

사용자 인증시스템의 인증결과 예측을 위한 바이오정보의 품질평가기법

(A Quality Assessment Method of Biometrics for Estimating Authentication Result in User Authentication System)

김 애 영 [†] 이 상 호 ^{**}
(Ae-Young Kim) (Sang-Ho Lee)

요약 본 논문에서는 사용자 인증시스템에서 인식결과에 대한 예측이 가능한 품질평가모델을 설계하고 분석한다. 제안하는 품질평가기법은 다중고유얼굴 정보에 T-검정과 같은 소표본 분석법을 적용하여 CIMR(Confidence Interval Matching Ratio)이라는 품질 값이 결과로 나타나도록 설계하였으며, 이 CIMR 기반의 품질평가기법을 이용하여 서로 다른 바이오정보간의 차별성이 잘 나타나는지 향후 보편화 될 멀티바이오정보 환경을 고려하여 실험하였다. 또한 획득한 바이오정보의 인증결과에 대한 예측가능성 실험은 T-검정기반의 CIMR에 내포되어있는 평균 \bar{X} 와 분산 s^2 을 이용하였으며, 사용자인증 결과에 대한 예측은 최대 88% 정도의 정확도를 보인다.

키워드 : 인증, 바이오정보, 얼굴이미지의 품질평가, 인식결과 예측

Abstract In this paper, we propose a quality assessment method of biometrics for estimating an authenti-

· 본 연구는 2008학년도 이화여자대학교 교내연구비 지원에 의한 연구임
· 이 논문은 2009 한국컴퓨터종합학술대회에서 '사용자 인증시스템의 인증 결과 예측을 위한 바이오정보의 품질평가기법'의 제목으로 발표된 논문 을 확장한 것임

[†] 학생회원 : 이화여자대학교 컴퓨터공학과
kay@ewhain.net

^{**} 종신회원 : 이화여자대학교 컴퓨터공학과 교수
shlee@ewha.ac.kr

논문접수 : 2009년 8월 14일

심사완료 : 2009년 11월 10일

Copyright©2010 한국정보과학회: 개인 목적이거나 교육 목적인 경우, 이 저작물의 전체 또는 일부에 대한 복사본 혹은 디지털 사본의 제작을 허가합니다. 이 때, 사본은 상업적 수단으로 사용할 수 없으며 첫 페이지에 본 문구와 출처를 반드시 명시해야 합니다. 이 외의 목적으로 복제, 배포, 출판, 전송 등 모든 유형의 사용행위를 하는 경우에 대하여는 사전에 허가를 얻고 비용을 지불해야 합니다.

정보과학회논문지: 컴퓨팅의 실제 및 레터 제16권 제2호(2010.2)

cation result in an user authentication system. The proposed quality assessment method is designed to compute a quality score called CIMR (Confidence Interval Matching Ratio) as a result by small-sample analysis like T-test. We use the CIMR-based quality assessment method for testing how to well draw a distinction between various biometrics in a multimodal biometric system. We also test a predictability for authentication results of obtained biometrics using the mean \bar{X} and the variance s^2 in T-test-based CIMR. As a result, we achieved the maximum 88% accuracy for estimation of user authentication results.

Key words : Authentication, Biometrics, Quality assessment of face image, Estimation of Recognition Result

