

Novas técnicas de extração de informações para melhorar o reconhecimento biométrico por impressões papiloscópicas

Salvador 2016

Marcos Antônio de Souza Silva

Novas técnicas de extração de informações para melhorar o reconhecimento biométrico por impressões papiloscópicas

UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA – UFBA INSTITUTO DE MATEMÁTICA DEPARTAMENTO DE CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

Orientador: Rubisley de Paula Lemes

Salvador 2016 Marcos Antônio de Souza Silva

Novas técnicas de extração de informações para melhorar o reconhecimento biométrico por impressões papiloscópicas

Rubisley de Paula Lemes Orientador

> Karl Apaza Aguero Convidado 1

Maurício Pamplona Segundo Convidado 2

> Salvador 2016

Agradecimentos

Primeiramente, gostaria de agradecer a Deus por ter me guiado e ter iluminado o meu caminho.

Aos meus pais, Antônio Nascimento Silva e Maria Madalena Bispo de Souza, um trabalhador autônomo e uma empregada doméstica que acreditaram que a educação era o caminho para um futuro melhor e que sempre me incentivaram a persistir neste caminho.

Aos meus familiares que desde sempre me deram todo o apoio e coragem necessários sempre que eu precisava.

Ao meu orientador Rubisley de Paula Lemes por me dar um voto de confiança, na condução deste projeto, por toda paciência e competência no qual sempre conduziu o seu trabalho.

Aos meus colegas e amigos que de alguma forma me ajudaram neste processo.

"Não se julga um homem pela aparência... Mas sim, por tudo que ele construiu ao longo da sua vida! " - (Ana Maria Santos)

Resumo

Notícias recorrentes sobre trocas de recém-nascidos, sequestro de crianças e adoções ilegais evidenciam a necessidade de se estabelecer uma identificação efetiva destes indivíduos. Nesse sentido, a biometria tem sido amplamente utilizada na identificação de adultos, especialmente aquelas baseadas nos padrões formados pelas cristas papilares. Entretanto, poucos trabalhos tem sido reportados quanto a identificação de recém-nascidos e crianças, uma vez que novos desafios são impostos nesta modalidade de reconhecimento biométrico, ou seja, as cristas papilares são menores e mais suscetíveis à deformação quando comparadas às dos adultos. Neste trabalho propomos, a continuação do trabalho de (LEMES et al., 2014; LEMES et al., 2012), um sistema completo para reconhecimento de recém-nascidos através da análise dos padrões dermatoglíficos. Exploramos multibiometria (impressões palmares, impressões plantares e impressões digitais) visando construir uma solução automática para este problema. Esta solução se baseia em quatro principais contribuições: (1) um aplicativo para celular visando verificar em tempo real a qualidade das imagens; (2) um sistema cliente-servidor; (3) otimização do algoritmo de detecção de características; (4) criação e otimização do algoritmo de orientação das cristas. Resultados preliminares confirmam o potencial e a utilidade das contribuições propostas no reconhecimento automático de recém-nascidos em aplicações em tempo real.

Palavras-chaves: Reconhecimento biométrico de recém-nascidos; Padrões dermatóglifos; Detecção de poros.

Lista de ilustrações

Figura 1 $-$	Modalidades biométricas	15
Figura 2 –	Características da digital. Fonte: (CUMMINS; MIDLO, 1961) $\ .$	19
Figura 3 – Figura 4 – Figura 5 –	Fluxograma do reconhecimento biométrico	24 26
Figura 6 –	dade boa, regular ou ruim para o reconhecimento biométrico Poros no padrão dermatoglífico. Poros fechados (círculos); poros aber- tos (quadrados): classificados corretamente(quadrados azuis); classifi-	27
Figura 7 $-$	cados incorretamente(quadrados verdes).	$\frac{30}{30}$
Figura 8 –	Definição da inclinação NI_i	31
Figura 9 $-$	Centro da transição	33
Figura 10 –	Solução 2: Poro aberto	33
Figura 11 –	Solução 2: Bifurcação	34
Figura 12 –	Transições de crista sobre o perímetro da circunferência do raio	36
Figura 13 –	Início do percurso no perímetro da circunferência do raio	36
Figura 14 –	Descarte de pontos de transição.	37
Figura 15 –	Definição de transições válidas e estimação da orientação da crista.	38
Figura 16 –	Estimando transições.	39
Figura 17 –	Imagem com rato $NR1_I$	40
Figura 18 –	Cristas do tipo ilha.	41
Figura 19 –	Kaio /V $K2_i$ na ilha	41
Figura 20 –	Passo a passo centralização dos pontos analisados.	43
Figura 21 –	Junçao de transições.	44
Figura 22 –	Passo a passo retângulos envolventes.	45
Figura 23 –	Cálculo de orientação final.	46

Figura 24	$-\operatorname{Quantidade}$ de pontos com 'genuine match' entre a imagem original e	
	a imagem que foi comprimida com o WSQ \hdots	49
Figura 25	–Resultados do algoritmo 1 variando o limiar L	50
Figura 26	–Resultados dos algoritmos 1 e 2	52
Figura 27	–Resultados dos algoritmos 1 e 2	53
Figura 28	–Resultados	53

Lista de tabelas

Tabela 1 –	Desvio padrão, em radiano, dos limiares l	49
Tabela 2 $-$	Comparativo dos algoritmos (em radiano)	51
Tabela 3 –	Comparativo dos tempos dos algoritmos(em milisegundos)	51

Sumário

1	Intr	odução			15
2	Rev	isão da	Literatu	ıra	19
	2.1	Recon	heciment	o neonatal por impressões papiloscópicas	20
3	Sist	ema de	reconhe	ecimento neonatal	23
Č	3.1	Do an	licativo p	ara celular Android	25
	3.2	Do sis	tema clie	nte-servidor	20 28
	3.3	Do sis	tema de i	reconhecimento biométrico	20 28
	0.0	331	Extraçã	o de características	20 29
		332	Solução	1 - Ângulo centro das transições	29
		333	Solução	2 - Perpendicular a orientação da crista	$\frac{29}{32}$
	34	Estim	acão da c	rientação das cristas papilares	34
	0.1	3 4 1	Transicé		35
		342	Algoritz	no 1	37
		0.1.2	3 4 2 1	Transição válida	37
			3422	Estimação da orientação	37
		343	Algoritr	no 2	38
		0.1.0	3431	Novo rajo NB_{12} - Soma das médias da crista e vale	39
			3432	Novo rajo $NB2$:- Soma das médias da crista e 75% da	00
			0.1.0.2	média do vale	40
			3.4.3.3	Transição válida	43
			3.4.3.4	Estimação da orientação	44
D		1			47
Re					47
	3.0	Aprica	utivo para		41
	3.0	Estim		prientação das cristas papilares	48
		3.0.1	Algoritr	no 1	49
	97	3.0.2	Compar	ativo entre algoritmos 1 e 2	49
	3.7	Detec	çao de po	ros - Solução I - Angulo centro das transições	51
Co	onclu	são			57
Re	eferêr	ncias .			59

1 Introdução

A palavra biometria deriva do grego bios (vida) + metron (medida), e é cada vez mais conhecida atualmente devido ao crescente uso de sistemas automáticos de reconhecimento de indivíduos baseados em medidas biológicas (anatômicas e fisiológicas) e características comportamentais.

O problema de estabelecer uma associação entre um indivíduo e uma identidade pode ser dividido em duas categorias: autenticação e identificação. Autenticação refere-se ao problema de confirmar ou negar uma alegada identidade de um indivíduo, enquanto identificação refere-se ao problema de estabelecer a identidade, desconhecida à príncipio, de um indivíduo (THIAN, 2001) apud (MAGALHãES; SANTOS, 2003).

A biometria é considerada mais complexa de ser fraudada, por não ser facilmente substituída, falsificada e compartilhada, do que os métodos tradicionais de identificação de usuário que fazem uso de token (ex. chave), segredos (ex. senha) e dados pessoais (ex. CPF, RG) para autenticar e/ou identificar um sujeito (MALTONI et al., 2009).

As impressões digitais (fig. 1a), face (fig. 1b), íris (fig. 1c), voz (fig. 1d), assinatura (fig. 1e), e até a geometria das mãos (fig. 1f), estão entre as biometrias mais estudadas, ou implementadas.(BOLLE et al., 2003).



(a) Impressão digital



(d) Reconhecimento por Voz



(b) Reconhecimento facial



(e) Assinatura



(c) Reconhecimento pela Íris



(f) Geometria das mãos

Figura 1: Modalidades biométricas

As características biométricas são utilizadas isoladamente ou em conjunto para autenticar e/ou identificar um sujeito. Cada um dos métodos pode ser avaliado através dos parâmetros de nível de confiabilidade, de conforto, de aceitação e do custo de implementação (LIU; SILVERMAN, 2001).

Uma área recente da pesquisa biométrica, com grande impacto social e que até então era negligenciada na literatura, é a área de reconhecimento neonatal. Reconhecimento neonatal é um tema desafiador e poucos trabalhos são apresentados na literatura a respeito deste assunto (BHARADWAJ et al., 2010; JIA et al., 2010; LEMES et al., 2011; LEMES et al., 2014; TIWARI; SINGH; SINGH, 2012; WEINGAERTNER et al., 2008). Diferentes características biométricas têm sido utilizadas para este fim, no entanto algumas delas não satisfazem a exigência de permanência (JAIN, 2004) (i.e. faces (BHA-RADWAJ et al., 2010), linhas de fricção (JIA et al., 2010) e orelha (TIWARI; SINGH; SINGH, 2012)), inviabilizando sua utilização em uma confrontação futura pois tais características variam ao longo do tempo. Neste contexto, as cristas papilares foram escolhidas nos trabalhos de (LEMES et al., 2014; LEMES et al., 2012; LEMES et al., 2011), como uma forte alternativa para o reconhecimento de recém-nascidos, uma vez que sistemas que utilizam impressões digitais são bem aceitos e muito utilizados no reconhecimento de adultos, são não invasivos e o padrão biométrico das cristas não se altera ao longo da vida.

