

Une approche de fusion au niveau score d'un système multibiométrique par le modèle de mélanges de Gaussiennes généralisées

Khalid FAKHAR¹, Mohamed EL AROUSSI^{1,2}, Mohamed Nabil SAIDI^{1,3}, Driss ABOUTAJDINE¹

¹Laboratoire LRIT-CNRST URAC29, Faculté des sciences, Université Mohammed V de Rabat
Avenue Ibn Batouta B.P. 1014 – Rabat – Agdal, Maroc

²LETI, EHTP, Casablanca, Maroc

³INSEA, Rabat, Maroc

kld.fakhar@gmail.com

Résumé – La fusion au niveau score basée sur le test du rapport de vraisemblance, dans un système multibiométrique, est une approche prometteuse car elle garantit l'optimalité. Cependant, son succès dépend de l'estimation des densités des scores client et imposteur à partir des données d'apprentissage. Nous présentons dans cette communication, une nouvelle méthode d'estimation de densité des scores basée sur le modèle de mélanges de Gaussiennes généralisées. Cette méthode dispose d'une flexibilité pour représenter avec précision la densité des scores. Les résultats expérimentaux sur des bases de données de référence montrent l'efficacité de la méthode proposée.

Abstract – Fusion at the score level based on the likelihood ratio test, in a multibiometric system, is a promising approach because it guarantees optimality. However, its success depends on the estimation of the genuine and impostor score densities from the available training set. In this paper, we present a new density scores estimation method based on generalized Gaussian mixture models. This method has flexibility to accurately represent the density scores. Experimental results on benchmark databases show the effectiveness of the proposed method.

1 Introduction

La biométrie se réfère à l'identification automatique des individus basée sur leurs caractéristiques physiologiques ou comportementales [1]. En termes de précision et de sécurité, les systèmes biométriques monomodaux sont généralement inférieurs aux systèmes multibiométriques, qui fusionnent plusieurs signatures biométriques d'une même personne. La fusion peut se faire à quatre niveaux différents [2] : au niveau capteur, au niveau caractéristiques, au niveau score ou au niveau décision. La fusion au niveau score est le type de fusion le plus utilisé car elle donne le meilleur compromis entre la richesse d'information et la facilité d'implémentation [3]. Plusieurs méthodes de fusion au niveau score ont été proposées dans la littérature. Ces méthodes peuvent être divisées en trois catégories [3] : (1) les méthodes à base de transformation, (2) les méthodes à base de classification, et (3) les méthodes à base de densité. Cette dernière catégorie est basée sur le test du rapport de vraisemblance, qui est la méthode théorique optimale de la fusion au niveau score [4]. Néanmoins, ses performances dépendent de la méthode utilisée pour estimer les densités des scores.

Les méthodes d'estimation de densités sont principalement divisées en deux groupes : les méthodes paramétriques et celles non paramétriques. Les méthodes d'estimation non paramétriques ne font pas d'hypothèses sur la forme de la fonction de

densité et sont entièrement axées sur les données ; au contraire, les méthodes d'estimation paramétriques font une hypothèse sur la loi de la distribution et estiment les paramètres à partir des données d'apprentissage. La plupart des approches paramétriques considèrent des modèles de mélanges utilisant la distribution Gaussienne (GMM) pour leur simplicité de calcul. Dans [3], les auteurs ont prouvé l'efficacité du modèle GMM pour la modélisation des densités des scores. Cependant, la distribution des scores biométriques peuvent présenter des formes tellement complexes qu'on ne peut pas les représenter avec précision par le modèle GMM.

Cet article étudie une nouvelle méthode d'estimation de densité des scores basée sur le modèle de mélanges de Gaussiennes généralisées (GGMM) [5]. Ce modèle permet d'estimer le mieux possible les densités réelles des scores tout en modélisant une grande variété de modèles statistiques. Dans cette méthode, nous estimons automatiquement le nombre de composants et les paramètres du modèle GGMM en utilisant l'algorithme *Es-pérance Maximisation* [6] et le critère de *longueur minimum de message* [7].

