
Clasificación de Especies : Un Enfoque para Mejorar la Precisión en la Identificación de Serpientes

Species Classification: An Approach to Improve Accuracy in Snake
Identification shorttitle

Diego F. Ruiz Sandoval^a
diegoruizs@usantotomas.edu.co

Osnamir E. Bru Cordero^b
oebruc@unal.edu.co

Cristian F. Tellez Piñerez^c
cristiantellez@usta.edu.co

Resumen

Este trabajo tiene como objetivo aplicar técnicas modernas de análisis de datos, en particular redes neuronales, para mejorar la clasificación de especies de serpientes en Colombia, utilizando información obtenida de registros y observaciones compartidas en plataformas sociales como Facebook, donde los usuarios documentan avistamientos y características de las serpientes. Además de la clasificación precisa de las especies, se espera identificar patrones en la distribución geográfica y comportamientos de estas especies. Aunque las redes neuronales ofrecen una ventaja significativa en términos de precisión, presentan la desventaja de ser modelos de "caja negra", lo que dificulta su interpretación. A pesar de esta limitación, el estudio se basa en evidencia de investigaciones previas y en datos de la comunidad en línea, con la expectativa de mejorar tanto la identificación de especies como la comprensión de sus patrones de distribución, contribuyendo al desarrollo de estrategias de conservación más efectivas y a la protección de la biodiversidad en Colombia.

Palabras clave: Capas, Machine learning, Redes Neuronales, Deep Learning, Probabilidad, clasificación, RNN, Perceptron.

Abstract

This work aims to apply modern data analysis techniques, particularly neural networks, to improve the classification of snake species in Colombia, using information

^aEstudiante Maestría en Estadística Aplicada

^bDirector, Profesor asistente Universidad Nacional de Colombia , sede de La Paz Cesar

^cCo-director, Profesor Universidad Santo Tomás

obtained from records and observations shared on social platforms like Facebook, where users document sightings and characteristics of snakes. In addition to the accurate classification of species, the study is expected to identify patterns in the geographical distribution and behaviors of these species. While neural networks offer a significant advantage in terms of accuracy, they have the disadvantage of being "black box" models, making them difficult to interpret. Despite this limitation, the study builds on evidence from previous research and data from the online community, with the expectation of improving both species identification and understanding of distribution patterns, contributing to the development of more effective conservation strategies and the protection of biodiversity in Colombia.

Keywords: Layers, Machine Learning, Neural Networks, Deep Learning, Probability, Classification, RNN, Perceptron.

1. Introducción

1.1. Contexto y justificación

Las serpientes juegan un papel fundamental en los ecosistemas como predadores y presas, contribuyendo al equilibrio ecológico y al control de plagas, lo que tiene efectos directos en la salud del ecosistema y los servicios que este brinda. A pesar de su importancia, son un grupo taxonómico poco estudiado, especialmente en países como Colombia, donde la información sobre su ecología y conservación es limitada. Esto, sumado a las amenazas del cambio climático y los impactos antrópicos como la urbanización, las convierte en un grupo vulnerable y en riesgo de extinción. La realización de estudios enfocados en comprender mejor su vulnerabilidad y la influencia de los impactos humanos es esencial para diseñar estrategias de conservación efectivas. Además, una mayor comprensión del estado de conservación de las serpientes puede influir en la toma de decisiones políticas, promoviendo la protección de estas especies y garantizando la provisión de los servicios ecosistémicos que benefician tanto al medio ambiente como a las comunidades humanas (Hurtado Morales, 2021).

En los últimos años, la ciencia ciudadana ha emergido como un enfoque innovador para la recolección de datos en estudios de biodiversidad. Este concepto se refiere a la participación activa de ciudadanos en la investigación científica, donde personas no expertas contribuyen a la recopilación y análisis de datos, ampliando el alcance de las investigaciones tradicionales. Las redes sociales y las plataformas de ciencia ciudadana facilitan la difusión de información y permiten que los ciudadanos compartan observaciones sobre especies, lo que resulta en un enriquecimiento significativo de la base de datos ecológica. Este enfoque no solo democratiza el acceso a la ciencia, sino que también ofrece valiosos recursos para la identificación y conservación de especies, especialmente en regiones biodiversas como Colombia (Silvertown, 2009).

Los modelos tradicionales para la clasificación de variables categóricas, como la regresión logística y los árboles de decisión, presentan varias limitaciones, incluyendo su suposición de linealidad y la independencia de variables, así como su sensibilidad a valores atípicos y la dificultad para manejar clases desbalanceadas. Estas restricciones pueden llevar a un subajuste y a un rendimiento deficiente en escenarios complejos. Para superar estas limitaciones, se han desarrollado métodos más avanzados de aprendizaje automático que ofrecen mayor flexibilidad y capacidad para capturar relaciones no lineales y patrones complejos en los datos (James et al., 2013).

