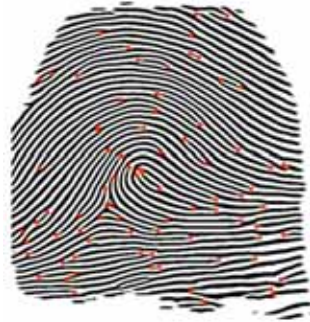


指纹的唯一性



[西安交通大学](#)

王郑耀	计算数学系	硕 343	导师：程正兴
汪宏武	生物医学工程	硕 351	导师：郑崇勋
杨 敏	模式识别与智能系统	硕 329	导师：郑南宁

2004-8-29

目 录

摘要.....	2
英文摘要.....	32
1.问题的重述及其背景.....	4
2. 名词解释.....	4
2.1 有关指纹识别.....	4
2.2 有关 DNA 识别.....	7
3. 指纹的唯一性分析.....	8
3.1 指纹识别.....	8
3.2 唯一性分析.....	10
3. 2. 1 问题分析.....	10
3. 2. 2 模型假设:	10
3. 2. 3 模型建立:	10
3. 2. 4 参数估计:	15
3. 2. 5 模型求解.....	20
3. 2. 6 模型优缺点及改进.....	21
3.3 指纹识别中的误识率分析.....	21
4. DNA 识别的唯一性.....	25
4.1 DNA 识别.....	25
4.1.1 基因组的构成.....	25
4.1.2 小卫星 DNA.....	26
4.1.3 DNA 指纹图.....	26
4.2 唯一性分析.....	27
4.3 DNA 识别中的误识率分析.....	29
5.两者的对比及结论.....	30
5.1 指纹与 DNA 的关系.....	30
5.2 指纹识别的优越性.....	30
5.3 DNA 识别的优越性.....	31
5.4 结论.....	31
参考文献.....	32
附件一 各种生物识别技术对比.....	33
附件二 指纹鉴别年表.....	34

摘 要

指纹鉴定基于两个前提：(1) 持久性：指纹的基本特征不会随着时间改变；(2) 独立性：指纹是独一无二的。第一个前提的正确性已从解剖学和形态学上得到证实。本文主要讨论第二个问题。我们通过对两幅指纹图像可获得的特征结构信息进行量化，建立基于特征点匹配的模型，从而可以估计出由于选取的特征点匹配，而将两个不同的指纹误认为同一指纹的概率，大约是 1.57302×10^{-16} 。证明从理论上讲指纹的确是独一无二的。

对于基于特征点的指纹识别方法，误识率与采集图象质量、操作人员素质以及特征点数目等因素有关。我们给出了特征点数目与误识率的数学模型，从模型结果可以看出，理论上特征点数目越多，误识率越低。同时我们模型结果显示特征点数目为 8 时，出现误识的概率与人口总数倒数为一个数量级，这就可以解释为什么现有的指纹鉴定系统特征点数目多取 8, 10, 12 等值。

最后，我们分析了 DNA 指纹识别技术的识别原理和误识率，得出使用一个和两个探针时，将一个 DNA 识别为另一个 DNA 的概率分别约为 10^{-10} 和 10^{-20} 数量级，误识率几乎为 0。但是 DNA 识别技术存在盲点，无法分辨同卵双生双胞胎。

总之，指纹识别与 DNA 识别具有很强的互补性。可以根据实际要求选择合适的技术或者两者结合起来使用。

关键词： 指纹识别， DNA 识别， 误识率， 特征点， 匹配概率， 独立性

Abstract

Fingerprint identification is based on two basic premises: (i) persistence: the basic characteristics of fingerprints do not change with time; and (ii) individuality: the fingerprint is unique to an individual. The validity of the first premise has been established by the anatomy and morphogenesis. This paper focuses on the second premise. We derive an expression which estimates the probability of falsely associating correspondence between minutiae-based representations from two arbitrary fingerprints belonging two different figure images, by quantifying the amount of information available in minutiae features. It's approximately 1.57302×10^{-16} . Therefore, fingerprint is unique theoretically.

The misidentification of fingerprint recognition based on minutiae, is associated with the quality of the image, the ability of the operator and the amount of minutiae. We establish a model between the number of minutiae and misidentification. From the model, we can get a conclusion that the more the number of minutiae, the lower the misidentification. Further more, the reason why 8,10,12 are chosen as the number of minutiae by most extant systems can be explained by our model, because the misidentification with 8 minutiae is near the reciprocal of the population of the world.

At last, we analysis the principle and misidentification of DNA recognition, and find out the misidentifications by using one and two probes are 10^{-10} and 10^{-20} respectively, they are nearly equal to 0. However, DNA recognition can not discriminate twins fertilized form the same germ cell.

After all, fingerprints recognition and DNA recognition can supplement each other. We can choose the proper approach according to the actual case.

KeyWords: fingerprints recognition, DNA recognition, misidentification, minutiae, probability of correspondence, individuality.

1.问题的重述及其背景

生物特征识别技术就是通过检测独特的生理特征来鉴别身份的技术，主要有语音、手势、签名、人脸、指纹和虹膜，参见附件一。图 1-A 显示了 2000 年统计的上述各种生物识别技术的市场占有率。指纹是目前市场占有率最高的生物识别技术，也是历史最悠久的最早被广泛用作身份识别的技术，参见附件二：指纹鉴别年表。图 1-B 是指纹的应用领域，可以看出指纹广泛地被当作“钥匙”或者“口令”。另外，指纹也是绝大多数国家法庭获取证据的重要手段。

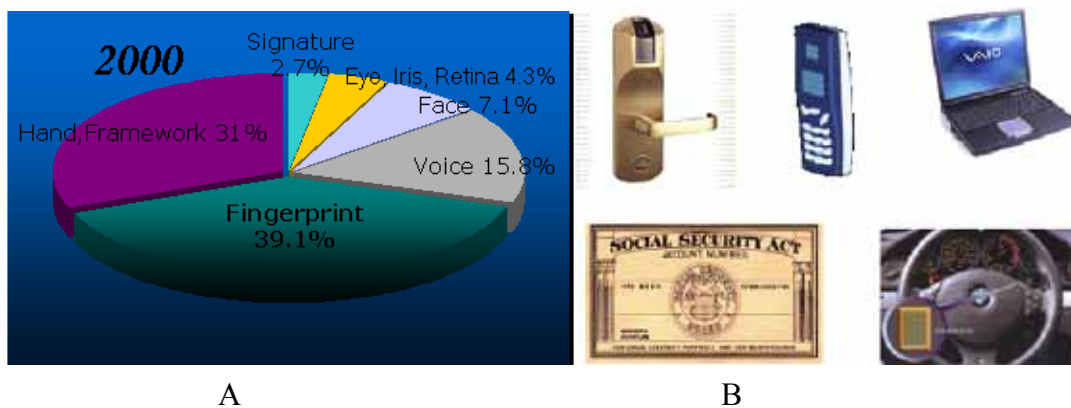


图 1 生物识别技术【1】：A，各种生物识别市场的占有率；B，指纹的应用

指纹识别的理论依据是指纹的唯一性和指纹稳定性。其中，稳定性已经获得解剖学和形态学上的证明【5】。本文的主要内容之一，就是设计一个模型分析指纹的唯一性问题。

DNA 身份识别是随着生物学尤其是基因科学发展而新产生的一种身份识别手段。我们的第二个问题就是，分析比较指纹识别的错误率与 DNA 识别错误率。

2. 名词解释

2.1 有关指纹识别

- ◆ 指纹：人体手指尖隆起部分形成的曲线表面的印记，如图 2；



图2 一些指纹的例子【2】

- ◆ 指纹库：国家安全机关等建立的存储有大量人群指纹图像的数据库，用于侦察等；可以指在指纹锁等应用中存储在其中的用于匹配的指纹数据，为了节省空间，一般是压缩存储的。
- ◆ 指纹识别：利用指纹的纹线结构和细节特征进行身份识别的技术，如图3。
- ◆ 核心（Core）：指纹中纹线形成的中心区域，如图4中椭圆圈出的部分。
- ◆ 三角点（Delta）：指纹中纹线形成的三角形区域，如图4中三角形圈出的部分。
- ◆ 螺线（Whorl）：如图4-A；
- ◆ 左环（Left Loop）：如图4-B；
- ◆ 右环（Right Loop）：如图4-C；
- ◆ 帐篷拱（Tented Arch）：如图4-D；
- ◆ 拱形（Arch）：如图4-E；