La suite de cet article est organisée de la manière suivante. La section 2 donne un aperçu général sur la méthode de fusion optimale au niveau score. La section 3 est dédiée à la description de la méthode d'estimation des densités des scores client et imposteur. La section 4 présente les résultats obtenus.

2 Test du rapport de vraisemblance

Soit $X = [X_1, \dots, X_K]^T$ le vecteur aléatoire correspondant aux scores de K matchers biométriques, où X_k est la variable aléatoire qui représente le score généré par le $k^{\text{ème}}$ matcher, $k = 1, \dots, K$, avec $\mathbf{x} = [x_1, \dots, x_K]^T$ représente un résultat particulier de X . Le problème de vérification de l'identité biométrique consiste à affecter le vecteur de scores observé \mathbf{x} à la classe client ou imposteur. Cela peut être considéré comme un test statistique entre l'hypothèse nulle H_0 : "le vecteur de scores \mathbf{x} appartient à la classe imposteur" et l'hypothèse alternative H_1 : "le vecteur de scores \mathbf{x} appartient à la classe client" [3]. Selon le théorème de Neyman-Pearson [8], le test optimal pour affecter le vecteur de scores \mathbf{x} à la classe client ou imposteur est le test du rapport de vraisemblance défini par :

$$RV(\mathbf{x}) = \frac{p(\mathbf{x}|H_1)}{p(\mathbf{x}|H_0)} \underset{H_0}{\overset{H_1}{\geq}} \eta, \quad (1)$$

tel que η représente le seuil de décision et $p(\mathbf{x}|H_1)$ et $p(\mathbf{x}|H_0)$ représentent respectivement les densités de probabilités conditionnelles client et imposteur. Toutefois, cette optimalité du test du rapport de vraisemblance n'est pas garantie que lorsque les densités sous-jacentes sont connues. En pratique, nous possédons seulement un ensemble fini de scores clients et imposteurs, et il faut estimer fiablement les deux densités de probabilités conditionnelles avant d'appliquer le test du rapport de vraisemblance.

En pratique, on utilise la log-vraisemblance qui est le logarithme du rapport de vraisemblance, car elle a des valeurs numériques qui varient plus lentement dans le domaine d'intérêt $[0, +\infty)$, alors que les valeurs du rapport de vraisemblance ne sont pas facilement utilisables numériquement. Comme indiqué précédemment, l'estimation de la densité de probabilité peut être faite en utilisant des techniques paramétriques ou non paramétriques. Si une méthode paramétrique d'estimation de la densité de probabilité et la log-vraisemblance (LV) sont utilisées dans (1), alors le rapport de vraisemblance devient :

$$LV(\mathbf{x}) = \log p(\mathbf{x}|\Theta_1) - \log p(\mathbf{x}|\Theta_0) \underset{H_0}{\overset{H_1}{\geq}} \log \eta, \quad (2)$$

où Θ_1 et Θ_0 représentent respectivement les paramètres des densités de probabilités conditionnelles client et imposteur.

3 Estimation des densités client et imposteur par GGMM

La modélisation de $p(\mathbf{x}|\Theta_1)$ et $p(\mathbf{x}|\Theta_0)$ par un mélange de Gaussiennes généralisées consiste à décomposer ces deux densités en une somme pondérée de G composantes comme suit :

$$p(\mathbf{x}|\Theta) = \sum_{g=1}^G \pi^g p(\mathbf{x}|\mu^g, \sigma^g, \beta^g), \quad (3)$$

où $\Theta = \{\pi^1, \dots, \pi^G, \mu^1, \dots, \mu^G, \sigma^1, \dots, \sigma^G, \beta^1, \dots, \beta^G\}$ est l'ensemble de tous les paramètres, $\pi^1, \dots, \pi^G \in]0, 1]$ sont les poids

