



FACULTAD DE INGENIERÍA

MAESTRÍA EN BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

TRABAJO DE TITULACIÓN, PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE

MAGISTER EN BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

TEMA: Uso de redes neuronales artificiales convolucionales para la identificación de especies del género *Drosophila* a partir micrografías de alas, tórax y abdomen.

AUTOR: APOLO GONZÁLEZ, BYRON PATRICIO

DIRECTOR: GUEVARA BARRIENTOS, DAVID

QUITO

2024

Agradecimientos

Mi más sentido agradecimiento para la profesora PhD. Doris Vela, profesor de Biología Molecular y encargada del laboratorio de Genética Evolutiva, por haber suministrado las micrografías de las especies de estudio.

De igual manera quedo agradecido al profesor David Guevara, profesor de Algoritmos de Biología y tutor del presente trabajo, muchas gracias por su guía y orientación.

CONTENIDO

Agradecimientos	2
TEMA	4
ABSTRACT	4
RESUMEN	4
INTRODUCCIÓN	5
Taxonomía de <i>Drosophila</i>	5
Descripción de <i>Drosophila melanogaster</i>	5
Descripción de <i>Drosophila simulans</i>	5
Redes convolucionales artificiales	6
Tensorflow	6
VGG16	7
ResNet50	7
EfficientNet-B0	7
OBJETIVOS	7
Objetivo general	7
Objetivos específicos	8
MATERIALES Y MÉTODOS	9
Recolección de datos	9
Preparación de imágenes	9
Análisis	9
Métricas	10
RESULTADOS	13
CONCLUSIONES	16
DISCUSIÓN	17
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	18

TEMA: Uso de redes neuronales artificiales convolucionales para la identificación de especies del género *Drosophila* a partir micrografías de alas, tórax y abdomen.

ABSTRACT

The main objective of the study is to develop a convolutional neural network model that allows the identification of two species of the genus *Drosophila* from micrographs of wings, thorax and abdomen, using deep learning algorithms to automatically analyze and classify the morphological characteristics of fruit flies, which can have applications in biological and genetic research.

The taxonomy of *Drosophila* species is complex, and even more so if the species are closely related, such as *D. melanogaster* and *D. simulans*. There are no studies where they are identified through convolutional networks, much less through micrographs of wings, thorax and abdomen.

The micrographs were provided by the Evolutionary Genetics laboratory and were processed with data augmentation and converted to png format. The convolutional networks TensorFlow, VGG16, ResNet50 and EfficientNet50 were programmed in Python, Jupyter Notebook. Based on the results obtained in the training and evaluation of the convolutional networks, it was concluded that ResNet50, with an accuracy of 0.7789, is the most suitable for the identification of the two species *D. melanogaster* and *D. simulans*, because a specificity of 0.59 was obtained for the first species and 0.91 for the second, respectively. The ROC curve has an area under the curve of 0.93.

RESUMEN

El principal objetivo del estudio es desarrollar un modelo de red convolucional que permita identificar dos especies del género *Drosophila* a partir de micrografías de alas, tórax y abdomen, utilizando algoritmos de aprendizaje profundo para analizar y clasificar automáticamente las características morfológicas de las moscas de la fruta, lo que puede tener aplicaciones en la investigación biológica y genética.

La taxonomía de las especies *Drosophila* es compleja, y mucho más si las especies se encuentran muy emparentadas como lo son *D. melanogaster* y *D. simulans*, no existen trabajos donde se identifiquen a través de redes convolucionales y mucho menos por medio de micrografías de alas, tórax y abdomen.

Las micrografías fueron proporcionadas por el laboratorio de Genética Evolutiva y las mismas fueron procesadas con data augmentation y convertidas a formato png, las redes convolucionales TensorFlow, VGG16, ResNet50 y EfficientNet50, se programaron en Python, Notebook de Jupyter, con base en los resultados obtenidos en el entrenamiento y evaluación de las redes convolucionales se concluyó que ResNet50, con una exactitud del 0,7789, es la más adecuada para la identificación de las dos especies *D. melanogaster* y *D. simulans*, debido a que

se obtuvo una especificidad del 0,59 para la primera especie y el 0,91 para la segunda respectivamente. La curva ROC tiene un área bajo la curva de 0,93.