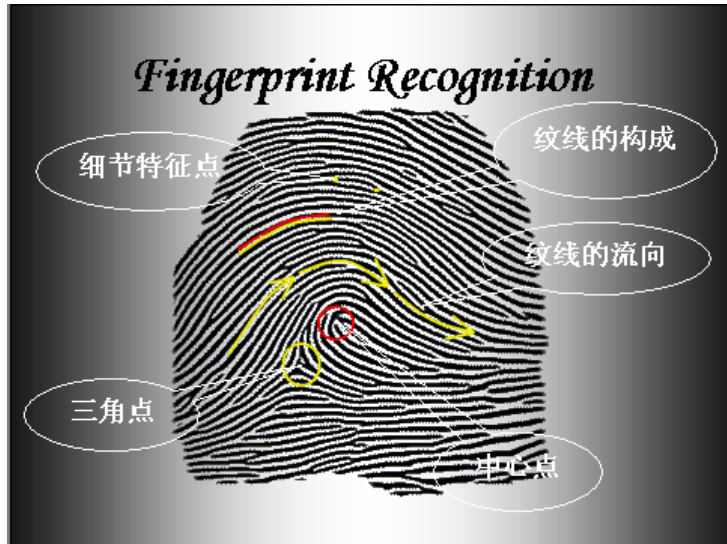


图 3 指纹识别【1】

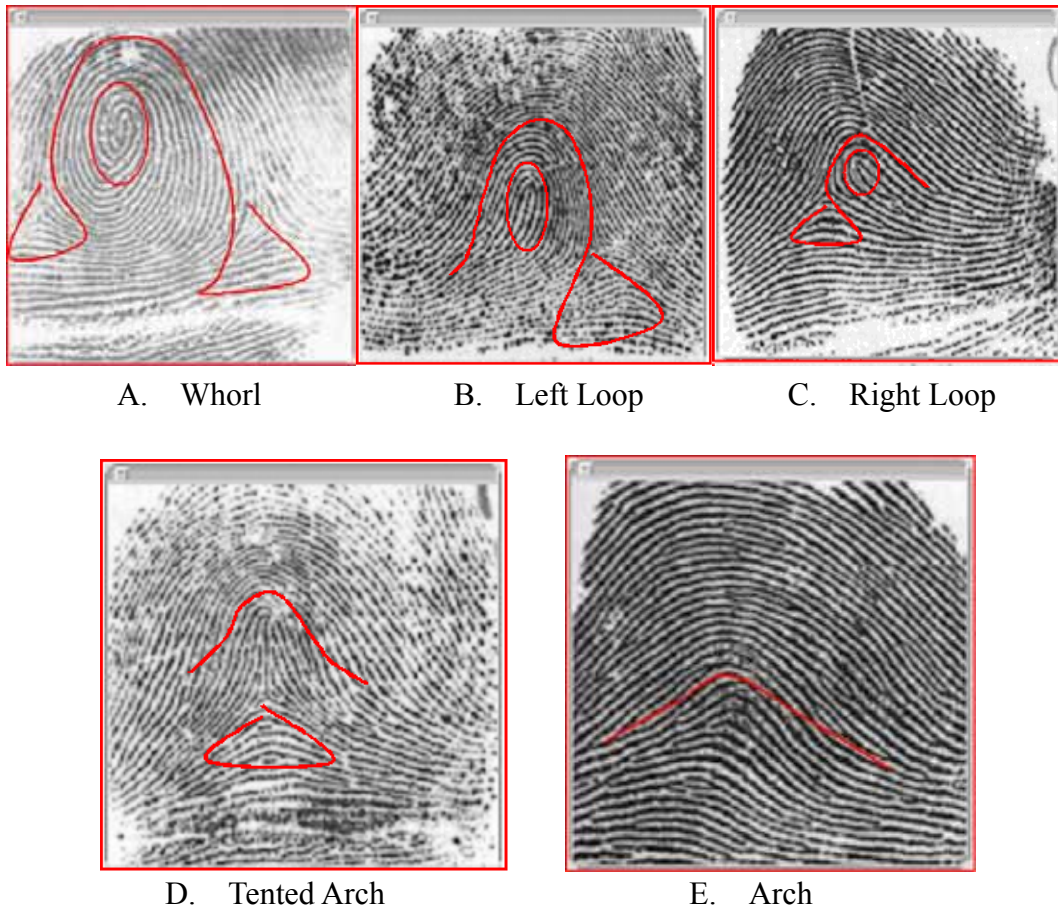


图 4 奇异点特征

	A	B	C	D	E
Core	1	1	1	0, 1	0
Delta	2	1	1	0, 1	0

表 1 奇异点特征的参数

- ◆ 点、端点、分叉、岛、刺、交叉、桥和短纹线：指纹图像中由指纹线形成的各种细节特征点，具体形状参看图 5。



图 5 指纹图像上的细节特征点

2.2 有关 DNA 识别【4】

- ◆ DNA (Deoxyribonucleic Acid): 脱氧核糖核酸。一种分子量很大、能自行复制的链状分子，存在于一切活细胞内，是携带遗传讯息的重要物质。每一条 DNA 分子由两条互补的脱氧核糖核苷酸链组成，而每一条链由核苷酸之间以脱氧核糖一磷酸二酯键共价联结而成。核苷酸所包含的碱基可分成四种：腺嘌呤 adenine (A)、胸腺嘧啶 thymine (T)、胞嘧啶 cytosine (C)、鸟嘌呤 guanine (G)。藉由微弱的键结所形成的特殊碱基配对关系 (A-T, C-G)，两条反向平行的长链互相缠绕，形成 DNA 分子的“华生-克里克右手”双螺旋 (double helix) 结构。在自然界中，真核生物的 DNA 分子存在于细胞的细胞核内；原核生物的 DNA 分子，则裸露于细胞质中。DNA 分子所携带遗传讯息被编码于多核苷酸链的碱基排列顺序，因而形成遗传密码，储存所有遗传信息。
- ◆ 双螺旋 (Double helix): 双股 DNA 的典型结构排列方式，看起来像螺旋状的梯子。而这个梯子的两侧由五碳糖和磷酸分子组成骨架互相缠绕，梯子中间则由碱基配对间的氢键将两骨架连结起来。
- ◆ 腺嘌呤 (Adenine, A): 构成 DNA 和 RNA 的成分之一，与胸腺嘧啶 (T) 或尿嘧啶 (U) 配对。
- ◆ 鸟嘌呤 (Guanine, G) 构成 DNA 和 RNA 的成分之一，与胞嘧啶 (C) 配对。
- ◆ 胸腺嘧啶 (Thymine, T) : 构成 DNA 的成分之一，与腺嘌呤 (A) 配对。
- ◆ 胞嘧啶 (Cytosine, C) 构成 DNA 和 RNA 的成分之一，与鸟嘌呤 (G) 配对。
- ◆ DNA 复制 (DNA replication): 依循碱基配对原则，以原有的 DNA 分子为模板，再合成出一条新的 DNA 分子的过程。双螺旋的两股会分开，分别充当模板，各合

成一条互补的新链，结果得到两个完全一样的 DNA 分子。此种复制方式称为半保留复制。

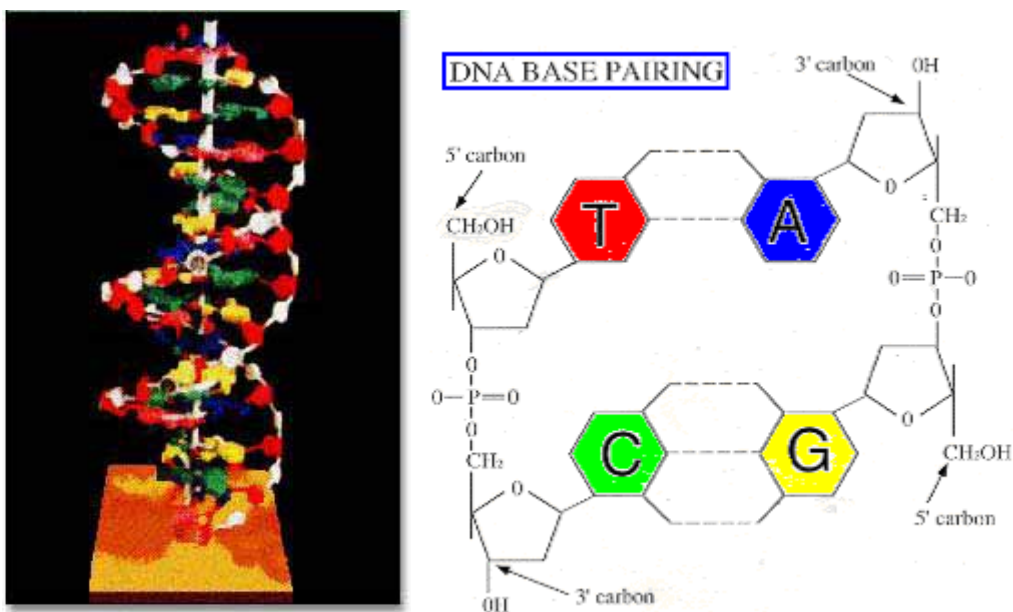


图 6 DNA 双螺旋结构与碱基对【3】

3. 指纹的唯一性分析

3.1 指纹识别

如图 7，指纹识别的基本步骤是：

- ★ 指纹采集：通过图像采集设备获取人体指纹图像；
- ★ 预处理：通过对获取的图像进行处理得到清晰无噪声的二值标准指纹图像；
- ★ 特征提取：从二值标准指纹图像中提取指纹纹理拓扑结构中的奇异点和细节点等形成特征向量，其中奇异点和特征点参加图 4、图 5；图 8 中本文详细演示了图像预处理的过程和特征提取的过程；
- ★ 分类识别：通过特征点向量的与指纹库中的数据比对进行身份验证。

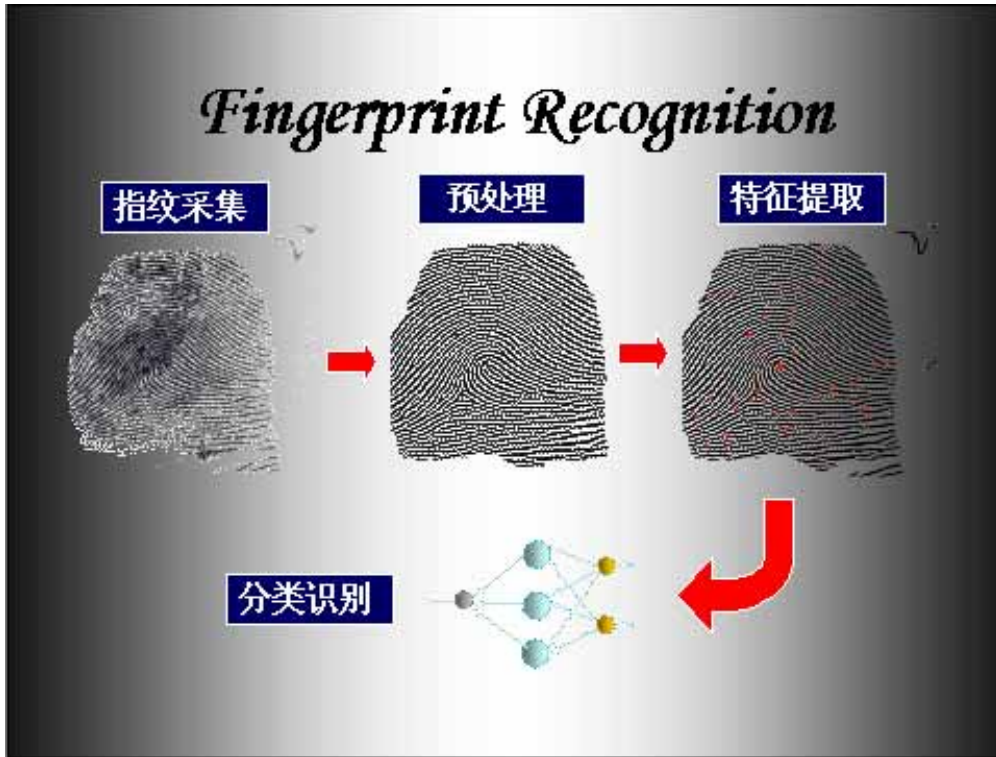


图 7 指纹识别的基本步骤【1】

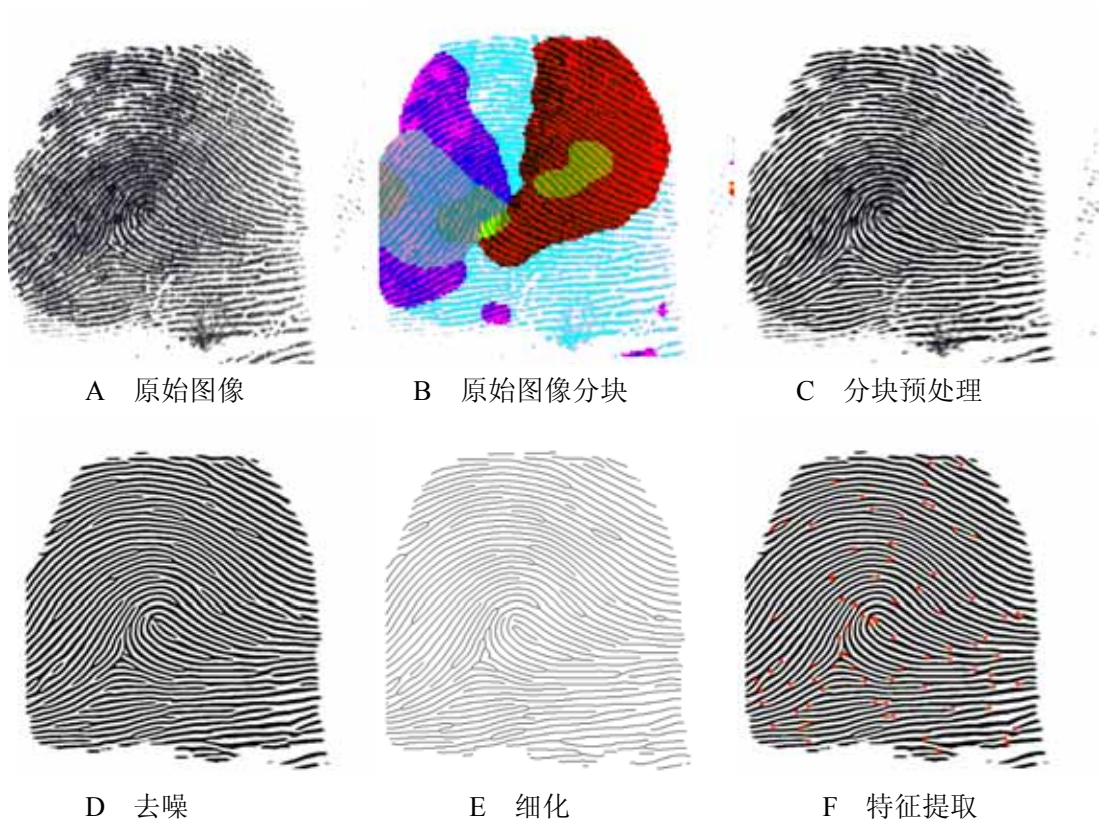


图 8 指纹图像特征点检测过程: $A \Rightarrow B \Rightarrow C \Rightarrow D \Rightarrow E$

3.2 唯一性分析

3.2.1 问题分析

通过上面的分析，我们对于指纹和DNA都有一定的了解，但是人的指纹究竟是不是唯一的呢？每个人的指纹是不是必定不同呢？如果是的话，为什么呢？如果不是，那么相同的几率是多少呢？