de mélange tels que $\sum_{g=1}^G \pi^g = 1$, et $p(\mathbf{x}|\mu^g, \sigma^g, \beta^g)$ est la distribution d'une Gaussienne généralisée (GGD). L'hypothèse d'indépendance des sources d'information dans un système multibiométrique n'est pas toujours valable. Cependant, le modèle de mélange peut prendre en compte la dépendance entre les sources, même si chaque composante spécifique de mélange peut seulement générer des vecteurs avec des éléments statistiquement indépendants [9]. Par conséquent, la distribution GGD de dimension K peut être définie par [5] :

$$p(\mathbf{x}|\mu^g, \sigma^g, \beta^g) = \prod_{k=1}^K p(x_k|\mu_k^g, \sigma_k^g, \beta_k^g) \quad (4)$$

$$= \prod_{k=1}^K \frac{\beta_k^g \sqrt{\frac{\Gamma(3/\beta_k^g)}{\Gamma(1/\beta_k^g)}}}{2\sigma_k^g \Gamma(1/\beta_k^g)} \exp\left(-A(\beta_k^g) \left|\frac{x_k - \mu_k^g}{\sigma_k^g}\right|^{\beta_k^g}\right),$$

où $A(\beta_k^g) = [\Gamma(3/\beta_k^g)/\Gamma(1/\beta_k^g)]^{\beta_k^g/2}$ avec $\Gamma(\cdot)$ représente la fonction gamma, et $\mu^g = [\mu_1^g, \dots, \mu_K^g]^T$, $\sigma^g = [\sigma_1^g, \dots, \sigma_K^g]^T$ et $\beta^g = [\beta_1^g, \dots, \beta_K^g]^T$ sont les vecteurs des paramètres de position, d'échelle, et de forme, respectivement. Chaque paramètre $\beta_k^g \geq 0$, $k = 1, \dots, K$, contrôle la forme de la densité de probabilité et détermine s'elle est pointu ou plat à la $k^{\text{ème}}$ dimension. En variant ce paramètre, il est possible de caractériser une large classe de distribution.

3.1 Estimation des paramètres

Étant donné un ensemble $\mathcal{X} = \{\mathbf{x}^{(1)}, \dots, \mathbf{x}^{(n)}\}$ de n échantillons indépendants et identiquement distribués, qui représente, dans notre cas, des vecteurs de scores, le principe du maximum de vraisemblance peut être appliqué pour estimer l'ensemble des paramètres du modèle Θ . Selon ce principe, l'ensemble des meilleurs paramètres Θ d'un modèle GGMM de G composants maximisent la fonction log-vraisemblance

$$\log p(\mathcal{X}|\Theta) = \log \prod_{t=1}^n p(\mathbf{x}^{(t)}|\Theta) = \sum_{t=1}^n \log \sum_{g=1}^G \pi^g p(\mathbf{x}^{(t)}|\mu^g, \sigma^g, \beta^g). \quad (5)$$

La maximisation de la fonction (5) est difficile à réaliser directement. Nous considérons que l'ensemble des échantillons \mathcal{X} est incomplète et nous introduisons un ensemble de n étiquettes $\mathcal{Y} = [\mathbf{y}^{(1)}, \dots, \mathbf{y}^{(n)}]^T$ qui correspond à la partie manquante associé à l'ensemble \mathcal{X} . L'étiquette manquante $\mathbf{y}^{(t)}$ est un vecteur binaire qui indique la composante d'origine de l'échantillon $\mathbf{x}^{(t)}$. La log-vraisemblance en présence des données incomplètes est

$$\log p(\mathcal{X}, \mathcal{Y}|\Theta) = \sum_{t=1}^n \sum_{g=1}^G \mathbf{y}_g^{(t)} \log \left[\pi^g p(\mathbf{x}^{(t)}|\mu^g, \sigma^g, \beta^g) \right]. \quad (6)$$

