

# **Построение моделей идентификации личности, основанных на сравнении множества физических или поведенческих характеристик человека**

Е.М. Сесин, В.М. Белов

В работе рассмотрена проблема построения систем идентификации личности, основанных на сравнении множества физических или поведенческих характеристик человека. В качестве основного подхода к синтезу мультибиометрических моделей выбрана интеграция технологий, построенных на одном биометрическом идентификаторе. Предложены методы оценивания статистических свойств биометрических сравнений, параметризация входных и выходных сигналов модели мультибиометрической идентификации.

*Ключевые слова:* биометрия, идентификация личности.

## **1. Введение**

В последнее время наблюдают всплеск научного и практического интереса к биометрической идентификации, сопровождающийся ростом числа биометрических методов, алгоритмов и технологий [1]. Теоретические наработки в области биометрии внедряют в системы автоматической идентификации личности в различных областях: от защиты информации на персональном компьютере до таких государственных приложений, как биометрический паспорт и информационно-аналитические комплексы силовых ведомств. Количество биометрических приложений и систем продолжает увеличиваться. Это связано как с прикладным интересом к биометрической идентификации, так и с развитием аппаратных средств и стандартизации в области биометрических технологий [2].

Под мультибиометрической идентификацией понимают использование нескольких биометрических идентификаторов. Каждый уровень интеграции имеет свои особенности. На сегодняшний день выделяют [3] следующие уровни:

- различные биометрические характеристики (изображение лица и отпечаток пальца);
- множественные биометрические характеристики (отпечатки различных пальцев, радужная оболочка левого и правого глаза);
- различные способы получения биометрических образцов (изображение лица в видимом и инфракрасном диапазоне);
- различные сканеры (две фотокамеры);
- несколько образцов одной биометрической характеристики;
- несколько алгоритмов сравнения биометрических образцов.

Первыми работами по мультибиометрической идентификации считают эксперименты 1976 – 1978 гг. [4, 5] по применению логических классификаторов для идентификации по нескольким биометрическим характеристикам. В дальнейшем основные исследования в области мультибиометрической идентификации были связаны с решением частных задач комбинирования ряда идентификаторов (лица и отпечатков пальцев [6]; голоса, лица и

отпечатков пальцев [7]; нескольких образцов изображения лица [8]; лица и голоса [9]; изображений уха и лица [10]; геометрии ладони и изображения лица [11] и т.д.).

Общим недостатком перечисленных работ является отсутствие системного подхода. Первые попытки применить его для методов мультибиометрической идентификации были сделаны в работах [12, 13]. Основной идеей данных публикаций следует считать независимость процесса биометрической идентификации от используемых биометрических характеристик человека и конкретной реализации выбранного биометрического метода. В этой связи целесообразно синтезировать мультибиометрические методы на основе методов сравнения отдельных биометрических идентификаторов, которые, в свою очередь, необходимо рассматривать как «чёрные ящики» с набором стандартных функций. При мультибиометрической идентификации таких «чёрных ящиков» может быть несколько, и каждый будет соответствовать только одной реализации того или иного метода биометрической идентификации.

Развитием вышеуказанной идеи в [14] стало приложение статистических методов к синтезу мультибиометрической идентификации, что связано со стохастическим характером процесса биометрической идентификации. В ходе биометрической идентификации выполняют большое число однотипных действий (сравнения биометрических шаблонов), на результаты которых влияют факторы, несущие в себе неопределённость.

Следует отметить, что биометрическая идентификация является вычислительно трудоёмкой задачей. При этом несколько биометрических идентификаторов могут нести избыточную информацию [15]. Как следствие, при мультибиометрической идентификации допустимо использование части идентификаторов, что даёт дополнительную свободу за счёт возможности выбирать стратегию идентификации. Стратегию определяют последовательностью применения идентификаторов и способом принятия решения об идентификации на промежуточных стадиях по части идентификаторов. Правильный выбор стратегии позволяет значительно ускорить процесс идентификации.