INTRODUCCIÓN

Taxonomía de *Drosophila*.

La taxonomía del género *Drosophila* se realiza con base en partes anatómicas de tales como el falo en el caso de los machos, alas, tórax y abdomen, lo que implica determinado conocimiento en entomología de dípteros y el manejo adecuado de claves dicotómicas, de esta manera se puede llegar a la identificación de la especie de interés.

El género fue erigido por Fallen en 1823, se caracteriza por poseer:

vibrisas y ocelos presentes; pelos acrosticales en seis o más filas, cuatro o más entre los dorsocentrales anteriores; preapicales evidentes al menos en la tercera tibia; costa dos veces rota, alcanzando el ápice de la cuarta vena; dos pequeñas cerdas justo antes de la rotura distal de la costa; celdas discal y basal segunda confluyentes; celda anal presente, a menudo incompleta (Harrison, 1959).

Descripción de *Drosophila melanogaster*

Es una especie cosmopolita. Esto se atribuye a la actividad humana. Pertenece al subgrupo *melanogaster* y su tamaño es de aproximadamente 3mm. El tórax se caracteriza por presentar filas de microquetas alineados antero y posteriormente; las alas son transparentes formadas por celdillas muy pequeñas que poseen 5 venaciones longitudinales y 2 transversales; el abdomen es rayado, en machos es redondeado y en su parte dorsal oscura, en las hembras con terminación puntiaguda (Charccahuana Sequera, 2023).

Descripción de *Drosophila simulans*

Es otra especie cosmopolita de color entre amarillo y café, longitud de 2mm. En el tórax no se distingue ningún patrón, escutelo del mismo color como el mesonoto, con vellosidades;

abdomen café oscuro posteriormente y café amarillento anteriormente, macho más oscuro que la hembra, cada tergito con una banda dorsal; alas claras con cerdas a lo largo de las mismas.

Redes convolucionales artificiales

Una red neuronal artificial convolucional (CNN) es definida como una arquitectura de modelo de red neuronal específica que se utiliza para el procesamiento e identificación de imágenes. Consiste en capas convolucionales para aprender patrones visuales en imágenes, capas agrupadas con la finalidad de reducir la dimensionalidad y completamente conectadas (lineales o densas) respectivamente, para realizar la clasificación (López Saca, 2019)

Las redes convolucionales permiten el procesamiento de imágenes porque sus capas convolucionales facilitan realizar análisis espaciales a partir de la entrada de la red y poder generar una salida. A la convolución se la define como la aplicación de operaciones matemáticas dentro de matrices con la finalidad de recoger propiedades de los datos. Estas redes generalmente están conformadas por tres capas: una convolucional, otra de reducción o *pooling* y las neuronas densas completamente conectadas (Martínez Llamas, 2018).

En el presente trabajo se aplicó el aprendizaje supervisado, debido a que las entradas de datos nos indican las salidas de las predicciones que dichos datos deberían producir. Los dos procesos que tiene la red neuronal son propagación hacia delante y el otro es propagación hacia atrás (retropropagación). Estos se repetirán un número de veces determinado, y cada repetición de propagación y retropropagación se llama época o *epoch*, tras el cual se ajusta el valor de los distintos parámetros

Tensorflow

Es definida como una librería de código abierto, la misma facilita el despliegue de secuencias de pasos para el aprendizaje automático. Así mismo, facilita el avance de aprendizaje profundo empleando redes neuronales. Es utilizado para el procesamiento especialmente de datos como son imágenes (Abadi *et al.*, 2016)

VGG16

Se trata de una red convolucional profunda, misma que consiste en 16 capas de convolución y se ha entrenado en un gran conjunto de imágenes (ImageNet). Esta red es utilizada en la clasificación de imágenes y se utiliza también como modelo preentrenado (Simonyan & Zisserman, 2014).

ResNet50

Se trata de una variante de las Redes Residuales (ResNet), constando de 50 capas de profundidad, este modelo es muy útil en la clasificación de imágenes (He *et al.*, 2016).

EfficientNet-B0

Es una arquitectura de red, presenta 9 etapas con un total de 16 capas, iniciando con una convolución 3x3 y finalizando con 1x1 (Tan & Le, 2019).

