All rights are reserved and copyright of this manuscript belongs to the authors. This manuscript has been published without reviewing and editing as received from the authors: posting the manuscript to SCIS 2007 does not prevent future submissions to any journals or conferences with proceedings.

SCIS 2007 The 2007 Symposium on Cryptography and Information Security
Sasebo, Japan, Jan. 23-26, 2007
The Institute of Electronics, Information and Communication Engineers

指静脈パターン照合アルゴリズムにおけるユニバーサル・ウルフ –特徴抽出過程を含めた考察–

Universal Wolves in a Matching Algorithm for Finger Vein Patterns –A Study on the Feature Extraction Process–

渡邉 直彦 * Naohiko Watanabe
繁富 利恵 † Rie Shigetomi
美添 一樹 * Kazuki Yoshizoe
宇根 正志 † Masashi Une
大塚 玲 † Akira Otsuka
今井 秀樹 * † Hideki Imai

あらまし 三浦ら [1] によって提案された指静脈パターン認証方式における照合アルゴリズムには，どのような登録照合データに対しても一致と誤って判定されてしまう入力照合データが存在することが [2] によって示されている．このような特性を有する入力照合データは,「ユニバーサル・ウルフ」と呼ばれている．本論文では，ユニバーサル・ウルフとなりそうな画像データをいくつか選び，それを三浦らの方式における抽出アルゴリズムに通したときに，ユニバーサル・ウルフになっているか否かを確認した．今回の検討では，ユニバーサル・ウルフとなる画像データを見つけることは出来なかったが，一致と誤判定されるための登録照合データの特徴を明らかにした．

キーワード 生体認証，静脈認証，セキュリティ評価，なりすまし，ユニバーサル・ウルフ

1 はじめに

近年，身体的特徴等を用いて個人を自動的に認証するという生体認証方式が金融や交通等をはじめとする幅広い分野において採用されつつある．特に，2004 年央以降，指や手のひらの静脈パターンを利用した生体認証方式 (以下，静脈認証方式と呼ぶ) が，銀行の ATM における顧客の本人確認等に利用されはじめており [3]，今後静脈認証方式のセキュリティの確保が一層重要になってきている．こうした状況下，静脈認証方式のセキュリティ評価手法や評価尺度の開発が求められている．

既存の研究成果をみると，セキュリティ評価手法開発へのアプローチとして，文献 [4] 等で示されている「テスト物体アプローチ」や，我々が以前著した [2] で用いた「アルゴリズム評価アプローチ」が挙げられる．テスト物体アプローチは，人工的に作製したテスト物体を用いて実際の生体認証システムのふるまいを測定し，各システムの評価を行おうとするものである.「アルゴリズム評価アプローチ」とは，論文等において詳細が公開されているアルゴリズムをセキュリティの観点から理論的に評価するというアプローチである．

我々は [2] で「アルゴリズム評価アプローチ」を採用し，[1] で提案されている方式 (以下，MNM 方式と呼ぶ) の照合アルゴリズム[1](以下，MNM 照合アルゴリズムと呼ぶ) に，どのような登録照合データに対しても一致と誤って判定されてしまう入力照合データが存在することを示した．このような特性を有する入力照合データを「ユニバーサル・ウルフ」と呼んでいる[2]．

本論文でも「アルゴリズム評価アプローチ」を採用し，MNM 方式のセキュリティ特性について検討を行うが，[2] をさらに進め，MNM 方式の抽出アルゴリズム (以下，MNM 抽出アルゴリズムと呼ぶ) における，ユニバーサ

* 中央大学理工学部電気電子情報通信工学科今井研究室, 〒 112-8551 東京都文京区春日 1-13-27, Imai lab., Dept. of Electrical, Electronic, and Communication Engineering, Faculty of Science and Engineering, Chuo University, 1-13-27 Kasuga, Bunkyo-ku Tokyo 112-8551, Japan, {d53330@educ.kc,yoshizoe@tamacc}.chuo-u.ac.jp
† 産業技術総合研究所情報セキュリティ研究センター, 〒 101-0021 東京都千代田区外神田 1-18-13 秋葉原ダイビル 1102 号室, Research Center for Information Security, National Institute of Advanced Industrial Science and Technology 1-18-13 Sotokanda Chiyoda-ku Tokyo 101-0021,Japan, {rie-shigetomi,masashi-une,a-otsuka,h-imai}@aist.go.jp

