que é preenchido pelo humor aquoso. A córnea completa a esclerótica (branco do olho) fechando o globo ocular e oferece uma proteção transparente à íris. Portanto, a íris é um órgão interno, porém, externamente visível. A figura 2.2 mostra uma visão frontal do olho humano e também esquemas ilustrativos da estrutura da íris.

Para se entender porque a íris pode ser usada como um objeto de biometria, para reconhecimento de indivíduos, é interessante conhecer sua estrutura com um pouco mais de detalhe. A íris é composta por várias camadas. A superfície posterior consiste de células epiteliais fortemente pigmentadas, o que a torna opaca, impedindo a passagem de luz. Na frente desta superfície estão dispostos dois músculos que trabalham em conjunto para controlar a abertura da pupila. A próxima camada é o estroma que consiste em um tecido conectivo. Nesta camada estão dispostos radialmente alguns vasos sanguíneos. A camada mais externa da íris se difere do estroma por ser mais densa e por possuir algumas células pigmentadas. Esta superfície anterior da íris parece estar dividida em duas regiões que são separadas pela chamada colereta que tem a aparência de uma circunferência com estrias e é resultado da terminação abrupta da superfície anterior perto da pupila. Estas duas regiões podem ser chamadas de zona pupilar e zona ciliar. A zona ciliar contém muitas estrias entrelaçadas resultantes da estrutura do estroma. As estrias meridionais são resultados da vascularização radial. Outras variações na aparência da íris são devido à presença de criptas (formação irregular da superfície), de pequenas elevações da superfície e de sardas (concentrações de células pigmentadas). A zona pupilar é relativamente plana, porém apresenta inúmeras linhas radiais e na borda da pupila se localiza a chamada borraina

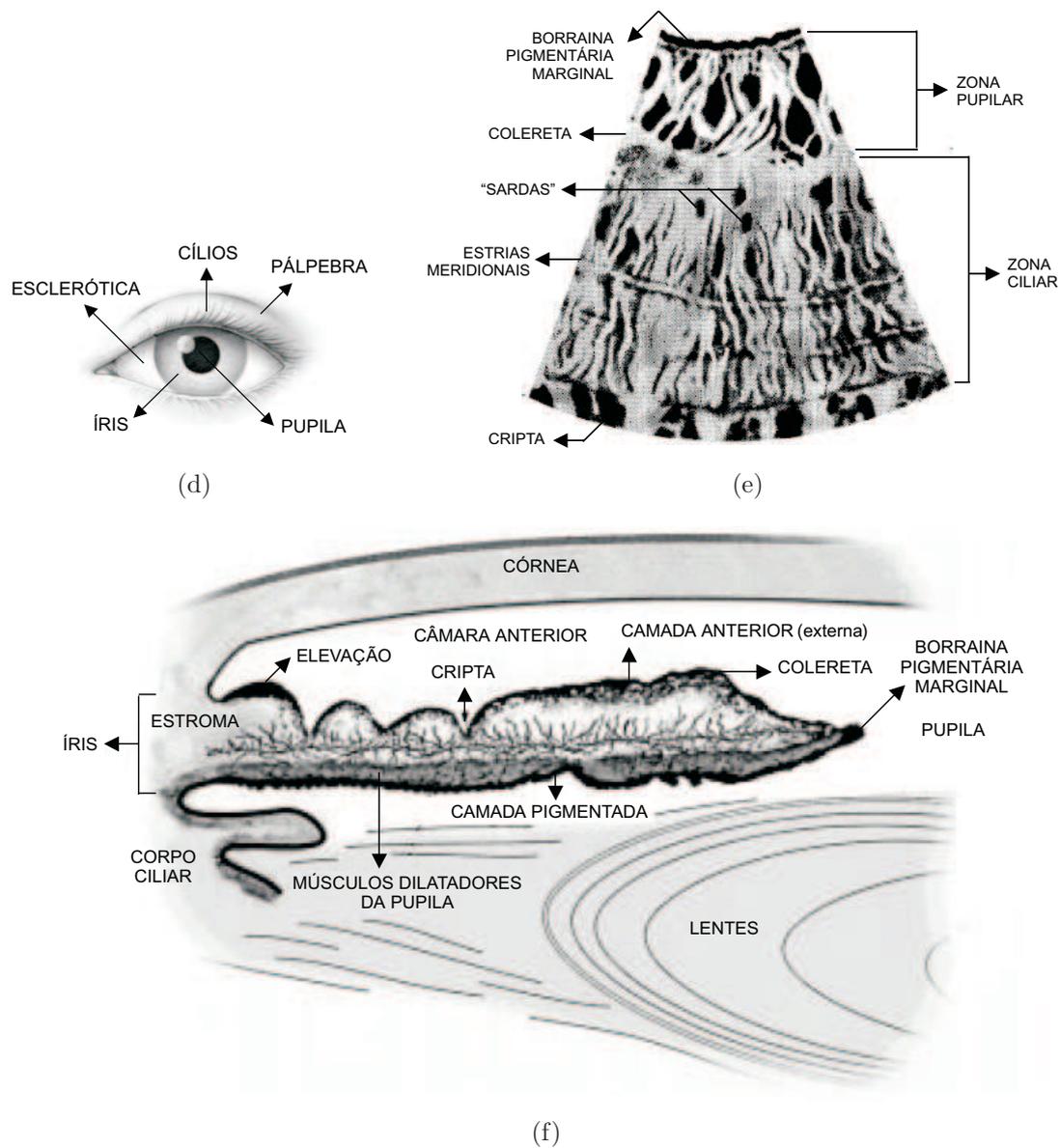


Figura 2.2: a) Vista frontal do olho; b) Seção frontal da estrutura da íris; c) Seção transversal da estrutura da íris.

pigmentária marginal que é um prolongamento do tecido fortemente pigmentado da superfície mais interna da íris [42]. A aparência visual da íris é resultado de sua estrutura de multicamadas.

A cor da íris é resultante da diferente absorção da luz que incide sobre

as células pigmentadas de sua superfície anterior. Quando existe pouca pigmentação nesta superfície, a cor da íris se torna azul, uma vez que a luz de maiores comprimentos de onda (a parte vermelha do espectro) penetra nos tecidos e é absorvida, enquanto os comprimentos de ondas menores são dispersos. O mesmo fenômeno acontece na atmosfera, o que explica a cor do céu. Quanto mais pigmentada for a superfície anterior da íris, mais escura será sua cor. Uma camada mais densa de pigmentos resulta em irises marrons. Estas irises também revelam muitos detalhes quando são iluminadas com uma luz próxima à infravermelha (comprimento de onda entre 700 e 900 nanômetros são os melhores) que está fora da faixa de luz visível e não causa qualquer desconforto [7].

2.4.2 Particularidades da íris

A íris começa a ser formada no terceiro mês de gestação e até o oitavo mês a maior parte de sua estrutura já está formada, sendo que o acúmulo de pigmentos no estroma continua nos primeiros anos de vida [7]. A geração dos padrões formados na superfície da íris é aleatória e não está relacionada com nenhum fator genético [42]. A única característica que é determinada geneticamente é a pigmentação da íris que é responsável por sua cor. Devido à natureza da íris, os padrões da íris esquerda de uma pessoa são diferentes dos da direita, e também, gêmeos univitelinos possuem irises diferentes, mesmo sendo geneticamente idênticos [7]. Calcula-se que a probabilidade de que duas irises sejam idênticas é de aproximadamente 1 em 10^{52} [43], sendo que a população da Terra é de aproximadamente 10^9 .

Apesar de possuir uma natureza bastante delicada, a íris está sempre muito bem protegida atrás da pálpebra, da córnea, do humor aquoso e algumas vezes de óculos ou lentes de contato (que praticamente não interferem no

processo de reconhecimento) [43]. É um órgão interno, porém pode ser visto externamente, o que torna o método de reconhecimento de íris não invasivo. À partir dos primeiros anos de vida, as características da íris, seu formato, tamanho, posicionamento e orientação permanecem estáveis e fixos [43]. Todos estes fatores fazem da íris um elemento biométrico bastante atrativo para ser usado no reconhecimento de indivíduos.

Estudos mostram que até mesmo procedimentos médicos como cirurgia de catarata ou transplante de córnea não mudam as características da íris [30]. Alguns tratamentos, como o de glaucoma, podem provocar manchas de pigmentos e mudança de coloração, porém, estes efeitos são invisíveis à luz infravermelha que pode ser usada para a captura da imagem sem causar qualquer desconforto ao usuário. A iluminação infravermelha também elimina o efeito da reflexão do ambiente pela córnea que atrapalha a visualização dos detalhes da íris. Quando se observa a íris com a luz visível, só se consegue ver as características localizadas na frente dela, enquanto a luz infravermelha revela os detalhes mais profundos [7].

Diferentemente de outras técnicas biométricas de reconhecimento como a impressão digital e a geometria da mão, a tecnologia de reconhecimento de íris não requer contato físico com o dispositivo de aquisição da imagem. Embora alguns usuários ainda resistam a tecnologias de escaneamento do olho, a captura da imagem da íris é muito mais amigável do que a da retina, pois não é necessário nem a focalização do usuário em uma fonte de luz, nem uma proximidade muito grande com o equipamento. Existem tecnologias de reconhecimento de íris em que o usuário só precisa olhar por alguns instantes na direção de uma vídeo-câmara, à uma distância de até 1 metro e sua identidade é verificada em aproximadamente 2 segundos [30].

A íris possui um diâmetro médio igual a $12mm$ e o tamanho da pupila varia de 10% a 80% do diâmetro da íris [9]. Apesar de ser bem pequena a íris

é muito interessante para o reconhecimento biométrico porque ela apresenta uma enorme quantidade de características capazes de diferenciar os indivíduos. A aparência bastante complexa da íris, que é uma consequência das características de sua estrutura, resulta em mais de 400 graus de liberdade [43]. Este é um parâmetro bastante útil para sistemas de reconhecimento, uma vez que expressa o quanto os padrões a serem comparados são independentes. Este valor é três ou quatro vezes maior do que o número de graus de liberdade de sistemas de reconhecimento de impressões digitais, por exemplo [43] [30].

Outro aspecto interessante da íris, do ponto de vista biométrico, é que ela oferece uma alternativa para se evitar fraudes no sistema. Devido à complexa interação entre os músculos da íris, o diâmetro da pupila fica constantemente sofrendo pequenas oscilações. Este movimento pode ser monitorado para se ter certeza de que a imagem avaliada é realmente de uma pessoa e não uma fotografia. Além disso, sabe-se que a íris reage muito rapidamente a variações na iluminação (na ordem de centenas de milisegundos para contração). Assim, pode-se monitorar sua reação a uma iluminação controlada [42].

2.4.3 Sistema de reconhecimento de íris

A primeira pessoa a propor a utilização das características da íris (cor) para o reconhecimento de indivíduos parece ter sido o oftalmologista francês Alphonse Bertillon [3]. Em 1981, depois de ler muitos artigos científicos descrevendo a enorme variação da íris, Flom e Safir [16] sugeriram a utilização da íris como um elemento biométrico. Em 1987, eles começaram a colaborar com o cientista John Daugman da Universidade de Cambridge na Inglaterra, com o objetivo de desenvolver um software para o reconhecimento de íris e

em 1992, o primeiro resultado foi publicado [10]. O sistema implementado por Daugman foi patenteado [6] e os direitos agora pertencem à companhia Iridian Technologies que comercializa o sistema *IriScan*. Embora o sistema de Daugman seja o mais conhecido e seja considerado o mais eficiente, muitos outros sistemas foram desenvolvidos, como o de R.Wildes et al. [31] [42], o de W.Boles [45] [44], o de R.Sanchez-Reillo [32] o de Lim et al. [36] o de Noh et al. [38] e diversos outros. O algoritmo de Lim et al. é usado no sistema de reconhecimento desenvolvido pelas companhias Evermedia e Senex e o algoritmo de Noh et al. é usado no sistema ‘IRIS2000’ que é vendido pela IriTech.

O sistema de reconhecimento de íris consiste de várias etapas ou fases de processamento. Existem diversas técnicas de processamento de imagem que podem utilizadas para se realizar desde as funções de localização e extração de características até a codificação e armazenamento ou comparação de templates. Porém, a primeira etapa do processo é a aquisição da imagem do olho.

Para se conseguir uma maior quantidade de detalhes da íris, a imagem deve ser capturada com uma alta resolução e, de preferência, utilizando uma luz infravermelha (com comprimento de onda entre 700 e 900 *nm*). A exposição do olho à luz com esta faixa de comprimento de onda é considerada segura pela Academia Americana de Oftalmologia. A luz infravermelha revela até mesmo os detalhes de irises escuras que não podem ser facilmente vistos com a luz visível.

A imagem deve possuir uma resolução de no mínimo 70 pixels entre a borda da pupila e a borda externa da íris [9]. Para isso, a distância que o usuário deve estar do dispositivo de aquisição da imagem depende da resolução do equipamento e varia de alguns centímetros à alguns metros. Existem algumas câmaras que localizam o olho e fazem a adaptação necessária auto-

maticamente. Porém, devido ao alto custo destas câmaras, é mais comum se utilizar câmaras de alinhamento manual, o que torna importante um posicionamento adequado do usuário [17].

Para o processamento são utilizadas imagens em tons de cinza, uma vez que informações de cor não são importantes no reconhecimento, somente os desenhos da íris, resultantes de sua estrutura, são importantes.

Após a aquisição da imagem do olho, as etapas de processamento de um sistema de reconhecimento de íris são: a localização da região da íris na imagem do olho, a normalização, a codificação e ainda a fase de comparação. Através do esquema da figura 2.3, pode-se ter uma visão geral do sistema de reconhecimento de íris. Cada uma das etapas de processamento serão descritas no capítulo 3.

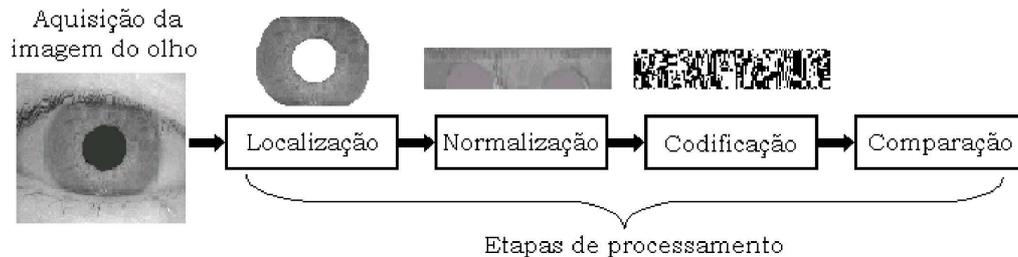


Figura 2.3: *Etapas do sistema de reconhecimento de íris*

Capítulo 3

Etapas de processamento

3.1 Localização

No momento da aquisição, é impossível obter uma imagem contendo somente a íris. Na verdade, a íris representa uma parte de uma imagem que também contém as áreas ao redor do olho, como a imagem da figura 3.1. Portanto, antes de realizar o procedimento de comparação, é necessário localizar e isolar a porção da imagem que corresponde à íris. A região da íris pode ser aproximada por dois círculos, um que divide a íris da parte branca do olho e o outro, interno ao primeiro, que divide a íris da pupila. Geralmente, no processo de localização da íris, são utilizados algoritmos de detecção de bordas e detecção de círculos [7] [9] [24], uma vez que a esclerótica (parte branca do olho) é sempre mais clara que a íris e a pupila é, normalmente, mais escura que a íris.

Quando as pálpebras ou os cílios ocultam uma parte da íris, somente a porção da imagem abaixo da pálpebra superior e acima da pálpebra inferior deve ser utilizada. Geralmente, também existe um contraste dos cílios e das

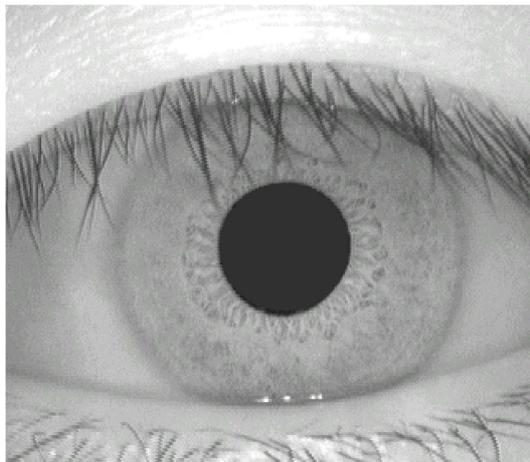


Figura 3.1: *Imagem de olho do banco de imagens CASIA [46]*

bordas da pálpebra com relação à íris, facilitando a detecção destes elementos através de algoritmos de detecção de bordas.