No entanto, a coleta de impressões papiloscópicas (Impressões digitais, impressões palmares e impressões plantares) em recém-nascidos é um processo difícil pois as cristas papilares são, em média, de 2,5 a 3 vezes menor do que em adultos (CUMMINS; MIDLO, 1961) e são mais suscetíveis à deformação. Porém, (LEMES et al., 2014; LEMES et al., 2011) mostraram que tais desafios podem ser superados, apresentando resultados consistentes quanto à análise de qualidade das imagens coletadas, extração de características e taxas de reconhecimento utilizando-se impressões palmares e plantares. Os resultados mostraram que o reconhecimento neonatal pode atingir taxas de reconhecimento tão boas quanto aquelas apresentadas por sistemas de reconhecimento em adultos.

Infelizmente a ocorrência anual de problemas relacionados ao reconhecimento neonatal é elevada em países de todo o mundo, sejam eles ricos ou pobres. Tais problemas referem-se a trocas de bebês em maternidades, roubos, adoções ilegais e tráfico de crianças. Neste contexto, este projeto visa contribuir para o estado-da-arte (JAIN; HONG; BOLLE, 1997) em desenvolvimento de sistemas computacionais de reconhecimento de impressões papiloscópicas de recém-nascidos, uma vez ainda não que existem ferramentas computacionais que possam ser utilizadas comercialmente para este fim.

Portanto, neste projeto propomos dar continuidade ao trabalho de (LEMES et al., 2014; LEMES et al., 2011) para aumentar a acurácia do algoritmo de extração de poros em impressões digitais, palmares e plantares. Como a estimação da orientação das cristas papilares é uma etapa importante do processo de reconhecimento em vários sistemas, ex. (HONG; WAN; JAIN,), desenvolvemos também uma abordagem leve e eficiente para

obter esta informação. Além disso, visando diminuir o estresse pós-parto no momento das coletas de impressões papiloscópicas, é necessário que esse processo seja rápido e eficiente. Assim sendo, desenvolvemos uma aplicação para celular ou tablet que em tempo real mostra a imagem coletada, analisando a qualidade e dando resposta ao usuário se a imagem deve ser ou não coletada novamente.

Este trabalho está organizado da seguinte forma: Seção 2 - revisão da literatura com os trabalhos relacionados ao tema; Seção 3 - descrição do sistema de reconhecimento biométrico e soluções implementadas para melhorar a extração de poros; Seção 3.4.3.4 - descrição dos resultados obtidos; Seção 3.7 - as conclusões e as contribuições do trabalho, seguido das referências.

2 Revisão da Literatura

Segundo (CUMMINS; MIDLO, 1943),(CASTELLANOS, 1953) apud (LEMES et al., 2014), as informações dermatoglíficas (cristas papilares) na superfície dos dedos, palma das mãos e planta dos pés, em feto humano, estão completamente formados após aos 18^a semana de gestação. A sua regeneração é constante e o padrão se mantém inalterado ao longo da vida.

As impressões papiloscópicas são formadas por um conjunto de cristas e vales distribuídos paralelamente uns aos outros, segundo determinada orientação e espaçamento. Diferentes características, fig. 2, podem ser extraídas para fins de identificação: minúcias; padrão geométrico; poros. (LEMES et al., 2014)



Figura 2: Características da digital. Fonte: (CUMMINS; MIDLO, 1961)

O método tradicional de obtenção da impressão digital, palmar ou plantar consiste na aplicação de uma fina camada de tinta sobre a região, que em seguida é pressionada sobre um papel, deixando impressos os padrões dos dermatóglifos. Estas impressões são utilizadas especialmente para finalidades de identificação, mas também para diagnóstico ou verificação de predisposição a doenças, e do potencial no desenvolvimento de atividades esportivas ou intelectuais (CUMMINS; MIDLO, 1943).

O uso das impressões papiloscópicas, para fins de identificação, é mais difundido por causa das suas características de: (1) variabilidade, a forma que os dermatóglifos assumem é tão variável, que não se repete em diferentes regiões das mãos, dedos ou pés do mesmo indivíduo, ou em indivíduos distintos; (2) classificabilidade, não obstante, esta variação ocorre dentro de limites que permitem uma classificação sistemática; (3)imutabilidade, sua forma, minúcias e poros são imutáveis; (4) e perenidade, são permanentes do nascimento à morte; (5) por não ser um processo invasivo (CUMMINS; MIDLO, 1943; KEHDY, 1968).

A identificação de recém-nascido é crucial para evitar trocas de bebês em hospitais,

sequestros de crianças e adoção ilegal. No Brasil, em 2012, foram registrados cerca de 500 casos de sequestro de crianças (SILVESTRE; RAMIRO, 2012), e esta não é uma realidade apenas de países subdesenvolvidos. Nos Estados Unidos entre os anos de 1983-2010, de acordo com o National Center for Missing and Exploited Children, 270 casos de sequestro de crianças foram reportados (BHARADWAJ et al., 2010). E estima-se que, nos Estados Unidos, onde cerca de 4,2 milhões de nascimentos acontecem por ano, ocorram aproximadamente 23.000 trocas anualmente (DALTON; LIM, 2005), na China houve recentemente o resgate de quase 400 crianças em operação contra tráfico de bebês (REUTERS, 2014).

Um dos métodos não biométricos mais utilizados em maternidades para fins de identificação neonatal é a colocação de pulseiras com códigos de identificação, logo após o nascimento. Entretanto, tal método pode ser fraudado alterando-se ou removendo-se a pulseira, além disso, o método não serve para uma futura identificação da criança (LEMES et al., 2012).

Outro método bastante popular, inequívoco e frequentemente empregado é a identificação utilizando o DNA, mas é um processo caro e que consome muito tempo (LEMES et al., 2011), além de, demandar laboratórios sofisticados. Este método também não é capaz de diferenciar gêmeos univitelinos, e é potencialmente invasivo (BOLLE et al., 2003) apud (LEMES et al., 2012).

Sistemas de reconhecimento facial com taxas altas de eficiência tem sido reportados ultimamente (PRETZEL, 2004; HUANG; WANG; YING, 2010), mas esta é uma tarefa difícil até mesmo quando aplicado a adultos (LI; JAIN, 2004). Isto ocorre porque tais sistemas são suscetíveis às variações de iluminação, pose e expressão. Além disso, a face de recém-nascidos também sofre fortes mudanças nos primeiros meses de vida, tornando difícil o reconhecimento de dado indivíduo no futuro utilizando esta mesma característica (LEMES et al., 2012).

Embora o reconhecimento por íris obtenha taxas expressivas de reconhecimento em adultos (DAUGMAN, 2007), não é recomendável sua utilização em bebês, uma vez que dificilmente abrem seus olhos. Além disso, deve-se evitar qualquer contato do olho do recém-nascido com tais dispositivos (LEMES et al., 2012). Outro fato relevante é que o padrão da íris somente se estabiliza depois do segundo ano de vida da criança (WEINGAERTNER et al., 2008).

2.1 Reconhecimento neonatal por impressões papiloscópicas

Em muitos países, o reconhecimento por impressão plantar tem sido utilizado para reconhecimento de recém-nascido desde muito tempo (JIA et al., 2010). Normalmente, as impressões plantares são coletadas utilizando-se tinta e papel, e então anexado ao registro médico do recém-nascido, junto com a impressão digital da mãe do bebê. Deste modo, é esperado que qualquer dúvida sobre o bebê ou a mãe dele/dela possa ser sanada (WEINGAERTNER et al., 2008).

Neste contexto, é possível encontrar diversos trabalhos que utilizam impressão digital, plantar e palmar na tentativa de realizar o reconhecimento manual, (MCMAHON et al., 1975). Cabe mencionar um dos primeiros dentre estes, o estudo feito por (GALTON, 1899), onde foi apresentado um estudo sobre impressão digital de recém-nascido extraídas utilizando-se tinta e papel, concluíram que impressões digitais coletadas até os 17 meses após o nascimento não são viáveis para realizar o reconhecimento.

Todos os estudos posteriores encontraram dificuldade e reportaram resultados na mesma direção de (GALTON, 1899), ou seja, problemas de legibilidade das impressões papiloscópicas, (LERNER, 1983; WEINGAERTNER et al., 2008). As principais razões são: (1) uso inadequado dos materiais (tinta, papel, cilindro); (2) Pessoal inexperiente para fazer a aquisição da impressão plantar; (3) A pele do bebê coberto com substância oleosa; (4) Espessura reduzida da epiderme do recém-nascido, cristas facilmente deformáveis ao entrar em contato com a superfície de coleta e preenchimento entre vales e cristas com a tinta; (5) Tamanho reduzido das cristas, que são até três vezes mais pequena do que em adultos (WEINGAERTNER et al., 2008). Sendo assim, de acordo com (WEINGAERT-NER et al., 2008) para que se possa coletar impressões papiloscópicas de recém-nascidos de forma eficiente é necessário um sensor com resolução de no mínimo 1500 (pontos por polegada)ppi para que claramente observe-se as cristas nelas.

Estudos posteriores de (LEMES et al., 2014; LEMES et al., 2012; LEMES et al., 2011) em que foram utilizados sensores com resolução de 1000 ppi e 2400 ppi, concluindo que para melhorar a performance do reconhecimento seria também necessários dois requisitos principais: (1) a resolução das imagens da impressão papiloscópicas com resolução maior que 1500, confirmando a declaração de (WEINGAERTNER et al., 2008), e (2) ter um protocolo de coleta apropriado para ser seguido no momento da aquisição das imagens (ex. limpando a superfície da mão, do pé, ou dedos com substâncias apropriadas e aplicando uma pressão adequada entre estes e o sensor).

3 Sistema de reconhecimento neonatal

Todo sistema biométrico é preparado para reconhecer, verificar ou identificar uma pessoa que foi previamente cadastrada.

