

УДК 004

**Е.Е. Федоров (д-р техн. наук, доц.)**  
Донецкая академия автомобильного транспорта, г.Донецк  
кафедра специализированных компьютерных систем,  
E-mail: [fee75@mail.ru](mailto:fee75@mail.ru)

## РАЗРАБОТКА МЕТОДА БИОМЕТРИЧЕСКОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ ЧЕЛОВЕКА

*Для создания интеллектуальной компьютерной системы биометрической идентификации человека в статье был предложен метод на основе формантных признаков речи, антропометрических признаков лица человека, искусственной нейронной сети, нечеткой логики и генетического алгоритма. Были предложены архитектура нечеткой искусственной нейронной сети и эффективные варианты операторов генетического алгоритма (репродукции, кроссинговера, мутации и редукции) на основе имитации отжига, которые позволяют учитывать этапы генетического алгоритма. Разработанный метод был исследован на стандартных базах TIMIT и ORL.*

**Ключевые слова:** *формантные признаки речи, антропометрические признаки лица, нейронная сеть, нечеткая логика, генетический алгоритм.*

### **Общая постановка проблемы**

В настоящее время актуальной является разработка систем, предназначенных для биометрической идентификации человека, которые чаще всего применяются в криминалистике и различных охранных системах.

### **Анализ исследований**

Современные методы идентификации человека по речи (система VIS, система СКИФ, система фирмы Technogama, система SIS, система Диалект, система, предложенная в ХНУРЭ) [1-4] обычно основаны на метрическом подходе и обладают низкой вероятностью идентификации в силу высокой чувствительности к шуму. Современные методы идентификации человека по лицу [5-12] или обладают низкой вероятностью идентификации (например, сопоставление эластичных графов; сопоставление с эталоном, представленным PCA-, ICA- и LDA-коэффициентами) или требуют длительного времени обучения и большого количества обучающих данных (например, псевдо двумерные CMM; CNN, неокогнитрон, PDBNN, MLP, RBFNN, бинарное дерево SVM), причем процесс определения структуры сети для таких методов не автоматизирован и требует длительного исследования.

### **Постановка задач исследования**

Для повышения вероятности биометрической идентификации людей, увеличения скорости обучения и автоматизации процесса определения структуры модели необходимо разработать метод, базирующийся на подходах искусственного интеллекта.

### **Решение задач и результаты исследований**

Метод биометрической идентификации человека предусматривает:

- формализацию признаков речи;
- формализацию признаков изображения;
- создание нейросетевой нечеткой системы биометрической идентификации;
- построение генетического алгоритма.

### 1. Формализация признаков речи

На основе речевых характеристик формируется вектор  $X = (x_1, \dots, x_N)$ , состоящий из признаков, выделяемых посредством линейного прогноза [13-14]: частота первой форманты фонемы |а|  $x_1$ ; частота второй форманты фонемы |а|  $x_2$ ; частота третьей форманты фонемы |а|  $x_3$ ; частота первой форманты фонемы |о|  $x_4$ ; частота второй форманты фонемы |о|  $x_5$ ; частота третьей форманты фонемы |о|  $x_6$ ; частота первой форманты фонемы |э|  $x_7$ ; частота второй форманты фонемы |э|  $x_8$ ; частота третьей форманты фонемы |э|  $x_9$ ; частота первой форманты фонемы |и|  $x_{10}$ ; частота второй форманты фонемы |и|  $x_{11}$ ; частота третьей форманты фонемы |и|  $x_{12}$ .

### 2. Формализация признаков изображения

Антропометрические точки лица (базовые, опорные точки): 3 точки для левой брови (головка, точка излома, хвост брови); 3 точки для правой брови (головка, точка излома, хвост брови); 4 точки для левого глаза (левая, правая, верхняя, нижняя); 4 точки для правого глаза (левая, правая, верхняя, нижняя); 4 точки для носа (переносица, основание носа, левое и правое крыло носа); 4 точки для рта (левая, правая, верхняя, нижняя); 1 точка для подбородка. На рис.1 представлены антропометрические точки лица человека и расстояниями между ними.