Quanto melhor a qualidade da imagem, mais facilmente a região da íris pode ser localizada e mais eficiente será o processo. As imagens utilizadas neste trabalho são provenientes do banco de imagens de olhos CASIA (Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation) [46] que foram capturadas com uma luz próxima à infra-vermelha e portanto, apresentam um bom contraste entre a região da íris e a pupila e não contém reflexos especulares.

A eficiência da etapa de localização é muito importante para o sucesso do sistema de reconhecimento de íris, pois, uma falsa representação de algumas regiões como pertencentes à região da íris irá corromper o template biométrico provocando erros de reconhecimento.

Existem algumas técnicas de detecção de círculos que são mais tradicionalmente usadas como a Transformada de Hough Circular que foi empregada por Wildes et al. [31], Kong and Zhang [21], Tisse et al. [40] e Ma et al. [27] e também a utilização do operador integro-diferencial de Daugman [5].

Neste trabalho foi reproduzida a implementação do algoritmo de localização da íris desenvolvido por Libor Masek [24]. Libor Masek utilizou a

Transformada de Hough Circular para localizar os círculos da borda da íris e da pupila. Na seção seguinte será descrito o algoritmo da Transformada de Hough Circular e o método utilizado para detecção das pálpebras e cílios.

3.1.1 Descrição do método utilizado

Para a localização da região da íris, foi utilizada a Transformada de Hough Circular que é capaz de reconhecer os contornos circulares das bordas da íris.

A Transformada de Hough (TH) [20] [25] [19] foi proposta por Paul Hough em 1962 e é uma técnica utilizada para detectar características analiticamente representáveis em imagens digitais (binárias), como por exemplo linhas, círculos e elipses .

A TH foi patenteada pela IBM e tornou-se uma ferramenta bastante utilizada em aplicações que envolvem a determinação dos parâmetros de objetos geométricos simples (linhas, círculos, elipses).

A Transformada de Hough Circular (THC) pode ser utilizada para se obter o raio e as coordenadas do centro das regiões da pupila e da íris.

Em geral, a TH é aplicada após a imagem passar por um processo de detecção de bordas. Assim, somente os pixels da imagem referentes a bordas serão utilizados no processamento.

Um círculo pode ser definido pela equação:

$$(x - x_c)^2 + (y - y_c)^2 = r^2 \quad (3.1)$$

onde x_c e y_c são as coordenadas do centro do círculo, r é o raio do círculo e x e y são as coordenadas de um ponto pertencente ao círculo, como mostrado na figura 3.2.

O objetivo principal da TH está em definir um mapeamento entre o espaço

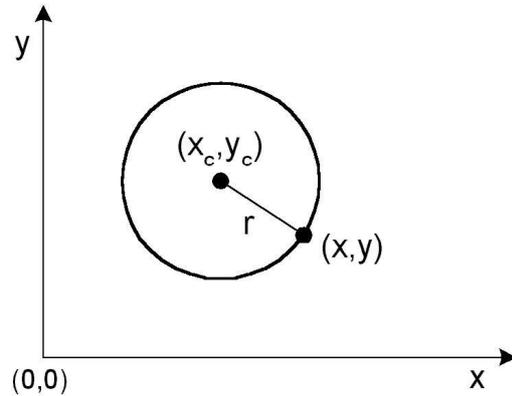


Figura 3.2: *Representação geométrica de um círculo*

de imagem (x, y) e o espaço de parâmetros (para um círculo (x_c, y_c, r)). A figura 3.3 ilustra este mapeamento.

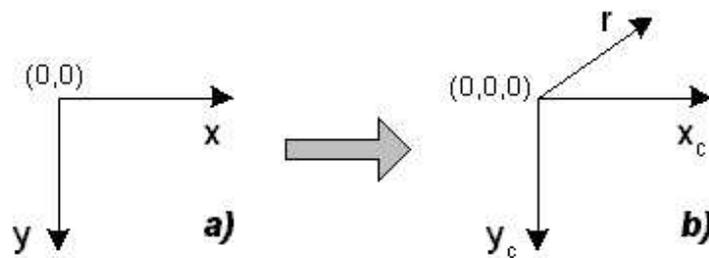


Figura 3.3: *a) Plano x - y ; b) Espaço de parâmetros*

O procedimento de Hough requer a geração de uma matriz de acumulação de votos com o número de dimensões igual ao número de parâmetros necessários para definir a forma. No caso de círculo, o acumulador terá 3 dimensões, como ilustrado na figura 3.4.

Neste trabalho foi utilizada uma matriz de acumulação de votos com dimensão [n° de colunas da imagem x n° de linhas da imagem x $(r_{max} - r_{min})$]. Onde r_{max} e r_{min} representam a faixa dos possíveis valores que o raio do círculo que se deseja encontrar pode assumir.

Na THC um pixel de borda com coordenadas (x, y) no espaço de imagem é

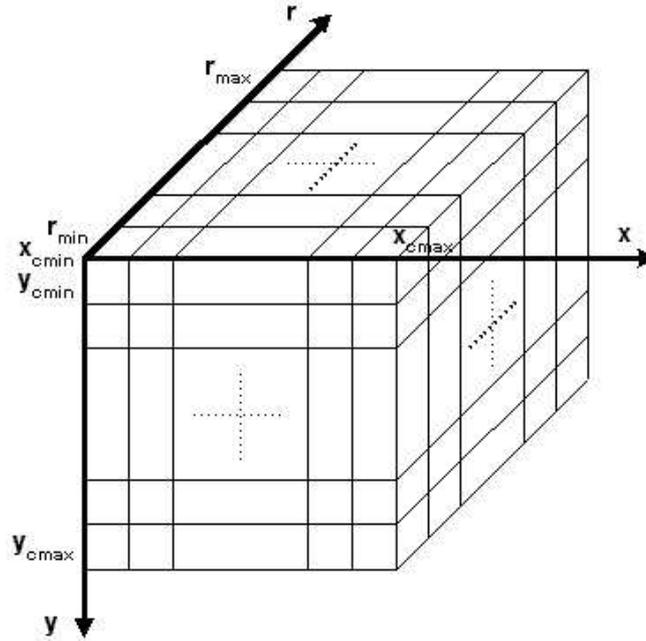


Figura 3.4: *Acumulador de votos*

mapeado para o espaço de parâmetros definindo-se dois dos parâmetros (por exemplo, x_c e y_c) e achando-se o terceiro (por exemplo, r) que resolve a equação 3.1. Desta forma, obtém-se o ponto (x_c, y_c, r) no espaço de parâmetros, o que representa um possível círculo existente na imagem.

Para cada pixel de borda da imagem este procedimento é repetido para se obter todas as combinações possíveis de (x_c, y_c, r) , ou seja, cada valor de x_c entre x_{cmin} e x_{cmax} é combinado com cada valor de y_c entre y_{cmin} e y_{cmax} para se obter o valor de r correspondente.

A cada tripla (x_c, y_c, r) obtida, o valor do acumulador nesta posição $A(x_c, y_c, r)$ é incrementado, ou seja, é atribuído um voto àquela posição.

Quando todos os pixels tiverem sido processados, é procurado no acumulador A os maiores valores, ou seja, as posições que receberam mais votos, que indicaram os parâmetros de prováveis círculos na imagem.

O raio da borda externa da íris e o da pupila possuem tamanho médio

bem diferentes, portanto, a detecção destas duas circunferências é realizada separadamente, ou seja, deve-se aplicar todo o algoritmo para se detectar o círculo da íris e depois repeti-lo para a pupila. Geralmente, a detecção da íris é realizada primeiro para que na detecção da pupila seja utilizada somente a região interior à íris ao invés da imagem inteira, o que diminui a quantidade de processamento. A faixa de valores de raio utilizada para a detecção da circunferência externa da íris foi de 90 a 150 pixels e para a detecção da circunferência da pupila foi de 28 a 75 pixels [24]. Estes valores são adequados para as imagens do banco de imagens utilizado [46].

O método da TH apresenta alguns problemas. O primeiro que se pode citar é a necessidade de um pré-processamento de detecção de bordas que requer a escolha de valores de limiar. Esta escolha pode resultar na remoção de pontos críticos para a correta detecção de círculos. Outra desvantagem é o fato de precisar de um processamento computacional intenso, não sendo um método adequado para aplicações em tempo real.

O processamento computacional aumenta com o acréscimo no tamanho da matriz de acumulação de votos e também com o aumento da quantidade de pixels da imagem que são processados. A resolução do vetor de acumulação determina a exatidão com que os parâmetros podem ser determinados.

Foi utilizada a sugestão de Wildes et al. [31] que utilizou informações de gradiente para a geração do mapa de bordas. Apenas o gradiente vertical foi utilizado para se detectar a borda externa da íris e o gradiente horizontal para se detectar as pálpebras. Para a detecção da borda da pupila foram utilizados os gradientes vertical e horizontal, ou seja, o mapa de bordas completo. As figuras 3.5 e 3.6 ilustram os diferentes mapas de bordas gerados quando se variam as informações de gradiente.

Geralmente, as pálpebras são alinhadas horizontalmente e o seu mapa de bordas pode interferir na borda circular da íris se forem utilizadas todas

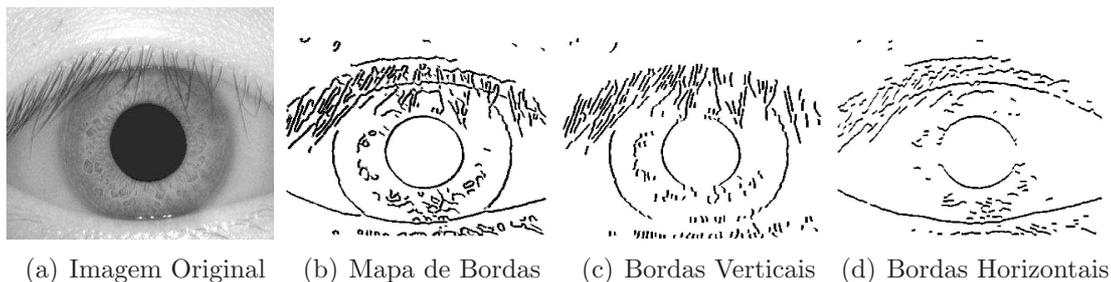


Figura 3.5: *a)Imagem de um olho (068_2_1 do banco de dados CASIA); b)Mapa de bordas correspondente; c)Mapa de bordas utilizando somente gradiente vertical; d)Mapa de bordas utilizando somente gradiente horizontal*

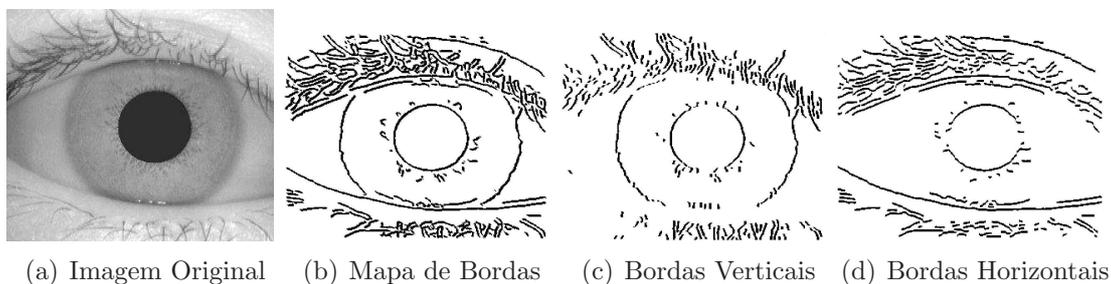


Figura 3.6: *a)Imagem de um olho (075_1_2 do banco de dados CASIA); b)Mapa de bordas correspondente; c)Mapa de bordas utilizando somente gradiente vertical; d)Mapa de bordas utilizando somente gradiente horizontal*

as informações de gradiente. Quando se utiliza somente o gradiente vertical para se localizar a íris, consegue-se reduzir a interferência das pálpebras, o que é vantajoso, uma vez que não são necessários todos os pixel de borda que definem o círculo para que se tenha sucesso com a TH. Este procedimento, além de tornar a localização de círculo mais precisa, também a torna mais rápida e eficiente uma vez que será processada uma menor quantidade de pixels de borda pela TH.

Para fazer a detecção de bordas foi utilizado o método de Canny [4]. Na implementação utilizou-se a função do MatLab desenvolvida por Kovese [22] que é uma versão modificada do método de Canny e permite adicionar informações de gradiente.

Para se isolar as pálpebras admitiu-se que a borda da mesma pode ser aproximada por um segmento de linha. O primeiro passo é encontrar uma linha correspondente à borda da pálpebra superior e uma correspondente à borda da pálpebra inferior. Para isto foi utilizada a Transformada de Hough Linear. Uma segunda linha é então desenhada horizontalmente interceptando a primeira no ponto de borda da íris mais próximo à pupila. Este procedimento é realizado tanto para a pálpebra superior quanto para a inferior e as regiões acima da linha horizontal referente à pálpebra superior e abaixo da referente à pálpebra inferior são excluídas. Este processo está ilustrado na figura 3.7. Ao se traçar a segunda linha, se garante uma isolação máxima da região pertencente às pálpebras. Para a detecção de bordas utilizou-se o método de Canny e somente as informações de gradiente horizontal [24].

Pode acontecer de, em algumas imagens, não existir a oclusão da íris pelas pálpebras. Assim, se o máximo valor no espaço de Hough for menor que um limiar pré estabelecido, então, nenhuma linha é identificada, o que representa uma não oclusão. Além disso, uma linha só é considerada quando ela se encontra fora da região da pupila e dentro da região da íris [24].

Existe a possibilidade de se utilizar a Transformada de Hough Parabólica para se localizar as pálpebras. Neste caso, as pálpebras são aproximadas a uma parábola. Este processo pode até fornecer uma detecção mais precisa, porém, a Transformada de Hough Linear tem a vantagem de possuir uma menor quantidade de parâmetros a serem deduzidos, exigindo um menor esforço computacional.

Para se isolar os cílios é utilizada simplesmente uma técnica de estabelecimento de um limiar, uma vez que, para o conjunto de imagens utilizado, os cílios são sempre um pouco mais escuros quando comparados com o resto da imagem. Assim, todos os pixels da imagem com tom de cinza mais escuro do que o limiar estabelecido são considerados pixels pertencentes aos cílios e

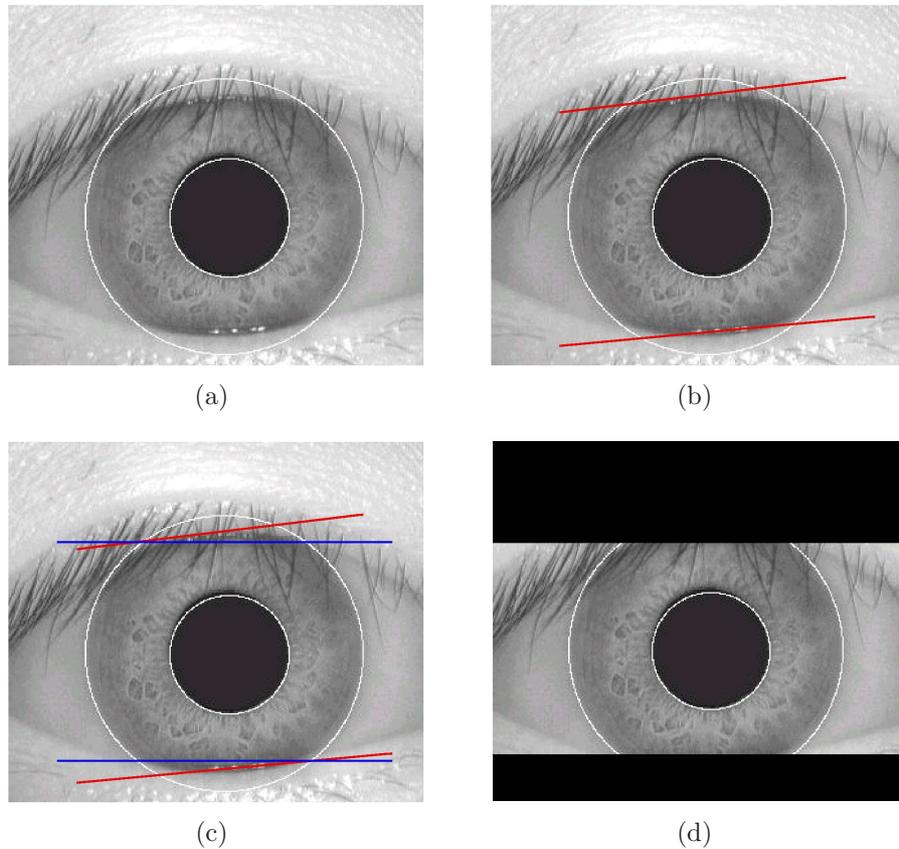


Figura 3.7: *Estágios do processo de exclusão das pálpebras a) Imagem original proveniente do banco de imagens CASIA [46]; b) Linhas detectadas através da Transformada de Hough Linear correspondente às bordas das pálpebras superior e inferior; c) Linhas horizontais que interceptam as primeiras no ponto de borda da íris mais próximo à pupila; d) Exclusão das regiões acima da linha horizontal referente à pálpebra superior e abaixo da referente à pálpebra inferior.*

são excluídos.

