

生物特征识别方法、装置、设备和存储介质

相关申请

本申请要求 2021 年 11 月 15 日申请的，申请号为 202111350756.5，名称为“生物特征识别方法、装置、设备和存储介质”的中国专利申请的优先权，在此将其全文引入作为参考。

技术领域

本申请涉及信息处理技术领域，尤其涉及一种生物特征识别方法、装置、设备和存储介质。

背景技术

生物识别技术通过计算机与光学、声学、生物传感器和生物统计学原理等高科技手段密切结合，利用人体固有的生理特性如指纹、人脸、虹膜、指静脉等进行个人身份识别。

随着对社会安全和身份鉴别准确性和可靠性要求的日益提升，单一生物特征识别在准确性和可靠性方面的局限性日益突出，不能满足产品和技术发展的需要。随着生物特征识别技术的不断成熟，多模态生物特征识别技术的研究与应用将弥补单一生物特征识别技术的局限与不足，进一步降低生物特征识别系统的误识率，提高鉴别精度。

因此，多模态生物特征识别技术越来越受到人们的关注，生物特征辨识属于 1:N 的比对方式，在考勤门禁、人员聚档、黑名单监控等生物特征搜索中应用较多，给人们的生活和工作带来了便利。尽管如此，在 1:N 比对的实际应用中，往往会出现误识、误警及漏报的问题，给系统应用带来困扰和风险。

发明内容

本申请实施例的目的在于提供一种生物特征识别方法、装置、设备和存储介质，实现了通过多种匹配算法的比对排名和每种算法的排序权重来提高生物特征辨识的可靠性。

本申请实施例第一方面提供了一种生物特征识别方法，包括：获取待识别的生物特征样本；采用多种特征匹配算法，将所述生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，得到每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合；根据权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算；根据加权

排序后的每个所述候选特征模板集合，确定所述生物特征样本对应的最终目标对象。

在其中一个实施例中，所述采用多种特征匹配算法，将所述生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，得到每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合，包括：采用所述多种特征匹配算法中的第一个特征匹配算法，将所述生物特征样本与所述特征模板库中的特征模板进行逐一比对，选取出第一候选特征模板集合；分别采用所述多种特征匹配算法中剩余的每种特征匹配算法，将所述生物特征样本与所述第一候选特征模板集合中的特征模板进行逐一比对，得到所述每种特征匹配算法下对应的第二候选特征模板集合。

在其中一个实施例中，在所述根据所述权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算之前，所述生物特征识别方法还包括：分别根据每个所述候选特征模板集合的辨识错误率，构建所述多种特征匹配算法的所述权重矩阵，所述权重矩阵中包括每种所述特征匹配算法的排序权重。

在其中一个实施例中，所述辨识错误率包括：每个所述候选特征模板集合的错误辨识选择率；采用如下公式构建所述多种特征匹配算法的权重矩阵：

$$W = (w_i)_{1 \times m}, \quad i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{1}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m (1/FISR_x), \quad \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

其中，m为所述多种特征匹配算法的总数量，m为正整数，W为所述多种特征匹配算法的权重矩阵， w_i 为所述多种特征匹配算法中第i个算法对应的所述排序权重， $FISR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第i个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识选择率。

在其中一个实施例中，所述辨识错误率包括：每个所述候选特征模板集合的错误辨识选择率和错误辨识拒绝率；采用如下公式构建所述多种特征匹配算法的权重矩阵：

$$W = (w_i), \quad i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{FIRR_i}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m \left(\frac{1}{FIRR_x * FISR_x} \right), \quad \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

其中，m为所述多种特征匹配算法的总数量，m为正整数，W为所述多种特征匹配算法的权重矩阵， w_i 为所述多种特征匹配算法中第i个算法对应的所述排序权重， $FISR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第i个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识选择率， $FIRR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第i个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识拒绝率。

在其中一个实施例中，所述根据所述权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算，包括：根据每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合，生成所述多种特征匹配算法对应的初始排序矩阵；将所述初始

排序矩阵的每个元素取倒数后,生成倒数排序矩阵;对所述倒数排序矩阵进行标准化处理,得到标准化排序矩阵;将所述权重矩阵与所述标准化排序矩阵相乘,得到所述生物特征样本在所述多种特征匹配算法下对应所有候选特征模板的最终排序矩阵。

