

다중 생체 인식 시스템을 위한 정규화함수와 결합알고리즘의 성능 평가*

우 나 영[†], 김 학 일[‡]

생체인식연구센터
인하대학교 정보통신대학원

Performance Evaluation of Various Normalization Methods and Score-level Fusion Algorithms for Multiple-Biometric System*

Na-Young Woo[†], Hak-Il Kim[‡]

Biometric Engineering Research Center
Graduate School of Information Technology & Telecommunication, Inha University

요 약

본 논문의 목적은 다중 생체 인식을 위하여 사용되는 다양한 정규화함수와 결합 및 패턴 분류 알고리즘들의 성능을 비교 평가하는 것이다. 이를 위하여 NIST에서 제공하는 유사도 집합인 BSSR1(Biometric Scores Set-Release1) 데이터베이스와 다양한 정규화함수, 결합 및 패턴 분류 알고리즘을 이용하여 실험을 수행하였으며, HTER(Half Total Error Rate)을 이용한 평가 결과를 제시하고 있다. 본 연구는 단일 데이터베이스와 평가 항목을 이용한 평가 결과를 제시함으로써 다중 생체 인식 시스템의 성능 개선 연구를 위한 토대가 될 수 있다.

ABSTRACT

The purpose of this paper is evaluation of various normalization methods and fusion algorithms in addition to pattern classification algorithms for multi-biometric systems. Experiments are performed using various normalization functions, fusion algorithms and pattern classification algorithms based on Biometric Scores Set-Release1(BSSR1) provided by NIST. The performance results are presented by Half Total Error Rate (HTER). This study gives base data for the study on performance enhancement of multiple-biometric system by showing performance results using single database and metrics.

Keywords : 다중생체인식시스템, 정규화, 성능 평가, BSSR1, 결합 알고리즘, 패턴 분류 알고리즘

1. 서 론

접수일: 2006년 3월 20일; 채택일: 2006년 5월 15일

* 본 연구는 한국과학재단 지정 생체인식연구센터의 지원을 받아 이루어졌습니다.

† 주저자, nywoo@vision.inha.ac.kr

‡ 교신저자, hikim@vision.inha.ac.kr

생체 인식은 몸에 지니고 있는 정보를 이용하여 개인을 식별하는 것으로서 지문, 얼굴, 홍채 등과 같은 신체의 일부 정보를 이용하는 것으로부터 걸음걸이, 타이핑습관, 사인형태 등과 같은 행동 습관을 이

용하는 인식까지 다양하게 연구되고 있다. 이 분야는 높은 보안성과 편리성으로 인하여 기존의 열쇠나 패스워드를 이용한 시스템을 대체하고 있다. 하지만, 생체 인식 기술은 100%의 인식률을 나타내지 못하고 다른 사람의 생체 정보를 오인하여 본인으로 인정하는 타인수용률(False Acceptance Rate)과 본인의 생체 정보를 시스템이 인식하지 못하여 다른 사람으로 판단하는 본인거부율(False Rejection Rate)가 존재한다. 이러한 단일 생체 인식 기술을 이용하였을 때의 단점을 보완하기 위해 지문, 얼굴, 홍채 등의 생체 인식 시스템으로부터 얻은 다양한 정보를 결합하여 개인을 식별하는 다중 생체 인식 시스템이 연구되었다^(1,2).

다중 생체 인식 시스템은 단일 생체 인식 시스템의 한계(즉, 사고 등의 이유로 특정 생체 정보를 이용할 수 없게 될 경우)를 비롯하여 편리성까지 얻을 수 있기 때문에 사용자에게 더 친숙한 시스템을 구성할 수 있다. 다중 생체 인식 시스템은 다중 생체(multi-modal), 다중 알고리즘(multi-algorithmic), 다중 개체(multi-instance), 다중 센서(multi-sensorial) 시스템으로 분류된다. 다중 생체 시스템은 얼굴과 지문 등 2개 이상의 생체 정보를 이용하며, 다중 알고리즘 시스템은 동일한 생체 정보를 처리할 때 2개 이상의 알고리즘을 이용하는 것이다. 다중 개체 시스템은 개인의 한 가지 생체 특징 정보에 대하여 2가지 이상의 개체를 이용하며, 다중 센서 시스템은 동일한 생체 정보에 대하여 두 개 이상의 센서를 이용하는 것으로서 그림 1을 통하여 알 수 있다.

일반적으로 매칭값 기반의 다중 생체 인식 시스템은 그림 2와 같은 절차를 통하여 구성된다. 각 단일

시스템으로부터 도출된 매칭값을 이용하여 다중 생체 인식 시스템을 구성하기 위해서 3가지 처리 과정을 거치게 된다. 매칭값을 정규화하는 과정, 정규화된 매칭값을 단일 매칭값 또는 벡터로 변환하는 과정, 임계값 또는 분류기를 통하여 본인 여부를 결정하는 판단 과정으로 이루어져 있다. 매칭값 기반의 다중 생체 인식시스템에서 알고리즘의 성능을 높일 수 있는 방법은 시스템을 구성하는 정규화함수와 결합 알고리즘을 시스템에 최적의 상태로 구성하는 것이다.

정규화 과정은 각 단일 시스템으로부터 획득된 매칭값의 특성에 따라 수행여부가 필수적일 수 있다. 두 개의 단일 생체 인식 시스템을 이용할 경우, 하나의 시스템은 거리값(비유사도)를 도출하고 다른 시스템은 유사도를 도출할 경우 두 시스템에서 나온 정보를 그대로 결합하는 것은 무의미하며 잘못된 결과를 도출하게 된다. 또한, 여러 시스템에서부터 나온 매칭값은 동일한 범위의 매칭값을 도출하지 않기 때문에 결합될 수 없다. 마지막으로 시스템으로부터 얻은 매칭값은 여러 형태의 분포로 형성되어 있기 때문에 결합 알고리즘에 따라 정규 분포 형태로 매칭값을 변환하는 것이 시스템의 성능을 개선시킬 수도 있다⁽³⁾.

