

基于独立分量分析和遗传算法的人脸性别分类

王振花 穆志纯

(北京科技大学信息工程学院 北京 100083)

摘要 性别是人脸反映的一个重要信息,通过人脸图像实现性别自动分类对大型人脸数据库的检索和识别具有重要意义。提出了一种新的结合独立分量分析(ICA)和遗传算法(GA)的人脸性别分类方法。首先采用快速独立分量分析方法(FastICA)提取人脸图像的独立基图像和投影向量,获得人脸的低维表征;然后通过遗传算法从该低维空间中选择对性别分类有利的特征子集;最后采用支持向量机进行分类。将 ICA 的空间局部特征提取功能、遗传算法快速寻优的特征选择功能以及 SVM 的强分类能力有机地结合起来。实验表明,该方法取得了很好的分类性能。

关键词 人脸性别分类,独立分量分析,遗传算法,支持向量机

中图分类号 TP391.4 文献标识码 A

Face Gender Classification Based on Independent Component Analysis and Genetic Algorithm

WANG Zhen-hua MU Zhi-chun

(School of Information Engineering, University of Science and Technology Beijing, Beijing 100083, China)

Abstract The gender of a face is almost its most salient feature, and realizing automatic gender classification according to the face image will boost the performance of face retrieval and face recognition in large face database. This paper proposed a new gender classification method combining independent analysis (ICA) and genetic algorithm (GA). The FastICA algorithm was used to derive independent basic images and projection vectors out of the face images and each image was represented as a feature vector projected in the low-dimensional space spanned by the basis vectors. Then, a genetic algorithm was used to select a subset of features which seem to encode important information about gender from the low-dimensional representation. Finally, the SVM classifier was trained to perform gender classification using the selected independent-features subset. The local features extraction of ICA, the features selection ability of GA, and the strong classify ability of SVM were combined reasonably. The experiment results show that the method gets a better classifier performance.

Keywords Face gender classification, Independent component analysis, Genetic algorithm, Support vector machine

1 引言

人脸是人类重要的生物特征,在过去的几十年里得到了广泛的关注和研究。而性别是人脸反映的一个重要信息,通过人脸图像进行性别分类是生物特征识别中一个挑战性课题,对人脸的识别、检索以及智能视觉监视有着重要的意义,逐渐引起了人们的重视。

Cottrell 等^[1]先对样本进行主分量分析,然后利用 BP 神经网络进行性别分类;Moghaddam 等^[2]直接以人脸区域像素展开矢量作为特征,利用 SVM 方法进行性别分类,并将其与 RBF 网络、FLD 等经典方法相比较,说明 SVM 在人脸识别方面具有明显优势;武勃等^[3]对人脸性别分类进行综述,并研究了不同的特征提取方法和分类方法在性别分类问题上的性能,其中包括主分量分析、Fisher 线性鉴别分析、最佳特征提取、Adaboost 算法、支持向量机的组合,给出了对比试验结

果。Lian 等^[4]将人脸区域分成多个子块,对每个子块区域提取局部二值模式(LBP)直方图,并将其组合成一个向量作为人脸图像表征,然后使用支持向量机进行性别分类。

与其他模式分类问题相同,进行性别分类也涉及到两个重要环节:特征提取和模式分类。其中特征提取是设计分类器的基础,特征选择的好坏将直接影响分类效果。武勃等^[3]的研究结果表明,人脸的性别信息集中存在于某个子空间中,因此在分类前对样本进行适当的变换,找到最佳的低维表征方式是非常必要的,不但可以降低图像表征维数,大大减少分类的时间开销,还可以明显提高分类性能。

大多数性别分类方法使用由正面人脸图像提取出的特征全集或者直接使用原始图像来进行分类。但是很明显,人脸的正面图像中除了包括性别信息外,还包含年纪、种族等很多其他信息。如果目的是进行性别分类,那么与之不相关的信息将会影响分类器的性能,特别是在可获取数据有限的情

到稿日期:2009-05-12 返修日期:2009-07-23 本文受国家自然科学基金项目(60573058),北京市教委重点学科共建项目(XK100080537)资助。

王振花(1976-),女,博士生,讲师,主要研究方向为模式识别、人工智能、多媒体检索,E-mail:ustbwangzhenhua@163.com;穆志纯(1952-),男,硕士,教授,博士生导师,主要研究方向为模式识别、人工智能。