[1] 本照合アルゴリズムは [5, 6] においても採用されている．
[2] 音声認識の分野では他人の声として受理されやすい話者を “wolf” と呼ぶケースが多く [7]，生体認証分野一般においても，複数のテンプレートに対して高い確率で他人受入を引き起こす照合用の生体情報をもつ利用者を “wolf” と呼ぶことがある [8].

ル・ウルフの存在する可能性について検討する．ユニバーサル・ウルフとなりそうな画像をいくつか選び，MNM 抽出アルゴリズムに通したときに，ユニバーサル・ウルフになっているか否か，またその確率をシミュレーションによって確認する．

ただし，本論文の検討は，MNM 抽出アルゴリズムを対象としており，実際の静脈認証システムを対象とするものでない点を強調しておく．

以下，**2 章**では MNM 方式の全体像を述べ，[2] で論じたように MNM 照合アルゴリズムにユニバーサル・ウルフが存在することを示し，**3 章**では MNM 抽出アルゴリズムを説明するとともに，**4 章**では MNM 抽出アルゴリズムの検討を行い，ユニバーサル・ウルフの存在する可能性を示す．**5 章**において今後の課題を述べて締めくくる．

2 MNM 方式の手順と MNM 照合アルゴリズムにおけるユニバーサル・ウルフ

本章では，[1] の MNM 方式の認証手順と、[2] で示されている MNM 照合アルゴリズムにおけるユニバーサル・ウルフを示す．

2.1 MNM 方式の認証手順

本節では，MNM 方式の認証手順について述べる．

MNM 方式は，登録フェーズと認証フェーズに分かれる．登録フェーズでは，指静脈画像の獲得と正規化を行ったあと，指静脈パターンの抽出を行い，登録照合データを得る．認証フェーズでは，登録フェーズと同様の操作を行い，入力照合データを得た後，登録照合データと入力照合データの相違度によって，本人であるか他人であるかを判断する．

以上をまとめると MNM 方式の手順は，以下のように大きく 5 つのステップに分けることが出来る．

[**獲得**] 指静脈画像を獲得する．手の甲側から指に赤外光を照射し，掌側に透過してきた光をカメラで撮影し，指静脈画像を得る．静脈部分は暗線となっている．指静脈画像は，横 240 画素，縦 180 画素の 256 階調濃淡画像である．

[**正規化**] 指静脈画像を正規化する．指の撮像位置や角度は撮像のたびに変化するため，それらを統一する．指輪郭の検出を行い，その結果に基いて正規化する．この結果によって得られたデータを以下，正規化画像と呼ぶ．

[**抽出**] 指静脈パターンを抽出する．正規化画像から線追跡処理を行い，指静脈パターンの抽出を行う．この指静脈パターンの抽出を行うアルゴリズムが，MNM 抽出アルゴリズムに対応する．線追跡処理とは，任意の点の近傍画素の静脈領域を探し出し，静脈領域を連続した線として抽出する処理である．1 回の線追跡処理で全ての静脈領域を抽出できないため，この線追跡処理を反復させるのであるが，[1] では予備実験により十分に抽出が行うことができる反復回数の下限値を 3000 回と求め，MNM 抽出アルゴリズムでも反復回数を 3000 回としている．また，静脈領域とは，線追跡の 3000 回の反復回数のうち何回辿られたかを示す追跡回数にしきい値を設けたとき，しきい値より高い追跡回数となった画素の集合のことである．このとき，しきい値より低い追跡回数となった画素の集合は，背景領域となる．