본 연구는 다중 생체 인식을 위한 알고리즘의 성능을 객관적이고 신뢰성 있게 평가하기 위하여 동일한 데이터베이스와 평가 항목을 이용하여 다양한 정규화 함수와 결합 알고리즘 및 패턴 분류 알고리즘의 성능을 비교 분석하였다. 이를 위하여 본 논문에서는 다양한 정규화 함수와 결합 및 패턴 분류 알고리즘을 이용하여 단일 데이터베이스를 기반으로 평가를 수행하였으며, 그 성능을 비교 분석하고자 한다. 본 논문의 2장에서는 정규화 함수를 설명하고, 3장에서 결

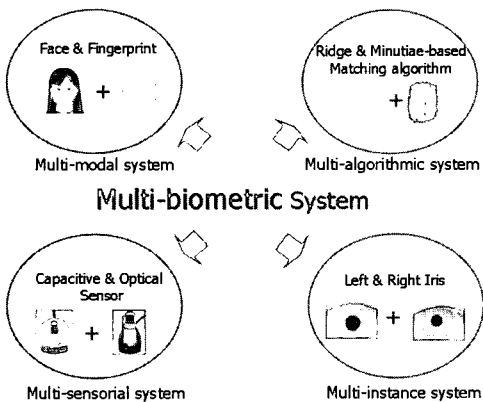


그림 1. 다중 생체 인식 시스템의 분류

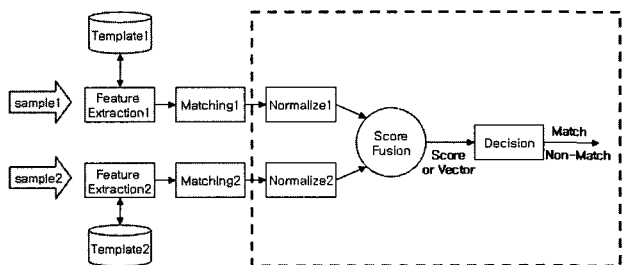


그림 2. 매칭값 기반의 다중 생체 인식 시스템의 처리 과정

합 알고리즘에 대하여 기술한다. 4장과 5장에서 실험방법과 결과에 대하여 정리하며, 실험에 사용된 평가 도구에 대하여 소개한다. 마지막으로 실험 결과에 대한 분석 결과를 토대로 본 연구의 의의와 향후 연구 과제에 대하여 정리한다.

II. Score 정규화 함수^(3,4)

다중 생체 인식 시스템으로부터 얻은 매칭값을 단일 매칭값으로 결합하기 위해서는 정규화 과정을 거쳐야 한다. 정규화란 시스템으로부터 얻은 매칭값을 일정 범위의 매칭값으로 변환해주는 것을 말한다. 이는 각 시스템으로부터 획득된 매칭값이 언제나 동일한 의미를 가지지 않기 때문이다. 또한, 여러 시스템으로부터 나온 매칭값이 언제나 동일한 범위의 매칭값을 도출하지 않기 때문에 그대로 결합될 수는 없다. 이를테면, 두 가지의 시스템을 결합할 때 하나의 시스템은 0에서 1까지의 범위를 가지는 유사도 (similarity)를 도출하고 다른 시스템은 0에서 100까지의 범위일 경우에 문제가 발생할 수 있다. 즉, 두 가지의 시스템에서 동일하게 1이라는 매칭값을 도출할 지라도 각 시스템에서 1이라는 값이 의미하는 바가 다르기 때문에 정규화 과정 없이 결합하는 것은 무의미하다. 마지막으로 시스템으로부터 얻은 매칭값은 여러 형태의 분포로 형성될 수 있기 때문에 경우에 따라 일정 형태를 가진 매칭값으로 정규화하는 과정이 필요하다. 정규화 방법은 표 1과 같이 정리해볼 수 있다.

- Min-Max Function

Min-Max 정규화 방법은 가장 간단한 정규화 방법으로 시스템이 도출해내는 score 집합의 최대 값과 최소 값을 이용하여 score를 0과 1사이의 상대적인 값으로 변환시킨다. 만약 시스템이 도출하는 score의 상한값과 하한값을 모른다면, 주어진 score 집합에서 최대 값과 최소 값을 찾아서 정규화를 적용시키게 된다. 이 정규화 방법은 수식 1과 같고 normal 분포 형태의 샘플 집합에 적용시킨 결과는 그림 3과 같다.

$$S' = \frac{S - S_{\min}}{S_{\max} - S_{\min}} \quad (0 \leq S' \leq 1) \quad (1)$$

- Z-Score Function

여러 분야에서 가장 일반적으로 사용되고 있는 정규화 방법으로, 평균과 표준편차 값을 이용하여 정규화를 수행한다. 이 정규화 방법은 수식 2와 같고 S_m 은 평균, S_σ 은 표준편차를 나타내며, 정규 분포 형태의 집합에 적용시킨 결과는 그림 4와 같다. 이 방법의 단점은 주어진 매칭값 집합이 정규 분포 형태가 아닐 경우 정규화된 집합의 분포 형태가 원래 상태를 유지하지 못한다는 것이다. 이것은 평균과 표준편차가 정규 분포에 최적인 매개 변수이기 때문이다.

$$S' = \frac{S - S_m}{S_\sigma} \quad (2)$$

- Double-Sigmoid Function

이 방법은 double-sigmoid 함수를 이용하여 정

표 1. 정규화 방법

Method	Formula
Min-Max	$S' = (S - S_{\min}) / (S_{\max} - S_{\min})$
Z-Score	$S' = (S - S_m) / S_\sigma$
Tanh estimator	$S' = 0.5(\tanh(0.01((S - S_m) / S_\sigma)) + 1)$
Double-Sigmoid	$S' = 1 / (1 - \exp(-2((s - t) / r)))$
Median and Median absolute deviation (MAD)	$S' = (S - S_{\text{median}}) / (S - S_{\text{median}})_{\text{median}}$
Decimal Scaling	$S' = S / 10^n, \quad n = \log_{10} S_{\max}$
Adaptive normalization a) Two-quadratics b) Logistic c) Quadric-line-quadric	$S'_{AD} = f(S'_{MM})$

규화 하는 것으로 수식 3과 같고, 샘플 집단에 정규화 방법을 적용시킨 결과는 그림 5와 같다. 이 방법은 다중 생체 인식 시스템의 특성을 이용하여 정규화를 위한 상수 값을 선정한다. 본인과 타인의 매칭값 집합이 겹쳐지는 영역에서 왼쪽 가장자리 부분의 값을 r_1 로 정하고 오른쪽 가장자리 부분의 값을 r_2 로 선정한다. 그리고 상수 t 는 본인과 타인의 데이터 분포가 겹쳐지는 점에서 결정된다. 각 시스템이 나타내는 매칭값 집합의 분포 특성에 민감하며, 선정된 상수 값에 따라 시스템의 성능이 좌우된다.

$$S' = \frac{1}{1 - \exp(-2(\frac{s-t}{r}))} \quad (3)$$

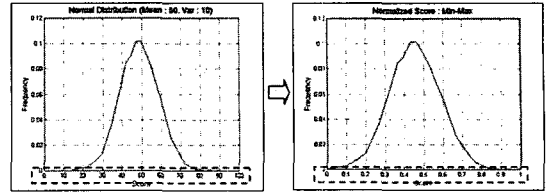
$$\begin{cases} r = r_1, & \text{if } s < t \\ r = r_2, & \text{otherwise} \end{cases}$$

• Tanh estimator^(5,6)