Por otro lado, Ferreras Extremo (2021) señala que las diferencias entre EfficientNet-B1 a B7 fueron diseñadas con la finalidad de mejorar la precisión y el rendimiento. Existe un escalado en cada versión sucesiva (B1 a B7), se incrementa la profundidad (número de capas), la anchura (número de filtros por capa) y la resolución de entrada. La versión B0 es la más ligera,

pero eficiente, y las versiones posteriores mejoran la precisión, pero con alta demanda computacional.

OBJETIVOS

Objetivo general

Desarrollar un modelo de aprendizaje automático basado en redes neuronales convolucionales para la identificación de especies del género *Drosophila* a partir de micrografías de alas, tórax y abdomen, utilizando algoritmos de aprendizaje profundo para analizar y clasificar automáticamente las características morfológicas de las

moscas de la fruta, lo que puede tener aplicaciones en la investigación biológica y genética.

Objetivos específicos

Compilar un conjunto de datos representativo que contenga una serie de micrografías de alas, tórax y abdomen de diferentes especies de *Drosophila* para reducir el error de entrenamiento del algoritmo a través de este conjunto de datos de entrenamiento y evaluación de redes neuronales convolucionales reducir el error de identificación taxonómica.

Diseñar y entrenar una red neuronal convolucional utilizando las imágenes de entrenamiento recopiladas a través de la exploración de diferentes arquitecturas de redes neuronales y técnicas de entrenamiento para obtener un modelo eficiente y preciso.

Evaluar el desempeño del modelo entrenado utilizando un conjunto de datos de prueba independiente a través del cálculo de métricas de evaluación como la precisión, la sensibilidad y la especificidad para determinar la eficacia del modelo en la identificación de especies de *Drosophila*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Recolección de datos

Las micrografías de alas, tórax y abdomen se obtuvieron de disecciones de organismos de poblaciones de *D. melanogaster* y *D. simulans*, del laboratorio de Genética Evolutiva de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador (PUCE). Las fotografías fueron registradas con la cámara modelo Carl Zeiss AxioCam MRC y el software Axio Vision Rel. 4.8, 2006-2010, Carl Zeiss MicroImaging GmbH.

Preparación de imágenes

Para el primer pulido de imágenes se utilizó línea de comando con las librerías TensorFlow para cargar y procesar imágenes, Keras específicamente, usando la clase `ImageDataGenerator` para aplicar transformaciones como rotación, desplazamientos, corte, etc., y la librería `os`, que permite interactuar con archivos, creación de directorios de salida o listado de archivos en los de entrada de Python (Van Rossum & Drake, 1995) dentro de Jupyter Notebook, donde se retiró el fondo de las fotografías y se las transformó a formato PNG.

Las imágenes se ordenaron por cada especie, mismas que se repartieron de la siguiente manera: 70% para entrenamiento (1209), 30% (518) para test y a cada entrenamiento se aplicó el parámetro `validation_split = 0.2`. Este parámetro indica que el 20% (0,2) de los datos de entrenamiento deben conservarse para la validación durante el entrenamiento del modelo. Un valor de 0,2 indica que el 20% de los datos serán destinados en la validación, mientras que el 80% sobrante serán usados para entrenamiento.

Análisis

Para el aumento de datos, o *data augmentation*, se utilizó `rotate(-45, 45)` y `scale(0.8, 1.2)`. Se partió con 600 micrografías y después del proceso de aumentación se obtuvieron 1127 micrografías más, lo que dio como resultado un total de 1727 micrografías de las dos especies. Para la predicción de imágenes se usó TensorFlow, librería utilizada para

construir una red convolucional personalizada, VGG16, ResNet50 y EfficientNet-B0, las cuales fueron entrenadas y evaluadas. Para cada una de ellas se ajustaron los hiperparámetros descritos en la Tabla 1, mientras que para la evaluación se usaron los parámetros descritos en la Tabla 2.