## 2. Описание модели мультибиометрической идентификации

Процесс биометрической идентификации состоит из комбинации вызовов двух базисных функций нижнего уровня программного интерфейса: создания биометрического шаблона из биометрического образца и сравнения биометрических шаблонов. Результатом биометрического сравнения является число: мера сходства. Чем выше мера сходства, тем выше вероятность того, что предъявленные для сравнения образцы принадлежат одному человеку.

Согласно [16], входными данными биометрического сравнения является пара цифровых биометрических шаблонов и мера сходства шаблонов. В большинстве случаев зависимость меры сходства от входных шаблонов и биометрических образцов детерминирована. В реальной эксплуатации процесс получения образцов биометрических характеристик зависит от внешних факторов, что привносит свои погрешности (например, для отпечатков пальцев это – загрязнённые участки кожи, влажность, температура, дефекты поверхности сканера и т.д.). Для моделирования неопределённости таких факторов целесообразно использовать вероятностно-статистические методы и считать выходной сигнал биометрического сравнения случайным.

Биометрическое сравнение характеризуют двумя распределениями меры сходства  $f^{\text{gen}}(x)$  в «своих» сравнениях, когда получены образцы биометрической характеристики одного человека, и  $f^{\text{imp}}(x)$  в «чужих» сравнениях, когда сравнивают биометрические образцы различных людей.

Основные показатели эффективности биометрических систем: коэффициент ложного пропуска (FAR) – вероятность ложной идентификации, то есть вероятность того, что система

биоидентификации по ошибке признает подлинность пользователя, не зарегистрированного в системе (вероятность ошибки 2-го рода); коэффициент ложного отказа доступа (FRR) – вероятность того, что система биоидентификации не признает подлинность отпечатка пальца зарегистрированного в ней пользователя (вероятность ошибки 1-го рода).

Ошибки FAR и FRR в вероятностной интерпретации при фиксированном пороге  $t$  принятия решения вычисляют по формулам:

$$FRR(t) = \int_{-\infty}^t f^{\text{gen}}(s)ds; \quad FAR(t) = \int_t^{+\infty} f^{\text{imp}}(s)ds.$$

Если рассматривать биометрическую систему целиком (включая искажающие факторы), то она стохастична, но в ней существует детерминированная подсистема.

При мультибиометрической идентификации выходные сигналы биометрических сравнений интегрируют в мультибиометрической мере сходства  $\lambda$ , которую считают функцией  $G$  откликов биометрических сравнений, т.е.  $\lambda = G(x_1, \dots, x_n)$ , где  $x_i$  – результат  $i$ -го биометрического сравнения. Функция  $G$  должна быть скалярной, т.к. мультибиометрическая система подпадает под требования к биометрическим системам в целом. Соответственно при идентификации можно сравнивать  $\lambda$  с некоторым порогом и принимать решение об идентификации.

Если входы мультибиометрического сравнения  $x_i$  имеют стохастический характер, то это верно и для результата  $\lambda = G(x_1, \dots, x_n)$ . Мультибиометрическую идентификацию можно рассматривать как систему, где за входные сигналы принимают отклики биометрического сравнения, а за выходные – результирующую меру сходства. Весовая функция  $G$  полностью определяет свойства такой модели.

При разработке технологии мультибиометрической идентификации следует наложить определённые ограничения на  $G$  с целью максимизации целевого критерия качества мультибиометрической идентификации. Типовыми критериями качества можно рассматривать различные соотношения ошибок 1-го, 2-го рода и времени мультибиометрического сравнения.

### 3. Статистические свойства биометрических сравнений

Если распределения биометрических сравнений известны и определены совместными плотностями  $f^{\text{gen}}(x_1, \dots, x_n)$  и  $f^{\text{imp}}(x_1, \dots, x_n)$ , то статистика  $\lambda = \ln f^{\text{gen}} - \ln f^{\text{imp}}$  даёт мультибиометрическую меру сходства с минимальными ошибками идентификации 1-го и 2-го рода [14, 17]. Соответственно  $\lambda$  также максимизирует произвольный функционал качества, монотонный по ошибкам 1-го и 2-го рода. Решение задачи находится следующим образом:

$$G(x_1, \dots, x_n) = \ln f^{\text{gen}}(x_1, \dots, x_n) - \ln f^{\text{imp}}(x_1, \dots, x_n).$$

Таким образом, задачу определения оптимальной меры сходства можно свести к задаче оценивания плотностей «своих» и «чужих» биометрических сравнений. Но на этапе обучения мультибиометрической системы (т.е. определения распределений биометрических сравнений) доступна довольно ограниченная информация для оценки статистических свойств биометрических систем.