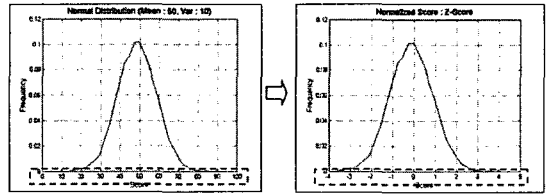
Tanh estimator를 이용한 정규화 방법은 Hampel에 의해 제안된 방법이다. 이 방법은 주어진 값들을 0과 1사이의 값으로 바꾸어주며, 수식으로 표현하면 식 4와 같다. 식에서 GH_m 는 Hampel estimator에 의해 주어지는 매칭값들의 평균값, GH_σ 는 Hampel에 의해 주어지는 매칭값들의 표준편차를 나타낸다. Hampel estimator는 식 5와 같이 정의되며, 샘플 집합의 분포 중에서 가장 작거나 큰 값들의 영향을 감소시키기 위해 사용된다. 수식에서 u 는 샘플 값을 나타내고 a, b, c 는 매칭값 집합에 따른 상수 값으로 계산되어지며, 본 논문의 실험에서는 평균값을 기준으로 매칭값의 70%가 되는 지점($m-a, m+a$)을 a , 85%가 되는 지점($m-b, m+b$)을 b , 95%가 되는 지점($m-c, m+c$)을 c 로 선정하고 있다. Tanh estimator를 정규 분포 형태의 샘플 집단에 적용한 결과는 그림 6과 같다.

$$S' = \frac{1}{2}(\tanh(0.01 \frac{(S - GH_m)}{GH_\sigma}) + 1) \quad (4)$$

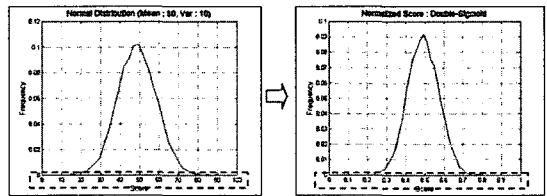
$$\psi(u) = \begin{cases} u & 0 \leq |u| \leq a \\ \text{asign}(u) & a \leq |u| \leq b \\ \text{asign}(u)(\frac{c-|u|}{c-b}) & b \leq |u| \leq c \\ 0 & |u| \geq c \end{cases} \quad (5)$$



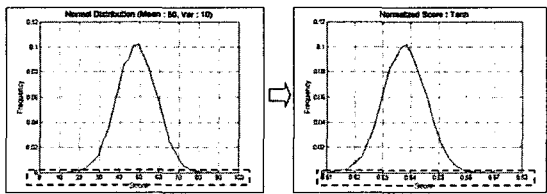
(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 3 Min-Max 정규화 함수의 변환 그래프



(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 4 Z-Score 정규화 함수의 변환 그래프



(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 5 Double-Sigmoid 정규화 함수의 변환 그래프

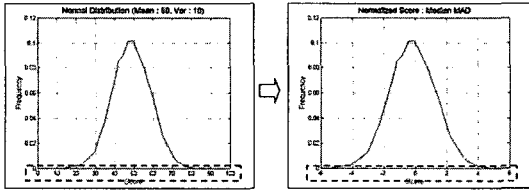


(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 6. Tanh estimator 정규화 함수의 변환 그래프

• Median and Median Absolute Deviation (Median-MAD)

Median-MAD은 매칭값 집합의 중간 값을 이용하여 정규화하는 방법으로 최대, 최소 주변 값들에 민감하지 않아 강인한 방법이다. 특히, 집합의 분포가 정규 분포 형태가 아닐 경우 좋은 성능을 기대할 수 없다. Median-MAD 방법은 0과 1사이의 값으로 수치를 변환하지 못하며 수식으로 표현하면 식 6과 같고, S_{median} 은 매칭값들의 중간 값을 나타낸

다. 식 6에서 매칭값과 중간 값의 차이를 구한 집합의 중간 값을 MAD라고 부르며, Median-MAD 방법을 정규 분포 형태의 샘플 집단에 적용시킨 결과는 그림 7과 같다.



(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 7. Median-MAD 정규화 함수의 score 변환 그래프

$$S' = \frac{(S - S_{median})}{(|S - S_{median}|)_{median}} \quad (6)$$

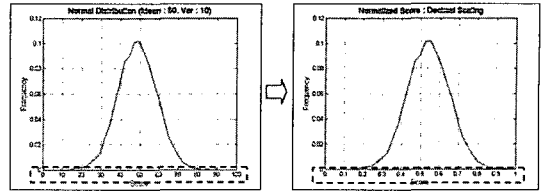
• Decimal Scaling

여러 다른 시스템에서 도출되는 매칭값들이 대수적으로 표현할 수 있는 범위에 있을 때 적용할 수 있는 정규화 방법으로 식 7과 같고, S_{max} 는 score 집합의 최대값을 나타낸다. Decimal Scaling을 정규 분포 형태의 집합에 적용한 결과는 그림 8과 같다.

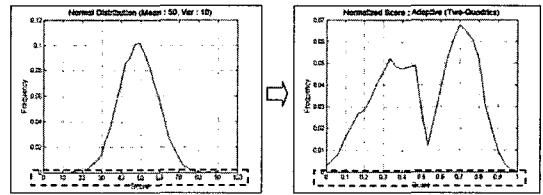
$$S' = \frac{S}{10^n}, \quad n = \log_{10} S_{max} \quad (7)$$

• Adaptive Normalization^(7,8)

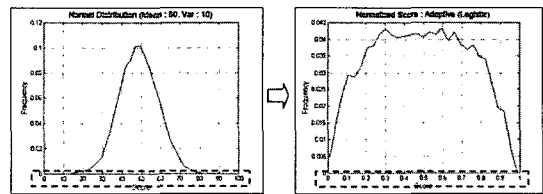
Adaptive 정규화 방법은 본인과 타인의 데이터가 겹치는 영역의 특성을 이용하여 정규화 하는 방식으로 식 8과 같이 Min-Max를 통하여 정규화를 시킨 집합을 3가지 함수를 이용하여 재 변환하는 방법이다. 정규화를 위해 사용되는 함수는 c (중심값)와 w (너비)를 매개변수로 사용하며, c 와 w 는 본인과 타인의 데이터가 겹치는 지점과 영역을 나타낸다. 이 정규화 방법은 3가지 방법을 이용하여 정규화 과정을 수행한 후 가장 나은 성능을 보이는 함수의 결과를 이용한다. 첫 번째 함수인 Two-Quadric(QQ) 함수는 식 9로 표현되며 그림 12-(a)의 변환 특성을 가지며, 이것을 정규 분포에 적용한 결과는 그림 9와 같다. 두 번째는 Logistic(LG)함수이며 식 10으로 표현되고 변환 함수는 QQ함수와 유사한 형태를 보인다. 마지막으로 Quadric-Line-Quadric (QLQ) 함수는 식 11로 표현되며 그림 12-(b)와 같은 변환 함수를 가지며, 정규 분포 형태의 샘플 집단에 적용한 결과는 그림 11과 같다.