1. 서론

차세대 통신 모델에서 암호화 알고리즘, 보안토큰, 바이오정보 등의 2~3가지의 요소를 효과적으로 조합하여 구성된 사용자 인증시스템은 단일 요소의 사용보다 보안성이 더욱 강화된 사용자 인증을 제공한다. 이 중에서 인증시스템에 효과적인 바이오정보의 도입을 위하여 비확일성을 극복하고 인증결과를 예측할 수 있는 품질평가기법에 대한 연구가 활발히 진행되고 있다[1]. 그러나 대부분의 연구 결과들은 품질평가가 시각적인 속성에 상당히 의존하고 있어 예측도구보다는 분석도구 및 추출도구로 사용하기에 더 적합하다. Grother는 용도에 따라 품질을 1) 바이오정보의 원본 이미지에 대한 시각적인 속성을 분석하기 위한 용도로 보는 Character, 2) 센서의 품질 및 잡음처리에 중점을 두고 원본 이미지와의 정합도를 도출하기 위한 용도로 보는 Fidelity, 3) 인식 결과를 예측하기 위한 용도로 보는 Utility의 세 종류로 정의하고, 정합 점수열기반의 품질평가 및 예측기법을 제안하였다[2]. 그러나 Grother의 기법으로 획득한 품질 값은 인증결과를 예측하는데 한계를 보인다. 또 다른 품질모듈 기반의 예측기법인 Adler가 제안한 정합 점수기반의 기법과 Kryszczuk의 Q-스택이라는 분류 점수기반의 기법은 예측에 유용한 Utility로써의 품질 값을 획득했으나 정합률과 분류점수를 먼저 계산해서 품질을 측정해야하는 문제가 있다[3-5]. 이들 품질측정기반의 예측기법 연구는 공통적으로 정합단계 또는 그 이후에 계산 가능한 한계를 지니고 있어 실제적인 인증결과 예측으로써의 제 기능을 하기에는 한계가 있다.

본 논문에서는 얼굴과 같은 바이오정보기반의 사용자 인증시스템의 효율적인 구현을 위하여 계산량이 적고 사용자 인증결과를 예측 가능한 Utility 속성의 품질평가기법을 제안한다. 제안하는 품질평가기법은 다중고유얼굴 정보에 T-검정과 같은 소표본 분석법을 적용하여

품질의 평가가 효과적으로 이뤄지도록 하며, s^2 와 같은 최적의 평가요소를 도출해 전처리 또는 특징점 추출단계에서 인증결과를 예측할 수 있는 모델을 구성한다.

2. 소표본 분석법 기반의 품질평가 기법

본 장에서는 바이오정보에 대한 소표본의 의미를 살펴보고, 소표본 분석법 중 T-검정기법을 그대로 바이오정보에 적용 가능한지 살펴본다.

2.1 소표본으로써의 바이오정보 품질평가

두 집단의 평균 및 분산을 비교하는 분석법은 모분산이 알려진 경우를 위한 Z-분포(표준정규분포)와 모르는 경우를 위한 Student의 T-분포이다[6,7]. 이때 표본의 크기가 30 이상이면 모분산을 모르더라도 중심극한정리에 따라 정규분포를 가정할 수 있어 Z-분포를 사용할 수 있으며, 결과는 T-분포와 거의 동일하다. 그러나 표본의 크기가 30 미만이면 정규분포를 따르지 않는 경향이 크므로 T-분포를 사용해야만 한다. 바이오정보 실험에서 각 인물별 표본의 크기는 보통 30 미만인 소표본이며 모분산이 알려져 있지 않기 때문에 바이오정보 표본에 적합한 분석법의 하나가 T-분포이다.

사용자인증시스템에서 T-분포를 이용하여 “실험표본 집단의 평균이 등록표본 집단의 평균과 같다”라는 귀무가설을 검증할 때, 귀무가설을 채택하는 결과는 “실험표본이 등록표본과 동일 바이오정보로 판단”한 것을 의미하며, 반대로 귀무가설을 기각하는 결과는 “실험표본이 등록표본과 다른 바이오정보로 판단”한 것을 의미한다.

예를 들어, 실시간 사용자정보인증과정에서 귀무가설의 채택은 센서를 통해 획득한 바이오정보가 등록된 것과 동일하다고 판단한 것이며, 이는 사용자인증이 성공적인 것으로 예측해 서버수신 등의 인증과정을 계속 진행할 것이다. 반면에 귀무가설 기각으로 획득한 바이오정보는 등록된 것과 다를 것으로 판단하고 인식 오류가 발생할 것을 예측한다. 그러면 인증과정은 바이오정보의 획득단계로 다시 돌아갈 것이다.

2.2 T-검정 기반의 품질측정 모델

본 절에서는 T-검정기반의 품질측정 모델을 구성해 크게 얼굴과 지문, 홍채, 눈의 차이성을 확인한다. 본 실험에서 대조구는 “모표본을 잘 대표하는 좋은 품질의 표본”을 의미하며, 실험구는 “품질평가하려는 실험표본”을 의미하며, 대조구와 비교할 이미지의 특징 값이다.