Во-первых, при использовании эмпирических частот в качестве оценок истинных функций распределения наблюдают сильную зависимость от обучающей выборки и значительную дисперсию результатов обучения.

Во-вторых, следует учитывать, что мультибиометрические технологии применяют для получения приемлемого качества работы системы на очень низких уровнях ошибки 2-го рода (от  $10^{-6}$ ), поэтому существенной проблемой является верификация результатов. Очень важной частной задачей интеграции считают экстраполяцию ошибок 1-го и 2-го рода на значения, которые невозможно (или очень дорого) проверить в ходе операционных испытаний системы. Например, в системах с большим числом пользователей необходимо обеспечить ошибку 2-го рода на уровне  $10^{-9}$  и меньше. В таком случае для проверки результатов необходима база данных объёмом примерно  $10^9$  записей, которой на сегодняшний день в публичном доступе нет.

В-третьих, даже при принятии определённых допущений о динамике ошибок распознавания, дисперсия прогноза с уменьшением уровня FAR растёт неприемлемыми темпами. Аналогичную ситуацию наблюдают для большинства мультибиометрических технологий. Основная причина заключена в неспособности эмпирических плотностей к обобщению на генеральную совокупность. С уменьшением обучающей выборки доверительный интервал для плотностей расширяется. Соответственно, качество идентификации будет менее предсказуемым, что показано в работе [14].

В-четвёртых, для многих комбинаций биометрических характеристик недоступны мультибиометрические данные, что принципиально не позволяет проводить оценку многомерных плотностей. В настоящее время доступны несколько десятков одномерных биометрических баз. При этом существующих мультибиометрических баз данных явно недостаточно для исследования качества идентификации и обучения мультибиометрических технологий. Поэтому важной проблемой является использование обучающей информации по отдельным каналам.

В-пятых, использование эмпирических частот приводит к образованию непараметризуемого пространства правил принятия решений, что повышает вероятность неадекватного обучения.

Результаты испытаний биометрических технологий, проводимых до настоящего времени, не позволяют с полной уверенностью утверждать о статистической независимости результатов биометрических сравнений. Для подтверждения или опровержения данного предложения необходимо иметь огромный тестовый массив биометрических измерений, которым на данный момент не обладает ни одна организация. Однако можно предположить, что большинство биометрических характеристик человека независимы, например: отпечаток пальца и радужная оболочка глаза, отпечаток пальца и форма лица, термограмма лица и форма руки и т.д. Если характеристики независимы, то и биометрические сравнения также должны быть независимыми. Если результаты независимы, то плотности распределений в «своих» и «чужих» сравнениях можно факторизовать следующим образом:

$$f^{\text{gen}}(x) = f_1^{\text{gen}}(x_1) \dots f_n^{\text{gen}}(x_n); \quad f^{\text{imp}}(x) = f_1^{\text{imp}}(x_1) \dots f_n^{\text{imp}}(x_n),$$

где  $f_i^{\text{gen}}(x_i)$  и  $f_i^{\text{imp}}(x_i)$  – плотности распределения  $i$ -го биометрического теста.

Выражение для оптимальной меры сходства для независимых биометрических характеристик можно преобразовать к следующей форме:

$$G(x) = \ln f^{\text{gen}}(x) - \ln f^{\text{imp}}(x) = \sum_{i=1}^n (\ln f_i^{\text{gen}}(x_i) - \ln f_i^{\text{imp}}(x_i)) = \sum_{i=1}^n g_i(x_i),$$

$$\text{где } g_i(x_i) = \ln f_i^{\text{gen}}(x_i) - \ln f_i^{\text{imp}}(x_i).$$

Следовательно, итоговую меру сходства можно вычислить через функцию, зависящую только от свойств ровно одного биометрического сравнения.

