

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE MADRID

ESCUELA POLITÉCNICA SUPERIOR



Máster en ...

TRABAJO FIN DE MÁSTER

TÍTULO DEL TFM

Autor: Nombre Apellido1 Apellido2

Tutor: Nombre Apellido1 Apellido2

Ponente: Nombre Apellido1 Apellido2

MES 20xx

TÍTULO DEL TFM

Autor: Nombre Apellido1 Apellido2
Tutor: Nombre Apellido1 Apellido2
Ponente: Nombre Apellido1 Apellido2

Grupo de la EPS (opcional)
Dpto. de XXXXX
Escuela Politécnica Superior
Universidad Autónoma de Madrid
MES 20xx

Resumen

Resumen

Palabras Clave

Abstract

Key words

Agradecimientos

Índice general

Índice de Figuras	x
Índice de Tablas	xii
1. Introducción	1
1.1. Motivación del proyecto	1
1.2. Objetivos y enfoque	2
1.3. Metodología y plan de trabajo	2
1.3.1. Metodología	2
1.3.2. Plan de Trabajo	2
2. Reconocimiento de iris. Estado del arte	3
2.1. Introducción	3
2.2. Historia, nacimiento y evolución.	3
2.3. La anatomía del ojo	3
2.3.1. Aspectos diferenciadores del iris	3
2.4. Adquisición del Iris	3
2.4.1. Introducción	3
2.4.2. Esquemas de adquisición tradicionales	3
2.4.3. Consideraciones sobre la iluminación	3
2.4.4. Posicionamiento del Iris	3
2.4.5. Sistemas comerciales de adquisición	3
2.5. Localización y segmentación del Iris	3
2.5.1. Introducción	4
2.5.2. Metodología de J. Daugman y derivadas	4
2.5.3. Metodología de R. Wildes y derivadas	4
2.5.4. Otras metodologías	4
2.5.5. Comparativa de metodologías	4
2.5.6. Detección de pestañas y ruido	4
2.6. Normalización del tamaño	4
2.6.1. Daugman's Rubber Sheet Model	4

2.6.2.	Image Registration	4
2.6.3.	Normalización en ángulo	4
2.6.4.	Mejora del contraste y eliminación de ruido	4
2.7.	Algoritmos de Codificación	4
2.7.1.	Metodología de Daugman: Filtros de Gabor	4
2.7.2.	Metodologías alternativas a la de Daugman	4
2.7.3.	Metodologías de Wildes. Vectores de características reales (no binarios)	4
2.8.	Algoritmos de Matching	4
2.8.1.	Introducción	4
2.8.2.	Distancia de Hamming	4
2.8.3.	Distancia euclídea ponderada	4
2.8.4.	Correlación normalizada	4
2.9.	Problemática y retos futuros	4
2.9.1.	Segmentación	5
2.9.2.	Captura ideal no invasiva	5
2.10.	Competiciones o Evaluaciones de Iris	5
2.10.1.	The Iris Challenge Evaluation (ICE)	5
2.10.2.	The Noisy Iris Challenge Evaluation (NICE)	5
2.11.	Bases de datos	5
2.11.1.	CASIA	5
2.11.2.	BioSec Baseline y BioSecurID	5
3.	Sistema, diseño y desarrollo	7
3.1.	Segmentación	7
3.2.	Normalización	7
3.3.	Codificación	7
3.4.	Matching	7
4.	Experimentos Realizados y Resultados	9
4.1.	Bases de datos y protocolo	9
4.2.	Sistemas de referencia	9
4.3.	Escenarios de pruebas	9
4.4.	Experimentos del sistema completo	9
5.	Conclusiones y trabajo futuro	11
	Glosario de acrónimos	13
	Bibliografía	14

A. Manual de utilización	17
B. Manual del programador	19

Índice de Figuras

1.1. Ejemplo pie de figura 1	1
--	---

Índice de Tablas

1

Introducción

1.1. Motivación del proyecto

Ejemplo de referencia a la bibliografía [1].

Ejemplo de imagen:



Figura 1.1: Ejemplo pie de figura 1

1.2. Objetivos y enfoque

1.3. Metodología y plan de trabajo

1.3.1. Metodología

1.3.2. Plan de Trabajo

Sprint 1 (18/9/2018 - 3/10/2018)

El primer sprint ha estado centrado tanto en definir con más exactitud la dirección del proyecto como en un primer acercamiento a las principales herramientas con las que va a desarrollarse.

Tras unos primeros pasos con Galaxy [2] y Docker [3], se ha tomado como referencia el trabajo Bioinformflow de Sergio Chico [4] como base para la imagen Docker del proyecto. Dado que el proyecto de Github daba algunos problemas en la instalación, se ha desarrollado un script propio que produce los mismos resultados.

Una vez se ha tenido disponible la imagen de Docker, el sprint se ha centrado en algunos aspectos importantes para partes futuras del desarrollo. Entre ellos destaca la investigación acerca del formato de los workflows de Galaxy (.ga) ya que en un futuro será necesario generar este tipo de ficheros para introducirlos en Galaxy. También resulta relevante la investigación acerca de las posibilidades que ofrece la API de Galaxy [4] y su utilidad en Bioblend [5], que nos facilitan la opción de utilizar Galaxy sin necesidad de hacerlo a través de su interfaz.