사용자인증시스템에서 대조구는 잘 획득된 이미지로 평가되어 사용자의 보안토큰과 서버의 DB에 등록 및 저장되는 바이오 정보이다. 실험구는 센서에서 획득하여 품질평가 또는 인증을 받으려는 이미지이다.

품질측정 모델에 적용한 대조구 및 실험구의 특징점은 고차원을 저차원으로 내린 주성분분석 기반의 고유

표 1 T-검정 기반 품질측정치 산출 알고리즘

1단계>	n 개의 이미지로 구성된 DB에 대해 이미지를 대조구 및 실험구로 구분한다.
2단계>	대조구 및 실험구에 대해 성분요소가 m 개인 고유얼굴 $E_j = \{x x = PC_i, i = 1, \dots, m\}$ 을 계산한다. 이때 j 번째 이미지 F_j 의 고유얼굴은 $E_j = \{F_jPC_1, F_jPC_2, F_jPC_3, \dots, F_jPC_m\}$ 이며, j 는 이미지의 인덱스로 $j = 1, \dots, n$ 이다.
3단계>	대조구로 구분한 l 개의 고유얼굴에서 동일 인덱스를 갖는 성분들에 대해 99% 신뢰수준의 신뢰구간을 계산한다. 이때 i 번째 신뢰구간 CI_i 는 $CI_i = \{F_1PC_i, F_2PC_i, F_3PC_i, \dots, F_lPC_i\}$ 와 같고, l 개의 PC_i 에 대한 표준편차인 s_i 와 평균인 \bar{X}_i 기반의 식(2)에 의해 계산한다.
	$CI_i = \left(\bar{X}_i \pm t_{\alpha(l-1)} \frac{s_i}{\sqrt{l}} \right) \quad (1)$
4단계>	3단계의 CI_i 로 $CI_{set} = \{x x = CI_i, i = 1, \dots, m\}$ 인 신뢰구간집합을 획득한다.
5단계>	실험구의 각 이미지에 대해 성분요소의 순서대로 성분요소 PC_i 와 신뢰구간 CI_i 를 비교한다. CI_i 가 PC_i 를 포함되면 1, 포함하지 않으면 0으로 나타난 결과 $\{x_j x \in \{1, 0\}, i = 1, \dots, m\}$ 을 얻고, 이 결과를 이용해 r 을 식(2)로 계산한다.
	$r = \sum_{i=1}^m x_i, x \in \{1, 0\} \quad (2)$
6단계>	실험구에 대해 품질측정값을 계산한다. 실험구인 $(n-l)$ 개의 비교표본 중에서 k 번째 표본의 E_k 의 품질 값 $CIMR_k$ 은 식(3)과 같이 m 개의 신뢰구간에 대해 k 번째 표본의 포함된 성분 개수 r_k 의 비율로 한다.
	$CIMR = r_k/m, \quad k = 1, \dots, (n-l) \quad (3)$

벡터이다. 본 모델에서 각 고유벡터의 요소는 PC_i (Principal Components)로 나타낸다. T-검정기반 모형평균에 대한 $P = (1 - \alpha)$ 신뢰한계의 신뢰수준인 α 값은 0.1, 0.05, 0.01의 세 가지이나, 본 실험에서 고려하는 응용은 보안성 확보가 중요한 사용자인증과 같은 종류이므로 적용한 α 값은 검정기준이 좀 더 엄밀한 0.01이다.

이러한 실험자료 및 조건으로 품질측정치 산출을 위한 T-검정기반의 흐름은 표 1과 같다. 품질 값 $CIMR$ 은 실험구의 성분이 대조구의 신뢰구간 내 포함되는 개수의 비율로 0~1의 값을 나타낸다. 본 모델 기반의 인증시스템에서 이 $CIMR$ 은 등록된 바이오정보의 신뢰구간에 대하여 인증하려는 바이오정보의 품질 값이며, 동시에 해당 바이오정보를 서버측으로 전송해 인증 과정을 수행했을 때에 얻게 될 결과를 미리 판단하는 예측 값이다. 즉, 이 $CIMR$ 의 값이 1에 가까울수록 품질이 좋을 확률과 검증 이미지와 등록 이미지가 같은 것으로 인증될 확률이 높다.