Для статистически зависимых биометрических сравнений можно использовать методы оценивания плотностей распределений, которые оперируют с многомерным пространством результатов сравнений, в зависимости от уровня интеграции биометрических технологий. Всего на сегодняшний день зарегистрировано более двадцати методов биометрической идентификации, при этом некоторые виды традиционно разделяют на частные случаи. Статистические зависимости биометрических тестов на уровне характеристик в основном объясняют следующими причинами: одна биометрика включает другую биометрику (отпечаток ладони содержит отпечатки пальцев), парный орган (левая и правая рука, правый и левый глаз). Из перечисленных методов можно выделить следующие потенциально зависимые группы: форма и термограмма лица, отпечатки пальцев и отпечаток ладони, геометрия пальца и ладони, радужка правого и левого глаза.

Второй уровень зависимостей наблюдают на уровне образцов. В работе [18] показано, что качество распознавания может быть улучшено с ростом числа образцов, взятых при обучении. В пределе можно ожидать достижения некоторого предельного качества распознавания, характеризующегося внутренним разнообразием биометрики. Последнее связано с тем, что при росте числа образцов, особенно снятых в различное время, компенсируют негативное влияние внешних искажающих факторов [19].

С точки зрения правила принятия решения, образцы равноценны. Следовательно, на плотности распределения и решающие правила следует наложить условие симметричности по переменным, т.е.

$$\forall i, j \ f^{\text{gen}}(x_1 \dots x_i \dots x_j \dots x_n) = f^{\text{gen}}(x_1 \dots x_j \dots x_i \dots x_n),$$

$$\forall i, j \ f^{\text{imp}}(x_1 \dots x_i \dots x_j \dots x_n) = f^{\text{imp}}(x_1 \dots x_j \dots x_i \dots x_n).$$

Наиболее распространённым случаем интеграции зависимых технологий является использование нескольких алгоритмов сравнений с целью улучшения качества распознавания за счёт снижения производительности. С одной стороны, в таком случае наблюдают весьма сильные корреляции и сложно ввести какие-либо допущения в структуру распределений, так как связи могут быть весьма сложными. С другой стороны, полученный комбинированный алгоритм можно рассматривать как новую одномодальную биометрическую технологию, что устраняет проблемы с верификацией результатов, так как обучение и испытания можно провести на доступных массивах по отдельным биометрическим характеристикам.

С учётом того, что при биометрическом сравнении выходной сигнал есть результат воздействия множества искажающих факторов, можно предположить, что выходные распределения будут тяготеть к гауссову распределению. Поэтому в работе для адекватного описания поведения биометрической системы предложена нормальная аппроксимация мультибиометрической системы.

#### 4. Параметризация биометрических сравнений

Обобщение результатов испытаний и обучения на генеральную совокупность считают важной проблемой методов мультибиометрической идентификации. Без такого обобщения невозможно обоснованно определить качество мультибиометрической идентификации и достоверно априорно установить пороги принятия решения об идентификации. Данные проблемы усугублены тем, что важно оценивать многомерные плотности. Для устранения указанных проблем, для низких ошибок идентификации, нужно сформулировать

определённые предположения о свойствах «хвостов» функций распределений биометрических сравнений.

Если рассматривать биометрическую систему как стохастическую, то можно сделать предположение о структуре выходного сигнала биометрического сравнения из следующих соображений. Математические алгоритмы, отвечающие за сравнение биометрических образцов, оперируют объектами большой размерности. Результат сравнения подвержен влиянию большого числа искажающих факторов. При большом числе искажающих воздействий можно предположить, что выходное распределение будет тяготеть к нормальному [19]. Соответственно, плотность определяют вероятностными моментами первого и второго порядка: математическим ожиданием и дисперсией. Использование таких интегральных характеристик имеет значимое преимущество перед эмпирическими плотностями. А именно, моменты значительно более устойчивы при оценивании на относительно малых выборках.

