



**UNIVERSITAT  
JAUME·I**

MÁSTER EN SISTEMAS INTELIGENTES

DEPARTAMENTO DE LENGUAJES Y SISTEMAS INFORMÁTICOS

TRABAJO FIN DE MÁSTER

MEMORIA TÉCNICA DEL PROYECTO

**Detección de Duplicados en un Flujo  
de Muestras Biométricas Utilizando  
Información del Contexto**

Proyecto presentado por el alumno

**VICENTE JAVIER GONZÁLEZ LLOBET**

Dirigido por Ramón Alberto Mollineda Cárdenas  
y Javier Ortells Lorenzo

Fecha de lectura: 13 de Noviembre de 2017  
Curso académico 2016/2017

## **Agradecimientos**

Quiero agradecer a mis directores, el Dr. Ramón Alberto Mollineda y el Dr. Javier Ortells Lorenzo, por darme la oportunidad de realizar este proyecto con ellos. Sin su ayuda, consejo, guía, motivación y paciencia, esto nunca hubiera sido posible.

Por otra parte también me gustaría agradecer enormemente toda la ayuda y comprensión que me han proporcionado por parte de mi familia, ya que sin ellos realizar este máster tampoco hubiera sido posible.

## Resumen

Este trabajo aborda el problema de la detección de duplicados en un flujo de muestras biométricas. Dada una nueva muestra, a diferencia de la práctica común de comparar una medida de similitud relacionada con un umbral fijo, este trabajo introduce una función que toma como entrada la medida de similitud, la posición de esa muestra en el flujo y el número de identidades estimadas hasta el momento, y produce como salida una hipótesis sobre si la identidad de la muestra ha sido vista previamente en el flujo (duplicado) o aparece por primera vez (no duplicado). La medida de similitud puede considerarse un dato primario pero descontextualizado, mientras que la cantidad de muestras analizadas y el número de identidades estimadas representan una estimación conjunta simple y aproximada de la cantidad y calidad de las identidades inscritas. Los experimentos fueron diseñados con dos bases de datos del patrón de la marcha y bajo tres tipos de ordenamientos de las muestras, que recrean los escenarios de diversos niveles de la complejidad. Las pruebas estadísticas no paramétricas aplicadas en los resultados de la detección, mostraron la superioridad del enfoque adaptativo propuesto, sobre las dos soluciones basadas en umbral fijo y otra propuesta de enfoque adaptativo.

## Palabras clave

Detección de duplicados, biometría, flujo de muestras.



# Índice general

<b>1. Introducción</b>	<b>11</b>
1.1. Estado del arte . . . . .	12
1.2. Motivación . . . . .	12
1.3. Objetivos . . . . .	13
1.4. Estructura del documento . . . . .	13
<b>2. Metodología</b>	<b>15</b>
2.1. Descripción general . . . . .	15
2.2. Particiones y permutaciones . . . . .	15
2.2.1. Particiones . . . . .	16
2.2.2. Permutaciones . . . . .	17
2.3. Estimación de parámetros y aprendizaje . . . . .	17
2.3.1. Función de detección de duplicados . . . . .	17
2.4. Detección y evaluación . . . . .	18
2.4.1. Subconjunto de prueba . . . . .	19
2.4.2. Medidas de rendimiento . . . . .	19
2.4.3. Análisis estadístico de los resultados . . . . .	19
2.4.4. Bases de datos . . . . .	19
<b>3. Experimentación y resultados</b>	<b>21</b>
3.1. Configuración experimental . . . . .	21
3.2. Análisis estadístico de los resultados . . . . .	22
3.3. Análisis gráfico de los resultados . . . . .	23
3.4. Análisis de parámetros . . . . .	24
3.4.1. Base de datos C2 . . . . .	25
3.4.2. Base de datos C6 . . . . .	26
3.4.3. Base de datos U2 . . . . .	28
<b>4. Conclusiones</b>	<b>31</b>
4.1. Trabajo futuro . . . . .	31
<b>Bibliografía</b>	<b>33</b>



# Índice de figuras

1.1. Ejemplo de flujo de muestras, donde A, B y C denotan a los tres sujetos y el subíndice denota la cantidad de muestras vistas de cada sujeto. . . . .	12
2.1. Esquema general de la metodología seguida. . . . .	16
2.2. Ejemplo de caracterización de una secuencia de siluetas: (a) vídeo; (b) siluetas binarias; (c) GEI. . . . .	20
3.1. Resultados de <i>gmean</i> en C2. . . . .	24
3.2. Resultados de <i>gmean</i> en C6. . . . .	24
3.3. Resultados de <i>gmean</i> en U2. . . . .	25
3.4. <i>Match score</i> en C2 . . . . .	26
3.5. Número de identidades en C2 . . . . .	26
3.6. <i>Match score</i> en C6 . . . . .	27
3.7. Número de identidades en C6 . . . . .	28
3.8. <i>Match score</i> en U2 . . . . .	28
3.9. Número de identidades en U2 . . . . .	29





# Índice de tablas

3.1. Test de Wilcoxon escenario IP . . . . .	22
3.2. Test de Wilcoxon escenario RP . . . . .	22
3.3. Test de Wilcoxon escenario IS . . . . .	23



# Capítulo 1

## Introducción

La biometría es el estudio de métodos para el reconocimiento automático de humanos a partir de algún rasgo identificativo único. Las características biométricas deben ser lo suficientemente discriminantes como para caracterizar y diferenciar cada sujeto del resto. Hasta la fecha, se han estudiado multitud de rasgos biométricos físicos válidos para el reconocimiento de personas. Algunos son ampliamente conocidos, como la cara, el iris o las huellas dactilares, y no es difícil encontrar en la actualidad sistemas que se basan en alguno de ellos, por ejemplo, para controlar el acceso a un smartphone o la forma de fichar la entrada y salida en una oficina mediante la huella dactilar.

Sin embargo, no solo los rasgos físicos de los humanos son válidos como características biométricas. Existen algunos patrones de conducta intrínsecos a cada individuo, que también pueden ser utilizados en tareas de reconocimiento. Algunos ejemplos de ellos son la firma, la manera de teclear o la forma de caminar. En el presente trabajo se utiliza como característica biométrica la forma de caminar de las personas.

La identificación automática de personas mediante un ordenador es un campo de investigación emergente, y en función del contexto es posible que los sistemas biométricos necesiten garantizar que cada persona enrolada tiene una identidad única [1, 2]. En un proceso de enrolamiento, una regla de detección de duplicados debe determinar si una muestra pertenece a una identidad ya conocida por el sistema o, por el contrario, a una nueva identidad desconocida hasta ese momento. En el primer caso, la muestra es etiquetada como “duplicado”, en el segundo, se considerará “no duplicado”. Es decir, la detección de duplicados se limita a establecer una hipótesis sobre la existencia o no, en la base de conocimientos, de la identidad asociada a una muestra bajo análisis, lo cual no implica necesariamente la identificación de la identidad subyacente de la muestra bajo análisis.

De este tipo de problemas se pueden destacar dos aspectos importantes. En primer lugar, la primera muestra de cada persona debe ser no duplicado, mientras que sus apariciones posteriores, duplicados. En segundo lugar, se espera que el desbalance de clases cambie con el tiempo a lo largo del flujo de muestras. Suponiendo una probabilidad igual para cada persona de aparecer, los no duplicados deberían ser la mayoría al principio, mientras que la relación de desbalance se espera que se desvíe hacia la clase duplicada a medida que se observan más muestras.

Otro dominio de aplicación que requiere la detección de duplicados es el proceso conocido en la literatura inglesa como *deduplication* (en adelante, deduplicación) [7, 8, 9, 10]. La deduplicación se ha utilizado ampliamente en bases de datos textuales para detectar y eliminar registros duplicados que se refieren a la misma muestra. La mayoría de las estrategias de deduplicación se basan en reglas *ad hoc*, que comparan tasas de coincidencia con umbrales de ajuste manual para tomar una decisión de deduplicación [9]. Solo unos pocos trabajos [7, 8] han diseñado

modelos de clasificación de dos clases que toman las medidas de similitud como entrada, para predecir si un registro dado es un duplicado o no duplicado. Este enfoque permite el aprendizaje automático de las reglas de detección.

En la figura 1.1 se presenta un ejemplo de flujo compuesto por 4 muestras biométricas distribuidas en 3 identidades distintas. En el flujo la muestra  $B$  es la muestra duplicada, es por ello que cuando aparece por segunda vez ( $B_2$ ) el sistema detecta que es un duplicado.

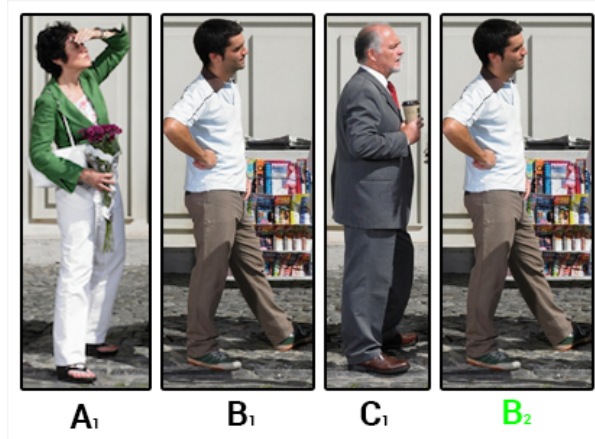


Figura 1.1: Ejemplo de flujo de muestras, donde  $A$ ,  $B$  y  $C$  denotan a los tres sujetos y el subíndice denota la cantidad de muestras vistas de cada sujeto.