예를 들면, 고유얼굴의 성분크기 m 이 20이고 등록된 신뢰구간에 포함되는 개수인 r 이 17이면, 해당 이미지의 품질 값은 식(3)에 의해 $CIMR$ 이 $17/20$ 인 0.85이며, 이 값은 예측임계값 0.5 기준으로 “인증서버에서 인증 성공 예정”으로 판단될 예측점수이다.

결과적으로 본 논문에서 제안하는 이러한 품질평가모델은 고유얼굴에 대하여 T -검정기반 신뢰구간으로 얻어진 $CIMR$ 를 품질측정 값 및 인증 예측 값으로 사용한다.

3. 실험결과 및 분석

본 장에서는 T -검정 모델기반의 $CIMR$ 값을 이용하여 지문, 홍채, 눈 이미지가 얼굴과 잘 구분되는지 실험한다. 그 다음으로 T -검정기반 기법에서 최소의 요소를 추출하여 최적화된 품질평가모델을 구성해보고, 이 모델을 기반으로 인식성능에 대한 예측성을 실험한다.

3.1 실험 데이터 개요

본 실험에서 사용된 바이오정보는 얼굴(100인*5회 획득=500개, 46*56p), 지문(50인*5회 획득=200개, 256*256p), 홍채(100인*2회 획득=200개, 226*32p), 눈(100인*2회 획득=200개, 320*280p) 이미지이다. 대조구로 사용할 얼굴이미지는 얼굴인식의 기본 단계인 주성분분석법을 적용하여 각 이미지의 인식을 RR (Recognition Rate)을 미리 계산해놓는다[8]. 이 RR 은 $CIMR$ 값, 평균 \bar{X} 및 분산 s^2 와 같은 실험구의 인증결과 예측 값이 얼마나 정확한지의 판단 기준이 된다.

각 인물별 이미지가 q 개라고 할 때, RR 은 인식된 이미지 q -1개 중 인식에 성공한 이미지의 개수 p 개의 비율이다. RR 을 계산하기 위한 얼굴 이미지 1개는 나머지 499개와 주성분 분석으로 계산한 거리 값과의 차이를 계산하고, 차이가 가장 적은 순으로 정렬한다. 정렬된 이미지 중 상위 4개는 기준 얼굴 이미지와 동일 인물로 인식된 이미지이며, 이 4개 중 실제적인 동일 인물의 수에 대한 비율이 RR 이 된다. 동일 인물의 나머지 이미지 중 $p=4$ 개를 모두 인식했으면 RR 은 1, $p=3$ 개를 인식했으면 RR 은 0.75, $p=0$ 개를 인식했으면 RR 은 0으로 0~1사이의 값을 갖는다. 이때, $RR=1$ 에 가까운 이미지는 본인을 잘 나타내는 이미지로, $RR=0$ 인 이미지는 타인 이미지로 인식된 것이다.

3.2 다중바이오정보에서의 고유얼굴의 상관성

향후 단일 바이오정보시스템보다는 다중 바이오정보시스템이 보편화될 전망이다. 이러한 시스템에서 본격적인 인증과정 이전 단계에 하나의 과정으로 바이오정보의 자동 구분은 필수이다. 본 절에서는 얼굴에 대한 $CIMR$ 를 이용하여 지문, 홍채, 눈과 같은 다른 종류의 바이오정보에 대해서도 알아보기 쉬운 품질측정값을 만들고 얼굴과의 차이성을 분명히 나타낼 수 있는지 살펴본다.