在其中一个实施例中,所述根据加权排序后的每个所述候选特征模板集合,确定所述生物特征样本对应的最终目标对象,包括:将所述最终排序矩阵中的元素按照降序排列,将所述最终排序矩阵中排在前预设名次的元素对应的候选特征模板确定为所述生物特征样本对应的最终目标对象。

本申请实施例第二方面提供了一种生物特征识别装置,包括:获取模块,用于获取待识别的生物特征样本;比对模块,用于采用多种特征匹配算法,将所述生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对,得到每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合;加权模块,用于根据权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算;确定模块,用于根据加权排序后的每个所述候选特征模板集合,确定所述生物特征样本对应的最终目标对象。

在其中一个实施例中,所述比对模块用于:采用所述多种特征匹配算法中的第一个特征匹配算法,将所述生物特征样本与所述特征模板库中的特征模板进行逐一比对,选取出第一候选特征模板集合;分别采用所述多种特征匹配算法中剩余的每种特征匹配算法,将所述生物特征样本与所述第一候选特征模板集合中的特征模板进行逐一比对,得到所述每种特征匹配算法下对应的第二候选特征模板集合。

在其中一个实施例中,所述生物特征识别装置还包括:构建模块,用于在所述根据权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算之前,分别根据每个所述候选特征模板集合的辨识错误率,构建所述多种特征匹配算法的所述权重矩阵,所述权重矩阵中包括每种所述特征匹配算法的排序权重。

在其中一个实施例中,所述辨识错误率包括:每个所述候选特征模板集合的错误辨识选择率;所述构建模块用于采用如下公式构建所述多种特征匹配算法的权重矩阵:

$$W = (w_i)_{1 \times m}, i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{1}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m (1/FISR_x), \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

其中, m 为所述多种特征匹配算法的总数量, m 为正整数, W 为所述多种特征匹配算法的权重矩阵, w_i 为所述多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的所述排序权重, $FISR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识选择率。

在其中一个实施例中,所述辨识错误率包括:每个所述候选特征模板集合的错误辨识

选择率和错误辨识拒绝率；所述构建模块用于采用如下公式构建所述多种特征匹配算法的权重矩阵：

$$W = (w_i), i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{FIRR_i}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m \left(\frac{1}{FIRR_x * FISR_x} \right), \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

其中，m 为所述多种特征匹配算法的总数量，m 为正整数，W 为所述多种特征匹配算法的权重矩阵， w_i 为所述多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的所述排序权重， $FISR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识选择率， $FIRR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识拒绝率。

在其中一个实施例中，所述加权模块用于：根据每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合，生成所述多种特征匹配算法对应的初始排序矩阵；将所述初始排序矩阵的每个元素取倒数后，生成倒数排序矩阵；对所述倒数排序矩阵进行标准化处理，得到标准化排序矩阵；将所述权重矩阵与所述标准化排序矩阵相乘，得到所述生物特征样本在所述多种特征匹配算法下对应所有候选特征模板的最终排序矩阵。

在其中一个实施例中，所述确定模块用于：将所述最终排序矩阵中的元素按照降序排列，将所述最终排序矩阵中排在前预设名次的元素对应的候选特征模板确定为所述生物特征样本对应的最终目标对象。

本申请实施例第三方面提供了一种电子设备，包括：存储器，用于存储计算机程序；处理器，用于执行所述计算机程序，以实现本申请实施例第一方面中其任一实施例的方法。

本申请实施例第四方面提供了一种非暂态电子设备可读存储介质，包括：程序，当其藉由电子设备运行时，使得所述电子设备执行本申请实施例第一方面中其任一实施例的方法。

本申请提供的生物特征识别方法、装置、设备和存储介质，通过多种特征匹配算法，将待识别生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，从而得到每种特征匹配算法下对应的候选特征模板集合，并根据每个候选特征模板集合下的辨识错误率构建多种特征匹配算法的权重矩阵，最后根据权重矩阵中的每种特征匹配算法的排序权重，分别对每个候选特征模板集合的排序做加权计算，如此，既利用了多种匹配算法的比对排名，又考虑了每种算法的排序权重，从而提高了生物特征辨识的可靠性。