Hiperparámetro	Ajuste
include_top	Implicitamente 'True'
weights	Inicializados aleatoriamente
input_shape	(224, 224, 3)
loss	categorical_crossentropy
optimizer	adam
learning_rate	0.001 (predeterminada)
epochs	10
batch_size	32

Tabla 1. Hiperparámetros de los entrenamientos

Hiperparámetro	Ajuste
img_size	224,244
batch_size	32
target_size	Definido en img_size
class_model	Definido en categorical
classes	<i>Drosophila melanogaster</i> y <i>Drosophila simulans</i>
rescale	1./255

Tabla 2. Parámetros de las evaluaciones

Métricas

Previo la descripción de las métricas aplicadas al estudio se debe indicar el significado de:

- TP: *True Positive* o verdaderos positivos, se genera cuando un modelo de clasificación predice correctamente la clase positiva para una instancia que realmente pertenece a esa clase.
- TN: *True Negative* o verdadero negativo, se produce cuando un modelo de clasificación

correctamente predice la clase negativa para una instancia que realmente pertenece a esa clase.

- FP: *False Positive* o falso positivo, esto ocurre cuando el modelo de clasificación predice falsamente que un caso pertenece a la clase positiva, cuando esta pertenece a la clase negativa.
- FN: *False Negative* o falso negativo, ocurre cuando el modelo de clasificación predice erróneamente que un caso pertenece al grupo negativo, cuando pertenece al grupo positivo.

Accuracy, o exactitud, se trata de una de las métricas ampliamente aplicadas y con alto nivel de confianza aplicada en las redes convolucionales (Cordeiro, 2022).

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN}$$

La precisión permite conocer la proporción de los verdaderos positivos de las dos especies de *Drosophila*, entre la totalidad de todas las predicciones consideradas positivas que son identificadas en las dos clases (Cordeiro, 2022).

$$Precisión = \frac{TP}{TP + FP}$$

Recall, o sensibilidad, definida como una métrica usada para medir la capacidad de un modelo destinado a identificar correctamente todas las instancias positivas (Cordeiro, 2022).

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN}$$

F1-score es una métrica que se la puede definir como puntuación entre *recall* y *accuracy* en un solo valor para ofrecer una medida equilibrada del rendimiento de un modelo de clasificación (Cordeiro, 2022).

$$F1 - score = 2 \times \frac{Precision \times Recall}{Precision + Recall}$$

Support, o soporte, definida como el número de instancias de cada clase en el dentro del conjunto de datos. Es la cantidad de veces que cada clase aparece en los datos reales (Cordeiro, 2022).

Cross-entropy o entropía cruzada, es la función de pérdida utilizada en este estudio al estar clasificando entre dos clases. Es útil cuando se dispone de índices de clase (Goodfellow *et al.*, 2016)

$$Categorical\ cross - entropy = - \sum_{i=1}^N y_i \log(\hat{y}_i)$$

Donde y_i es la clase verdadera del elemento i , mientras que $\hat{y}_i$ es la clase predicha del elemento i .

La matriz de confusión se la define como una herramienta aplicada en la evaluación del desempeño de un modelo de clasificación. Se la representa como una tabla que ilustra la relación entre las clases predichas y las verdaderas en un conjunto de datos (Cordeiro, 2022).

En cuanto a la curva ROC (característica operativa del receptor) es un gráfico en el cual se indica la capacidad que presenta un modelo para distinguir dos clases, positivas y negativas, conforme se ajusta el umbral de clasificación del modelo. Su estructura es la siguiente: tasa de verdaderos positivos (TPR) en el eje Y contra la tasa de falsos positivos (FPR) en el eje X (Han, Kamber y Pei, 2011).

$$TPR = \frac{TP}{TP + FN}$$

$$FPR = \frac{FP}{FP + TN}$$

RESULTADOS

Con las micrografías obtenidas de las disecciones de las dos especies del género *Drosophila* se entrenó la CNN personalizada, así como VGG16, ResNet50 y EfficientNet-B0.

En la Tabla 3 se pueden observar los resultados obtenidos en la evaluación de las CNN.

Métrica	Especie	TensorFlow	VGG16	ResNet50	EfficientNetB0
Precisión	<i>D. melanogaster</i>	0,5	0,5	0,69	0,5
	<i>D. simulans</i>	1	1	0,86	1
F1 score	<i>D. melanogaster</i>	0,67	0,67	0,78	0,67
	<i>D. simulans</i>	0	0	0,7	0
Especificidad	<i>D. melanogaster</i>	0	0	0,59	0
	<i>D. simulans</i>	1	1	0,91	1

Tabla 3. Resultados de los entrenamientos y evaluaciones de las CNN.