O sistema biométrico de reconhecimento neonatal proposto por (LEMES et al., 2011) atua em dois modos que denominamos modo "online" e "offline":

- A Offline: refere-se ao pré-cadastramento das informações biográficas e biométricas da mãe e do bebê, bem como cadastro de informações papiloscópicas para gerar os modelos biométricos dos indivíduos. Nesta fase o sistema atua também em modo de identificação pois para cada impressão papiloscópica a ser armazenada no servidor, esta precisa ser comparada com todas as demais presentes na base de dados para garantir que não haja replicação de dados. Esta etapa pode ser realizada através do próprio dispositivo ou através de alguma outra aplicação, seja, aplicação web ou desktop, mas que esteja, de alguma forma, autenticada e conectada ao servidor.
- B Online: refere-se a utilização dos algoritmos de extração de pontos de interesse para efetuar o reconhecimento neonatal. Atua em modo de verificação e identificação dos indivíduos, no momento da alta hospitalar, por exemplo. Nesta etapa assume-se que o cadastro biográfico e biométrico da mãe e do recém-nascido já foram realizados anteriormente. Primeiramente coleta-se uma impressão digital da mãe e uma impressão plantar ou palmar do bebê. O sistema autentica a mãe, fazendo uma busca (Verificação 1:1, lê-se "um para um") no banco de dados, visto que a mãe já possui um cadastro. Uma vez que a mãe esteja autenticada, faz-se a autenticação do bebê confrontando a impressão palmar/plantar recém coletada com aquelas adquiridas no momento do nascimento e anexadas ao prontuário da mãe. Se houver uma falha de autenticação do bebê o sistema entra em modo de identificação, ou seja, a impressão palmar ou plantar precisa ser comparada com todas as demais no banco de dados (Identificação 1:N, lê-se "um para vários") para descobrir a identidade do indivíduo, pois neste caso pode ter havido uma troca acidental ou intencional.

O sistema é composto por três etapas: (1) a coleta de informações; (2) a autenticação e validação das informações enviadas e recebidas do servidor; (3) a etapa de análise e processamento das informações no servidor.

Na figura 3, as setas em vermelho representam o fluxo para o cadastramento offline, e em verde o fluxo para o reconhecimento biométrico da fase online. Em ambas as fases, as impressões papiloscópicas são coletadas em tempo real, a qualidade destas imagens é analisada e o usuário é instruído a refazer a coleta caso seja identificado que a amostra que está sendo coletada não possui condições de se extrair informações necessárias ao reconhecimento. Caso a análise de qualidade seja positiva, a imagem é então transferida ao servidor para que seja feita a segmentação das regiões de interesse e extração das características pelos descritores. Na fase offline as características extraídas geram um molde biométrico que é comparado com todos os moldes (1:N) na base de dados para garantir que não há replicação dos dados. Na fase online as características extraídas, tanto da mãe quanto do bebê, são primeiramente autenticadas (1:1) visto que a mãe fornece a sua identidade. Somente quando a autenticação falha é que o sistema online entra em fase de identificação (1:N) pois precisa-se garantir a identidade do bebê que estará deixando a maternidade. Neste caso mais traumático da necessidade da identificação, o sistema informa que houve uma possível troca e a maternidade então decide como resolver o problema da melhor forma possível. O melhor caminho definido pelos psicólogos é deixar a mãe e a criança irem embora, certificar que houve a troca, garantir a identificação correta, para só depois contactar as partes envolvidas. Isto evitaria um estresse maior por parte da mãe que acabou de passar por um parto e ainda encontra-se debilitada.



Figura 3: Fluxograma do reconhecimento biométrico.

O sistema foi subdividido em 4 partes ou módulos de desenvolvimento:

- 1. Dispositivo de coleta
- 2. Do aplicativo para celular Android
- 3. Do sistema cliente-servidor
- 4. Do sistema de reconhecimento biométrico

Como melhoria do sistema proposto por (LEMES et al., 2014), desenvolvemos uma ferramenta para classificação das impressões papiloscópicas quanto a qualidade, processando-as computacionalmente de modo que as características necessárias ao processo de reconhecimento sejam obtidas. Essa classificação foi realizada utilizando-se um algoritmo desenvolvido para celular, que utiliza o sistema operacional Android, visando dar resposta em tempo real sobre a qualidade das imagens, no momento da coleta. Caso a imagem possua qualidade suficiente para permitir a identificação dos recém-nascidos e da mãe, as imagens serão enviadas e armazenadas no servidor e a ferramenta passará para outras etapas da coleta ou do reconhecimento.

Desta forma, neste trabalho, foi desenvolvimento o módulo do aplicativo para celular, item 2 seção 3.1, o módulo do sistema cliente-servidor, item 3 seção 3.2, e foram feitas melhorias no módulo do sistema de reconhecimento biométrico, item 4 seção 3.3. A proposta deste projeto como um todo é o desenvolvimento de uma ferramenta de alta disponibilidade, confiabilidade, usabilidade e que possa cadastrar e reconhecer recémnascidos e mães em maternidades, rodoviárias, aeroportos e postos de fronteiras. Sendo assim deve cumprir os requisitos a seguir:

- Disponibilidade: O servidor estará disponível para envios das informações 24 horas por dia 7 dias por semana. Visando melhorar o tempo gasto na interação do aplicativo com servidor, as imagens devem ser enviadas pelo aplicativo utilizando algum algoritmo de compressão sem perda, e segura.
- Confiabilidade: Com base nas informações pré-cadastradas, o sistema gerará uma lista de dispositivos (White List) que tem permissão para o envio e recebimento de informações do servidor. O sistema deve prover um armazenamento adequado e seguro das imagens papiloscópicas.
- Usabilidade: Visto que o principal objetivo do sistema é o reconhecimento de recémnascidos, crianças e adultos, o dispositivo deve possuir facilidade de uso, pois a utilização deste sistema se torna necessária em variados ambientes com diferentes níveis de desafio tais como postos de fronteiras, maternidade, rodoviárias e aeroportos. Além disso, o dispositivo de captura deve ser pequeno, ergonômico e seguro quanto a higienização pois em se tratando de recém-nascidos prematuros o sensor deve estar apto a ser utilizado também dentro de incubadoras.

3.1 Do aplicativo para celular Android

A fig. 4 mostra a tela principal do aplicativo para sistemas Android. O aplicativo possui três funcionalidades iniciais:

 Cadastro Biográfico: Ao selecionar esta opção, a aplicação encaminha o usuário para a área de cadastro das informações biográficas da mãe e do pré-cadastro do recém-nascido;



Figura 4: Tela inicial.

2. Cadastro Biométrico: Ao selecionar esta opção, a aplicação encaminha o usuário para a área de captura das impressões papiloscópicas através do aplicativo e dispositivo de captura. Uma vez que o sensor esteja totalmente desenvolvido e incorporado ao sistema, o procedimento para análise da qualidade será feito em tempo real para garantir a coletabilidade das informações biométricas. O cadastro biométrico é feito em duas etapas. Na primeira etapa, o cadastro biométrico da mãe, o sistema faz 3 coletas da impressão digital do polegar direito da mãe. Após a captura de cada impressão digital é feita a análise da qualidade da imagem para determinar se há qualidade suficiente para executar o reconhecimento biométrico automático, utilizando o mesmo processo proposto por (LEMES et al., 2011; LEMES et al., 2014). Baseando-se nos resultados obtidos, a imagem é classificada como "Boa", "Normal", "Seca", "Úmida", "Borrada", representando respectivamente, a imagem com qualidade boa, regular, ruim, péssima e muita péssima, para o processo de reconhecimento biométrico. Dessa forma, o aplicativo decide automaticamente se prossegue para as próximas coletas ou se repete o procedimento para tentar coletar uma imagem com classificação "Boa"ou "Normal", descartando a imagem imprópria. E assim, após 3 coletas com sucesso, o sistema segue para a próxima etapa. Na segunda etapa, do cadastro biométrico do recém-nascido, o sistema faz a coleta de 9 impressões papiloscópicas, 3 impressões palmares, 3 impressões plantares e 3 impressões digitais. Cada impressão palmar e plantar é dividida em 4 regiões para ser executada a análise da qualidade em cada região, diferentemente da primeira etapa cujas impressões digitais são analisadas globalmente. Com base na qualidade de cada região o aplicativo decide automaticamente se prossegue para as próximas coletas, caso a imagem possua ao menos duas regiões classificados como "Boa"ou "Normal", ou se repete o procedimento para a coleta de outra impressão papiloscópica, descartando a imagem imprópria. Por se tratar de um procedimento interativo a todo momento a aplicação informará em qual etapa do processo o usuário se encontra e qual é o número de coletas já realizadas. A análise de qualidade em tempo real mostrou-se ser uma ferramenta muito útil pois guia o usuário na direção de efetuar todas as coletas de forma eficiente, garantindo qualidade dos dados biométricos coletados e orientando o usuário quanto ao procedimento adequado de coleta. Após cada coleta com sucesso, a imagem original e o mapa de qualidade da impressão papiloscópica são enviados para o servidor para que se possa extrair os pontos de interesse necessários ao processo de reconhecimento e geração dos modelos biométricos.

A fig. 5 mostra um exemplo de cadastro biométrico de um recém-nascido.



Figura 5: Resultado da qualidade. No topo está identificada a etapa do cadastro biométrico juntamente com o total de etapas necessárias para a finalização do cadastro. A esquerda, no centro está a imagem da impressão papiloscópica original. Ainda a esquerda, no rodapé em vermelho está identificada a região de interesse, um texto informando se a imagem coletada é uma imagem da impressão palmar ou plantar, e logo abaixo a informação numérica da coleta que está sendo executada, juntamente com o total de coletas a serem realizadas. A direita, no centro está o mapa da qualidade da impressão papiloscópica original. As áreas em verde, azul e vermelho representam, respectivamente, áreas com qualidade boa, regular ou ruim para o reconhecimento biométrico

3. Reconhecimento Online: Ao selecionar esta opção, a aplicação encaminha o usuário para a área de captura de impressões papiloscópicas para o reconhecimento no momento em que a mãe e o bebê estarão deixando a maternidade, ou seja, o cadastro biométrico de ambos já foi previamente feito e nesta etapa serão autenticados. O reconhecimento é executado em duas etapas: autenticação da mãe e o reconhecimento do recém-nascido. Na primeira etapa apenas uma impressão digital da mãe é coletada com respectiva análise de qualidade e requisição da identidade

para autenticação. Ou seja, após a coleta com sucesso, a imagem e o mapa de qualidade da impressão digital são enviados para o servidor sinalizando que deseja-se fazer a autenticação do indivíduo. O servidor compara, na modalidade autenticação (1:1), a impressão digital recém coletada com o molde biométrico no banco de dados relacionado à identidade fornecida pela mãe. Uma vez comprovada a autenticidade da mãe, o sistema seleciona os modelos biométricos das impressões papiloscópicas do recém- nascido que constam no prontuário desta mãe e segue-se para a próxima etapa. Na segunda etapa é feita uma coleta da impressão palmar ou plantar do recém-nascido. Uma vez coletada uma imagem com qualidade suficiente para se executar o reconhecimento biométrico, é feita a confrontação com os modelos do prontuário da suposta mãe do recém- nascido. Primeiramente é realizada a autenticação, ou seja, compara-se a imagem de entrada somente com aquelas constantes no prontuário da mãe autenticada na primeira etapa. Caso a autenticação falhar, o sistema precisa identificar o recém-nascido e informar que houve uma possível troca. Sendo assim, é preciso comparar impressões papiloscópicas do recém-nascidos com todas aquelas armazenadas no banco de dados, modalidade identificação 1:N.