Os pixels pertencentes às pálpebras e aos cílios que foram detectados durante o processo são marcados utilizando o tipo NaN (not a number) do MatLab para que, nas próximas etapas, sejam identificados como interferências na região da íris.

3.1.2 Resultados da implementação

Os processos de localização da região da íris e de exclusão das pálpebras e cílios se mostraram bastante eficientes. O algoritmo de localização teve sucesso na segmentação da região da íris em 666 imagens das 756 imagens do banco de dados. Isto representa uma taxa de acerto de 88%. Na figura 3.8(a) observa-se um caso de sucesso na segmentação e nas figuras 3.8(b) e 3.8(c) dois casos em que o algoritmo fracassou. Em geral, os problemas podem acontecer devido a um baixo contraste entre a pupila e a íris ou em função do parâmetro de limiar adotado que, para algumas imagens, pode não ser o mais adequado.

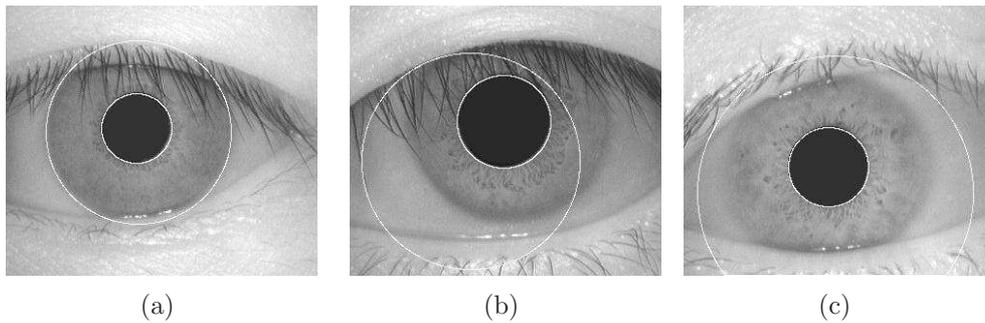
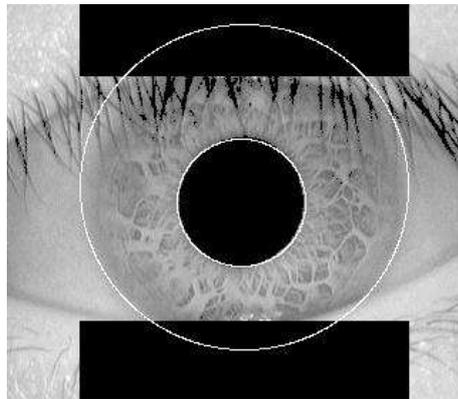
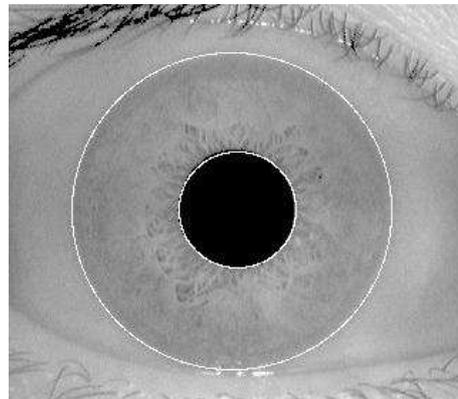


Figura 3.8: *Exemplo de resultados do processo de localização da região da íris. Imagens do banco de dados CASIA [46].*

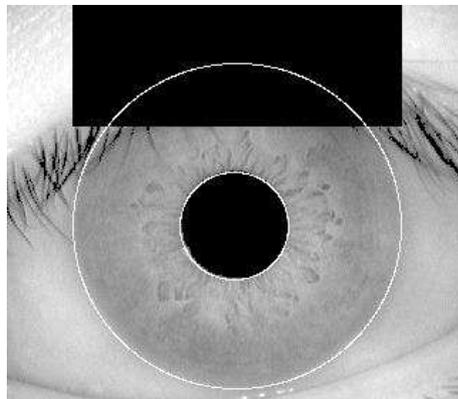
O processo de exclusão das pálpebras conseguiu atingir seu objetivo na maior parte das imagens. Alguns resultados da aplicação do algoritmo podem ser observados na figura 3.9. Na figura 3.9(a) observa-se que o algoritmo conseguiu excluir perfeitamente a pálpebra superior e a inferior. Na imagem de olho mostrada na figura 3.9(b) não há interferência das pálpebras e, portanto, o algoritmo não excluiu nenhuma região da imagem. O algoritmo também foi eficiente no tratamento das figuras 3.9(e) e 3.9(f), uma vez que, na primeira, só há interferência da pálpebra superior enquanto, na segunda, só há interferência da pálpebra inferior.



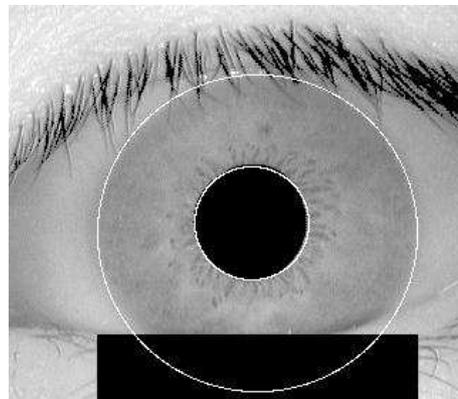
(a)



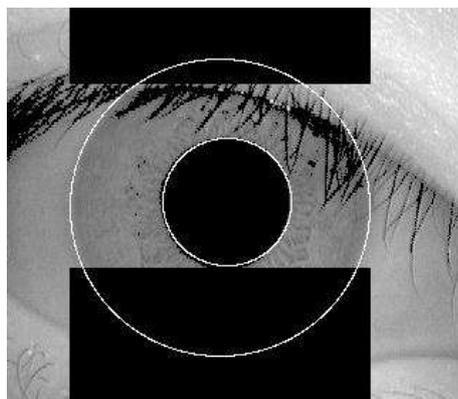
(b)



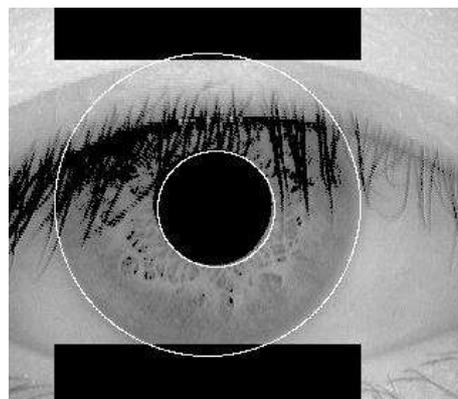
(c)



(d)



(e)



(f)

Figura 3.9: Exemplos de resultados do processo de exclusão das pálpebras e cílios. Imagens do banco de dados CASIA [46].

Um problema que se deve considerar nesta fase é que, algumas vezes, o algoritmo exclui uma grande parte da região da íris, como mostrado na figura 3.9(c). Isto pode tornar o processo de reconhecimento menos preciso uma vez que uma menor quantidade de informações da íris é utilizada na comparação. Porém, a figura 3.9(d) ilustra um problema ainda mais grave, que é representar regiões de pálpebra e cílios não detectados como se fossem pertencentes à região da íris.

As imagens da figura 3.9 também mostram que a técnica de detecção dos cílios foi eficiente e conseguiu isolar a maioria dos cílios que estavam interferindo na região da íris.

3.2 Normalização

Uma vez que a região referente a íris foi devidamente localizada em uma determinada imagem, tem-se agora a necessidade de 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 ótico 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 [24]. Vale lembrar que a translação da íris com relação à câmara não representa problema, pois a íris será localizada na imagem da mesma maneira.

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 [1].

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.

Neste trabalho foi simulada a técnica de normalização proposta por John Daugman [7], [9], [10], [5] e que foi implementada por Libor Masek [24]. Posteriormente, foi idealizada e simulada uma variação deste método com o objetivo de aumentar a confiabilidade do sistema. Na próxima sessão será descrita a técnica de Daugman e no capítulo 5 será introduzida a nova proposta.

3.2.1 Descrição do método utilizado

John Daugman propôs um método para gerar uma representação retangular da região anular da íris através de coordenadas polares adimensionais [7], [9], [10], [5]. Esta representação é mostrada na figura 3.10.

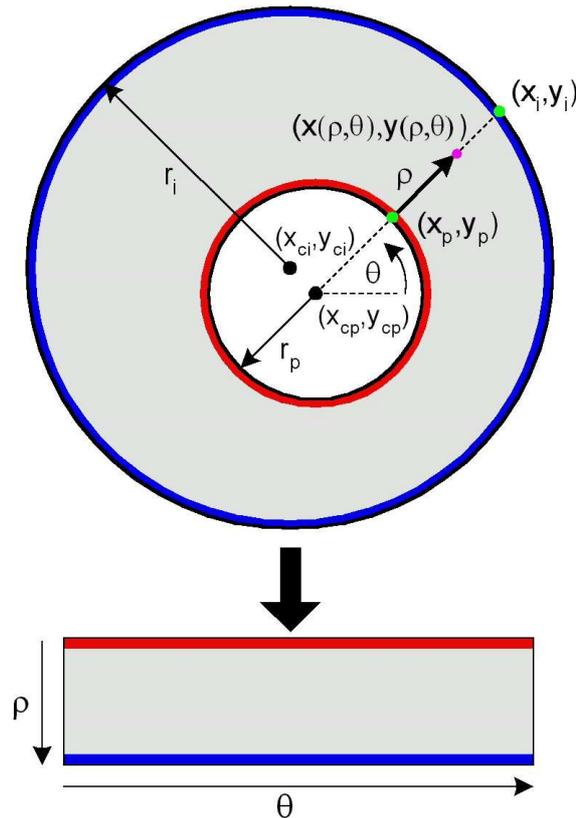


Figura 3.10: *Representação retangular da região da íris proposta por John Daugman [7], [9], [10], [5]*

Este método modela a região da íris como se esta fosse um anel de borracha ancorado na borda externa da íris e tendo o centro da pupila como o ponto de referência.

O método proposto consiste em re-mapear a região da íris passando de coordenadas cartesianas (x, y) para coordenadas polares adimensionais (ρ, θ) onde ρ pertence ao intervalo $[0, 1]$ e θ representa um ângulo no intervalo

$[0, 2\pi]$. A representação polar normalizada é modelada como:

$$I(x(\rho, \theta), y(\rho, \theta)) \rightarrow I(\rho, \theta) \quad (3.2)$$

$$\begin{cases} x(\rho, \theta) = x_p(\theta) + \rho(x_i(\theta) - x_p(\theta)) \\ y(\rho, \theta) = y_p(\theta) + \rho(y_i(\theta) - y_p(\theta)) \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} x(\rho, \theta) = (1 - \rho)x_p(\theta) + \rho x_i(\theta) \\ y(\rho, \theta) = (1 - \rho)y_p(\theta) + \rho y_i(\theta) \end{cases} \quad (3.3)$$

com

$$\begin{cases} x_p(\theta) = x_{cp} + r_p \cos \theta \\ y_p(\theta) = y_{cp} + r_p \sin \theta \end{cases} \quad (3.4)$$

$$\begin{cases} x_i(\theta) = x_{ci} + r_i \cos \theta \\ y_i(\theta) = y_{ci} + r_i \sin \theta \end{cases} \quad (3.5)$$

onde $I(x, y)$ é a imagem da região da íris, (x, y) são as coordenadas cartesianas originais, (ρ, θ) são as coordenadas polares normalizadas correspondentes, x_p, y_p e x_i, y_i são as coordenadas da borda da pupila e da íris na direção θ , enquanto x_{cp}, y_{cp} e r_p e x_{ci}, y_{ci} e r_i são as coordenadas do centro e o raio da pupila e da íris respectivamente.

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, como mostrado na figura 3.11. Uma determinada quantidade de pontos é selecionada uniformemente 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.

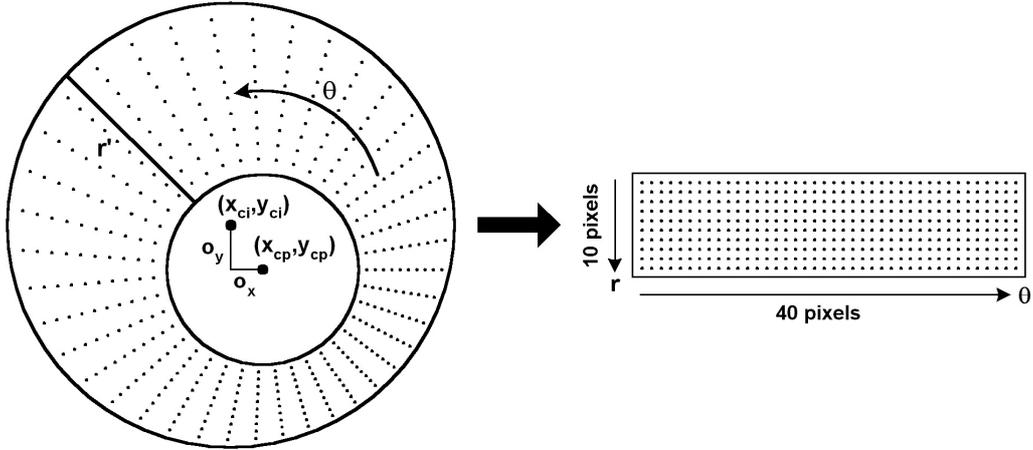


Figura 3.11: *Esboço do processo de normalização com resolução radial igual a 10 pixels e resolução angular igual a 40 pixels*

Como as regiões da pupila e da íris podem ser não concêntricas, Libor Masek [24] sugeriu na implementação de sua tese a utilização de uma equação para redimensionar os pontos dependendo do valor do ângulo θ . A equação é dada por:

$$r' = \sqrt{ab} \pm \sqrt{ab^2 - a - r_i^2} \quad (3.6)$$

sendo

$$a = o_x^2 + o_y^2$$

$$b = \cos \left(\pi - \arctan \left(\frac{o_y}{o_x} \right) - \theta \right)$$

onde o_x e o_y representam o deslocamento do centro da pupila com relação ao centro da íris, r' é a distância entre as bordas da pupila e da íris para um determinado valor de θ e r_i é o raio da íris. A equação (3.6) fornece o raio da região da íris em função do ângulo θ .

Para garantir uma dimensão constante na representação retangular, um

número constante de pontos é selecionado ao longo de cada linha radial, independente da largura da região entre as bordas da pupila e da íris para determinado ângulo.

O método utilizado para a localização da íris pode não apresentar uma precisão perfeita, assim, para tentar evitar que áreas não pertencentes à íris sejam utilizadas na representação normalizada, os pontos da borda da pupila e da íris são descartados.

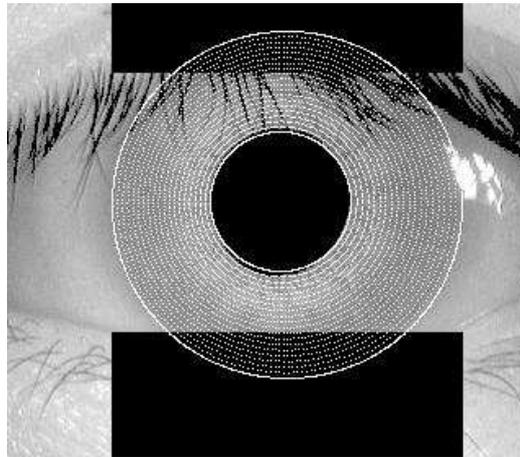
Uma vez obtidas as posições radial e angular dos pontos selecionados, são encontradas as coordenadas cartesianas correspondentes, através da equação (3.3). A saída normalizada é gerada ao se extrair os valores de intensidade de tons de cinza da imagem original nas posições cartesianas obtidas.

