

身份识别方法、生物纹路信息的特征提取方法和装置

本申请要求于 2022 年 02 月 09 日提交中国专利局、申请号为 202210122885.7 名称为“生物纹路信息的特征提取方法、装置、设备及存储介质”的中国专利申请的优先权，其全部内容通过引用结合在本申请中。

5 技术领域

本申请涉及身份识别技术领域，特别涉及一种身份识别方法、生物纹路信息的特征提取方法、装置、设备及存储介质。

背景

10 随着计算机技术的发展，生物纹路信息识别技术的应用场景不断扩大，其广泛应用在考勤记录、移动支付等场景中。

在相关技术中，通常通过提取生物纹路信息的深层特征，将高维度的生物纹路信息在特征提取的过程中进行降维，得到低维度的生物纹路特征以实现对生物纹路信息的描述，通过对生物纹路特征的比较实现生物纹路信息的识别。

技术内容

15 根据本申请的实施例，提供了一种身份识别方法，所述方法包括：
获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；
对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；
20 对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征；
根据所述第一对象的融合纹路特征，对所述第一对象进行身份识别。
根据本申请的实施例，提供了一种生物纹路信息的特征提取方法，所述方法由生物纹路特征提取模型执行，所述生物纹路特征提取模型包括特征提取网络和特征融合网络；
25 所述方法包括：
获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；
调用所述特征提取网络对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；
30 调用所述特征融合网络对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征。
根据本申请的实施例，提供了一种身份识别装置，所述装置包括：
获取模块，用于获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；
提取模块，用于对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，
35 所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；
融合模块，用于对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征；
判断模块，用于根据所述第一对象的融合纹路特征，对所述第一对象进行身份识别。
40 根据本申请的实施例，提供了一种生物纹路信息的特征提取装置，所述装置由生物纹路特征提取模型执行，所述生物纹路特征提取模型包括特征提取网络和特征融合网络；

所述装置包括：

获取模块，用于获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；

提取模块，用于调用所述特征提取网络对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；

融合模块，用于调用所述特征融合网络对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征。

根据本申请的实施例，提供了一种计算机设备，所述计算机设备包括处理器和存储器，所述存储器中存储有至少一条指令、至少一段程序、代码集或指令集，所述至少一条指令、所述至少一段程序、所述代码集或指令集由所述处理器加载并执行以实现如上方面所述的生物纹路信息的特征提取方法。

根据本申请的实施例，提供了一种计算机可读存储介质，所述可读存储介质中存储有至少一条指令、至少一段程序、代码集或指令集，所述至少一条指令、所述至少一段程序、所述代码集或指令集由处理器加载并执行以实现如上方面所述的生物纹路信息的特征提取方法。

根据本申请的实施例，提供了一种计算机程序产品或计算机程序，所述计算机程序产品或计算机程序包括计算机指令，所述计算机指令存储在计算机可读存储介质中，处理器从所述计算机可读存储介质读取并执行所述计算机指令，以实现上述如上方面所述的生物纹路信息的特征提取方法。

附图说明

为了更清楚地说明本申请实施例中的技术方案，下面将对实施例描述中所需要使用的附图作简单地介绍，显而易见地，下面描述中的附图仅仅是本申请的一些实施例，对于本领域普通技术人员来讲，在不付出创造性劳动的前提下，还可以根据这些附图获得其他的附图。

图1是本申请一个示例性实施例提供的计算机系统的示意图；

图2是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法的流程图；

图3是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法的流程图；

图4是本申请一个示例性实施例提供的空洞卷积核的示意图；

图5是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法的流程图；

图6是本申请一个示例性实施例提供的 ReLU 函数和 Softplus 函数的示意图；

图7是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法的流程图；

图8是本申请一个示例性实施例提供的截取生物纹路信息的兴趣区域的示意图；

图9是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法的流程图；

图10是本申请一个示例性实施例提供的基于生物纹路信息的身份识别方法的流程图；

图11是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路特征提取模型的结构示意图；

图12是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路特征提取模型的训练方法的流程图；

图13是本申请一个示例性实施例提供的确定特征预测误差的示意图；

图14是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路特征提取模型的训练方法的流程图；

图15是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取装置的结构框图；

图16是本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取装置的结构框图；

图17是本申请一个示例性实施例提供的服务器的结构框图。

此处的附图被并入说明书中并构成本说明书的一部分，示出了符合本申请的实施例，并与说明书一起用于解释本申请的原理。

实施方式

为使本申请的目的、技术方案和优点更加清楚，下面将结合附图对本申请实施方式作进一步地详细描述。

这里将详细地对示例性实施例进行说明，其示例表示在附图中。下面的描述涉及附图时，除非另

有表示，不同附图中的相同数字表示相同或相似的要素。以下示例性实施例中所描述的实施方式并不代表与本申请相一致的所有实施方式。相反，它们仅是与如所附权利要求书中所详述的、本申请的一些方面相一致的装置和方法的例子。

在本公开使用的术语是仅仅出于描述特定实施例的目的，而非旨在限制本公开。在本公开和所附权利要求书中所使用的单数形式的“一种”、“所述”和“该”也旨在包括多数形式，除非上下文清楚地表示其他含义。还应当理解，本文中使用的术语“和/或”是指并包含一个或多个相关联的列出项目的任何或所有可能组合。应当理解，尽管在本公开可能采用术语第一、第二等来描述各种信息，但这些信息不应限于这些术语。这些术语仅用来将同一类型的信息彼此区分开。例如，在不脱离本公开范围的情况下，第一参数也可以被称为第二参数，类似地，第二参数也可以被称为第一参数。取决于语境，如在此所使用的词语“如果”可以被解释成为“在……时”或“当……时”或“响应于确定”。

需要说明的是，本申请所涉及的用户信息（包括但不限于用户设备信息、用户个人信息等）和数据（包括但不限于用于分析的数据、存储的数据、展示的数据等），均为经用户授权或者经过各方充分授权的信息和数据，且相关数据的收集、使用和处理需要遵守相关国家和地区的相关法律法规和标准。例如，本申请中涉及到的生物纹路信息都是在充分授权的情况下获取的。

图 1 示出了本申请一个示例性实施例提供的计算机系统的示意图。该计算机系统可以实现成为生物纹路信息的特征提取方法的系统架构。该计算机系统可以包括：终端 100 和服务器 200。

终端 100 可以是诸如手机、平板电脑、车载终端（车机）、可穿戴设备、PC（Personal Computer，个人计算机）、门禁设备、无人售货终端等电子设备。终端 100 中可以安装运行目标应用程序的客户端，该目标应用程序可以是支持生物纹路信息验证的移动支付、办公考勤、身份验证应用程序，也可以是提供有生物纹路信息的特征提取功能的其他应用程序，本申请对此不作限定。另外，本申请对该目标应用程序的形式不作限定，包括但不限于安装在终端 100 中的应用程序（Application，App）、小程序等，还可以是网页形式。

服务器 200 可以是独立的物理服务器，也可以是多个物理服务器构成的服务器集群或者分布式系统，还可以是提供云计算服务的云服务器。服务器 200 可以是上述目标应用程序的后台服务器，用于为目标应用程序的客户端提供后台服务。

本申请实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法，各步骤的执行主体可以是计算机设备，所述计算机设备是指具备数据计算、处理和存储能力的电子设备。以图 1 所示的方案实施环境为例，可以由终端 100 执行生物纹路信息的特征提取方法（如终端 100 中安装运行的目标应用程序的客户端执行该生物纹路信息的特征提取方法），也可以由服务器 200 执行该生物纹路信息的特征提取方法，或者由终端 100 和服务器 200 交互配合执行，本申请对此不作限定。此外，本申请技术方案可以和区块链技术相结合。例如，本申请所公开的生物纹路信息的特征提取方法，其中涉及的一些数据（诸如生物纹路信息、生物纹路信息对应的身份信息等信息）可以保存于区块链上。终端 100 和服务器 200 之间可以通过网络进行通信，如有线或无线网络。