## 1.1. Estado del arte

La mayoría de las estrategias de deduplicación convencionales [1] se basan en el cálculo de una medida de similitud (*match score*) entre una muestra bajo análisis y la identidad enrolada/conocida más parecida, medida que se compara con un umbral fijo propuesto por expertos o inferido a partir de un conjunto de entrenamiento.

A diferencia de los enfoques convencionales que solo se basan en el *match score*, en un trabajo anterior [3] se introduce una función de detección de duplicados que toma como entrada el *match score* y la posición de una muestra en el flujo de las muestras. El *match score* puede considerarse un dato primario pero descontextualizado, mientras que la cantidad de muestras analizadas (o posición de la muestra en el flujo) y el número de identidades estimadas representa una estimación conjunta simple y aproximada de la cantidad y calidad de las identidades inscritas. La posición tenía como intención proporcionar un contexto actualizado para evaluar de forma adaptativa una muestra dada.

## 1.2. Motivación

La principal motivación de este trabajo es mejorar la descripción del contexto en el problema de la deduplicación a la hora de tomar una decisión. Este objetivo se pretende llevar a cabo mejorando la función de detección de duplicados con un nuevo parámetro. Aparte de utilizar el *match score* y la posición que tiene la muestra en el flujo de muestras biométricas, se añade un nuevo parámetro que es el número de identidades únicas detectadas en el flujo hasta el momento.

Dada la mejora que se presenta en el proyecto, es esencial evaluar si una mejor descripción del contexto permite tomar mejores decisiones en el problema de la deduplicación. Para tal fin, se implementarán metodologías de evaluación experimental y análisis estadísticos para averiguar si el uso de la cantidad de identidades estimadas es una aportación factible a la hora de tomar decisiones en el problema de la deduplicación.

### 1.3. Objetivos

El objetivo general de este proyecto es investigar la efectividad de un proceso de detección de duplicados en un flujo de muestras biométricas. En concreto, los objetivos que se pretenden alcanzar con el presente trabajo se desglosan en los siguientes puntos:

- Estudio y comprensión del sistema adaptativo existente [3].
- Diseño de experimentos que involucren conjuntos de entrenamiento, validación y prueba.
- Estudiar y validar el algoritmo de detección de duplicados mediante diferentes bases de datos.
- Desarrollo de recursos de software para la adaptación de los datos a formatos de interés, necesarios para la ejecución de nuevos experimentos.
- Comparación estadística de resultados.

### 1.4. Estructura del documento

En este apartado se describe la estructura del documento, el cual se divide en cuatro capítulos principales detallados a continuación:

- El primer capítulo muestra la introducción donde se ha analizado el estado del arte del problema que se pretende abordar, la motivación que lleva a investigar en esta temática y se definen los objetivos que se esperan conseguir con este trabajo.
- El segundo capítulo detalla la metodología seguida para llevar a cabo el algoritmo propuesto en el presente trabajo.
- El tercer capítulo describe los experimentos que se han realizado, se exponen los resultados alcanzados para cada experimento y se realiza un análisis de los resultados desde tres perspectivas diferentes.
- El cuarto capítulo sirve para exponer las conclusiones de este trabajo y comentar ciertas mejoras y posibles ampliaciones o investigaciones que se podrían realizar como trabajo futuro.



## Capítulo 2

# Metodología

En este capítulo se presenta la propuesta ideada y la metodología seguida para cumplir con el objetivo de este proyecto: detección de identidades duplicadas en un flujo de muestras biométricas.

La estructura de este capítulo es la siguiente. En primer lugar (2.1), se describe una visión general del método desarrollado. En segundo lugar (2.2), se describe cómo se utilizan las bases de datos para realizar los experimentos. En tercer lugar (2.3), se desarrolla cómo se estiman los parámetros necesarios para la fase de clasificación. Por último (2.4), se describe la fase de clasificación y evaluación del algoritmo.

### 2.1. Descripción general

Formalmente, la solución propuesta en [3] consistió en la detección de identidades duplicadas en un flujo de muestras biométricas, partiendo de un conjunto vacío de identidades. Cada nueva muestra biométrica del flujo fue clasificada como “duplicado” o “no duplicado”. Para mantener actualizada la base de conocimientos del sistema (galería), cada muestra clasificada fue simplemente añadida a la galería, sin importar la naturaleza de la decisión. Esta tarea se conoce como problema de conjunto abierto, pues la galería (de identidades conocidas) va creciendo según se van analizando nuevas muestras. Esta estrategia admite soluciones adaptativas y aprendizaje en línea.

A diferencia de soluciones convencionales, basadas únicamente en el *match score*, en este proyecto se quiere evaluar una función de detección de duplicados que toma como entrada, además del *match score*, la cantidad de muestras analizadas y la cantidad de identidades estimadas hasta el momento de tomar la decisión. El *match score* puede considerarse un dato primario, pero descontextualizado, mientras que las cantidades de muestras y de identidades deben proporcionar estimaciones gruesas de la distribución de las muestras. Esta información contextual debe permitir juzgar adaptativamente, y de forma más objetiva, un *match score*. El método propuesto será comparado con métodos basados en umbrales fijos únicamente dependientes de un *match score*, y con la solución publicada en [3].

En la figura 2.1 se puede observar el esquema general de la metodología seguida para llevar a cabo la implementación del método propuesto en el presente trabajo.

### 2.2. Particiones y permutaciones

Esta sección corresponde con la primera parte (a) de la figura 2.1. En esta fase se realizan una serie de preparativos previos con los datos de entrada.

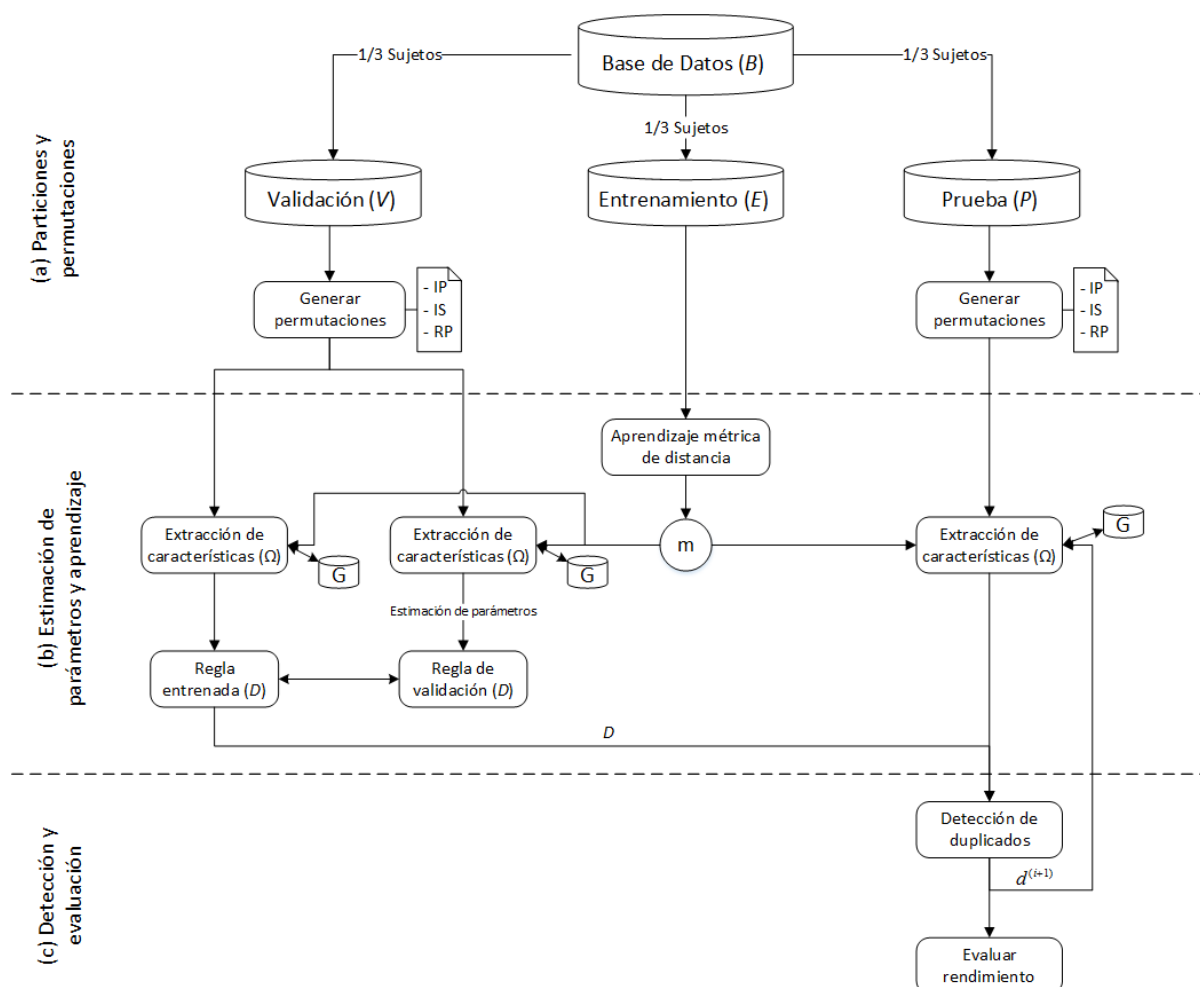


Figura 2.1: Esquema general de la metodología seguida.