Identificar y clasificar correctamente las especies de serpientes es fundamental para la conservación y la gestión de la biodiversidad. Las redes neuronales pueden analizar datos obtenidos de registros en plataformas sociales, como Facebook, donde los usuarios comparten avistamientos y observaciones de serpientes. Este enfoque no solo proporciona una herramienta poderosa para clasificar y entender las serpientes, sino que también contribuye a la identificación de patrones de distribución y comportamiento, lo cual es esencial para desarrollar estrategias de conservación efectivas (Progga et al., 2021).

La aplicación de redes neuronales en este contexto permite clasificar rápidamente las especies de serpientes, optimizar la recolección de datos y mejorar la eficiencia de los programas de conservación. Al utilizar algoritmos avanzados de aprendizaje automático, se pueden detectar patrones y relaciones en los datos que ayudan a identificar áreas de mayor diversidad y amenazas para las serpientes. Esta tecnología no solo mejora el conocimiento sobre las especies y sus hábitats, sino que también facilita una respuesta proactiva a las amenazas ambientales y contribuye a la protección de la biodiversidad (Kalinathan et al., 2021).

La implementación de redes neuronales para clasificar y analizar datos sobre serpientes tiene una importancia significativa para la conservación y el estudio de la biodiversidad. Para los investigadores y conservacionistas, esta tecnología representa una herramienta clave para gestionar y proteger las especies de serpientes de manera más efectiva. Además, el uso de datos comunitarios y plataformas sociales para recolectar información sobre serpientes puede enriquecer el conocimiento sobre su biología y ecología, mejorando las estrategias de conservación y fomentando una mayor conciencia pública sobre la importancia de preservar estas especies. A largo plazo, el uso de técnicas avanzadas de análisis de datos puede conducir a una comprensión más profunda de las serpientes y sus ecosistemas, promoviendo un enfoque más informado y efectivo para la conservación de la biodiversidad (Naz et al., 2024).

En los últimos años, el auge de las plataformas digitales y las redes sociales ha generado una nueva oportunidad para la recolección de datos relacionados con la biodiversidad. Plataformas como Facebook permiten que ciudadanos comunes participen en el monitoreo y registro de especies, lo que proporciona un volumen considerable de datos sobre la presencia y distribución de serpientes en regiones específicas. Sin embargo, los datos generados a través de estas plataformas son inherentemente ruidosos y poco estructurados, lo que plantea nuevos retos para su

análisis y validación (Chandler et al., 2017).

En este contexto, la clasificación automática de especies mediante técnicas de inteligencia artificial se presenta como una solución prometedora en el ámbito de la biología y conservación. En particular, el uso de redes neuronales artificiales (ANN) ofrece la posibilidad de clasificar con precisión serpientes utilizando grandes volúmenes de datos, que pueden incluir imágenes, descripciones textuales y características morfológicas. Sin embargo, a pesar de su potencial, estas técnicas enfrentan desafíos importantes, como el desequilibrio de clases, donde algunas especies están sobrerrepresentadas en los datos, mientras que otras cuentan con muy pocas observaciones. Además, un aspecto crucial de las redes neuronales es su falta de interpretabilidad, dado que a menudo se les considera modelos de “caja negra”. Aunque estos modelos pueden generar predicciones altamente precisas, su escasa explicabilidad representa una barrera significativa, especialmente cuando las decisiones afectan directamente a la conservación de especies.

2. Objetivos

2.1. Objetivo general

Desarrollar un modelo basado en redes neuronales para clasificar y predecir las especies de serpientes en Colombia, enfocándose en las familias Colubridae, Viperidae, Boidae y Elapidae, utilizando datos de observaciones de plataformas de participación ciudadana y redes sociales.

2.2. Objetivos específicos

- Diseñar y desarrollar un modelo de red neuronal profunda (DNN) capaz de clasificar automáticamente las especies de serpientes en Colombia basado en los datos recopilados.
- Evaluar la precisión y robustez del modelo de red neuronal profunda (DNN) desarrollado para la clasificación de especies de serpientes en Colombia mediante la implementación de técnicas de validación cruzada y metodologías de evaluación específicas, incluyendo la validación de conjuntos de entrenamiento, prueba y validación, así como el análisis de la matriz de confusión, utilizando diversas métricas de rendimiento.
- Comparar el desempeño del modelo de red neuronal profunda (DNN) con un modelo de Máquina de Soporte Vectorial (SVM) para la clasificación de especies de serpientes en Colombia, utilizando las mismas métricas de rendimiento y técnicas de validación cruzada, con el fin de determinar cuál enfoque ofrece mejores resultados en términos de precisión, robustez y generalización.