相关技术对于相似度很高的生物纹路信息，如双胞胎之间的生物纹路信息，识别能力显著下降。基于此，本申请提供了一种生物纹路信息的特征提取方法、装置、设备及存储介质。接下来，将通过以下实施例对生物纹路信息的特征提取方法进行介绍。

图 2 示出了本申请一个示例性实施例提供的身份识别方法的流程图。该方法可以由计算机设备执行。该方法包括：

步骤 510：获取生物纹路信息；

生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；在本申请的实施例中，生物纹路的类型包括但不限于如下至少之一：指部纹路、掌部纹路、眼部纹路、面部纹路、血管纹路、唇部纹路、口腔纹路；本申请对生物纹路的类型不做出任何限制性规定；

在本申请的实施例中，生物纹路的采集方法包括但不限于如下至少之一：光学采集方式，如生物纹路照片；电容采集方式，如使用电容式纹路采集模块；生物射频采集方式，如使用超声波采集生物纹路。本申请对生物纹路的采集方式不做出任何限制性规定。

步骤 520：对生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征；

全局纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的全局特征，局部纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的局部特征；在本申请的实施例中，局部纹路特征可以是基于全局纹路特征获取的，也可以是局部纹路特征与全局纹路特征是相互独立的获取的；对此不作出任何限制性规定；

需要说明的是，对于生物纹路信息的特征提取过程，可以通过调用一个生物纹路特征提取模型，以完成生物纹路信息的特征提取；也可以通过人工标注方法完成生物纹路信息的特征提取；也可以通

通过对生物纹路信息的运算,提取生物纹路信息的特征,本申请对此不做出任何限制性规定;

示例性的,以通过生物纹路特征提取模型,对生物纹路信息进行特征提取处理为例:生物纹路特征提取模型包括特征提取网络;调用特征提取网络对生物纹路信息进行特征提取处理,得到全局纹路特征和局部纹路特征,全局纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的全局特征,局部纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的局部特征。

步骤 530:对第一对象的全局纹路特征和局部纹路特征进行融合处理,得到第一对象的融合纹路特征;

示例性的,融合纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的全局特征和局部特征;在本申请的实施例中,全局纹路特征和局部纹路特征进行融合处理的方式包括但不限于如下至少之一:正交融合、卷积融合、自适应特征融合。

需要说明的是,与上文中步骤 520 相似的,本申请对执行融合处理的方式不做出任何限制性规定;以通过生物纹路特征提取模型,对全局纹路特征和局部纹路特征进行融合处理为例:生物纹路特征提取模型包括特征融合网络;调用特征融合网络对第一对象的全局纹路特征和局部纹路特征进行融合处理,得到第一对象的融合纹路特征。

步骤 540:根据所述第一对象的融合纹路特征,对所述第一对象进行身份识别。

综上所述,本实施例提供的方法,通过对生物纹路信息进行特征提取处理获得局部纹路特征,提高了对生物纹路中局部细节特征的关注度;将局部纹路特征与全局纹路特征融合,提升了纹路特征对掌纹信息的描述能力;拓展了纹路特征从局部描述掌纹信息的维度,保证了面对高相似度生物纹路信息时的识别精度。

接下来,对特征提取处理进行介绍,图 3 示出了本申请一个示例性实施例提供的身份识别方法的流程图。该方法可以由计算机设备执行。即在一些实施例中,图 2 示出的实施例中的步骤 520 可以实现为如下两个步骤:

步骤 522:对生物纹路信息进行隐层特征提取,得到第一对象的纹理隐层特征;

纹理隐层特征用于描述目标掌纹信息的隐层表示;示例性的,纹理隐层特征的表示方法包括但不限于如下至少之一:特征向量、特征矩阵、特征值;

需要说明的是,与上文中步骤 520 相似的,本申请对执行隐层特征提取的方式不做出任何限制性规定;以通过生物纹路特征提取模型,对生物纹路信息进行隐层特征提取为例:生物纹路特征提取模型包括特征提取网络;特征提取网络包括第一残差卷积块;调用第一残差卷积块对生物纹路信息进行隐层特征提取,得到第一对象的纹理隐层特征,纹理隐层特征用于描述目标掌纹信息的隐层表示;

示例性的,对生物纹路信息进行隐层特征提取的特征提取方式是基于降低特征维度的特征提取方式;在通过生物纹路特征提取模型进行隐层特征提取的过程中,通过调用第一残差卷积块以实现隐层特征提取。

在一些实施例中,第一残差卷积块包括但不限于如下网络结构中的至少之一:卷积神经网络(Convolutional Neural Networks, CNN)、效率网络(Efficient Networks)、转换网络(Transformer Networks)、深度残差网络(Deep residual network, ResNet)、开端残差网络(Inception-Resnet101)。

步骤 524:通过第一特征提取方式对纹理隐层特征进行特征提取,得到第一对象的全局纹路特征;第一特征提取方式是基于降低特征维度的特征提取方式;示例性的,通过残差卷积方式降低特征维度。

与上文中步骤 520 相似的,本申请对执行特征提取的方式不做出任何限制性规定;以通过生物纹路特征提取模型,对生物纹路信息进行隐层特征提取为例:生物纹路特征提取模型包括特征提取网络;特征提取网络包括第二残差卷积块;调用第二残差卷积块,通过第一特征提取方式对纹理隐层特征进行特征提取,得到第一对象的全局纹路特征,第一特征提取方式是基于降低特征维度的特征提取方式;

步骤 526:通过第二特征提取方式对纹理隐层特征进行特征提取,得到第一对象的局部纹路特征;第二特征提取方式是基于增加特征感受野的特征提取方式。示例性的,通过空洞卷积方式增加特征感受野。

示例性的,特征感受野用于指示局部纹路特征中每个特征值指示的纹理隐层特征的信息维度。示例性的,在使用第一特征图像对第一原始图像进行特征提取的过程中,特征感受野表示第一特征图像中的一个图像特征像素指示的原始图像像素的维度。

与上文中步骤 520 相似的,本申请对执行特征提取的方式不做出任何限制性规定;以通过生物纹路特征提取模型,对生物纹路信息进行隐层特征提取为例:生物纹路特征提取模型包括特征提取网络;特征提取网络包括空洞卷积块;调用空洞卷积块,通过第二特征提取方式对纹理隐层特征进行特征提取,得到第一对象的局部纹路特征,第二特征提取方式是基于增加特征感受野的特征提取方式;

在本申请的一些实施例中，步骤 526 可以实现为如下两个子步骤：

子步骤 1：对纹理隐层特征进行处理，分别通过 n 个第二特征提取方式，得到第一对象的 n 个局部子特征；

n 为正整数， n 个第二特征提取方式的特征感受野不同；

5 与上文中步骤 520 相似的，本申请对执行特征提取的方式不做出任何限制性规定；以通过生物纹路特征提取模型，对生物纹路信息进行隐层特征提取为例：生物纹路特征提取模型包括特征提取网络；特征提取网络包括空洞卷积块；空洞卷积块包括 n 个空洞卷积层；调用 n 个空洞卷积层对纹理隐层特征进行处理，分别通过 n 个第二特征提取方式，得到第一对象的 n 个局部子特征， n 为正整数， n 个第二特征提取方式的特征感受野不同，特征感受野是基于空洞卷积层的卷积核尺度确定的。