3.2 Do sistema cliente-servidor

A comunicação cliente servidor é feita através de um serviço web que recebe e envia as informações usando o documento no formato JSON (JavaScript Object Notation), um documento semi-estruturado, leve e fácil de ser gerado, tanto pelo aplicativo para celular quanto pelo servidor. O sistema cliente servidor é responsável por gerenciar os dispositivos que estejam enviando ou requisitando dados do servidor, através de uma lista de dispositivos permitidos, pré-cadastrados no servidor. Para prover segurança na comunicação entre o servidor e cliente, algumas técnicas de segurança estão em estudo. Visando prover a segurança, manter a velocidade da comunicação e sofrer o mínimo de interferência na velocidade, está em estudo algumas formas de compressão de dados sem perda, uso de checksum para garantir que seja possível detectar se os dados foram alterados no caminho entre o cliente e o servidor e vice-versa. Esta parte do sistema é responsável também pela execução dos algoritmos para extração de pontos de interesse e por efetuar o reconhecimento biométrico.

3.3 Do sistema de reconhecimento biométrico

Neste projeto os algoritmos de reconhecimento são os mesmos utilizados por (LE-MES et al., 2014; LEMES et al., 2011), ou seja, uma combinação hierárquica e multimodal dos escores resultantes do matching e dos padrões dermatoglíficos. A contribuição nesta parte está relacionada ao desenvolvimento e adaptação dos algoritmos de extração de características necessárias ao reconhecimento.

3.3.1 Extração de características

A área de reconhecimento de padrões tem criado e modificado métodos de detecção e descrição de pontos de interesse (LEMES et al., 2014; SHUAI; ZHANG; HAO, 2008; BAY et al., 2008) visando reconhecer precisamente um objeto/indivíduo usando o mínimo de características. Cabe ressaltar que esses pontos de interesse são invariantes à maioria das transformações que podem afetar uma imagem, tais como: iluminação, escala, rotação, ruído e orientação da câmera.

Portanto, é interessante extrair pontos de interesse para reconhecer indivíduos utilizando imagens papiloscópicas. Foi neste contexto que (LEMES et al., 2014; LEMES et al., 2011) desenvolveram um método original de detecção de poros denominado de DPF (Dynamic Pore Filtering), específico para uso em imagens papiloscópicas.

O DPF mostrou-se ser uma solução mais robusta e eficiente quando comparada com abordagens clássicas da literatura para uso em adultos e, além disso, os poros são características altamente discriminantes e são encontrados em grande quantidade nas cristas papilares. Sendo assim, um dos objetivos deste trabalho é adaptar e otimizar a abordagem para extração de poros proposta por (LEMES et al., 2014; LEMES et al., 2011) para ser utilizada também em impressões digitais em alta resolução. É importante lembrar que até então não se tinha utilizado nenhum método para extração de poros em impressões digitais. Os resultados preliminares no entanto ainda não alcançaram taxas de detecção similares àquelas apresentadas para impressões palmares ou plantares. Isto se deve ao fato principalmente das impressões digitais serem menores e ainda mais suscetíveis à deformação do que impressões palmares ou plantares. No entanto, cabe ressaltar que os algoritmos ainda se encontram em fase de adaptação e desenvolvimento.

Apesar do DPF ser uma solução eficiente e robusta, esta encontra problema ao detectar, equivocadamente, bifurcação como sendo poro aberto. A figura 6 mostra um exemplo de detecção de poros realizada pelo algoritmo, onde poros de diferentes tamanhos e formatos podem ser vistos.

Neste contexto, propomos duas abordagens para tentar resolver o problema dos falsos poros abertos. Estas duas abordagens são mostradas em mais detalhes nas duas subseções a seguir.

3.3.2 Solução 1 - Ângulo centro das transições

A figura 7 ilustra um exemplo da primeira etapa do algoritmo. Para cada ponto P_i (círculo verde) detectado como poro aberto é encontrado o ponto central C (círculo



Figura 6: Poros no padrão dermatoglífico. Poros fechados (círculos); poros abertos (quadrados): classificados corretamente(quadrados azuis); classificados incorretamente(quadrados verdes).

amarelo), ponto médio, da transição brilhante (tracejado) que pertence ao raio R_i (circunferência azul), como calculado em (LEMES et al., 2014). Transição brilhante corresponde a transição (definido no tópico 3.4) da crista para o vale juntamente com todos os pixels do vale até ocorrer a transição do vale para a crista. Vale ressaltar que no poro aberto é detectada apenas uma transição, ou seja, uma abertura. Após definição do ponto central C, é calculada a inclinação $I(\text{semi-círculo amarelo}), [-\pi; +\pi]rad$, da reta $R_i(\text{seta preta})$ que passa pelo ponto P_i e centro C em relação ao eixo X.



Figura 7: Definição da inclinação I

Na próxima etapa do algoritmo, ilustrado na figura 8a, um novo raio NR_i (circunferência vermelha) é calculado com 3,5 vezes o tamanho do raio R_i (circunferência azul), definido empiricamente uma vez que o ponto candidato a poro se encontra em uma crista, espera-se que 3 vezes o raio englobe dois vales adjacentes à crista onde se encontra o poro candidato e toque as cristas vizinhas, figura 8b. Para cada transição brilhante(tracejado) em NR_i é encontrado o ponto central C (círculo amarelo), ponto médio da transição brilhante. E então é calculada a inclinação NI_i , $[-\pi; +\pi]rad$, em relação ao eixo X. Para cada inclinação NI_i é verificado se alguma inclinação coincide com a inclinação θ_i . Coincidindo, o ponto é classificado como bifurcação e não como poro aberto. A ideia é que quando se estende o raio, encontra-se a crista vizinha, e assim não teremos como ponto médio da transição o vale que sempre se mantém à frente da bifurcação.



Figura 8: Definição da inclinação NI_i

ou não.

Algoritmo 1: Píxel é bifurcação
Entrada: r, P_i
Saída: Booleano indicando se é bifurcação
1 início
2 $t_b = pixels \ da \ transicão \ brilhante \ no \ perímetro \ da \ circunferência \ de \ raio \ r$
$3 \qquad C = centro \ transicão \ brilhante \ t_b$
5 $I = inclinação da reta R em relação ao eixo X$
6 $NR_i = 3.5 * r$
$ au = t_{b_2} $
pixels das transições brilhantes no perímetro da circunferência de raio NR_i
s para $cada t_i \in t_{b_2}$ faça
9 $C_i = centro \ transicão \ brilhante \ t_i$
10 $R_i = reta \ entre \ C_i \ e \ P_i$
11 $NI_i = inclinação da reta R_i em relação ao eixo X$
12 se $I == NI_i$ então
13 retorna Verdadeiro;
14 fim
15 fim
16 retorna Falso;
17 fim

3.3.3 Solução 2 - Perpendicular a orientação da crista

Para cada ponto $P_i(x, y)$ (círculo verde) detectado como poro aberto é encontrado o ponto central C_i (círculo amarelo), ponto médio, da transição brilhante (tracejado) que pertence ao raio R_i (circunferência azul), como calculado em (LEMES et al., 2014). Transição brilhante corresponde a transição (definido no tópico 3.4) da crista para o vale juntamente com todos os pixels do vale até ocorrer a transição do vale para a crista, como exemplificado na figura 9.

Após a definição do ponto central $C_i(x', y')$ um vetor unitário $\overrightarrow{u_i}(x'', y'')$ do vetor $\overrightarrow{v_i}(a, b) = \overrightarrow{P_iC_i} = (x' - x, y' - y)$ é calculado segundo a fórmula:

$$\overrightarrow{u_i} = rac{\overrightarrow{v_i}}{\|\overrightarrow{v_i}\|}$$

Onde:

$$\|\overrightarrow{v_i}\| = \sqrt{a^2 + b^2}$$



Figura 9: Centro da transição

Como mostrado na figura 10, busca-se o primeiro ponto escuro $Pe_i(x, y)$, círculo vermelho, na mesma direção e no sentido inverso ao vetor unitário u_i (seta preta). E então, encontra-se a orientação θ em radianos em relação ao eixo x, a reta em verde.



Figura 10: Solução 2: Poro aberto

Caso θ não seja perpendicular ao vetor unitário u_i , o ponto em análise é classificado como ponto de bifurcação, pois espera-se que os pontos escuros na bifurcação, como por exemplo o ponto $Pe_i(x, y)$, tenham uma angulação no sentido de alguma das 3 cristas que formam a bifurcação, como mostrado na figura 11.

Abaixo é descrito o pseudo-código da solução, pseudo-código 2, que recebe o raio r e o ponto detectado como poro aberto P_i como entrada do algoritmo e retorna se o



Figura 11: Solução 2: Bifurcação

mesmo é um ponto de bifurcação ou não.