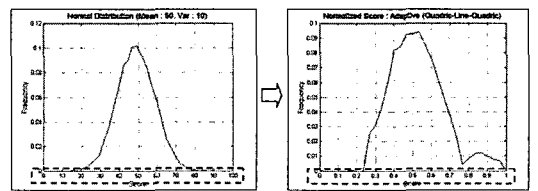
(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 8. Decimal-scaling 정규화 함수의 변환 그래프



(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 9. Adaptive Two Quadric (QQ) 정규화 함수의 변환 그래프



(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 10. Adaptive Logistic(LG) 정규화 함수의 변환 그래프



(a) 정규 분포 집합의 분포 (b) 정규화 적용 후의 분포
그림 11. Adaptive Quadric-Line-Quadric(QLQ) 정규화 함수의 변환 그래프

$$S'_{AD} = f(S'_{MM}) \quad (8)$$

$$S' = \begin{cases} \frac{1}{c} S'^2_{MM} & , \text{if } S'_{MM} \leq c \\ c + \sqrt{(1-c)(S'_{MM}-c)} & , \text{otherwise} \end{cases} \quad (9)$$

$$S'_{AD} = \frac{1}{1 + A \cdot e^{-B \cdot S'_{MM}}} \quad (10)$$

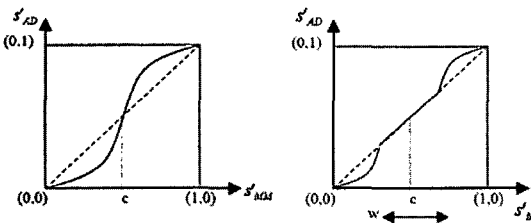
where $A = \frac{1}{\Delta} - 1$ and $B = \frac{\ln A}{C}$

$$\begin{cases} \frac{1}{(c-\frac{w}{2})} S_{MM}, \text{ if } S_{MM} \leq (c-\frac{w}{2}) \\ S_{MM}, \text{ if } (c-\frac{w}{2}) < S_{MM} \leq (c+\frac{w}{2}) \\ (c+\frac{w}{2}) + \sqrt{(1-c-\frac{w}{2})(S_{MM}-\frac{w}{2})}, \text{ otherwise} \end{cases}$$

(11)

III. 다중 생체 인식을 위한 융합 알고리즘

다중 생체 인식 시스템은 결합 형태에 따라 2가지로 구성된다. 첫 번째 방식은 각 시스템으로부터 얻은 매칭값들을 융합하여 단일 매칭값을 생성하는 결합 방식으로서 융합 값과 임계 값과의 비교를 통하여 본인 여부를 판단한다. 두 번째 방식은 각 시스템으로부터 얻은 매칭값을 하나의 벡터로 취급하여 본인과 타인 클래스로 분류하는 패턴 분류 방법이며, 패턴 분류 알고리즘에서 사용되는 신경망, 판별함수 등을 이용한다.



(a) Two Quadric(QQ) (b) Quadric-Line-Quadric(QLQ) 그림 12. Adaptive 정규화를 위한 함수의 변환 그래프⁽⁶⁾

• 가중치 합(Weighted Sum)⁽¹¹⁾

가중치의 합을 이용한 결합 방식은 각각의 단일 시스템으로부터 나온 매칭값에 가중치를 부여하여 결합된 단일 융합값을 이용하여 임계 값과의 비교를 통하여 인증을 하는 방식으로 식 12와 같다.

$$S = \sum w_i S_i, \sum w_i = 1 \tag{12}$$

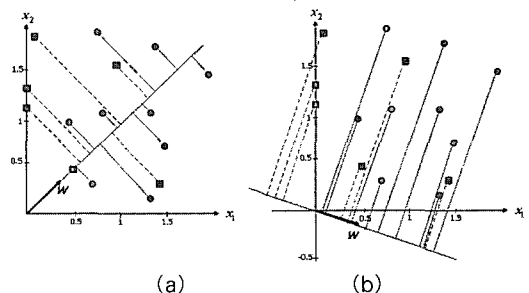
식 12에서 S_i 는 각 생체 인식 시스템으로부터 얻은 값을 나타내며 w_i 는 각 매칭값에 부여되는 가중치이다. 각 시스템에 주어지는 가중치에 따라 전체 시스템의 성능이 확연하게 달라지므로 각 단일 생체 인식 시스템에 최적인 가중치를 찾아내는 것이 중요한

문제가 된다. 현재 가중치를 찾아내는 방법은 exhaustive search 방식을 사용하는 것이 대부분이다. 즉, 가중치를 변화시켜 시스템의 성능을 살펴보고 그 중 가장 좋은 성능을 보여줄 때의 가중치를 선택하는 방법이다. 시스템의 성능을 향상시키기 위해 다양한 매칭값 기반의 결합 방법론이 제안되고 있지만, 가중치 합을 이용한 방식은 가장 간단하면서도 좋은 성능을 나타내는 방법이다.

• Fisher 선형 판별식(Fisher Linear Discriminant)⁽⁹⁾

Fisher 선형 판별식은 직선을 이용한 판별식 중 가장 많이 알려진 방법으로 w에 projection된 값들의 평균과 분산 값을 이용하여 분류하는 방식이다. 이 때, w는 매칭값을 projection시키기 위해 사용되는 방향 벡터로서 클래스를 잘 구분하기 위해서는 w가 중요한 역할을 수행하게 된다. Fisher 선형 판별식은 각 단일 생체 인식 시스템으로부터 얻은 값을 특징 벡터 $X=(x_1, x_2)$ 라고 보고 벡터 집합에서 본인과 타인 클래스를 구분한다. 이 방법의 목적은 내부 클래스의 분산은 최소화하고 클래스 사이의 분산은 최대화하는 방향 벡터 w를 찾는 것인데, 방향 벡터에 따라 시스템의 성능은 확연하게 달라지며 이것은 그림 13에 잘 나타나 있다.

그림 13은 동일한 샘플 집단에서 두 개의 클래스로 분리하기 위해 w를 변화시킨 결과로서 그림 13-(b)가 더 분류가 잘 된 것을 알 수 있다. 판별식은 식 13과 같고 S_w 는 두 클래스간의 scatter matrix를 의미하고, m_1 과 m_2 는 각 클래스의 평균값을 나타낸다. 이것은 비교적 간단한 선형 분류 방법이지만, 두 클래스의 공분산이 동일할 경우에 최적인 방법이므로 대상이 되는 데이터의 공분산 값이 다를 경우 좋은 성능을 기대하기 어렵다는 단점이 있다.