下这种影响更为明显。所以,特征子集的选择便是一个尽可能确认或去除不相关和多余信息的过程。Hall等^[5]使用基于相关分析的方法找到和丢弃多余的特征,实现最优特征子集的选择;Brill等^[6]使用遗传算法等基于启发式搜索的方法完成最优特征子集的选择。

本文提出一种基于ICA和GA特征选择,结合支持向量机进行性别分类的方法。首先采用快速独立分量分析方法(FastICA)提取出人脸图像的独立基图像和投影向量,获得人脸的低维表征;然后通过遗传算法从该低维空间中选择对性别分类有利的特征子集;最后利用支持向量机在选定子集的基础上进行性别分类。试验结果表明,该方法可以取得很好的分类性能。

2 独立分量分析和人脸图像数据的表示

大量研究表明,图像的大部分重要信息是包含在图像像素的高阶关系中^[7]。独立分量分析是基于信号的高阶统计特性的分析方法,将其应用在数字图像处理中,通过ICA技术从数据间的高阶统计相关性角度出发,提取出的图像内部的独立分量,可以作为图像的特征,也可用于图像的压缩编码。

2.1 ICA原理介绍^[8]

ICA模型可用下面的方程描述:

$$X=AS \quad (1)$$

其中, $S=[s_1, s_2, \dots, s_n]^T$ 为一组独立的源信号,它是隐藏的变量,不能直接被观测到; A 为混合矩阵,是未知的; $X=(x_1, x_2, \dots, x_m)^T$ 为观测数据。所以独立分量分析必须估计出混合矩阵 A 和 S ,而且必须在尽量少的假设条件下完成它。为简单起见,假设未知的混合矩阵 A 为方阵,如果能计算出 A 的逆,即分离矩阵 $W=A^{-1}$,就可以通过分离矩阵分离出源信号 S 的估计值 $Y, Y=WX$ 。原理如图1所示。

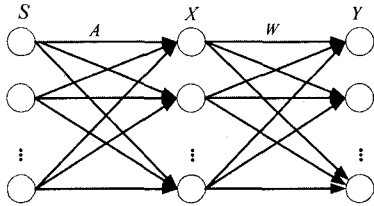


图1 基本ICA模型

可以证明在 $m \geq n$ 的条件下,混合矩阵 A 列满秩,源信号 S 的各分量相互独立,且服从高斯分布的分量不多于一个时,就可以分离。

当前ICA算法主要有非线性去相关法、(随机)梯度下降法、非线性PCA算法、FastICA算法等。本文采用基于负熵的独立性判别准则和分离算法的FastICA算法^[9]进行独立分量分离。

2.2 基于ICA的人脸特征提取

设经过标准化处理之后的人脸图像大小为 $w \times h$,则第 i 幅人脸图像可用一行向量 $x_i=[x_i(1,1), \dots, x_i(1,h), x_i(2,1), \dots, x_i(w,h)]$ 表示,训练集中 m 个人脸图像构成ICA模型中的观测数据 $X=(x_1, x_2, \dots, x_m)^T$ 。根据ICA原理,这些人脸图像可以用 n 个基图像 S 和相互统计独立的权系数 A 线性组合而成,即 $X=AS$ 。

应用FastICA算法处理观测数据,求取分离矩阵 W ,进而可以得到独立分量 S 的估计值 Y 。图2显示的是前8个独

立分量所对应的基图像。

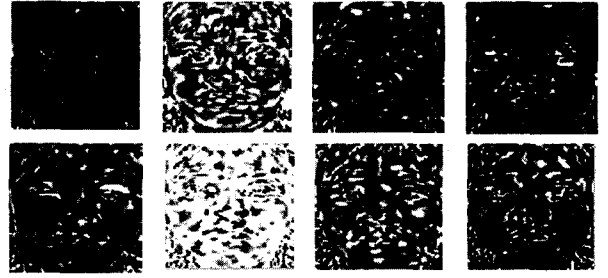


图2 ICA提取的前8个独立分量

任何一幅人脸都可以向由基图像张开的子空间投影,以获得一组坐标系数。这组系数表明了该图像在子空间的位置,可作为分类的依据。对图像库中的人脸图像 x ,应用式(2)求取其投影系数向量 L 作为人脸图像的ICA特征向量。

$$L=x * pinv(Y) \quad (2)$$

其中, Y 是对源 S 的估计,也就是提取出的独立的基图像; $pinv(Y)$ 为 Y 的伪逆矩阵。

图3是每幅人脸图像 x 的表示,其中 $L=(l_1, l_2, \dots, l_n)$ 是估计出的相互独立的系数(特征向量), $Y=(y_1, y_2, \dots, y_n)^T$ 是所求出的基图像。