### 2.2.1. Particiones

Dada una base de datos de muestras biométricas ( $B$ ), los sujetos se dividen en tres subconjuntos como se puede apreciar en la primera fase de la figura 2.1. Los subconjuntos que se obtienen son los siguientes: entrenamiento, validación y prueba.

- El **subconjunto de entrenamiento** denotado como  $E$  (un tercio de todos los sujetos), se usa para aprender una métrica de distancia requerida para el cálculo del *match score*. Es un requerimiento del algoritmo de *scoring* utilizado en este proyecto, el cual se detallará más adelante.
- El **subconjunto de validación** denotado como  $V$  (un tercio de todos los sujetos), se utiliza para aprender reglas de detección duplicados.
- El **subconjunto de prueba** denotado como  $P$  (un tercio de todos los sujetos), está dirigido a evaluar independientemente las reglas de detección de duplicados.



### 2.2.2. Permutaciones

Dado que el orden de las muestras es determinante en el análisis de un flujo de datos, se han utilizado tres tipos de permutaciones aleatorias como se propone en [1]. Estos tipos de permutaciones están destinadas a cubrir tres escenarios de complejidad que van desde más fácil a más difícil. Cabe destacar que los ordenamientos de las identidades y de las muestras de cada identidad son aleatorios en los tres escenarios.

En primer lugar, se propone *Increment Probe* (IP), que consiste en alternar las muestras estrictamente siguiendo un orden aleatorio de las identidades (siguiendo con la nomenclatura utilizada en la figura 1.1, un ejemplo de permutación sería el siguiente:  $A_1 B_1 C_1 A_2 B_2 C_2 A_3 B_3 C_3$ ). En segundo lugar, se propone *Random Probe* (RP), la cual organiza las muestras del flujo en un orden totalmente aleatorio. Por último, se propone *Increment Subject* (IS), que organiza todas las muestras del flujo de modo que cuando aparece una identidad nueva, se añaden secuencialmente al flujo todas las muestras de dicha identidad (siguiendo con la nomenclatura utilizada en la figura 1.1, un ejemplo de permutación sería el siguiente:  $A_1 A_2 A_3 B_1 B_2 B_3 C_1 C_2 C_3$ ).

El ordenamiento RP propone la situación más realista. IP reproduce la forma más rápida de que aparezcan todas las identidades del flujo de muestras, por lo tanto representa el escenario más fácil para la detección de duplicados, ya que la galería tiene un ejemplo de cada muestra en el menor tiempo posible. Por último, IS reproduce la forma más lenta de que aparezcan todas las identidades del flujo de muestras, por lo que representa el escenario más difícil para la detección de duplicados.

## 2.3. Estimación de parámetros y aprendizaje

Esta sección corresponde con la segunda parte (b) de la figura 2.1. En esta fase se realiza la estimación de parámetros y el aprendizaje de la regla de detección de duplicados.

El **aprendizaje de la métrica** de distancias (m) se lleva a cabo reformulando el problema de identificación multiclase original en un problema de dos clases (verdadero o impostor) [11]. Para ello, cada muestra biométrica se empareja con el resto, de modo que los pares se etiquetan como auténticos o como impostores, dependiendo de si sus dos muestras pertenecen a la misma identidad o a diferentes identidades, respectivamente. A continuación, el algoritmo de *scoring* RankSVM [6] aprende una métrica de distancia que minimiza las distancias intraclases mientras maximiza las distancias interclases. Esta métrica se utiliza para calcular la distancia de la muestra actual con todas las presentes en la galería en ese momento, y la puntuación más baja obtenida, se utiliza como el *match score* de esa muestra.

El uso de este algoritmo de *scoring* se debe a su eficacia demostrada en trabajos anteriores al ser aplicado en problemas como el que estamos tratando. Cualquier solución que proporcione una medida de distancia/similitud entre muestras podría ser empleada en su lugar, aunque la experimentación con otras alternativas queda fuera del alcance de este trabajo.

### 2.3.1. Función de detección de duplicados

La **función de detección de duplicados** ( $D$ ) basada en SVM es entrenada en el espacio  $\Omega = [0, 1]^3$  definida por tres parámetros: el *match score* (s), la cantidad de muestras analizadas (i) y el número de identidades en el flujo hasta el momento (d). Este proceso hace uso de  $D$  en dos fases:

#### Entrenamiento de la función:

1. Sea  $T_r^t = \{p_j^t\}$ ,  $1 \leq j \leq n_t$ , una colección de  $n_t$  permutaciones aleatorias de las muestras en  $T_r$ , con cada  $p_j^t$  ajustándose a un tipo específico de permutación (IP, RP, IS).

2. Sea  $q_j^t = \{(s, i, d); c\}$ , donde  $(s, i, d) \in [0, 1]^3$  es el conjunto de muestras etiquetadas siendo  $c$  las etiquetas correspondientes (duplicado/no duplicado) inferidas a partir de la simulación del proceso de detección de duplicados sobre  $p_j^t$ .
3. Sea  $P_r = U_j q_j^t$  un conjunto completo que agrupe todos los  $[(s, i, d); c]$  de todas las  $p_j^t$ . En primer lugar, el parámetro  $s$  denota las puntuaciones normalizadas por el percentil 90 de la distribución de puntuaciones en  $P_r$  (valores por encima de 1 se truncan a 1). En segundo lugar, el parámetro  $i$  denota las posiciones normalizadas por el número de muestras en  $T_r$ . Y por último, el parámetro  $d$  denota el número de identidades estimadas en el flujo, normalizadas por el número total de identidades que hay en el flujo en una permutación  $p_j^t$  (valores por encima de 1 se truncan a 1).
4. La función  $D$  es entrenada a partir de  $P_r$  de forma convencional. Cualquier uso adicional de  $D$  incluirá los factores de normalización obtenidos en 3.

### Estimación de parámetros:

1. Sea  $T_r^v = \{p_j^v\}$ ,  $1 \leq j \leq n_v$ , una colección de  $n_v$  permutaciones aleatorias de las muestras en  $T_r$ , con cada  $p_j^v$  ajustándose a un tipo específico de permutación (IP, RP, IS).
2. Los parámetros estructurales de  $D$  se estiman mediante la validación iterativa sobre  $T_r^v$ . Este paso se centra en los parámetros  $C$  de SVM y  $\sigma$  del núcleo RBF.

$T_r^v$  está diseñado para ser estructuralmente idéntico a una colección de pruebas  $S^*$  derivada del subconjunto de prueba  $P$ , contra la cual se evalúa la efectividad de  $D$ .

La regla de detección de duplicados propuesta en el presente proyecto se puede ver como un enfoque adaptativo, que se espera que pueda ajustar su respuesta a la cantidad de datos registrados. Para el propósito de la evaluación comparativa, SVM se contrasta con una solución convencional basada en dos tipos de umbral fijo y otra propuesta anterior de SVM adaptativa [3].

El **umbral fijo estimado** (ETr) se infiere únicamente a partir de los *match scores* provenientes de los datos de entrenamiento, de tal forma que con este umbral se reproduce la solución convencional para la detección de duplicados. Este umbral se utiliza invariablemente en la resolución de todas las pruebas incluidas en un experimento.

El **umbral fijo óptimo** (OTr) es el valor de umbral que mejor separa las dos clases (duplicado/no duplicado) en el propio conjunto de prueba. Este umbral se genera para cada una de las pruebas incluidas en el experimento y se utilizan los mismos *match scores* utilizados en el experimento para obtener el umbral. Este umbral proporciona un punto de referencia optimista al estar calculado directamente sobre los conjuntos de prueba ( $S^*$ ).

La **regla adaptativa** (SVMr.OLD) es un método propuesto en un trabajo previo [3]. Esta regla de detección de duplicados hace uso del *match score* y la posición que toma cada muestra en el flujo. Esta regla se genera para cada una de las pruebas incluidas en el experimento.

## 2.4. Detección y evaluación

Esta sección corresponde con la última parte (c) de la figura 2.1. En esta fase se realiza la detección de duplicados y la evaluación de los resultados.

### 2.4.1. Subconjunto de prueba

Dado un subconjunto  $P \subset B$  de sujetos de prueba, se construye una colección  $S^* = \{p_j^s\}$ ,  $1 \leq j \leq n_s$ , donde cada  $p_j^s$  corresponde a una permutación aleatoria de muestras en  $P$  que se adapta a IP, RP o IS.  $S^*$  es estructuralmente idéntico a  $T_r^v$ , y está destinado a probar reglas de detección de duplicados.