Este procedimento, além de levar em consideração o fato da pupila e da íris não serem concêntricas, também elimina os problemas da dilatação da pupila e do zoom da imagem, gerando uma saída representativa da região da íris com dimensões constantes. Porém, este método não compensa as inconsistências rotacionais da imagem do olho. No sistema de John Daugman [7], [9], [10], [5] tais inconsistências são tratadas na fase de comparação, onde o template de uma íris é deslocado na direção de θ até os templates de duas irises ficarem alinhados.

Ainda nesta fase, é gerada uma máscara de ruídos com a mesma dimensão da representação retangular da íris para marcar os pixels pertencentes às pálpebras e cílios que foram detectados na etapa de localização e que interferem na região da íris. Para gerar esta máscara de ruídos deve-se encontrar os pontos que foram identificados pelo valor *NaN* (not a number) na etapa de localização e marcá-los com o valor 1, enquanto todos os outros pixels são representados pelo valor 0. Na representação normalizada da íris, os pixels referentes a ruídos são substituídos pelo valor de intensidade de tom de cinza médio dos outros pixels.

3.2.2 Resultados da implementação

O processo de normalização mostrou-se bastante eficiente. Alguns resultados estão ilustrados na figura 3.12. Observa-se que o algoritmo foi capaz de representar os padrões da íris através de uma representação com dimensões constantes e garantindo que imagens da mesma íris capturadas sob condições diferentes tenham suas características em uma mesma localização espacial.



(a)



(b)



(c)

Figura 3.12: a) *Pixels selecionados na imagem original para geração da representação retangular da íris*; b) *Representação retangular da região da íris com dimensões 18x240 pixels*; c) *Máscara de ruídos: a parte branca representa as regiões que sofrem interferência das pálpebras e cílios (dimensões: 18x240 pixels)*.

3.3 Codificação

Uma vez que a imagem da íris está normalizada, o próximo passo é extrair e codificar os padrões que a caracterizam. Para que as comparações sejam processadas de maneira confiável, somente as características mais significativas da estrutura da íris são codificadas.

Para se extrair estas características diversas técnicas podem ser utilizadas, como a aplicação de filtros Gabor [7] [9], Haar Wavelets [36], Laplaciano de filtros Gaussianos [31], filtros circulares simétricos [26], cruzamento por zero da transformada Wavelet [44], entre outras.

Neste trabalho foi utilizada uma variação do filtro de Gabor conhecida como filtro Log-Gabor que foi proposta por Field [15].

3.3.1 Descrição do método utilizado

Os filtros de Gabor são, tradicionalmente, utilizados para se obter, simultaneamente, uma localização espacial e de frequência da informação de um determinado sinal. Um filtro de Gabor é construído modulando-se uma senóide/cossenóide com uma Gaussiana. Uma senóide/cossenóide pode ser perfeitamente localizada na frequência, mas não no espaço. A modulação de uma senóide/cossenóide com uma Gaussiana fornece uma localização no espaço, porém, com uma perda da localização da frequência. A decomposição do sinal é realizada usando-se um par de filtros de Gabor em quadratura, com a parte real representada por uma cossenóide modulada por uma Gaussiana e a parte imaginária representada por uma senóide também modulada por uma Gaussiana. A parte real e a imaginária são conhecidas, respectivamente, como componente de simetria par e componente de simetria ímpar que estão ilustradas na figura 3.13.

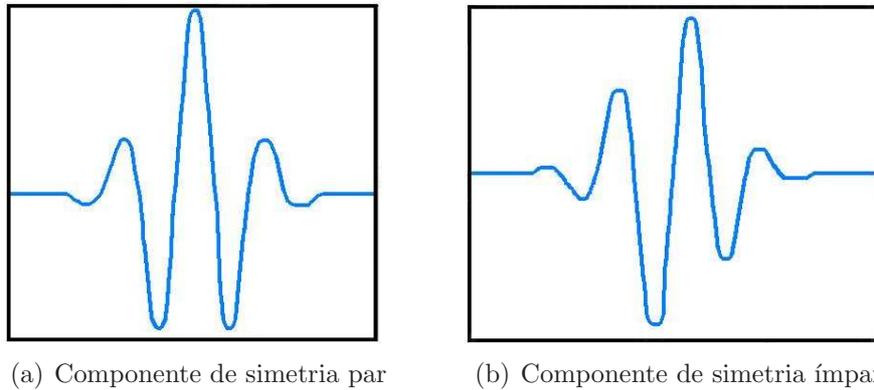


Figura 3.13: *Par de filtros de Gabor em quadratura.*

A frequência central do filtro é determinada pela frequência da senoíde/cossenóide e a largura de banda do filtro é determinada pela largura da Gaussiana [24].

O filtro de Gabor, entretanto, possui algumas limitações. Sempre que a largura de banda do filtro de Gabor for maior do que uma oitava, a componente de simetria par irá possuir uma componente DC [47]. Esta dificuldade pode ser vista observando-se a função de transferência da componente de simetria par no domínio da frequência (ver figura 3.14). A função de transferência é a soma de duas Gaussianas centralizadas em mais e menos a frequência central. Se o desvio padrão destas Gaussianas for maior do que aproximadamente um terço da frequência central as caudas das duas Gaussianas começarão a se sobrepor na origem resultando em uma componente DC. Na situação limite onde a frequência central é igual a três vezes o desvio padrão, a largura de banda será aproximadamente uma oitava [47].

Uma alternativa para resolver este problema é o filtro Log-Gabor proposto por Field [15]. Neste caso, a Gaussiana é representada em uma escala logarítmica e assim, é possível obter uma componente DC igual a zero para qualquer que seja a largura de banda utilizada. A resposta em frequência do filtro Log-Gabor é dada por:

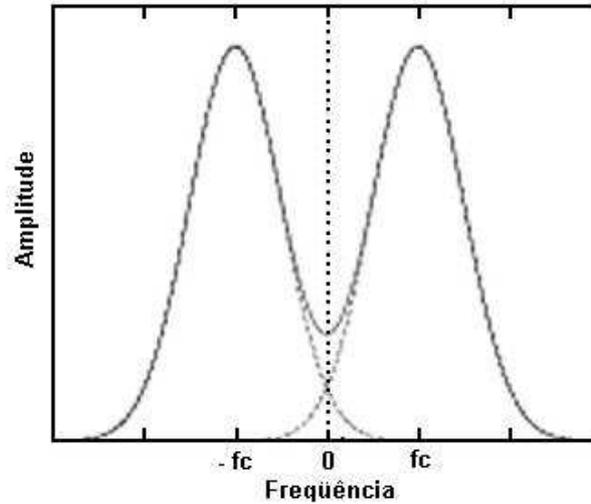


Figura 3.14: *Função de transferência da componente de simetria par do filtro de Gabor com uma largura de banda grande. As duas Gaussianas que formam a função se sobrepõem na origem resultando em uma componente DC significativa.*

$$G(f) = \exp \left[\frac{-(\log(f/f_c))^2}{2(\log(\sigma/f_c))^2} \right] \quad (3.7)$$

onde f_c representa a frequência central e σ fornece a largura de banda do filtro.

A codificação das características foi realizada através da convolução da representação normalizada da íris com o filtro Log-Gabor 1D. Como a representação normalizada possui duas dimensões, ela deve ser dividida em sinais de uma única dimensão para serem convoluídos com o filtro Log-Gabor 1D. Para isso, cada linha da representação normalizada 2D foi convoluída separadamente com o filtro. Cada linha corresponde a um anel circular na região da íris. A direção angular foi utilizada ao invés da direção radial (que corresponde às colunas da representação normalizada) porque uma maior independência das características ocorre na direção angular.

Os pixels das regiões de ruído detectados na etapa de localização são

substituídos pelo valor de intensidade de tom de cinza médio dos outros pixels para evitar que eles interfiram na filtragem.

Para demodular a saída do filtro com o objetivo de codificar os dados foi empregado o método sugerido por Daugman [5]. A filtragem dá origem a coeficientes complexos cujos valores das partes real e imaginária determinam as coordenadas de um fasor no plano complexo. A fase de cada fasor é quantizada para um dos quatro quadrantes do plano complexo como ilustrado na figura 3.15. Foi mostrado por Oppenheim and Lim [28] que as informações 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.

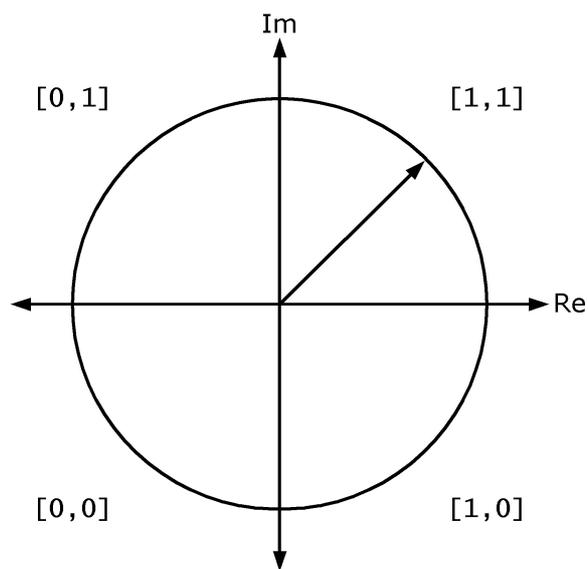


Figura 3.15: *Plano complexo usado para quantização*

Estes quatro níveis são representados usando dois bits de dados, assim, cada pixel da representação normalizada da íris corresponderá a dois bits de dados no template final da íris. A quantização de fase é feita de forma que quando se passa de um quadrante para outro, somente um bit muda. Isto irá

minimizar a quantidade de discordância entre bits no momento da comparação no caso de duas íris provenientes da mesma pessoa estarem ligeiramente desalinhadas, resultando em um reconhecimento mais preciso.

Quando se utiliza apenas um filtro, a quantidade de bits de um template será a resolução angular vezes a resolução radial vezes dois bits. O processo de codificação gera, além do template contendo os bits de informações da íris, uma máscara de ruído correspondente que representa as áreas corrompidas. Esta máscara é gerada a partir daquela fornecida na fase de normalização e possui a mesma dimensão do template.

Para a implementação do processo é necessário definir os seguintes parâmetros: quantidade de filtros que serão utilizados, a frequência central dos filtros e os parâmetros da função Gaussiana. Este valores devem ser atribuídos de forma a maximizar a eficiência do sistema de reconhecimento. Neste trabalho foram utilizados os parâmetros sugeridos por Libor Masek [24]. Libor Masek mostrou que a utilização de mais de um filtro não produz uma melhora no sistema, portanto foi utilizado apenas um filtro. O valor ótimo para o comprimento de onda central (que fornece a frequência central) é 18.0 pixels e a melhor largura de banda do filtro (dada por σ/f) é 0.5 que corresponde a uma largura de banda de aproximadamente 2 oitavas [24].

3.3.2 Resultados da implementação

A etapa de codificação dá origem ao template binário que contém as informações de características da íris e à máscara de ruídos que marca as regiões de interferência das pálpebras e cílios. A figura 3.16 mostra o template e a máscara de ruídos gerados a partir da representação normalizada da região da íris.

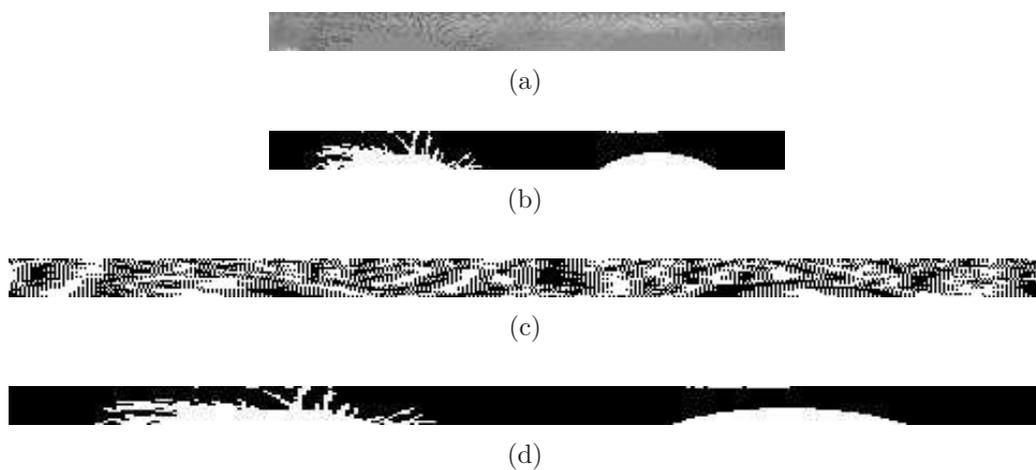


Figura 3.16: a) Representação normalizada da íris com dimensões 18×240 pixels; b) Máscara de ruídos com dimensões 18×240 pixels; c) Template binário com dimensões 18×480 pixels, gerado à partir da codificação de cada pixel da representação normalizada da íris, sendo que cada pixel é codificado por dois bits; d) Codificação da máscara de ruídos com dimensões 18×480 (cada pixel da máscara de ruídos é codificado por dois bits.) .

3.4 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 os templates gerados a partir de duas imagens de íris. 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, ou seja, se os templates foram gerados à partir da mesma íris ou não.

Neste trabalho, a métrica utilizada foi a chamada distância de Hamming (DH).

3.4.1 Descrição do método utilizado

O método de codificação utilizado gera templates binários, portanto, a utilização da distância de Hamming (DH) para se processar a comparação se apresenta como uma alternativa interessante por ser própria para trabalhar com padrões binários. A distância de Hamming é uma medida quantitativa da variação entre os bits de dois templates. Esta medida é obtida através da comparação bit a bit dos templates seguida do cálculo da razão entre a quantidade de bits que não se correlacionam e a quantidade total de comparações entre bits.

Desta forma, a DH pode ser definida através da equação:

$$DH = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \left(X_j \text{ (XOR) } Y_j \right) \quad (3.8)$$

onde a soma dos resultados da operação “ou-exclusivo” entre os bits correspondentes dos templates X e Y representa a quantidade de bits discordantes e N representa o total de bits do template usados para comparação.

Uma vez que a íris de um determinado indivíduo contém características com um alto grau de liberdade, cada íris irá produzir um modelo binário independente do gerado por outra íris e por outro lado, dois códigos produzidos pela mesma íris serão fortemente correlacionados.

Na implementação foi empregado o algoritmo da distância de Hamming sugerido por Daugman [7], [9], [10], [5]. Este algoritmo incorpora as informações de uma máscara de ruído gerada na fase de codificação, de forma que somente os bits significativos (realmente pertencentes à região da íris) sejam utilizados para o cálculo da distância de Hamming.

Assim, para a comparação entre dois templates só serão utilizados os bits que correspondem a um bit “0” nas máscaras de ruído das duas imagens a serem comparadas. Para implementar esta idéia e garantir que somente os bits significativos serão utilizados a equação da distância de Hamming deve ser modificada e será dada por:

$$DH = \frac{1}{N - \sum_{k=1}^N \left(MX_k(OR)MY_k \right)} \sum_{j=1}^N \left(X_j(XOR)Y_j(AND)\overline{MX_j}(AND)\overline{MY_j} \right) \quad (3.9)$$

onde X_j e Y_j são os bits dos templates a serem comparados, MX_j e MY_j são os bits das máscaras de ruído correspondentes a X_j e Y_j respectivamente, $\overline{MX_j}$ e $\overline{MY_j}$ são o contrário de MX_j e MY_j e N é o número total de bits

de cada template.

Teoricamente, a equação da distância de Hamming pode gerar valores que vão de 0.0 (quando todos os bits dos templates comparados são concordantes) até 1.0 (quando todos os bits são discordantes). Assim, a comparação de dois templates gerados a partir da mesma íris deveria resultar em uma DH igual a 0.0. Na prática, o valor obtido se aproxima de 0.0 mas não é exatamente igual a 0.0, uma vez que o processo de normalização não é perfeito, além de que ainda pode haver interferência de ruídos não detectados anteriormente. Estes fatores provocam algumas variações nos templates e estas variações estarão presentes no momento da comparação interferindo no cálculo da DH.