En base base en los resultados obtenidos se seleccionó la red neuronal artificial convolucional ResNet50, entrenada durante 10 épocas con un conjunto de datos de 2418 imágenes divididas en 2 clases, *Drosophila melanogaster* y *Drosophila simulans*. Cabe mencionar que el tiempo de entrenamiento por época fue de aproximadamente 2 segundos por paso.

La exactitud en el conjunto de entrenamiento aumentó gradualmente desde 0,5412 en la primera época hasta 0,7789 en la última época, mientras que la *loss* o pérdida en el conjunto de entrenamiento disminuyó gradualmente desde 2,9670 en la primera época hasta 0,4483 en la última época.

La *val_accuracy* (exactitud en validación) aumentó desde 0,6074 en la primera época hasta 0,8037 en la última época, y *val_loss* (pérdida en validación) disminuyó desde 1,7046 en la primera época hasta 0,4905 en la última época.

Al calcular el *F1-score*, el resultado obtenido para la clase *Drosophila melanogaster* fue de 0,78, lo que significa que un buen desempeño del modelo en la clasificación de imágenes de esta clase, mientras que para la clase *Drosophila simulans* es de 0,7 lo que indica un desempeño moderado del modelo en la clasificación de imágenes de esta clase.

La evaluación del modelo se hizo en un conjunto de 1036 imágenes de prueba, divididas en 2 clases: *Drosophila melanogaster* y *Drosophila simulans*. El tiempo de evaluación fue de aproximadamente 52 segundos.

La exactitud del modelo en las imágenes de prueba fue de 0,75. Lo que indica que el modelo predijo correctamente la clase de aproximadamente 3/4 de las imágenes de prueba.

La precisión para *Drosophila melanogaster* fue de 0,69 lo que significa que el modelo predijo alrededor de los 2/3 de las imágenes de esta clase, mientras que para *Drosophila simulans* fue de 0,86, lo que significa que el modelo predijo correctamente alrededor de las 6/7 de las imágenes de esta clase.

Con respecto a la sensibilidad para cada clase, se obtuvo que para *Drosophila melanogaster* fue de 0,91, lo que significa que el modelo detectó aproximadamente 9/10 de las imágenes de esta clase, mientras que para *Drosophila simulans* fue de 0,59 lo que significa que el modelo detectó aproximadamente 6/10 de las imágenes de esta clase.

En la matriz de confusión, predijo correctamente 470 imágenes de *Drosophila melanogaster* y 305 imágenes de *Drosophila simulans*, mientras que predijo incorrectamente 48 imágenes de *Drosophila melanogaster* como *Drosophila simulans* y 213 imágenes de *Drosophila simulans* como *Drosophila melanogaster*. Ver matriz de confusión

TP=470	FN=48
FP=213	TN=305
Especificidad para <i>Drosophila melanogaster</i>	0,59
Especificidad para <i>Drosophila simulans</i>	0,91

Tabla 4. Matriz de confusión de ResNet50.

Esta matriz de confusión se puede interpretar de la siguiente manera:

- TP = 470, verdaderos positivos para *Drosophila melanogaster*, el modelo clasificó de manera correcta 470 micrografías de *D. melanogaster*.
- FN = 48, falsos negativos, ResNet50 clasificó de manera incorrecta 48 micrografías que pertenecían a *D. melanogaster* como *D. simulans*.
- FP = 213, falsos positivos, el modelo seleccionado clasificó de manera incorrecta 213 micrografías de *D. simulans* como micrografías de *D. melanogaster*.
- TN = 305, verdaderos negativos, ResNet50 clasificó de manera correcta 305 micrografías como *D. simulans*.

La curva ROC muestra que el modelo ResNet50 es muy bueno para distinguir entre las dos clases. Con un área bajo la curva de 0,93, la curva se encuentra muy por encima de la diagonal, lo que indica que el modelo tiene una alta TPR y una baja FPR.