В реальных испытаниях наблюдают отклонения от нормального закона, например, по причинам неоднородности выборки. Для оценки отклонений от нормального закона можно использовать большее число моментов. Соответственно, класс изучаемых распределений биометрических сравнений можно ограничивать, например, плотностями вида  $P(x)g(m, K)$ , где  $P(x)$  – функция из параметризуемого семейства (например, полином),  $g(m, K)$  – базовое (например, нормальное) распределение с первым и вторым моментами, равными  $m$  и  $K$ , соответственно.

Количественное оценивание коэффициентов можно проводить методом моментов, методом максимального правдоподобия или др. [20]. В статье [14] показано, что в реальных условиях для оценивания плотностей достаточно моментов первых четырёх порядков. Если есть количественная оценка в «своих» и «чужих» сравнениях, то мультибиометрическую меру сходства можно вычислить по следующей формуле:

$$G(x) = \ln P^{\text{gen}}(x) - \ln P^{\text{imp}}(x) + \ln(m^{\text{gen}}, K^{\text{gen}}) - \ln(m^{\text{imp}}, K^{\text{imp}}),$$

где  $P^{\text{gen}}$  и  $P^{\text{imp}}$  – оценки в «своих» и «чужих» сравнениях,  $m^{\text{gen}}$  и  $m^{\text{imp}}$  – математические ожидания «своих» и «чужих» сравнений,  $K^{\text{gen}}$  и  $K^{\text{imp}}$  – ковариационные матрицы.

Преимуществом такого подхода к синтезу мультибиометрического сравнения является возможность параметризации плотностей и мультибиометрической меры сходства небольшим числом интегральных характеристик, которые относительно устойчивы.

Недостатком данного класса считают то, что на «хвостах» такие распределения значительно отличаются от нормального, что может давать неудовлетворительные результаты при их оценивании с помощью нормального закона. Например, для «тяжёлых хвостов», когда моменты с увеличением порядка растут значительно быстрее моментов нормального распределения. В таком случае можно рассматривать базовые распределения в классе  $e^{P(x)}$ . Поиск плотности в этом классе целесообразно проводить методом максимального правдоподобия.

Пусть определён набор параметров, характеризующих входной сигнал мультибиометрического сравнения, способ оценки параметров  $A$  на базе биометрических образцов и способ  $B = [B^{\text{gen}}, B^{\text{imp}}]$  оценки плотностей распределений,  $A: \Omega \rightarrow S, B^{\text{gen}}: S \rightarrow \hat{f}^{\text{gen}}, B^{\text{imp}}: S \rightarrow \hat{f}^{\text{imp}}$ , где  $\Omega$  – обучающая биометрическая база (тест),  $S$  – значения параметров,  $\hat{f}^{\text{gen}}, \hat{f}^{\text{imp}}$  – оценки плотностей биометрических сравнений. В таких обозначениях мультибиометрическая мера сходства может быть записана как  $G(x) = \ln B^{\text{gen}}(S) - \ln B^{\text{imp}}(S)$ .

Выходной сигнал мультибиометрического сравнения также можно определять плотностями в «своих» и «чужих» сравнениях соответственно  $h^{\text{gen}}$  и  $h^{\text{imp}}$ . С учётом того, что

результат является скалярным, плотности  $h^{\text{gen}}$  и  $h^{\text{imp}}$  являются одномерными. Аналогично плотностям биометрических сравнений, плотности меры сходства можно оценивать на основе некоторого числа параметров. Обозначим их значения через  $T$ , а способ оценки плотностей на основе параметров – через  $P = [P^{\text{gen}}, P^{\text{imp}}]$ .

Таким образом, преобразование сигналов в мультибиометрической системе можно представить как:  $\Omega \xrightarrow{A} S \xrightarrow{B} [\hat{f}^{\text{gen}}, \hat{f}^{\text{imp}}] \rightarrow G \rightarrow [h^{\text{gen}}, h^{\text{imp}}] \xrightarrow{P} T \xrightarrow{P} [\hat{h}^{\text{gen}}, \hat{h}^{\text{imp}}]$ , где  $\hat{h}^{\text{gen}}$  и  $\hat{h}^{\text{imp}}$  – оценки плотностей выходного сигнала мультибиометрического сравнения.