从我们的日常生活出发，相信大家都知道指纹在法庭、门禁系统等场合都已经得到广泛应用，但是对指纹提出置疑的人也不少。单凭经验，好像指纹应该是不会有完全相同的，从我们实际出发，总感觉出现错误是因为其它的一些原因，例如图像质量或者分辨率不够等。那么究竟如何呢？我们就针对这个问题提出如下的假设然后尝试建模。

3.2.2 模型假设：

1. 建模的过程只从特征点角度出发，并且仅仅考虑脊线的断点和分叉。因为特征点的提取方法比较成熟，稳定，实际，目前流行的以及经常采用的方法大都基于此。只考虑端点和分叉是因为其它譬如岛、刺、桥、短纹线等很少见。
2. 我们假设特征点分布是统一分布，并且两个特征点不能靠的很近（选取时）。事实上特征点的分布并不是统一分布，做此假设会使得相一致的可能性增加，但是从实际上考虑，在建模时，增加是允许的。
3. 特征点对之间的对应是相互独立的，并且各个特征点对重要性相同。
4. 在建模过程中我们不考虑指纹图像质量对个异性的影响，即假设所得到的图像都是标准的图像。

3.2.3 模型建立：

有了上述的假设，参考文献【5】、【6】中对于此类模型也给出了相关的说明，从中我们可以看出，传统的模型，像Galton (1892)、Pearson (1930)、Wentworth & Wilder (1918)、Gupta (1968)、Osterburg et al. (1980)、Stoney et al. (1986)等，尽管他们也给出了基于特征结构和脊线的模型，但是他们都是单从特征点（结构）的选择以及分类着手考虑，很少考虑到各个特征点（结构）之间内在的联系，也就是说人手指指纹并不是完全随机的分布，而是互相有关系的，指纹图像上任意一点的纹线形态影响相邻区域内的纹线形态，

也受它们的影响；如果不考虑它们之间的关系，那么得出的结果会比实际结果理想，这在我们从事理论研究的时候是不允许的。

根据上述的分析，我们建立如下的模型，在这个模型中我们充分考虑特征点之间的内在关系，确保不会减小出错的概率。还要说明的是，我们认为这个问题应该给出的是一个可能的结果，也就是说给出的是概率。这也决定我们的模型是从统计学角度出发考虑的。

模型中符号说明：

T：目标指纹，即数据库中的标准指纹，其中包括m个特征点， $\{x, y, \theta\}$ 代表特征点的坐标和角度。

I：实验指纹，即选择的标准指纹（保证和T不同），包括n个特征点， $\{x', y', \theta'\}$ 代表特征点的坐标和角度。

C：容许区域，也就是说，只要T中某个特征点对应在I中某个特征点的这个区域，就称为这两个点匹配（相一致）。

A：指纹图像在整幅图像中所占面积（实际为像素个数）。

r_0 、 θ_0 ：分别代表C的面积和方向上的最大容许偏差角度值。

ρ 、 q ：建模时，T和I中距离一致对应的特征点个数和 ρ 个特征点中角度一致的特征点个数（显然， $q \leq \rho$ ）。

模型建立：

首先，根据题目中的假设和分析，我们定义如下两个集合T和I，分别代表目标指纹和实验指纹：

$$T = \{\{x_1, y_1, \theta_1\}, \{x_2, y_2, \theta_2\}, \dots, \{x_m, y_m, \theta_m\}\},$$
$$I = \{\{x'_1, y'_1, \theta'_1\}, \{x'_2, y'_2, \theta'_2\}, \dots, \{x'_n, y'_n, \theta'_n\}\}$$

接着，我们定义实验指纹中第*i*个特征点和目标指纹中第*j*个特征点相一致，则应该

满足下式：

$$\sqrt{(x_i' - x_j')^2 + (y_i' - y_j')^2} \leq r_0 \quad \text{与}$$

$$\min(|\theta_i' - \theta_j'|, 360 - |\theta_i' - \theta_j'|) \leq \theta_0$$

其中 r_0 、 θ_0 分别代表C的面积和方向上两个特征点相一致时最大的容许偏差角度值。

C的具体涵义通过下图9可以清楚看出来：

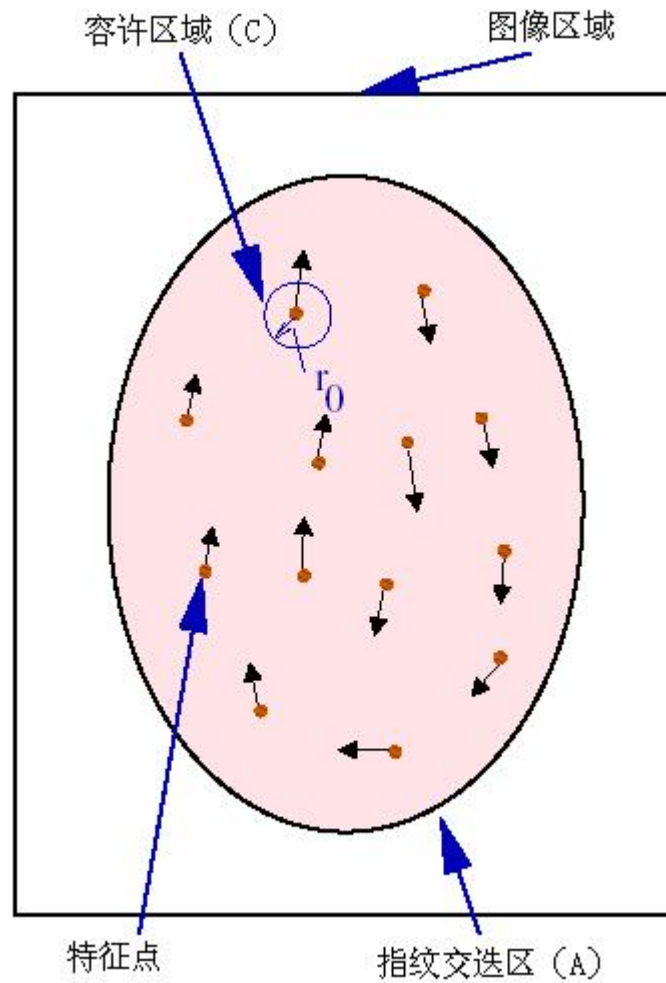


图9 指纹和特征点

从而可以得到这两个特征点相一致的概率为：

$$P(\sqrt{(x_i' - x_j')^2 + (y_i' - y_j')^2} \leq r_0) = \frac{\text{允许区域面积}}{\text{交迭区域面积}} = \frac{\pi r_0^2}{A} = \frac{C}{A}$$

同时又有

$$P(\min(|\theta'_i - \theta_j|, 360 - |\theta'_i - \theta_j|) \leq \theta_0) = \frac{\text{允许角度}}{\text{总角度}} = \frac{2\theta_0}{360}$$

首先，我们建立指纹特征点仅仅满足位置匹配（相一致）的模型。如果目标指纹中有 m 个特征点，那么实验指纹中一个特征点和这 m 个特征点中任一个一致的概率就是 $m \cdot \frac{C}{A}$ 。

现在，考虑实验指纹中两个特征点时的情形，第一个点和 m 中任意一个特征点匹配的概率仍是 $m \cdot \frac{C}{A}$ ，同时第二个点和 m 个点中其他的点都不一致的概率是： $\frac{A - m \cdot C}{A - C}$ 。这样的话，实验指纹中两个特征点只有一个和目标指纹中 m 个特征点中任意一点一致的概率即为：

$$2 \times \left(\frac{m \cdot C}{A} \right) \cdot \left(\frac{A - m \cdot C}{A - C} \right)$$

那么实验指纹有 n 个特征点的时候，其中只有一个和目标指纹中 m 个特征点中任意一点一致的概率：

$$p(A, C, m, n) = \binom{n}{1} \cdot \left(\frac{m \cdot C}{A} \right) \cdot \left(\frac{A - m \cdot C}{A - C} \right)$$

实验指纹有 n 个特征点，目标指纹中 m 个特征点，有 ρ 对特征点一致的概率：

$$p(A, C, m, n, \rho) = \binom{n}{\rho} \cdot \underbrace{\left(\frac{m \cdot C}{A} \right) \cdot \left(\frac{(m-1) \cdot C}{A - C} \right) \cdot \dots \cdot \left(\frac{(m-\rho+1) \cdot C}{A - (\rho-1) \cdot C} \right)}_{\rho \text{组}} \times \underbrace{\left(\frac{A - m \cdot C}{A - \rho \cdot C} \right) \cdot \left(\frac{A - (m-1) \cdot C}{A - (\rho+1) \cdot C} \right) \cdot \dots \cdot \left(\frac{A - (m - (n - \rho + 1)) \cdot C}{A - (n-1) \cdot C} \right)}_{n-\rho \text{组}}$$

变形得到以下形式：

$$p(A, C, m, n, \rho) = \binom{n}{\rho} \cdot \binom{m}{\frac{A}{C}} \cdot \binom{m-1}{\frac{A}{C}-1} \cdot \dots \cdot \binom{m-\rho-1}{\frac{A}{C}-(\rho-1)} \times \\ \binom{\frac{A}{C}-m}{\frac{A}{C}-\rho} \cdot \binom{\frac{A}{C}-(m-1)}{\frac{A}{C}-(\rho+1)} \cdot \dots \cdot \binom{\frac{A}{C}-(m-(n-\rho+1))}{\frac{A}{C}-(n-1)}$$

取 $M = \frac{A}{C}$, 代入有:

$$p(M, m, n, \rho) = \binom{n}{\rho} \cdot \binom{m}{M} \cdot \binom{m-1}{M-1} \cdot \dots \cdot \binom{m-\rho-1}{M-(\rho-1)} \times \\ \binom{M-m}{M-\rho} \cdot \binom{M-(m-1)}{M-(\rho+1)} \cdot \dots \cdot \binom{M-(m-(n-\rho+1))}{M-(n-1)}$$

写成阶乘的形式:

$$p(M, m, n, \rho) = \frac{n!}{\rho! \cdot (n-\rho)!} \times \frac{(M-n)!}{M!} \times \frac{m!}{(m-\rho)!} \times \frac{(M-m)!}{((M-m)-(n-\rho))!}$$