L'algorithme *Espérance-Maximisation* (EM) standard peut maintenant être utilisé pour estimer itérativement l'ensemble des paramètres Θ . Dans l'étape *E(sperance)*, la valeur espérée de $\mathbf{y}_g^{(t)}$ est calculée par la probabilité conditionnelle que $\mathbf{x}^{(t)}$ étant générée par la composante g comme suit :

$$p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \Theta) = \frac{\pi^g p(\mathbf{x}^{(t)}|\mu^g, \sigma^g, \beta^g)}{\sum_{m=1}^G \pi^m p(\mathbf{x}^{(t)}|\mu^m, \sigma^m, \beta^m)}. \quad (7)$$

Dans l'étape M(*aximisation*), les nouvelles valeurs des paramètres sont ré-estimées par les équations suivantes [5] :

$$\hat{\pi}^g = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^n p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \Theta), \quad (8)$$

$$\hat{\mu}_k^g = \frac{\sum_{t=1}^n p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \Theta) |\mathbf{x}_k^{(t)} - \mu_k^g|^{\beta_k^g - 2} \mathbf{x}_k^{(t)}}{\sum_{t=1}^n p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \Theta) |\mathbf{x}_k^{(t)} - \mu_k^g|^{\beta_k^g - 2}}, \quad (9)$$

$$\hat{\sigma}_k^g = \left[\frac{\beta_k^g A(\beta_k^g) \sum_{t=1}^n p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \Theta) |\mathbf{x}_k^{(t)} - \mu_k^g|^{\beta_k^g}}{\sum_{t=1}^n p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \Theta)} \right]^{1/\beta_k^g}, \quad (10)$$

avec $g = 1, \dots, G$ et $k = 1, \dots, K$. Finalement, le paramètre de forme β^g de chaque composante est estimée en même temps que les autres paramètres en utilisant la méthode de Newton–Raphson, c'est-à-dire,

$$\hat{\beta}^g \simeq \beta^g - \left\{ \frac{\partial^2 \log p(\mathcal{X}|\Theta)}{\partial \beta^{g2}} \right\}^{-1} \frac{\partial \log p(\mathcal{X}|\Theta)}{\partial \beta^g}. \quad (11)$$

Le calcul des termes $\frac{\partial^2 \log p(\mathcal{X}|\Theta)}{\partial \beta^{g2}}$ et $\frac{\partial \log p(\mathcal{X}|\Theta)}{\partial \beta^g}$ est donné dans [5].

3.2 Estimation du nombre de composantes

Pour déterminer automatiquement le nombre de composantes du mélange, nous suivons une approche similaire à celle présentée dans [10] basée sur le principe du *message de longueur minimale* (MML). En utilisant le MML, le nombre optimal de composantes du mélange est obtenu en minimisant la fonction suivante :

$$\mathcal{L}(\mathcal{X}; \Theta) = -\log p(\Theta) - \log p(\mathcal{X}|\Theta) + \frac{1}{2} \log |I(\Theta)| + \frac{d}{2} \left(1 + \log \frac{1}{12} \right), \quad (12)$$

où $p(\Theta)$, $I(\Theta)$, et $p(\mathcal{X}|\Theta)$ représentent la distribution a priori, la matrice d'information de Fisher, et la vraisemblance, respectivement. La constante $d = G(3K + 1)$ dans (12) est le nombre total de paramètres. Pour faciliter le calcul du MML, il est raisonnable de supposer l'indépendance des différents groupes de paramètres, qui permet la factorisation de $|I(\Theta)|$ et $p(\Theta)$. Nous remplaçons la matrice d'information de Fisher $I(\Theta)$ par son homologue de données complètes [10]. En l'absence de toute autre connaissance, nous adoptons les lois a priori non informatives de Jeffreys pour chaque groupe de paramètre comme des distributions de probabilités a priori [10, 11]. Nous obtenons donc la fonction suivante :

$$\mathcal{L}(\mathcal{X}; \hat{\Theta}) = -\log p(\mathcal{X}|\hat{\Theta}) + \frac{3K}{2} \sum_{g: \hat{\pi}^g > 0} \log(\hat{\pi}^g) + \frac{G_{nz}(3K + 1)}{2} \left(\log n + 1 + \log \frac{1}{12} \right), \quad (13)$$

où G_{nz} représente le nombre de composantes de poids non-nul.