10 **子步骤 2：**将 n 个局部子特征进行拼接，得到第一对象的局部纹路特征；

在 n 大于 1 的情况下，局部子特征的拼接方法可以是直接首尾拼接，也可以将局部子特征进行叠加，通过数学方式进行拼接；本实施例对此不作出任何限制，

在 n 等于 1 的情况下，将局部子特征确定为第一对象的局部特征；

15 示例性的，图 4 示出了本申请一个示例性实施例提供的空洞卷积核的示意图，空洞卷积块的示意图示出了卷积核尺度为 3 的空洞卷积核、卷积核尺度为 6 的空洞卷积核和卷积核尺度为 9 的空洞卷积核。其中，卷积核尺度为 3 的空洞卷积核的特征感受野维度为 5 乘 5，卷积核尺度为 6 的空洞卷积核的特征感受野维度为 11 乘 11，卷积核尺度为 9 的空洞卷积核的特征感受野维度为 17 乘 17。

综上所述，本实施例提供的方法，通过对生物纹路信息进行特征提取处理，基于增加特征感受野的特征提取方式获得局部纹路特征，提高了对生物纹路中局部细节特征的关注度；将局部纹路特征与全局纹路特征融合，提升了纹路特征对掌纹信息的描述能力；拓展了纹路特征从局部描述掌纹信息的维度，保证了面对高相似度生物纹路信息时的识别精度。

25 接下来，对自注意力机制处理进行介绍，图 5 示出了本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法的流程图。该方法可以由计算机设备执行。即在一些实施例中，在图 2 示出的实施例的基础上还包括步骤 528：

步骤 528：对局部纹路特征进行自注意力机制处理，得到更新后的局部纹路特征；

示例性的，对局部纹路特征进行自注意力机制处理，增强局部有效特征区域的权重；以得到更新后的局部纹路特征；

30 示例性的，在本本申请一些实施例中，步骤 528 可以实现为如下三个子步骤，即自注意力机制处理包括激活处理和正则化处理：

子步骤 1：对局部纹路特征进行激活处理，得到第二激活特征；

35 示例性的，对局部纹路特征进行激活处理的激活函数包括但不限于如下至少之一：S 型函数（Sigmoid）、双曲正切函数（Tanh）、线性整流函数（Rectified Linear Unit, ReLU）、归一化指数函数（Softmax）、外加柔性函数（Softplus）；图 6 示出了本申请一个示例性实施例提供的 ReLU 函数和 Softplus 函数的示意图。

示例性的，通过 ReLU 函数和 Softplus 函数对局部纹路特征进行激活处理，得到第二激活特征，比如：

$$x_{relu} = Relu(x) = \max(0, x);$$

$$x_{softplus} = Softplus(x_{relu}) = \log(1 + e^{x_{relu}});$$

40 其中， x 表示局部纹路特征， $Relu(.)$ 表示 ReLU 函数， $\max$ 表示取最大值运算； $x_{softplus}$ 表示第二激活特征， $Softplus(.)$ 表示 Softplus 函数。

示例性的，ReLU 函数可以增加生物纹路特征提取模型中各神经网络层之间的非线性关系，避免简单的线性关系出现。ReLU 函数通过最大值运算，将部分局部纹路特征输出为 0，造成了网络的稀疏性，并且减少了局部纹路特征之间的相互依存关系，缓解了过拟合问题的发生。Softplus 函数的作用与 ReLU 函数相同，Softplus 函数是 ReLU 函数的平滑形式。

45 **子步骤 2：**对局部纹路特征进行正则化处理，得到第二正则特征；

示例性的，对局部纹路特征进行正则化处理的方式可以是 L1 参数正则化，也可以是 L2 参数正则化；示例性的，通过 L2 参数正则化对局部纹路特征进行正则化处理，得到第二正则特征，比如：

$$x_{L2norm} = L2norm(x) = \sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2};$$

其中， x_{L2norm} 表示第二正则特征， $L2norm$ 表示 L2 参数正则化；

50 示例性的，L2 参数正则化通过计算欧氏距离，将第二正则特征的数值控制在 0 至 1 之间，有效防

止了第二正则特征的过拟合,提高了模型泛化能力。

子步骤 3: 将第二激活特征和第二正则特征相乘,以得到第一对象的更新后的局部纹路特征;

在本申请的一些实施例中,在子步骤 1 之前还包括:对局部纹路特征进行规范化处理,得到第二规范化特征;

- 5 相应的,子步骤 1 实现为对第二规范化特征进行正则化处理,得到第二正则特征;子步骤 2 实现为对第二规范化特征进行正则化处理,得到第二正则特征。

对局部纹路特征进行规范化处理,确保第二规范化特征分布在固定区间内,为模型快速得到收敛结果奠定基础;示例性的,对局部纹路特征进行规范化处理为:

$$\begin{aligned} r_{mean} &= \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m x_i; \\ r_{std} &= \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m (x_i - r_{mean})^2; \\ x_{norm} &= \frac{x_i - r_{mean}}{\sqrt{r_{std} + \varepsilon}}; \\ x_{BN} &= \gamma \cdot x_{norm} + \beta; \end{aligned}$$

- 10 其中, r_{mean} 表示局部纹路特征的特征平均值, x 表示局部纹路特征, x_i 示局部纹路特征的第 i 个特征值, m 表示局部纹路特征的特征值数量; r_{std} 表示局部纹路特征的特征标准差; x_{norm} 表示局部纹路特征对应的归一化特征, ε 表示加性变量,用于避免方差为 0 导致无法进行梯度回传; x_{BN} 表示第二规范化特征, γ 和 β 表示网络可学习参数,用于拟合第二规范化特征的分布。

- 15 **步骤 530a:** 对第一对象的全局纹路特征和更新后的局部纹路特征进行融合处理,得到第一对象的融合纹路特征;

示例性的,融合纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的全局特征和局部特征;在本申请的实施例中,全局纹路特征和局部纹路特征进行融合处理的方式包括但不限于如下至少之一:正交融合、卷积融合、自适应特征融合。

- 20 示例性的,以正交融合方式对第一对象的全局纹路特征和更新后的局部纹路特征进行融合处理,得到第一对象的融合纹路特征:

$$feature_{local-global} = \frac{feature_{local} * feature_{global}}{|feature_{local}| * |feature_{global}|} * feature_{global};$$

其中, $feature_{local-global}$ 表示融合纹路特征, $feature_{global}$ 表示全局纹路特征, $feature_{local}$ 表示更新后的局部纹路特征。

- 25 综上所述,本实施例提供的方法,通过对生物纹路信息进行特征提取处理获得局部纹路特征,提高了对生物纹路中局部细节特征的关注度,通过自注意力机制处理,增强局部有效特征区域的权重;将局部纹路特征与全局纹路特征融合,提升了纹路特征对掌纹信息的描述能力;拓展了纹路特征从局部描述掌纹信息的维度,保证了面对高相似度生物纹路信息时的识别精度。

- 30 接下来,对预处理进行介绍,图 7 示出了本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法的流程图。该方法可以由计算机设备执行。即在一些实施例中,在图 2 示出的实施例的基础上还包括步骤 512:

步骤 512: 对生物纹路信息进行预处理,得到更新后的生物纹路信息;

示例性的,预处理的方式包括但不限于如下至少之一:

- 35 对生物纹路信息进行插值处理;示例性的,对生物纹路信息进行插值处理用于改变生物纹路信息的维度;

截取生物纹路信息的兴趣区域 (Region Of Interest, ROI);示例性的,截取生物纹路信息的兴趣区域用于圈定重点关注区域;