3. Estudios previos

Una investigación reciente implementó un modelo de red neuronal artificial (ANN) para la clasificación de animales en distintas categorías, basado en características como la presencia de pelo, la capacidad de volar, el número de patas, entre otros factores clave. Utilizando un algoritmo de retropropagación en una arquitectura de perceptrón multicapa, el modelo fue entrenado con un conjunto de datos que representaba atributos característicos de diversas especies. Durante el entrenamiento, el modelo ajustó los pesos de las conexiones neuronales para reducir al máximo el error, optimizando su capacidad predictiva. Los resultados obtenidos después de la validación y pruebas con un conjunto de datos de prueba fueron notables, ya que el modelo logró una precisión del 100 % en la clasificación de animales. Este desempeño sobresaliente demuestra no solo la eficacia del modelo de red neuronal, sino también su potencial para superar métodos tradicionales de clasificación, subrayando su capacidad para manejar tareas complejas de predicción en entornos donde múltiples factores están interrelacionados. Los resultados sugieren que las ANN son una herramienta altamente eficiente para la clasificación automatizada en contextos con variables complejas y dinámicas (Nasser and Abu-Naser, 2019).

A pesar del progreso en la aplicación de redes neuronales en la clasificación de diversas especies animales, existe un vacío significativo en la bibliografía respecto al uso de estas técnicas para la clasificación de serpientes. Aunque se han utilizado ampliamente en otras áreas de la biología, como la clasificación celular y otras categorías de animales, pocos estudios han explorado el potencial de las redes neuronales en el ámbito específico de la identificación y clasificación de serpientes. Este vacío en la literatura resalta una oportunidad importante para contribuir al desarrollo de modelos predictivos aplicados a la biología herpetológica, área que aún no ha sido ampliamente explorada en términos de machine learning. Este trabajo busca llenar ese vacío, aplicando redes neuronales para mejorar la identificación y clasificación automatizada de serpientes a partir de características descriptivas representadas en datos tabulares..

Al igual que en la clasificación celular, las redes neuronales pueden aplicar técnicas avanzadas para analizar características complejas de imágenes o datos de comportamiento de serpientes, tales como patrones de color, forma y movimiento. Los resultados obtenidos con las redes neuronales, especialmente con la red neuronal convolucional unidimensional (1D-CNN), demostraron ser altamente efectivos, mostrando un rendimiento superior en comparación con métodos tradicionales como Adaboost y SVM (Troullinou et al., 2020)[p.10]. Esta metodología puede transferirse a la clasificación de serpientes, donde el uso de redes neuronales permitiría una identificación precisa y automatizada de especies a partir de datos de campo.

La capacidad de las redes neuronales para manejar grandes volúmenes de datos y detectar características sutiles ofrece una herramienta poderosa para el estudio y la conservación de serpientes, proporcionando una clasificación más rápida y precisa que los métodos manuales. Además, el desarrollo de redes de aprendizaje continuo

podría facilitar la integración de nuevas especies en el sistema sin necesidad de un reentrenamiento completo, lo cual sería valioso para mantener actualizados los sistemas de clasificación en función de nuevas adquisiciones o descubrimientos. Así, la aplicación de estas técnicas en la biología de serpientes no solo optimizaría la identificación y el estudio de estas especies, sino que también contribuiría a la conservación y a la investigación en ecología herpetológica.

En el contexto de la biología moderna, el uso de técnicas de machine learning y redes neuronales ofrece un enfoque revolucionario para abordar la complejidad y el volumen de datos biológicos que se generan continuamente. Las técnicas tradicionales de análisis de datos a menudo se enfrentan a desafíos significativos cuando se trata de manejar grandes conjuntos de datos con dimensiones elevadas y relaciones complejas entre variables. El machine learning, en particular, proporciona herramientas poderosas para identificar patrones ocultos y realizar predicciones precisas a partir de datos biológicos, lo que resulta crucial para el entendimiento de fenómenos biológicos complejos. Las redes neuronales, y en particular las redes neuronales profundas, son capaces de modelar y aprender representaciones jerárquicas de datos a través de múltiples capas, lo que les permite capturar y comprender interacciones sutiles y no lineales entre diferentes características biológicas, como la expresión génica o la estructura de proteínas. Este enfoque es particularmente valioso en aplicaciones como la identificación de biomarcadores para enfermedades, la predicción de respuestas a tratamientos y la integración de datos genómicos con fenotipos clínicos.