(a) (b) 그림 13. Fisher 선형 판별식을 이용한 분류 (b가 a보다 더 좋은 분류 상태)

$$w = S_w^{-1}(m_1 - m_2) \tag{13}$$

• 베이시안 분류기(Bayesian Classifier)^(9,10)

베이시안 분류기는 확률을 이용하여 클래스를 분류하는 방법으로 식 14와 같이 나타낸다. 식 14에서 P(w1), P(w2)는 사전 확률(priori • Support Vector Machine(SVM)^(9,11)

패턴 인식을 위한 전통적인 기법들이 경험적 위험(empirical risk)을 최소화하는데 기초한 반면, SVM은 구조적 위험(structural risk)를 최소화하는 것에 기초하고 있다. 경험적 위험을 최소화하는 것은 훈련(training) 집합의 수행도를 최적화하려는 노력을 말하고, 구조적 위험을 최소화하는 것은 고정되어 있지만 알려지지 않은 확률분포를 갖는 데이터에 대해 잘못 분류하는 확률을 최소화하는 것을 말한다. SVM의 목적은 훈련 자료로 주어지는 데이터 집합에 대하여 클래스를 구분하는 함수를 추정하는 것이다. 훈련 집합을 잘 선정하는 것이 중요하고 훈련을 얼마나 잘 수행하느냐에 따라서 데이터들이 잘못 변환되는 오류를 줄일 수 있다. 그림 15는 SVM을 이용하여 데이터들을 두 개의 클래스로 분리하는 예를 보여준다. 훈련 과정을 통하여 최적의 w와 b 매개 변수값을 찾아내야 하며, 이 함수는 수식 15로 나타낼 수 있다. probability)이고, P(x|w1), P(x|w2)는 pdf(Probability Density Function)이다. 각 단일 생체 인식 시스템으로부터 나온 값을 판별식에 대입하여 본인 또는 타인 클래스를 식별할 수 있다. 이 방법을 이용하여 두 개의 클래스로 분류하는 예는 그림 14와 같다.

$$P(w_1)p(x|w_1) \leq \geq P(w_2)p(x|w_2) \tag{14}$$

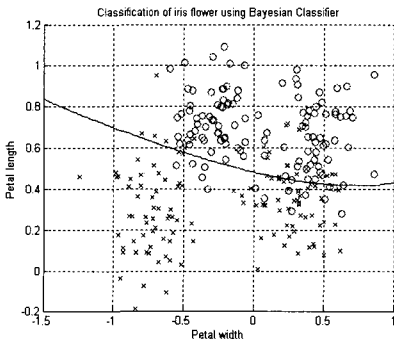


그림 14. 베이시안 분류기를 이용한 분류의 예

• Support Vector Machine(SVM)^(9,11)

패턴 인식을 위한 전통적인 기법들이 경험적 위험(empirical risk)을 최소화하는데 기초한 반면, SVM은 구조적 위험(structural risk)를 최소화하는 것에 기초하고 있다. 경험적 위험을 최소화하는 것은 훈련(training) 집합의 수행도를 최적화하려는 노력을 말하고, 구조적 위험을 최소화하는 것은 고정되어 있지만 알려지지 않은 확률분포를 갖는 데이터에 대해 잘못 분류하는 확률을 최소화하는 것을 말한다. SVM의 목적은 훈련 자료로 주어지는 데이터 집합에 대하여 클래스를 구분하는 함수를 추정하는 것이다. 훈련 집합을 잘 선정하는 것이 중요하고 훈련을 얼마나 잘 수행하느냐에 따라서 데이터들이 잘못 변환되는 오류를 줄일 수 있다. 그림 15는 SVM을 이용하여 데이터들을 두 개의 클래스로 분리하는 예를 보여준다. 훈련 과정을 통하여 최적의 w와 b 매개 변수값을 찾아내야 하며, 이 함수는 수식 15로 나타낼 수 있다.

$$f(x) = \langle w \cdot x \rangle + b \tag{15}$$

IV. 실험

4.1. 실험 데이터베이스⁽¹²⁾

실험을 위한 평가 데이터베이스는 NIST에서 2004년 10월에 제공한 BSSR1(Biometric Score Set-Release 1)이다. BSSR1은 동일인에 대해서 두 개의 얼굴 시스템(C와 G로 구분)과 양 손의 검지를 이용하여 한 개의 지문 시스템(LI, RI로 구분)으로부터 얻은 데이터의 집합이다. 이 데이터는 다중 생체 인식 시스템에서 사용하고 있는 score level

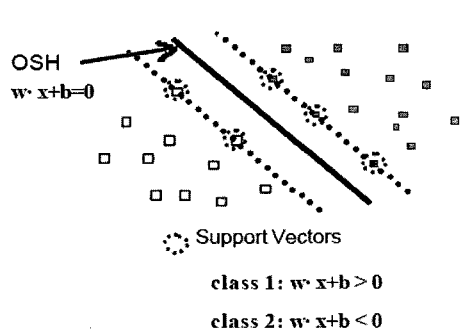


그림 15. SVM을 이용한 선형 분류의 예

표 2. BSSR1 데이터 구조

Description \ Set	SET1	SET2	SET3
# of subjects	517	6000	3000
# of fingerprint systems	1	1	0
# of face systems	2	0	2
# of face images from which scores were obtained	2 per subject	0	2 per subject
# of fingerprint images from which scores were obtained	4(2 left, 2 right) per subject	4(2 left, 2 right) per subject	0
# of scores	2*517*517	2*6000*6000	2*3000*6000
# of similarity files	2068	12000	12000
Suggested use in fusion	Face and finger fusion	Two-finger fusion	Two-sample fusion and/or two-algorithm fusion

표 3. BSSR1 데이터 분포 결과

System \ Distribution	Face(C)		Face(G)		Fingerprint(LI)		Fingerprint(RI)	
	genuine	imposter	genuine	imposter	genuine	imposter	genuine	imposter
Normal	0.634	0.634	9.814	1.302	1.805	83.479	1.531	83.055
Poisson	X	X	X	X	9.235	36.338	9.123	37.492
Exponential	12.079	295.185	13.150	298.779	2.991	199.409	4.367	193.978
Result	Normal	Normal	Normal	Normal	Normal	Poisson	Normal	Poisson

결합 연구에 적합하게 구성되어 있으며 특히, 다중 생체, 다중 알고리즘, 다중 개체와 관련된 연구에 사용될 수 있다. BSSR1의 데이터 집합은 세 가지 구조로 이루어져 있는데, 지문과 얼굴 데이터로 구성된 set1, 지문데이터만으로 구성된 set2, 마지막으로 얼굴데이터만으로 구성된 set3로 나누어진다. 이 데이터집합에 대한 자세한 내용은 표 2를 통하여 알 수 있다.