附图说明

为了更清楚地说明本申请实施例或传统技术中的技术方案，下面将对实施例或传统技

术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，还可以根据公开的附图获得其他的附图。

图 1 为根据本申请一实施例的电子设备的结构示意图。

图 2 为根据本申请一实施例的生物特征识别方法的流程示意图。

图 3 为根据本申请一实施例的生物特征识别方法的流程示意图。

图 4 为根据本申请一实施例的生物特征识别装置的结构示意图。

图 5 为根据本申请一实施例的用于生物特征识别的设备内部结构示意图。

具体实施方式

为使本申请的上述目的、特征和优点能够更加明显易懂，下面结合附图对本申请的具体实施方式做详细的说明。在下面的描述中阐述了很多具体细节以便于充分理解本申请。但是本申请能够以很多不同于在此描述的其它方式来实施，本领域技术人员可以在不违背本申请内涵的情况下做类似改进，因此本申请不受下面公开的具体实施例的限制。

在本申请的描述中，术语“第一”、“第二”等仅用于区分描述，而不能理解为指示或暗示相对重要性。

如图 1 所示，本实施例提供一种电子设备 1，包括：至少一个处理器 11 和存储器 12。图 1 中以一个处理器为例。处理器 11 和存储器 12 通过总线 10 连接。存储器 12 存储有可被处理器 11 执行的计算机指令，该计算机指令被处理器 11 执行，以使电子设备 1 可执行下述的实施例中方法的全部或部分流程，从而通过多种匹配算法的比对排名和每种算法的排序权重，提高生物特征辨识的可靠性。

在本申请一些实施例中，电子设备 1 可以是手机、平板电脑、笔记本电脑、台式计算机或者是由多个计算机等组成的服务器。

请参看图 2，其为本申请一实施例的生物特征识别方法，该方法可由图 1 所示的电子设备 1 来执行，其通过多种匹配算法的比对排名和算法的排序权重，提高生物特征辨识的可靠性。该方法包括如下步骤：

步骤 210：获取待识别的生物特征样本。

在本步骤中，待识别的生物特征样本指的是人体固有的生理特征如指纹、人脸、虹膜、指静脉等。

在本申请一些实施例中，若生物特征样本为指纹，指纹图像的获取方式可以为光学指纹采集技术、电容式传感器指纹采集技术、温度传感指纹获取技术、超声波指纹采集技术、

电磁波指纹采集技术等。

在本申请一些实施例中，使用图像采集软件可获待识别的指纹特征样本，如 Anguli、ABIS 多模态生物识别统一平台等。

步骤 220：采用多种特征匹配算法，将生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，得到每种特征匹配算法对应的候选特征模板集合。

在本步骤中，特征匹配算法指的是生物特征样本特征与特征模板库中的特征模板进行匹配的算法。

在本申请一些实施例中，若生物特征样本是人脸，人脸识别算法包括基于几何特征的人脸识别方法、基于子空间的人脸识别方法、基于统计的人脸识别方法、弹性图匹配方法、基于混合模型的人脸识别方法、基于三维模型的人脸识别方法以及基于深度神经网络的人脸识别方法等等。其中，基于统计的人脸识别方法又包括基于 KL 变换的人脸识别方法、基于隐马尔可夫模型的人脸识别方法等。

在本申请一些实施例中，多种特征匹配算法可以是不同类型的算法，比如第一种是基于深度神经网络的人脸识别方法，第二种是基于子空间的人脸识别方法，第三种又可以是不同类型的算法。具体地：

首先，将基于深度神经网络的人脸识别方法作为第一个特征匹配算法，使用基于深度神经网络的人脸识别方法将待识别人脸与人脸特征模板进行逐一比对，得到匹配分数，并将得到的匹配分数按照降序的方式进行排序；同时，将排序前 k 位对应的特征模板作为第一候选特征模板集合。其中，k 为自定义的长度。

然后，使用基于子空间的人脸识别方法将待识别的人脸与第一候选特征模板集合中的特征模板逐一比对，得到匹配分数，并将得到的匹配分数按照降序的方式进行排序，从而得到基于子空间的人脸识别方法下的待识别的人脸对应的第二候选特征模板集合。