Las conclusiones de investigaciones recientes respaldan la eficacia de estas técnicas. Los estudios han demostrado que el uso de machine learning no solo mejora la precisión de los modelos predictivos en biología, sino que también permite descubrir patrones y relaciones que no serían evidentes mediante métodos tradicionales. Por ejemplo, el análisis de datos de expresión génica utilizando redes neuronales ha permitido la identificación de subtipos de cáncer con una precisión notable, proporcionando una base para tratamientos más personalizados y efectivos. Además, las técnicas de machine learning han facilitado el descubrimiento de nuevas interacciones biológicas y la integración de datos provenientes de diferentes plataformas, como secuenciación genómica y datos clínicos. En resumen, la aplicación de machine learning y redes neuronales en biología no solo mejora la precisión y la eficiencia del análisis de datos, sino que también abre nuevas posibilidades para descubrir conocimientos biológicos profundos y para el desarrollo de aplicaciones prácticas en medicina y biotecnología. La capacidad de estas técnicas para gestionar y analizar grandes volúmenes de datos complejos subraya su importancia creciente en la investigación biológica y en el avance hacia una medicina más personalizada y precisa (Tarca et al., 2007).

4. Marco teórico

En esta sección se presenta toda la teoría correspondiente a los terminos y conocimientos requeridos que se usaran en secciones posteriores. Habrá un particular énfasis en las redes neuronales artificiales y algunas modificaciones aplicadas a estas.

4.1. Redes neuronales

Las redes neuronales son modelos de aprendizaje automático inspirados en el funcionamiento del cerebro humano. Según Bishop, una red neuronal es un modelo paramétrico flexible y no lineal compuesto por múltiples capas de unidades de procesamiento, conocidas como neuronas. Cada neurona realiza una transformación lineal de sus entradas seguida de una función de activación no lineal.

Bishop describe que la estructura básica de una red neuronal incluye las siguientes capas:

Capa de Entrada: Es la capa que recibe los datos de entrada. Cada nodo en esta capa representa una característica del dato de entrada. **Capas Ocultas:** Estas son una o más capas intermedias que procesan las entradas aplicando transformaciones lineales y funciones de activación no lineales. Las capas ocultas permiten que la red neuronal capture y modele relaciones no lineales complejas en los datos. **Capa de Salida:** Es la capa final que produce la predicción o salida del modelo. El número de nodos en esta capa depende del tipo de problema que se esté abordando, como clasificación o regresión. **Proceso de Aprendizaje** El aprendizaje en una red neuronal implica la optimización de los pesos de las conexiones entre las unidades. Esto se realiza utilizando algoritmos de optimización como el descenso de gradiente. Durante el entrenamiento, se emplea la técnica de retropropagación para calcular los gradientes necesarios para la actualización de los pesos, minimizando así la función de pérdida que mide la discrepancia entre las predicciones del modelo y los valores reales (Bishop, 2006).

$$\hat{y} = \mathcal{F}(\mathbf{x}; \theta)$$

$$\theta = \left\{ \mathbf{W}^{(l)}, \mathbf{b}^{(l)} \right\}_{l=1}^L$$

- $\mathbf{W}^{(l)}$ es la matriz de pesos que conecta la capa $l - 1$ con la capa l . Tiene dimensiones $n_l \times n_{l-1}$, donde n_l es el número de neuronas en la capa l y n_{l-1} es el número de neuronas en la capa anterior.
- $\mathbf{b}^{(l)}$ es el vector de sesgos para la capa l , con dimensiones $n_l \times 1$, donde n_l es el número de neuronas en la capa l .

4.2. Perceptrón

El perceptrón de Rosenblatt se define como una red neuronal de una sola capa, compuesta por un conjunto de neuronas de entrada, una neurona de salida y un conjunto de pesos asociados a las conexiones entre ellas (Rosenblatt, 1958).

Formalmente el perceptron se describe con los siguientes componentes:

Entradas y pesos:

- x_1, x_2, \dots, x_n representan las entradas del perceptron.
- w_1, w_2, \dots, w_n son los pesos correspondientes a cada una de las entradas.
- b es el sesgo, un término adicional que permite ajustar la salida del modelo.

Suma ponderada:

$$z = \sum_{i=1}^n w_i x_i + b$$

4.3. Redes neuronales artificiales

Una Red Neuronal Artificial (ANN, por sus siglas en inglés) es un modelo de aprendizaje automático inspirado en la estructura y el funcionamiento del cerebro humano. Según Goodfellow, Bengio y Courville (2016), una ANN se define de la siguiente manera: "Una red neuronal artificial es un modelo computacional compuesto por múltiples capas de unidades de procesamiento (neuronas) conectadas entre sí. Cada conexión tiene un peso que se ajusta durante el proceso de aprendizaje. Las ANN están diseñadas para aprender representaciones de datos en múltiples niveles de abstracción" (Goodfellow et al., 2016).