BSSR1 데이터의 분포 특성을 분석하기 위하여 K-S(Kolmogorov-Smirnov) 검정법^[13]을 이용하여 데이터가 어떤 형태의 분포를 나타내고 있는지를 알아볼 수 있었다. K-S 검정법은 표본값이 나타내는 분포와 어떤 특정한 이론분포 사이의 일치정도를 알아보는 방법으로서, 수행 결과는 p-value로 표현되며 이 수치가 작을수록 비교 대상이 되는 분포 형태와의 일치도가 높다. K-S 검정법을 이용한 테스트 결과, 각각의 데이터에 대한 분포를 표 3과 같이 분

석해낼 수 있었고 지문 인식 시스템의 타인 분포를 제외한 나머지는 정규 분포임을 알 수 있었다. K-S 검정 결과 지문 인식 시스템의 타인 분포는 한 쪽으로 치우친 형태의 프와송 분포이기 때문에 정규 분포 형태에 적합한 매개 변수를 가지는 알고리즘의 사용 시 영향을 받을 수 있다.

4.2. 실험 절차

본 연구를 위한 실험은 앞서 설명한 8가지의 정규화 함수와 결합 알고리즘을 이용하여 그림 16과 같은 방식으로 수행되었다. 앞서 설명한 두 가지 형태의 결합 방법을 모두 고려하고 있기 때문에 성능 평가 항목으로 FAR(False Accept Rate)와 FRR(False Reject Rate)^[14-15]의 에러율을 이용하는 HTER(Half Total Error Rate)를 사용하였으며 이것은 수식 16과 같다.

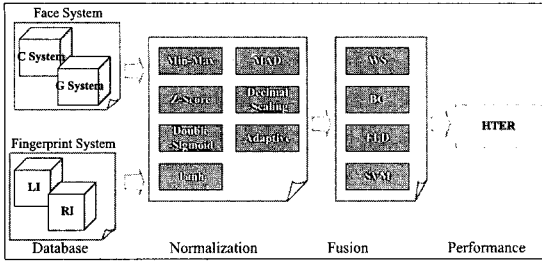


그림 16. Score fusion 실험 절차

$$HTER = \frac{FAR + FRR}{2} \quad (16)$$

4.3. 다중 생체 인식 시스템 평가 도구(Multiple Biometric Testing Tool)

본 연구를 위한 실험 결과를 객관적으로 도출하고 평가하기 위하여 score level 기반의 시스템의 성능을 평가할 수 있는 평가 도구를 Matlab ver.7을

이용하여 개발하였으며, 이는 matlab의 다양한 수학적 기능과 그래프 표현의 장점을 이용하기 위함이다. 이 평가 도구는 다음과 같은 4가지 목적을 위하여 사용될 수 있다.

- Graphic user interface를 이용한 score fusion 알고리즘의 성능 평가
- Score fusion 알고리즘의 성능 개선 연구 지원
- Score 기반 다중 생체 인식 시스템의 평가 결과의 시각화
- 다양한 알고리즘의 성능 평가 결과 비교

평가 도구는 2~3개의 modality에 대한 fusion이 가능한 구조이다. 평가에 필요한 여러 가지 부가 정보를 입력하여 실험 결과를 평가 항목과 결과 그래프로 확인할 수 있고 그림 17과 같은 결과를 도출한다.

실험에 사용된 BSSR1 Set1은 517명에 대해서 두 개의 얼굴 시스템(C와 G로 구분)과 양 손의 검

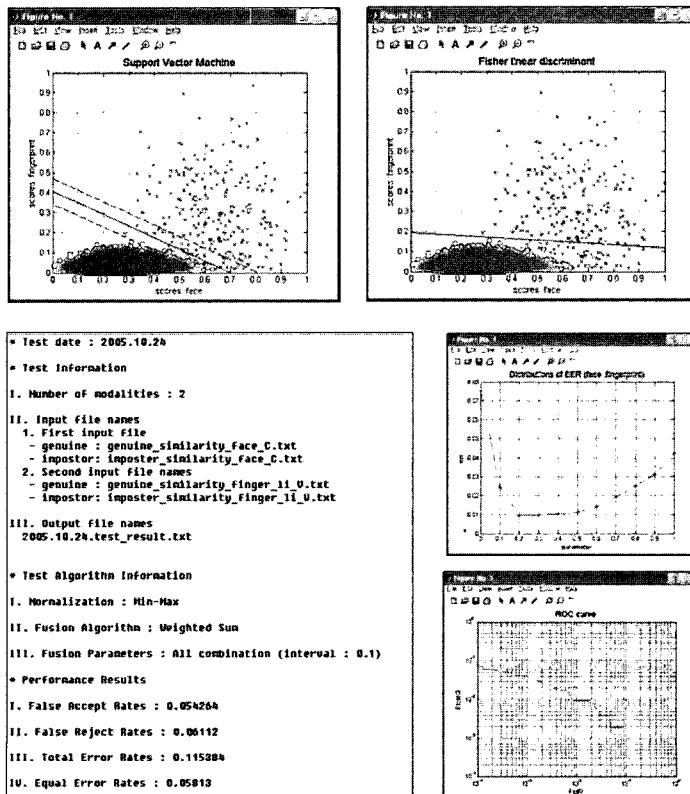


그림 17. 다중 생체 인식 시스템 평가 도구를 이용한 실험 결과

지를 이용하여 한 개의 지문 시스템(LI, RI로 구분)으로부터 얻은 데이터의 score 집합으로 구성되어 있다. 이 중에서 시스템의 실수로 잘못 도출되었다고 판단되는 1명의 데이터를 제외한 516명의 Score 데이터를 대상으로 실험을 수행하였다. 7개의 정규화 함수와 4개의 결합 알고리즘을 이용하여 실험이 수행되었는데, 이 중 Weighted Sum을 제외한 결합 알고리즘은 Classifier를 선정하여야 하기 때문에 주어진 score 집합을 2개로 분리하여 하나는 training set으로 삼고 나머지 데이터를 test set으로 구분하였다. 이때 training set은 첫 번째 사용자로부터 258번째 사용자까지를 나타내며, 259번째 사용자부터 마지막까지의 데이터를 test set으로 구성하였다.

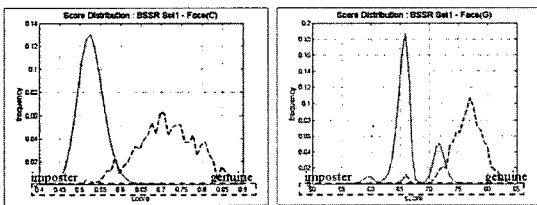
성능 평가는 HTER(Half Total Error Rate)을 이용하여 이루어 졌는데, 이는 결합 알고리즘(Weighted Sum)과 분류 알고리즘(Bayesian classifier, Fisher linear discriminant, Support Vector Machine)의 성능을 동시에 비교할 수 있는 성능 평가 항목이기 때문이다. BSSR1-set1의 score 분포는 그림 18와 같고 대부분의 score 분포가 normal 분포에 가깝지만, Face G 시스템의 경우 변화가 많은 score 분포를 보이는 것을 알 수 있다. 단일 modality와 동일 알고리즘을 이용할 경우에는 정규화를 변화시켰을 때 시스템의 성능 변화가 거의 없음을 실험을 통하여 알 수 있었으며, 각 단일 시스템의 HTER은 표 4와 같다.