依次类推，分别采用剩余的人脸识别算法，将待识别的人脸样本与第一候选特征模板集合中的特征模板进行逐一比对，得到每种特征匹配算法对应的第二候选特征模板集合。

在本申请一些实施例中，多种特征匹配算法也可以同类型的算法，比如都是基于神经网络的算法，但是神经网络不同，特征匹配算法也会有差别。

步骤 230：分别根据每个候选特征模板集合的辨识错误率，构建多种特征匹配算法的权重矩阵。

在本步骤中，权重矩阵中包括每种特征匹配算法的排序权重，可以预先统计确定每一种特征匹配算法的排序权重，以此构成权重矩阵。特征模板集合指的是注册集，即用于生物特征辨识（1:N 比对）的注册模板集合。生物特征辨识算法性能体现在如错误辨识选择

率（FISR）、错误辨识拒绝率（FIRR）、首选识别率（TOP1）、前 k 选识别率（TOP k）等指标上。算法性能指标的评估在一定的测试样本集上进行。测试样本集可分为注册集和探针集；其中，探针集用于算法性能评测的待识别样本（也称为探针）的集合。

待识别样本在注册集中可能存在匹配的模板，也可能不存在。注册集和探针集内的样本数量可一致，也可以不一致。在生物特征辨识算法性能评测中，一般根据实际应用的数据规模来构建测试集的样本数量，如：万级、十万级、百万级、千万级等。算法性能指标的好坏与测试样本质量有关。样本集内的测试样本质量应遵循生物特征模态对应的样本质量标准。

其中，辨识错误率包括错误辨识选择率（FISR）和错误辨识拒绝率（FIRR）。FISR 指标与注册集样本数量 N、候选列表长度 K、比对阈值 T 等有关，可用 $FISR(N, K, T)$ 表示。FISR 指标的统计方法是在不可匹配目标人的搜索中，比对结果列表中有得分超过阈值 T 且排名在 K 位以内的候选者（都是错误的匹配者），FISR(N, K, T) 为候选者数量与探针集中不可匹配样本数量的比值。

计算方式如下：

$$FISR(N, K, T) = \frac{C_2}{C_1} \times 100\%;$$

式中：N 为注册集样本数量、K 为候选列表长度、T 为比对阈值， C_2 为 C_1 轮比对搜索中得分超过阈值 T 且排名在 K 位以内的候选者数量之和； C_1 为待识别样本的集合中不可匹配样本数量。

在 N、K 一定的情况下，随着 T 的增大，FISR(N, K, T) 减小，说明错误匹配的概率越低，辨识可靠性增加。

FIRR 指标与注册集样本数量 N、候选列表长度 K、比对阈值等有关 T，可用 $FIRR(N, K, T)$ 表示。统计方法为在可匹配目标人的搜索中，在比对结果列表中存在探针与对应模板的比对得分未超过阈值 T 或排名在 K 位以外的被错误拒绝者（是应匹配而未匹配的失败者），FIRR(N, K, T) 为被错误拒绝的数量与探针集中可匹配样本数量的比值。

计算方式如下：

$$FIRR(N, K, T) = \frac{C_4}{C_3} \times 100\%$$

式中： C_4 为 C_3 轮比对搜索中得分未超过阈值 T 或排名在 K 位以外的被错误拒绝的数量； C_3 为待识别样本的集合中可匹配样本数量。

在 FISR(N, K, T) 一定的情况下，FIRR(N, K, T) 越小，说明被拒绝的概率越小，相当于识别通过率增加，因此辨识可靠性增加。

通常，在 N、K 一定的前提下，调整阈值 T，使 FISR(N, K, T) 达到可用的可靠性等级（如：万分之一、十万分之一），根据此时的阈值 T，就可以确定 FIRR(N, K, T) 的值。

在本申请一些实施例中，采用如下公式构建多种特征匹配算法的权重矩阵：

$$W = (w_i)_{1 \times m}, \quad i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{1}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m (1/FISR_x), \quad \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

式中：m 为多种特征匹配算法的总数量，m 为正整数；W 为多种特征匹配算法的权重矩阵； w_i 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的排序权重； $FISR_i$ 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的候选特征模板集合的错误辨识选择率。

在本申请一些实施例中，采用如下公式构建多种特征匹配算法的权重矩阵：

$$W = (w_i), \quad i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{FIRR_i}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m \left(\frac{1}{FIRR_x * FISR_x} \right), \quad \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