4.4. Feedforward neural network o multilayer perceptrons (MLPs)

Una red neuronal feedforward es un tipo de red neuronal en la que las conexiones entre las neuronas no forman ciclos. Este tipo de red está compuesto por capas de nodos (neuronas) dispuestas en una estructura jerárquica. La información se mueve en una sola dirección, desde las capas de entrada hasta las capas de salida, a través de las capas ocultas. Según Bishop, una red neuronal feedforward se define de la siguiente manera:

Una red neuronal feedforward es un modelo compuesto por capas de unidades de procesamiento que realizan una serie de transformaciones de la entrada. Cada capa consiste en un conjunto de neuronas, donde cada neurona toma la entrada de la capa anterior y pasa su salida a la siguiente capa a través de conexiones ponderadas. La red se llama 'feedforward' porque la información se mueve hacia adelante a través de la red, desde los nodos de entrada, a través de las capas ocultas, hasta los nodos de salida, sin ningún bucle de retroalimentación (Bishop, 2006).

4.5. Máquinas de soporte vectorial

Las Máquinas de Soporte Vectorial, en adelante (SVM), según lo descrito en el libro *Pattern Recognition and Machine Learning* de Christopher Bishop, son una técnica de clasificación supervisada que busca identificar el hiperplano óptimo que separa dos clases en el espacio de características. El objetivo principal de una SVM es maximizar el margen, que es la distancia entre el hiperplano y los puntos más cercanos de cada clase, conocidos como vectores de soporte. Para resolver problemas no lineales, las SVM utilizan funciones kernel, que permiten proyectar los datos a un espacio de mayor dimensión donde se puede trazar una separación lineal. Este método se formula como un problema de optimización cuadrática y ofrece un balance entre maximizar el margen y permitir algunos errores en la clasificación (Bishop, 2006).

4.6. K-Folds

La validación cruzada k-fold es un método estadístico utilizado para evaluar el rendimiento de modelos de aprendizaje automático al dividir un conjunto de datos en k subconjuntos (folds) y entrenar el modelo en $k - 1$ de ellos, reservando uno como conjunto de prueba en cada iteración. Este proceso se repite k veces, promediando luego las métricas de rendimiento para obtener una estimación más robusta de la tasa de error del modelo. Se destaca una compensación entre sesgo y varianza en la elección de k : aunque la validación cruzada Leave-One-Out (LOOCV) presenta un sesgo bajo, al utilizar casi todos los datos para el entrenamiento, tiene una varianza alta debido a la similitud entre los conjuntos de entrenamiento, mientras que k-fold CV, con un sesgo ligeramente mayor y una varianza menor, tiende a ofrecer estimaciones más precisas y estables del rendimiento del modelo. Por ello, se recomienda emplear valores de $k = 5$ o $k = 10$, ya que equilibran efectivamente estas dos métricas, proporcionando una evaluación más confiable de la capacidad de generalización del modelo en datos no vistos (James et al., 2013).

5. Datos: recolección y descripción

Durante el periodo del 3 de junio al 30 de septiembre de 2020, se recolectaron datos de Facebook relacionados con serpientes y biodiversidad en Colombia, basándose en el artículo titulado: “Evaluating the utility of Facebook as a source of data for snake research and conservation” por Teddy Angarita-Sierra, Luisa Fernanda Montaña-Londoño y Carlos Andrés Bravo-Vega. Se llevaron a cabo búsquedas manuales diarias entre las 20:00 y las 00:00 horas, acumulando un total de 488 horas de muestreo. Para identificar publicaciones relevantes, se utilizaron palabras clave específicas en español relacionadas con serpientes y biodiversidad, seleccionadas cuidadosamente por su relevancia científica y popularidad en redes sociales. Este método permitió registrar un total de 36 variables en las publicaciones, incluyendo información del grupo, datos del usuario (como sexo y formación en biología),

nombres taxonómicos y comunes de las serpientes, localización geográfica, retroalimentación de las publicaciones (me gusta, compartidos y comentarios), y calidad de los medios (fotos y videos).

La identificación taxonómica se fundamentó en fuentes reconocidas, y se evaluó la precisión de las identificaciones realizadas por los administradores de los grupos. Las coordenadas geográficas se obtuvieron mediante información proporcionada por los usuarios y herramientas como Google Earth y GeoNames. Además, se integraron datos del Global Biodiversity Information Facility (GBIF) para identificar avistamientos que representaran extensiones de rango, contribuyendo al conocimiento sobre la distribución de especies y fomentando la conciencia ambiental en la comunidad. Este enfoque metódico destaca la utilidad de las plataformas de redes sociales como herramientas valiosas para la investigación y conservación de la biodiversidad.