Состав параметров входного и выходного сигнала и преобразования  $S \rightarrow T$ ,  $A$  и  $P$  образуют упрощённую параметрическую модель мультибиометрической идентификации. Частным случаем параметрической модели определяют нормальную аппроксимацию, когда входной и выходной сигналы описывают математическим ожиданием и ковариацией:  $S = [m^{\text{gen}}, m^{\text{imp}}, K^{\text{gen}}, K^{\text{imp}}]$ ,  $T = [\mu^{\text{gen}}, \mu^{\text{imp}}, d^{\text{gen}}, d^{\text{imp}}]$ .

Отображение  $A$  вычисляют как эмпирическое среднее и ковариацию. Отображения  $B$  и  $P$  можно рассчитать по формулам:

$$B^{\text{gen}} = \frac{1}{(2\pi)^{n/2} \sqrt{|K^{\text{gen}}|}} e^{-\frac{(x-m^{\text{gen}})^2}{2K^{\text{gen}}}}, B^{\text{imp}} = \frac{1}{(2\pi)^{n/2} \sqrt{|K^{\text{imp}}|}} e^{-\frac{(x-m^{\text{imp}})^2}{2K^{\text{imp}}}},$$

$$P^{\text{gen}} = \frac{1}{(2\pi)^{n/2} \sqrt{|K^{\text{gen}}|}} e^{-\frac{(x-m^{\text{gen}})^2}{2K^{\text{gen}}}}, P^{\text{imp}} = \frac{1}{(2\pi)^{n/2} \sqrt{|K^{\text{imp}}|}} e^{-\frac{(x-m^{\text{imp}})^2}{2K^{\text{imp}}}}.$$

Отображение входного сигнала на выходной можно представить как

$$T = \begin{pmatrix} \gamma_m^{\text{gen}}(m^{\text{gen}}, m^{\text{imp}}, K^{\text{gen}}, K^{\text{imp}}) \\ \gamma_m^{\text{imp}}(m^{\text{gen}}, m^{\text{imp}}, K^{\text{gen}}, K^{\text{imp}}) \\ \gamma_D^{\text{gen}}(m^{\text{gen}}, m^{\text{imp}}, K^{\text{gen}}, K^{\text{imp}}) \\ \gamma_D^{\text{imp}}(m^{\text{gen}}, m^{\text{imp}}, K^{\text{gen}}, K^{\text{imp}}) \end{pmatrix}' = \begin{pmatrix} \gamma_m^{\text{gen}}(S) \\ \gamma_m^{\text{imp}}(S) \\ \gamma_D^{\text{gen}}(S) \\ \gamma_D^{\text{imp}}(S) \end{pmatrix}'.$$

## 6. Заключение

Идентификация, основанная на сравнении множества физических или поведенческих характеристик человека, является одним из перспективных направлений развития биометрических технологий. Использование мультибиометрической идентификации обусловлено следующими основными причинами:

- один биометрический идентификатор зачастую не обеспечивает требуемый уровень ошибок идентификации 1-го и 2-го рода;
- несколько биометрических идентификаторов позволяет увеличить производительность биометрической системы;
- некоторые люди не обладают той или иной биометрикой, пригодной для автоматической идентификации;
- зачастую мультибиометрическая идентификация экономически эффективна по сравнению с совершенствованием однофакторных биометрических технологий.

Разработанная мультибиометрическая модель идентификации личности позволяет синтезировать системы с заданным уровнем ошибок идентификации и производительности на основе существующих однофакторных биометрических технологий.