표 4. 단일 생체 인식 시스템의 HTER 실험 결과

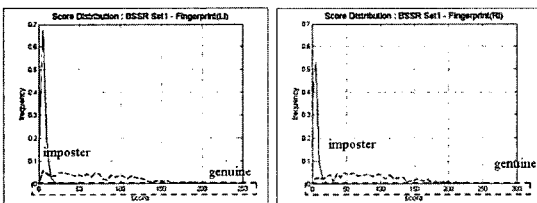
Metric \ System	Face system		Fingerprint System	
	C	G	LI	RI
HTER	4.33%	5.76%	8.52%	5.05%

실험에 사용된 알고리즘은 크게 3가지로 구성되어 있는데, 첫째는 weight를 부여하여 결합시킨 weighted sum 방식이고 둘째는 linear한 classifier를 이용한 패턴 분류 방식이고, 세 번째는 non-linear한 패턴 분류 방식을 이용한 알고리즘이다. 일반적으로 패턴 분류 방식을 이용하여 다중 생체 인식 시스템을 구성할 경우 각 단일 생체의 similarity score가 vector로 구성되어 처리되기 때문에 동일한 범위로 score 변환 과정이 크게 의미가 없는 것으로 여겨지고 있다. 하지만, 실험 결과를 통하여 분류 알고리즘을 이용할 경우에도 정규화 알고리즘이 성능에 영향을 준다는 것을 알 수 있었다. 표 5와 6은 동일 알고리즘을 이용하였을 경우 데이터 집합과 정규화 함수의 조합에 따른 실험 결과를 보여주고 있다. 먼저 첫 번째로 사용한 결합 알고리즘인 weighted sum의 실험 결과를 살펴보면 Adaptive-LG와 Adaptive-QLQ를 제외하고는 성능에 크게 차이를 보이지 않고 낮은 에러 율을 나타내고 있다. Weighted sum을 이용할 경우 일괄적으로 성능을 개선시키는 정규화 알고리즘을 선택할 수는 없다는 것을 알 수 있지만, 4개의 데이터 집합에서 대체적으로 낮은 에러 율을 도출하는 것은 Z-Score 정규화 방법인 것을 알 수 있다.

두 번째 알고리즘인 Fisher linear discriminant는 일정한 성능 결과를 보여주고 있는데, double-sigmoid와 adaptive-LG를 이용하였을 경우 다른 정규화 함수보다 큰 성능 변화가 보인다. double-sigmoid의 경우 다른 정규화 알고리즘에 비해 50% 가량 에러가 줄었으며, adaptive-LG 방식은 거의 10% 정도의 에러율을 보이고 있다. Fisher linear discriminant를 이용한 시스템의 성능은 다른 알고리즘을 이용하였을 경우보다 큰 에러율을 보이고 있는데, 이는 training 결과로 생성된 classifier가 이상적인 linear classifier와는 다르기 때문이다. 이러한 결과를 나타내는 이유는 fisher linear discriminant 알고리즘이 데이터 집합이 동일한 공분산(covariance)를 가지는 경우



(a) 얼굴 인식 시스템 (C) (b) 얼굴 인식 시스템 (G)



(c) 지문 인식 시스템 (LI) (d) 지문 인식 시스템 (RI)
 그림 18. NIST BSSR1 Set1 Score 분포

표 5. 다중 생체 인식 시스템의 HTER(%) 실험 결과 (Weighted Sum 과 Fisher Linear Discriminant)

Fusion Algorithm		Weighted Sum				Fisher Linear Discriminant			
Normalization	Data	C : LI	C : RI	G : LI	G : RI	C : LI	C : RI	G : LI	G : RI
	None		4.33	4.35	1.24	0.41	12.98	11.82	14.53
Min-Max		1.02	0.40	1.25	0.41	12.98	11.82	14.53	12.60
Z-Score		0.99	0.39	1.23	0.42	12.98	11.82	14.53	12.60
Double-Sigmoid		0.98	0.40	1.38	0.49	6.98	5.04	9.13	5.44
Tanh Function		1.01	0.40	1.31	0.53	12.98	11.82	14.53	12.60
Decimal-Scaling		1.03	0.40	1.25	0.44	12.98	11.82	14.53	12.60
Median and MAD		1.01	0.39	1.33	0.41	12.98	11.81	14.53	12.60
Adaptive	QQ	0.99	0.43	1.18	0.44	5.84	5.04	7.61	5.24
	LG	1.57	0.78	2.54	1.19	1.63	0.55	2.79	3.14
	QLQ	4.32	3.38	8.52	5.05	12.79	9.88	12.79	9.88

표 6. 다중 생체 인식 시스템의 HTER(%) 실험 결과 (Bayesian Classifier 과 Support Vector Machine)

Fusion Algorithm		Bayesian Classifier				Support Vector Machine			
Normalization	Data	C : LI	C : RI	G : LI	G : RI	C : LI	C : RI	G : LI	G : RI
	None		1.57	0.98	2.21	1.23	10.66	7.37	2.71
Min-Max		1.57	0.98	6.29	4.67	3.88	3.88	4.65	4.84
Z-Score		1.57	0.98	2.21	4.67	3.10	3.29	3.29	2.71
Double-Sigmoid		1.57	0.98	5.05	4.47	5.04	5.04	9.50	7.56
Tanh Function		1.57	0.98	7.19	1.23	•	•	•	•
Decimal-Scaling		1.57	0.98	7.19	4.67	4.46	4.46	6.78	7.36
Median and MAD		1.57	0.98	7.00	4.48	2.91	3.10	2.71	2.52
Adaptive	QQ	4.27	3.69	5.28	4.49	3.68	3.88	4.46	4.85
	LG	3.14	3.52	4.85	4.08	6.98	7.95	8.53	7.17
	QLQ	7.96	5.05	8.99	4.95	12.02	8.14	12.21	8.14

가장 최적인 linear classifier를 도출해내는데 반해서, BSSR1 데이터 집합은 크게 상이한 공분산을 가지고 있기 때문이다.