- 40 示例性的,对生物纹路信息进行插值处理;用于改变生物纹路信息的维度,将生物纹路信息变更为目标维度;比如通过对生物纹路信息进行插值处理将生物纹路信息处理为维度为 224 乘 224 的特征矩阵;

示例性的,本实施例对截取生物纹路信息的兴趣区域的方法不做出任何限制性规定,可以通过计算规则确定兴趣区域,也可以通过兴趣区域提取网络确定兴趣区域。

图 8 示出了本申请一个示例性实施例提供的截取生物纹路信息的兴趣区域的示意图；以生物纹路信息是掌部纹路图像信息为例，在掌部纹路图像信息中提取第一关键点 A、第二关键点 B 和第三关键点 C；其中，第一关键点 A 是掌部第二指与第三指之间的缝隙点；第二关键点 B 是掌部第三指与第四指之间的缝隙点；第三特征点 C 是掌部第四指与第五指之间的缝隙点；

- 5 在掌部纹路图像信息中建立直角坐标系，其中，将第三关键点 C 至第一关键点 A 的方向确定为 x 轴正方向，通过第二关键点 B 确定与 x 轴方向的垂线交点 E，将垂线交点 E 至第二关键点 B 的方向确定为 y 轴正方向；从垂线交点 E 沿 y 轴负方向延伸，确定掌心点 D，以掌心点 D 为中心确定掌部纹路图像信息的兴趣区域。其中，掌部纹路图像信息的兴趣区域通常是正方形，但也不排除掌部纹路图像信息的兴趣区域是长方形、圆形、扇形等其他形状的可能性。示例性的，掌心点 D 与垂线交点 E 之间的距离为五分之六倍第一关键点 A 至第三关键点 C 的距离；掌部纹路图像信息的兴趣区域是以掌心点 D 为中心的边长为二分之三倍第一关键点 A 至第三关键点 C 的距离的正方形区域。

步骤 520a: 对更新后的生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征；

- 全局纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的全局特征，局部纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的局部特征；在本申请的实施例中，局部纹路特征可以是基于全局纹路特征获取的，也可以是局部纹路特征与全局纹路特征是相互独立的获取的；对此不作出任何限制性规定；

综上所述，本实施例提供的方法，通过对生物纹路信息进行特征提取处理获得局部纹路特征，提高了对生物纹路中局部细节特征的关注度；通过预处理为获得局部纹路特征奠定了基础；将局部纹路特征与全局纹路特征融合，提升了纹路特征对掌纹信息的描述能力；拓展了纹路特征从局部描述掌纹信息的维度，保证了面对高相似度生物纹路信息时的识别精度。

- 20 接下来，对身份判断进行介绍，图 9 示出了本申请一个示例性实施例提供的身份识别方法的流程图。该方法可以由计算机设备执行。即在一些实施例中，在图 2 示出的实施例的步骤 540 具体可以为步骤 5401：

步骤 5401: 将第一对象的融合纹路特征与样本纹路特征进行比较，得到第一对象的身份判断结果；

- 25 样本纹路特征用于描述目标对象的生物纹路信息特征；第一对象的身份判断结果用于指示第一对象与目标对象是否属于相同身份；

示例性的，将第一对象的融合纹路特征与样本纹路特征进行比较的方法包括但不限于如下至少之一：计算余弦相似度、计算欧氏距离、计算协方差距离、计算切比雪夫距离。

在本本申请一些实施例中，步骤 540 可以实现为如下子步骤：

- 30 计算融合纹路特征和样本纹路特征之间的余弦相似度；

示例性的，计算余弦相似度包括：

$$\text{sim}(\text{vector}_{\text{reg}}, \text{vector}_{\text{rec}}) = \frac{\text{vector}_{\text{reg}} \times \text{vector}_{\text{rec}}}{\|\text{vector}_{\text{reg}}\| \times \|\text{vector}_{\text{rec}}\|};$$

其中， $\text{sim}(\text{vector}_{\text{reg}}, \text{vector}_{\text{rec}})$ 表示余弦相似度， $\text{vector}_{\text{rec}}$ 表示融合纹路特征， $\text{vector}_{\text{reg}}$ 表示样本纹路特征， $\|\cdot\|$ 表示 1-范数运算。

- 35 在余弦相似度满足身份判断条件的情况下，得到第一对象的身份判断结果是目标对象；

在余弦相似度不满足身份判断条件的情况下，得到第一对象的身份判断结果不是目标对象。

示例性的，身份判断条件为余弦相似度大于目标阈值；其中，目标阈值可以是根据经验设置的，也可以是跟据训练过程得到的。

- 40 综上所述，本实施例提供的方法，通过对生物纹路信息进行特征提取处理获得局部纹路特征，提高了对生物纹路中局部细节特征的关注度；通过对纹路特征的比较完成了身份判断；拓展了纹路特征从局部描述掌纹信息的维度，保证了面对高相似度生物纹路信息时的识别精度。

接下来，对将生物纹路信息的特征提取方法应用于移动支付领域进行说明；图 10 示出了本申请一个示例性实施例提供的基于生物纹路信息的身份识别方法的流程图。该方法可以由计算机设备执行。

- 45 该方法包括：

步骤 610: 通过终端支付设备获取第一对象的生物纹路信息；

生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；在本申请的实施例中，生物纹路的类型包括但不限于如下至少之一：指部纹路、掌部纹路、眼部纹路、面部纹路、血管纹路、唇部纹路、口腔纹路；在本实施例中，以生物纹路为掌部纹路为例，即生物纹路信息为掌部纹路图像信息进行介绍；

- 50 **步骤 620:** 通过终端支付系统对生物纹路信息进行检测，获取指缝关键点；

示例性的，获取指缝关键点用于在掌部纹路图像信息中建立直角坐标系；通过建立直角坐标系在

掌部纹路图像信息中截取兴趣区域。

在本实施例中，步骤 620 可以通过终端支付系统中的终端支付设备执行，可以通过终端支付系统中的终端支付服务器执行，本实施例不作出限制；

相似的，对步骤 630 至步骤 670 的执行方式也不做出任何限制性规定。

5 **步骤 630：**终端支付系统基于指缝关键点截取生物纹路信息的兴趣区域；

终端支付系统基于指缝关键点建立的直角坐标系截取生物纹路信息的兴趣区域。

步骤 642：通过终端支付系统，对生物纹路信息的兴趣区域进行全局特征提取，得到第一对象的全局纹路特征；

10 示例性的，对生物纹路信息的兴趣区域进行全局特征提取采用了基于降低特征维度的特征提取方式；具体的，通过调用残差卷积块以实现全局特征提取，得到第一对象的全局纹路特征。

步骤 644：通过终端支付系统，使用三个不同感受野的特征提取方式，对生物纹路信息的兴趣区域进行局部特征提取，得到第一对象的局部纹路特征；

示例性的，对生物纹路信息的兴趣区域进行局部特征提取采用了基于增加特征感受野的特征提取方式；具体的，通过调用空洞卷积块以实现局部特征提取，得到第一对象的局部纹路特征。

15 **步骤 646：**通过终端支付系统，对局部纹路特征进行自注意力机制处理，得到更新后的局部纹路特征；

对局部纹路特征进行自注意力机制处理，增强局部有效特征区域的权重；以得到更新后的局部纹路特征；

20 示例性的，在本申请的一些实施例中，自注意力机制处理包括规范化处理、激活处理和正则化处理；

步骤 650：通过终端支付系统，对全局纹路特征和更新后的局部纹路特征进行融合处理，得到第一对象的融合纹路特征；

示例性的，融合纹路特征用于描述第一对象的生物纹路信息的全局特征和局部特征；具体的，以正交融合方式对全局纹路特征和更新后的局部纹路特征进行融合处理，得到第一对象的融合纹路特征。