式中：m 为多种特征匹配算法的总数量，m 为正整数；W 为多种特征匹配算法的权重矩阵； w_i 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的排序权重； $FISR_i$ 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的候选特征模板集合的错误辨识选择率； $FIRR_i$ 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的候选特征模板集合的错误辨识拒绝率。

需要说明的是，步骤 230 中对权重矩阵的构建需要发生在步骤 240 之前，在使用的多种特征匹配算法确定后，权重矩阵也就可以确定。在实际进行生物特征识别时，只要特征匹配算法不变，就无需每次构建权重矩阵，因此步骤 230 也可以发生在步骤 210-步骤 220 之前，或者同时进行。本实施例对步骤 230 与步骤 210、步骤 220 之间的发生次序不做限定。

步骤 240：根据所述权重矩阵中每种特征匹配算法的排序权重分别对每个候选特征模板集合的排序做加权计算。

在本步骤中，每个候选特征模板集合的排序指的是每个候选特征模板的排序分数组成的矩阵。

步骤 250：根据加权排序后的每个候选特征模板集合，确定生物特征样本对应的最终目标对象。

在本步骤中，最终目标对象可以是加权排序后排名第一的目标对象，也可以是按照设定的长度进行降序返回的候选者的结果集合。

请参看图 3 其为本申请一实施例的生物特征识别方法，该方法包括如下步骤：

步骤 310：获取待识别的生物特征样本。详细参见上述实施例中对步骤 210 的描述。

步骤 320：采用多种特征匹配算法，将生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，得到每种特征匹配算法下对应的候选特征模板集合。详细参见上述实施例中对步骤 220 的描述。

步骤 330：分别根据每个候选特征模板集合的辨识错误率，构建多种特征匹配算法的权重矩阵。详细参见上述实施例中对步骤 230 的描述。

步骤 340：根据每种特征匹配算法下对应的候选特征模板集合，生成多种特征匹配算法对应的初始排序矩阵。

步骤 350：将初始排序矩阵的每个元素取倒数后，生成倒数排序矩阵。

在本步骤中，初始排序矩阵指的是根据每轮比对候选列表后生成排序矩阵 $(r_{ij})_{m \times k}$ ，具体形式如下：

$$R = \begin{pmatrix} r_{11} & \cdots & r_{1k} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{m1} & \cdots & r_{mk} \end{pmatrix}$$

其中： m 为待识别生物特征样本经过了 m 轮的比对， k 为候选集合的长度， r_{ij} 为待识别生物特征样本在 i 轮的匹配后排名为 j 的匹配分数。

将排序矩阵每个元素取倒数，即将 $(r_{ij})_{m \times k}$ 进行矩阵变换，对 r_{ij} 取倒数可得：

$$b_{ij} = 1/r_{ij};$$

从而得到倒数排序矩阵，具体形式如下：

$$B = \begin{pmatrix} b_{11} & \cdots & b_{1k} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ b_{m1} & \cdots & b_{mk} \end{pmatrix}$$

步骤360：对倒数排序矩阵进行标准化处理，得到标准化排序矩阵。

在本步骤中，标准化处理指的是将倒数排序矩阵中的元素进行 z -分数变换，从而得到标准化排序矩阵 $(z_{ij})_{m \times k}$ ，具体形式如下：

$$Z = \begin{pmatrix} z_{11} & \cdots & z_{1k} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ z_{m1} & \cdots & z_{mk} \end{pmatrix};$$

其中， z -分数变换方式如下：

$$z_{ij} = (b_{ij} - \mu)/\delta ;$$

式中： b_{ij} 为倒数排序矩阵中第 i 行第 j 列数值， μ 为 b_{ij} 的平均值， δ 为 b_{ij} 的标准差。

步骤 370：将权重矩阵与标准化排序矩阵相乘，得到生物特征样本在多种特征匹配算法下对应所有候选特征模板的最终排序矩阵。

在本步骤中，权重矩阵与标准化排序矩阵相乘的具体公式如下：

$$(c_j)_{1 \times k} = (w_i)_{1 \times m} * (z_{ij})_{m \times k};$$

则加权后的排序矩阵为： $C = (c_1, c_2, \dots, c_k)$ ，并对其矩阵内的元素进行降序排列，从而得到最终排序矩阵。

步骤 380：根据加权排序后的每个候选特征模板集合，确定生物特征样本对应的最终目标对象。详细参见上述实施例中对步骤 250 的描述。

请参看图 4，其为本申请一实施例提供的生物特征识别装置 400，该装置可应用于图 1 所示的电子设备 1，其通过利用多种匹配算法的比对排名和每种算法的排序权重，提高了生物特征辨识的可靠性。该装置包括：获取模块 401、比对模块 402、加权模块 403 和确定模块 404，各个模块的原理关系如下：