Bayesian Classifier는 실험에 사용된 4가지 알고리즘 중에서 가장 좋은 성능을 보여주고 있다. 이 알고리즘의 실험 결과는 두 가지로 나뉘어 지는데, 얼굴 시스템 C와 결합한 경우와 G와 결합한 경우에 실험 결과가 다른 것을 볼 수 있다. 얼굴 시스템 C와 결합한 경우에는 adaptive 정규화 방법을 제외하고는 정규화를 통한 성능 변화가 거의 없는 것을 볼 수 있지만, 얼굴 시스템 G와 결합한 경우에는 정규화 방법에 따라서 다양하게 성능이 변화되는 것을 알 수 있다. 얼굴 시스템 G와 결합한 시스템의 경우

정규화를 수행하지 않은 경우의 에러율이 더 좋은 것 볼 수 있는데, 정규화를 수행하는 것이 무조건적인 성능 개선의 결과를 도출하지는 않는 것을 알 수 있다. 얼굴 시스템 G와 지문 시스템 LI와 결합한 경우 Z-Score 정규화를 수행한 경우와 정규화를 수행하지 않은 경우의 에러율이 유사한 것을 볼 수 있고, 얼굴 시스템 G와 지문 시스템 RI와 결합한 경우 Tanh 함수를 이용한 경우와 정규화를 수행하지 않은 경우의 에러율이 유사한 것을 볼 수 있다.

Support Vector Machine는 Median and MAD 정규화를 통하였을 때 가장 낮은 에러율을 얻을 수 있었다. 이와 같은 실험을 통하여 각 알고리즘과 시스템에서 도출되는 데이터의 특성에 따라 최

적의 정규화 방법을 찾을 수 있었다. 그러므로 주어진 조건에서 좋은 성능을 도출하는 다중 생체 인식 시스템을 구현하기 위해서는 단일 시스템이 도출하는 유사도의 분포와 결합 알고리즘에 따라 적합한 정규화 방법이 적용되어야 한다.

V. 결 론

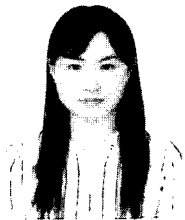
본 연구는 다중 생체 인식 시스템에서 사용되고 있는 다양한 정규화 함수와 결합 및 패턴 분류 알고리즘을 이용한 실험을 통하여 단일 평가 방법으로 평가함으로써 다중 생체 인식의 성능 개선 연구에 도움을 주는 것을 목적으로 하고 있다. 다양한 정규화 함수와 결합 및 패턴 분류 알고리즘을 이용한 실험 결과를 통해서 다중 생체 인식 시스템을 구성할 시에 사용되는 알고리즘에 따라 성능에 영향이 미치는 것을 알 수 있었다. 실험 결과, 성능 평가 시에 주어지는 데이터베이스의 매칭값 분포에 따라 최적의 정규화 방법과 결합 알고리즘이 다르게 나타났다. 대개의 기존 연구가 결합 알고리즘일 경우에만 정규화함수를 사용하지만, 패턴 분류 알고리즘을 이용할 경우에도 데이터베이스에 적합한 방식으로 정규화알고리즘을 사용하는 것이 성능 개선에 영향을 미칠 수 있다는 것을 알 수 있었다. 또한, 본 연구에서 사용된 HTER을 이용한 평가 방법이 결합 알고리즘이나 패턴 분류 알고리즘을 이용한 다중 생체 인식 시스템의 평가에 공통으로 사용될 수 있는 항목인 것을 확인할 수 있었다. 본 연구와 같은 평가 연구는 새로운 알고리즘의 개발 연구와 더불어 같이 발전되어야 할 중요한 연구이며, 다중 생체 인식 시스템의 성능 개선 연구에 이바지 할 수 있을 것이다.

참 고 문 헌

- [1] A. K. Jain, A. Ross, "Multibiometric Systems", Communications of the ACM, Special Issue on Multimodal Interfaces, Vol.47, No.1, pp.34-40, January 2004
- [2] A. K. Jain, A. Ross, "Information Fusion in Biometrics", Pattern Recognition Letters, Vol.24, Issue 13, pp.2115-2125, September, 2003
- [3] Technical Report on Multi-Modal Biometric Fusion", ISO/IEC JTC 1/SC37 N1506.
- [4] A. K. Jain, K. Nandakumar and A. Ross, "Score Normalization in Multimodal Biometric Systems", Pattern Recognition, Vol 38, No. 12, pp. 2270-2285, December 2005"
- [5] F. R. Hampel, P. J. Rousseeuw, E. M. Ronchetti, W. A. Stahel, Robust Statistics : The Approach Based on Influence Functions, Wiley, New York, 1986
- [6] K. A. Toh and W. Y. Yau, "Combination of Hyperbolic Functions for Multimodal biometrics Data fusion", Systems, Man and Cybernetics, Part B, IEEE Transactions on, Vol.34, Issue:2, pp.1196-1209, April 2004
- [7] M. Indovina, U. Uludag, R. Snelick, A. Mink and A. Jain, "Multimodal Biometric Authentication Methods: A COTS Approach", Proc. MMUA 2003, Workshop on Multimodal User Authentication, pp. 99-106, Santa Barbara, CA, December 11-12, 2003.
- [8] R. Snelick, U. Uludag, A. Mink, M. Indovina, and A. Jain, " Large Scale Evaluation of Multimodal Biometric Authentication Using State-of-the-Art Systems", IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence , Vol. 27, No. 3, pp. 450-455, March 2005.
- [9] R. Duda, R. Hart, D. Stork, *Pattern Classification* ,John Wiley & Sons, Inc, 2001
- [10] H. Kang, Y. Han, H. Kim, Y. Jung, H. Choi, "An Empirical Study of Multimodal Biometric System using Face and Fingerprint", LNCS, Vol.4, pp.385-391, 2003.
- [11] B. Gutschoven, P. Verlinde, "Multimodal Identity Verification using Support Vector Machine(SVM)", Information fusion, Proceedings of the third International Conference on, vol.2, pp.THB3/3-THB3/8, July 2000

- [12] <http://www.itl.nist.gov/iad/894.03/biometricscores>
- [13] <http://www.physics.csbsju.edu/stats/KS-test.html>
- [14] ISO/IEC JTC 1/SC 37 N684, "biometric Performance Testing - Part 1 : Principles an Framework", 2004.07.06
- [15] http://bias.csr.unibo.it/fvc2000/Downloads/fvc2000_report.pdf

〈著者紹介〉



우 나 영 (Nayoung Woo) 학생회원
 2001년 2월: 계명대학교 컴퓨터공학과 졸업
 2004년 3월 ~ : 인하대학교 정보통신대학원 정보통신공학과 석사과정
 <관심분야> 생체인식, 패턴인식, 영상처리



김 학 일 (Hakil Kim) 중신회원
 1983년 2월: 서울대학교 제어계측공학과 (학사)
 1985년 8월: (미) 퍼듀대학교 전기컴퓨터공학과 (석사)
 1990년 8월: (미) 퍼듀대학교 전기컴퓨터공학과 (박사)
 1990년 9월~현재: 인하대학교 공과대학 교수
 2001년 2월~현재: 한국생체인식포럼 시험평가분과 위원장
 2002년 1월~현재: 한국정보보호학회 생체인증연구회 위원장
 2003년 3월~현재: ISO/IEC JTC1/SC37(생체인식) WG5(성능평가) Rapporteur Group
 2005년 4월~현재: ITU-T SG17 Q.8 (Telebiometrics) Associate Editor