Quando se compara templates gerados a partir de íris diferentes, ou seja, modelos completamente independentes, obtém-se uma DH próxima de 0.5 e não de 1.0. Isso ocorre porque a independência implica que a correspondência entre dois bits será totalmente aleatória, ou seja, a probabilidade de um bit ser igual a 1 ou 0 é 0.5. Portanto, teoricamente, a metade dos bits serão concordantes e a outra metade não, o que resulta em uma DH igual a 0.5.

Daugman [7], [9], [10], [5] sugeriu um método para corrigir o desalinhamento da representação normalizada de uma íris causado por variações rotacionais no momento da aquisição da imagem. Estas variações incluem uma possível rotação da câmera e/ou inclinação da cabeça. A minimização destes efeitos é processada na fase de comparação. Depois que a DH entre dois templates é calculada, um dos templates é deslocado para a esquerda ou para a direita. Este deslocamento na direção horizontal corresponde a uma rotação da região original da íris de um ângulo dado pela resolução angular usada na normalização. Durante cada deslocamento são movidos dois bits do template, uma vez que o processo de codificação gera dois bits de informação para cada pixel da região normalizada da íris. A cada deslocamento, os templates são comparados e um correspondente valor de DH é calculado.

Ao final de sucessivos deslocamentos, é escolhido o menor valor de DH que corresponde ao melhor casamento entre os templates. Através de sucessivos deslocamentos, uma determinada quantidade de valores de DH é calculada, sendo que somente é considerada a menor delas que corresponde ao melhor casamento entre os templates. O número de deslocamentos requerido para lidar com as inconsistências rotacionais é determinada pela diferença angular máxima entre duas imagens da mesma íris. Um deslocamento é definido por um deslocamento para a esquerda seguido de outro para a direita. A figura 3.17 ilustra o processo de um único deslocamento.

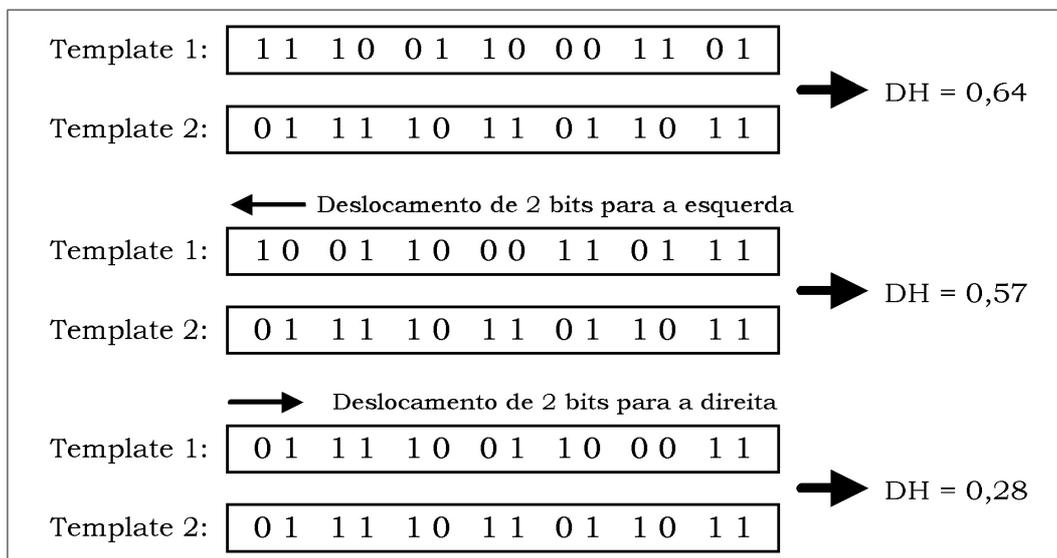


Figura 3.17: Representação de 1 deslocamento onde são deslocados sempre dois bits de cada vez, pois cada pixel da representação normalizada da íris é codificada por dois bits. Deve-se considerar somente a menor distância de Hamming que, neste caso, é igual a 0,28 e representa o melhor casamento entre os dois templates comparados.

Capítulo 4

Definições importantes

4.1 Ambiente de Decisão e as Taxas de Erro

Quando são processadas inúmeras comparações intra-classe ou inter-classe, os valores de distância de Hamming obtidos podem ser aproximados a uma distribuição normal. 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 conseqüentemente, o quanto o sistema é confiável. A figura 4.1 mostra um exemplo de ambiente de decisão.

Para a geração da distribuição intra-classe são efetuadas todas as comparações possíveis entre imagens de mesma íris e são calculados os respectivos valores de DH. Em seguida, conta-se o número de ocorrência de valores de DH em determinadas faixas de valores pre-estabelecidos e plota-se a curva “Quantidade de ocorrências” versus “Faixa de valores de DH”. Para a geração

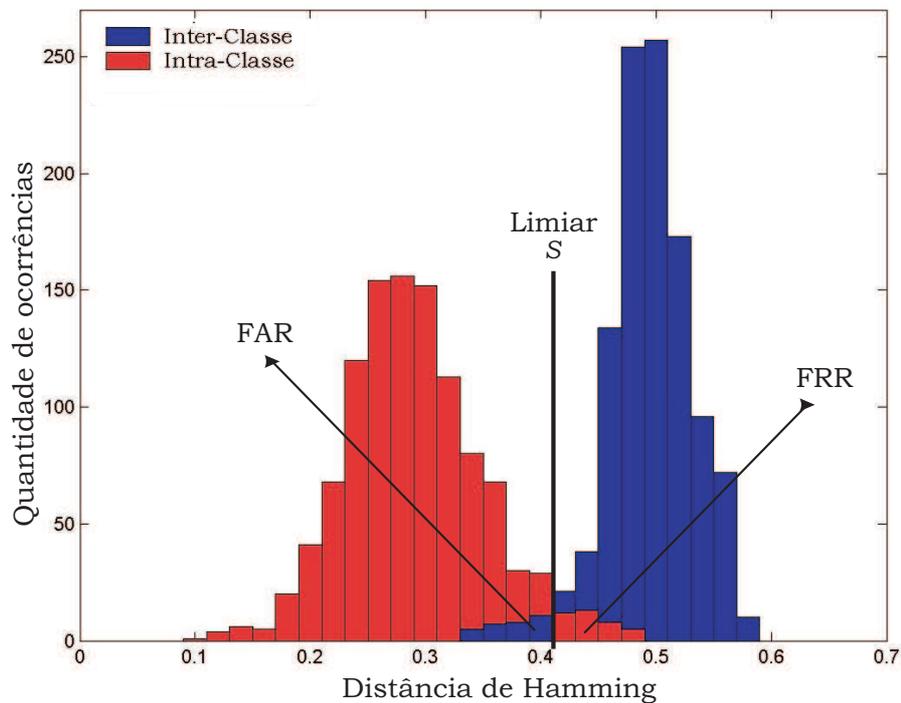


Figura 4.1: Ambiente de decisão: distribuições de distância de Hamming geradas a partir de comparações intra-classe e inter-classe

da distribuição inter-classe é utilizado o mesmo procedimento, porém são efetuadas comparações entre íris diferentes.

Para decidir se dois templates foram gerados à partir de uma mesma íris ou não, deve-se pré-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. Estas taxas são calculadas à partir da sobreposição entre as distribuições intra e inter-classe. A FAR é dada pela área da distribuição inter-classe D_{inter} entre 0 e o limiar s dividida pela área total dessa distribuição (equação 4.1). Na prática isto representa a quantidade de valores de DH ocorridas entre 0 e o limiar s na distribuição inter-classe dividida pela quantidade total de comparações inter-classe efetuadas. A FRR é dada pela área da distribuição intra-classe D_{intra} entre o limiar s e 1 dividida pela área total dessa distribuição (equação 4.2). Na prática isto representa a quantidade de valores de DH ocorridas entre o limiar s e 1 na distribuição intra-classe dividida pela quantidade total de comparações intra-classe efetuadas.

$$FAR = \frac{\int_0^s D_{inter}(x)dx}{\int_0^1 D_{inter}(x)dx} \quad (4.1)$$

$$FRR = \frac{\int_s^1 D_{intra}(x)dx}{\int_0^1 D_{intra}(x)dx} \quad (4.2)$$

É fácil perceber que o valor do limiar influencia bastante nas taxas de erro. Quando se aumenta o valor do limiar, a FAR aumenta e a FRR diminui, enquanto quando se diminui o valor do limiar, a FAR diminui e a FRR aumenta. Portanto, ao escolher o valor do limiar de um sistema, o objetivo é a minimização da soma das duas taxas.

Na prática, para garantir a segurança de um sistema de modo que nenhum impostor seja aceito, geralmente, procura-se diminuir bastante a FAR, mesmo que isso represente um aumento na FRR.

4.2 Decidabilidade

Para se estimar o desempenho de um sistema de reconhecimento de íris é utilizado um parâmetro chamado “decidabilidade” [9]. Este parâmetro mede a separação das distribuições intra-classe e inter-classe levando em consideração a média e o desvio padrão destas distribuições. 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:

$$d' = \frac{|\mu_1 - \mu_2|}{\sqrt{(\sigma_1^2 + \sigma_2^2)/2}} \quad (4.3)$$

A decidabilidade é independente do limiar adotado para decisão, o que a torna um parâmetro bastante interessante. Porém, vale lembrar que a obtenção do melhor desempenho de um sistema dependerá de uma calibração do limiar.

Para se calcular a decidabilidade é necessário processar todas as comparações intra e inter classes e calcular os respectivos valores de distância de Hamming para a geração das distribuições inter e intra classes apresentadas anteriormente. Com base nos dados destas distribuições, determina-se os valores da média e do desvio padrão de cada uma delas necessários para o cálculo da decidabilidade.

O desempenho de qualquer sistema de biometria pode ser estimado 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.

4.3 Resolução do Template

As resoluções angular e radial utilizadas no momento da normalização são parâmetros extremamente importantes e que influenciam significativamente na confiabilidade do sistema, uma vez que determinam se serão codificados mais ou menos pixels da imagem.

O sistema foi simulado utilizando-se diversos valores de resoluções angular e radial que representam a quantidade de pixels selecionados uniformemente ao longo da região da íris nas respectivas direções. A tabela 4.1 mostra os valores de decidabilidade obtidos com a utilização de cada uma das combinações de resoluções testadas.

Tabela 4.1: *Valores de decidabilidade obtidos em função da resolução da representação retangular da íris. Os valores na horizontal representam a resolução angular em pixels e os na vertical representam a resolução radial em pixels.*

	180	200	220	240	260	280	300
16	5,2421	5,4198	5,5426	5,5799	5,5502	5,4519	5,3674
18	5,3156	5,5475	5,6854	5,7290	5,7243	5,6405	5,5514
20	5,2638	5,4772	5,633	5,6591	5,6409	5,5667	5,4439
22	5,292	5,5314	5,6758	5,6865	5,6918	5,5989	5,4901
24	5,3174	5,5724	5,6966	5,7151	5,6854	5,6177	5,5022
26	5,2949	5,5772	5,6895	5,7171	5,723	5,6127	5,5158
28	5,3836	5,5742	5,7272	5,7556	5,7139	5,6241	5,4995
30	5,3315	5,5498	5,7103	5,7263	5,7099	5,6383	5,5207
32	5,3588	5,5846	5,6933	5,7506	5,7126	5,6382	5,5236
34	5,3796	5,5839	5,7104	5,7305	5,7206	5,6302	5,5339

Observa-se que o maior valor de decidabilidade foi obtido quando a resolução da representação retangular foi considerada 28x240 pixels. Porém, a utilização de uma resolução de 18x240 pixels garante uma codificação mais compacta e eficiente com uma perda relativamente pequena na decidabilidade. Assim, foram definidas uma resolução angular de 240 pixels e uma

resolução radial de 18 pixels.

4.4 Quantidade de deslocamentos

Para minimizar as inconsistências provocadas por eventuais variações rotacionais da íris ou da câmara no momento da aquisição da imagem, foi utilizado o procedimento de deslocar, na direção angular, um dos templates a serem comparados. Quando se consegue corrigir o desalinhamento entre dois templates, é esperado que, se estes templates foram gerados à partir de uma mesma íris, haverá uma maior correspondência entre os bits. Isto afetará na medida do desempenho do sistema.

Torna-se importante estimar o quanto os templates devem ser rotacionados para se obter o máximo de correspondência nas comparações intra-classe e ao mesmo tempo maximizar o desempenho do sistema. O sistema foi simulado variando-se a quantidade de deslocamentos do template e os valores de decidabilidade obtidos estão mostrados na tabela 4.2.

O maior valor de decidabilidade foi obtido quando foram efetuados 6 deslocamentos. Na realidade, 6 deslocamentos representam 6 deslocamentos para a direita mais 6 deslocamentos para a esquerda. Cada vez que se desloca um template é calculado um valor de distância de Hamming, portanto, para se processar a comparação de dois templates, são calculados 12 valores de distância de Hamming sendo que somente o menor deles é considerado, tanto para comparações intra quanto para inter-classe.

Tabela 4.2: *Valores de decidabilidade obtidos em função da quantidade de deslocamentos.*

Deslocamentos	Decidabilidade
0	3,5877
1	4,4577
2	5,0706
3	5,4453
4	5,6348
5	5,7157
6	5,7290
7	5,7090
8	5,6796
9	5,6532
10	5,6311
11	5,6114
12	5,5939
13	5,5783
14	5,5640
15	5,5507
16	5,5388
17	5,5296
18	5,5209
19	5,5118

Capítulo 5

Proposta de uma nova metodologia

O sistema de reconhecimento de íris é composto de várias etapas de processamento e em cada etapa existem inúmeras variáveis que interferem no desempenho e na confiabilidade do sistema. Este trabalho foca, principalmente, a fase de normalização e vem propor uma variação do método sugerido por Daugman, que é o mais popularmente utilizado, com o objetivo de aumentar a confiabilidade do sistema, que já é muito elevada.

Na verdade, a técnica proposta realiza um pré-processamento através do banco de imagens que será utilizado no sistema, sendo que o seu resultado afetará diretamente na etapa de normalização.

As próximas seções serão dedicadas a introduzir a técnica proposta.

5.1 Formulação do problema

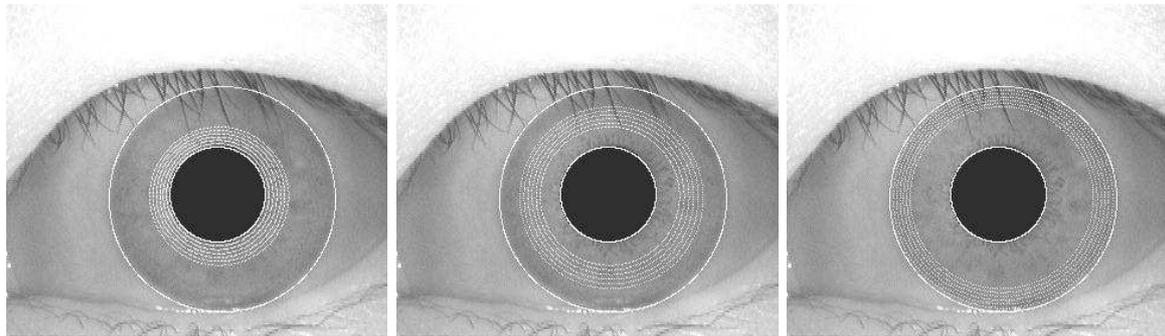
O processo de geração da representação retangular da região da íris proposto por Daugman sugere uma seleção de pontos (pixels) da imagem para serem codificados e utilizados na comparação. A quantidade de pontos selecionados é determinada pelas resoluções radial e angular utilizadas. Estes pontos são escolhidos uniformemente na direção radial e angular ao longo de toda a região pertencente à íris, como mostrado na figura 5.1(d).

Dentre as diversas propostas a serem pesquisadas, uma delas seria 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 armazenam 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 região da íris em três regiões anulares, como mostrado nas figuras 5.1(a), 5.1(b) e 5.1(c) 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.

Anteriormente foi encontrado 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.