Algoritmo 2: Píxel é bifurcação
Entrada: r, P_i
Saída: Booleano indicando se é bifurcação
1 início
2 $t_b = pixels \ da \ transicão \ brilhante \ no \ perímetro \ da \ circunferência \ de \ raio \ r$
3 $C = centro transicão brilhante t_b$
$4 \qquad u_i = reta \ entre \ C \ e \ P_i$
5 $P_e = pixel \ de \ intersecão \ da \ crista \ com \ a \ reta \ R$
$6 \qquad \theta = orientac \tilde{a} o \ de \ P_e$
7 se θ não for perpendicular a u_i então
8 retorna Verdadeiro;
9 fim
10 retorna Falso;
11 fim

3.4 Estimação da orientação das cristas papilares

Para implementar a solução descrita no tópico 3.3.3 é necessário que se tenha previamente calculado o campo direcional(a orientação) das cristas. O campo direcional de uma impressão papiloscópica descreve os padrões contidas nesta (COSTA, 2001). Com isso, pode-se extrair a orientação das cristas para definir a classificação primária da impressão papiloscópica (JUNIOR, 2009) e também compor um quadro complementar de informação para minúcias e poros, proporcionando melhores resultados de reconhecimento.

Métodos clássicos descritos na literatura para esse fim (STOCK; SWONGER, 1969; KARU KALLE; JAIN, 1996; WILSON C. L.; CANDELA, 1994) calculam a direção

de um pixel usando diferença de gradiente em uma máscara 9x9 centrada no pixel de interesse e o método proposto por (MEHTRE B. M.; MURTHY, 1987), que utiliza uma abordagem relacionada ao somatório das diferenças de valores dos tons de cinza da imagem em uma região local.

A estimação da orientação das cristas papilares é uma etapa importante do processo de reconhecimento em muitos trabalhos na literatura. Para isso, desenvolvemos algumas ideias para obter esta informação.

3.4.1 Transições

Como mostrado na figura 12, para estimar a orientação das cristas, primeiramente calcula-se o perímetro da circunferência de raio R_i (circunferência azul), como definido em (LEMES et al., 2014), para cada ponto de interesse (ponto analisado) px_i (círculo verde central) na crista - conjunto de pontos escuros (pontos com intensidade menor ou igual a média local dos tons de cinza). Assim, um novo raio NR_i (circunferência vermelha) é definido empiricamente como sendo 2 vezes a média local das quatro direções (distância entre o centro e o primeiro ponto branco à direita, a esquerda, acima e abaixo) dos pontos analisados, como mostrado na figura 12. Espera-se que o raio NR_i englobe dois vales adjacentes à crista onde se encontra o ponto analisado e principalmente englobe a crista em que se encontra o pixel analisado.

Como mostrados na figura 12, a abordagem proposta parte da análise do círculo envolvente para detectar pontos de transição nas cristas. Cada ponto de transição sobre o perímetro da circunferência de raio NR_i , ou seja, ponto de transição de intensidade de claro para escuro ou de escuro para claro, é classificado como entrada de crista PI_i , circunferências verdes, ou saída de crista PF_i , circunferências amarelas percorrendo NR_i no sentido horário.

Uma vez encontradas as transições T_i (definidas pelos pontos PI_i e PF_i , os três semi-círculos vermelhos não tracejados na figura 12), necessita-se estimar qual destas transições pertencem a mesma crista que o ponto analisado px_i , denominando-se como transição válida. Estas transições normalmente são duas para pontos no meio das cristas, uma transição para pontos próximos à minúcia fim de linha e três transições para pontos próximos às minúcias bifurcações. Espera-se que após esta etapa se tenha ao menos uma transição válida T_{v_i} (com os pontos PI_{v_i} e PF_{v_i}). Havendo mais de uma transição válida T_{v_i} é feito filtragem a fim de escolher a transição que melhor estime a orientação da crista. Uma vez que se tenha uma transição válida T_{v_i} é executado o procedimento para a estimação da orientação da crista.

Para detectar os pontos de transição começamos analisando o pixel $px_{inicial}(x, y^2)$, ponto mais acima pertencente ao perímetro da circunferência de raio NR_i , círculo pre-



Figura 12: Transições de crista sobre o perímetro da circunferência do raio.

enchido em roxo. Caso o ponto $px_{inicial}$ seja ponto de crista, caminhamos pelos pixels no perímetro da circunferência de raio NR_i no sentido anti-horário, seta em azul, até encontrar o primeiro ponto de entrada de crista (círculo azul imediatamente anterior a $px_{inicial}(x, y2)$). Após encontrar o ponto de transição de entrada de crista o algoritmo segue no sentido horário. Caso o ponto $px_{inicial}(x, y2)$ seja ponto de vale o algoritmo segue no sentido horário desde o primeiro momento. Isto é feito para marcar dois a dois os pontos de transições como entrada/saída o que caracteriza uma transição, como exemplificado na figura 13.



Figura 13: Início do percurso no perímetro da circunferência do raio.

3.4.2 Algoritmo 1

3.4.2.1 Transição válida

Para cada ponto de transição, $PI_i(a, b)$ ou $PF_i(c, d)$, é calculada a soma da quantidade de pixels escuros S_i no trajeto $\overrightarrow{T_i}$ (tracejado em ciano - figura 14) entre cada um dos pontos de transição e o ponto de interesse central $px_i(x, y)$. O trajeto $\overrightarrow{T_i}(u, v)$ é equivalente aos vetores $\overrightarrow{px_iPI_i}(a-x, b-y) \in \overrightarrow{px_iPF_i}(c-x, d-y)$, ou seja, u = (a-x) ou (c-x)e v = (b-y) ou (d-y), dependendo da classificação do ponto de transição (entrada ou saída de crista). O vetor unitário $\overrightarrow{VU_i}(x', y')$ é calculado segundo a fórmula:

$$\overrightarrow{VU_i} = \frac{\overrightarrow{T_i}}{\|\overrightarrow{T_i}\|}$$

Onde:

$$\|\overrightarrow{T_i}\| = \sqrt{u^2 + v^2}$$

Após o cálculo da soma S_i no trajeto \overrightarrow{T}_i descarta-se todos os pontos de transição nos quais as somas S_i não atinjam o limiar de L% de pontos escuros. No exemplo da figura 14 os pontos de transição PF_2 , PF_3 , PI_3 são descartados.



Figura 14: Descarte de pontos de transição.

3.4.2.2 Estimação da orientação

Após a definição das transições válidas é feita uma permutação dois-a-dois entre os pontos de entrada e saída de crista, ou seja, para cada ponto de transição válido de entrada de crista PI_i é traçada uma reta $\overrightarrow{NT_i}$ para cada ponto de saída de crista PF_i . E assim, é calculada a maior soma da quantidade de pixels escuros NS_i nos trajetos $\overrightarrow{NT_i}$. Caso a maior soma NS_i dos trajetos $\overrightarrow{NT_i}$ seja maior que a largura da crista, largura esta definida como no trabalho de (LEMES et al., 2014), é calculada a inclinação θ_i (semicírculo amarelo) entre os pontos $PI_i(a, b) \in PF_i(c, d)$, pertencentes ao maior trajeto $\overrightarrow{NT_i}$, e o eixo X, como visto na figura 15.



Figura 15: Definição de transições válidas e estimação da orientação da crista.

Onde:

$$\theta_i = arco \ tangente(\frac{y'}{x'})$$

 $x' \in y'$ pertence a \overrightarrow{PFPI} , onde x' = c - a e y' = d - b.

O ângulo θ é calculado utilizando-se a função atan2 da linguagem C e varia entre $[-\pi; +\pi]rad$. Assim, uma inclinação θ_i é atribuída para cada ponto de interesse $px_i(x, y)$ da imagem direcional Img_dir .

3.4.3 Algoritmo 2

O algoritmo 1, tópico 3.4.2.1, necessita de um limiar L% para descartar todos os pontos de transições cujas somas S_i não atinjam o limiar de porcentagem de pontos escuros. A determinação desse limiar L% mostrou-se mais complexa do que o esperado, uma vez que para cada imagem, ou para cada região diferente numa mesma imagem, é necessário um limiar L% diferente que maximize a acurácia dos resultados. Um limiar L%muito alto, próximo de 100, tende a eliminar muita transição que por sua vez poderia ser classificada como válida. Por exemplo, os pontos de transição PF1, PF2 na mesma crista que o pixel analisado, mostrado na figura 16a, tenderiam a serem descartados. Desta mesma forma, ao permutar o ponto entrada de crista PI1 da transição T1(PI1, PF1)com o ponto final de crista PF2 da transição T2(PI1, PF2), e vice-versa, as combinações PI1PF2 e PI2PF1 poderiam ser invalidadas sobrando apenas as transições originais T1 e T2 a serem analisadas como transições válidas. No entanto não se teria a maior distância paralela ao eixo da crista, calculando desta forma a orientação de forma errada, como pode ser visto através das linhas tracejadas azuis na figura 16b. Com o limiar L% muito baixo, próximo a 50, o algoritmo tende a deixar algumas transições não válidas, caso a crista esteja muito próxima de uma crista vizinha, por exemplo. Isto é exemplificado na figura 16a onde utilizou-se limiar L% de 50 em que todos os pontos de transição são mantidos como pontos de transição válidos. No entanto, levando em consideração o exemplo da figura 16b, este limiar L\$ de 50 manteria a transição da permutação PI1PF2 ajudando no cálculo correto da orientação da crista que seria a maior reta entre as transições válidas que restaram, ou seja, neste exemplo todas as transições.



Figura 16: Estimando transições.

3.4.3.1 Novo raio $NR1_i$ - Soma das médias da crista e vale

Uma nova opção para o problema do cálculo do tamanho do raio NR_i foi a utilização de uma nova fórmula onde:

$NR1_i = media \ do \ raio \ da \ crista + media \ do \ raio \ vales$

Sendo as médias calculadas como em (LEMES et al., 2012).

A figura 17 mostra exemplos em que utilizamos o novo raio $NR1_I$, círculos em vermelho. Os círculos em amarelos são os pontos analisados, círculos azuis são os pontos que o algoritmo detecta como sendo entrada de transição de crista e círculos em verdes são os pontos detectados como saída de transição de crista. Esta abordagem apresentou uma resposta mais lógica pois teoricamente, a partir do centro, definimos um círculo que tem o tamanho médio da crista onde se encontra o ponto analisado mais o tamanho médio dos vales em torno da crista analisada. Assim, espera-se que o círculo envolvente do ponto candidato atinja as cristas vizinhas, possibilitando a detecção dos pontos de entrada e saída de cristas de forma mais eficiente.



Figura 17: Imagem com raio $NR1_I$.