Para cada partición  $\{T_m; T_r; S\}$  de una base de datos  $B$ ,  $n_s = 300$  permutaciones distribuidas equitativamente entre IP, RP e IS, las cuales se organizan en tres subconjuntos denotados como  $S_{IP}^*$ ,  $S_{RP}^*$  y  $S_{IS}^*$ . Es decir,  $S^* = S_{IP}^* \cup S_{RP}^* \cup S_{IS}^*$  y  $|S_{IP}^*| = |S_{RP}^*| = |S_{IS}^*| = 100$ . Estos subconjuntos se utilizan colectivamente o individualmente dependiendo del experimento.

En este punto, merece la pena señalar dos cuestiones. En primer lugar, cada permutación de IP o IS depende del ordenamiento tanto de los sujetos como de las muestras de cada uno. Por lo tanto, se espera que cada una de las 100 permutaciones aleatorias de un mismo tipo, sean diferentes entre sí. En segundo lugar, las soluciones generales únicas de ETr, SVMr y SVMr\_OLD entrenadas sobre  $T_r$  se prueban sobre todos los  $p_j^s \in S^*$ . Sin embargo, un OTr específico es calculado para cada  $p_j^s$ .

### 2.4.2. Medidas de rendimiento

La evaluación de los resultados de detección de duplicados debe considerar que el desequilibrio entre clases es altamente probable y variable en el tiempo, lo que sugiere el uso de alguna medida robusta a este factor. En este trabajo se utiliza la media geométrica de las tasas de éxito por clases ( $gmean = \sqrt{TP_r * TN_r}$ ), una medida sencilla pero eficaz en problemas desbalanceados.

### 2.4.3. Análisis estadístico de los resultados

Las cuatro reglas de detección de duplicados (ETr, OTr, SVMr\_OLD, SVMr) se comparan por parejas utilizando la prueba no paramétrica de “Wilcoxon’s Signed Rank” [13], agrupando adecuadamente los resultados en series de igual tamaño. Esta prueba tiene como objetivo averiguar si dos métodos funcionan estadísticamente diferente y en caso contrario, determinar cuál de los 2 tiene un mejor rendimiento conjunto en los escenarios pasados al test. La hipótesis nula asume que ambos métodos funcionan igual, mientras que se buscan evidencias en los datos para rechazarla.

### 2.4.4. Bases de datos

Los experimentos de detección de duplicados se llevaron a cabo utilizando dos bases de datos del patrón de la marcha públicamente disponibles. Estas son *CASIA Gait Database* [5] y *USF Human ID Gait Database* [12]. Las muestras de cada conjunto fueron adquiridas bajo diferentes condiciones, permitiendo así varios niveles de complejidad.

El conjunto de datos CASIA contiene 124 personas grabadas en interiores 10 veces desde 11 ángulos de visión. Los 10 vídeos por persona se corresponden con 6 secuencias de marcha neutrales, 2 con cambios de ropa y 2 con cambios en la carga transportada. En este trabajo solo se utilizaron las 6 secuencias neutrales registradas desde  $90^\circ$  (vista lateral) para evitar complejidad añadida.

La base de datos USF consta de 122 personas grabadas al aire libre. Cada persona puede tener hasta cinco grabaciones diferentes. De las 5 grabaciones posibles, solo se pueden recopilar 2 muestras de cada persona que se ajustan bien a la apariencia neutra (vista lateral de  $90^\circ$ ). Estas 2 muestras surgen de la fusión de los siguientes tipos de grabación: superficie de hormigón, tipo de calzado A, sin maletín y grabación tomada en mayo.

Cabe destacar que la base de datos CASIA se grabó en condiciones controladas (interior), por lo tanto proporciona datos de mayor calidad, mientras que la base de datos USF refleja condiciones más realistas, ya que se tratan de grabaciones realizadas en exterior.

Se definieron tres conjuntos de datos con respecto a las bases de datos del patrón de la marcha (CASIA y USF) y el número de muestras por sujeto disponibles (6 y 2):

- **C2:** Teniendo en cuenta todos los sujetos de la base de datos CASIA, se consideran sus seis muestras neutras, pero solo dos muestras por sujeto se eligen al azar para cada permutación generada.
- **C6:** Con todos los sujetos de la base de datos CASIA, se utilizan sus seis muestras neutras disponibles.
- **U2:** Teniendo en cuenta todos los sujetos de la base de datos USF, se utilizan sus dos muestras neutras resultantes de la combinación indicada anteriormente.

La figura 2.2 muestra un ejemplo gráfico del proceso aplicado a los vídeos de las bases de datos para extraer una representación, la Gait Energy Image (GEI) [15]. Tras la adquisición del vídeo, éste se divide en fotogramas en los que el sujeto es sustraído del fondo, creándose una serie de imágenes binarias normalizadas de siluetas. Una vez obtenidas las siluetas, se genera la GEI, que consiste en promediar píxel a píxel una serie de siluetas normalizadas para obtener una imagen que condensa por igual el movimiento y la forma de la persona a lo largo de la secuencia de siluetas.

El uso de la representación GEI, se debe a que es un método muy popular en la literatura porque es simple de calcular, robusto a ciertos defectos en las siluetas y que condensa por igual la forma y el movimiento de la persona en una sola imagen.

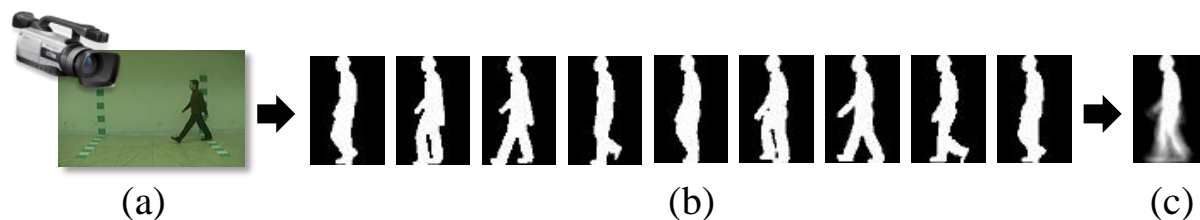


Figura 2.2: Ejemplo de caracterización de una secuencia de siluetas: (a) vídeo; (b) siluetas binarias; (c) GEI.

La decisión de utilizar bases de datos sobre patrón de la marcha, así como GEI como método de representación, se debe exclusivamente a que son familiares a los autores, a la vez se consideran suficientes para sacar conclusiones válidas en este estudio. No obstante, el sistema está diseñado para que puedan utilizarse otros tipos de muestras biométricas u otras representaciones diferentes.

## Capítulo 3

# Experimentación y resultados

Este capítulo consta de las siguientes secciones. En primer lugar (3.1), se describen los experimentos realizados. En segundo lugar (3.2), se realiza un análisis estadísticos de los resultados obtenidos mediante los test de Wilcoxon. En tercer lugar (3.3) se realiza un análisis gráfico de los resultados alcanzados sobre la medida *gmean*. Por último (3.4), se realiza un análisis de los parámetros utilizados como entrada para la regla de detección de duplicados propuesta en este proyecto.

### 3.1. Configuración experimental

Los experimentos involucraron las cuatro reglas de detección de duplicados (SVMr, ETr, OTr, SVMr\_OLD) que se ejecutaron en una serie de tareas. Cada tarea está definida por un conjunto de datos (C2, C6, U2), una estrategia para construir  $T_r^t$  y un tipo de permutación de muestra de prueba (IP, RP, IS). Las reglas se compararon por parejas mediante la prueba de Wilcoxon, que se realizó utilizando el software KEEL [14].

Cada resultado involucrado en los análisis es un promedio calculado de cinco repeticiones del experimento, donde cada repetición se basó en una partición de base de datos diferente, según lo explicado en la sección 2.4. A su vez, el resultado de cada repetición es la media de los 100 resultados de prueba en un tipo de permutación dado.