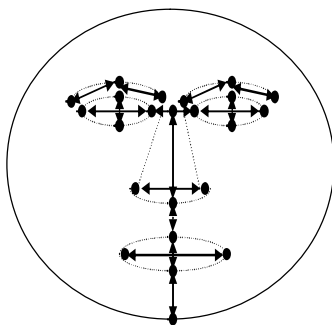


Рисунок 1 - Антропометрические точки лица и расстояния между ними

На основе антропометрических точек формируется вектор  $X = (x_1, \dots, x_N)$ , состоящий из следующих признаков: расстояние между головкой и точкой излома левой брови  $x_1$ ; расстояние между хвостом и точкой излома левой брови  $x_2$ ; расстояние между головкой и точкой излома правой брови  $x_3$ ; расстояние между хвостом и точкой излома правой брови  $x_4$ ; длина глазной щели левого глаза  $x_5$ ; высота глазной щели левого глаза  $x_6$ ; длина глазной щели правого глаза  $x_7$ ; высота глазной щели правого глаза  $x_8$ ; расстояние между глазами  $x_9$ ; ширина носа (расстояние между левым и правым крылом)  $x_{10}$ ; высота носа (расстояние между переносицей и основанием носа)  $x_{11}$ ; высота верхней губы (расстояние между основанием носа и верхней точкой рта)  $x_{12}$ ; длина рта  $x_{13}$ ; высота рта  $x_{14}$ ; высота подбородка (расстояние между нижней точкой рта и подбородком)  $x_{15}$ . Предполагается, что оператор компьютерной системы сам выделяет указанные выше антропометрические точки.

### 3. Структура гибридной интеллектуальной системы биометрической идентификации человека

Авторская гибридная интеллектуальная система биометрической идентификации представляет собой нейросетевую нечеткую систему, которая обладает следующими достоинствами: возможность использования априорной информации (знаний экспертов); представление знаний в виде правил, легко доступных для понимания человеком;

возможность быстрого обучения и адаптации; параллельная обработка информации, которая повышает вычислительную мощность; отсутствуют трудности с определением структуры сети.

Для идентификации человека используем нереккуррентную пятислойную сеть (рис. 2).

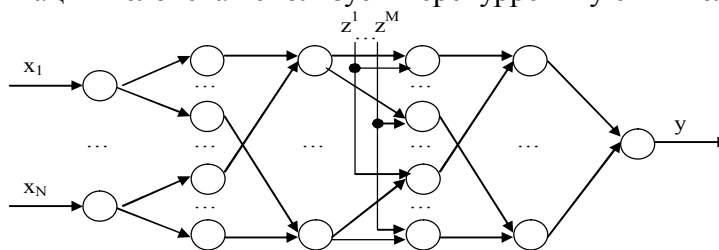


Рисунок 2 - Структура гибридной интеллектуальной системы

Входной (нулевой) слой содержит  $N^{(0)} = N$  нейронов (соответствует количеству признаков). Первый скрытый слой реализует фаззификацию и содержит  $N^{(1)} = MN$  нейронов (соответствует количеству значений лингвистических переменных). Второй скрытый слой реализует агрегирование подусловий и содержит  $N^{(2)} = M$  нейронов (соответствует количеству правил  $M$ ). Третий скрытый слой реализует активизацию заключений и содержит  $N^{(3)} = M^2$  нейронов. Четвертый скрытый слой реализует агрегирование заключений и содержит  $N^{(4)} = M$  нейронов. Выходной слой реализует дефаззификацию и содержит  $N^{(5)} = 1$  нейрон.

Все весовые коэффициенты нейросети равны 1.

#### 4. Этапы создания гибридной интеллектуальной системы биометрической идентификации человека

Создание нейросетевой нечеткой системы биометрической идентификации предусматривает выполнение следующих этапов:

- формирование базы нечетких правил;
- фаззификацию;
- агрегирование подусловий;
- активизацию заключений;
- агрегирование заключений;
- дефаззификацию.