重新组合得到如下形式:

$$p(M, m, n, \rho) = \frac{m!}{\rho! \cdot (m-\rho)!} \times \frac{(M-m)!}{(m-\rho)! \cdot ((M-m)-(n-\rho))!} \times \frac{(M-n)! \cdot n!}{M!}$$

\Rightarrow

$$p(M, m, n, \rho) = \frac{\binom{m}{\rho} \cdot \binom{M-m}{n-\rho}}{\binom{M}{n}}$$

以上对于特征点位置之间的一致性进行了建模, 接下来我们考虑同时考虑位置和方向的一致性模型, 为了便于分析, 我们假设特征点的位置和方向完全独立, 这样特征点位置匹配和方向匹配就是完全独立的事件。

令 l 为 $P(\min(|\theta'_i - \theta_j|, 360 - |\theta'_i - \theta_j|) \leq \theta_0) = l$ 中的 l 。

与上述位置匹配相同的考虑方法。当有 ρ 对特征点位置一致时，其中 q 对同时具有相同的方向的概率为：

$$\binom{\rho}{q} (l)^q \cdot (1-l)^{\rho-q}$$

其中 l 表示两个特征点位置匹配时具有相同方向的可能性， $1-l$ 表示两个特征点位置匹配时具有不同方向的可能性。

这样，最终得到描述 q 个特征点位置和方向都相同的概率为：

$$p(M, m, n, q) = \sum_{\rho=q}^{\min(m, n)} \left(\frac{\binom{m}{\rho} \cdot \binom{M-m}{n-\rho}}{\binom{M}{n}} \times \binom{\rho}{q} (l)^q \cdot (1-l)^{\rho-q} \right)$$

至此，我们一直假设特征点位置在整个指纹区域是一致分布，目标指纹和实验指纹的交迭区域 A 中，脊线区占大约 $\frac{A}{2}$ 区域，其他一半为谷区。我们假设所有的脊线在不同的指纹类型中数目相同，由于特征点只能分布在脊线上，假如分布在长度为 A/w 的脊线上，其中 w 为脊线周期（在后面参数估计中会给出具体说明），则有 $M = \frac{A/w}{2 \cdot r_0}$ ，其中 $2 \cdot r_0$ 表示特征点位置的长度局限。

3.2.4 参数估计：

我们的独立模型中有很多参数，主要有： r_0, l, w, A, m, n 和 q 。其中 l 主要取决于 θ_0 ， r_0, l, w 的估计通过给定的传感器分辨率得出【5】。我们利用从网络上获得的数据库GT database估计 r_0, l, w 的值。这个数据库采集系统分辨率为500dpi，第二次采集和第一次采集的指纹对至少间隔一周。特征点是由专家抽取的，并且专家决定选定的特征点的一致信息。

具体给出如下：

w 的值参考文献【7】给出了详细描述，篇幅所限，我们直接引用他们的结论，当指

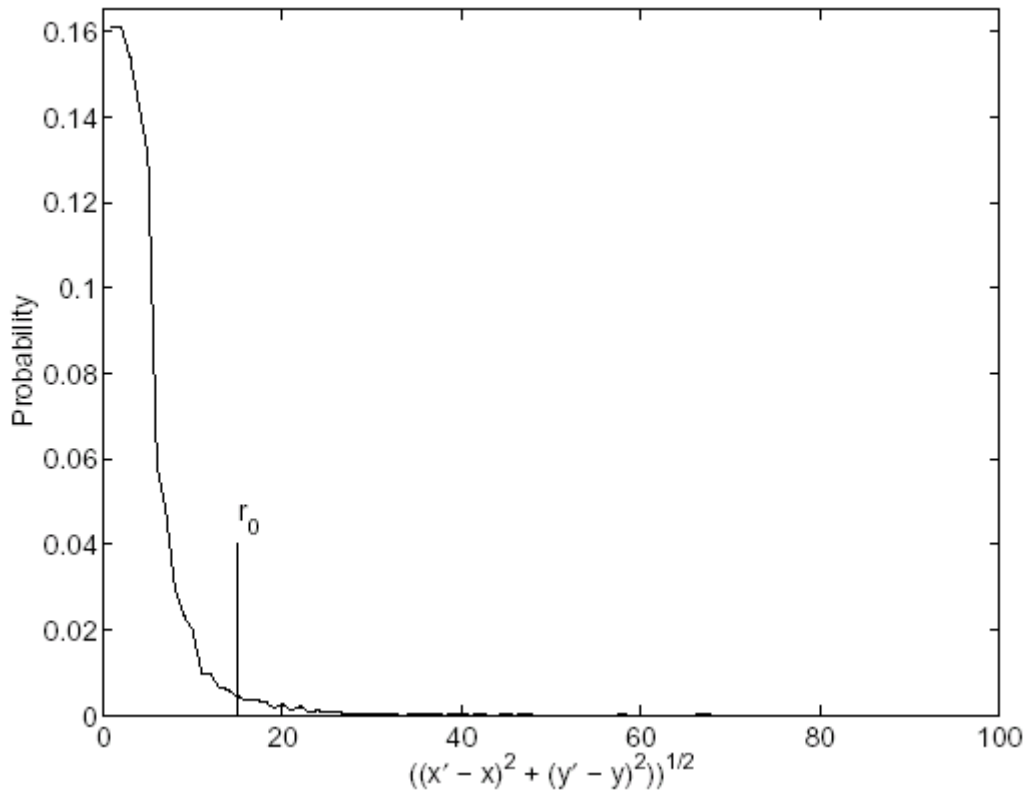


图10 GT数据库中指纹特征点一致的概率随距离不同分布图

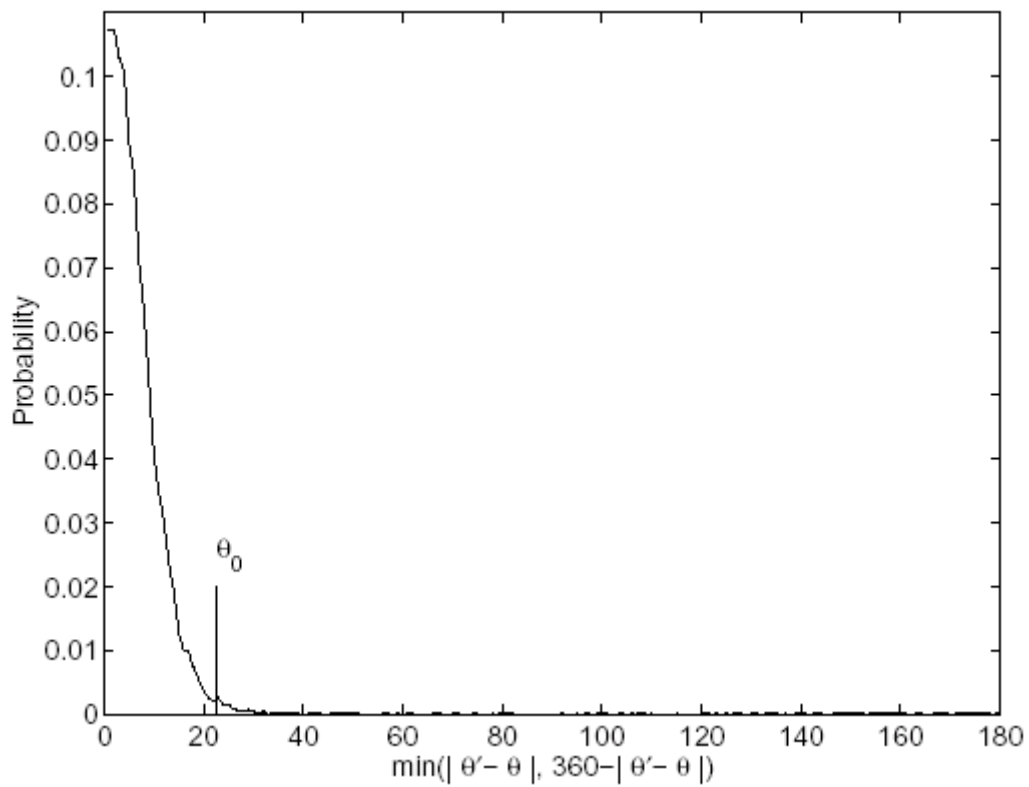


图11 GT数据库中指纹特征点一致的概率随方向不同分布图

纹传感器的分辨率为500dpi的时候，脊线周期为约9.1 pixel/ridge。因此， $w=9.1$ ，这个值在别的人的方法中也曾用过。

如图10所示，我们选择使得 $P(\sqrt{(x'_i - x'_j)^2 + (y'_i - y'_j)^2} \leq r_0) \geq 0.975$ 的 r_0 。（选择0.975作为置信度是因为这样做可以接收，下面 θ_0 的选择与此类似），从图上得出， $r_0 = 15$ 。

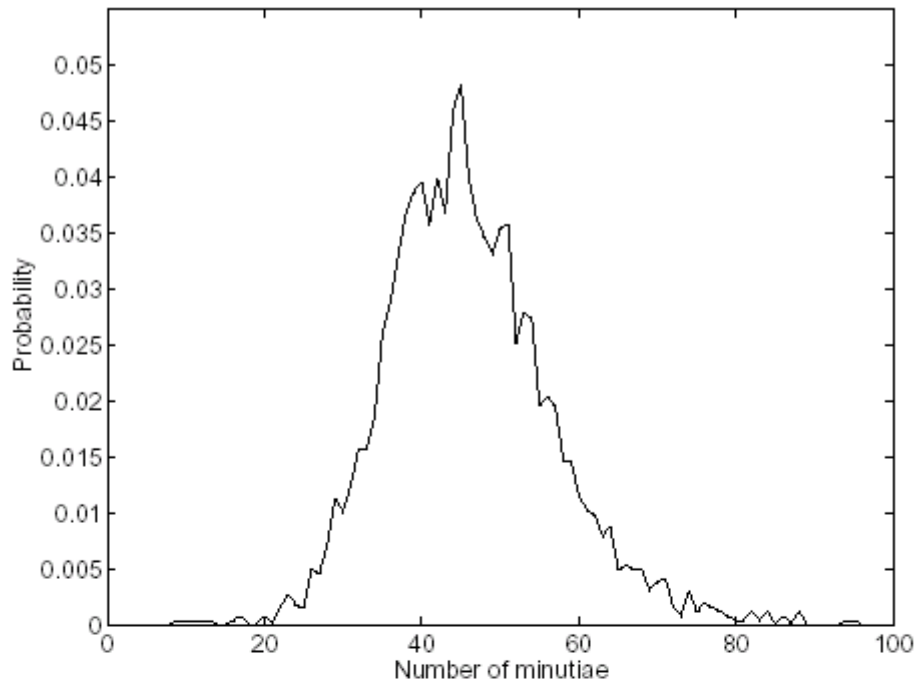
l 主要取决于 θ_0 ，所以要计算 l ，首先要给出 θ_0 ，同样利用数据库可以得到图11。

同样我们选择使得 $P(\min(|\theta'_i - \theta_j|, 360 - |\theta'_i - \theta_j|) \leq \theta_0) \geq 0.975$ 时的 θ_0 ，得出 $\theta_0 = 22.5^\circ$ 。进而， $l = 0.267$ 【5】。