图3 人脸图像的线性组合

3 基于遗传算法的特征选择

3.1 特征选择

如上节所述,每幅人脸图像都可以用一组独立分量特征进行表征。不同的独立分量描述了不同的信息,其中一部分特征或许在人脸识别中起着重要的作用,可是在性别分类中却可能影响分类器的分类性能。因此,本文采用遗传算法从独立分量特征中找到和性别相关、对性别分类有利的子集来提高性别分类的性能。

3.2 遗传算法^[10]

遗传算法是模拟自然界生物进化机制发展起来的随机全局搜索和优化方法,能在搜索过程中自动获取和积累有关搜索空间的知识,并自适应地控制搜索过程以求得最优方案。它模拟自然选择和遗传进化中发生的繁殖、交配和突变现象,从任意一个初始群体出发,根据个体在问题域中的适应度值,通过选择、交叉和变异操作,产生一群新的更适应环境的个体,使群体进化到搜索空间中越来越好的区域。

遗传算法求解问题的过程主要分为3个步骤。第一步进行种群的初始化。种群中的每个个体表示问题的一个可能解。每个个体的基因和适应度都各不相同。基因代表解空间中的一个特定点。第二步设置适应度函数。通过适应度来衡量个体的优良程度。最后一步使用3个遗传操作子——选择、交叉、变异来推动进化过程。

因此,要利用遗传算法进行独立分量特征子集的选择必须定义个体、种群、适应度函数以及遗传操作子。

3.3 遗传特征选择

1) 个体编码

遗传算法在求解之前,先将问题空间的可行解表示成遗传空间的基因型串结构数据,串结构数据的不同组合构成不同的可行解。本文的解空间就是由 ICA 特征分量不同组合构成的全集。这里采用二进制编码方法,使用二值符号集{0, 1}的组合来表示个体基因,即每个个体是一个二进制位串,长度由提取出的 ICA 特征分量个数决定。每个特征分量和其中的一个位对应。如果第 i 个位为 1,则表示第 i 个特征分量被选中,否则表示该特征分量被忽略。这样,每个个体就代表了一种不同的特征子集。

2) 种群初始化

初始种群是随机产生的 N 个初始串结构数据,每个串结构数据成为一个个体,以这 N 个串结构作为初始点开始迭代进化。

3) 适应度函数

个体适应度的大小表明个体的优劣性,决定了它继续繁衍还是消亡。适应度函数需要根据具体问题来定义。本文中,选择特征子集的目的是希望通过使用尽可能少的特征来获得更好的分类性能。因此,本文的适应度评价主要考虑两个因素:分类正确率和使用的特征数。用每个个体编码对应的特征子集来训练 SVM 分类器,通过一个测试子集获取其分类性能,以进一步引导 GA 的搜索。每个特征子集包括一定数目的特征。如果两个特征子集的分类性能相同,但是包括不同个数的特征,那么认为包含较少特征的特征子集适应度更好。但在两者之间,分类正确率是主要考虑因素。此外,如果两个特征集取得相同的分类正确率,而且包含相同个数的特征量,那么可以认为男性和女性分类正确率之差最小的适应度更好。因此,适应度函数定义为:

$$fitness = 10^4 aa + 0.5(L - ones) - 10^{-1} |fa - ma| \quad (3)$$

其中, aa 是整体分类正确率; L 是个体位串长度; $ones$ 是个体中“1”的数目,即选择特征的个数; fa 和 ma 是女性、男性分类正确率。总之,适应度函数要保证这 3 个因素的优先级别。

4) 选择

这里采用最佳保留选择原则。首先按照“轮盘赌选择”执行选择操作,每个个体进入下一代的概率等于它的适应度值与整个种群中个体适应度值之和的比例,个体适应度越大,被选中的概率也越大。然后将当前群体中适应度最高的个体结构完整地复制到下一代群体中,从而保证遗传算法终止时得到的最后结果是历代出现过的最高适应度的个体。