En la metodología empleada, el muestreo utilizado corresponde a un muestreo no probabilístico intencionado, ya que las búsquedas se llevaron a cabo manualmente y se orientaron a publicaciones públicas que contenían datos verificables sobre taxonomía, ubicación geográfica y características morfológicas de serpientes. Además, solo se incluyeron publicaciones que presentaban medios visuales (fotos o videos) de calidad suficiente para garantizar la precisión de las identificaciones. Se excluyeron aquellas publicaciones con información ambigua, incompleta, o sin datos relevantes. Las búsquedas se realizaron en un horario determinado, de 20:00 a 00:00 horas, para maximizar la identificación de publicaciones relevantes dentro de las dinámicas de uso de las redes sociales.

Para garantizar el cumplimiento de criterios éticos, se trabajó exclusivamente con publicaciones públicas disponibles en Facebook, y no se interactuó directamente con los usuarios. Los datos personales identificables (como nombres o imágenes de perfil) fueron anonimizados antes del análisis, asegurando la privacidad de los usuarios. Adicionalmente, el estudio se desarrolló conforme a las políticas de uso de datos de Facebook, y todas las identificaciones taxonómicas fueron validadas por fuentes científicas confiables, reduciendo al mínimo cualquier riesgo de impacto negativo en la comunidad.

En el presente trabajo, se hará uso de los datos recolectados para la construcción de redes neuronales tipo ANN (Artificial Neural Networks), las cuales tienen como objetivo realizar una clasificación de las serpientes y su distribución en Colombia. Estas redes permitirán analizar patrones en la información recopilada, facilitando la identificación de especies y su categorización según diferentes variables, como su taxonomía, características morfológicas y ubicación geográfica. Al aplicar técnicas de aprendizaje automático, se espera no solo mejorar la precisión en la identificación de serpientes, sino también contribuir al entendimiento de su ecología y conservación en el contexto colombiano. Este enfoque integrador combina la tecnología de la inteligencia artificial con datos valiosos obtenidos de redes sociales, destacando la importancia de innovar en métodos de investigación en biología y conservación (Angarita-Sierra et al., 2022).

5.1. Diccionario variable objetivo

Tabla 1: Familias de serpientes y su número de observaciones

Índice	Familia	Número de Observaciones
0	Colubridae	957
1	Viperidae	195
2	Boidae	118
3	Elapidae	84
4	Leptotyphlopidae	8
5	Amphisbaenidae	7
6	Caeciliidae	5
7	Aniliidae	2
8	Gymnophthalmidae	2
9	Anomalepididae	1
10	Fake	1
11	Lumbricidae	1
12	Tropidophiidae	1

*Nota: Solo se utilizarán las familias **Colubridae**, **Viperidae**, **Boidae**, **Elapidae** y **Leptotyphlopidae** para los efectos de la red neuronal y el SVM. El índice se aclarará para las matrices de confusión.*

6. Modelo, resultados y conclusiones

Se realizó una iteración experimental de modelos base utilizando redes neuronales artificiales (ANN) de dos capas ocultas, variando el número de neuronas en cada capa con el objetivo de identificar la arquitectura óptima. Dado que las redes neuronales no se ajustan a un tipo específico de métrica estándar, el proceso fue guiado principalmente por experimentación y análisis de rendimiento en cada configuración. Esta exploración permitió ajustar la estructura del modelo para obtener el mejor desempeño posible en función de los datos, aplicando diferentes combinaciones de neuronas por capa. En el libro *Deep Learning* de Ian Goodfellow, Yoshua Bengio y Aaron Courville, se discute que la configuración óptima de redes neuronales suele determinarse mediante experimentación. Los autores destacan en los capítulos sobre optimización de modelos y búsqueda de hiperparámetros que, debido a la complejidad de las redes, el ajuste de parámetros como el número de neuronas y capas generalmente requiere un enfoque empírico para encontrar el mejor rendimiento.

Se eligió la red neuronal con tres capas, compuesta por 128 neuronas en la primera capa, 32 neuronas en la segunda y 32 neuronas en la tercera. Esta configuración fue seleccionada en función de las métricas de precisión y pérdida, que mostraron un rendimiento óptimo en comparación con otras configuraciones. Al analizar los

resultados, se observó que esta arquitectura equilibraba adecuadamente la complejidad del modelo y la capacidad de generalización, lo que sugiere que puede ser la más adecuada para clasificar familias de serpientes.