Sprint 2 (4/10/2018 - 17/10/2018)

La primera semana de este sprint ha estado dirigida a lograr una imagen Docker de Galaxy que contenga un set de herramientas básicas para formar un primer workflow. Se han valorado varias opciones de instalación en las que se han utilizado tanto la imagen básica de Galaxy [6] como la imagen de Bioinformflow [4]. Finalmente se ha optado por utilizar Bioinformflow ya que parte de las herramientas necesarias ya estaban incluidas. Para realizar esta tarea se ha creado un nuevo fichero Dockerfile así como el listado de herramientas necesarias para su instalación.

Sprint 3 (18/10/2018 - 31/10/2018)

El sprint ha estado centrado en la correcta ejecución del workflow con las herramientas iniciales desde Galaxy. Durante el proceso de configuración han surgido varias complicaciones que han impedido terminar el workflow completo en este sprint. En un principio han surgido problemas con el filtrado de calidad utilizando Prinseq. Este problema no ha llegado a ser resuelto en este sprint a falta de tratar el tema con el grupo de Tecnofood. A continuación se encontraron ciertos problemas con el formato de salida de la herramienta Prokka. A pesar de que la salida está marcada como formato gff3, un parámetro interno lo etiquetaba como gff. Esto impedía que la salida de Prokka fuese introducida como input en las herramientas siguientes.

Dados estos errores, se decidió trabajar en paralelo con la API de Galaxy desde Python para intentar ejecutar tanto las herramientas como el workflow de una manera menos restringida. Finalmente se ha llevado a cabo el desarrollo necesario para subir los ficheros a un historial y ejecutar cada una de las herramientas del workflow desde Python.

2

Reconocimiento de iris. Estado del arte

2.1. Introducción

2.2. Historia, nacimiento y evolución.

2.3. La anatomía del ojo

2.3.1. Aspectos diferenciadores del iris

2.4. Adquisición del Iris

2.4.1. Introducción

2.4.2. Esquemas de adquisición tradicionales

2.4.3. Consideraciones sobre la iluminación

2.4.4. Posicionamiento del Iris

2.4.5. Sistemas comerciales de adquisición

2.5. Localización y segmentación del Iris

2.5.1. Introducción

2.5.2. Metodología de J. Daugman y derivadas

2.5.3. Metodología de R. Wildes y derivadas

2.5.4. Otras metodologías

2.5.5. Comparativa de metodologías

2.5.6. Detección de pestañas y ruido

2.6. Normalización del tamaño

2.6.1. Daugman's Rubber Sheet Model

2.6.2. Image Registration

2.6.3. Normalización en ángulo

2.6.4. Mejora del contraste y eliminación de ruido

2.7. Algoritmos de Codificación

2.7.1. Metodología de Daugman: Filtros de Gabor

2.7.2. Metodologías alternativas a la de Daugman

Filtros Log-Gabor

Wavelets

Haar Wavelet

Transformada Discreta del Coseno (DCT)

2.7.3. Metodologías de Wildes. Vectores de características reales (no binarios)

2.8. Algoritmos de Matching

2.8.1. Introducción

2.8.2. Distancia de Hamming

2.8.3. Distancia euclídea ponderada

2.8.4. Correlación normalizada

2.9. Problemática y retos futuros

2.9.1. Segmentación

2.9.2. Captura ideal no invasiva

2.10. Competiciones o Evaluaciones de Iris

2.10.1. The Iris Challenge Evaluation (ICE)

2.10.2. The Noisy Iris Challenge Evaluation (NICE)

2.11. Bases de datos

2.11.1. CASIA

2.11.2. BioSec Baseline y BioSecurID

3

Sistema, diseño y desarrollo

3.1. Segmentación

3.2. Normalización

3.3. Codificación

3.4. Matching

4

Experimentos Realizados y Resultados

4.1. Bases de datos y protocolo

4.2. Sistemas de referencia

4.3. Escenarios de pruebas

4.4. Experimentos del sistema completo

5

Conclusiones y trabajo futuro

Glosario de acrónimos

- **IS**: Iris Subject
- **DCT**: Discrete Cosine Transform
- **WED**: Weighted Euclidean Distance

Bibliografía

- [1] Autor Apellidos. Título del artículo. *Revista de publicación*, pages 65–73, 2008.
- [2] Galaxy. <https://usegalaxy.org/>.
- [3] Docker - Build, Ship, and Run Any App, Anywhere. <https://www.docker.com/>.
- [4] Sergio Chico. :whale: Docker with Galaxy for Bioinformatic Bacterial Sequencing Workflows: Serux/docker-galaxy-BioInfWorkflow. <https://github.com/Serux/docker-galaxy-BioInfWorkflow>, June 2018. original-date: 2018-05-17T01:10:05Z.
- [5] Galaxy API. <https://galaxyproject.org/develop/api/>.
- [6] Björn Gruening. :whale::bar_chart::books: Docker Images tracking the stable Galaxy releases.: bgruening/docker-galaxy-stable. <https://github.com/bgruening/docker-galaxy-stable>, October 2018. original-date: 2014-08-12T13:26:14Z.



Manual de utilización



Manual del programador