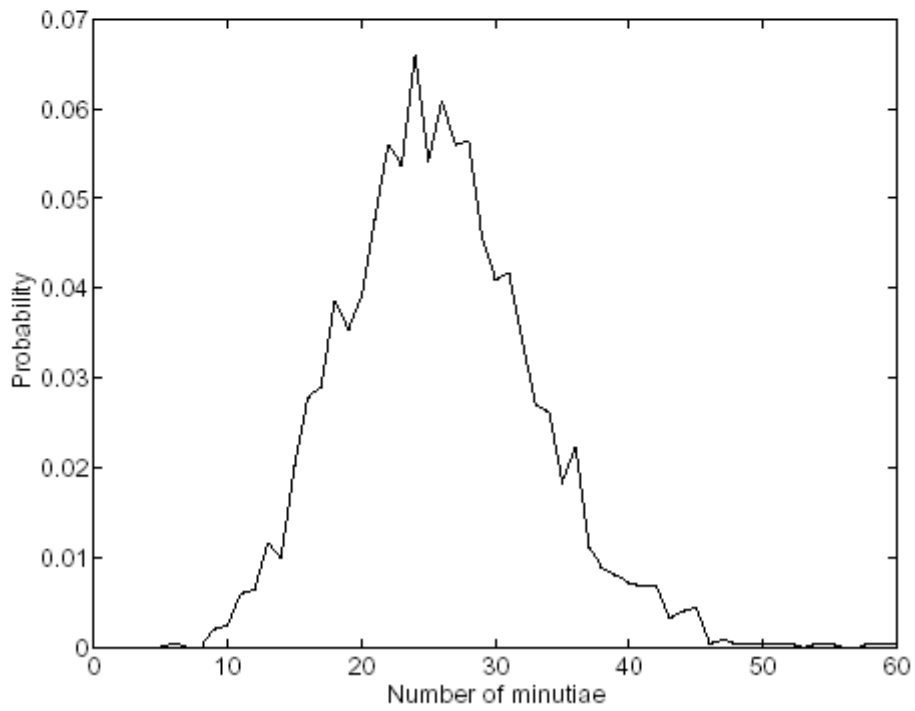
A, m, n 的选择我们选择另外两个数据库MSU_DBI和MSU_VERIDICOM，它们的具体分布见图12、13。

图12a中， $m = n = 46$ ；b中， $m = n = 26$ 。

图13a中，交迭区像素个数为67，415；b中，交迭区像素个数为28，383。

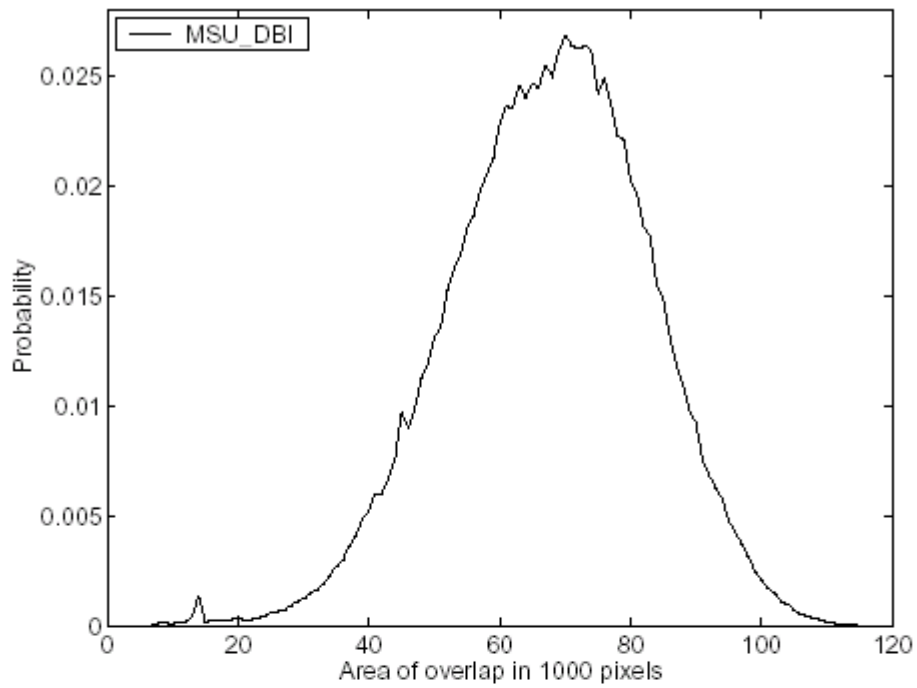


(a)

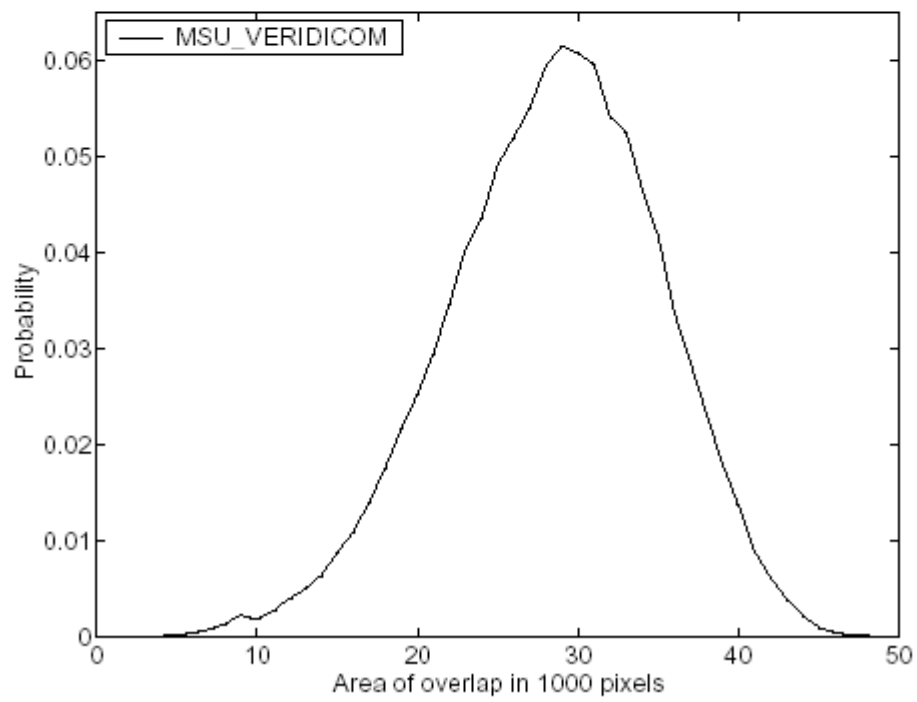


(b)

图12 m 、 n 的分布。(a) MSU_DBI数据库, (b) MSU_VERIDICOM数据库



(a)



(b)

图13 基于特征匹配的两个指纹交迭区: (a) MSU_DBI数据库, (b) MSU_VERIDICOM数据库

3.2.5 模型求解

有了上述的模型和参数，我们就可以对模型进行求解，编写简单的计算程序，我们可以得到如下表 2 的结论：

M, m, n, q	P (指纹一致), $l = 0.267$	P (指纹一致), $l = 0.417$
104, 26, 26, 26	5.44662×10^{-40}	5.89347×10^{-35}
104, 26, 26, 12	3.92256×10^{-9}	5.80249×10^{-7}
176, 36, 36, 36	5.72266×10^{-59}	5.34676×10^{-52}
176, 36, 36, 12	6.18259×10^{-8}	7.28318×10^{-6}
248, 46, 46, 46	1.41279×10^{-77}	1.13977×10^{-68}
248, 46, 46, 12	5.9339×10^{-7}	0.0000556216
70, 12, 12, 12	1.23378×10^{-20}	2.59858×10^{-18}
35, 12, 12, 12	1.57302×10^{-16}	1.28944×10^{-13}

表 2 不同大小的指纹图像指纹一致的概率，特征点分别为 26, 36, 46。最后一行是根据估计典型的 500dpi 光学扫描指纹图像区域包括 12 个特征点计算得出的。

注：表中数据分别取自上述的 GT database, MSU_DBI 数据库和 MSU_VERIDICOM 数据库，因为参数是根据它们而定的。另外，取 $q=12$ 是因为 (35, 12, 12, 12) 就是法庭上常用的 12 点规则，也就是说法庭上经常选择 12 个特征点判断匹配情况，因此从实际出发，我们也给出这个概率值。(104, 26, 26, 26) 表明选择的 26 个特征点都进行判断，(104, 26, 26, 12) 表示只选择 26 个特征点中的 12 个点进行判断。

从表中数据可以看出，两个不同指纹被认定为相同的概率都很小，根据概率论的知识，小概率事件实际上认为是不可能发生的【8】，也就是说指纹的确是独一无二的，至于为什么会发生错误识别，我们下面进行详细分析。

3.2.6 模型优缺点及改进

(1) 本文利用简单的特征点描述建立的统计学模型，可以很好的估计出任意两个指纹相同的概率，简单的描述使得我们可以在客观的和经验的量化指纹特征结构限制的同时利用指纹匹配量化特征结构内在的变异。弹性的行匹配算法使得我们可以完成两个被比较指纹之间的完全估计。

(2) 本文建立的模型相当简单，忽略了许多已知的特征点结构所依赖的因素。并且没有直接包括像脊线数目、指纹类别、脊线频度和永远的伤痕等特征。由于这些原因，我们的模型简单，算法易于实现；也由于这样，我们怀疑我们的模型不能用来作为指纹专家匹配的预测。

3.3 指纹识别中的误识率分析

根据前面的模型，我们的结论是，随机的取两枚指纹他们相同的概率是非常小的，或者说是不可可能是相同的。从这个角度上来说指纹是唯一的。但是，实际中总会有误识。

下面先给误识率下一个定义：**误识率是指随机地取两枚指纹，虽然理论上它们是不可能完全一样的，但是在实际中判别为相同的概率。**对于类似于指纹锁这样的系统中，将同一指纹的两次取样判别为不同指纹的概率（拒识率），与本文的主题无关，故将不予考虑，可参考【1】。

在实际中之所以会发生误识的原因有很多，例如：

- Δ 采集的指纹质量（大小、清晰度等）；
- Δ 操作人员的主观因素；
- Δ 不相似的特征点的个数；
- Δ 所选取进行匹配的特征点选取的个数。

其中，前三个因素主观性较强不易量化，以下我们建立模型来分析第四个因素造成的误识率。在实际中，尤其是在目前的算法中，一般都是选取一小部分特征点。例如，在法庭上作为证据时，英国要求有 16 个相似的特征点；也有很多国家只要求有 12 或者 10 个相似的特征点，甚至 8 个相似的特征点就可以了。

假设每枚指纹图像上有 m 个特征点，这些特征点等概率地有 s 种，再假设从 m 个特征点中随机选取 n 个特征点进行匹配来识别。

根据概率论，两枚指纹恰有 k 个特征点相似的概率是：

$$p(k) = \binom{m}{k} \cdot \left(\frac{1}{s}\right)^k \cdot \left(1 - \frac{1}{s}\right)^{m-k}$$