На этапе формирования базы нечетких правил  $j$ -е нечеткое правило представим в виде

Представим  $j$ -е нечеткое правило в виде

$$R^j : \text{ЕСЛИ } \tilde{x}_1 \text{ есть } \tilde{\alpha}_1^j \text{ И } \dots \text{ И } \tilde{x}_N \text{ есть } \tilde{\alpha}_N^j \text{ ТО } \tilde{y} \text{ есть } \tilde{\beta}^j, j \in \overline{1, M}, i \in \overline{1, N},$$

где  $\tilde{x}_i$  – имя входной лингвистической переменной;  $\tilde{y}$  – имя выходной лингвистической переменной;  $\tilde{\alpha}_i^j$  – нечеткая переменная (значение лингвистической переменной  $\tilde{x}_i$ );  $\tilde{\beta}^j$  – нечеткая переменная (значение лингвистической переменной  $\tilde{y}$ ).

Нечеткое множество  $\tilde{A}_i^j$  является областью значений нечеткой переменной  $\tilde{\alpha}_i^j$ , нечеткое множество  $\tilde{B}^j$  является областью значений нечеткой переменной  $\tilde{\beta}^j$ .

На этапе фаззификации определим степень истинности  $i$ -го подусловия, т.е. установим соответствие между входными переменными  $x_i$   $j$ -го правила и значениями функции принадлежности  $\mu_{\tilde{A}_i^j}(x_i)$ . Поскольку ряд методов, связанных с идентификацией использует функцию Гаусса, то выберем эту функцию в качестве  $\mu_{\tilde{A}_i^j}(x_i)$ , т.е.

$$\mu_{\tilde{A}_i^j}(x_i) = \exp \left[ -\frac{1}{2} \left( \frac{x_i - m_i^j}{\sigma_i^j} \right)^2 \right],$$

где  $m_i^j$  – математическое ожидание;  $\sigma_i^j$  – среднеквадратичное отклонение.

На *этапе агрегирования подусловий* функция принадлежности условия для  $j$ -го правила определяется в виде

$$\mu_{\tilde{A}^j}(\bar{x}) = \mu_{\tilde{A}_1^j}(x_1) \dots \mu_{\tilde{A}_n^j}(x_n), \quad j \in \overline{1, M}.$$

На *этапе активизации заключений* функция принадлежности заключения для  $j$ -го правила определяется в виде

$$\mu_{\tilde{C}^j}(y) = \mu_{\tilde{A}^j}(\bar{x}) \mu_{\tilde{B}^j}(y), \quad j \in \overline{1, M},$$

$$\mu_{\tilde{B}^j}(y) = \begin{cases} 0, & y \leq j - 0.5 \\ \frac{y - (j - 0.5)}{0.5}, & j - 0.5 \leq y \leq j \\ \frac{(j + 0.5) - y}{0.5}, & j \leq y \leq j + 0.5 \\ 0, & y \geq j + 0.5 \end{cases}$$

где  $\mu_{\tilde{B}^j}(y)$  – треугольная функция.

На *этапе агрегирования заключений* функция принадлежности итогового заключения определяется как

$$\mu_{\tilde{C}}(y) = \max(\mu_{\tilde{C}^1}(y), \dots, \mu_{\tilde{C}^M}(y))$$

На *этапе дефаззификации* для получения номера класса используется метод максимума функции принадлежности

$$y = \arg \max_{z^j} \mu_{\tilde{C}}(z^j); \quad j \in \overline{1, M},$$

где  $z^j$  – центр нечеткого множества  $\tilde{C}^j$ .

Таким образом, математическую модель гибридной интеллектуальной системы биометрической идентификации человека (рис. 2) можно представить в виде

$$y = \arg \max_{z^k} \max_{j \in \overline{1, M}} \mu_{\tilde{B}^j}(z^k) \prod_{i=1}^N \mu_{\tilde{A}_i^j}(x_i), \quad k \in \overline{1, M}.$$

## 5. Этапы построения генетического алгоритма

Построение генетического алгоритма предусматривает выполнение следующих этапов [13-15]:

- создание исходной популяции;
- определение фитнес-функции;
- задание оператора репродукции (селекции);
- задание оператора кроссинговера;
- задание оператора мутации;
- задание оператора редукции;
- определение условия останова.

На *этапе создания исходной популяции* выбраны вещественные гены в силу следующих причин:

- возможность поиска в больших пространствах, что трудно делать в случае двоичных генов, когда увеличение пространства поиска сокращает точность решения при неизменной длине хромосомы;
- способность к локальной настройке решений;
- отсутствие операций кодирования/декодирования, которые необходимы для двоичных генов, повышает скорость работы алгоритма;

– близость к постановке большинства прикладных задач (каждый вещественный ген отвечает за одну переменную или параметр).