25 **步骤 660：**通过终端支付系统，计算融合纹路特征和样本纹路特征之间的余弦相似度；

示例性的，余弦相似度通过向量之间的余弦夹角指示融合纹路特征和样本纹路特征之间的相似程度。

步骤 670：通过终端支付系统，将余弦相似度最高的样本对应的样本对象确定为第一对象的身份识别结果；

30 将余弦相似度进行降序排列，余弦相似度最高的样本纹路特征表示样本纹路特征与融合纹路特征之间的相似程度最高；将样本纹路特征对应的样本对象确定为第一对象的身份识别结果。

综上所述，本实施例提供的方法，通过对生物纹路信息进行特征提取处理获得局部纹路特征，提高了对生物纹路中局部细节特征的关注度；将局部纹路特征与全局纹路特征融合，提升了纹路特征对掌纹信息的描述能力；拓展了纹路特征从局部描述掌纹信息的维度，保证了面对高相似度生物纹路信息时的识别精度。

35 接下来，对生物纹路特征提取模型进行说明；在图 2 示出的实施例中，说明了可以通过生物纹路特征提取模型进行身份识别的方法；图 11 示出了本申请一个示例性实施例提供的生物纹路特征提取模型的结构示意图；

生物纹路特征提取模型包括：特征提取网络 330、自注意力网络 350 和特征融合网络 360；

40 将生物纹路特征 310 进行截取兴趣区域 322 处理，得到兴趣区域纹路信息 310a，将兴趣区域纹路信息 310a 进行插值处理 324，得到插值纹路信息 310b；示例性的，插值纹路信息 310b 是维度为 224 乘 224 的特征矩阵；

特征提取网络 330 包括：第一残差卷积块 332、第二残差卷积块 334 和空洞卷积块 336；

45 调用第一残差卷积块 332 对插值纹路信息 310b 进行处理，得到纹理隐层特征，示例性的，纹理隐层特征是维度为 28 乘 28 的特征矩阵；其中，第一残差卷积块 332 包括三个残差卷积层，残差卷积层输出的特征矩阵的维度为输入的特征矩阵的维度的四分之一，即调用第一残差卷积层对插值纹路信息 310b 进行处理，输出的特征矩阵的维度为 112 乘 112；调用第二残差卷积层对上述特征矩阵进行处理，输出的特征矩阵的维度为 56 乘 56；调用第三残差卷积层对上述特征矩阵进行处理，输出的特征矩阵的维度为 28 乘 28；

50 调用第二残差卷积块 332 对纹理隐层特征进行处理，得到全局纹路特征 342；示例性的，全局纹路特征 342 是维度为 14 乘 14 的特征矩阵。

空洞卷积块 336 包括：第一空洞卷积层 336a、第二空洞卷积层 336b 和第三空洞卷积层 336c；

调用第一空洞卷积层 336a 对纹理隐层特征进行处理，得到第一局部子特征，第一空洞卷积层 336a

的空洞卷积核尺度为 3；调用第二空洞卷积层 336b 对纹理隐层特征进行处理，得到第二局部子特征，第二空洞卷积层 336b 的空洞卷积核尺度为 6；调用第三空洞卷积层 336c 对纹理隐层特征进行处理，得到第三局部子特征，第三空洞卷积层 336c 的空洞卷积核尺度为 9。

将第一局部子特征、第二局部子特征和第三局部子特征进行拼接，得到初始局部纹路特征 344；

5 自注意力网络 350 包括：规范化层 352、激活层 354 和正则化层 356；

调用规范化层对初始局部纹路特征 344 进行处理，确保更新后的局部纹路特征 344a 分布在固定区间内，为模型快速得到收敛结果奠定基础；

调用激活层 354 和正则化层 356 分别对规范化局部纹路特征进行激活处理和正则化处理；将处理结果相乘得到更新后的局部纹路特征 344a；

10 将更新后的局部纹路特征 344a 与初始局部纹路特征 344 相乘得到局部纹路特征 344c；

调用特征融合网络 360 对第一对象的全局纹路特征 342 和局部纹路特征 344c 进行融合处理，得到第一对象的融合纹路特征 346。

计算融合纹路特征 346 和样本纹路特征 348 之间的余弦相似度 352；

根据余弦相似度 352 确定第一目标的身份判断结果 370。

15 即在余弦相似度 352 满足身份判断条件的情况下，得到第一对象的身份判断结果 370 是目标对象；

在余弦相似度 352 不满足身份判断条件的情况下，得到第一对象的身份判断结果 370 不是目标对象。

本申请实施例提供一种生物纹路信息的特征提取方法，所述方法由计算机设备中的生物纹路特征提取模型执行，所述生物纹路特征提取模型包括特征提取网络和特征融合网络；所述方法包括：获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；调用所述特征提取网络对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；调用所述特征融合网络对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征。

25 接下来，对进行生物纹路特征提取模型的训练进行介绍。

图 12 示出了本申请一个示例性实施例提供的生物纹路特征提取模型的训练方法的流程图。该方法可以由计算机设备执行。该方法包括：

步骤 710：获取样本纹路信息和样本纹路特征；

30 样本纹路信息用于描述样本对象的生物纹路，样本纹路特征是样本对象的样本纹路信息对应的生物纹路特征；

在本申请的实施例中，生物纹路的类型包括但不限于如下至少之一：指部纹路、掌部纹路、眼部纹路、面部纹路、血管纹路、唇部纹路、口腔纹路；本申请对生物纹路的类型不做出任何限制性规定；

步骤 720：调用初始的生物纹路特征提取模型对样本纹路信息进行处理，输出样本对象的预测融合纹路特征；

35 示例性的，预测融合纹路特征用于描述样本对象的生物纹路信息的全局特征和局部特征；

步骤 730：将预测融合纹路特征与样本纹路特征进行比较，得到特征预测误差；

样本纹路特征是样本对象的样本纹路信息对应的生物纹路特征；

示例性的，特征预测误差是预测融合纹路特征与样本纹路特征之间的归一化指数函数（Softmax）损失函数；

40 具体的，得到特征预测误差，包括：

$$\begin{aligned}\frac{x_i}{\|x_i\|} &= L2norm(x_i); \\ \frac{w_j}{\|w_j\|} &= L2norm(w_j); \\ \cos(\theta_{ij}) &= \frac{x_i}{\|x_i\|} * \frac{w_j}{\|w_j\|}; \\ \theta_{ij} &= \arccos(\cos(\theta_{ij})); \\ \cos(\theta_j) &= \cos(\theta_{ij} + m); \\ Loss_j &= Softmax(s * \cos(\theta_j)) = \frac{e^{s * \cos(\theta_j)}}{\sum_j e^{s * \cos(\theta_j)}};\end{aligned}$$

其中， x_i 表示预测融合纹路特征， i 表示预测融合纹路特征的维度， $L2norm$ 表示表示 L2 参数正则化， w_j 表示样本纹路特征， j 表示样本纹路特征的维度， w 的维度为 n 乘 d ， n 表示样本纹路特征的总类数； $\arccos$ 表示反余弦运算； m 表示自定义加性角度，示例性的， $m=0.5$ ； s 表示特征放大倍数，示例性的， $s=48$ ， $Loss_j$ 表示特征预测误差， $Softmax(.)$ 表示 softmax 函数。示例性的，图 13 示出了本申请一个示例性实施例提供的确定特征预测误差的示意图。