Tabla 2: Resultados de las arquitecturas del modelo

Layers	Neurons Layer 1	Neurons Layer 2	Neurons Layer 3	Accuracy	Loss
2	128	16	-	0.9041	0.6542
3	64	32	32	0.8967	0.4801
3	128	32	32	0.8967	0.4234
2	64	64	-	0.8930	0.5628
3	64	16	32	0.8893	0.3688
2	64	16	-	0.8782	0.4392
3	32	64	16	0.8745	0.5777
3	64	32	16	0.8745	0.4883
3	128	16	32	0.8745	0.4404
3	128	32	8	0.8708	0.4276
3	128	32	16	0.8672	0.3960
3	32	32	16	0.8635	0.4905
3	32	16	8	0.8598	0.4568
2	64	32	-	0.8561	0.7089
3	32	16	16	0.8524	0.4645
3	32	16	32	0.8524	0.4514
3	64	32	8	0.8524	0.5143
3	128	16	8	0.8487	0.4819
3	128	16	16	0.8487	0.5137
3	32	32	32	0.8376	0.5249
3	64	64	16	0.8339	0.5091
3	32	32	8	0.8303	0.5593
3	64	64	32	0.8266	0.9127
3	64	64	8	0.8229	0.6132
2	32	64	-	0.8118	1.1903

6.1. Modelo con 3 capas: Base

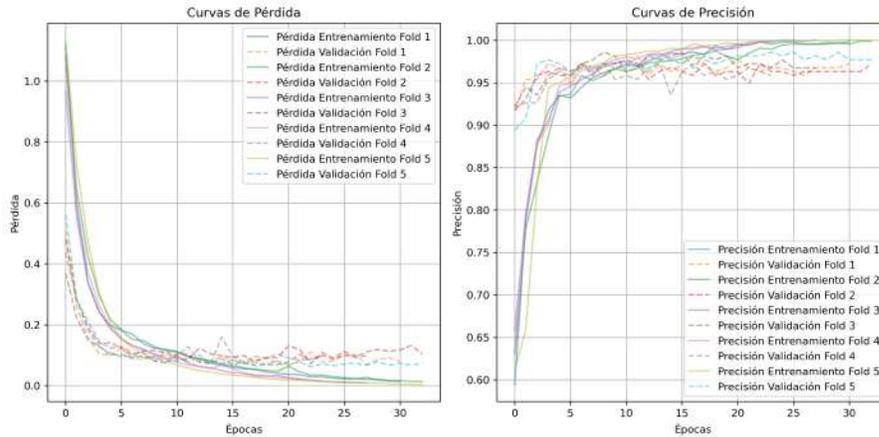


Figura 1: Curvas de pérdida y precisión durante el entrenamiento

Los gráficos muestran el rendimiento de una red neuronal artificial (ANN) de tres capas a lo largo de varias épocas en el contexto de la clasificación de serpientes. En la Curva de Pérdida, tanto la pérdida de entrenamiento como la de validación disminuyen significativamente, lo que indica que la ANN está mejorando su capacidad para clasificar correctamente las distintas especies de serpientes. La pérdida de validación, aunque ligeramente superior a la de entrenamiento, es un comportamiento normal que sugiere que la red no está sobreajustando a los datos de entrenamiento.

En la Curva de Precisión, se observa un aumento sostenido en la precisión de entrenamiento y validación, alcanzando valores cercanos a 1.0. Esto sugiere que la ANN está aprendiendo de manera efectiva y mejorando su habilidad para hacer predicciones correctas sobre la clasificación de serpientes. Aunque la precisión de validación es ligeramente inferior a la de entrenamiento, los resultados indican que la red generaliza adecuadamente a datos no vistos, lo cual es crucial en aplicaciones prácticas donde las imágenes de serpientes pueden variar en condiciones de iluminación, posición y características morfológicas.

Adicionalmente, se empleó validación cruzada con K folds para evaluar el modelo. Este enfoque asegura que los resultados obtenidos son robustos y generalizables a diferentes subconjuntos de datos, lo que es particularmente importante en el contexto de la clasificación de serpientes, donde la variabilidad de las especies y sus características puede ser considerable.