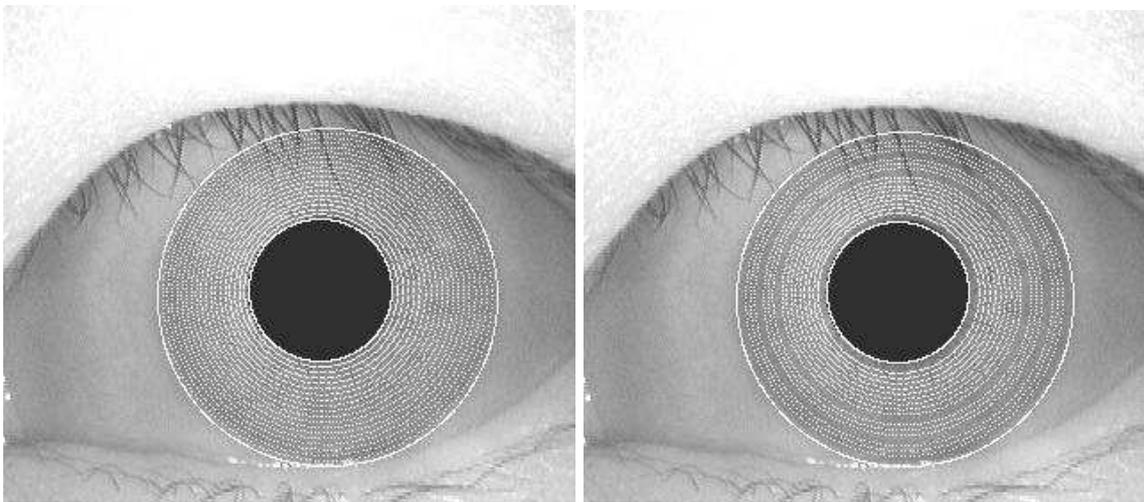
A métrica utilizada para se medir a performance do sistema foi a decidabilidade. Observando a tabela 5.1, é possível perceber que as regiões central e



(a) Região Interna

(b) Região Central

(c) Região Externa



(d) Distribuição Uniforme (Daugman)

(e) Melhor distribuição da combinação de 6 regiões

Figura 5.1: *Representação das distribuições*

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

Primeiramente, dividiu-se a íris não em três, mas em dez regiões anulares, como mostrado na figura 5.2. 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.

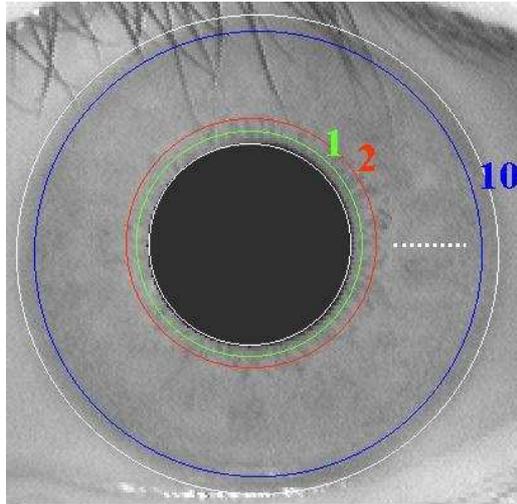


Figura 5.2: *Divisão da íris em 10 regiões anulares.*

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

$$C_6^{10} = \binom{10}{6} = \frac{10!}{6!(10-6)!} = 210 \quad (5.1)$$

Todas as 210 combinações foram testadas e o desempenho do sistema foi medido para cada uma delas. Como mostrado na tabela 5.1, 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 5.1(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.

Tabela 5.1: *Resultados da utilização de diferentes distribuições de pixels da região da íris para normalização.*

Distribuição	Decidab.	FAR %	FRR %	Taxa de acerto %
Uniforme	5,7290	0,19	0,32	99,49
Região Interna	5,0848	0,24	0,54	99,22
Região Central	4,5441	1,72	1,24	97,04
Região Externa	2,3015	11,21	12,51	76,28
Melhor combinação de regiões	5,8329	0,0503	0,2200	99,729

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 irises 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 irises 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:

$$C_{18}^{40} = \binom{40}{18} = \frac{40!}{18!(40-18)!} \cong 1,1338 * 10^{11} \quad (5.2)$$

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.

5.2 Algoritmos genéticos

Algoritmos genéticos (AGs) são métodos utilizados para resolver problemas de busca e otimização. Eles são inspirados no princípio Darwiniano da evolução das espécies e no processo genético dos organismos biológicos.

Os AGs foram desenvolvidos por John Holland na universidade de Michigan. Ele tinha dois objetivos principais com sua pesquisa: (1) abstrair e explicar o processo adaptativo do sistema natural e (2) desenvolver um sistema artificial que contivesse os importantes mecanismos do sistema natural. Esta aproximação levou a descobertas importantes tanto para a ciência natural quanto para os sistemas artificiais. A primeira monografia de Holland sobre este assunto foi em 1975, “*Adaptation in Natural and Artificial Systems*”. Muitos artigos e dissertações validaram a eficiência da técnica na otimização de funções e aplicações de busca e controle. Atualmente, os AGs estão sendo amplamente utilizados em aplicações científicas, comerciais e de engenharia. O grande crescimento do número de aplicações se deve principalmente ao fato de que os AGs são algoritmos computacionalmente simples e, ao mesmo tempo, poderosos na tarefa de buscar otimizações. Além disso, eles não são limitados a restrições do espaço de busca como tamanho, descontinuidades, multi-modalidades, etc [18].

Charles Darwin estabeleceu que, no processo biológico, depois de muitas gerações, a população natural evolui de acordo com os princípios de seleção natural e da sobrevivência dos mais aptos. Imitando este processo, os algoritmos genéticos são capazes de “evoluir” soluções para diversos problemas, desde que eles sejam adequadamente codificados.

Os algoritmos genéticos 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 pro-

blema. 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, podendo, assim, transmitir suas características para as gerações futuras. Os indivíduos menos aptos têm menor probabilidade de serem selecionados para reprodução e acabam “desaparecendo” [2].

Uma nova população de possíveis soluções é produzida selecionando os melhores indivíduos da geração atual e combinando os mesmos para gerar os novos indivíduos. A nova geração irá conter uma grande proporção das características dos bons indivíduos da geração anterior, assim, as boas características serão espalhadas aos membros da população e serão recombinadas nas próximas gerações. Se o algoritmo genético for bem projetado, a população irá convergir para uma boa solução para o problema.

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* das possíveis soluções do espaço de busca define a estrutura do cromossomo a ser manipulado pelo AG. A representação do cromossomo depende do tipo de problema e do que, essencialmente, se deseja manipular geneticamente. A representação mais comum

é a binária. Ela é simples, fácil de ser manipulada através de operadores genéticos e fácil de ser transformada em números inteiros ou reais. Porém, nem sempre a representação binária pode ser empregada, pois, alguns problemas exigem um alfabeto de representação com mais símbolos. Qualquer que seja a representação empregada, ela deve ser capaz de representar todo o espaço de busca [29].

A *função de aptidão* de um determinado problema irá retornar, para um dado cromossomo, um valor de aptidão proporcional à utilidade ou habilidade do indivíduo representado pelo cromossomo em questão. Para certos tipos de problema, como por exemplo, a maximização de uma função, o valor de aptidão é o próprio cálculo da função para um dado parâmetro. Porém, existem casos em que se pretende medir o desempenho de vários parâmetros ao mesmo tempo ou até da combinação entre eles.

O processo de *seleção* de indivíduos para a reprodução em AG é baseada na aptidão dos indivíduos, ou seja, os mais aptos têm maior probabilidade de serem escolhidos. Assim, se f_i é a aptidão do indivíduo i na população corrente, a probabilidade p_i do indivíduo i ser selecionado é proporcional a

$$p_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^N f_j} \quad (5.3)$$

onde N é o número de indivíduos na população.

Geralmente, o processo de seleção é realizado através do método conhecido como “Método da Roleta”, em que uma roleta é implementada de forma que cada indivíduo da população é representado por uma fatia proporcional a sua aptidão relativa.

Depois que os indivíduos são selecionados é realizada uma *recombinação* de seus genes através dos operadores genéticos. O operador genético mais

tradicionalmente utilizado é o crossover (cruzamento), em que dois indivíduos selecionados têm seus cromossomos “cortados” em uma posição aleatória e os genes localizados depois do corte são trocados entre os indivíduos para produzir dois novos indivíduos. Este procedimento está ilustrado na figura 5.3 e representa a forma mais simples do crossover, chamado crossover de um ponto de corte (one-point crossover). Os descendentes serão diferentes de seus pais, mas com características genéticas de ambos os genitores.

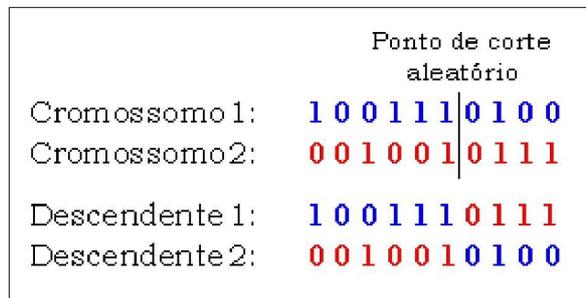


Figura 5.3: *Representação do crossover de um ponto de corte*

Outro operador genético que pode ser utilizado é a mutação. A mutação é aplicada a cada descendente individualmente, geralmente depois do crossover, e altera os genes de maneira aleatória. A figura 5.4 mostra o quinto gene do cromossomo sofrendo uma mutação simples. A mutação provoca uma pequena busca aleatória que ajuda a assegurar que todos os pontos do espaço de busca têm alguma probabilidade de ser examinado.

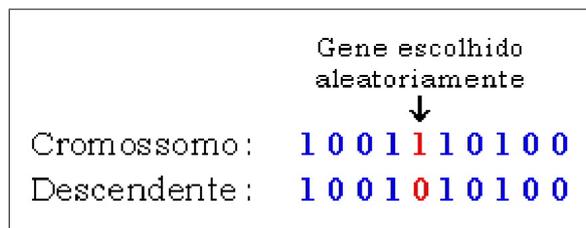


Figura 5.4: *Representação da mutação simples*

A visão tradicional considera o crossover mais importante do que a mutação, porém, alguns exemplos na natureza mostram que a reprodução as-

sexuada pode evoluir criaturas sofisticadas sem a presença de cruzamentos (crossover) [37]. Schaffer et al [34] fizeram um grande experimento para determinar os parâmetros ótimos para AGs e concluíram que o crossover tem muito menos efeito no desempenho do que se acreditava até então. Eles sugeriram que a utilização somente da mutação é tão poderosa quanto o crossover na tarefa de realizar uma busca. Um pouco mais tarde eles investigaram melhor esta hipótese [35] e descobriram que o crossover estimula uma evolução mais rápida do que quando se utiliza somente a mutação, porém, geralmente, a mutação encontra melhores soluções do que quando se utiliza somente o crossover. Estes resultados vão de encontro às conclusões de Davis [11] que opinou que a mutação se torna mais produtiva enquanto o crossover se torna menos produtivo à medida que a população converge.

Spears [39] também comparou o crossover com a mutação e argumentou que cada operador possui algumas características importantes que não são encontradas no outro. Mais tarde ele sugeriu que um operador de mutação adequadamente projetado pode fazer tudo que o crossover pode. Outros bons desempenhos da utilização somente da mutação como operador genético estão descritos em [12], [13] e [14].

Além da mutação simples, existem várias outras formas de se efetuar mutação. Neste trabalho, foi utilizada a chamada mutação trocada (Swap Mutation) que consiste na troca de posição de dois genes do cromossomo. Este procedimento será melhor descrito na próxima seção.

A implementação de um algoritmo genético só é considerada eficiente quando a população evolui através de sucessivas gerações de forma que a aptidão média dos indivíduos se aproxima da aptidão do melhor indivíduo que tende ao valor ótimo, ou seja, existe uma convergência.

5.3 Implementação da metodologia proposta

O grande desafio deste trabalho é selecionar os pixels na direção radial que, para o banco de imagens utilizado, deixam o sistema mais confiável. Como já foi discutido, o número de combinações de pixels é muito grande, portanto, é impossível testar todas as possibilidades. Uma das inúmeras aplicações dos algoritmos (AGs) genéticos 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.

Para a implementação do AG foi utilizada uma representação binária de 40 bits onde cada bit (ou, na linguagem de AGs, cada gene do cromossomo) representa um dos 40 pixels que podem ser selecionados na direção radial. Para isto, é necessário que, primeiramente, 40 pixels uniformemente espaçados sejam “marcados” na direção radial de forma que somente eles possam ser selecionados na normalização e que cada um deles seja identificado por um bit da representação binária do AG.

No cromossomo, quando o valor de um gene é 1, significa que o pixel a quem ele se refere está sendo selecionado e, quando o valor do gene é 0, o pixel não está sendo selecionado. Sabe-se que, 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 genes iguais a 1 e os outros 22 iguais a 0.

O primeiro passo é gerar uma população inicial que significa o espaço de pesquisa inicial para o AG. Uma população é formada por cromossomos onde cada cromossomo representa um indivíduo. Assim, é necessário criar cromossomos para se obter uma população inicial. A criação dos cromossomos que compõem a população inicial é feita aleatoriamente, ou seja, o valor binário

de cada gene do cromossomo é escolhido ao acaso, porém, deve-se obedecer à premissa de que o cromossomo deve possuir 18 genes iguais a 1 e os outros 22 iguais a 0.

A função de aptidão utilizada, é a própria equação da decidabilidade, ou seja, o valor de aptidão de um indivíduo é dado pelo valor de decidabilidade obtido quando o sistema é simulado utilizando a combinação de pixels que o indivíduo representa para se processar a normalização da região da íris. Assim, para calcular cada valor de aptidão, devem ser realizadas inúmeras comparações intra-classe e inter-classe gerando suas respectivas distribuições que fornecem os parâmetros para o cálculo da decidabilidade. Quanto maior o valor da decidabilidade para uma determinada combinação de pixels, maior a aptidão do indivíduo e maior a probabilidade deste ser selecionado para a reprodução.

A reprodução é realizada utilizando-se somente um operador de mutação. Diversas pesquisas ([37] [34] [11] [39] [12] [13] [14]) comprovaram que a mutação é capaz de promover a convergência de uma população em um processo de evolução, mesmo sem a presença do operador de cruzamento (crossover). A utilização somente da mutação se apresentou como uma alternativa mais interessante para este trabalho, uma vez que se trata de um problema baseado em ordenação e uma certa aleatoriedade é desejada.

Como temos a restrição de que o cromossomo deve possuir sempre 18 genes iguais a 1 e os outros 22 iguais a 0, um operador genético de mutação adequado para o 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 5.5.

Todos os indivíduos da população corrente sofrem esta mutação. No mo-

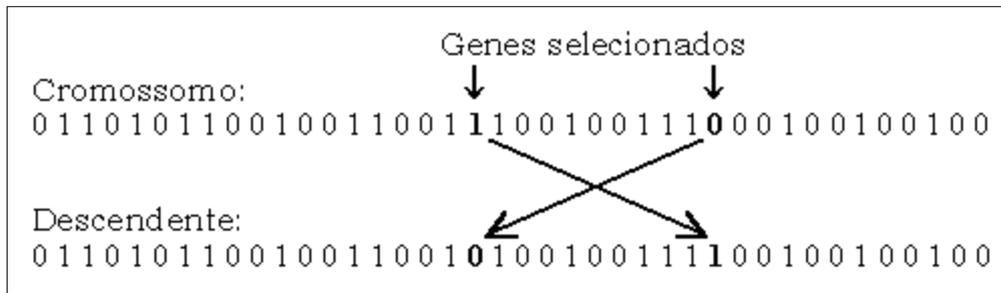


Figura 5.5: *Mutação trocada (Swap mutation)*

mento da mutação de um indivíduo, é escolhida aleatoriamente a quantidade de pares de genes que serão tocados, podendo ser 1, 2 ou 3 pares. A figura 5.6 ilustra estas possibilidades.

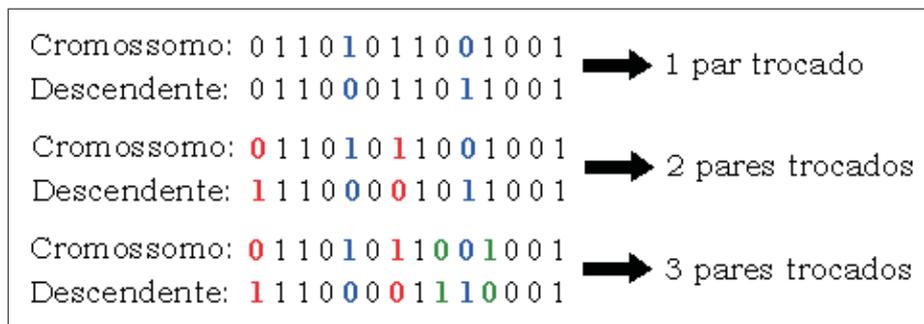


Figura 5.6: *Ilustração da quantidade de mutações trocadas que um indivíduo pode sofrer no momento da reprodução.*

Cada indivíduo da população corrente dá origem a um descendente, porém, pode acontecer de o descendente gerado ser menos apto do que seu ancestral. Também é possível que este mesmo descendente seja mais apto do que um outro indivíduo da população corrente. Assim, 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. Portanto, pode acontecer de um descendente conviver com seu ancestral nesta geração, ou de serem excluídos tanto o descendente quanto seu

ancestral. Este procedimento também impede que um indivíduo com um valor de aptidão muito bom seja perdido.