3.4.3.2 Novo raio $NR2_i$ - Soma das médias da crista e 75% da média do vale

O cálculo para o novo raio $NR1_i$ mostrou-se ser muito grande, alcançando as duas cristas vizinhas, tanto em pontos candidatos que encontram-se no centro da crista analisada quanto em pontos que encontram-se próximos de uma das bordas da crista analisada. No entanto, houve um problema com cristas do tipo ilha, caracterizada como dois fins de linha muito próximos e pertencentes a uma crista isolada na digital, como mostrada na figura 18a. A figura 18b mostra um exemplo utilizando o novo raio $NR1_I$, círculo em vermelho, juntamente com as transições encontradas neste raio. Observa-se que apesar do novo raio $NR1_i$ passar próximo a ilha, somente são encontrados pontos de transição nas cristas vizinhas. Portanto, esta abordagem também não surtiu o efeito esperado de poder detectar a orientação em uma ilha por exemplo. Além disso, em cristas muito próximas o raio muito grande tende a manter os pontos de transição mesmo em cristas vizinhas, gerando falsos resultados.

Com isso, definiu-se um novo cálculo para o novo raio $NR2_i$, como:

 $NR2_i = media \ do \ raio \ da \ crista + media \ do \ raio \ vales * 0.75$



Figura 18: Cristas do tipo ilha.

O cálculo para o novo raio $NR2_i$ mostrou-se promissor na detecção de pontos de transição que encontram-se nas ilhas. A figura 19 mostra um exemplo utilizando o novo raio $NR2_I$, círculo em vermelho, em uma ilha.



Figura 19: Raio $NR2_i$ na ilha.

O cálculo dos novos raios $NR1_i e NR2_i$ são coerentes para auxiliar na detecção de pontos de transição que encontram-se nas ilhas e pontos candidatos no meio das cristas. No entanto, caso o ponto candidato esteja próximo da borda da crista, os cálculos de raios propostos mostram-se não muito eficientes, pois espera-se que o raio seja grande o suficiente para detectar pontos de transição na crista em que se encontra o ponto analisado e seja pequeno o suficiente para não detectar pontos de transição nas cristas vizinhas. Ou seja, busca-se na situação ideal, um raio que envolva somente a crista do ponto analisado. Sendo assim, antes de realizar o procedimento descrito no tópico 3.4.3.2, corrige-se primeiramente a posição do ponto analisado px_i para a posição Npx_i , o mais central possível na crista, respectivamente, círculos preenchidos em amarelo e roxo, mostrado na figura 20a e 20c. Isto é feito uma vez que, para cada ponto px_i , sabe-se o comprimento máximo C nas 4 direções (esquerda C_e , direita C_d , cima C_c e baixo C_b - setas amarelas, vermelhas, azuis e verdes, respectivamente na figura 20b).

Os comprimentos C_e , C_d , $C_c \in C_b$ são encontrados executando-se uma busca nestas quatro direções pelo primeiro ponto claro. Ou seja, o ponto analisado é escuro, um ponto da crista, e procura-se pelo primeiro ponto nas quatro direções que pertença ao vale, pontos claros. Os comprimentos em cada direção são o valor mínimo entre o limiar L_c e o comprimento C_x , sendo x = e, d, c, b. Onde C_x é a quantidade de pixels escuros px_e (intensidade $I_{px_e} \leq mediaLocal$) na reta r entre o pixel analisado px_i e o primeiro ponto claro px_c (intensidade $I_{px_e} > mediaLocal$) na direção x. O limiar L_c foi definido empiricamente como 20. O cálculo do comprimento destas quatro direções para cada ponto de crista e vale é explicado em maiores detalhes no trabalho desenvolvido em (LEMES et al., 2012).

Considerando os quatro comprimentos, define-se os comprimentos $C_{larg} \in C_{alt}$, tal que $C_{larg} = C_e + C_d \in C_{alt} = C_c + C_b$, respectivamente. Calcula-se o menor comprimento C_m , onde $C_m = min(C_{larg}, C_{alt})$. Após a definição do menor comprimento C_m , calcula-se a média *med* do comprimento C_m , onde:

$$med = \begin{cases} \frac{C_{\text{alt}}}{2} & C_m = C_{\text{alt}} \\ \frac{C_{\text{larg}}}{2} & C_m = C_{\text{larg}} \end{cases}$$

E, calcula-se o salto s, onde:

$$s = \begin{cases} med - min(C_c, C_b) & C_m = C_{alt} \\ med - min(C_e, C_d) & C_m = C_{larg} \end{cases}$$

O salto s define quantos pixels são necessários 'saltar' para se conseguir alcançar o ponto médio px_m entre as direções (esquerda ou direita, cima ou baixo) do comprimento de menor distância, centralizando o ponto px_i na crista. Uma vez calculado o salto faz-se a operação de soma ou subtração ao pixel analisado px_i em direção ao eixo x ou y. A nova posição Npx_i do ponto px_i é dada por:

$$Npx_i = px_{iy} + \begin{cases} +s & C_c \ge C_b \\ -s & C_c < C_b \end{cases}, para \ C_m = C_{\text{alt}}$$

ou

$$Npx_i = px_{i_x} + \begin{cases} +s & C_d \ge C_e \\ -s & C_d < C_e \end{cases}, para \ C_m = C_{\text{larg}}$$

Após a definição da nova posição Npx_i , círculo preenchido em roxo mostrado na figura 20c, que chamaremos de ponto médio px_m , é traçado o raio R_i com o centro em px_m , como definido anteriormente no tópico 3.4.3.2 e mostrado na figura 20d. Após o procedimento de centralização do ponto analisado, o procedimento continua, encontrandose os pixels de transição da crista como descrito no tópico 3.4.1, apenas modificando o valor de NR_i para o valor de raio R_i e o pixel analisado de px_i para o ponto médio px_m .



Figura 20: Passo a passo centralização dos pontos analisados.

3.4.3.3 Transição válida

Os algoritmos 1 e 2 para determinação dos pontos de transição nas cristas tem problema quando o raio passa por cima de poros, interferindo na definição do ponto médio px_m e na detecção dos pontos de transição, como mostrado na figura 21a. Para resolver este problema desenvolvemos uma abordagem que para cada transição T definida pelos pontos de entrada de crista PI_i e saída de crista PF_i , calcula-se a distância euclidiana $dist_i$ entre o ponto de entrada de crista PI_i e o ponto de saída de crista $PF_{i+1 \mod N}$ da próxima transição, onde N é a quantidade de transições e $i + 1 \mod N$ é para garantir que a última transição compara com a primeira transição. Caso a distância $dist_i$ seja menor que duas vezes o raio local da crista (estimado utilizando-se as 4 direções do ponto analisado, esquerda C_e , direita C_d , cima C_c e baixo C_b , como calculado em (LE-MES et al., 2014)), faz-se a união das duas transições. A figura 21 mostra um exemplo de antes e depois da união da crista.



Figura 21: Junção de transições.

Com as novas transições nT, para cada ponto inicial PI_i e final PF_i de transição de crista é feito o menor retângulo mr_i que envolve PI_i , PF_i e o ponto médio px_m . A figura 22 mostra um exemplo da execução passo-a-passo.

Por fim, ranqueamos os retângulos mr_i com base na porcentagem de pixels escuros dentro da região de mr_i e na distância $dist_i$ entre PI_i e PF_i de cada transição nT_i .

A transição na primeira posição do rank é considerada como transição válida T_{v_i} entre os pontos PI_{v_i} e PF_{v_i} , que será usada para cálculo da orientação da crista.

3.4.3.4 Estimação da orientação

Após a escolha da transição válida no rank1 é encontrada a posição px_c , círculo preenchido em vermelho, do pixel central da reta R_i entre os pontos PI_{v_i} e PF_{v_i} pertencentes a transição válida, como mostrado na figura 23a. Sendo:

$$px_{c} = \left(\frac{X_{PI_{v_{i}}} + X_{PF_{v_{i}}}}{2}, \frac{Y_{PI_{v_{i}}} + Y_{PF_{v_{i}}}}{2}\right)$$



Figura 22: Passo a passo retângulos envolventes.

Após a definição da posição px_c do pixel central calcula-se o ângulo θ_i da inclinação, semi-círculo amarelo, entre o ponto médio $px_m(x, y)$ (círculo preenchido em roxo) e o ponto $px_c(a, b)$ (círculo preenchido em vermelho), com relação ao eixo x, como mostrado na figura 23b.

Onde:

$$\theta_i = arco \ tangente(\frac{y'}{r'})$$

 $x' \in y'$ pertence a $\overrightarrow{px_cpx_m}$, com $x' = x - a \in y' = y - b$.

O ângulo θ_i é calculada utilizando-se a função atan2 da linguagem C e varia entre $[-\pi; +\pi]rad$. E assim, uma inclinação θ_i é atribuída para cada ponto de interesse $px_i(x, y)$ da imagem direcional $Img_direcional$.





Resultados

3.5 Aplicativo para celular Android

O algoritmo de cálculo de qualidade das impressões papiloscópicas é o mesmo que o utilizado por (LEMES et al., 2014). Inicialmente, ao transcrever o código original em C para a aplicação, o tempo de execução para estimar a qualidade de uma imagem papiloscópica digital era em média de 1 minuto e a estrutura para armazenar a imagem era o Mat, uma classe que representa um array numérico n-dimensional de um ou multi-canal.

Este resultado tornava o reconhecimento biométrico em tempo real inviável, pois na etapa de cadastro biométrico, o sistema faz a coleta de 12 impressões papiloscópica de boa qualidade, 3 imagens da impressão digital da mãe e 9 impressões papiloscópicas do bebê, 3 impressões palmares, 3 impressões plantares e 3 impressões digitais. Sendo assim (assumindo que cada impressão coletada fosse classificada como boa) para realizar a coleta das informações biométricas o sistema demoraria em média 12 minutos.

Visando fazer com o que o processo fosse em tempo real, foram realizadas melhorias no algoritmo: (1) utilizando-se a classe Bitmap ao invés da classe Mat, pois percebeu-se que a utilização de estruturas semelhantes a Mat afetava negativamente o desempenho da aplicação; (2) trocando-se as multiplicações por somas. Buscou-se seguir conceito de programação dinâmica utilizando-se do resultado anterior para encontrar o próximo.