## Литература

1. Blackburn D. Research needs in biometrics: federal perspective // Biometric Consortium Conference 2004, URL: <http://www.biometrics.org/> (дата обращения: 04.10.2011)
2. Перспективные направления развития российской отрасли информационно-коммуникационных технологий (долгосрочный технологический прогноз Российский ИТ Foresight), 2007. - 223 с.
3. Ross A., Jain A. Multimodal biometrics: An overview // Proceedings on 12th European Signal Processing Conference, 2004, p. 1221-1224.
4. Haberman W., Fejfar A. Automatic ID of personnel through speaker and signature verification – System description and testing // Carnahan Conference on Crime Countermeasures, University of Kentucky, May 1976, P. 23-30.
5. Fejfar A. Combining techniques for improve security in automated entry control. Carnahan Conf. on Crime Countermeasures, Mitre Corp. MTP-191, May 1978.
6. Hong L., Jain A. Integrating faces and fingerprints for personal identification // IEEE PAMI, vol. 20, no. 12, 1998, p. 1295-1307.
7. Frischholz R., Dieckmann U. BioID: A multimodal biometric identification system // IEEE Computer, vol. 33, no. 2, 1998, p. 64-68.
8. Brunelli R., Falavigna D. Person identification using multiple cues // IEEE PAMI, vol. 12, 1995, p. 955-966.
9. Ben-Yacoub S., Abdeljaoued Y., Mayoraz E. Fusion of face and speech data for person identity verification // IEEE Trans. on Neural Networks, vol. 10, 1999, p. 1065-1074.
10. Chang K., Bowyer K., Sarkar S., Victor B. Comparison and combination of ear and face images in appearance-based biometrics // IEEE PAMI 25(9), 2003, p. 1160-1165.
11. Ross A., Govindarajan R. Feature level fusion using hand and face biometrics // Proceedings of the SPIE Conference on Biometric Technology for Human Identification, Orlando, USA, 2005, p. 196-204.
12. Bigun E., Bigun J., Due B., Fischer S. Expert conciliation for multimodal person authentication systems using Baycsian statistics // Proceedings of the International Conference on Audio- and Video-Based Biometric Person Authentication (AVBPA), vol. LNCS 1206, Springer, 1997, p. 291-300.
13. Griffin P. Topics for multi-biometric research // MMUA 2003 Panel Discussion, URL: <http://mmuaxs.ucsb.edu/>
14. Сеницын И.Н., Новиков С.О., Урмаев О.С. Развитие технологий интеграции биометрической информации // Системы и средства информатики, вып. 14, 2004, С. 5-36.
15. Урмаев О.С. Информационная технология интеграции идентификации по изображению лица для ускорения автоматической дактилоскопической идентификации // Информатика и ее применения, т. 2, вып. 4, 2008, с. 66-73.
16. ГОСТ Р ИСО/МЭК 19784-1-2007 «Автоматическая идентификация. Идентификация биометрическая. Биометрический программный интерфейс. Часть 1. Спецификация биометрического программного интерфейса».
17. Neyman J., Pearson E.S. On the problem of the most efficient tests of statistical hypotheses // Philos. Trans. R. Soc. Lond A. 231, 1933, p. 289 -337.
18. Phillips P., Grother P., Micheals R., Blackburn D., Tabassi E., Bone M. Facial recognition vendor test 2002, Evaluation report, March 2003, URL: <http://www.frvt.org/> (дата обращения: 04.10.2011)
19. Ushmaev O.S. Problems of automatic fusion of biometric identifiers // Pattern Recognition and Image Analysis, 2009, v.19, no.3, p. 534-538.
20. Пугачёв В.С., Сеницын И.Н. Теория стохастических систем: учеб. пособие. - М.: Логос, 2004. - 998 с.



**Сесин Евгений Михайлович**

аспирант кафедры «Безопасность и управление в телекоммуникациях» СибГУТИ  
тел. (923) 644-88-42, e-mail: e.m.sesin@gmail.com

**Белов Виктор Матвеевич**

д.т.н., профессор кафедры «Безопасность и управление в телекоммуникациях» СибГУТИ  
тел. (906) 963-84-83, e-mail: vmbelov@mail.ru

*Статья поступила в редакцию 4.10.2011*

**Construction of Identification Models Based on Comparison of Multiple Physical or Behavioral Individual Characteristics.**

**Sesin E.M., Belov V.M.**

The paper considers the problem of constructing identification system based on comparison of multiple physical or behavioral individual characteristics. Integration technology built on a single biometric identifier was chosen as a basic approach to multi-biometric models. We consider the statistical properties of biometric comparison, input and output signal parameterization of multi-biometric identification model.

Keywords: biometrics, identification.