В качестве хромосомы, которая представляет  $i$ -ю особь популяции  $H = \{h_i\}$ , выступает упорядоченный вектор параметров (математических ожиданий и среднеквадратичных отклонений)

$$h_i = (lx_1^1 + i * \Delta m_1^1, lx_1^2 + i * \Delta m_1^2, \dots, lx_n^1 + i * \Delta m_n^1, lx_n^2 + i * \Delta m_n^2, \\ lx_1^1 + i * \Delta \sigma_1^1, lx_1^2 + i * \Delta \sigma_1^2, \dots, lx_n^1 + i * \Delta \sigma_n^1, lx_n^2 + i * \Delta \sigma_n^2), i \in \overline{1, |H|}, \\ \Delta m_k^j = \frac{rx_k^j - lx_k^j}{|H|}, \Delta \sigma_k^j = \frac{rx_k^j - lx_k^j}{|H|}, j \in \overline{1, M},$$

где  $|H|$  – мощность популяции;  $lx_k^j, rx_k^j$  – левая и правая границы значений  $k$ -го признака, вычисленные экспериментально.

На *этапе определения фитнес-функции* предложена следующая фитнес-функция, соответствующая вероятности правильной идентификации

$$F = \frac{1}{P} \sum_{p=1}^P I(y_p - d_p) \rightarrow \max_{m_i^j, \sigma_i^j}, I(a) = \begin{cases} 1, & a = 0 \\ 0, & \text{иначе} \end{cases},$$

где  $d_p$  – отклик, полученный с объекта (человека);  $y_p$  – отклик, полученный по нейросети;  $P$  – количество тестовых объектов в виде изображений.

На *этапе задания оператора репродукции (селекции)* для отбора векторов параметров для скрещивания и мутации в качестве оператора репродукции в статье предложена комбинация случайного и линейно упорядоченного отбора с имитацией отжига

$$P(h_i) = \frac{1}{|H|} \exp(-1/g(t)) + \frac{1}{|H|} \left( a - (2a - 2) \frac{i-1}{|H|-1} \right) (1 - \exp(-1/g(t))), \\ g(t) = \beta g(t-1), g(0) = T_0,$$

где  $t$  – номер итерации;  $\beta$  – параметр, управляющий скоростью сходимости,  $0 < \beta < 1$ ;  $T_0$  – начальная температура,  $T_0 > 0$ .

Таким образом, на ранних стадиях работы генетического алгоритма используется равновероятный отбор, обеспечивающий исследование всего пространства поиска (случайный выбор хромосом), а на заключительных стадиях используется линейно упорядоченный отбор, делающий поиск направленным (текущие лучшие хромосомы сохраняются). Эта комбинация не требует масштабирования и может использоваться при минимизации фитнес-функции

На *этапе задания оператора кроссинговера* для комбинирования двух вариантов вектора параметров отобранных оператором репродукции, в качестве оператора кроссинговера используется равновероятный кроссинговер. Для выбора родителей в статье предложена следующая комбинация – на ранних стадиях работы генетического алгоритма используется аутбридинг (первый родитель выбирается случайно, а второй – как максимально далекий от первого либо как находящийся от первого на расстоянии большем, чем заданное  $\varepsilon$ , в качестве расстояния между родителями используется расстояние Манхеттена), обеспечивающий исследование всего пространства поиска, а на заключительных стадиях используется инбридинг (первый родитель выбирается случайно, а второй – как максимально близкий к первому либо как находящийся от первого на расстоянии меньшем, чем заданное  $\varepsilon$ , в качестве расстояния между родителями используется расстояние Манхеттена), делающий поиск направленным. Эта комбинация не требует масштабирования и может использоваться при минимизации фитнес-функции. После выбора родителей осуществляется скрещивание, и производятся два потомка.

Вероятность кроссинговер над выбранными родителями на основе аутбридинга определена посредством имитации отжига в виде

$$P_c = P_0 \exp(-1/g(t)),$$

$$g(t) = \beta g(t-1), g(0) = T_0,$$

где  $t$  – номер итерации;  $\beta$  – параметр, управляющий скоростью сходимости,  $0 < \beta < 1$ ;  $T_0$  – начальная температура,  $T_0 > 0$ .