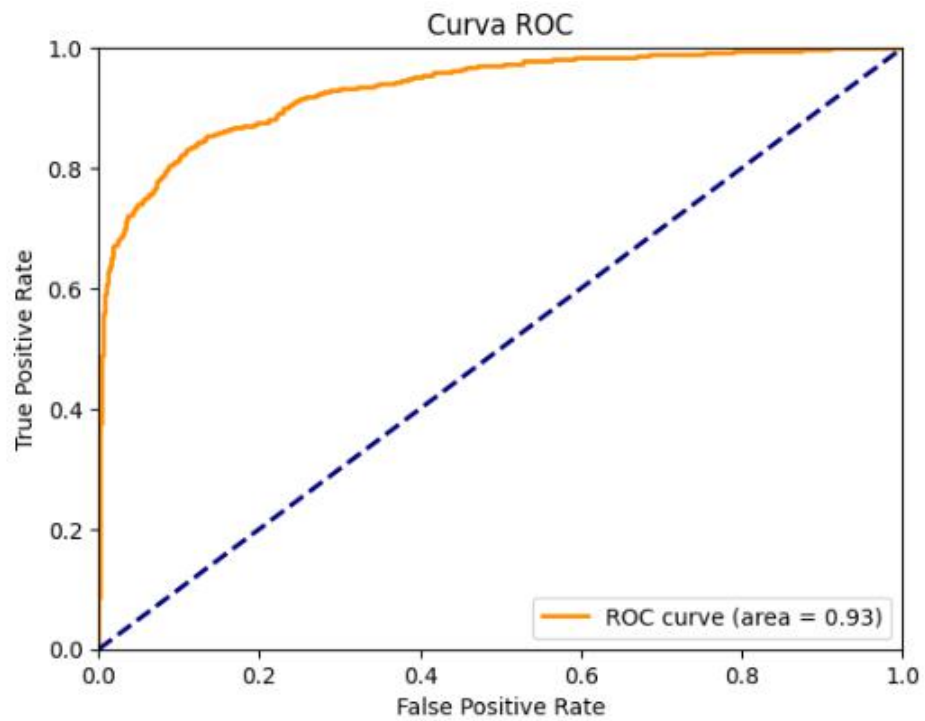


Imagen 1. Resultado del gráfico ROC para ResNet50.

CONCLUSIONES

Se llevó a cabo el desarrollo de una red neuronal convolucional, ResNet50, para la identificación de las dos especies *Drosophila melanogaster* y *Drosophila simulans*. Utilizando micrografías de alas, tórax y abdomen, aplicando algoritmos de aprendizaje profundo como *transfer learning*, ya que se utiliza la arquitectura ResNet50 pre-entrenada, misma que se entrena con las imágenes propias y luego se procede a congelar sus capas, permitiendo que el modelo aproveche lo aprendido en la tarea de clasificación de las dos clases de *Drosophila*. La clasificación se realizó con base en la morfología de cada una de las partes de estudio, lo que permitirá futuras aplicaciones en trabajos taxonómicos y estudios genéticos.

En el presente trabajo se logró compilar un conjunto de datos que comprenden series de micrografías de alas, tórax y abdomen de las dos especies de estudio. Las mismas fueron divididas en relación 70% para el entrenamiento y el 30% para la evaluación. Con la finalidad de reducir el error de entrenamiento, se aplicó aumento de datos, ajuste fino de hiperparámetros, técnicas de regularización como *batch normalization*, *weight decay*, *residual connections*, *dropout* y *global average pooling*, además de la función de pérdida de entropía cruzada y el método de optimización Adam (Kingma & Ba, 2014).

Se diseñó una red neuronal convolucional llamada ResNet50 utilizando las imágenes recopiladas de las dos clases entrenándola en las siguientes etapas: preparación de los datos, construcción de los modelos, entrenamiento de los modelos donde comprende la compilación, ajuste y salvado del modelo. Los puntos clave del entrenamiento son el aumento de datos, el aprendizaje por transferencia y el ajuste fino de hiperparámetros.

Se realizó la evaluación del desempeño del utilizando el 30% de la batería de micrografías como datos independientes. Se obtuvo una precisión para *D. melanogaster* de 0,6 y para *D. simulans* un 0,86. Adicionalmente, se alcanzó una sensibilidad del 0,91 para *D. melanogaster* y del 0,59 para *D. simulans*. También se vio una especificidad para *D. melanogaster* de un 0,59 y para *D. simulans* del 0,9. Esto permitió evaluar la eficacia del modelo en la identificación de las dos especies de *Drosophila*.