Houve uma melhora considerável no tempo de execução do algoritmo que baixou para em média 10 segundos.

O tempo que julgava-se ideal para executar esta etapa seria de no máximo 1 segundos. Na tentativa de alcançar este tempo optou-se por utilizar estruturas primitivas, int, char, short,..., encontrados na linguagem de programação Java. E fez-se a reutilização de variáveis e chamada direta do Garbage Collector para minimizar o uso da memória. Obtendo-se uma média do tempo de execução de 700 milissegundos.

Como a ideia para o aplicativo era criá-lo para rodá-lo em um dispositivo com sistema Android acoplado ao sensor de coleta, realizou-se teste do aplicativo em 3 aparelhos: (D1) LG G2 mini D618 com CPU Quad-core 1.2 GHz Cortex-A7 e 1 GB RAM; (D2) Samsung Galaxy Note II N7100, com CPU Quad-core 1.6 GHz Cortex-A9 e 2 GB RAM; (D3) Samsung Galaxy mini 2 S6500, com CPU 800 MHz Cortex-A5 e 512 MB RAM. Na tentativa de verificar qual seria a especificação mínima necessária para executá-lo. O aplicativo rodou com todas as funcionalidades apenas no dispositivo D1. No dispositivo D2 a aplicação retornava erro de estouro de memória antes mesmo de rodar o algoritmo de cálculo da qualidade da imagem. O D3 ocorreu o mesmo erro do D2. Apesar do dispositivo D2 ter configuração melhor que os demais o aplicativo não funcionou corretamente e, assim, acredita-se que o mau funcionamento do aplicativo, no mesmo, seja devido a quantidade de aplicativos que estavam em execução, em segundo plano, no momento do teste. E também, ao fato de que no dispositivo D1 termos mudado o modo de execução dos aplicativo Dalvik para ART e no dispositivo D2 utilizou-se o Dalvik. Dalvik é baseado na compilação JIT(just in time). Isto significa que cada vez que executa um app, parte do código exigido para executá-lo vai ser compilado para o código de máquina naquele momento. ART, por outro lado, compila a linguagem intermediária, bytecode Dalvik, no sistema binário de dependência. Todo código do app será pré-compilado durante a instalação (somente uma vez), removendo assim o atraso que vemos quando abrimos um app no dispositivo. Sem necessidade de compilação JIT, o código deve ser executado muito mais rápido (VITAS, 2013).

Também foi feita uma adaptação no código para rodar o algoritmo de qualidade sem a necessidade de carregar a galeria de imagens das impressões papiloscópicas, buscando simular o que aconteceria quando houvesse o sensor de coleta, onde seria carregado na memória do dispositivo a impressão coletada em tempo real e não várias imagens como acontecia na galeria. Com isso, foi possível rodar a aplicação no dispositivo D3.

Visando diminuir o tempo de resposta entre o momento de coleta pelo aplicativo e a resposta do servidor testou-se o WSQ, Wavelet Scalar Quantization (FBI, 2010), amplamente utilizado e validado pelo National Institute of Standards and Technology (NIST) e o resultado do reconhecimento, à princípio, foi o mesmo de antes da compressão. A imagem 24 mostra o resultado de reconhecimento entre a imagem original e a imagem que foi comprimida e enviada. A área em verde são os pontos de correspondências(genuine match) entre a imagem da esquerda e a central. Vale ressaltar que fizemos apenas alguns testes e que para confirmar que o método é aplicável, este deverá ser testado com toda uma base de dados para verificar se a taxa de reconhecimento permanece a mesma. E também, que a imagem original tem 12 MB e a comprimida 2 MB.

Os testes foram de grande importância para otimizar todos os algoritmos de coleta, análise de qualidade e pré-processamento. Atualmente, tais melhorias foram utilizadas para compor parte do sistema que está sendo desenvolvido para disponibilizar comercialmente uma solução biométrico para reconhecimento neonatal.

3.6 Estimativa da orientação das cristas papilares

Duas abordagens para estimativa da orientação das cristas papilares foram propostas e de forma que pudéssemos avaliá-las quanto a precisão dos resultados um ground truth foi realizado. Para isso, marcamos manualmente em cinco imagens de impressão digital 50 pontos, 10 pontos em cada imagem, com suas respectivas orientações reais. A



Figura 24: Quantidade de pontos com 'genuine match' entre a imagem original e a imagem que foi comprimida com o WSQ

partir dessas orientações foi possível comparar os resultados obtidos pelos dois métodos.

3.6.1 Algoritmo 1

Na tabela 1 mostramos o desvio padrão das orientações da crista, em radiano, detectados pelo algoritmo 1 variando-se o limiar de descarte de pontos de transição entre 50% e 90%, nas cinco imagens constantes no ground truth.

$\boxed{\text{limiar } L}$	Imagem 1	Imagem 2	Imagem 3	Imagem 4	Imagem 5	Média
50,00%	0,950756	1,05313	0,616187	0,829175	$0,\!489327$	0,787715
60,00%	0,937376	0,99169	0,787797	1,03239	0,517855	0,8534216
70,00%	1,0063	1,09746	0,755713	1,10361	0,529632	0,898543
80,00%	1,12138	1,20754	1,12391	1,00615	0,543218	1,0004396
90,00%	1,1632	1,3235	1,23078	1,18939	0,556755	1,092725

Tabela 1: Desvio padrão, em radiano, dos limiares l

Observa-se que o limiar L que possui o menor desvio em relação as orientações reais do ground truth é o limiar de 50% que na média dos desvios para as 5 imagens é 0,787715. Sendo assim, optou-se por utilizar este limiar para o algoritmo 1.

A figura 25 mostra os resultados da orientação das cristas para os limiares variando entre 50% e 90% para uma das imagens dentre as cinco avaliadas.

3.6.2 Comparativo entre algoritmos 1 e 2

Tentou-se utilizar um algoritmo estado-da-arte (JAIN; HONG; BOLLE, 1997) para comparar também com os dois algoritmos desenvolvidos, mas houve problema na



(e) 90%

Figura 25: Resultados do algoritmo 1 variando o limiar L.

normalização dos dados nos quais não foi possível comparar as orientações calculadas pelos métodos. Por exemplo, o valor máximo e mínimo retornado pelo método estadoda-arte (JAIN; HONG; BOLLE, 1997) é $\frac{\pi}{2}e - \frac{\pi}{2}$, respectivamente, mas o intervalo dos valores que a função *atan*2 retorna está no intervalo $\left[-\frac{\pi}{2}, \frac{\pi}{2}\right]$, função esta que foi utilizada tanto no algoritmo estado-da-arte (JAIN; HONG; BOLLE, 1997) quanto pelos algoritmos propostos.

Como não conseguiu-se em tempo gerar os resultados comparativos de desvio padrão do método estado-da-arte (JAIN; HONG; BOLLE, 1997) somente as duas abordagens propostas foram comparadas utilizando-se o ground truth. Desta forma, a tabela 2 mostra os valores dos desvio padrão, em radiano, do melhor limiar L (50 %) do algoritmo 1 com o algoritmo 2. Observa-se que o algoritmo 2 mostrou-se melhor que o algoritmo 1 quando comparados com as marcações realizadas manualmente.

Proposta	Imagem 1	Imagem 2	Imagem 3	Imagem 4	Imagem 5	Média
Algoritmo 1	0,950756	1,05313	0,616187	0,829175	0,489327	0,787715
Algoritmo 2	0,905286	0,817594	0,737195	0,926963	0,427961	0,7629998

Tabela 2: Comparativo dos algoritmos (em radiano)

As figuras 26 e 27 mostram os resultados comparativos do algoritmo 1, como o limiar de 50%, com o algoritmo 2.

Um aspecto importante a ser citado com relação ao algoritmo estado-da-arte (JAIN; HONG; BOLLE, 1997) é que este tem problema em detectar a orientação correta de pixels em áreas com grande variação das orientações, tais como, centro da impressão digital, deltas e minúcias, como pode ser verificado visualmente na figura 28. Já os nossos algoritmos foram mais eficientes nestas regiões, com resultados mais fiéis com relação à orientação das cristas.

A tabela 3 mostra o tempo de execução de cada algoritmo para extração da orientação das cristas. Como pode ser visto, o algoritmo propostos neste trabalho mostraramse mais rápidos que o algoritmo estado-da-arte (JAIN; HONG; BOLLE, 1997).

	Imagem 1	Imagem 2	Imagem 3	Imagem 4	Imagem 5	Total
Algoritmo 1	380	365	343	139	241	1468
Algoritmo 2	330	336	305	157	241	1369
Estado-da-arte	677	672	700	674	660	3383

Tabela 3: Comparativo dos tempos dos algoritmos(em milisegundos)

3.7 Detecção de poros - Solução 1 - Ângulo centro das transições

Quanto ao algoritmo de detecção de poros, a abordagem solução 1 mostrou-se eficiente na remoção de pontos de bifurcação. No entanto, também diminui um pouco os pontos verdadeiros positivos. As figuras abaixo mostram um comparativo visual entre os resultados do algoritmo proposto por (LEMES et al., 2014) e a solução proposta, o ponto analisado está destacado em vermelho. Como o algoritmo de estimação de orientação foi



Figura 26: Resultados dos algoritmos 1 e 2.

terminado recentemente, estas propostas de melhoramento do algoritmo de detecção de poros, que necessitam da orientação da crista, serão melhor avaliadas no futuro próximo.



Figura 27: Resultados dos algoritmos 1 e 2.



(a) Algoritmo 1

(b) Estado da arte Figura 28: Resultados

(c) Algoritmo 2



(a) Solução 1 - imagem 1





(a) Solução 1 - imagem 2



(b) Solução (LEMES et al., 2014) - imagem 2



(a) Solução 1 - imagem 3



(b) Solução (LEMES et al., 2014) - imagem 3



(a) Solução 1 - imagem 4

(b) Solução (LEMES et al., 2014) - imagem 4

Conclusão

Para solucionar o problema desafiador do reconhecimento biométrico de recémnascidos, é necessário estabelecer uma identificação efetiva destes indivíduos. Para garantir este objetivo, pretende-se estudar futuramente também a aplicação do sistema proposto no reconhecimento a longo prazo, uma vez que o padrão das cristas papilares não se altera ao longo da vida. Sendo assim, o presente projeto buscou melhorar e otimizar algumas partes de todo o processo do algoritmo de reconhecimento. Portanto, focamos na parte inicial do sistema referente a coleta de imagens e análise de qualidade em tempo real e também a parte de extração de informações, tais como estimação da orientação das cristas e detecção de poros.