Capítulo 6

Resultados Experimentais

Neste capítulo, o desempenho e a confiabilidade do sistema são examinados. São apresentados os resultados da implementação do algoritmo genético bem como é determinado o limiar que minimiza a soma dos erros de falsa aceitação e de falsa rejeição. Todos os parâmetros ótimos (resolução do template igual a 18x240; 6 deslocamentos) são aplicados para permitir uma avaliação do sistema proposto com relação ao sistema tradicional que foi implementado por Libor Masek [24].

A ferramenta utilizada para a implementação do sistema foi o MatLab que oferece facilidades à manipulação e ao processamento de imagens.

Para a simulação do processo, utilizou-se o sistema operacional Windows NT e um computador Pentium IV, 1GHz, 256M RAM.

6.1 Imagens utilizadas

Foi utilizado o banco de imagens de olhos da Academia Chinesa de Ciências - Instituto de Automação (CASIA - Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation) que contém 756 imagens em tons de cinza de 108 olhos diferentes, sendo 7 imagens diferentes de cada olho. As imagens de cada olho foram adquiridas em duas sessões com um mês de intervalo entre elas, sendo que três imagens foram coletadas na primeira sessão e as outras quatro na segunda. As imagens foram obtidas especialmente para serem usadas em pesquisas de reconhecimento de íris e foram capturadas através de uma óptica digital especializada desenvolvida pelo Laboratório Nacional de Reconhecimento de Padrões, China. As imagens de olhos são de pessoas descendentes da Ásia cujos olhos são caracterizados por irises densamente pigmentadas e cílios escuros. Devido às boas condições para aquisição das imagens, usando uma luz próxima da infra-vermelha, as características da região da íris são facilmente visíveis e existe um bom contraste entre a pupila, a íris e a esclerótica (parte branca do olho).

Não foi possível utilizar todas as imagens do banco de dados uma vez que o processo de localização da região da íris não é perfeito. Portanto, as imagens que não foram segmentadas adequadamente foram excluídas. Das 756 imagens do banco de dados, 666 imagens foram segmentadas com sucesso, o que possibilitou o processamento de 1854 comparações intra-classe. Dentre as imagens disponíveis, foram utilizadas imagens suficientes para possibilitar o processamento de 21840 comparações inter-classe. Para isso foram necessárias 210 imagens provenientes de 105 pessoas diferentes sendo 2 imagens de cada pessoa.

6.2 Resultados

A execução do algoritmo genético foi realizada utilizando-se uma população inicial aleatória de 100 indivíduos que apresentou um caráter de convergência ao longo das gerações. Em uma determinada população, são extraídos dois valores de aptidão, um deles é o valor médio das aptidões individuais e o outro é o valor máximo. Como pode ser observado pelas curvas de aptidão da figura 6.1, a cada geração, a aptidão média dos indivíduos da população se aproxima mais da aptidão do melhor indivíduo. Os valores utilizados para se traçar os gráficos estão dispostos na tabela 6.1. Esta convergência representa a eficiência do AG e sua capacidade de se aproximar da melhor solução.

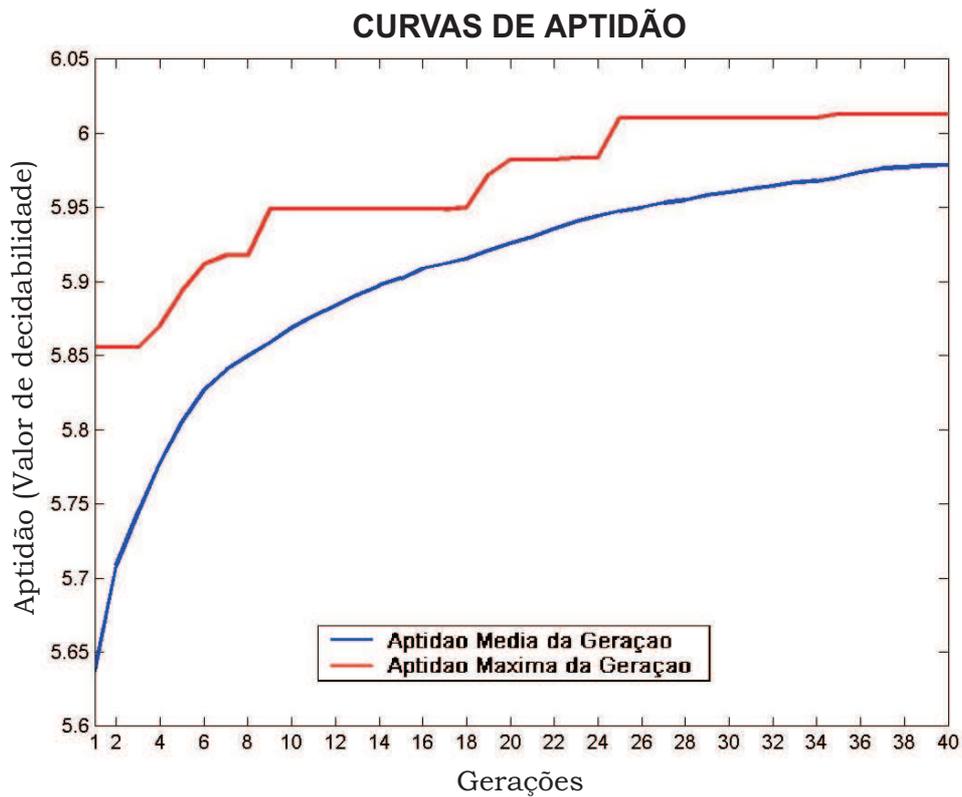


Figura 6.1: *Curvas ilustrativas da evolução da aptidão média e da aptidão do melhor indivíduo de cada geração*

Tabela 6.1: Valores de aptidão média e da máxima aptidão obtidos em cada geração do AG.

Geração	Média	Máxima
1	5,6375	5,8555
2	5,7085	5,8555
3	5,7451	5,8555
4	5,7783	5,8704
5	5,8051	5,8934
6	5,8269	5,9115
7	5,8403	5,9176
8	5,8496	5,9176
9	5,8586	5,9490
10	5,8688	5,9490
11	5,8768	5,9490
12	5,8836	5,9490
13	5,8911	5,9490
14	5,8972	5,9490
15	5,9021	5,9490
16	5,9089	5,9490
17	5,9121	5,9490
18	5,9153	5,9499
19	5,9209	5,9722
20	5,9256	5,9824

Geração	Média	Máxima
21	5,9302	5,9824
22	5,9357	5,9824
23	5,9403	5,9837
24	5,9444	5,9837
25	5,9477	6,0104
26	5,9500	6,0104
27	5,9531	6,0104
28	5,9551	6,0104
29	5,9583	6,0104
30	5,9602	6,0104
31	5,9626	6,0104
32	5,9648	6,0104
33	5,9671	6,0104
34	5,9679	6,0104
35	5,9703	6,0132
36	5,9738	6,0132
37	5,9766	6,0132
38	5,9772	6,0132
39	5,9783	6,0132
40	5,9786	6,0132

Foram processadas 40 gerações à procura de uma combinação de pixels que fornecesse um maior valor de decidabilidade. A melhor distribuição de pixels encontrada (40^a geração) está ilustrada na figura 6.2 e é representada pelo cromossomo:

0101010110111110101100010100000110100000

O valor de decidabilidade obtido com este conjunto de pixels é 6,0132. As 1854 comparações intra-classe e as 21840 comparações inter-classe processadas deram origem às distribuições de distância de Hamming ilustradas

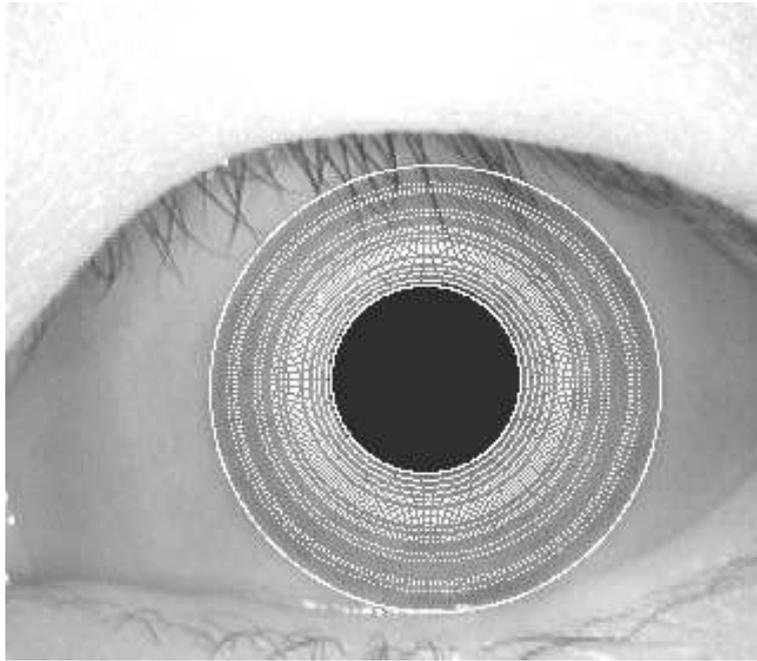


Figura 6.2: *Melhor distribuição de pixels encontrada na 40ª geração do AG.*

na figura 6.3.

Como já era de se esperar, as distribuições apresentam uma pequena sobreposição que é a fonte de erros de reconhecimento. Entretanto as médias das duas distribuições estão suficientemente separadas para permitir a viabilidade do sistema. A taxa de acerto do reconhecimento é determinada através do cálculo das taxas de erro de falsa aceitação (FAR) e falsa rejeição (FRR). Deve-se escolher um valor de limiar (valor de distância de Hamming que separa as duas distribuições) que minimiza ao máximo a soma de FAR e FRR. A tabela 6.2 mostra os valores de FAR e FRR obtidos para diferentes limiares ou pontos de separação.

Observa-se que as menores taxas de erro são obtidas quando é adotado um limiar de 0,4135, ou seja, quando a comparação de dois templates gerar um valor de distância de Hamming menor que 0,4135 eles serão considerados provenientes da mesma íris e se o valor for maior que 0,4135 eles são consi-

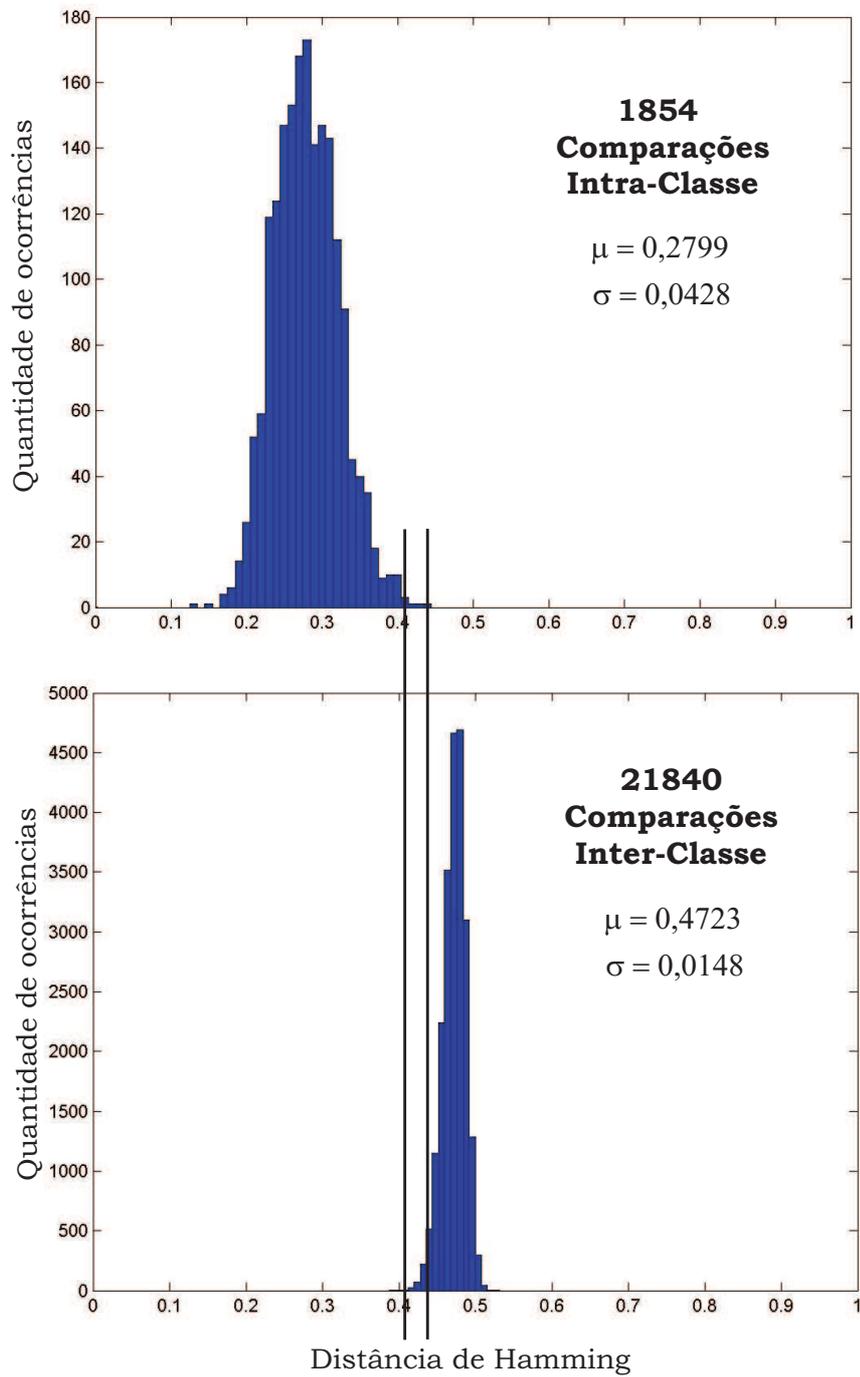


Figura 6.3: Distribuições das distâncias de Hamming geradas pelas comparações intra-classe e inter-classe.

derados de íris diferentes. Com este valor de limiar é alcançado um erro de falsa aceitação de 0,05% e um erro de falsa rejeição de 0,16%. Estas taxas de erro são consideravelmente pequenas e garantem uma ótima precisão no reconhecimento.

Tabela 6.2: *Taxas de erro obtidas para diferentes valores de limiar.*

Limiar	FAR %	FRR %	Taxa de acerto %
0,39	0	1,13	98,86
0,40	0,01	0,43	99,55
0,41	0,04	0,27	99,68
0,4135	0.05	0,16	99,79
0,42	0,17	0,16	99,66
0,43	0,73	0,05	99,21
0,44	2,48	0,05	97,46
0,45	7,46	0	92,54
0,46	19,40	0	80,60
0,47	40,51	0	59,49
0,48	68,13	0	31,87

6.3 Comparações de algoritmos

Atualmente existem inúmeras técnicas propostas para processar o reconhecimento de íris sendo que a mais tradicional é a sugerida por John Daugman que apresenta uma taxa de acerto de 99,9%. Mayank et al. [41] implementaram e compararam os algoritmos de Avila [33], Li Ma [26], Tisse [40] e Daugman [8]. Os resultados obtidos estão mostrados na tabela 6.3

Tabela 6.3: *Desempenho de algoritmos*

Algoritmo	FAR %	FRR %	Taxa de acerto %
Avila [33]	0.03	2.08	97.89
Li Ma [26]	0.02	1.98	98.00
Tisse [40]	1.84	8.79	89.37
Daugman [8]	0.01	0.09	99.90

Estes algoritmos foram comparados utilizando um banco de imagens em comum e foram comparadas as mesmas imagens para o teste de cada um deles. As taxas de acerto obtidas por Mayank et al. [41] são importantes pois expressam a ordem de grandeza da precisão que os algoritmos de reconhecimento de íris geralmente atingem, porém, não é adequado compará-los com o algoritmo proposto neste trabalho uma vez que o banco de imagens e as comparações efetuadas entre estas imagens não foram as mesmas. No entanto, é categórico afirmar que a inovação proposta neste trabalho, se aplicado aos demais, colabora no sentido de aumentar a confiabilidade do sistema.