La exactitud en la evaluación fue alta (0,74) lo que indica que la red neuronal tiene un éxito moderado a nuevos datos. Sin embargo, es importante notar que la pérdida en el conjunto de validación no disminuyó monótonamente, lo que podría indicar que la red neuronal se ajustó demasiado a los datos de entrenamiento. Es posible que se requiera un ajuste adicional de los hiperparámetros o la arquitectura de la red neuronal para mejorar aún más el desempeño.

Al comparar los *F1-scores* de ambas clases, podemos ver que el modelo tiene un desempeño ligeramente mejor en la clasificación de imágenes de *Drosophila melanogaster* (0,78) que en la clasificación de imágenes de *Drosophila simulans* (0,7).

El modelo es más efectivo en la detección de características que distinguen a *Drosophila melanogaster* de otras imágenes, en comparación con la detección de características que distinguen a *Drosophila simulans*.

DISCUSIÓN

Durante las últimas dos décadas las especies *D. melanogaster* y *D. simulans*, se clasificaron taxonómicamente como la misma; posteriormente gracias a trabajos biogeográficos, ecología y polimorfismo de ADN se ha logrado separarlas como especies diferentes. Para poder diferenciar las dos especies se ha recurrido al estudio de sus cromosomas politénicos. Los mismos difieren por una larga inversión paracéntrica en el cromosoma 3R y que en el porcentaje de ADN repetitivo no son similares, así como a las ultraestructuras como alas (Capy y Gibert, 2004).

En el presente trabajo se utilizaron las micrografías de alas, tórax y abdomen, no los genitales, la cual es importante para la identificación a nivel de especie. Sin embargo, la CNN ha conseguido una identificación alta de las especies de estudio.

Con respecto a las partes corporales de las especies de estudio, en el trabajo de Edwards *et al.* (2007), en A Database of Wing Diversity in the Hawaiian *Drosophila*, las micrografías de las alas fueron procesadas con Photoshop utilizando “Warming Filter 81” con la finalidad de neutralizar el fondo y tornarlo gris, y para el contraste se usó “Curves”. La finalidad de estos procesos fue para que los fondos fueran uniformes, y lograr que las alas se pudieran comparar y distinguir entre sí. No se realizó la identificación de las especies a través de CNN, pero señala que las micrografías de las alas pueden ser utilizadas para identificar especies del género *Drosophila* con un adecuado entrenamiento de varias redes convolucionales.

Por otro lado, en el trabajo de Perrard *et al.* (2014) se utiliza la venación de las alas de insectos como herramienta para la identificación hasta nivel de especies. Sería de gran ayuda entrenar la CNN para reconocer el patrón de venación de las alas de las especies del género en estudio. En el presente trabajo se usan las micrografías de las alas, pero no para identificar las especies por la disposición y características de la venación. Sin embargo, la especificidad de identificación fue 0,59 para *D. melanogaster* y del 0,91 para *D. simulans* usando las micrografías de las alas.

En el trabajo de Cordeiro (2022), pese a que no se trata del mismo género de las especies en estudio, se utilizó un banco con micrografías de 3 especies de *Aedes*. Las muestras fueron fotografiadas en diferentes posiciones, cambiando el ángulo de inclinación. La cantidad de micrografías fue de 6000, mientras que en este estudio fueron 1727. El mismo autor no utilizó micrografías de alas, tórax y abdomen, sino que se usó el insecto entero y separó los especímenes entre macho y hembra. No obstante, según los resultados obtenidos con ResNet50, no existe ninguna diferencia en el uso de partes diseccionadas como el espécimen completo. La exactitud obtenida en la evaluación de las imágenes es del 0,93, mientras que en el presente trabajo es del 0,74 considerando que existe una diferencia del 71,22% en la cantidad de micrografías entre el trabajo del autor y el actual.