[**照合**] 入力照合データと登録照合データを照合する．登録照合データと入力照合データの相違度 R_m を計算する．この入力照合データ，登録照合データ間の照合時のアルゴリズムが，MNM 照合アルゴリズムに対応する．[**抽出**] でしきい値より高い追跡回数となった画素の集合を静脈領域，しきい値より低い追跡回数となった画素の集合を背景領域とし，2 値画像データを得る．次に 2 値画像データを縦横共に 1/3 に縮小する．縮小させると，2 値画像の 3×3 画素の 9 画素（以下，ウインドウと呼ぶ）を 1 画素に縮小させたデータとなる (このデータが照合データに対応する)．ウインドウの静脈画素の画素の数により，照合データの各画素を静脈領域，背景領域，あいまい領域のいずれかに振り分ける．照合データの領域は，ウインドウの静脈画素が 0〜2 個のとき背景領域，3〜6 個のときあいまい領域に，7〜9 個のとき静脈領域とする．

[**出力**] 認証結果を出力する．[**照合**] で算出された R_m に基づき，認証結果を出力する．R_m を判定しきい値と比べ，相違度が判定しきい値以下ならば一致，そうでないならば不一致であると判定し，結果を出力する．

本論文では，[**抽出**] の MNM 抽出アルゴリズムに焦点を当てる．その MNM 抽出アルゴリズムに対し，ユニバーサル・ウルフによるなりすまし耐性の観点から検討を行う．

[**獲得**] の指静脈画像の獲得法，例えば画像取得に使うカメラの性能，赤外光の波長などや，[**正規化**] の指静脈画像の正規化法については，MNM 方式の論文に詳しく記載されていないので本論文では検討の対象に入れない．[**照合**] の入力照合データと登録照合データの照合については，我々は以前 [2] で MNM 照合アルゴリズムにユニバーサル・ウルフが存在することを明らかにした．以上の理由により [**抽出**] に注目する．

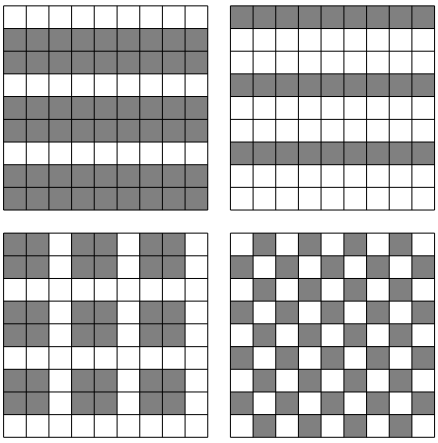

図 1: ユニバーサル・ウルフとなる 2 値画像データ例

2.2 照合アルゴリズムにおけるユニバーサル・ウルフ

本節では，MNM 照合アルゴリズムにおけるユニバーサル・ウルフになる条件について述べる．MNM 照合アルゴリズムでは，照合時に入力照合データと登録照合データから静脈領域と背景領域のみを用い相違度 R_m を計算する．入力照合データの静脈領域の画素数を S_V，背景領域の画素数を S_B，登録照合データの静脈領域の画素数を T_V，背景領域の画素数を T_B とすると，R_m は，

$$R_m = \frac{K}{S_V + T_V} \quad \cdots\cdots\cdots\cdots\cdots\cdots \quad ①$$

と表される．ただし，K はミスマッチ数と呼ぶことにし，2 つの照合データを重ね合わせたときに，一方が背景画素，他方が静脈画素となる画素の数である．R_m を計算する際，あいまい領域は静脈領域と背景領域のいずれともマッチすると判定される．よって，入力照合データの全ての画素があいまい領域のとき，R_m は 0 となり，どのような登録照合データに対しても一致と誤って判定されるため，その入力照合データはユニバーサル・ウルフとなる．例として，図 1 のような 2 値画像データを用いると，どのウインドウを縮小しても縮小後はあいまい画素となるため，ユニバーサル・ウルフを作製することができる．