Las reglas SVMr, ETr, OTr, SVMr\_OLD fueron comparadas bajo un escenario realista, donde las colecciones de entrenamiento  $T_r^t$  se usaron para entrenar las reglas, que fueron probadas sobre los tres tipos de ordenamientos (IP, IS, RP). Se definieron 6 problemas combinando los tres conjuntos de datos (C2, C6, U2) y dos estrategias para generar  $T_r^t$ . Las dos estrategias de entrenamiento son las siguientes: en primer lugar se utiliza la estrategia RP, donde  $T_r^t$  contiene únicamente permutaciones basadas en RP, y en segundo lugar se utiliza la estrategia IP + IS, donde permutaciones de IP y permutaciones basadas en IS se agrupan juntas. La intención de la segunda estrategia es que al unir escenarios extremos y opuestos podría ser posible obtener mejores límites entre muestras duplicadas y no duplicadas. Las colecciones de validación, entrenamiento y prueba se desarrollaron como se describe a continuación:

- **Colección de entrenamiento  $T_r^t$ :** Consistió en 20 u 8 permutaciones de muestras en  $T_r$  de C2/U2 o C6, respectivamente. Ambas cantidades de permutaciones llevaron a conjuntos  $P_r$  similares en número de muestras. En el caso de IP + IS, las permutaciones se distribuyeron por igual entre IP e IS.
- **Colección de validación  $T_r^v$ :** Consistió en 300 permutaciones de  $T_r$  igualmente distribuidas entre los escenarios IP, RP e IS. Cada configuración de SVM (basada en C y  $\sigma$ )

	SVMr	SVMr_OLD	ETr	OTr
SVMr	-	•	•	•
SVMr_OLD	○	-	•	
ETr	○	○	-	○
OTr			•	-

Tabla 3.1: Test de Wilcoxon escenario IP

	SVMr	SVMr_OLD	ETr	OTr
SVMr	-			○
SVMr_OLD		-	•	○
ETr			-	○
OTr		•	•	-

Tabla 3.2: Test de Wilcoxon escenario RP

fue validada por la media ponderada de tres medidas de rendimiento de tipo condicional, siendo cada medida el promedio de los 100 resultados individuales que coinciden en cada escenario. Los pesos utilizados fueron 0.25, 0.5 y 0.25 para IP, RP e IS, respectivamente. Tenía como objetivo elegir la mejor configuración de los parámetros  $C$  y  $\sigma$  del SVM, pero dando más peso al escenario más probable (RP).

- **Colección de prueba  $S^*$ :** Consistió en 300 permutaciones en  $S$ , distribuidas equitativamente entre los tres tipos de permutaciones ( $S_{IP}$ ,  $S_{RP}$ ,  $S_{IS}$ ).

### 3.2. Análisis estadístico de los resultados

Con el fin de realizar un análisis estadístico sobre la medida  $gmean$ , los resultados de la detección se organizaron en 3 grupos. Cada grupo comprende los resultados obtenidos sobre cada  $S_{IP}$ ,  $S_{RP}$  y  $S_{IS}$ , y dentro de cada grupo se añaden los resultados obtenidos por cada una de las 4 reglas (SVMr, ETr, OTr, SVMr\_OLD) en los 6 problemas definidos para cada escenario (IP, RP, IS).

Las tablas 3.1, 3.2 y 3.3 resumen los resultados de la prueba de Wilcoxon aplicada en la medida  $gmean$  desde la perspectiva de cada tipo de permutación por separado. Son necesarias dos aclaraciones para comprender las tablas. En primer lugar, cuando aparece “•” representa que la regla de la fila tiene un rendimiento mejor respecto a la regla de la columna y cuando aparece “○” representa que la regla de la columna tiene un rendimiento mejor respecto a la regla de la fila. En segundo lugar, los resultados por encima de la diagonal principal tienen un nivel de significación del 0.90, mientras que los resultados por debajo de la diagonal principal tienen un nivel de significación del 0.95.

El **escenario IP** corresponde con la tabla 3.1. En esta tabla se puede observar que SVMr supera al resto de reglas con un nivel de significación del 0.90 y también supera a las reglas SVMr\_OLD y ETr con un nivel de significación del 0.95. Por otro lado, ETr es superado por todas las reglas con ambos niveles de significación. Y por último, OTr supera únicamente a ETr con ambos niveles de significación.

El **escenario RP** corresponde con la tabla 3.2. En esta tabla se puede observar que OTr supera al resto de reglas con un nivel de significación del 0.90 y también supera a las reglas

	SVMr	SVMr_OLD	ETr	OTr
SVMr	-			○
SVMr_OLD		-	○	○
ETr			-	○
OTr		●	●	-

Tabla 3.3: Test de Wilcoxon escenario IS

SVMr\_OLD y ETr con un nivel de significación del 0.95. Además, SVMr\_OLD supera a ETr con un nivel de significación del 0.90.

El **escenario IS** corresponde con la tabla 3.3. En esta tabla se puede observar que OTr supera al resto de reglas con un nivel de significación del 0.90 y también supera a las reglas SVMr\_OLD y ETr con un nivel de significación del 0.95. Además, ETr supera a SVMr\_OLD con un nivel de significación del 0.90, pero no supera a SVMr.

Finalmente, se puede concluir que SVMr en el escenario sencillo (IP) mejora significativamente a todas las reglas en ambos niveles menos a OTr, que con un nivel de 0.95 se comportan de forma similar. Y en los escenarios realista y difícil (RP y IS respectivamente) es OTr el que mejora significativamente a todas las reglas en ambos niveles menos a SVMr, que con un nivel de 0.95 se comportan de forma similar, cabe destacar que OTr es una regla optimista la cual está calculada sobre el propio conjunto de prueba. Además, también es importante resaltar que SVMr funciona igual o supera al método adaptativo previo tomado como referencia [3] (SVMr\_OLD).

### 3.3. Análisis gráfico de los resultados

Las figuras 3.1, 3.2 y 3.3 son un resumen de los resultados *gmean* de los tres escenarios de ordenamiento (IP, RP, IS), cuando se recrean con los tres conjuntos de datos (C2, C6, U2). Nótese que U2 en el eje Y tiene una escala diferente frente a C2 y C6 para que se puedan apreciar mejor los resultados. En cada escenario relacionado hay siete barras, que muestran la tasa de rendimiento lograda por SVMr, SVMr\_OLD, ETr y OTr. En OTr no se distingue si se ha realizado el experimento mediante RP o IP + IS porque se han utilizado los propios conjuntos de prueba para inferir el valor.

Se pueden realizar varios comentarios a partir de un análisis gráfico de las figuras 3.1, 3.2 y 3.3 presentadas a continuación:

1. Los resultados obtenidos en C2 y C6 son bastante más altos, frente al resultado obtenido en U2. Una de las razones principales es que las imágenes de C2 y C6 han sido tomadas en condiciones controladas (interior) y obtienen más calidad, mientras que U2 fue tomada en condiciones más realistas (exterior) y obtienen peor calidad.
2. La efectividad que proporciona SVMr y SVMr\_OLD decrece a medida que aumenta la dificultad del problema (de IP a IS), particularmente en IS, donde la distribución de duplicados es uniforme a lo largo del tiempo (cabe destacar que este es un contexto poco probable de distribución de muestras). Otro aspecto importante es que en IS no se obtiene una muestra de cada identidad hasta el final del flujo, es por ello que presenta el escenario con mayor dificultad.
3. ETr muestra un comportamiento más estable, pero peor que SVMr en IP y RP. No obstante, en el escenario con mayor dificultad (IS) mejora el rendimiento frente a las reglas

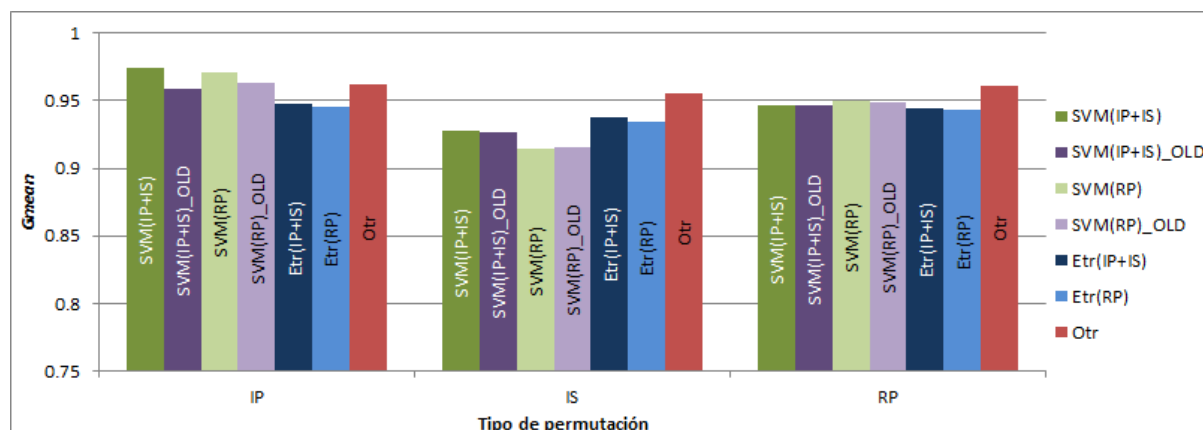


Figura 3.1: Resultados de *gmean* en C2.