获取模块 401，用于获取待识别的生物特征样本。

比对模块 402，用于采用多种特征匹配算法，将生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，得到每种特征匹配算法下对应的候选特征模板集合；

加权模块 403，用于根据权重矩阵中每种特征匹配算法的排序权重分别对每个候选特征模板集合的排序做加权计算；

确定模块 404，用于根据加权排序后的每个候选特征模板集合，确定生物特征样本对应的最终目标对象。

在本申请一些实施例中，比对模块 402 还用于：采用多种特征匹配算法中的第一个特征匹配算法，将生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，选取出第一候选特征模板集合；分别采用多种特征匹配算法中剩余的每种特征匹配算法，将生物特征样本与第一候选特征模板集合中的特征模板进行逐一比对，得到每种特征匹配算法下对应的第二候选特征模板集合。

在本申请一些实施例中，该生物特征识别装置 400 还包括：构建模块 405，用于在根据权重矩阵中每种特征匹配算法的排序权重分别对每个候选特征模板集合的排序做加权计算之前，分别根据每个候选特征模板集合的辨识错误率，构建多种特征匹配算法的权重矩阵，其中权重矩阵包括每种特征匹配算法的排序权重。

在本申请一些实施例中，辨识错误率包括：每个候选特征模板集合的错误辨识选择率；构建模块 405 还用于采用如下公式构建多种特征匹配算法的权重矩阵：

$$W = (w_i)_{1 \times m}, \quad i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{1}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m (1/FISR_x), \quad \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

其中, m 为多种特征匹配算法的总数量, m 为正整数; W 为多种特征匹配算法的权重矩阵; w_i 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的排序权重; $FISR_i$ 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的候选特征模板集合的错误辨识选择率。

在本申请一些实施例中, 辨识错误率包括: 每个候选特征模板集合的错误辨识选择率和错误辨识拒绝率; 构建模块 405 还用于采用如下公式构建多种特征匹配算法的权重矩阵:

$$W = (w_i), i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{FIRR_i}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m \left(\frac{1}{FIRR_x * FISR_x} \right), \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

其中, m 为多种特征匹配算法的总数量, m 为正整数; W 为多种特征匹配算法的权重矩阵; w_i 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的排序权重; $FISR_i$ 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的候选特征模板集合的错误辨识选择率; $FIRR_i$ 为多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的候选特征模板集合的错误辨识拒绝率。

在本申请一些实施例中, 加权模块 403 还用于: 根据每种特征匹配算法下对应的候选特征模板集合, 生成多种特征匹配算法对应的初始排序矩阵; 将初始排序矩阵的每个元素取倒数后, 生成倒数排序矩阵; 对倒数排序矩阵进行标准化处理, 得到标准化排序矩阵; 将权重矩阵与标准化排序矩阵相乘, 得到生物特征样本在多种特征匹配算法下对应所有候选特征模板的最终排序矩阵。

在本申请一些实施例中, 确定模块 404 还用于: 将最终排序矩阵中的元素按照降序排列, 将最终排序矩阵中排在前预设名次的元素对应的候选特征模板确定为生物特征样本对应的最终目标对象。

上述生物特征识别装置 400 的其他详细描述, 请参见上述实施例中相关方法步骤的描述。

本申请实施例还提供了一种用于生物特征识别的设备, 所述的设备可以为单独的计算机设备, 该计算机设备可以是服务器, 其内部结构图可以如图 5 所示。该计算机设备包括通过系统总线连接的处理器、存储器、网络接口和数据库。其中, 该计算机设备的处理器用于提供计算和控制能力。该计算机设备的存储器包括非易失性存储介质、内存储器。该非易失性存储介质存储有操作系统、计算机程序和数据库。该内存储器为非易失性存储介质中的操作系统和计算机程序的运行提供环境。该计算机设备的网络接口用于与外部的终端通过网络连接通信。该计算机程序被处理器执行时以实现一种生物特征识别方法。该设备也可以包括使用了本说明书的一个或多个所述方法或一个或多个实施例装置的实际操作装置等。所述生物特征识别设备可以包括至少一个处理器以及存储计算机可执行指令的