Quanto a coleta e análise de qualidade em tempo real, os algoritmos foram adaptados e otimizados de forma que o tempo total de captura fosse reduzido de um minuto inicialmente para menos de dois segundos de tempo de processamento total. Nesta etapa, foi desenvolvida também uma aplicação para dispositivos móveis que simula esta parte da coleta de informações biográficas e biométricas da mãe e do bebê. Concluiu-se que a aplicação necessita de configuração mínima do dispositivo sendo CPU 800 MHz, 512 MB RAM e 2GB de memória interna, mas a ideal seria CPU Quad-core 1.2 GHz Cortex-A7 e 1 GB RAM e 4GB de memória interna. Além disso, testamos a parte de comunicação do aplicativo com um cliente-servidor e testamos também algoritmos de segurança, criptografia e compressão de imagens.

Nós apresentamos um algoritmo para melhorar o desempenho da extração dos poros que mostra-se promissor em eliminar os pontos de bifurcação, mas será necessário um estudo futuro para adaptação de alguns parâmetros definidos empiricamente. Será necessário, também, fazer testes com uma amostragem maior de pixels para validação dos algoritmos propostos. Além disso, precisamos terminar a implementação da solução 2 e comparar com os resultados obtidos com a solução 1. A solução 2, na teoria teria resultados melhores que a solução 1, mas como esta demanda a orientação das cristas, caso esta informação não seja robusta, a solução 2 tenderia a ter resultados piores. Como a solução para estimar a orientação só foi terminada recentemente, a Solução 2 ficará para desenvolvimento em futuro próximo. Com estas mudanças espera-se que a taxa de verdadeiros positivos aumente e a taxa de falsos negativos diminua.

Já os algoritmos propostos para estimação de orientação mostraram-se mais eficientes em termos de tempo de execução do que o algoritmo do estado-da-arte (JAIN; HONG; BOLLE, 1997), mas será preciso fazer a normalização dos dados para que os mesmos sejam comparáveis em termos dos resultados obtidos na estimação da orientação, para podermos afirmar que os nossos algoritmos realmente são melhores. Mas visualmente, podemos afirmar que os algoritmos propostos foram melhores que o (JAIN; HONG; BOLLE, 1997) no que diz respeito a detecção das orientações de pixels em área com grande variação de orientação, tais como, centro da impressão digital, deltas e pontos de minúcias.

Referências

BAY, H. et al. Speeded-up robust features (surf). Computer Vision and Image Understanding, v. 110, n. 3, p. 346–359, 2008. Citado na página 29.

BHARADWAJ, S. et al. Face recognition for newborns: A preliminary study. In: *IEEE International Conference on Biometrics: Theory, Applications and Systems*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 1–6. Citado 2 vezes nas páginas 16 e 20.

BOLLE, R. M. et al. *Guide to Biometrics*. [S.1.]: Springer, 2003. Citado 2 vezes nas páginas 15 e 20.

CASTELLANOS, I. Limitations of footprinting as means of infant identification. Dermopapiloscopia Clinica. Imp. P. Fernández y Cía, Havana, Cuba., 1953. Citado na página 19.

COSTA, S. M. F. *Classificação e verificação de impressões digitais.* mestrado, 2001. Citado na página 34.

CUMMINS, H.; MIDLO, C. Finger prints, palms and soles. *New York: Dover Publications.*, 1943. Citado na página 19.

CUMMINS, H.; MIDLO, M. Finger Prints, Palms and Soles: An Introduction to Dermatoglyphics. [S.l.]: Dover Publications, 1961. Citado 3 vezes nas páginas 9, 16 e 19.

DALTON, I. K. J.; LIM, B. Rfid technologies in neonatal care. White Paper by Intel Corporation, LG CNS, ECO Inc and WonJu Christian Hospital, 2005. Citado na página 20.

DAUGMAN, J. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics - part B, v. 37, n. 5, p. 1167–1175, 2007. Citado na página 20.

FBI, C. J. I. S. Wsq gray-scale fingerprint image compression specification. 2010. Disponível em: https://www.fbibiospecs.cjis.gov/WSQ/Implementations>. Citado na página 48.

GALTON, F. Finger prints of young children. British Association for the Advancement of Science, 1899. Citado na página 21.

HONG, L.; WAN, Y.; JAIN, A. Fingerprint image enhancement: Algorithm and performance evaluation. Citado na página 16.

HUANG, M. W.; WANG, Z. w.; YING, Z. L. A new method for facial expression recognition based on sparse representation plus LBP. [S.l.: s.n.], 2010. 1750-1754 p. Citado na página 20.

JAIN, A.; HONG, L.; BOLLE, R. On-line fingerprint verification. *IEEE Transactions* on Pattern Analysis and Machine Intelligence, v. 19, n. 4, p. 302–314, Apr 1997. ISSN 0162-8828. Citado 6 vezes nas páginas 16, 49, 50, 51, 57 e 58. JAIN, A. K. Biometric recognition: how do i know who you are? In: *Signal Processing* and Communications Applications Conference. [S.l.: s.n.], 2004. p. 3–5. Citado na página 16.

JIA, W. et al. Newborn footprint recognition using orientation feature. *Neural Computing* and Applications, p. 1–9, 2010. Citado 2 vezes nas páginas 16 e 20.

JUNIOR, L. L. de O. Comparando a detecção de poros em impressões digitais nas resoluções de 500 dpi e 1000 dpi. mestrado, Nov 2009. Citado na página 34.

KARU KALLE; JAIN, A. J. Fingerprint classification. *Pattern Recognition*, v. 29, n. 3, p. 389–404, 1996. Citado na página 34.

KEHDY, C. Elementos de criminalística. *São Paulo: Sugestões Literárias*, v. 3, 1968. Citado na página 19.

LEMES, R. et al. Dynamic pore filtering for keypoint detection applied to newborn authentication. In: *IEEE ICPR*. [S.l.: s.n.], 2014. p. 1698–1703. Citado 17 vezes nas páginas 7, 16, 19, 21, 24, 26, 28, 29, 30, 32, 35, 38, 44, 47, 51, 54 e 55.

LEMES, R. de P. et al. Identificação biométrica de recém-nascidos. *Journal of Health Informatics*, 2012. Citado 6 vezes nas páginas 7, 16, 20, 21, 39 e 42.

LEMES, R. P. et al. Biometric recognition of newborns: Identification using palmprints. In: *International Joint Conference on Biometrics. Washington DC - USA*. [S.l.: s.n.], 2011. p. 1–6. Citado 7 vezes nas páginas 16, 20, 21, 23, 26, 28 e 29.

LERNER, E. J. Law enforcement: Sleuthing by computer: Forensic computer techniques help law-enforcement agencies identify suspects and organize evidence. *IEEE Spectrum*, v. 20, n. 7, p. 44–49, July 1983. ISSN 0018-9235. Citado na página 21.

LI, S. Z.; JAIN, A. K. *Handbook of Face Recognition*. [S.l.]: NY: Springer, 2004. Citado na página 20.

LIU, S.; SILVERMAN, M. A practical guide to biometric security technology. *IT Professional*, IEEE Computer Society, Los Alamitos, CA, USA, v. 3, n. 1, p. 27–32, 2001. ISSN 1520-9202. Citado na página 16.

MAGALHÃES, P. S.; SANTOS, H. D. Biometria e autenticação. Actas da 4^a Conferência da Associação Portuguesa de Sistemas de Informação, 2003. Citado na página 15.

MALTONI, D. et al. *Handbook of fingerprint Recognition*. [S.1.]: Springer London, 2009. Citado na página 15.

MCMAHON, D. H. et al. A hybrid optical computer processing technique for fingerprint identification. *IEEE Transactions on Computers*, C-24, n. 4, p. 358–369, April 1975. ISSN 0018-9340. Citado na página 21.

MEHTRE B. M.; MURTHY, N. N. K. S. C. B. Segmentation of fingerprint images using the directional image. *Pattern Recognition*, n. 4, p. 429–435, 1987. Citado na página 35.

PRETZEL, A. Using biometric facial recognition for verification and identification. [S.l.: s.n.], 2004. 309-317 p. Citado na página 20.

REUTERS. *Dados sequestros na China*. 2014. Disponível em: http://goo.gl/Ick435. Citado na página 20.

SHUAI, X.; ZHANG, C.; HAO, P. Fingerprint indexing based on composite set of reduced SIFT features. [S.l.: s.n.], 2008. 1–4 p. Citado na página 29.

SILVESTRE, E.; RAMIRO, S. Quase 500 casos de sequestro de crianças estão registrados no Brasil. 2012. Disponível em: http://goo.gl/6a34sO. Citado na página 20.

STOCK, R. M.; SWONGER, S. W. Development and Evaluation of a Reader of Fingerprint Minutiae. [S.l.], 1969. Citado na página 34.

THIAN, N. *Biometric Authentication System*. Mestrado, 2001. Disponível em: http://hydria.u-strasbg.fr/~norman/BAS/publications.htm>. Citado na página 15.

TIWARI, S.; SINGH, A.; SINGH, S. Fusion of ear and soft-biometrics for recognition of newborn. *Signal and Image Processing: An International Journal*, v. 3, n. 3, p. 103–116, 2012. Citado na página 16.

VITAS, M. ART vs Dalvik - introducing the new Android runtime in Kitkat. 2013. Disponível em: https://infinum.co/the-capsized-eight/articles/art-vs-dalvik-introducing-the-new-android-runtime-in-kit-kat. Citado na página 48.

WEINGAERTNER, D. et al. Newborn's biometric identification: can it be done? In: International Conference on Computer Vision Theory and Applications. [S.l.: s.n.], 2008. p. 200–205. Citado 3 vezes nas páginas 16, 20 e 21.

WILSON C. L.; CANDELA, G. T. W. C. I. Neural network fingerprint classification. *Journal of Artificial Neural Networks*, v. 1, n. 2, p. 203–228, 1994. Citado na página 34.