当 $m = 60, s = 6$ 时，我们可以画出 k 与 $p(k)$ 的关系图像，如图 14 所示：

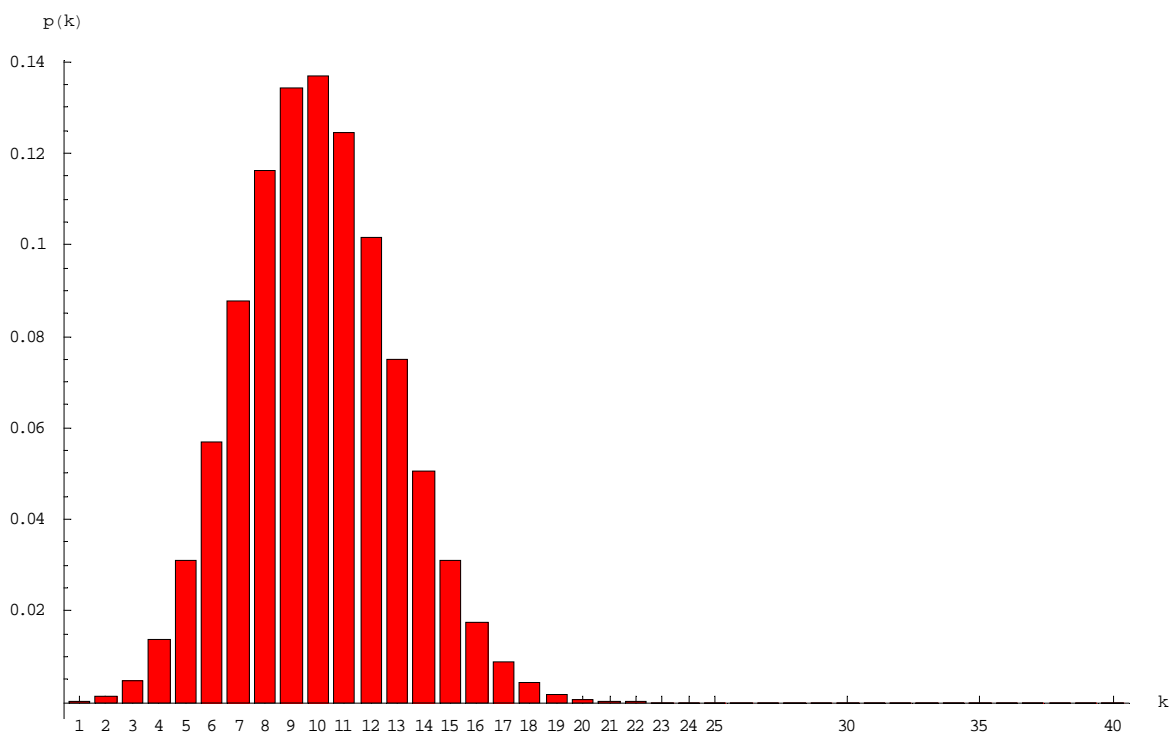


图 14 两枚指纹 m 个特征点中恰有 k 个特征点相似的概率

当 $k \geq n$ 时，从这 k 个一样的位置选出 n 个位置的选取方式是 $\binom{k}{n}$ 种，一共有 $\binom{m}{n}$ 种选

取方式；它们是等概率的，则选取方式为 n 个位置上特征相似的概率是 $\frac{\binom{k}{n}}{\binom{m}{n}}$ ，则误

识率为

$$\tilde{p}(n) = \sum_{k=n}^m \binom{m}{k} \cdot \left(\frac{1}{s}\right)^k \cdot \left(1 - \frac{1}{s}\right)^{m-k} \cdot \binom{k}{n} / \binom{m}{n}$$

当 $m = 60, s = 6$ 时, 计算得到 $\tilde{p}(n)$ 当 $n = 1, 2, \dots, m = 60$ 时的值为:

{0.0166667, 0.00277778, 0.000462963, 0.0000771605, 0.0000128601, 2.14335×10^{-6} ,
 3.57225×10^{-7} , 5.95374×10^{-8} , 9.9229×10^{-9} , 1.65382×10^{-9} , 2.75636×10^{-10} , 4.59394×10^{-11} ,
 7.65656×10^{-12} , 1.27609×10^{-12} , 2.12682×10^{-13} , 3.5447×10^{-14} , 5.90784×10^{-15} , 9.8464×10^{-16} ,
 1.64107×10^{-16} , 2.73511×10^{-17} , 4.55852×10^{-18} , 7.59753×10^{-19} , 1.26626×10^{-19} , 2.11043×10^{-20} ,
 3.51738×10^{-21} , 5.86229×10^{-22} , 9.77049×10^{-23} , 1.62841×10^{-23} , 2.71402×10^{-24} , 4.52337×10^{-25} ,
 7.53896×10^{-26} , 1.25649×10^{-26} , 2.09415×10^{-27} , 3.49026×10^{-28} , 5.8171×10^{-29} , 9.69516×10^{-30} ,
 1.61586×10^{-30} , 2.6931×10^{-31} , 4.4885×10^{-32} , 7.48083×10^{-33} , 1.24681×10^{-33} , 2.07801×10^{-34} ,
 3.46335×10^{-35} , 5.77225×10^{-36} , 9.62041×10^{-37} , 1.6034×10^{-37} , 2.67234×10^{-38} , 4.4539×10^{-39} ,
 7.42316×10^{-40} , 1.23719×10^{-40} , 2.06199×10^{-41} , 3.43665×10^{-42} , 5.72775×10^{-43} , 9.54624×10^{-44} ,
 1.59104×10^{-44} , 2.65173×10^{-45} , 4.41956×10^{-46} , 7.36593×10^{-47} , 1.22765×10^{-47} , 2.04609×10^{-48} }