5) 交叉

一般情况下,事先很难确定特征量之间的相互依赖关系。采用多点交叉方法很可能将染色体中相互依赖的特征打散,从而破坏一些好的模式。这里采用两点一致交叉,在相互配对的两个个体编码串中随机设置两个交叉点,以相同交叉概率交换两个个体在所设定的两个交叉点之间的部分染色体。

6) 变异

变异是遗传算法中保持物种多样性的一个重要途径,是个小概率操作算子。这里采用基本位变异,对个体编码串中以变异概率随机指定的某一位或某几位基因座上的值作变异运算。

4 实验与分析

4.1 人脸库和人脸样本预处理

本文使用 CAS-PEAL 人脸数据库^[11]。它是由中国科学院计算技术研究所人脸识别研究组组织创建和开发的大规模人脸数据库,包括 1040 个人在不同姿态、表情、装饰和光照条件下的人脸图片,其中男性 595 名,女性 445 名。本文从该库中挑出正面姿态、中性表情的男性图像 400 个、女性图像 400 个作为实验用图像。

由于人脸图像存在大小、姿态和光照的差别,因此需要将其统一到标准大小、姿态和光照的情况下。首先将图像进行旋转,使每个人脸两眼之间的连线为水平方向。然后对人脸有效区域进行切割,得到实验用图像库,如图 4 所示。

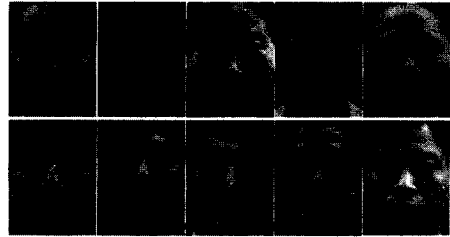


图 4 实验用人脸图像库

将图像库中人脸图像缩放到标准大小 $w \times h$ (这里取 104×140)。然后对大小归一化后的人脸进行维纳滤波,去除噪声的干扰。最后对图像进行直方图均衡化,部分消除光照的影响。

从图像库中随机选择男性、女性图像各 200 幅作为训练集 set1,利用 FastICA 方法对其进行处理,以获得独立分量特征;从剩余图像中选择男性、女性图像各 100 幅,用于遗传寻优算法中计算个体对应的特征子集的分类性能,从而计算个体适应度,在选择、交叉和变异算子的引导下完成进化过程,将其称之为确认集 set2;用剩下的男性、女性各 100 幅图像作为测试集 set3,测试通过遗传算法选出的独立特征子集的分类性能。

4.2 实验结果讨论

实验 1: 基于 ICA 和 SVM 的分类

首先,使用 FastICA 方法处理训练集中的图像,得到独立分量构成的子空间。这样,3 个图像集中的每幅图像都被映射到该子空间中,并使用投影系数作为人脸表征。然后利用训练集中人脸表征数据训练 SVM 分类器^[11],核函数采用线性核函数;最后在 set2 和 set3 上测试分类器性能。

这里,训练集包括 400 幅图像,所以可以得到 400 个独立分量。为了表明分类性能与顺序特征子集之间的关系,这里选择不同数量的独立分量子集,并将其用来训练分类器,分别在 set2 和 set3 中进行测试。总的分类结果如图 5 所示。

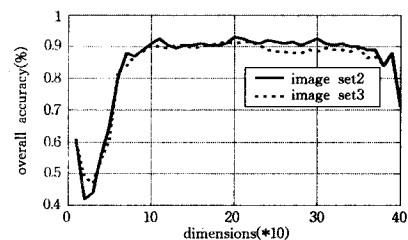


图 5 采用不同数量独立分量子集的分类曲线

结果显示,SVM 分类正确率不是随着独立分量的增加而增加的。当使用前 110 个独立分量时,平均分类正确率可以达到 91.5%。此后,平均正确率在 90% 上下波动。在使用

前 210 个独立分量时,平均分类正确率最高达到 92%。当使用所有 400 个独立分量时,正确率明显下降,降低到 72%。

此外,文献[2,3]中,对两性分类正确率进行比较,结果如表 1 所列。文献[3]指出同一方法在不同人脸库上结果各异,但没有进一步深入讨论。

表 1 文献[2,3]中两性分类正确率比较结果

图像库	训练样本	测试样本	两性分类正确率比较结果(%)
清华大学计算机系人脸库[3]	65 男+65 女	25 男+25 女	男性(80.89) < 女性(96.89)
FERET 人脸库[3]	500 男+400 女	464 男+128 女	男性(95.24) > 女性(83.59)
FERET 人脸库[2]	793 男+713 女	133 男+126 女	男性(97.95) > 女性(95.2)