步骤 740：使用特征预测误差对初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练，以得到生物纹路特征提取模型。

对初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练的目的是最小化预测融合纹路特征与样本纹路特征之间的特征预测误差，通过对初始的生物纹路特征提取模型进行训练得到生物纹路特征提取模型。

综上所述，本实施例提供的方法，通过对初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练，为将局部纹路特征与全局纹路特征融合，提升纹路特征对掌纹信息的描述能力奠定了基础；以生物纹路信息为掌部纹路图像信息为例，生物纹路特征提取模型取得了良好的训练效果，表一示出了对公开的包括四十对双胞胎的清晰和模糊的掌部纹路图像信息集，进行身份识别的结果；将同一对双胞胎的左手/右手作为一个样本对，对于 3600 个样本对；生物纹路特征提取模型在面对清晰的掌部纹路图像信息时未发生错误，在面对模糊的掌部纹路图像信息时仅发生了 1 次错误；相比与相关技术中的传统模型发生的 37 次错误和 46 次错误，取得了显著进步。

表一

方法/识别错误样本对数量	清晰的掌部纹路图像信息	模糊的掌部纹路图像信息
传统模型	37	46
生物纹路特征提取模型	0	1

图 14 示出了本申请一个示例性实施例提供的生物纹路特征提取模型的训练方法的流程图。该方法可以由计算机设备执行。该方法包括：

步骤 750：获取样本纹路信息和样本纹路信息的分类标签；

样本纹路信息用于描述样本对象的生物纹路，分类标签用于指示样本对象；

在本申请的实施例中，生物纹路的类型包括但不限于如下至少之一：指部纹路、掌部纹路、眼部纹路、面部纹路、血管纹路、唇部纹路、口腔纹路；本申请对生物纹路的类型不做出任何限制性规定；

步骤 760：调用初始的生物纹路特征提取模型对样本纹路信息进行处理，输出样本对象的预测融合纹路特征；

示例性的，预测融合纹路特征用于描述样本对象的生物纹路信息的全局特征和局部特征；

步骤 770：对所述预测融合纹路特征进行标签分类处理，得到样本对象的预测标签；

示例性的，在本实施例中，标签分类处理可以通过调用一个标签预测模型，以实现预测融合纹路特征的标签分类处理；也可以通过人工标注方法完成标签分类处理；也可以通过对预测融合纹路特征的运算，得到样本对象的预测标签；本实施例对标签分类处理的实现方式不做出任何限制性规定；

步骤 780：将预测标签与分类标签进行比较，得到标签预测误差；

分类标签用于指示样本对象；示例性的，标签预测误差包括预测标签与分类标签之间的如下损失函数中的至少至一：0-1 损失函数（Zero-One Loss）、绝对值损失函数、对数损失函数。

步骤 790: 使用标签预测误差对初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练, 以得到生物纹路特征提取模型。

对初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练的目的在于最小化预测标签与分类标签之间的特征预测误差, 通过对初始的生物纹路特征提取模型进行训练得到生物纹路特征提取模型。

- 5 综上所述, 本实施例提供的方法, 通过对初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练, 为将局部纹路特征与全局纹路特征融合, 提升纹路特征对掌纹信息的描述能力奠定了基础。

本领域普通技术人员可以理解, 上述实施例可以独立实施, 也可以将上述实施例进行自由组合, 组合出新的实施例实现本申请的生物纹路信息的特征提取方法。

- 10 图 15 示出了本申请一个示例性实施例提供的身份识别装置的框图。该装置包括:
获取模块 810, 用于获取生物纹路信息, 所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路;
提取模块 820, 用于对所述生物纹路信息进行特征提取处理, 得到全局纹路特征和局部纹路特征, 所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征, 所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征;
- 15 融合模块 830, 用于对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理, 得到所述第一对象的融合纹路特征;
判断模块 850, 用于根据所述第一对象的融合纹路特征, 对所述第一对象进行身份识别。
在本申请的一些实施例中, 所述提取模块 820 还用于:
对所述生物纹路信息进行隐层特征提取, 得到所述第一对象的纹理隐层特征, 所述纹理隐层特征
20 用于描述所述目标掌纹信息的隐层表示;
通过第一特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取, 得到所述第一对象的所述全局纹路特征, 所述第一特征提取方式是基于降低特征维度的特征提取方式;
通过第二特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取, 得到所述第一对象的所述局部纹路特征, 所述第二特征提取方式是基于增加特征感受野的特征提取方式。
- 25 在本申请的一些实施例中, 所述提取模块 820 还用于:
对所述纹理隐层特征进行处理, 分别通过 n 个第二特征提取方式, 得到所述第一对象的 n 个局部子特征, n 为正整数, 所述 n 个第二特征提取方式的特征感受野不同;
将所述 n 个局部子特征进行拼接, 得到所述第一对象的所述局部纹路特征。
在本申请的一些实施例中, 所述装置还包括: 处理模块 840, 用于对所述局部纹路特征进行自注
30 意力机制处理, 得到更新后的局部纹路特征;
所述融合模块 830, 还用于对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述更新后的局部纹路特征进行融合处理, 得到所述第一对象的融合纹路特征。
在本申请的一些实施例中, 所述自注意力机制处理包括激活处理和正则化处理;
所述处理模块 840, 还用于:
35 对所述局部纹路特征进行所述激活处理, 得到第二激活特征;
对所述局部纹路特征进行所述正则化处理, 得到第二正则特征;
将所述第二激活特征和所述第二正则特征相乘, 以得到所述第一对象的所述更新后的局部纹路特征。
- 40 在本申请的一些实施例中, 所述装置还包括: 处理模块 840, 用于对所述生物纹路信息进行预处理, 得到更新后的生物纹路信息; 所述预处理的方式包括但不限于如下至少之一: 对所述生物纹路信息进行插值处理; 截取所述生物纹路信息的兴趣区域;
所述提取模块 820 还用于对所述更新后的生物纹路信息进行特征提取处理, 得到全局纹路特征和局部纹路特征。
- 45 在本申请的一些实施例中, 所述装置还包括:
判断模块 850, 用于将所述第一对象的融合纹路特征与样本纹路特征进行比较, 得到所述第一对象的身份判断结果, 所述样本纹路特征用于描述目标对象的生物纹路信息特征。
在本申请的一些实施例中, 所述判断模块 850 还用于:
计算所述融合纹路特征和所述样本纹路特征之间的余弦相似度;
在所述余弦相似度满足身份判断条件的情况下, 得到所述第一对象的所述身份判断结果是所述目
50 标对象;
在所述余弦相似度不满足身份判断条件的情况下, 得到所述第一对象的所述身份判断结果不是所述目标对象。

图 16 示出了本申请一个示例性实施例提供的生物纹路信息的特征提取装置的框图。所述装置由生

物纹路特征提取模型执行, 所述生物纹路特征提取模型包括特征提取网络和特征融合网络; 所述装置包括:

获取模块 860, 用于获取生物纹路信息, 所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路;

提取模块 870, 用于调用所述特征提取网络对所述生物纹路信息进行特征提取处理, 得到全局纹路特征和局部纹路特征, 所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征, 所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征;

融合模块 880, 用于调用所述特征融合网络对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理, 得到所述第一对象的融合纹路特征。

在本申请的一些实施例中, 所述特征提取网络包括: 第一残差卷积块、第二残差卷积块和空洞卷积块; 所述提取模块 870 还用于:

调用所述第一残差卷积块对所述生物纹路信息进行隐层特征提取, 得到所述第一对象的纹理隐层特征, 所述纹理隐层特征用于描述所述目标掌纹信息的隐层表示;