为了清楚, 绘制出图像来

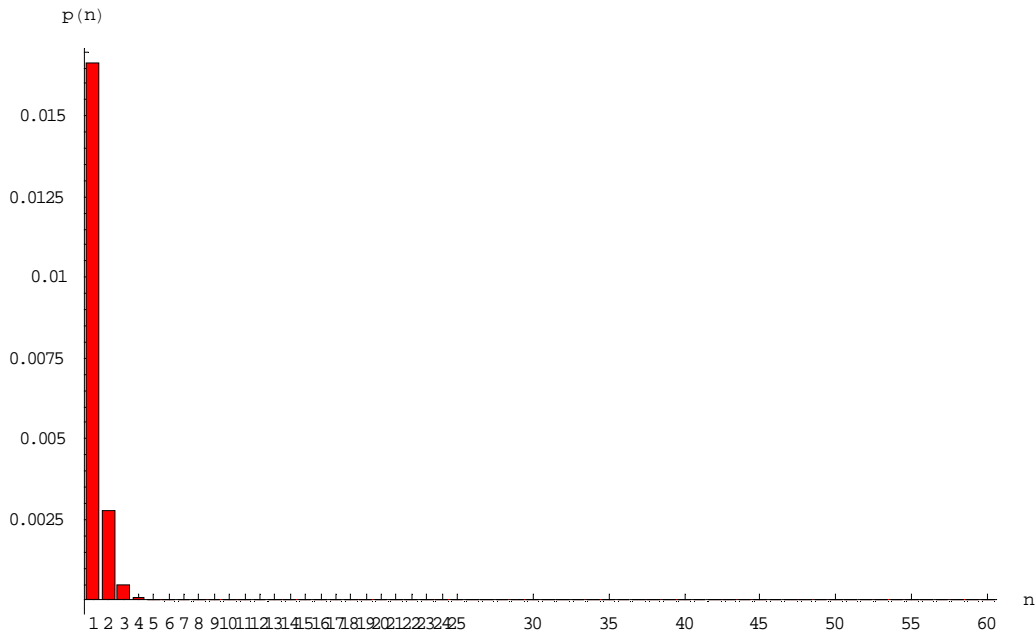


图 15 选取的特征点的个数与误识率的关系: $m = 60, s = 6$

可以发现, 随着 n 的变大误识率迅速减少, 是按指数速度减少, 如图 16, 绘制对数图像如下, 能清楚反映这一点。

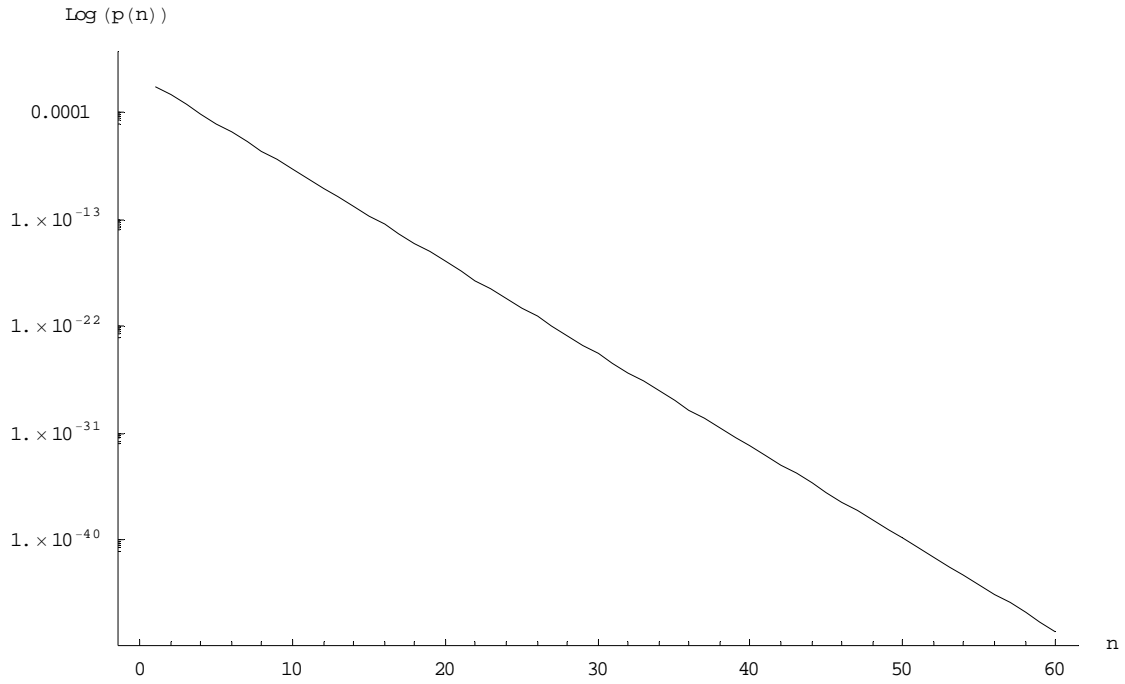


图 16 选取的特征点的个数与误识率的关系：纵轴为指数坐标， $m = 60$ ， $s = 6$

为了考察稳定性，我们换一组参数当 $m = 70$ ， $s = 4$ ：

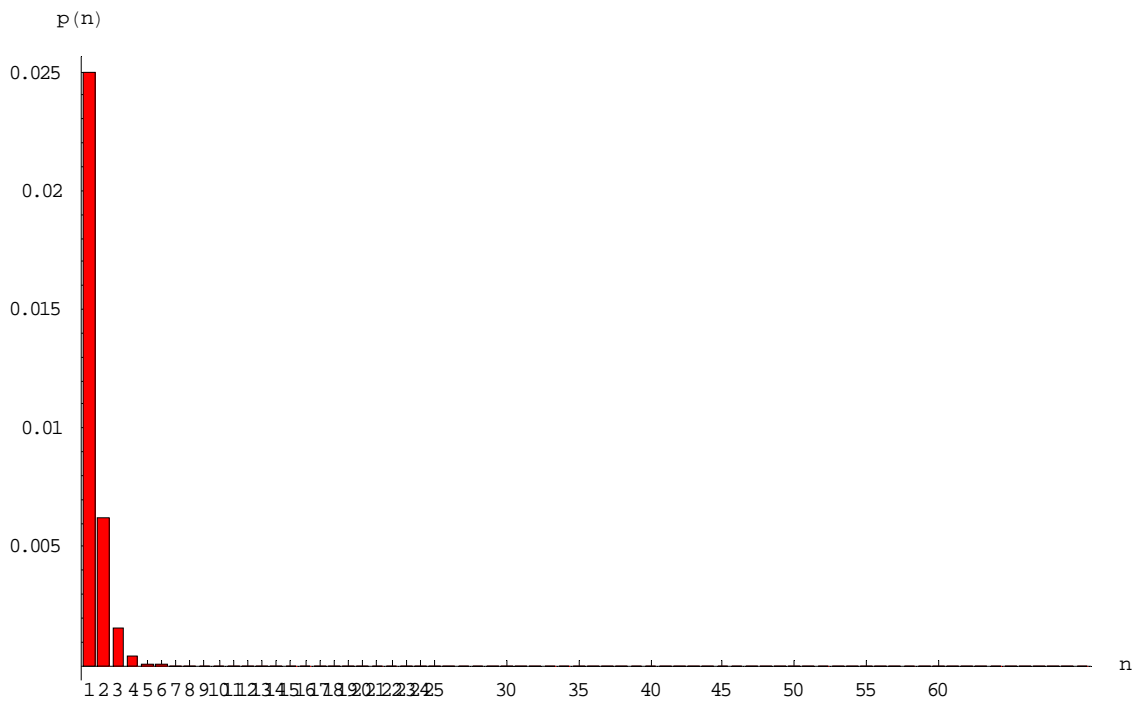


图 17 选取的特征点的个数与误识率的关系： $m = 70$ ， $s = 4$

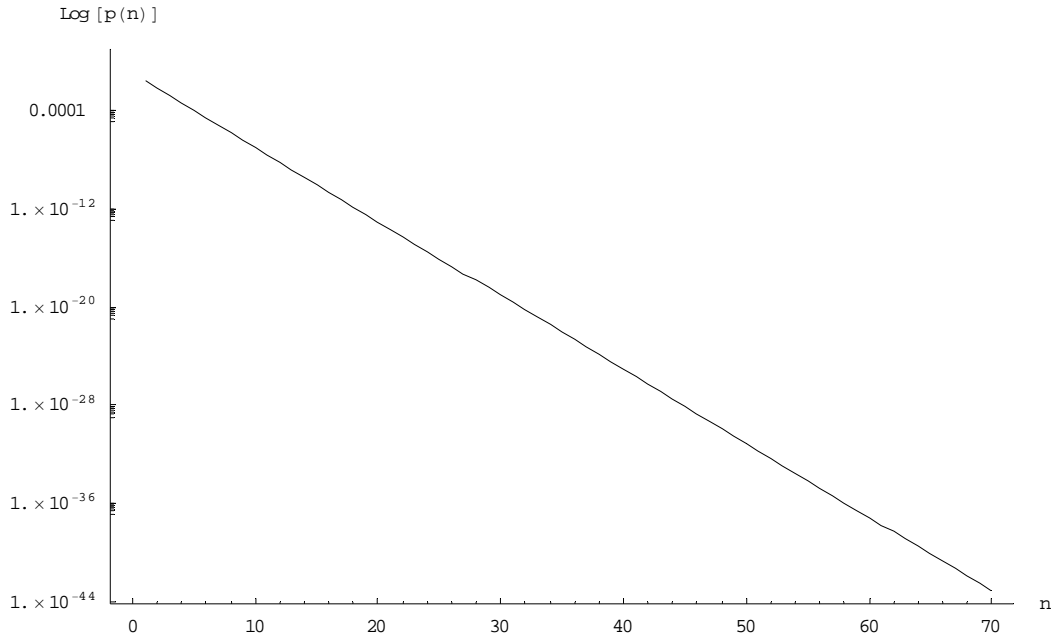


图 18 选取的特征点的个数与误识率的关系：纵轴为指数坐标， $m = 70, s = 4$

当参数取值不同的时候，误识率估计值是不同的，但是数量级时差不多的，都能说明问题。下面以 $m = 60, s = 6$ 为例进行分析。

当 $m = 60, s = 6$ 时，观察计算得到 $\tilde{p}(n)$ ($n = 1, 2, \dots, m = 60$)，我们发现当 $n = 8$ 时， $\tilde{p}(8) = 5.95374 \times 10^{-8}$ ，这个数量级和人口倒数的数量级相当；当 $n > 8$ ，要比人口倒数的数量级小的多。所以，我们认为这就是几乎所有的国家（从我们所查到的资料看）选取的匹配特征点的个数都大于 8 的原因。

选取的匹配特征点的个数越大，误识率会指数速度减少，但是成本会大幅增加、识别速度会减慢。

4. DNA 识别的唯一性

4.1 DNA 识别

4.1.1 基因组的构成

一般将细胞内染色体所包含的 DNA 总体称为**基因组**(genome)。同一物种的 DNA，也就是基因组的碱基对含量总是恒定的。人类的基因组中约含有 2.8×10^9 个碱基对。每个

人的 DNA 的化学结构都是相同的,唯一不同的是碱基对的排列顺序。DNA 分子中不同排列顺序的 DNA 区段构成特定的功能单位,即**基因**(gene)。

基因组中不同的区域具有不同的功能。包含基因的区域可编码蛋白质(最终产物是蛋白质),但基因数量不会超过 10 万个,只占全部基因组的 6%;有些区域可编码 RNA(最终产物是 tRNA 和 rRNA),约占 5~10%;其余 80~90%属于非编码区,没有直接的遗传学功能。DNA 的复性动力学研究发现这些非编码区往往是一些大量的重复序列,这些重复序列或集中成簇,或分散在基因之间,可能在 DNA 复制、调控中具有重要意义,并与生物进化、种族特异性有关。

根据重复次数,可将 DNA 分子中的大量重复序列大致分类如下:

	重复频率	区域或功能	
		非编码区	编码区
高度重复序列	可达 10^6 次	卫星 DNA、反向重复序列和较复杂的重复单位组成的重复序列	
中度重复序列	可达 $10^3 \sim 10^4$ 次	Alu 家族序列, KpnI 家族, Hinf 家族序列	rRNA 基因、tRNA 基因、组蛋白基因等
单拷贝或低度重复序列	只出现一次或很少几次		编码蛋白质的结构基因

表 3 DNA 分子中的大量重复序列大致分类

4.1.2 小卫星 DNA:

我们关注的焦点就在于非编码区的高度重复 DNA 序列。其中一类为散在分布的数目可变串联重复短小 DNA 顺序,称为**小卫星 DNA**【9】。此类基因顺序在人群中具有高度的多态性(生物的不同个体或不同种群在 DNA 结构上存在着差异),并按孟德尔共显性方式遗传,因其杂合率高,多态信息量大,被认为是一类很有前途的遗传标记。

4.1.3 DNA 指纹图【10】:

小卫星 DNA 中,短的重复顺序分别长 16、17、32、33、37、41、62、64 和 376bp,但这些重复顺序几乎都共有一种“核心顺序”。“核心顺序”长 10~15bp。如果人工合成很短的重复序列作为 DNA 分子杂交的探针,将某个个体总 DNA 酶切,电泳及 Southern

转移后，用小卫星 DNA 探针杂交，可得到多条杂交带。这些带代表了人体基因组内不同座位上的小卫星 DNA，它们组合在一起形成一种特定的 DNA 图案，即为 **DNA 指纹图**，意思是它同人的指纹一样是每个人所特有的。由于 DNA 指纹图具有高度的变异性、稳定的遗传性和体细胞稳定性，且仍按简单的孟德尔方式遗传，成为目前最具吸引力的遗传标记。

4.2 唯一性分析

表 4【11】比较了用两种探针进行印迹杂交后，出现杂交带的长度和数目。我们根据表中的数据构造计算 DNA 识别的误识率的模型。

探针	DNA 片段大小 (k)	每一个体中片段出现的数目 ±SD	A 个体中的片段也出现于 B 个体的概率
A	10~20	2.8 ± 1.0	0.11
	6~10	5.1 ± 1.3	0.18
	4~6	5.9 ± 1.6	0.28
B	10~20	2.9 ± 1.0	0.08
	6~10	5.1 ± 1.1	0.20
	4~6	6.7 ± 1.2	0.27

表 4 随机匹配的个体间“DNA 指纹”相同的概率

模型一：

两个个体的 DNA 图谱完全相同，则要求杂交带上所有的碱基对序列相同。假设杂交带上有 N 个碱基对，由于在单链上的每一个位置，碱基对都有可能取 4 个碱基中的任意一个，假设任意两个碱基对是相互独立的，则两个碱基序列完全相等的概率为

$$p = \left(\frac{1}{4}\right)^N$$

(1) 如果只使用一种探针 A，根据表 4 的数据，做最保守的估计，核心序列的长取为 10bp，每一个个体中片断出现的数目取最小值 1.8，则

$$N=1.8 \times 10=18$$

从而 $P=(\frac{1}{4})^{18} \approx 1.5 \times 10^{-11}$ 。

(2) 如果只使用一种探针 B, 根据表 4 的数据, 做最保守的估计, 核心序列的长取为 10bp, 每一个个体中片断出现的数目取最小值 1.9, 则

$$N=1.8 \times 10=19$$

从而 $P=(\frac{1}{4})^{19} \approx 3.75 \times 10^{-12}$ 。

(3) 如果同时使用探针 A 和 B, 根据表 4 的数据, 做最保守的估计, 核心序列的长取为 10bp, A 每一个个体中片断出现的数目取最小值 1.8, B 每一个个体中片断出现的数目取最小值 1.9, 则

$$N=(1.8+1.9) \times 10=37$$

从而 $P=(\frac{1}{4})^{37} \approx 5.29 \times 10^{-23}$ 。

综上, 用一种探针 A 进行比较时, 两个随机个体具有相同 DNA 指纹图谱的概率为 1.5×10^{-11} ; 如果同时用两种探针进行比较, 两个随机个体具有相同 DNA 指纹图谱的概率为 5.3×10^{-23} 。这个数量级和人口倒数的数量级相比要小的多。

模型二:

如果两个个体的 DNA 图谱完全相同, 则 A 个体中的所有片断都出现在 B 个体中。假设各个片断间是相互独立的, 根据表 4 的数据, 我们求 A 个体中的所有片断都出现在 B 中的最大概率 P。

(1) 如果只使用一种探针 A,

$$P_a=(0.11)^{2.8} \times (0.18)^{5.1} \times (0.28)^{5.9} \approx 1.8 \times 10^{-10}$$

(2) 如果只使用一种探针 B

$$P_b=(0.08)^{2.9} \times (0.20)^{5.1} \times (0.27)^{6.7} \approx 2.78 \times 10^{-11}$$

(2) 如果同时使用探针 A 和 B

$$P_{ab} = P_a \times P_b = 1.8 \times 10^{-10} \times 2.78 \times 10^{-11} = 5.0 \times 10^{-21}$$

综上，用一种探针 A 进行比较时，两个随机个体具有相同 DNA 指纹图的概率为 1.8×10^{-10} ；如果同时用两种探针进行比较，两个随机个体具有相同 DNA 指纹图的概率为 5.0×10^{-21} 。这个数量级和人口倒数的数量级相比要小的多。

但是，对 DNA 识别有一个致命的问题，就是无法区分同卵双生的双胞胎，因为他们具有相同的 DNA 序列。对这个问题，我们在下一节中考虑。

4.3 DNA 识别中的误识率分析

根据前面的模型，我们的结论是：DNA 是唯一的。但是，实际中总会有误识。下面先给 DNA 识别中的误识率下一个定义：**误识率是指随机地取两个 DNA，虽然理论上它们是不可能完全一样的，但是在实际中判别为相同的概率。**