Neste trabalho, o algoritmo implementado por Libor Masek [24] foi testado sob as mesmas condições e servirá de parâmetro para medir a melhora que a técnica proposta oferece ao sistema. A única diferença entre o algoritmo de Libor Masek e o implementado neste trabalho é que, no primeiro, se utiliza uma distribuição uniforme de pixels ao longo da região da íris para a sua normalização, enquanto no segundo, utilizou-se um algoritmo gené-

tico para escolher a distribuição de pixels (aleatória na direção radial) mais adequada ao banco de imagens, mantendo a mesma resolução do template.

Como foi visto na seção anterior, o algoritmo genético conseguiu uma distribuição que resultou em uma decidabilidade igual a 6,0132 que representou uma taxa de acerto de 99,79% ($FAR = 0,05\%$ e $FRR = 0,16\%$) para o limiar igual a 0,4135. Com o algoritmo de Libor Masek, foi obtida uma decidabilidade de 5,7290 que representou uma taxa de acerto de 99,49% ($FAR = 0,19\%$ e $FRR = 0,32\%$) para o limiar igual a 0,42. Este valores estão mostrados na tabela 6.4.

Tabela 6.4: *Comparação do algoritmo proposto com o de Libor Masek.*

Algoritmo	Decidabilidade	FAR %	FRR %	Taxa de acerto %
Libor Masek [24]	5,7290	0,19	0,32	99,49
Proposto	6,0132	0,05	0,16	99,79

Capítulo 7

Conclusões

7.1 Resumo da implementação e dos resultados

Este trabalho apresentou todas as etapas de processamento de um sistema de reconhecimento de íris. Depois da aquisição da imagem do olho, a primeira etapa do processo é a localização da região da íris. Esta tarefa pode ser considerada a mais crítica para o sucesso do sistema uma vez que uma representação ruim da íris, provocada pela utilização de áreas não pertencentes à mesma, irá corromper o template biométrico e prejudicar a eficiência do reconhecimento. Para localizar a íris, que pode ser aproximada à uma região anular limitada por dois círculos, foi utilizada a Transformada de Hough Circular. Esta implementação teve sucesso na localização da íris de 88% das imagens utilizadas (banco de imagens CASIA [46]).

Também foi utilizada a Transformada de Hough Linear para detectar as pálpebras e permitir a exclusão das regiões da íris corrompidas por elas. Para

a detecção da interferência dos cílios foi utilizado um valor de limiar baseado no nível de cinza dos pixels.

Depois da localização da região da íris é processada a etapa de normalização que elimina as inconsistências dimensionais das imagens utilizadas. Foi implementado o método proposto por Daugman que modela a região da íris como se esta fosse um anel de borracha e, através da utilização de coordenadas polares, gera uma representação retangular da íris com dimensões constantes. A grande contribuição deste trabalho interfere no processamento desta etapa. No método de Daugman tradicional, os pixels da região da íris são selecionados uniformemente ao longo de toda a sua extensão. Foi implementado um algoritmo genético para identificar uma distribuição de pixels na direção radial que melhora a confiabilidade do sistema. A resolução da representação retangular igual a 18x240 foi escolhida com base na simulação do sistema utilizando a normalização tradicional. Esta resolução foi mantida para a implementação da técnica proposta.

A próxima etapa do sistema é a codificação que gera um template biométrico binário através da convolução da representação normalizada da íris com um filtro 1D Log-Gabor e uma posterior quantização da fase do sinal de saída. Foram utilizados os parâmetros do filtro determinados por Libor Masek [24] ideais para processar o banco de imagens CASIA [46]. Assim, utilizou-se apenas um filtro, um comprimento de onda central (que fornece a frequência central) igual a 18.0 pixels e uma largura de banda do filtro igual a 0.5.

Finalmente, na última etapa do sistema é processada a comparação de dois templates para definir se eles são provenientes da mesma íris ou não. A métrica utilizada foi a distância de Hamming que dá uma medida da quantidade de bits que não são correspondentes entre os dois templates. É definido um valor de distância de Hamming limiar de forma que dois templates só são considerados provenientes da mesma íris se o valor de distância de Ham-

ming gerado pela comparação entre eles for menor que este valor de limiar. Na etapa de comparação é tratado o problema de inconsistências rotacionais das imagens utilizadas através do deslocamento horizontal do template (que representa um deslocamento na direção angular da íris). Para todas as comparações processadas foram utilizados 6 deslocamentos, ou seja, seis deslocamentos para a direita e mais 6 para a esquerda, sendo que, para se processar uma única comparação, 12 valores de distância de Hamming são calculados para se escolher o menor entre eles.

A implementação do sistema com a utilização da técnica proposta atingiu um desempenho de 99,79%. Com a utilização do método de normalização tradicional o máximo desempenho obtido foi de 99,49%. A comparação entre esses valores é inevitável. Imediatamente, observa-se que a diferença de 0,3% é pequena, no entanto, deve-se enfatizar que esta melhoria da confiabilidade é relativa a índices que já são extremamente elevados. Em suma, este resultado confirma a utilidade do método proposto para aumentar a confiabilidade de sistemas de reconhecimento de íris.

Deve-se ressaltar que, a aplicação do algoritmo genético é realizada antes de se colocar um sistema para operar. Uma vez que se tenha o banco de imagens cadastradas no sistema, o algoritmo genético deve ser aplicado para encontrar uma distribuição de pixels que melhor representa as imagens analisadas. Após este procedimento, o sistema estará pronto para entrar em operação, sendo que o resultado do algoritmo genético irá afetar diretamente a etapa de normalização.

7.2 Conclusões gerais e contribuições

À partir dos resultados obtidos neste trabalho, é possível tirar algumas conclusões. Foi atingida uma taxa de acerto muito grande (99,79%), o que confirma a eficiência de se utilizar a íris para o reconhecimento de indivíduos.

A grande contribuição deste trabalho foi a utilização de algoritmos genéticos para escolher a distribuição de pixels a ser utilizada e o conseqüente aumento da confiabilidade. A aplicação desta técnica aumentou a confiabilidade do sistema em 0,3%, isto comprova a suspeita de que existem alguns pixels comuns entre as imagens utilizadas que, quando são selecionados no momento da normalização, conseguem representar melhor os padrões das íris do que quando se utiliza uma seleção uniforme de pixels ao longo de toda sua extensão.

Observa-se que, na melhor distribuição de pixels que foi encontrada pelo AG (figura 6.2), existe uma maior concentração de pixels nas regiões centrais da íris e nas mais próximas à pupila. Isto sugere que as principais características da íris se concentram nestas regiões.

Outra contribuição que se deve destacar foi o desenvolvimento de um know how nacional e local relativo a essa área de pesquisa.

7.3 Publicações

- PacRim 2005 - IEEE Pacific Rim Conference on Communications, Computers and Signal Processing.
 - *Título:* “A METHOD FOR IMPROVING THE RELIABILITY OF AN IRIS RECOGNITION SYSTEM”
- MLSP 2005 - IEEE International Workshop on Machine Learning for Signal Processing;
 - *Título:* “APPLICATION OF GENETIC ALGORITHMS TO IMPROVE THE RELIABILITY OF AN IRIS RECOGNITION SYSTEM”
- XXVIII CNMAC - Congresso Nacional de Matemática Aplicada e Computacional;
 - *Título:* “A APLICAÇÃO DE ALGORITMOS GENÉTICOS PARA MELHORAR A CONFIABILIDADE DE UM SISTEMA DE RECONHECIMENTO DE ÍRIS”

7.4 Trabalhos futuros

O sistema descrito neste trabalho atende a todas as expectativas iniciais, porém, ele oferece condições para que outros aspectos sejam explorados, como por exemplo:

- Podem ser utilizadas outras técnicas em cada uma das etapas de processamento. O processo de localização da região da íris não obteve 100% de sucesso, portanto, podem ser implementadas técnicas mais elaboradas;
- A técnica proposta neste trabalho pode ser adaptada para que o algoritmo genético faça a busca pelos melhores pixels não só na direção radial, mas também na direção angular. Além disso, o AG pode ser aplicado sem que haja uma pré definição da resolução do template, cabendo a ele escolhê-la;
- O sistema desenvolvido em MatLab não permite o reconhecimento em tempo real. Algumas técnicas utilizadas, como a Transformada de Hough, exigem um intenso processamento computacional. Uma melhora na velocidade pode ser conseguida através da implementação destas técnicas em C ou C++.
- Esta implementação pode ser interfaceada com um dispositivo para a aquisição das imagens da íris. O banco de imagens utilizado contém imagens que foram capturadas sob ótimas condições de iluminação e com equipamentos bastante sofisticados. A utilização de imagens capturadas por dispositivos mais simples pode permitir a definição de parâmetros mais adequados à situações reais.

Referências Bibliográficas

- [1] ADLER, F. H. *Physiology of the Eye: Clinical Application*. London: The V. C. Mosby Company, 4^a edição ed., 1965.
- [2] BEASLEY, D.; BULL, D. R. & MARTIN, R. R. An overview of genetic algorithms: Part 1, fundamentals. *Inter-University Committee on Computing*, vol. 15, no. 2, 1993.
- [3] BERTILLON, A. La couleur de l'iris. *Revue scientifique*.
- [4] CANNY, J. A computational approach to edge detection. *IEEE Transactions on PAMI-8*, no. 6, 1986.
- [5] DAUGMAN, J. High confidence visual recognition of person by a test of statistical independence. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 15, no. 11, 1993.
- [6] DAUGMAN, J. Biometric personal identification system based on iris analysis. *United States Patent, Patent Number: 5 291 560*, 1994.
- [7] DAUGMAN, J. Iris recognition. *American Scientist*, vol. 89, no., AGOSTO 2001.

- [8] DAUGMAN, J. Statistical richness of visual phase information: Update on recognizing persons by iris patterns. *International Journal of Computer Vision*, vol. 45, no. 1, 2001.
- [9] DAUGMAN, J. How iris recognition works. *Proceedings of 2002 International Conference on Image Processing*, vol. 1, no., 2002.
- [10] DAUGMAN, J. High confidence personal identification by rapid video analysis of iris texture. *Proceedings of the IEEE*.
- [11] DAVIS, L. Handbook of genetic algorithms. *Van Nostrand Reinhold*, 1991.
- [12] ERICSON, C. & ORDONEZ-REINOSO, I. Dialogue on uniform crossover. *GA-Digest*, vol. 5, no. 33, Outubro 1991.
- [13] ESHELMAN, L. J. & SCHAFFER, J. D. Ga and very fast simulated re-annealing. *GA-Digest*, vol. 5, no. 33, Dezembro 1991.
- [14] ESHELMAN, L. J. Bit-climbers and naive evolution. *GA-Digest*, vol. 5, no. 39, Dezembro 1991.
- [15] FIELD, D. Relations between the statistics of natural images and the response properties of cortical cells. *Journal of the Optica Society of America*, 1987.
- [16] FLOM, L. & SAFIR, A. Iris recognition system. *Patente USA 4 641 349*, 1987.
- [17] GERUSO, M. An analysis of the use of iris recognition systems in u.s. travel document applications. *WISE - Washington Internships for Students of Engineering*, Julho 2002.

- [18] GOLDBERG, D. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. Addison Wesley, 1989.
- [19] GONZALEZ, R. & WOODS, R. E. *Digital Image Processing*. Addison-Wesley Publishing Company, Inc., 1992.
- [20] JAMUNDÁ, T. Reconhecimento de formas: a transformada de hough. *Seminário Visão Computacional - CPGCC/UFSC*, 2000.
- [21] KONG, W. & ZHANG., D. Accurate iris segmentation based on novel reflection and eyelash detection model. *Proceedings of 2001 International Symposium on Intelligent Multimedia, Video and Speech Processing*, 2001.
- [22] KOVESI, P. Matlab function for computer vision and image analysis. www.cs.uwa.edu.au/~pk/Research/MatlabFns/index.html.
- [23] LIU, S. & SILVERMAN, M. A practical guide to biometric security technology (página da web). www.findbiometrics.com/Pages/lead.html.
- [24] MASEK, L. Recognition of human iris patterns for biometric identification. Dissertação de Mestrado, The University of Western Australia,, 2003.
- [25] MATAS, J.; GALAMBOS, C. & KITTLER, J. Progressive probabilistic hough transform. *British Machine Vision Conference*.
- [26] MA, L.; TAN, T. & WANG, Y. Iris recognition using circular symmetric filters. *Proceedings of the 16th International Conference on Pattern Recognition*, vol. 2, no., 2002.

- [27] MA, L.; WANG, Y. & TAN, T. Iris recognition using circular symmetric filters. *National Laboratory of Pattern Recognition, Institute of Automation, Chinese Academy of Sciences*, 2002.
- [28] OPPENHEIM, A. & LIM, J. The importance of phase in signals. *Proceedings of the IEEE*, vol. 69, no., 1981.
- [29] PACHECO, M. A. C. Algoritmos genéticos: princípios e aplicações. *Laboratório de Inteligência Computacional Aplicada - ICA*.
- [30] RHODES, K. A. National preparedness: Technologies to secure federal buildings. u.s. *GAO*, Abril 2002.
- [31] R.P.WILDES; J.C.ASMUTH; G.L.GREEN; S.C.HSU; R.KOLCZYNSKI; J.MATEY & S.MACBRIDE. A system for automated iris recognition. *Proceedings IEEE Workshop on Applications of Computer Vision*, 1994.
- [32] R.SANCHEZ-REILLO; C.SANCHES-AVILA & J-A.MARTIN-PEREDA. Minimal template size for iris recognition. *Proceedings BMES/EMBS Conf., IEEE Publication*, Outubro 1999.
- [33] SANCHEZ, A. C.; SANCHEZ, R. R. & MARTIN, R. D. Iris recognition for biometric identification using dyadic wavelet transform zero crossing. *Proceedings of the IEEE 35th International Carnahan Conference on Security Technology*, 2001.
- [34] SCHAFFER, J. D.; CARUNA, R. A.; ESHELMAN, L. J. & DAS, R. A study of control parameters affecting online performance of genetic algorithms for function optimization. *Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms*, 1989.

- [35] SCHAFFER, J. D. & ESHELMAN, L. J. On crossover as an evolutionarily viable strategy. *Proceedings of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms*, 1991.
- [36] S.LIM; K.LEE; O.BYEON & T.KIM. Efficient iris recognition through improvement of feature vector and classifier. *ETRI JOURNAL*, vol. 23, no. 2, 2001.
- [37] SMITH, J. M. *Evolutionary Genetics*. Oxford University Press, 1989.
- [38] S.NOH; K.PAE; C.LEE & J.KIM. Multiresolution independent component analysis for iris identification. *The 2002 International Technical Conference on Circuits/Systems, Computers and Communications*, 2002.
- [39] SPEARS, W. M. Crossover or mutation? *Foundations of Genetics Algorithms*, vol. 2, no., 1993.
- [40] TISSE, C.; MARTIN, L.; TORRES, L. & ROBERT, M. Person identification technique using human iris recognition. *International Conference on Vision Interface*, 2002.
- [41] VATSA, M.; SINGH, R. & GUPTA, P. Comparison of iris recognition algorithms. *IEEE ICISIP*, 2004.
- [42] WILDES, R. Iris recognition: an emerging biometric technology. *Proceedings of the IEEE*, vol. 85, no. 9, Setembro 1997.
- [43] WILLIAMS, G. O. Iris recognition technology. *IEEE Aerospace and Electronics Systems Magazine*, vol. 12, no. 4, Abril 1997.

- [44] W.W.BOLES & BOASHASH, B. A human identification technique using images of the iris and wavelet transform. *IEEE Transaction on Signal Processing*, vol. 46, no. 4, 1998.
- [45] W.W.BOLES. A security system based on human iris identification using wavelet transform. *First International Conference on Knowledge-Based Intelligent Electronic Systems*, MAIO 1997.
- [46] *Chinese Academy of Sciences - Institute of Automation, Database of 756 Greyscale Eye Images.* www.sinobiometrics.com.
- [47] What are log-gabor filters and why are they good? www.csse.uwa.edu.au/~pk/Research/MatlabFns/PhaseCongruency/Docs/convexpl.html.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)