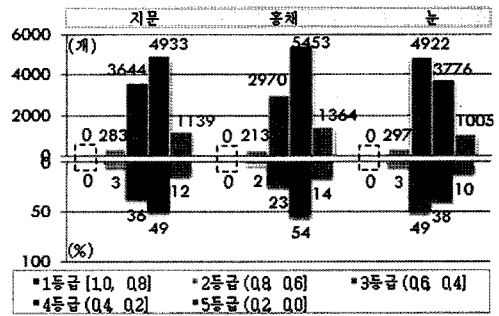


그림 1 각 정보별 $CIMR$ 의 도수분포 및 상대도수분포

대조구는 인물별로 RR 이 0.5이상인 얼굴 이미지를 추출해 주성분 크기 $m=20$ 기반의 신뢰구간 100개를 형성하고, 실험구도 각각 $m=20$ 인 고유벡터들을 만들어 대조구의 신뢰구간집합과 비교해 각 이미지별 $CIMR$ 20000(100*200)개를 계산한다. 얼굴 기준의 지문, 홍채, 눈 이미지 별 $CIMR$ 의 평균은 각각 0.36, 0.36, 0.39이다. 이 $CIMR$ 을 0.2 간격으로 나누어 나타낸 도수분포는 그림 1의 위쪽, 상대도수분포는 아래쪽 막대그래프와 같다. 세 종류 모두 $CIMR$ 이 (0.6~0.0)인 3~5등급에서 97~98% 정도 분포한다. 따라서 $CIMR$ 의 임계수준을 2등급인 0.8~0.6 사이의 값으로 설정하면, 다중바이오시스템에서의 두 이미지간 구분은 간단히 자동 처리된다.

3.3 소표본 분석법 기반의 인식결과 예측 가능성

본 논문에서의 신뢰구간 및 $CIMR$ 의 계산은 T -검정을 이용하며, 이 T -검정은 고유얼굴 성분의 평균 \bar{X} 과 분산 s^2 을 기반으로 구성된다. \bar{X} 와 s^2 은 T -검정 외 여러 검정의 기반일 정도로 그 영향력이 큰 통계수치이다. 따라서 본 절에서는 신뢰구간 및 $CIMR$ 계산단계를 줄이고자 그 전 단계에서 생성된 \bar{X} 와 s^2 만으로 고유얼굴에 적용시켜 본인의 두 얼굴을 비교하고, RR 을 이용하여 인증결과를 어느 정도 예측하는지 살펴본다.

본 실험에서 대조구는 각 인물별로 RR 이 가장 높은 이미지이며, 실험구는 대조구에 사용된 이미지를 제외한 나머지 4개의 이미지이다. 대조구와 실험구의 각 이미지에 대해 성분 $m=20$ 인 고유얼굴을 구하고, 각 실험구는 대조구와의 성분별 차이 값을 계산하고, 차이 값 20개에 대한 평균 및 분산을 계산하고, 일정 간격의 등급으로 분리한다. 이 등급별 점수는 0~1로 정규화 시켜 실험구의 품질 값 및 인식결과 예측 값으로 사용한다.

- 평균에 대한 등급
 - 실험에서 차이 값에 대한 평균의 범위가 0~800
 - 0~500까지 50단위로 5.00~1.00까지 0.50간격으로 부여하고 나머지 500초과인 평균 값은 등급 값이 0
 - 평균값이 작을수록 대조구와의 차이가 없음을 의

미해 등급이 높음

- 분산에 대한 등급
 - 실험에서 차이 값에 대한 분산의 범위가 0~1.01e+6
 - 값의 차이가 크지만 주로 1.00e+5이하에 분포하므로 0~1.00e+5까지 5000단위로 5.00~1.00까지 0.25 간격으로 부여하고 초과인 분산 값은 등급 값이 0
- 분산값이 작을수록 대조구와의 차이가 없음을 의미

미해 등급이 높음
 예를 들면, 1번의 RR이 가장 높아 대조구로 사용했던 이미지와 동일 인물의 나머지 4개의 이미지에 대한 \bar{X} 와 s^2 의 계산은 표 2와 같고, 이 표 2의 값을 0~1의 값으로 정규화시키면 표 3과 같다. 2번 이미지의 평균등급기반 품질 값은 0.6이다. 또한 일반적인 바이오정보 제품의 인식률 임계수준이 50%임을 감안하여 예측임계값을 0.5로 설정하여 나온 예측결과가 “서버측 인증과정을 통과할 것으로 예상”이라면, 이 이미지의 RR이 0.5로 실제 인증되었던 이미지이므로 예측은 성공한 것이다. 또한 5번 이미지의 분산등급기반 품질 값이 0.15인데, 이는 낮은 품질을 시사하며 인증에 실패할 이미지로 예상되는데, RR을 확인해보면 주성분 분석 기반 인식률 RR이 0으로 실제 인식에 실패했던 이미지이다.