调用所述第二残差卷积块, 通过第一特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取, 得到所述第一对象的所述全局纹路特征, 所述第一特征提取方式是基于降低特征维度的特征提取方式;

调用所述空洞卷积块, 通过第二特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取, 得到所述第一对象的所述局部纹路特征, 所述第二特征提取方式是基于增加特征感受野的特征提取方式。

在本申请的一些实施例中, 所述空洞卷积块包括 n 个空洞卷积层; 所述提取模块 870 还用于: 调用所述 n 个空洞卷积层对所述纹理隐层特征进行处理, 分别通过 n 个第二特征提取方式, 得到所述第一对象的 n 个局部子特征, n 为正整数, 所述 n 个第二特征提取方式的特征感受野不同, 所述特征感受野是基于所述空洞卷积层的卷积核尺度确定的;

将所述 n 个局部子特征进行拼接, 得到所述第一对象的所述局部纹路特征。

在本申请的一些实施例中, 所述生物纹路特征提取模型是通过如下方式训练得到的: 获取样本纹路信息和样本纹路特征, 所述样本纹路信息用于描述样本对象的生物纹路, 所述样本纹路特征是所述样本对象的所述样本纹路信息对应的生物纹路特征;

调用初始的生物纹路特征提取模型对所述样本纹路信息进行处理, 输出所述样本对象的预测融合纹路特征;

将所述预测融合纹路特征与样本纹路特征进行比较, 得到特征预测误差;

使用所述特征预测误差对所述初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练, 以得到所述生物纹路特征提取模型。

在本申请的一些实施例中, 所述生物纹路特征提取模型是通过如下方式训练得到的: 获取样本纹路信息和所述样本纹路信息的分类标签, 所述样本纹路信息用于描述样本对象的生物纹路, 所述分类标签用于指示所述样本对象;

调用初始的生物纹路特征提取模型对所述样本纹路信息进行处理, 输出所述样本对象的预测融合纹路特征;

对所述预测融合纹路特征进行标签分类处理, 得到所述样本对象的预测标签;

将所述预测标签与分类标签进行比较, 得到标签预测误差;

使用所述标签预测误差对所述初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练, 以得到所述生物纹路特征提取模型。

需要说明的一点是, 上述实施例提供的装置在实现其功能时, 仅以上述各个功能模块的划分进行举例说明, 实际应用中, 可以根据实际需要而将上述功能分配由不同的功能模块完成, 即将设备的内容结构划分成不同的功能模块, 以完成以上描述的全部或者部分功能。

关于上述实施例中的装置, 其中各个模块执行操作的具体方式已经在有关该方法的实施例中进行了详细描述; 各个模块执行操作取得的技术效果与有关该方法的实施例中的技术效果相同, 此处将不做详细阐述说明。

本申请实施例还提供了一种计算机设备, 该计算机设备包括: 处理器和存储器, 存储器中存储有计算机程序; 所述处理器, 用于执行所述存储器中的所述计算机程序以实现上述各方法实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法。

一些实施例中, 该计算机设备为服务器。示例地, 图 17 是本申请一个示例性实施例提供的服务器的结构框图。

通常, 服务器 2300 包括有: 处理器 2301 和存储器 2302。

处理器 2301 可以包括一个或多个处理核心, 比如 4 核心处理器、8 核心处理器等。处理器 2301 可

以采用数字信号处理 (Digital Signal Processing, DSP)、现场可编程门阵列 (Field-Programmable Gate Array, FPGA)、可编程逻辑阵列 (Programmable Logic Array, PLA) 中的至少一种硬件形式来实现。处理器 2301 也可以包括主处理器和协处理器, 主处理器是用于对在唤醒状态下的数据进行处理的处理器, 也称中央处理器 (Central Processing Unit, CPU); 协处理器是用于对在待机状态下的数据进行处理的低功耗处理器。在一些实施例中, 处理器 2301 可以在集成有图像处理 (Graphics Processing Unit, GPU), GPU 用于负责显示屏所需要显示的内容的渲染和绘制。一些实施例中, 处理器 2301 还可以包括人工智能 (Artificial Intelligence, AI) 处理器, 该 AI 处理器用于处理有关机器学习的计算操作。存储器 2302 可以包括一个或多个计算机可读存储介质, 该计算机可读存储介质可以是非暂态的。存储器 2302 还可包括高速随机存取存储器, 以及非易失性存储器, 比如一个或多个磁盘存储设备、闪存存储设备。在一些实施例中, 存储器 2302 中的非暂态的计算机可读存储介质用于存储至少一个指令, 该至少一个指令用于被处理器 2301 所执行以实现本申请中方法实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法。

在一些实施例中, 服务器 2300 还包括有: 输入接口 2303 和输出接口 2304。处理器 2301、存储器 2302 和输入接口 2303、输出接口 2304 之间可以通过总线或信号线相连。各个外围设备可以通过总线、信号线或电路板与输入接口 2303、输出接口 2304 相连。输入接口 2303、输出接口 2304 可被用于将输入/输出 (Input/Output, I/O) 相关的至少一个外围设备连接到处理器 2301 和存储器 2302。在一些实施例中, 处理器 2301、存储器 2302 和输入接口 2303、输出接口 2304 被集成在同一芯片或电路板上; 在一些其他实施例中, 处理器 2301、存储器 2302 和输入接口 2303、输出接口 2304 中的任意一个或两个可以在单独的芯片或电路板上实现, 本申请实施例对此不加以限定。

本领域技术人员可以理解, 上述示出的结构并不构成对服务器 2300 的限定, 可以包括比图示更多或更少的组件, 或者组合某些组件, 或者采用不同的组件布置。

在示例性实施例中, 还提供了一种芯片, 所述芯片包括可编程逻辑电路和/或程序指令, 当所述芯片在计算机设备上运行时, 用于实现上述方面所述的生物纹路信息的特征提取方法。

在示例性实施例中, 还提供了一种计算机程序产品或计算机程序, 该计算机程序产品或计算机程序包括计算机指令, 该计算机指令存储在计算机可读存储介质中。计算机设备的处理器从计算机可读存储介质读取该计算机指令, 处理器从计算机可读存储介质读取并执行该计算机指令, 以实现上述各方法实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法。

在示例性实施例中, 还提供了一种计算机可读存储介质, 该计算机可读存储介质中存储有计算机程序, 所述计算机程序由处理器加载并执行以实现上述各方法实施例提供的生物纹路信息的特征提取方法。

本领域普通技术人员可以理解实现上述实施例的全部或部分步骤可以通过硬件来完成, 也可以通过程序来指令相关的硬件完成, 所述的程序可以存储于一种计算机可读存储介质中, 上述提到的存储介质可以是只读存储器, 磁盘或光盘等。

本领域技术人员应该可以意识到, 在上述一个或多个示例中, 本申请实施例所描述的功能可以用硬件、软件、固件或它们的任意组合来实现。当使用软件实现时, 可以将这些功能存储在计算机可读介质中或者作为计算机可读介质上的一个或多个指令或代码进行传输。计算机可读介质包括计算机存储介质和通信介质, 其中通信介质包括便于从一个地方向另一个地方传送计算机程序的任何介质。存储介质可以是通用或专用计算机能够存取的任何可用介质。以上所述仅为本申请的一些实施例, 并不用以限制本申请, 凡在本申请的精神和原则之内, 所作的任何修改、等同替换、改进等, 均应包含在本申请的保护范围之内。