3.3 L'algorithme complet

Le choix de l'initialisation des paramètres du modèle peut avoir une forte influence sur le résultat final de l'algorithme EM. Afin de réduire le risque de converger vers un maximum local de la fonction de vraisemblance, nous utilisons un algorithme EM modifié [10, 11]. Cet algorithme est moins sensible au choix des paramètres de l'initialisation, contrairement à l'algorithme EM standard. L'algorithme EM modifié subit une seule modification pour estimer le paramètre π^g par l'équation suivante :

$$\hat{\pi}^g = \frac{\max\{0, (\sum_{t=1}^n p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \hat{\Theta})) - \frac{3K}{2}\}}{\sum_{m=1}^G \max\{0, (\sum_{t=1}^n p(m|\mathbf{x}^{(t)}, \hat{\Theta})) - \frac{3K}{2}\}} \quad (14)$$

Les différentes étapes de sélection du modèle et d'estimation des paramètres peuvent être résumées dans l'algorithme 1.

Entrées : $\mathcal{X} = \{\{\mathbf{x}_1^{(t)}, \dots, \mathbf{x}_K^{(t)}\}_{t=1}^n, G_{min}, G_{max}, \varepsilon$, les paramètres initiaux $\hat{\Theta}^{(0)} = \{\hat{\pi}^g, \hat{\mu}^g, \hat{\sigma}^g, \hat{\beta}^g\}_{g=1}^{G_{max}}$

Sorties : L'ensemble des paramètres Θ_{best}

$i \leftarrow 0, G_{nz} \leftarrow G_{max}, \mathcal{L}_{min} \leftarrow +\infty$

tant que $G_{nz} \geq G_{min}$ **faire**

répéter

$i \leftarrow i + 1$

pour $g \leftarrow 1$ **jusqu'à** G_{max} **faire**

Étape E :

$$p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \hat{\Theta}) \leftarrow \frac{\hat{\pi}^g p(\mathbf{x}^{(t)}|\hat{\mu}^g, \hat{\sigma}^g, \hat{\beta}^g)}{\sum_{m=1}^{G_{max}} \hat{\pi}^m p(\mathbf{x}^{(t)}|\hat{\mu}^m, \hat{\sigma}^m, \hat{\beta}^m)},$$

pour $t = 1, \dots, n$

Étape M :

$$\hat{\pi}^g \leftarrow \frac{\max\{0, (\sum_{t=1}^n p(g|\mathbf{x}^{(t)}, \hat{\Theta})) - \frac{3K}{2}\}}{\sum_{m=1}^{G_{max}} \max\{0, (\sum_{t=1}^n p(m|\mathbf{x}^{(t)}, \hat{\Theta})) - \frac{3K}{2}\}}$$

$$\hat{\pi}^q \leftarrow \frac{\hat{\pi}^q}{\sum_{m=1}^{G_{max}} \hat{\pi}^m} \text{ pour } q = 1, \dots, G_{max}$$

si $\hat{\pi}^g > 0$ **alors**

 Calculer $\{\hat{\mu}^g, \hat{\sigma}^g, \hat{\beta}^g\}$ en utilisant (9)–(11)

sinon

$G_{nz} \leftarrow G_{nz} - 1$

fin

fin

$$\hat{\Theta}^{(i)} \leftarrow \{\hat{\pi}^g, \hat{\mu}^g, \hat{\sigma}^g, \hat{\beta}^g\}_{g=1}^{G_{max}}$$