Вероятность кроссинговер над выбранными родителями на основе инбридинга определена посредством имитации отжига в виде

$$P_c = P_0 (1 - \exp(-1/g(t))),$$

$$g(t) = \beta g(t-1), g(0) = T_0, T_0 > 0.$$

Для глобального поиска оптимального вектора параметров необходимо повысить разнообразие вариантов.

На *этапе задания оператора мутации* для обеспечения разнообразия вариантов вектора параметров после кроссинговера используется неоднородная мутация.

Шаг мутации определен в виде

$$\Delta = \begin{cases} (Max_j - h_{ij}) r \left(1 - \frac{t}{T}\right)^b, & r < 0.5, \\ (h_{ij} - Min_j) r \left(1 - \frac{t}{T}\right)^b, & r \geq 0.5 \end{cases},$$

где  $Max_j, Min_j$  – максимальное и минимальное значение  $j$ -го гена;  $t$  – номер итерации;  $T$  – максимальное количество итераций;  $r$  – случайное число,  $r \in [0,1]$ ;  $b$  – параметр, управляющий скоростью уменьшения шага,  $b > 0$ .

Для имитации отжига вероятность мутации определена в виде

$$P_m = P_0 \exp(-1/g(t)),$$

$$g(t) = \beta g(t-1), g(0) = T_0,$$

где  $P_0$  – начальная вероятность мутации.

Таким образом, на ранних стадиях работы генетического алгоритма с высокой вероятностью происходит мутация с большим шагом, что обеспечивает исследование всего пространства поиска, а на заключительных стадиях вероятность мутации и ее шаг стремятся к нулю, что делает поиск направленным. Для формирования новой популяции на основе предыдущей популяции и векторов параметров, полученных путем кроссинговера и мутации, используется оператор редукции.

На *этапе задания оператора редукции* в качестве оператора редукции в статье предложена следующая комбинация – на ранних стадиях работы генетического алгоритма используется схема на основе равновероятного отбора (случайный выбор хромосом), обеспечивающая исследование всего пространства поиска, а на заключительных стадиях используется схема  $(\mu + \lambda)$  (селекционная схема) (особи предыдущей популяции численностью  $\mu$  и потомки численностью  $\lambda$  объединяются и упорядочиваются по значению фитнес-функции, и в новую популяцию отбирается  $\mu$  первых лучших особей), делающая поиск направленным (текущие лучшие хромосомы сохраняются). Эта комбинация не требует масштабирования и может использоваться при минимизации фитнес-функции

Вероятность выбора схемы на основе равновероятного отбора определена посредством имитации отжига в виде

$$P_r = P_0 \exp(-1/g(t)),$$

$$g(t) = \beta g(t-1), g(0) = T_0,$$

где  $P_0$  – начальная вероятность редукции;  $t$  – номер итерации;  $\beta$  – параметр, управляющий скоростью сходимости,  $0 < \beta < 1$ ;  $T_0$  – начальная температура,  $T_0 > 0$ .

Вероятность выбора схемы  $(\mu + \lambda)$  определена посредством имитации отжига в виде

$$P_r = P_0 (1 - \exp(-1 / g(t))),$$

$$g(t) = \beta g(t-1), \quad g(0) = T_0.$$

На этапе определения условия останова предлагается следующее условие

$$1 - \max_i F(h_i) < \varepsilon \vee t \geq T$$

Значение  $\varepsilon$  и  $T$  вычисляются экспериментально.

### 6. Численное исследование методов биометрической идентификации человека

В табл. 1 приведено сравнение предложенного метода и существующих методов на основе базы данных ORL. Исследование позволяет сделать вывод, что авторский метод обеспечивает вероятность идентификации на уровне лучших методов (псевдо двумерные СММ с ДКП-коэффициентами).