3 MNM 抽出アルゴリズム

本章では，2 章の [**抽出**] ステップに対応する MNM 抽出アルゴリズムの説明を行う．MNM 抽出アルゴリズムは，暗線の追跡を反復的に実行し，追跡回数を指静脈パターンとして，2 値画像データを獲得する手法である．MNM 抽出アルゴリズムは，暗線の追跡，線追跡の反復試行，追跡回数に基づく指静脈パターンの獲得，からなる．以上をまとめると，MNM 抽出アルゴリズムは以下のように大きく (1)〜(5) に分けることが出来る．

正規化画像を 2 次元座標上におき，正規化画像の左上を原点とした場合を考える．このとき，各画素の位置を

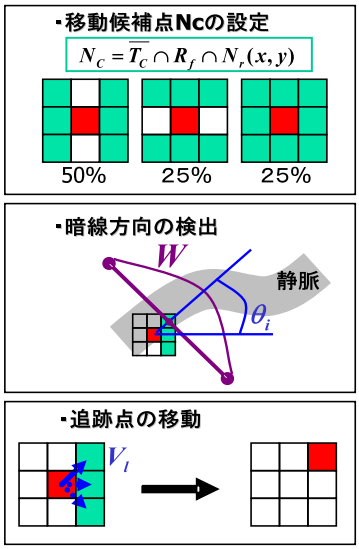

図 2: 抽出アルゴリズム (2) の概要

座標 (x, y) によって表現することとする．以下では，座標 (x, y) における画素の輝度値を $F(x, y)$，線追跡の現在位置となる画素（追跡点と呼ぶ）の位置を (x_c, y_c) とする．

(1) 線追跡の始点と移動方向特性の決定をする．始点は一様乱数により選び，移動方向特性 $D_{lr} = \{$ 左，右 $\}$，$D_{ud} = \{$ 上，下 $\}$ を決定する．D_{lr} で左，右方向のどちらか，D_{ud} で上，下方向のどちらかを一様乱数により選ぶ．D_{lr}，D_{ud} は，後のステップで左右方向への移動または上下方向への移動が決定された時に，それぞれ左方向もしくは右方向 (上方向もしくは下方向) への移動を決めるパラメータである．

(2) 暗線方向の検出と追跡点の移動を行う．(2) の概略図を，図 2 に載せる．

まず，追跡点から次に移動可能な画素の集合である移動候補点集合 N_c の設定を行う．N_c は，指輪郭の内部領域を R_f，軌跡情報を T_c，追跡点の近傍画素を $N_r(x_c, y_c)$ とすると，

$$N_c = \overline{T_c} \cap R_f \cap N_r(x_c, y_c)$$

と表せる．T_c とは，線追跡の無限ループを避けるためのものであり，一連の線追跡で通った画素に 1 を登録する．$N_r(x_c, y_c)$ とは，追跡点の周り 8 画素の内，乱数により 50 %で左右方向の 3 画素，25 %で上下方向の 3 画素，25 %で 8 画素全てと決定する．

次に暗線方向の検出を行う．追跡点が次に移動する画素を決める線評価関数 V_l を以下のように計算する．

$$V_l = \max_{(x_i,y_i)\in N_c}$$
$$\{F(x_c+\cos\theta_i-\frac{W}{2}\sin\theta_i, y_c+\sin\theta_i+\frac{W}{2}\cos\theta_i)$$
$$+F(x_c+\cos\theta_i+\frac{W}{2}\sin\theta_i, y_c+\sin\theta_i-\frac{W}{2}\cos\theta_i)$$
$$-2F(x_c+\cos\theta_i, y_c+\sin\theta_i)\}$$

W は暗線を調査する幅であり，指静脈の太さは 3 画素程度であることを考慮し，$W=11$ とする．θ_i は $\overrightarrow{(0,1)}$ と $\overrightarrow{(x_i-x_c, y_i-y_c)}$ とのなす角である．V_l は近傍画素の静脈が存在する方向を示し，静脈が存在する場合に正となる．V_l が正であればその V_l に対応する方向に追跡点を移動させ，(2) の初めに戻り，V_l が正でなくなるまで続ける．