 Calculer $\mathcal{L}(\mathcal{X}; \hat{\Theta}^{(i)})$ en utilisant (13)

jusqu'à $\mathcal{L}(\mathcal{X}; \hat{\Theta}^{(i)}) - \mathcal{L}(\mathcal{X}; \hat{\Theta}^{(i-1)}) < \varepsilon |\mathcal{L}(\mathcal{X}; \hat{\Theta}^{(i-1)})|$;

si $\mathcal{L}(\mathcal{X}; \hat{\Theta}^{(i)}) \leq \mathcal{L}_{min}$ **alors**

$\mathcal{L}_{min} \leftarrow \mathcal{L}(\mathcal{X}; \hat{\Theta}^{(i)})$

$\Theta_{best} \leftarrow \hat{\Theta}^{(i)}$

fin

$g^* \leftarrow \arg \min_g \{\hat{\pi}^g > 0\}, \hat{\pi}_{g^*} \leftarrow 0, G_{nz} \leftarrow G_{nz} - 1$

fin

Algorithme 1 – L'algorithme complet.

4 Résultats

Pour évaluer la performance et la robustesse de la fusion basée sur le rapport de vraisemblance estimé par le modèle

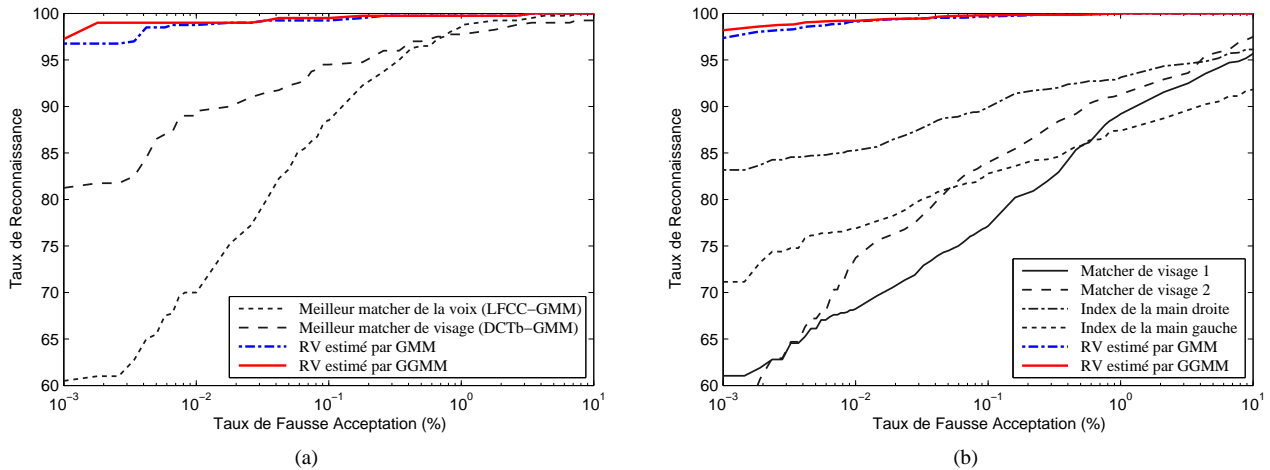


FIGURE 1 – Performance de la fusion basée sur le rapport de vraisemblance estimé par les modèles GMM et GGMM sur les bases de données (a) XM2VTS et (b) NIST-Multimodale. Bien qu’il existe 8 matchers dans la base de données XM2VTS, seules les courbes ROC du meilleur matcher de visage et du meilleur matcher de la voix sont présentés pour plus de clarté.

GGMM, nous avons utilisé deux bases de données biométriques de référence. La première base de données est XM2VTS [12], qui contient les scores de deux modalités à savoir, le visage et la voix, de 295 personnes. Elle contient deux fichiers, le premier est dev.label (development set) et le second est eva.label (evaluation set). Nous utilisons dev.label en tant que données d’apprentissage pour estimer les paramètres et eva.label en tant que données de test pour évaluer la performance.