Таблица 1

Оценка методов идентификации по лицу

Методы идентификации	Ошибка идентификации (%)
Одномерная СММ с ДКП-коэффициентами	16
Псевдо двумерная СММ с ДКП-коэффициентами	0.5
сопоставление с эталоном, представленным PCA-коэффициентами	9.5
сопоставление с эталоном, представленным ICA-коэффициентами	15
сопоставление с эталоном, представленным LDA-коэффициентами	10
сопоставление эластичных графов	20
Байеса	7
непрерывный n-элементный классификатор	3
стандартный n-элементный классификатор	14
CNN	4
неокогнитрон	3
MLP с ДКП-коэффициентами	6
бинарное дерево SVM с PCA-коэффициентами	3
RBFNN с ДКП-коэффициентами	2.5
PDBNN с сжатым изображением	4
сопоставление с опорным изображением, на основе расстояния Манхэттена	3
авторский	0.5

В табл. 2 приведено сравнение предложенного метода и существующих методов на основе базы данных TIMIT. Исследование позволяет сделать вывод, что авторский метод обеспечивает вероятность идентификации на уровне лучших систем (SIS и Диалект).

### Выводы

*Новизна.* В статье был предложен метод биометрической идентификации человека, базирующийся на методах цифровой обработки сигнала, распознавании речевых и зрительных образов, нейронных сетях, нечеткой логике и генетическом алгоритме. Этот метод был численно исследован на стандартных базах TIMIT (для идентификации по человеку речи) и ORL (для идентификации человека по лицу). Разработанная гибридная интеллектуальная компьютерная система биометрической идентификации человека обладает следующими достоинствами: возможность использования априорной информации (знаний экспертов); представление знаний в виде правил, легко доступных для понимания человеком; возможность быстрого обучения и адаптации; параллельная обработка информации, которая повышает вычислительную мощность; отсутствуют трудности с определением структурой системы; высокая вероятность идентификации. Были предложены эффективные варианты операторов репродукции, кроссинговера и редукции на основе имитации отжига, повышающие эффективность обучения системы биометрической идентификации.

Таблица 2

## Оценка методов идентификации

Методы идентификации, предложенные в системе	Ошибка идентификации (%)
VIS	15
СКИФ	20
Technogama	15
SIS	10
Диалект	10
ХНУРЭ	15
авторский	0.5

*Практическое значение.* Основные положения данной работы предназначены для реализации в интеллектуальных компьютерных системах биометрической идентификации человека.

## Список использованной литературы

1. Спосіб ідентифікації людини за параметрами усного мовлення: патент України UA 26107C1G10L5/06, 7/06, 9/18 / О.Ф. Новосельский, Ю.Ф. Жариков, Ю.Ю. Орлов. – опубл. 30.04.99, Бюл. № 2.
2. Жариков Ю.Ф. Система для идентификации человека по голосу / Ю.Ф. Жариков, А.Ф. Новосельский // Труды Научно-практической конференции "Использование достижений науки и техники в борьбе с преступностью". – Харьков, 1997. – С. 58-60.
3. Назначение и производство фонографической экспертизы для идентификации лиц по голосу и речи: методическое пособие для экспертов, следователей и судей / под ред. А.С. Рылова. – Мн.: НИИПККиСЭ, 1999. – 110 с.
4. Ідентифікація людини за параметрами мовних сигналів (проблеми та шляхи їх вирішення) / [М.Ф. Бондаренко, О.Я. Дрюченко, С.Ф. Коряк, Ю.П. Шабанов-Кушнарченко]. - Харків: ТОВ «Компанія СМІТ», 2006. – 260 с.
5. Самаль Д.И. Подходы и методы распознавания людей по фотопортретам / Д.И. Самаль, В.В. Старовойтов. – Минск: ИТК, 1998. – 54 с.
6. Brunelli R. Face recognition: features versus templates / R. Brunelli, T. Poggio // IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence. – 1993. – Vol. 15. – № 10. – P. 235-241.
7. Face Recognition by Elastic Bunch Graph Matching / [L. Wiskott, J.M. Fellous, N. Krueger, C. Malsburg] // IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence. – 1997. – Vol. 19. – P. 775-779.
8. Lucas S.M. Face Recognition with the continuous n-tuple classifier / S.M. Lucas // Proc. of the British Machine Vision Conference. – Essex. – 1997. – P. 222-231.
9. Wang X. Bayesian Face Recognition Using Gabor Features / X. Wang, X. Tang. // Proceeding of the 2003 ACM SIGMM workshop on Biometrics methods and applications (WBMA '03). – Berkeley, 2003. – P. 70-73.
10. Pseudo 2D Hidden Markov Model and Neural Network Coefficients in Face Recognition / [D. Daleno, L. Cariello, M. Giannini, G. Mastronardi] // Face Recognition (ed. M. Oravec). – Vukovar: In-Tech, 2010. – P. 404.
11. Samaria F.S. HMM-based Architecture for Face Identification / F.S. Samaria, S. Young // Image and Vision Computing. – 1994. – Vol.12, № 8. – P. 537-543.
12. Хайкин С. Нейронные сети: полный курс / С. Хайкин. – М.: Издательский дом «Вильямс», 2006. – 1104 с.
13. Скобцов Ю.А. Основы эволюционных вычислений / Ю.А. Скобцов. – Донецк: ДонНТУ, 2008. – 326 с.