为了讨论出现这种差异的原因,本文进行 3 组实验。第 1 组选取 set1 作为训练样本, set2 和 set3 作为测试样本,即 200 男和 200 女作为训练样本,剩余 200 男和 200 女作为测试样本;第 2 组从 800 幅人脸图像中随机选取 250 男和 200 女作为训练样本,剩余 150 男和 200 女作为测试样本;第 3 组从 800 幅人脸图像中随机选取 300 男和 200 女作为训练样本,剩余 100 男和 200 女作为测试样本。3 组实验的男性、女性平均分类正确率与顺序特征维数的关系分别如图 6 的(a), (b), (c)所示。

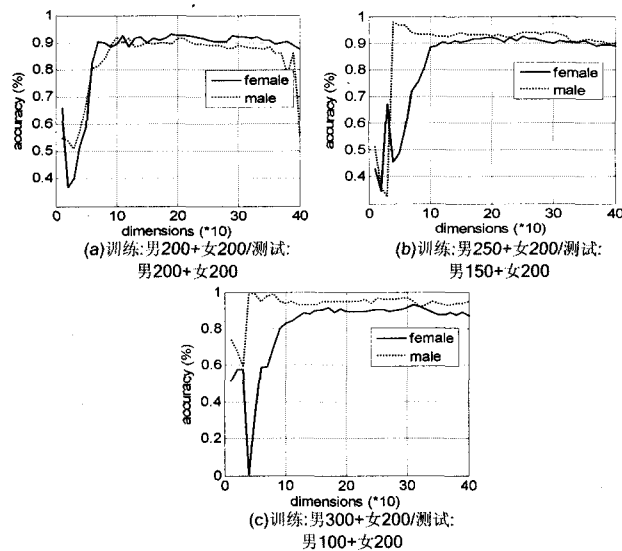


图 6 两性分类正确率比较

从图 6(a)中可看到,当两性训练样本相当时,特征维数较低,男性分类正确率高于女性分类正确率。当维数高于 60 后,女性正确率几乎始终大于男性分类正确率。从图 6(b)、图 6(c)可看到,当男性训练样本多于女性训练样本时,男性分类正确率明显上升,高于女性分类正确率。将 3 组结果与表 1 中的实验结果相比较,可见文献[3]中的两组实验并不矛盾,两性分类正确率的差异不在于人脸库的差异,而主要取决于训练样本中两性数量的差异。随着男性训练样本的增加,男性统计信息得到增强,分类正确率相应提高。

此外,文献[2]的实验结果明显较高,主要原因是其训练样本很多,占到总样本 85%,性别统计信息增加,分类正确率也会随之增加。从图 6 也能看出这方面的影响。

实验 2: 基于遗传算法的特征子集选择

图 5 结果显示,实验 1 中使用前 110 个特征分量时,分类

正确率就基本上接近最大;再增加分量个数,对分类性能没有明显改善,甚至会使分类正确率降低。因此,为了减少计算量和搜索时间,这里近似认为在前 150 个特征分量中已经包括了对分类有利的特征分量。从前 150 个特征分量中进行特征子集选择,使用 set1 训练分类器,在 set2 上测试分类性能。实验中,遗传算法参数设定为:种群大小 200,最大遗传迭代次数 100,交叉率 0.8,变异率 0.01。图 7 给出了迭代过程中取得最大适应度的个体所对应的分类正确率。

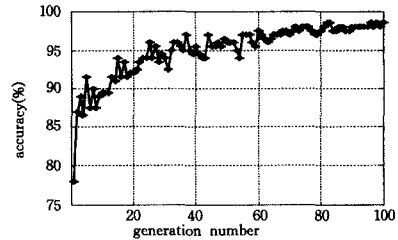


图 7 迭代过程中的分类正确率

结果显示,当迭代到 82 代时,在 set2 上取得的分类正确率可以达到 98.5%,使用特征数量为 76。将选择出的特征子集作为特征子空间,在 set3 上进行测试,分类正确率为 96.5%,即平均正确率达到 97.5%。可见,通过遗传算法进行特征选择,仅仅利用全部 400 个 ICA 独立分量中的 19%,分类性能就得到了很大提高。