표 3과 같이 정규화된 값으로 실험구 400개를 살펴보면, 평균등급에 대한 평균은 0.69, 분산은 0.07이며, 분산등급에 대한 평균은 0.59, 분산은 0.15이다. 평균등급의 경우에는 일반적인 임계값 0.5보다 높은 값들이 평균 근처에 모여 있고, 분산등급의 경우는 임계값 0.5 근처에 평균이 형성되고 평균등급보다 2배 정도의 흩어짐을 보인다. 이는 평균등급이 분산등급보다 구분성이 낮음을 나타낸다.

인증이 안 될 바이오정보를 추출하기 위한 예를 들면 표 4와 같다. 임계값을 0으로 하여 선별할 때, 실제 인식결과인 RR이 0인 실험구는 400개중 94개인데, 평균등급=0은 16개이나 분산등급=0은 83이다. 인증이 실패할 것으로 예상할 수 있는 능력은 적중률 17%인 평균등급보다는 적중률 88%인 분산등급이 더 우위이다. 따라서 본 실험에서 대조구와의 차이에 대한 분산등급은 품질평가 결과 값과 인식 결과 예측용 값으로 그 역할이 평균등급보다 더 유의미하다.

표 2 \bar{X} 와 s^2 결과

	\bar{X}	등급	s^2	등급
1	0	5	0	5
2	206	3	54409	2.5
3	196	3.5	55979	2.25
4	207	3	30648	3.5
5	251	2.5	85515	0.75

표 3 \bar{X} 와 s^2 의 정규화

	\bar{X} 등급	s^2 등급	RR
1	1.0	1	0.75
2	0.6	0.5	0.5
3	0.7	0.45	0.5
4	0.6	0.7	0.25
5	0.5	0.15	0.0

표 4 평균 및 분산등급별 예측정도의 예

임계값	RR	평균등급	적중률	분산등급	적중률
0	94	16	17%	83	88%
0.5 미만	190	91	48%	141	74%

표 5 RR을 이용한 분산등급의 예측결과 판별기준

	분산등급<예측임계수준	분산등급≥예측임계수준
RR < 0.5	인식결과 예측 : 거절 실제 인식결과 : 거절 I. 예측 성공	인식결과 예측 : 수락 실제 인식결과 : 거절 II. 예측 실패 (잘못 수락-FAR 증가)
RR ≥ 0.5	인식결과 예측 : 거절 실제 인식결과 : 수락 III. 예측 실패 (잘못 거절-FRR 증가)	인식결과 예측 : 수락 실제 인식결과 : 수락 V. 예측 성공

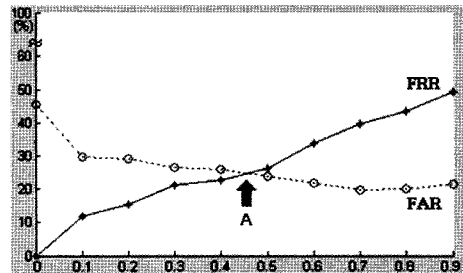


그림 2 분산등급기반 예측결과의 FRR 및 FAR

실험구 400개 전체에 대하여 각 임계수준별 인식결과 예측에 대한 성능은 표 5와 같은 기준으로 측정한다. 예를 들어, RR<0.5인 실험구의 분산등급이 예측임계수준보다 작아 “인식 안 될 것”을 예측하면 I군의 결과이고, 반대로 “인식 될 것”으로 예측하면 II군의 결과이다.