(3) 軌跡空間への追跡回数加算を行う．$T_c(x,y)=1$ となる全 (x,y) に対し，軌跡空間 $T_r(x,y)$ の値を 1 増やす．$T_r(x,y)$ とは，1 回の線追跡で得られた T_c の情報を格納するものである．

(4) (1)〜(3) の反復実行を行う．MNM 方式では，予備実験により十分特徴が抽出行えると判断できる値として 3000 を繰り返し回数としている．

(5) T_r から指静脈パターンを獲得する．$T_r(x,y)$ には線追跡の反復における追跡回数が格納されるため，軌跡空間そのものが指静脈パターンとして獲得できる．このとき，しきい値より低い追跡回数となった画素の集合は，背景領域となる．背景領域は輝度値 255, 静脈領域は輝度値 0 とする．

4 MNM 抽出アルゴリズムのユニバーサル・ウルフ存在可能性

本章では，MNM 抽出アルゴリズムにおけるユニバーサル・ウルフの存在可能性を調べるために行った 2 つのシミュレーションについて説明する．シミュレーション 1 においては，MNM 抽出アルゴリズムを実装し，正規化画像に対応するデータ (以下，入力画像と呼ぶ) が MNM 抽出アルゴリズムを経た結果，ユニバーサル・ウルフとなる可能性について検討する．シミュレーション 2 においては，シミュレーション 1 で得られた結果から，一致と誤って判定されるための登録照合データの特徴を求めた．以下，**4.1** にてシミュレーション 1 の方法，結果，考察について述べ，**4.2** でシミュレーション 2 の方法，結果，考察について述べる．

4.1 シミュレーション 1

シミュレーション 1 では，入力画像が MNM 抽出アルゴリズムを通り，得られる入力照合データのあいまい，静脈，背景の各領域の割合を求めることを目標とする．

4.1.1 シミュレーション 1 の方法と結果

シミュレーション 1 で用いる入力画像として，MNM 抽出アルゴリズムでは横線方向の移動確率が高いため，横に静脈画素が伸びるような横ストライプの画像を用いる．静脈画素と背景画素をそれぞれ 1 画素以上の幅を持たせ，それらが交互に現れる周期性を持った画像を複数のパターン用意する．静脈画素，背景画素の組み合わせとして，静脈画素の幅を $width$，静脈画素と背景画素の幅の和を $pitch$ とすると，**3 章**の **(3)** で述べたように V_l の計算の W の幅を考慮し $pitch$ の上限を

$$pitch \le \lfloor \frac{W}{2} \rfloor + 1 = 7$$

と設定すると，画像の種類としては，

$$2 \le pitch \le 7$$

$$1 \le width \le pitch$$

を満たす 21 パターンが考えられる．

シミュレーションによって得られた入力照合データについて，あいまい領域率 A_R を，

$$A_R = \frac{(\text{あいまい領域となるウインドウ数})}{(\text{全ウインドウ数})} \times 100[\%]$$

と定義する．21 パターンそれぞれについて A_R を求めるシミュレーションを 100 回試行し，A_R の平均を取り，出力させる．$A_R = 100$ % のとき，その入力照合データはユニバーサル・ウルフとなる．

シミュレーション 1 の結果を図 3 に示す．21 パターンのうち，A_R が高かったもの，低かったもの順にそれぞれ 3 パターンずつを載せる．図 3 にある V_R，B_R とは，それぞれ静脈領域，背景領域の割合を意味し，A_R と同様に，

$$V_R = \frac{(\text{静脈領域となるウインドウ数})}{(\text{全ウインドウ数})} \times 100[\%]$$

$$B_R = \frac{(\text{背景領域となるウインドウ数})}{(\text{全ウインドウ数})} \times 100[\%]$$

である．

4.1.2 シミュレーション 1 の考察

入力画像において，横ストライプ画像を用いると，A_R は最も高いものでも $A_R = 50.265$ % であり，ユニバーサル・ウルフとはならないことがわかった．