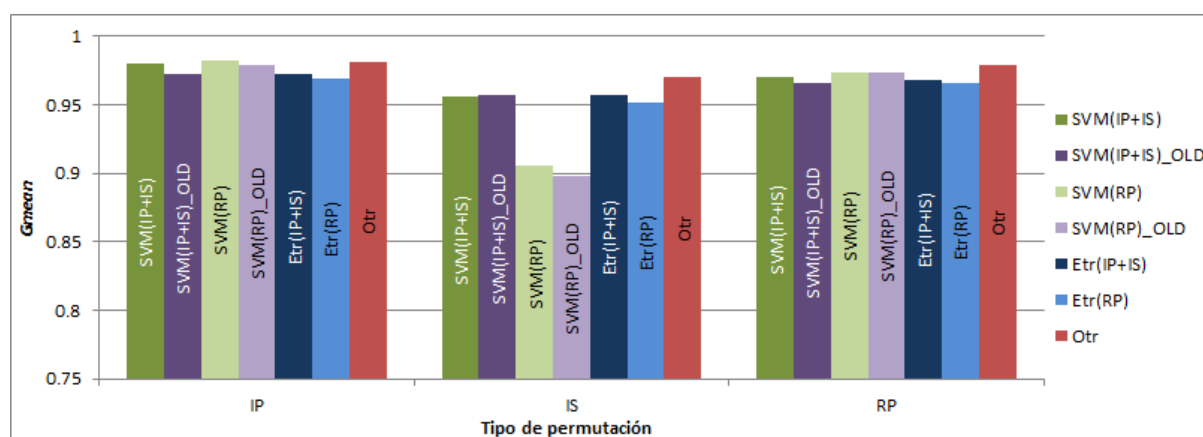


Figura 3.2: Resultados de *gmean* en C6.

adaptativas (SVMr y SVMr\_OLD).

4. SVMr funciona incluso mejor que OTr en la base de datos U2 y el ordenamiento IP. Además, en el escenario IS obtiene un mejor rendimiento que OTr cuando se entrena mediante IP + IS y en RP también obtiene un mejor rendimiento que OTr cuando se entrena en las mismas condiciones de prueba (RP).
5. SVMr obtiene mejor rendimiento que ETr en las escenarios IP y RP. Cabe destacar que en el escenario más probable (RP) y con un entrenamiento en las mismas condiciones (RP) obtiene un rendimiento superior frente a ETr.
6. Por último, SVMr obtiene tasas de rendimiento superiores al de SVMr\_OLD en la mayoría de de las comparaciones realizadas, y en las comparaciones que pierde SVMr frente SVMr\_OLD la diferencia se mueve en una escala de valores inferiores a un 0.05.

### 3.4. Análisis de parámetros

En esta sección se presenta un análisis del comportamiento de los parámetros utilizados en la detección de duplicados. En primer lugar, se presenta el *match score* y en segundo lugar, el número de identidades estimadas en el flujo de muestras biométricas. Los resultados para



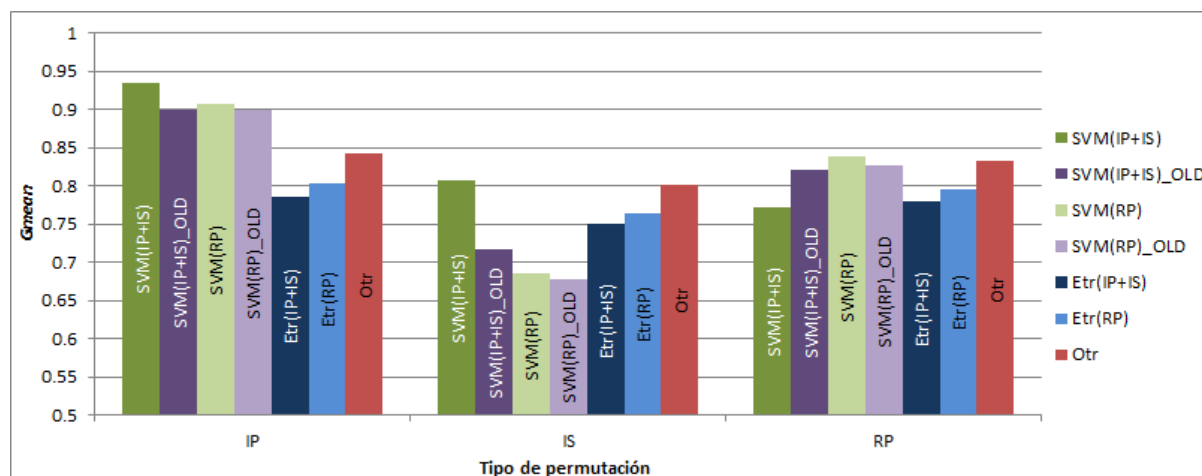


Figura 3.3: Resultados de *gmean* en U2.

este análisis han sido obtenidos como un promedio de todos los experimentos realizados para obtener los resultados de *gmean*. Cabe destacar que se han utilizado solo los resultados de los experimentos que utilizan el escenario RP en el conjunto de entrenamiento, lo cual se debe a que es la situación más realista.

### 3.4.1. Base de datos C2

En primer lugar, en la figura 3.4 se muestra la distribución del *match score* en la base de datos C2.

- En el **escenario IP**, el valor obtenido decrece lentamente a medida que hay más muestras en la galería. Sin embargo hay un punto de inflexión al llegar a 41 muestras, que es el número de identidades únicas que hay en la base de datos; como ya hay un ejemplo de cada muestra, a partir de ese momento el valor decrece y se mantiene estable.
- En el **escenario RP** el valor decrece de forma más o menos constante a medida que hay más muestras en la galería.
- En el **escenario IS** se puede apreciar un comportamiento a simple vista curioso, pero esto se debe al ordenamiento de las muestras, ya que como solo hay dos muestras de un sujeto, la primera muestra obtendrá un valor mayor de *match score* (no duplicado, no tiene nadie con quien compararse) y la segunda muestra obtiene un valor menor (duplicado, tiene un ejemplo con el que compararse). Además, cabe destacar que a medida que la galería tiene más muestras, la escala en la que se mueve el valor del *match score* decrece poco a poco, aunque sigue la misma distribución de comportamiento.

En segundo lugar, en la figura 3.5 se muestra la distribución del número de identidades estimadas en la base de datos C2.

- En el **escenario IP**, el valor obtenido crece rápidamente, esto es debido al ordenamiento de las muestras, ya que en el menor tiempo posible hay un ejemplo de cada sujeto en la galería.

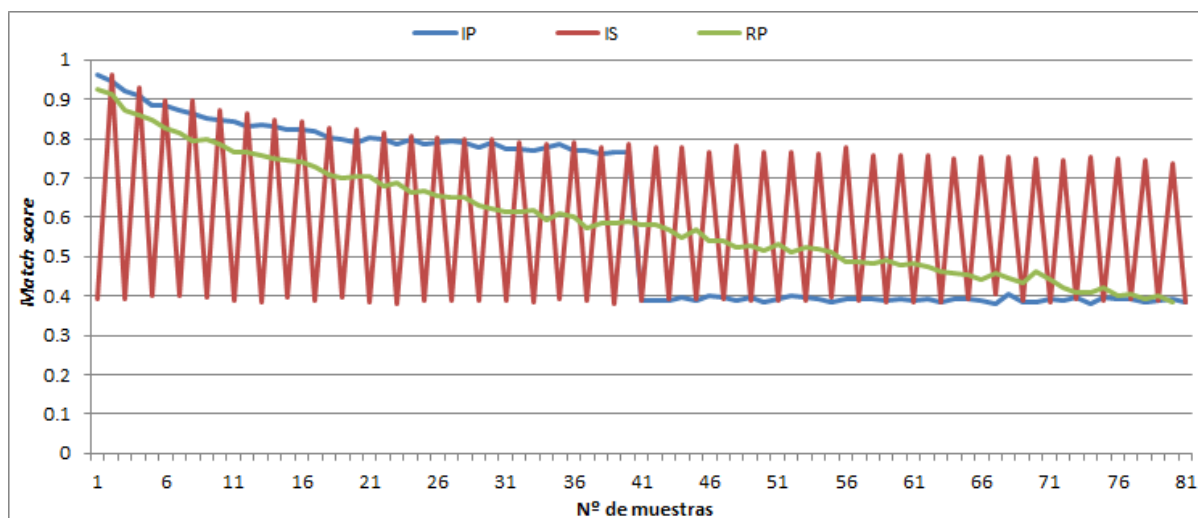


Figura 3.4: Match score en C2

- En el **escenario RP** se puede observar que el número de identidades crece a ritmo más o menos constante, a medida que la galería tiene más muestras y se detectan no duplicados, crece el valor.
- En el **escenario IS** se observa como crece con cada identidad nueva y se mantiene con cada duplicado, esto se debe a que el número de identidades estimadas, como es de esperar, no debe de llegar a su máximo hasta el final debido al tipo de ordenamiento que presenta este escenario.