DNA 识别中的误识率是与生物遗传有关。父母与子女，兄弟姐妹之间，他们的 DNA 具有很高的相似性，导致误识率的变大。但是，还是可以识别的。

然而，对于同卵双生的双胞胎情况比较特殊。

双胞胎问题：

同卵双生的双胞胎具有相同的 DNA 序列，造成了 DNA 识别技术的“盲点”，不能识别同卵双(多)胞胎中的个体。同卵双(多)胞胎是由同一个受精卵复制和发育而成，他(她)们身体细胞内的 DNA 分子是相同的(除非在发生基因突变)，目前的 DNA 技术不能将某一个体从他(她)们中间识别出来。

据统计，美国人口中双胞胎的人口占总人口的 0.324%【13】。另外，据估计在全球范围内，妇女诞下“同卵双生”子的概率是 1：300【14】。所以，同卵双生的双胞胎的概率很大，这是一个 DNA 识别无法解决的问题。

5.两者的对比及结论

5.1 指纹与 DNA 的关系【12】:

DNA 是影响指纹形成的首要因素。这包括两方面含义:一是 DNA 的差异是指纹特异性的主要来源。来自于父母的 DNA 不同,它们重新排列组合后又发生新变化,使个体的 DNA 分子的结构基因和调节基因不同,并最终影响指纹形态,使其在亲代与各子代间表现出差异。DNA 分子链上指纹遗传基因和基因位点不同使指纹在种族、地区、性别等因素间出现差异。所以说,人类的基因可以被遗传,但指纹图像不遗传。个体的指纹各不相同。二是个体所有细胞内部的 DNA 保持一致是指纹终生稳定不变的根本原因。分子遗传学指出 DNA 的两条单链之间是由千万个氢键固定起来的,使 DNA 分子的组成和结构具有高度的稳定性,能保持自身不变。即使 DNA 受到损伤,细胞中有四种酶能对被损伤改变部位进行切除、修补、复制还原。

DNA 分子稳定地控制着指纹的形成:从胎儿 6 个月形成指纹时起,经出生到死后皮肤真皮层腐烂时止,指纹的具体形态特征始终不变。即使个体手指表面受伤,纹线暂时被破坏,但伤愈后指纹又恢复如初。

5.2 指纹识别的优越性

■ 非侵害性、易获取。指纹的遗留、显现、采集与比对不会对个体的身体、精神及权益造成损害,容易被个体接受和机构推广应用。对 DNA 样本的采集与保存活动被指责侵犯公民的隐私权和其他合法权益,违反了纽伦堡法典,美联邦关于人体实验的“基本伦理原则”和“知情同意”原则。

■ 设备简单,成本低、实时性好。指纹技术是目前最方便、迅捷的生物识别技术。

■ 能识别同卵双生的双胞胎。指纹的最终形态表现出多基因、多因素的累加效应。这种累加效应是指纹个体差异性的另一重要来源。对 400 对孪生子指纹的研究发现他们的指纹虽在纹型上有相似性(46.04%),但具体形态却互不相同。因此,比较起来, DNA 的稳定性更强,而指纹的个体差异性更高。

5.3 DNA 识别的优越性

- DNA 鉴定在个人识别方面有着明确的误差估计和较高的准确率,因而更可靠。
- DNA 技术所需检材来源广泛、量微,易于获得。
- 受主观因素影响比较小,识别误差是可量化的。

5.4 结论

综上,指纹识别与 DNA 识别具有很强的互补性。可以根据实际要求选择合适的技术或者两者结合起来使用。对普通门禁系统,宜采用指纹识别。而对于法庭等场合宜采用 DNA 识别或者将两者结合起来,尤其是当犯罪现场没有指纹或者指纹残缺、不清晰的时候;甚至结合其它生物识别手段,详见附件一。

参考文献

- 【1】 陆颖, Automated Fingerprint Identification, 西安交通大学理学院 " 图像处理的数学理论与方法研讨会 " 内部资料, 2003 年 8 月; 注: 作者为吉林大学商学院教授、西安交大理学院访问教授, 参与过很多指纹识别产品的开发。
- 【2】 指纹数据库: FVC2004, Fingerprint Verification Competition 2004, <http://bias.csr.unibo.it/fvc2004/>。
- 【3】 Basics of DNA Fingerprinting, <http://protist.biology.washington.edu/fingerprint/dnaintro.html> ,
- 【4】 基因名词解释, <http://d1m.tmu.edu.tw/phase2/glossary/glossary.htm>
- 【5】 On the Individuality of Fingerprints.
- 【6】 D. A. Stoney and J. I. Thornton, "A Critical Analysis of Quantitative Fingerprint Individuality Models", Journal of Forensic Sciences, Vol. 31, No. 4, Oct 1986, pp. 1187-1216.
- 【7】 D. A. Stoney, "Distribution of Epidermal Ridge Minutiae," American Journal of Physical Anthropology, Vol. 77, pp. 367-376, 1988.
- 【8】 施雨, 李耀武, 《概率论与数理统计应用》, 西安交通大学出版社, 1997年3月, 81-82.
- 【9】 康凤英, 苑文涵等, DNA指纹图及其在司法生物学应用, 黑龙江大学自然科学学报, 1995年3月, 第12卷第1期。
- 【10】 http://bioscience.sjtu.edu.cn/General_Biology_Lab/Experiments/dna_fingerprinting.htm。
- 【11】 蔡文琴 (第三军医大学组织胚胎学教研室)、王伯运 (第四军医大学病理学教研室), 《实用免疫细胞与核酸》。
- 【12】 李力, 指纹技术与DNA技术的优势比较, 山东公安专科学校学报, 2004年第2期(总第74期), 2004年3月。
- 【13】 <http://library.thinkquest.org>.
- 【14】 http://www.66163.com/Fujian_w/gjxw/20040225/gj139031.html

附件一 各种生物识别技术对比

资料来源：北京华大方瑞司法物证鉴定中心

<http://www.genomics.org.cn/bgi/news/bionews/fangrui/FRgeti.html>

各种生物识别技术对比

	简介	特点
指纹识别	利用指纹的唯一性和不变性进行识别	方便，精确度高，可靠性好
签名识别	是一种容易被大众接受的身份识别技术	签名会改变，不易作准确识别，很难应用在网络上
声音识别	将现场采集到的声音同登记过的声音模板进行匹配对照	声音变化范围大，不易用于精确的匹配，并且识别设备昂贵。
虹膜识别	利用眼球的虹膜进行识别	被认为是精确性很高的识别技术，不需接触即可识别；可能会损害使用者的健康；黑眼睛不易识别；识别设备昂贵。
视网膜识别	利用眼球的视网膜进行识别	
面部识别	通过面部特征进行识别	不须接触即可识别；识别设备昂贵；被认为是最不可靠的识别技术
DNA 分型	利用个体 DNA 的唯一性和不变性进行识别	最精确、最可靠、最持久的识别技术

几种主要的生物识别技术的详细比较

	优点	个体识别率	样品来源	样品采集	有效期	时效性
面部	独特性	< 10000	照片、摄像	容易	从成人容貌基本固定开始	不确定，容貌改变
指纹	稳定性、独特性	< 10000	手指印痕	容易	从婴儿 6 个月完整指纹形成开始	死亡或手指缺失
虹膜	唯一性、稳定性、可采集性、非侵犯性	1: 1 亿	虹膜结构采集和分析	需要特殊仪器	从儿童 2 岁虹膜结构成型开始	死亡或眼睛缺失
DNA 分型	唯一性、稳定性、可采集性、永恒性	>1: 1 万兆	人体任何组织材料	容易	从受精卵存在开始	永恒

附件二 指纹鉴别年表

- 400年 盎格鲁-撒克逊人采用超自然的神明裁判的方式寻找犯罪“证据”。
- 1215年 教皇英诺森三世禁止教士参与神明裁判。
英格兰开始实行调查陪审团制度。
- 1504年 亨利七世批准了第一部要求证人作证的法律。
“证据”这个术语被引进英国法律。
- 1764年 意大利切萨雷·贝卡里亚出版了《论犯罪与刑罚》一书，预示了法律理性化的开始及监狱的初创。
- 1812年 法国弗朗索瓦·欧仁·维多克建立欧洲第一家官方侦察分支机构，物证开始被运用。
- 1816年 英国在米尔班克建立了第一座国家监狱。
- 1842年 英国组建维多克式侦探组织。
- 1858年 威廉·赫舍尔在印度私下开始指纹试验。
- 1863年 抢劫成风吓坏了公众，在以前，成群的罪犯被处死或流放，现在却游荡在伦敦街头。
- 1869年 英格兰个惯犯条例》加重了对有前科的冥顽犯人的刑罚。
英国率先要求鉴别有前科的犯人。
- 1870年 “主张权利者”起诉要求取得蒂奇伯恩准男爵封号，他伪称自己是20年前在海上失踪的真正的继承人。这桩案子最终使亨利·福尔兹医生的脑海中闪现出指纹概念。
- 1877年 赫舍尔，仍在印度，他用指纹在土地所有权凭证及犯人保证书上代替签名已有五年之久。
- 1878年 福尔兹，一位在日本的苏格兰传教士，发现古代陶器上的指纹并开始广泛的试验。
- 1880年 福尔兹在《自然》杂志上发表一封信，率先公开倡议利用指纹鉴定罪犯。
- 1883年 阿方斯·贝蒂荣在巴黎第一次运用其新建立的人体测量法鉴别出惯犯。
- 1886年 亨利·福尔兹开始说服伦敦警察厅采用指纹这种鉴别手段的征程。
- 1888年 弗朗西斯·高尔顿开始一种用来测试体质和智质的指纹试验。
- 1892年 在阿根廷，指纹证据使一名杀害自己两个孩子的母亲招供罪行，虽然这一消息在许多年以后才传到欧洲。
- 1893年 印度孟加拉警察局长爱德华·亨利将拇指指印添加到前一年他所做的人体测量记录中。
- 1894年 英国采用了一种将人体测量和指纹相结合的鉴别方法。
- 1896年 阿道夫·贝克，一个无辜的人，被警察和一名证人误认为是一个臭名昭著的诈骗犯而坐牢5年。指纹本可以证明他不是那位诈骗犯。
- 1897年 亨利的助手阿齐兹·哈克发明了一种综合指纹分类法，从而无需进行测量就可以实际运用。
- 1901年 英国采用主要由哈克推进的指纹分类法，但逐渐被人们认为是“亨利分类法”。
- 1902年 根据指纹，哈里·杰克逊被判入室盗窃罪。这是英国法院第一次把指纹作为定罪的证据。
- 1904年 美国鉴定局建立指纹库。
- 1905年 指纹证明斯特拉顿兄弟谋杀了托马斯和安·法罗夫妇，他们被审判并被处以绞刑。亨利·福尔兹为他们辩护。
- 1911年 托马斯·詹宁斯是美国第一个以指纹为证据被判谋杀罪的人。
- 1911年 高尔顿逝世。
- 1914年 贝蒂荣逝世。

- 1917 年 赫舍尔逝世。
- 1930 年 福尔兹逝世。
- 1938 年 苏格兰法官乔治·威尔顿开始为福尔兹“指纹先驱”的名分四处奔走。
- 1987 年 美国指纹专家重修福尔兹墓地。
- 1993 年 美国 FBI 发布了一套基于小波压缩的算法作为指纹压缩的标准，大大节省了指纹数据的存储空间和远程传递时间，为指纹识别技术的广泛应用打下了基础。
- 1999 年 联邦调查局配置大量指纹计算机，能储存 6500 万人的指纹。