目前关于人脸性别分类的文献较少,选用的图像库都各不相同,而且人脸有效区域的提取方法、范围及尺度也存在差异,很难进行直接比较。和本文能进行最直接比较的是文献[4],使用的都是 CAS-PEAL 图像库,图像尺度为 150 * 130, 200 男+200 女用于训练,245 男+395 女用于测试。该方法将人脸区域分成多个子块,对每个子块区域提取局部二值模式(LBP)直方图,并将其组合成一个向量作为人脸图像表征。然后使用支持向量机进行性别分类,对于正面人脸图像可以得到的平均分类正确率为 94.08%。相比较而言,本文方法分类正确率较高,而且使用的特征量也明显较少。

结束语 仅仅通过人脸图像实现性别分类是一个复杂的问题,目前研究工作较少。本文通过遗传算法从人脸 ICA 独立分量中选择出与性别有关的特征分量,利用 SVM 实现性别分类。实验结果显示,仅利用全部独立分量中的 19%,就可以使分类正确率提高到 97.5%。可见,人脸的性别信息分布在一个较小子空间中。通过本文方法不仅实现了对样本的压缩降维,而且提高了分类正确率,同时可以提高后期的分类速度。

但是在遗传算法迭代进化过程中,针对每个个体都要进行数据投影降维及 SVM 分类器训练和测试,计算量很大,耗时较长。如何高速、高效地实现对分类有利的特征选择,仍然是一个需要研究的问题。

参考文献

[1] Cottrell G W, Metcalfe J. EMPATH: Face, emotion, and gender recognition using holons [C] // Proceedings of the 1990 Conference on Advances in Neural Information Processing Systems. Denver, Colorado, United States, 1990; 564-571

TNAM 与 ITNAM 的子模式数之差; ϕ_{LQT_TNAM} : LQT 与 TNAM 的总数据量之比; ϕ_{LQT_ITNAM} : LQT 与 ITNAM 的总数据量之比。

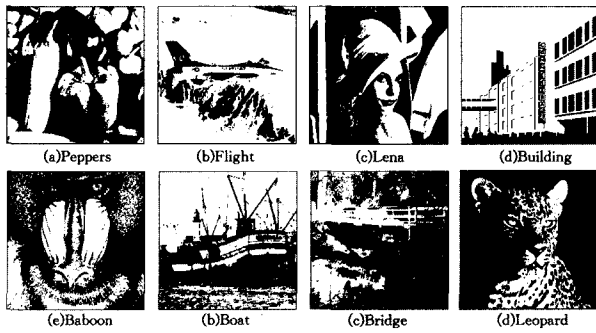


图3 8幅二值图像

表1给出了LQT, TNAM和ITNAM的子模式数(节点数)。从实验数据来看, TNAM和ITNAM在数据量方面的效果均是非常明显的, 其子模式数均小于LQT方法的节点数, 对图像的适应性也非常好。而且从表1中D的值可知, ITNAM的子模式数比TNAM的子模式还要少178~751个。因此, 与LQT和TNAM方法相比, ITNAM方法能够更有效地减少子模式的数量。

表1 LQT, TNAM和ITNAM的性能比较

Image	CF	N			D	ϕ_{LQT_TNAM}	ϕ_{LQT_ITNAM}
		LQT	TNAM	ITNAM			
Peppers	0.0856	5608	2994	2816	178	2.9916	3.1257
Flight	0.0850	5568	2526	2252	274	3.5287	3.8772
Lena	0.0981	6430	3414	2993	421	2.9902	3.3531
Building	0.0702	4602	1692	1493	199	4.0114	4.4477
Baboon	0.2601	17047	9112	8361	751	3.1227	3.2973
Boat	0.1313	8604	4041	3701	340	3.3743	3.5677
Bridge	0.1813	11881	6645	6086	559	2.8796	3.0566
Leopard	0.1059	6938	3969	3668	301	2.8103	2.9717

表1也给出了LQT与ITNAM的总数据量之比 ϕ_{LQT_ITNAM} 。对于给定的8幅图像而言, LQT的总数据量是ITNAM的2.9717~4.4477倍。显然, 这些图像均证实了理论分析的结果, 即当 $n=8$ 时, $\phi_{LQT_ITNAM} > 1.2778 > 1$ 。并且从表1中也不难看出, ϕ_{LQT_ITNAM} 总是大于 ϕ_{LQT_TNAM} , 这表明在数据存储表示方面, ITNAM比LQT和TNAM方法能够更有效地减少数据存储空间。