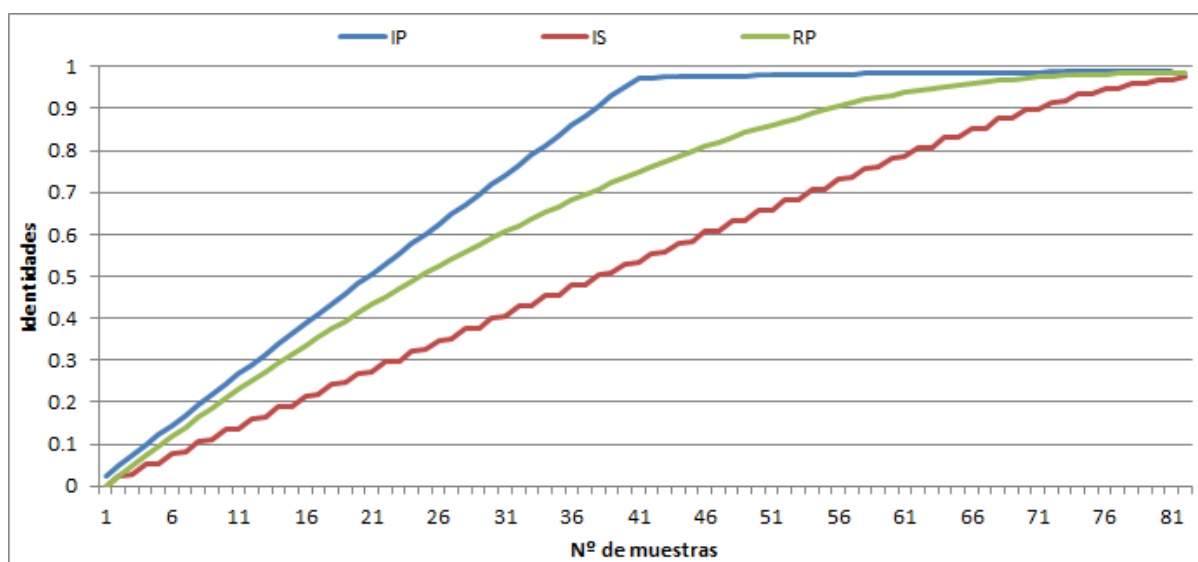


Figura 3.5: Número de identidades en C2

### 3.4.2. Base de datos C6

En primer lugar, en la figura 3.6 se muestra la distribución del *match score* en la base de datos C6.

- En el **escenario IP**, el valor obtenido decrece lentamente a medida que hay más muestras en la galería, sin embargo hay varios puntos de inflexión que producen un escalón importante en el valor que obtiene el *match score* en función de las muestras que hay en la galería. Estos puntos de inflexión se producen con cada ciclo de muestras completado, es decir, debido al orden de las muestras en el escenario IP, cada vez que se añade una muestra de un sujeto (hay hasta 6 ejemplos de cada sujeto y 41 sujetos), la galería tiene más información de cada sujeto y por lo tanto obtiene mejores resultados.
- En el **escenario RP** se observa un comportamiento similar al que aparece en C2 hasta las 100 primeras muestras, después se mantiene el valor casi constante en 0.45, indicando que todas las identidades han sido ya enroladas.
- En el **escenario IS** se puede apreciar un comportamiento similar al que se presenta en C2, aunque con la peculiaridad de que al haber 6 muestras de un sujeto en lugar de 2, cada vez que se añade una nueva muestra a la galería, se van obteniendo valores menores de *match score*.

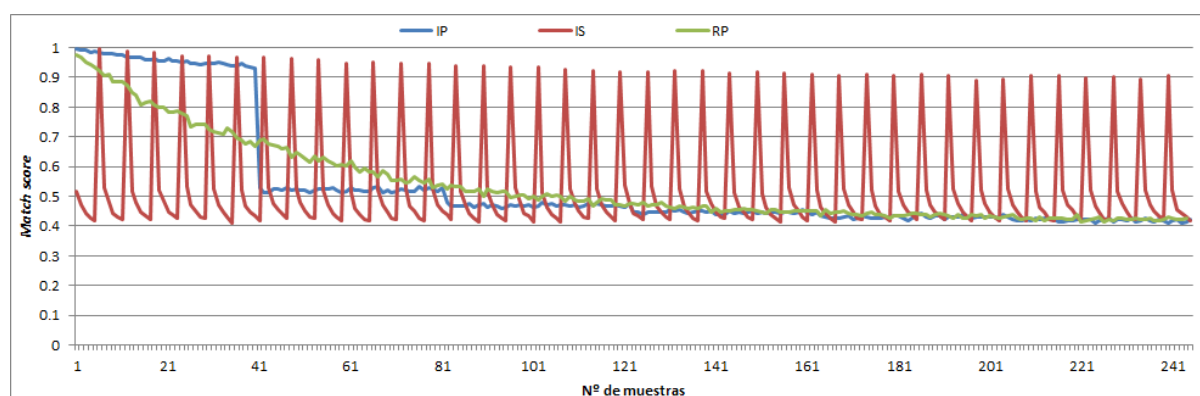


Figura 3.6: Match score en C6

En segundo lugar, en la figura 3.7 se muestra la distribución del número de identidades estimadas en la base de datos C6.

- En el **escenario IP**, el valor obtenido crece rápidamente al igual que en el C2 hasta que ya están enroladas todas las identidades, después se mantiene el valor constante en 1.
- En el **escenario RP** se puede observar que el número de identidades crece al igual que en C2, aunque se estabiliza antes el valor debido al número de muestras en la galería. Es por ello que cuando llega a 80 muestras prácticamente está al máximo valor (se supone que ya hay una muestra de cada sujeto en la galería).
- En el **escenario IS** se observa como el crecimiento se mantiene estable. Se aprecia que los escalones son diferentes a los obtenidos en C2, este comportamiento se debe al número de muestras de cada sujeto (6 muestras en lugar de 2), por lo tanto se observa como durante las 5 muestras restantes de las 6 del mismo sujeto, el valor se mantiene constante y con cada muestra no duplicada el valor crece.

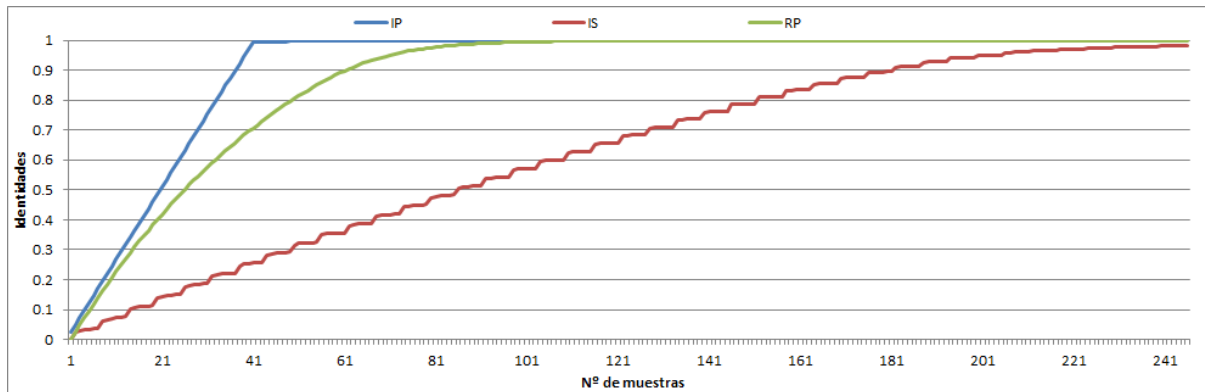
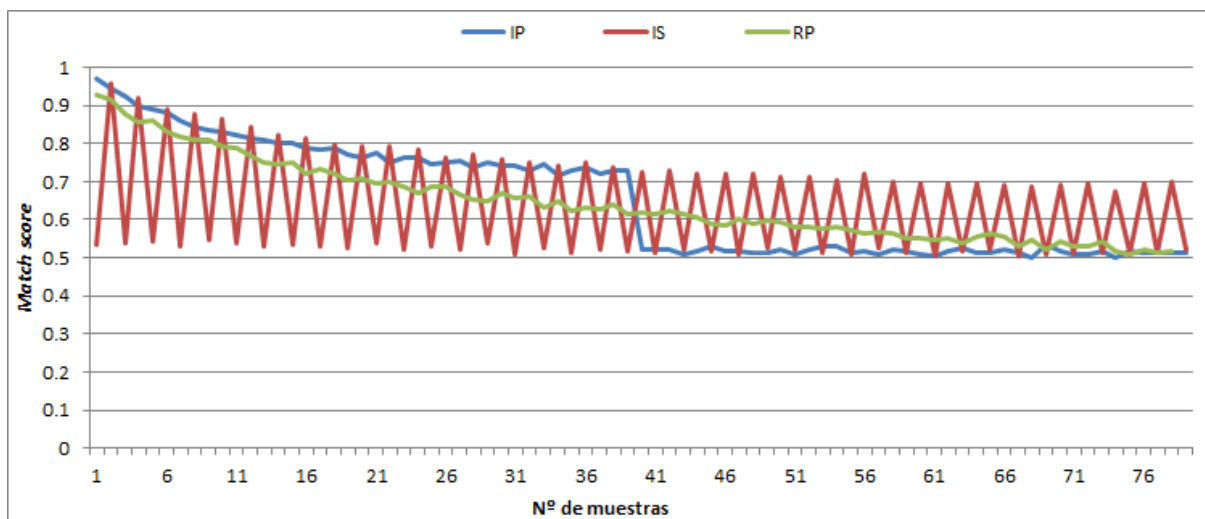


Figura 3.7: Número de identidades en C6

### 3.4.3. Base de datos U2

En la figura 3.8 se muestra la distribución del *match score* en la base de datos U2. Y en la figura 3.9 se muestra el número de identidades estimadas en la base de datos U2.

Debido a la configuración de U2 similar a la base de datos C2, se observa que la distribución del comportamiento de las gráficas que presenta U2 es el mismo que en C2, aunque U2 obtiene valores algo menores debido a la naturaleza de los datos que tiene, ya que los datos fueron tomados en condiciones más realistas (exterior).