La seconde base de données utilisée est NIST-BSSR1 [13], qui contient trois partitions différentes. Dans ce travail, nous utilisons la partition NIST-Multimodale qui contient deux scores de visage et deux scores d’empreintes de 517 personnes. Pour cette base de données, il n’y a aucun protocole expérimental défini. Dans nos simulations, la moitié des scores clients et imposteurs ont été choisis au hasard pour former l’ensemble d’apprentissage et l’autre moitié est utilisée pour former l’ensemble de test. Les résultats présentés sont les valeurs moyennes au cours de 20 essais.

La FIGURE 1 représente les courbes ROC (Receiver Operating Characteristic) des matchers individuels et de la fusion basée sur le RV estimé par les modèles GMM et GGMM sur les bases de données XM2VTS et NIST-Multimodale. En comparant les résultats obtenus, nous remarquons d’abord que les deux méthodes de fusion permettent d’améliorer de manière significative les taux de reconnaissances de tous les matchers individuels. Ensuite, nous remarquons que le taux de reconnaissance de la fusion basée sur le modèle GGMM surpasse légèrement celle basée sur le modèle GMM, en particulier lorsque les taux de fausses acceptations sont inférieurs à $10^{-2}\%$. Ceci est dû au fait que le modèle GGMM peut s’adapter à la forme de la distribution des données mieux que le modèle GMM. De plus, il est capable de produire une représentation de mélanges robuste pour des données de différentes formes.

Références

- [1] A. K. Jain, P. Flynn et A. Ross. *Handbook of Biometrics*. Springer, 2008.
- [2] A. Ross, K. Nandakumar et A. K. Jain. *Handbook of Multibiometrics*. Springer-Verlag, 2006.
- [3] K. Nandakumar, Y. Chen, S.C. Dass, and A. Jain. *Likelihood ratio based biometric score fusion*. IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., vol. 2, no. 30, pp. 342–347, 2008.
- [4] P. Griffin. *Optimal biometric fusion for identity verification*. Technical Report RDNJ-03-0064, Identix Research, 2004.
- [5] M.S. Allili, N. Bouguila, et D. Ziou. *Finite general Gaussian mixture modeling and application to image and video foreground segmentation*. J. Electron. Imaging. 17(1), 013005, March 28, 2008.
- [6] A. Dempster, N. Laird, et D. Rubin. *Maximum Likelihood Estimation from Incomplete Data Via the EM Algorithm*. J. Royal Statistical Soc. B, vol. 39, pp. 1–38, 1977.
- [7] J. Oliver, R. Baxter, et C. Wallace. *Unsupervised Learning Using MML*. Proc. 13th Int’l Conf. Machine Learning, pp. 364–372, 1996.
- [8] E.L. Lehmann et J.P. Romano *Testing Statistical Hypotheses*. Springer, 2005.
- [9] Z. Ma et A. Leijon *Beta mixture models and the application to image classification*. In Proc. ICIP, pp. 2045–2048, 2009.
- [10] M. Figueiredo et A.K. Jain *Unsupervised learning of finite mixture models*. IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., vol. 24, no. 3, pp. 381–396, Mar. 2002.
- [11] H. Zeng and Y.M. Cheung *Learning a mixture model for clustering with the completed likelihood minimum message length criterion*. Pattern Recogn., vol. 47, no. 5, pp. 2011–2030, 2014.
- [12] N. Poh and S. Bengio *Database, Protocol and Tools for Evaluating Score-Level Fusion Algorithms in Biometric Authentication*. Pattern Recogn., vol. 39, no. 2, pp. 223–233, 2006.
- [13] National Institute of Standards and Technology, *BSS-Release 1*, <http://www.nist.gov/itl/iad/ig/biometricscores.cfm>, 2004.