예측임계수준은 각 분산등급대해 0부터 1까지 0.1 단위로 적용하고, 그 결과 바이오정보의 성능평가 척도인 FRR(False Reject Rate)과 FAR(False Accept Rate)은 그림 2와 같다. 이 결과를 이용한 예측임계값의 설정은 분야별 보안수준 요구에 따라 다르며, 만약 그림 2의 ‘A’ 부분과 같이 에러율 20%정도의 유사한 FAR과 FRR을 적용할 때에는 적정 예측임계값은 0.4~0.5이다.

4. 결론 및 향후 연구과제

본 논문에서는 T-검정과 같은 소표본분석 기법을 이용하여 바이오정보를 효율적으로 분석하고 품질평가하여 정량적인 수치인 CIMR로 표현하는 모델을 설계하고, 이 품질평가모델을 이용하여 다중바이오정보에서 고유얼굴의 차별성이 CIMR로 나타나는지를 실험하여 유의한 결과를 얻었다. 또한 T-검정 기반 CIMR의 요소가 평균 \bar{X} 와 분산 s^2 라는 사실을 이용하여 대조구와

실험구의 차이에 대한 평균 및 분산으로 인식여부를 예측할 수 있는지 실험해보고 고유얼굴 차의 평균 \bar{X} 보다 분산 s^2 이 실제 인식 결과 값인 RR 의 경향을 잘 나타내어 예측성의 유의함을 확인했다.

본 논문의 실험결과, 대조구에 대한 실험구의 차이 값들의 분산 활용은 인식 성능과 관련하여 이미지의 품질을 나타낼 수 있고, 인증서버로의 전송 단계 이전에 인식결과를 예측할 수 있다. 또한 FRR 과 FAR 이 유사할 때의 적정 예측임계값은 0.4~0.5임을 확인했다.

따라서 제안한 품질평가기법은 정량적인 품질 값의 제공, 타 바이오정보와의 차별성 및 구분성 제공, 인증할 이미지에 대한 인증서버에서의 인식여부 예측 등의 기능을 제공하여, 실시간 사용자인증시스템에서 사용자의 바이오정보에 대한 무분별한 온라인 전송 및 인식오류로 인한 서비스의 재수행 등을 사전에 방지하는 기능을 효과적으로 제공할 것으로 기대된다.

향후 연구과제로는 소표본 분석법의 또 다른 방법기반의 모델을 설계하여 다양한 경우에 대해 실험해 본 모델 및 실험의 결과와 비교 검증해보고, 이 중 가장 효율성이 높은 모델을 채택해 FCC (Future Communication Computing) 환경에서 효율적인 멀티바이오정보기반 사용자인증시스템을 설계하는 것이다.

참 고 문 헌

- [1] Y. Chen, S. Dass, and A. Jain, "Fingerprint quality indices for predicting authentication performance," in *Proc. of Audio- and Video-based Biometric Person Authentication*, pp.160-170, 2005.
- [2] P. Grother and E. Tabassi, "Performance of biometric quality measures," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol.29, no.4, pp.531-543, 2007.
- [3] A. Adler and T. Dembinsky, "Human vs. automatic measurement of biometric sample quality," in *Proc. Canadian Conf. on Computer and Electrical Engineering*, 2006.
- [4] K. Kryszczuk and A. Drygajlo, "Improving classification with class-independent quality measures: Q-stack in face verification," in *Proc. of the 2nd Int. Conf. on Biometric ICB'07*, 2007.
- [5] K. Kryszczu and A. Drygajlo, "What do quality measures predict in biometrics?," in *Proc. of the 16th European Conf. on Signal Processing EUSIPCO 2008*, 2008.
- [6] R. Walpole, R. Myers, and S. Myers, *Probability and Statistics for Engineers and Scientists*. Pearson Education, 7th edition, pp.237, 2002
- [7] Student(William Sealy Gosset), "The Probable error of a mean," *Biometrika*, vol.6, pp.1-25, 1908.
- [8] M. Turk and S. Pentland, "Eigenfaces for recog-

niton," *Journal of Cognitive Neuroscience*, vol.3, no.1, pp.71-86, 1991.