权利要求书

- 1.一种身份识别方法，由计算机设备执行，所述方法包括：
获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；
对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；
对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征；
根据所述第一对象的融合纹路特征，对所述第一对象进行身份识别。
- 2.根据权利要求1所述的方法，其中，所述对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，包括：
对所述生物纹路信息进行隐层特征提取，得到所述第一对象的纹理隐层特征，所述纹理隐层特征用于描述所述目标掌纹信息的隐层表示；
通过第一特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取，得到所述第一对象的所述全局纹路特征，所述第一特征提取方式是基于降低特征维度的特征提取方式；
通过第二特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取，得到所述第一对象的所述局部纹路特征，所述第二特征提取方式是基于增加特征感受野的特征提取方式。
- 3.根据权利要求2所述的方法，其中，所述通过第二特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取，得到所述第一对象的所述局部纹路特征，包括：
对所述纹理隐层特征进行处理，分别通过n个第二特征提取方式得到所述第一对象的n个局部子特征，n为正整数，所述n个第二特征提取方式的特征感受野不同；
将所述n个局部子特征进行拼接，得到所述第一对象的所述局部纹路特征。
- 4.根据权利要求1至3任一所述的方法，其中，所述方法还包括：
对所述局部纹路特征进行自注意力机制处理，得到更新后的局部纹路特征；
所述对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征，包括：
对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述更新后的局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征。
- 5.根据权利要求4所述的方法，其中，所述自注意力机制处理包括激活处理和正则化处理；
所述对所述局部纹路特征进行自注意力机制处理，得到更新后的局部纹路特征，包括：
对所述局部纹路特征进行所述激活处理，得到第二激活特征；
对所述局部纹路特征进行所述正则化处理，得到第二正则特征；
将所述第二激活特征和所述第二正则特征相乘，以得到所述第一对象的所述更新后的局部纹路特征。
- 6.根据权利要求1至3任一所述的方法，其中，所述方法还包括：
对所述生物纹路信息进行预处理，得到更新后的生物纹路信息；所述预处理的方式包括但不限于如下至少之一：
对所述生物纹路信息进行插值处理；
截取所述生物纹路信息的兴趣区域；
所述对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，包括：
对所述更新后的生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征。
- 7.根据权利要求1至3任一所述的方法，其中，所述根据所述第一对象的融合纹路特征，对所述第一对象进行身份识别，包括：
将所述第一对象的融合纹路特征与样本纹路特征进行比较，得到所述第一对象的身份判断结果，所述样本纹路特征用于描述目标对象的生物纹路信息特征。
- 8.根据权利要求7所述的方法，其中，所述将所述第一对象的融合纹路特征与样本纹路特征进行比较，得到所述第一对象的身份判断结果，包括：
计算所述融合纹路特征和所述样本纹路特征之间的余弦相似度；
在所述余弦相似度满足身份判断条件的情况下，得到所述第一对象的所述身份判断结果是所

述目标对象；

在所述余弦相似度不满足身份判断条件的情况下，得到所述第一对象的所述身份判断结果不是所述目标对象。

- 5 9.一种生物纹路信息的特征提取方法，所述方法由计算机设备中的生物纹路特征提取模型执行，所述生物纹路特征提取模型包括特征提取网络和特征融合网络；

所述方法包括：

获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；

- 10 调用所述特征提取网络对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；

调用所述特征融合网络对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征。

10.根据权利要求9所述的方法，其中，所述特征提取网络包括：第一残差卷积块、第二残差卷积块和空洞卷积块；

- 15 所述调用所述特征提取网络对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，包括：

调用所述第一残差卷积块对所述生物纹路信息进行隐层特征提取，得到所述第一对象的纹理隐层特征，所述纹理隐层特征用于描述所述目标掌纹信息的隐层表示；

- 20 调用所述第二残差卷积块，通过第一特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取，得到所述第一对象的所述全局纹路特征，所述第一特征提取方式是基于降低特征维度的特征提取方式；

调用所述空洞卷积块，通过第二特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取，得到所述第一对象的所述局部纹路特征，所述第二特征提取方式是基于增加特征感受野的特征提取方式。

11.根据权利要求10所述的方法，其中，所述空洞卷积块包括n个空洞卷积层；

- 25 所述调用所述空洞卷积块，通过第二特征提取方式对所述纹理隐层特征进行特征提取，得到所述第一对象的所述局部纹路特征，包括：

调用所述n个空洞卷积层对所述纹理隐层特征进行处理，分别通过n个第二特征提取方式，得到所述第一对象的n个局部子特征，n为正整数，所述n个第二特征提取方式的特征感受野不同，所述特征感受野是基于所述空洞卷积层的卷积核尺度确定的；

将所述n个局部子特征进行拼接，得到所述第一对象的所述局部纹路特征。

- 30 12.根据权利要求9至11任一所述的方法，其中，所述生物纹路特征提取模型是通过如下方式训练得到的：

获取样本纹路信息和样本纹路特征，所述样本纹路信息用于描述样本对象的生物纹路，所述样本纹路特征是所述样本对象的所述样本纹路信息对应的生物纹路特征；

- 35 调用初始的生物纹路特征提取模型对所述样本纹路信息进行处理，输出所述样本对象的预测融合纹路特征；

将所述预测融合纹路特征与样本纹路特征进行比较，得到特征预测误差；

使用所述特征预测误差对所述初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练，以得到所述生物纹路特征提取模型。

- 40 13.根据权利要求9至11任一所述的方法，其中，所述生物纹路特征提取模型是通过如下方式训练得到的：

获取样本纹路信息和所述样本纹路信息的分类标签，所述样本纹路信息用于描述样本对象的生物纹路，所述分类标签用于指示所述样本对象；

调用初始的生物纹路特征提取模型对所述样本纹路信息进行处理，输出所述样本对象的预测融合纹路特征；

- 45 对所述预测融合纹路特征进行标签分类处理，得到所述样本对象的预测标签；

将所述预测标签与分类标签进行比较，得到标签预测误差；

使用所述标签预测误差对所述初始的生物纹路特征提取模型进行后向误差传播训练，以得到所述生物纹路特征提取模型。

14.一种身份识别装置，所述装置包括：

- 50 获取模块，用于获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；

提取模块，用于对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，

所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；

融合模块，用于对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征；

5 判断模块，用于根据所述第一对象的融合纹路特征，对所述第一对象进行身份识别。

15.一种生物纹路信息的特征提取装置，所述装置包括生物纹路特征提取模型，所述生物纹路特征提取模型包括特征提取网络和特征融合网络；

所述装置包括：

获取模块，用于获取生物纹路信息，所述生物纹路信息用于描述第一对象的生物纹路；

10 提取模块，用于调用所述特征提取网络对所述生物纹路信息进行特征提取处理，得到全局纹路特征和局部纹路特征，所述全局纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的全局特征，所述局部纹路特征用于描述所述第一对象的所述生物纹路信息的局部特征；

融合模块，用于调用所述特征融合网络对所述第一对象的所述全局纹路特征和所述局部纹路特征进行融合处理，得到所述第一对象的融合纹路特征。

15 16.一种计算机设备，所述计算机设备包括：处理器和存储器，所述存储器中存储有至少一段程序；所述处理器，用于执行所述存储器中的所述至少一段程序以实现上述如权利要求1至13任一所述的生物纹路信息的特征提取方法。

17.一种计算机可读存储介质，所述可读存储介质中存储有可执行指令，所述可执行指令由处理器加载并执行以实现上述如权利要求1至13任一所述的生物纹路信息的特征提取方法。

20 18.一种计算机程序产品或计算机程序，所述计算机程序产品或计算机程序包括计算机指令，所述计算机指令存储在计算机可读存储介质中，处理器从所述计算机可读存储介质读取并执行所述计算机指令，以实现上述如权利要求1至13任一所述的生物纹路信息的特征提取方法。

25