Figura 3.8: *Match score* en U2

Finalmente, cabe decir que en función del tipo de ordenamiento con el que se han realizado los experimentos, el comportamiento de los parámetros que se observa es el esperado en todos los casos, por lo tanto este análisis refuerza los resultados obtenidos en las secciones 3.2 y 3.3.

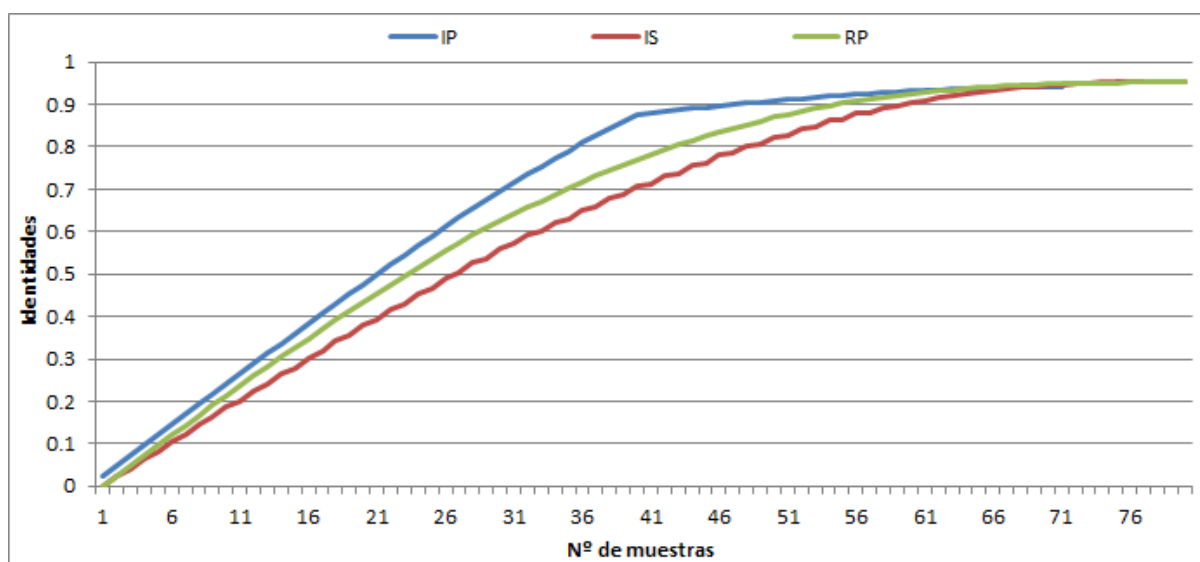


Figura 3.9: Número de identidades en U2



## Capítulo 4

# Conclusiones

Este trabajo presenta una regla adaptativa basada en SVM (SVMr) para la detección de duplicados en un flujo de muestras biométricas. Además del *match score*, también toma como entrada la posición de la muestra en el flujo y el número de identidades estimadas para producir una decisión duplicado/no duplicado. Se espera que la posición y el número de identidades estimadas proporcione un contexto que permita un juicio más confiable que el del *match score* utilizado en las soluciones convencionales.

SVMr se comparó con dos soluciones de referencia basadas en umbrales (ETr y OTr) y con una solución adaptativa previa (SVMr\_OLD) [3]. En el primero, se estimó un valor de umbral con una colección de muestras de validación (ETr, es el umbral estimado). En el segundo, el valor de umbral se eligió como el óptimo para cada experimento de prueba independiente (OTr, es el umbral óptimo). En el tercero, se utilizó la solución propuesta en [3] con la misma configuración de datos utilizada para SVMr aunque sin tener en cuenta la información del tercer parámetro (número de identidades estimadas). Se esperaba que en las dos primeras soluciones se proporcionaran resultados promedio y optimistas, respectivamente. Mientras que en el tercero se esperaba una tendencia similar al del algoritmo propuesto en el trabajo, aunque con un rendimiento menor.

Finalmente, se definieron una serie de experimentos que involucraron las cuatro reglas de detección de duplicados. Estos experimentos fueron validados mediante el test estadístico de Wilcoxon. A partir del test estadístico se puede concluir que SVMr en el escenario sencillo (IP) mejora significativamente a todas las reglas en ambos niveles menos a OTr, que con un nivel de 0.95 se comportan de forma similar. Y en los escenarios medio y difícil (RP y IS respectivamente) es OTr el que mejora significativamente a todas las reglas en ambos niveles menos a SVMr, que con un nivel de 0.95 se comportan de forma similar. Cabe destacar que OTr es una regla optimista la cual está calculada sobre el propio conjunto de prueba. Además, también es importante resaltar que SVMr funciona igual o supera al método adaptativo previo tomado como referencia [3] (SVMr\_OLD).

### 4.1. Trabajo futuro

En el presente trabajo se han utilizado bases de datos basadas del patrón de la marcha, sin embargo el algoritmo está ideado para poder utilizar cualquier bases de datos de otras características biométricas. Es por ello que sería interesante poder comprobar cómo se comporta el algoritmo con otros datos de entrada. Así mismo, en caso de utilizar bases de datos del patrón de la marcha, otra variable que puede ser importante tener en cuenta es la representación de las características biométricas. En el presente trabajo se ha utilizado la GEI, no obstante

hay muchas otras representaciones que se pueden utilizar y que sería interesante comprobar el funcionamiento del algoritmo al utilizarlas.

Por otra parte, también sería recomendable realizar experimentos como los aquí planteados utilizando otros algoritmos de *scoring*. En este estudio se ha utilizado un algoritmo de *scoring* (RankSVM) que se ha demostrado apto para este tipo de problemas. Sin embargo, el objetivo nunca ha sido comparar el rendimiento del algoritmo de *scoring*, sino mejorar los resultados obtenidos por la función de detección de duplicados adaptativa previa [3]. Por este motivo, también podría ser interesante analizar el comportamiento de la función con otros algoritmos de *scoring*.



# Bibliografía

- [1] B. DeCann y A. Ross. *Has this person been encountered before?: Modeling an anonymous identification system*, in CVPRW, pp. 89–96, 2012.
- [2] A. Bedagkar-Gala y S. K. Shah, *A survey of approaches and trends in person re-identification*, IMAGE VISION COMPUT, vol. 32, no. 4, pp. 270–286, 2014.
- [3] J. Ortells y Ramón A. Mollineda. *Detection of Duplicate Identities in Streams of Biometric Samples: A Gait-based Case Study*, in 23rd Int. Conf. on Pattern Recognition (ICPR 2016), pp. 2978-2983, Cancún, México, December 4-8, 2016.
- [4] O. Chapelle y S. Keerthi, *Efficient algorithms for ranking with SVMs*. *Information Retrieval*, vol. 13, pp. 201-215, 2010.
- [5] S. Yu, D. Tan y T. Tan. *A framework for evaluating the effect of view angle, clothing and carrying condition on gait recognition*. In 18th International Conference on Pattern recognition (ICPR) (Vol. 4, pp. 441-444), 2006.
- [6] R. Martín-Félez y T. Xiang, *Gait recognition by ranking*, in 12th ECCV, ser. LNCS, vol. 7572, pp. 328–341, 2012.
- [7] S. Sarawagi y A. Bhamidipaty, *Interactive deduplication using active learning*, in 8th Int. Conf. on KDD, pp. 269–278, 2002.
- [8] J. Dinerstein, S. Dinerstein, P. K. Egbert y S. W. Clyde, *Learningbased fusion for data deduplication*, in 7th ICMLA, pp. 66–71, 2008.
- [9] A. K. Yadav y S. Tadisetty, *Iris based de-duplication technology*, IJERA, vol. 2, no. 1, pp. 164–167, 2012.
- [10] K. W. Bowyer, E. Ortiz y A. Sgroi, *Trial somaliland voting register de-duplication using iris recognition*, in 11th Int. Conf. and Workshops on Automatic Face and Gesture Recognition (FG), vol. 2, pp. 1–8, 2015.
- [11] R. Herbrich, T. Graepel y K. Obermayer, *Support vector learning for ordinal regression*, in 9th ICANN, vol. 1, pp. 97–102, 1999.
- [12] S. Sarkar, P. Phillips, Z. Liu, I. Vega, P. Grother y K. Bowyer, *The HumanId Gait Challenge problem: Data sets, performance and analysis*, IEEE T PATTERN ANAL, vol. 27, no. 2, pp. 162–177, 2005.
- [13] F. Wilcoxon, *Individual comparisons by ranking methods*, BIOMETRICS BULL, pp. 80–83, 1945.

- [14] J. Alcalá, A. Fernández, J. Luengo, J. Derrac, S. García, L. Sánchez y F. Herrera, *Keel data-mining software tool: Data set repository, integration of algorithms and experimental analysis framework*, Multiple-Valued Logic and Soft Computing, vol. 17, no. 2–3, pp. 255–287, 2011.
- [15] J. Han y B. Bhanu, Individual recognition using Gait Energy Image. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 28(2): 316–322, 2006.