存储器，处理器执行所述指令时实现上述任意一个或者多个实施例中所述生物特征识别方法的步骤。

本申请实施例还提供了一种非暂态电子设备可读存储介质，包括：程序，当其在电子设备上运行时，使得电子设备可执行上述实施例中方法的全部或部分流程。其中，存储介质可为磁盘、光盘、只读存储记忆体（Read-Only Memory, ROM）、随机存储记忆体（Random Access Memory, RAM）、快闪存储器（Flash Memory）、硬盘（Hard Disk Drive, 缩写：HDD）或固态硬盘（Solid-State Drive, SSD）等。存储介质还可以包括上述种类的存储器的组合。

以上实施例的各技术特征可以进行任意的组合，为使描述简洁，未对上述实施例中的各个技术特征所有可能的组合都进行描述，然而，只要这些技术特征的组合不存在矛盾，都应当认为是本说明书记载的范围。

以上所述实施例仅表达了本申请的几种实施方式，其描述较为具体和详细，但并不能因此而理解为对发明专利范围的限制。应当指出的是，对于本领域的普通技术人员来说，在不脱离本申请构思的前提下，还可以做出若干变形和改进，这些都属于本申请的保护范围。因此，本申请专利的保护范围应以所附权利要求为准。

权 利 要 求

1. 一种生物特征识别方法，包括：

获取待识别的生物特征样本；

采用多种特征匹配算法，将所述生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，得到每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合；

根据权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算；

根据加权排序后的每个所述候选特征模板集合，确定所述生物特征样本对应的最终目标对象。

2. 根据权利要求1所述的方法，其中，所述采用多种特征匹配算法，将所述生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，得到每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合，包括：

采用所述多种特征匹配算法中的第一个特征匹配算法，将所述生物特征样本与所述特征模板库中的特征模板进行逐一比对，选取出第一候选特征模板集合；

分别采用所述多种特征匹配算法中剩余的每种特征匹配算法，将所述生物特征样本与所述第一候选特征模板集合中的特征模板进行逐一比对，得到所述每种特征匹配算法下对应的第二候选特征模板集合。

3. 根据权利要求1所述的方法，其中，在所述根据权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算之前，还包括：

分别根据每个所述候选特征模板集合的辨识错误率，构建所述多种特征匹配算法的所述权重矩阵，其中所述权重矩阵中包括每种所述特征匹配算法的排序权重。

4. 根据权利要求3所述的方法，其中，所述辨识错误率包括：每个所述候选特征模板集合的错误辨识选择率；采用如下公式构建所述多种特征匹配算法的权重矩阵：

$$W = (w_i)_{1 \times m}, \quad i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{1}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m (1/FISR_x), \quad \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

其中，m为所述多种特征匹配算法的总数量，m为正整数，W为所述多种特征匹配算法的权重矩阵， w_i 为所述多种特征匹配算法中第i个算法对应的所述排序权重， $FISR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第i个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识选择率。

5. 根据权利要求3所述的方法，其中，所述辨识错误率包括：每个所述候选特征模板

集合的错误辨识选择率和错误辨识拒绝率；采用如下公式构建所述多种特征匹配算法的权重矩阵：

$$W = (w_i), i=1 \sim m$$

$$w_i = \left(\frac{FIR_i}{FISR_i} \right) \div \sum_{x=1}^m \left(\frac{1}{FIRR_x * FISR_x} \right), \sum_{i=1}^m w_i = 1;$$

其中，m 为所述多种特征匹配算法的总数量，m 为正整数，W 为所述多种特征匹配算法的权重矩阵， w_i 为所述多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的所述排序权重， $FISR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识选择率， $FIRR_i$ 为所述多种特征匹配算法中第 i 个算法对应的所述候选特征模板集合的错误辨识拒绝率。

6. 根据权利要求 1 所述的方法，其中，所述根据所述权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算，包括：