14. Evolutionary Computation. Basic Algorithms and Operators / ed. T. Back, D.B. Fogel, Z. Michalewicz. – Bristol: Institute of Physics Publishing, 2000. – 339 p.
15. Intelligent Hybrid Systems: Fuzzy Logic, Neural Networks, and Genetic Algorithm / Ed. Da Ruan. – Boston: Kluwer Academic Publishers, 1997. – 258 p.

Надійшла до редакції:  
01.04.2013

Рецензент  
д-р техн. наук, проф. Чичикало Н.І.

**Є.Є. Федоров**

*Донецька академія автомобільного транспорту*

**Розробка методу біометричної ідентифікації людини.** Для створення інтелектуальної комп'ютерної системи біометричної ідентифікації людини в статті був запропонований метод на основі формантних ознак мови, антропометричних ознак особи людини, штучної нейронної мережі, нечіткої логіки й генетичного алгоритму. Були запропоновані архітектура нечіткої штучної нейронної мережі та ефективні варіанти операторів генетичного алгоритму (репродукції, кросинговеру, мутації й редуції) на основі імітації відпалу, які дозволяють ураховувати етапи генетичного алгоритму. Розроблений метод був досліджений на стандартних базах TIMIT й ORL

**Ключові слова:** формантні ознаки мовлення, антропометричні ознаки особи, нейронна мережа, нечітка логіка, генетичний алгоритм.

**Ye.Ye. Fedorov**

*Donetsk Academy of Automobile Transport*

**Developing a Method of Biometric Identification of a Person.** Now the system, intended for biometric person identification applied in criminalistics and various security systems, is more important. In the article a method of biometric identification of a person based on digital processing of a signal, recognition of speech and visions, neural networks, the fuzzy logic and genetic algorithm has been offered. The method of biometric identification provides: formalisation of signs of speech; formalisation of image features; creation of adaptive neuro-fuzzy inference system of biometric identification; construction of genetic algorithm. As speech features the frequencies of first three formant vowel sounds have been chosen. As a person's face features 3 points for the left eyebrow (a head, a break point, an eyebrow tail) have been chosen; 3 points for the right eyebrow (a head, a break point, an eyebrow tail); 4 points for the left eye (left, right, top, bottom); 4 points for the right eye (left, right, top, bottom); 4 points for a nose (nose bridge, the nose basis, the left and right wing of a nose); 4 points for a mouth (left, right, top, bottom); 1 point for a chin have been chosen. Effective variants of operators of reproduction (a combination of casual and linearly ordered selection with annealing imitation), crossover (for the choice of parents the combination of outbreeding and inbreeding with imitation annealing is used), mutation (a combination of homogeneous mutation with imitation annealing) and reduction (a combination of the equiprobable and selective scheme with annealing imitation) have been offered. This increases the efficiency of training of the systems of biometric identification. This method has been numerically investigated on standard basis TIMIT (for identification of a person by speech) and ORL (for identification a person's face) and in its probability of recognition and speed of training this method is comparable to the best methods. The developed hybrid intellectual computer system of biometric identification of the person possesses the following advantages: possibility of use of the aprioristic information (knowledge of experts); representation of knowledge in the form of the rules easily accessible to understanding by the person; possibility of fast training and adaptation; parallel processing of the information which raises computing capacity; there are no difficulties with definition by system structure; high probability of identification.

**Keywords:** formant speech features, anthropometrical features of a person, neural network, fuzzy logic, genetic algorithm.