Otro aspecto a comparar es la cantidad de épocas. El autor trabajó con 300, mientras que nosotros trabajamos con 10. El haber trabajado con 300 épocas permite a la red convolucional un mejor entrenamiento que con 10, pero no existe una gran diferencia en el desempeño final del modelo. También se puede aclarar que, debido a la cantidad de imágenes de entrenamiento, es mejor utilizar varias épocas para que las imágenes se puedan generalizar mejor, es decir, el modelo pueda verlas varias veces y aprender a distinguirlas mejor.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abadi, M., Barham, P., Chen, J., Chen, Z., Davis, A., Dean, J., ... Zheng, X. (2016). TensorFlow: A system for large-scale machine learning. 12th USENIX Symposium on Operating Systems Design and Implementation (OSDI 16), 265-283. <https://www.usenix.org/conference/osdi16/technical-sessions/presentation/abadi>
- Capy, P., & Gibert, P. (2004). *Drosophila melanogaster, Drosophila simulans*: so similar yet so different. En Contemporary issues in genetics and evolution (pp. 5-16). https://doi.org/10.1007/978-94-007-0965-2_1
- Charccahuana Sequera, A. (2023). *Drosophila melanogaster*. IDEMA, Agropecuaria. 019-Entomología general. Recuperado el 22 de junio de 2024 en https://books.instituto-idema.org/sites/default/files/2023_10_17_01_12_50_albertocharccahuanagmail.com_Drosophila_melanogaster_Mosca_de_la_fruta.pdf
- Cordeiro, G. (2022). Reconhecimento de espécies de mosquitos por meio de métodos computacionais inteligentes baseados em aprendizagem profunda. Universidade Federal de Pernambuco Centro de Informática Programa de Pós-graduação em Ciência da Computação.
- Edwards, K. A., Doescher, L. T., Kaneshiro, K. Y., & Yamamoto, D. (2007). A Database of Wing Diversity in the Hawaiian *Drosophila*. ISU ReD: Research And eData. <https://ir.library.illinoisstate.edu/fpbiosci/10>
- Ferreras Extremo, A. (2021). Estudio de algoritmos de redes neuronales convolucionales en dataset de imágenes médicas. Universidad de Valladolid. <https://uvadoc.uva.es/handle/10324/47137>
- Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). Deep Learning. MIT Press.
- Han, J., Kamber, M., & Pei, J. (2011). Data mining: Concepts and techniques (3rd ed.). Morgan Kaufmann.

- Harrison, R. A. (1959): *Acalypterate Diptera* de Nueva Zelanda. Boletín del Departamento de Investigación Científica e Industrial de Nueva Zelanda. Recuperado el 22 de junio de 2024 en <https://paperspast.natlib.govt.nz/periodicals/TPRSNZ1951-79.2.53>
- He, K., Zhang, X., Ren, S., & Sun, J. (2016). Deep residual learning for image recognition. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 770-778. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2016.90>
- Kingma, D. P., & Ba, J. (2014). Adam: A Method for Stochastic Optimization. arXiv.org. <https://arxiv.org/abs/1412.6980>
- López Saca, F. (2019). Clasificación de imágenes usando redes neuronales convolucionales. Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Azcapotzalco. Maestría en Ciencias de la Computación Área: procesamiento de señales y reconocimiento de patrones. Recuperado el 30 de diciembre de 2023 en http://zaloamati.azc.uam.mx/bitstream/handle/11191/6123/Clasificacion_de_imagenes_Lopez_Saca_F_2019.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Martínez Llamas, J. (2018). Reconocimiento de imágenes mediante redes neuronales convolucionales. Universidad Politécnica de Madrid, Escuela Técnica Superior de Ingeniería de Sistemas Informáticos.
- Perrard, A., Baylac, M., Carpenter, J. M., & Villemant, C. (2014). Evolution of wing shape in hornets: why is the wing venation efficient for species identification? Journal Of Evolutionary Biology, 27(12), 2665-2675. <https://doi.org/10.1111/jeb.12523>
- Simonyan, K., & Zisserman, A. (2014). *Very deep convolutional networks for large-scale image recognition*. arXiv. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1409.1556>
- Tan, M., & Le, Q. V. (2019). EfficientNet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks. In Proceedings of the 36th International Conference on Machine Learning (ICML), 6105-6114. PMLR. <https://proceedings.mlr.press/v97/tan19a/tan19a.pdf>
- Van Rossum, G., & Drake Jr, F. L. (1995). Python reference manual. Centrum voor Wiskunde en Informatica Amsterdam.