4.2 シミュレーション 2

シミュレーション 2 では，シミュレーション 1 で得られた入力照合データの結果を用い，一致と誤って判定されるための登録照合データの条件を求める．式①より，相違度 R_m の計算では静脈領域の割合が大きく関係していることから，シミュレーション 2 では，登録照合データの静脈領域の割合を求めることを目標とする．

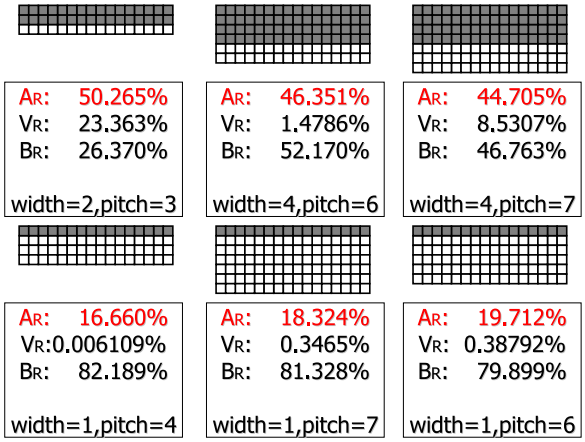

図 3: シミュレーション 1 結果

4.2.1 シミュレーション 2 の方法，結果

シミュレーション 1 で得られた入力照合データを用いた場合に，登録照合データのあいまい領域の割合を変化させ，R_m の平均値 M を求め，誤って一致と判断される登録照合データの静脈領域の割合を求める．本シミュレーションで用いる入力照合データについては，今回は予備的な検討として，シミュレーション 1 で得られた結果の 1 つである図 3 にある $width = 2$，$pitch = 3$ のデータを採用した．登録照合データとしては，あいまい領域を 45，40，35 %の 3 通りに設定し，残りの領域を静脈領域，背景領域に細かく配分するケースを考える．登録照合データの静脈領域の割合を $p[\%]$ とする．[1] において，「$R_m = 0.376$ のしきい値のときに，等価エラー率 EER は $EER = 0.145$ となる」と述べているので，p を 0 から 0.1 ずつ増やし $M < 0.376$ となる p の値を以下の計算式によって求める．

考えるモデルとして，式①の R_m が K 画素ミスマッチする場合を想定する．K 画素の内，S_B の j 画素が T_V にミスマッチし，S_V の $(K-j)$ 画素が T_B とミスマッチする場合を考える．K の取り得る値は，

$$1 \leq K \leq \{min(S_B, T_V) + min(S_V, T_B)\}$$

となり，今 K の最大値を Y とする．R_m の期待値 M は，

$$M = \frac{E(x)}{S_V + T_V}$$

と示される．ただし，

$$E(x) = \sum_{K=1}^{Y} K \times \left[\sum_{j=1}^{K}(A_j \times B_j)\right]$$

$$A_j = \begin{pmatrix} S_B \\ j \end{pmatrix} \left[\prod_{t=1}^{j} \frac{T_V - (t-1)}{N - (t-1)}\right] \times \left[\prod_{t=j+1}^{S_B} \frac{T_B - (t-j-1)}{N - (t-1)}\right]$$

	登録照合データの あいまい領域の割合[%]		
	35	40	45
登録照合データの 静脈領域の割合p[%] の条件	≧10.1	≧ 5.5	≧ 1.1

図 4: 一致と誤判定される登録照合データ

$$B_j = \begin{pmatrix} S_V \\ K-j \end{pmatrix} \left[\prod_{t=1}^{K-j} \frac{T_B - (S_B - j) - (t-1)}{(N - S_B) - (t-1)}\right] \times \left[\prod_{t=K-j+1}^{S_V} \frac{(T_V - j) - (t - (K-j) - 1)}{(N - S_B) - (t-1)}\right]$$