综上所述, 理论分析和实验结果均表明, 与LQT和TNAM方法相比, ITNAM方法能够更有效地减少子模式数(节点数)和数据存储空间。

结束语 NAM优化策略的最终目标是不断地逼近模式的最优化表示, NAM优化问题在降低存储空间、提高传输速度、加快处理过程、模式匹配等方面具有良好的理论参考意义和实际应用价值^[10,11]。本文提出了一种改进的TNAM二值图像表示方法, 简称ITNAM表示方法。给出了ITNAM算法的形式化描述, 并对其存储结构、总数据量和时空复杂性进行了详细的分析。理论分析和实验结果均表明, 与新提出的TNAM方法和经典的线性四元树表示方法相比, ITNAM表示方法具有更少的子模式数(或节点数), 能够更有效地减少数据存储空间, 是二值图像模式的一种更优的表示方法。

参考文献

- [1] Pennec E L, Mallat S. Sparse geometric image representations with bandelets[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2005, 14(4): 423-438
- [2] Gan T, He Y, Zhu W. Fast M-term pursuit for sparse image representation[J]. IEEE Signal Processing Letters, 2008, 15(1): 116-119
- [3] He Z. Peak transform for efficient image representation and coding[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2007, 16(7): 1741-1754
- [4] Tang F, Crabb R, Tao H. Representing images using nonorthogonal haar-like bases[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2007, 29(12): 2120-2134
- [5] Samet H. The quadtree and related hierarchical data structures[J]. Computing Surveys, 1984, 16(2): 187-260
- [6] Gargantini I. An effective way to represent quadtrees[J]. Comm. ACM, 1982, 25(12): 905-910
- [7] 郑运平, 陈传波. 一种基于非对称逆布局模型的彩色图像表示方法[J]. 软件学报, 2007, 18(11): 2932-2941
- [8] Zheng Y P, Chen C B, Huang W, et al. A new non-symmetry and anti-packing model with K-lines and its application to color image representation[C]// Proceedings of the 2007 International Conference on Image Processing, Computer Vision, and Pattern Recognition (ICCV'07). Las Vegas: CSREA Press, 2007: 526-532
- [9] 郑运平, 陈传波, 黄巍. 一种新的基于TNAM的二值图像表示方法[J]. 计算机科学, 2008, 35(11): 220-224
- [10] 郑运平, 陈传波. 基于光栅扫描的NAM优化策略[J]. 华中科技大学学报, 2008, 36(8): 1-4
- [11] Zheng Y P, Chen C B, Sarem M. An improved algorithm for gray image representation using non-symmetry and anti-packing model with triangles and rectangles[J]. Frontiers of Computer Science in China, 2008, 2(4): 431-437
- [2] Moghaddam B, Yang M H. Gender classification with support vector machines[J]. IEEE Trans on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2002, 24(5): 707-711
- [3] 武勃, 艾海舟, 肖习攀, 等. 人脸的性别分类[J]. 计算机研究与发展, 2003, 40(11): 1546-1553
- [4] Lian Hui-cheng, Lu Bao-liang. Multi-view gender classification using local binary pattern and support vector machine[J]. Lecture Notes in Computer Science, 2006, 3972: 202-209
- [5] Hall M. Correlation-based Feature Subset Selection for Machine Learning[D]. Department of Computer Science, University of Waikato, 1999
- [6] Brill F, Brown D, et al. Fast genetic selection of features for neural network classifiers[J]. IEEE Transaction on Neural Networks, 1992, 3(2): 324-328
- [7] Bartlett M S. Face image analysis by unsupervised learning and redundancy reduction[D]. University of California San Diego, 1998
- [8] Hyvarinen A, Oja E, et al. Independent Component Analysis: Algorithms and Applications[J]. Neural Networks, 2000, 13(4/5): 411-430
- [9] Hyvarinen A, Oja E. A fast fixed-point algorithm for independent component analysis[J]. Neural Computation, 1997, 9(7): 1483-1492
- [10] Holland J. Adaptation in Natural and Artificial Systems[M]. MIT Press, 1992
- [11] Gao Wen, Cao Bo, Shan Shiguang, et al. The CAS-PEAL Large-Scale Chinese Face Database and Baseline Evaluations[R]. Technical report of JDL, 2004