根据每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合，生成所述多种特征匹配算法对应的初始排序矩阵；

将所述初始排序矩阵的每个元素取倒数后，生成倒数排序矩阵；

对所述倒数排序矩阵进行标准化处理，得到标准化排序矩阵；

将所述权重矩阵与所述标准化排序矩阵相乘，得到所述生物特征样本在所述多种特征匹配算法下对应所有候选特征模板的最终排序矩阵。

7. 根据权利要求 6 所述的方法，其中，所述根据加权排序后的每个所述候选特征模板集合，确定所述生物特征样本对应的最终目标对象，包括：

将所述最终排序矩阵中的元素按照降序排列，将所述最终排序矩阵中排在前预设名次的元素对应的候选特征模板确定为所述生物特征样本对应的最终目标对象。

8. 根据权利要求 6 所述的方法，其中，所述初始排序矩阵指的是根据每轮比对候选列表后生成排序矩阵 $(r_{ij})_{m \times k}$ ，具体形式如下：

$$R = \begin{pmatrix} r_{11} & \cdots & r_{1k} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{m1} & \cdots & r_{mk} \end{pmatrix}$$

其中：m 为待识别生物特征样本经过了 m 轮的比对，k 为候选集合的长度， r_{ij} 为待识别生物特征样本在 i 轮的匹配后排名为 j 的匹配分数。

9. 根据权利要求 6 所述的方法，其中，标准化处理指的是将倒数排序矩阵中的元素进行 z-分数变换，从而得到标准化排序矩阵 $(z_{ij})_{m \times k}$ ，具体形式如下：

$$Z = \begin{pmatrix} z_{11} & \cdots & z_{1k} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ z_{m1} & \cdots & z_{mk} \end{pmatrix};$$

其中，z-分数变换方式如下：

$$z_{ij} = (b_{ij} - \mu) / \delta ;$$

其中 b_{ij} 为倒数排序矩阵中第 i 行第 j 列数值， μ 为 b_{ij} 的平均值， δ 为 b_{ij} 的标准差。

10. 一种生物特征识别装置，包括：

获取模块，用于获取待识别的生物特征样本；

比对模块，用于采用多种特征匹配算法，将所述生物特征样本与特征模板库中的特征模板进行逐一比对，得到每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合；

加权模块，用于根据权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算；

确定模块，用于根据加权排序后的每个所述候选特征模板集合，确定所述生物特征样本对应的最终目标对象。

11. 根据权利要求 8 所述的装置，还包括：

构建模块，用于在所述根据所述权重矩阵中每种所述特征匹配算法的排序权重分别对每个所述候选特征模板集合的排序做加权计算之前，分别根据每个所述候选特征模板集合的辨识错误率，构建所述多种特征匹配算法的所述权重矩阵，其中所述权重矩阵中包括每种所述特征匹配算法的排序权重。

12. 根据权利要求 8 所述的装置，其中，加权模块还用于：

根据每种所述特征匹配算法下对应的候选特征模板集合，生成所述多种特征匹配算法对应的初始排序矩阵；

将所述初始排序矩阵的每个元素取倒数后，生成倒数排序矩阵；

对所述倒数排序矩阵进行标准化处理，得到标准化排序矩阵；

将所述权重矩阵与所述标准化排序矩阵相乘，得到所述生物特征样本在所述多种特征匹配算法下对应所有候选特征模板的最终排序矩阵。

13. 根据权利要求 12 所述的装置，其中所述初始排序矩阵指的是根据每轮比对候选列表后生成排序矩阵 $(r_{ij})_{m \times k}$ ，具体形式如下：

$$R = \begin{pmatrix} r_{11} & \cdots & r_{1k} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{m1} & \cdots & r_{mk} \end{pmatrix}$$

其中：m 为待识别生物特征样本经过了 m 轮的比对，k 为候选集合的长度， r_{ij} 为待识别生物特征样本在 i 轮的匹配后排名为 j 的匹配分数。

14. 一种电子设备，包括：

存储器，用于存储计算机程序；

处理器，用于执行所述计算机程序，以实现如权利要求 1 至 9 中任一项所述的方法。

15. 一种计算机可读存储介质，包括用于存储处理器可执行指令的存储器，所述指令被所述处理器执行时实现权利要求 1-9 中任一项所述的方法。