である．与えられた S_V, S_V, T_V, T_B, K の下で，j は以下の条件式を満たすように設定する．

$$T_B - S_B + j \geq K - j$$
$$K - j \geq 0$$
$$T_V - j \geq S_V - (K - j)$$
$$S_V - (K - j) \geq 0$$

A_j の第 1 総乗項は，入力照合データの背景領域（画素数 S_B）のうち j 個の画素が登録照合データの静脈領域（画素数 T_V）に重なる確率を，第 2 項総乗項は残りの画素が背景領域に重なる確率を示す．また，B_j の第 1 総乗項は入力照合データの静脈領域（画素数 S_V）のうち $K-j$ 個の画素が登録データの背景領域（画素数 T_B ）に重なる確率を，第 2 総乗項は残りの画素が静脈領域に重なる確率を示す．N はウインドウ数であり，[1] によると，登録照合データのウインドウ数 N は $N = 66 \times 44 = 2904$ としている．入力照合データもウインドウ数 N を登録照合データに合わせるが，各領域の割合は変わらないと仮定する．

以上の値を用い，シミュレーション 2 を行い，$M < 0.376$ を満たすような p の値を変化させたときの M の平均値を求めると，図 4 の結果が得られる．

4.2.2 シミュレーション 2 の考察

図 4 の結果の考察を行う．設定された登録照合データのあいまい領域の下で，登録照合データの静脈領域の割合が p の値以上ならば，その登録照合データに対し今回の検討で用いた入力照合データは，一致と誤って判定されるウルフとなる．こうした条件を満足する登録照合データが，生体から取られたデータとどの程度類似しているかを明らかにすることが必要である．

5　まとめと課題

本論文では，三浦らの方式 [1] における抽出アルゴリズムにおいて，ユニバーサル・ウルフとなる入力照合データが得られるか否かについてシミュレーションによって検討した．今回の検討では，ユニバーサル・ウルフとなる画像データを見つけることは出来なかったが，適当な入力照合データサンプルに対して一致と誤判定されるための登録照合データの特徴を明らかにした．今後は，生体指についてあいまい領域，静脈領域の分布を評価して，生体指をカバーできるウルフの存在可能性を調べる方針である．

参考文献

[1] 三浦直人，長坂晃朗，宮武孝文，“線追跡の反復試行に基づく指静脈パターンの抽出と個人認証への応用，” 信学論 (D)，vol.J86-D-Ⅱ no.5，pp.678-687，May 2003.

[2] 渡邉直彦，繁富利恵，宇根正志，大塚 玲，今井秀樹，“指静脈パターン照合アルゴリズムにおけるユニバーサル・ウルフ，” Proc of CSS2006, pp.621-626, 2006.

[3] 外昌弘，“我が国金融機関におけるバイオメトリック認証技術の活用について，” 情報処理，47 巻 6 号，pp.577-582，June 2006.

[4] 松本勉，“生体認証システムのセキュリティ設計とセキュリティ測定，” ユビキタスネットワーク社会におけるバイオメトリクスセキュリティ研究会・第 7 回研究発表会予稿集，p.57-64，June 2006.

[5] N. Miura, A. Nagasaka, T. Miyatake, “Extraction of Finger-Vein Patterns Using Maximum Curvature Points in Image Profiles,” Proceedings of the ninth IAPR Conference on Machine Vision Applications, pp.347-350, May 2005.

[6] 比良田真史，高橋健太，三村昌弘，“画像マッチングに基づく生体認証に適用可能なキャンセラブルバイオメトリクスの提案，” 信学技報，vol. 106, no.176, ISEC2006-67，pp.205-210，July 2006.

[7] G. Doddington, W. Liggett, A. Martin, M. Przybocki, D. Reynolds, “SHEEP, GOATS, LAMBS and WOLVES: A Statistical Analysis of Speaker Performance in the NIST 1998 Speaker Recognition Evaluation,” Proceedings of ICSLP 98, pp.1351-1354, Nov. 1998.

[8] 日本バイオメトリクス認証協議会，“バイオメトリクスシステムの脆弱性に関する報告書，” Version 0.6, 2003.