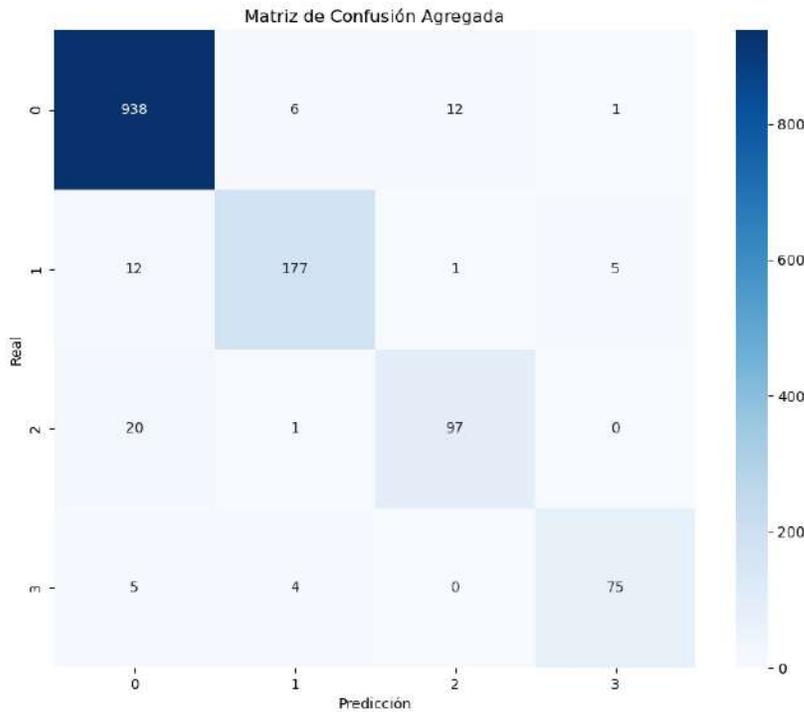


Figura 2: Matriz de confusión para la clasificación de serpientes

La matriz de confusión proporciona una visión clara del rendimiento de la red neuronal artificial (ANN) de tres capas en la clasificación de los datos. En ella, la diagonal principal representa las predicciones correctas, mientras que los valores fuera de la diagonal reflejan los errores de clasificación.

Se observa que la ANN presenta un alto número de verdaderos positivos para la clase 0 (938), lo que indica un rendimiento robusto para esta categoría. Sin embargo, el modelo muestra un desempeño menos eficaz en las clases 1, 2 y 3, con verdaderos positivos de solo 6, 12 y 1, respectivamente. Este patrón sugiere que la ANN enfrenta desafíos significativos al clasificar estas clases, posiblemente debido a un desequilibrio en el conjunto de datos, donde algunas clases tienen un número considerablemente menor de ejemplos. Esta situación puede limitar la capacidad del modelo para aprender y generalizar adecuadamente, resultando en una menor precisión para las clases minoritarias.

Además, se evidencia cierta confusión entre las clases 1 y 2, lo que sugiere que estas categorías pueden compartir características similares que dificultan su dife-

renciación. En resumen, aunque el modelo muestra un rendimiento notable en la clase 0, se identifican oportunidades para mejorar la precisión en las otras clases.

6.2. Modelo con 3 capas: SMOTE

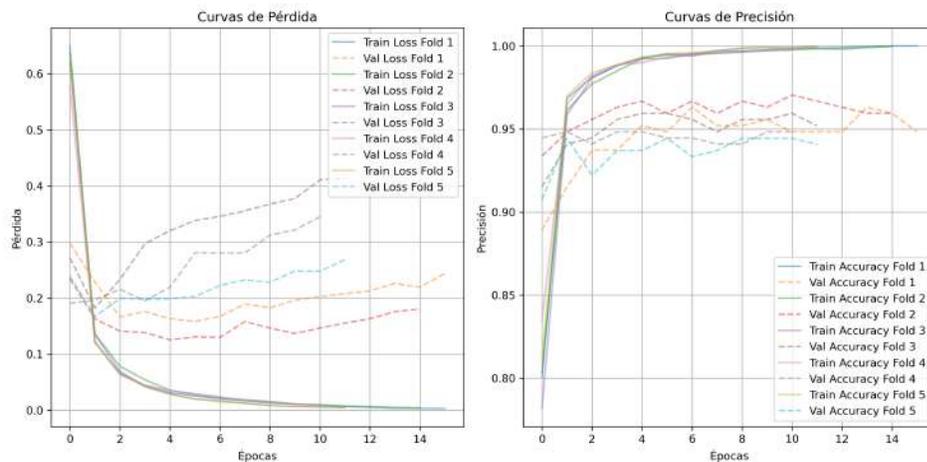


Figura 3: Curvas de pérdida y precisión durante el entrenamiento

En la Curva de Pérdida del modelo con SMOTE, la pérdida de entrenamiento disminuye notablemente; sin embargo, la pérdida de validación no muestra una mejora similar e incluso puede aumentar, lo que indica un posible sobreajuste. De manera análoga, en la Curva de Precisión, la precisión de entrenamiento experimenta un incremento considerable, mientras que la precisión de validación no sigue el mismo patrón, lo que sugiere que el modelo no logra generalizar adecuadamente a datos no vistos.

Esta situación se debe a que SMOTE genera nuevas muestras sintéticas para las clases minoritarias, lo que puede llevar al modelo a aprender patrones específicos de estas muestras en lugar de generalizar a datos reales. Además, si las clases minoritarias presentan características muy similares, el modelo puede sobreajustarse a estas nuevas muestras, comprometiendo su capacidad para realizar predicciones precisas en el conjunto de validación.

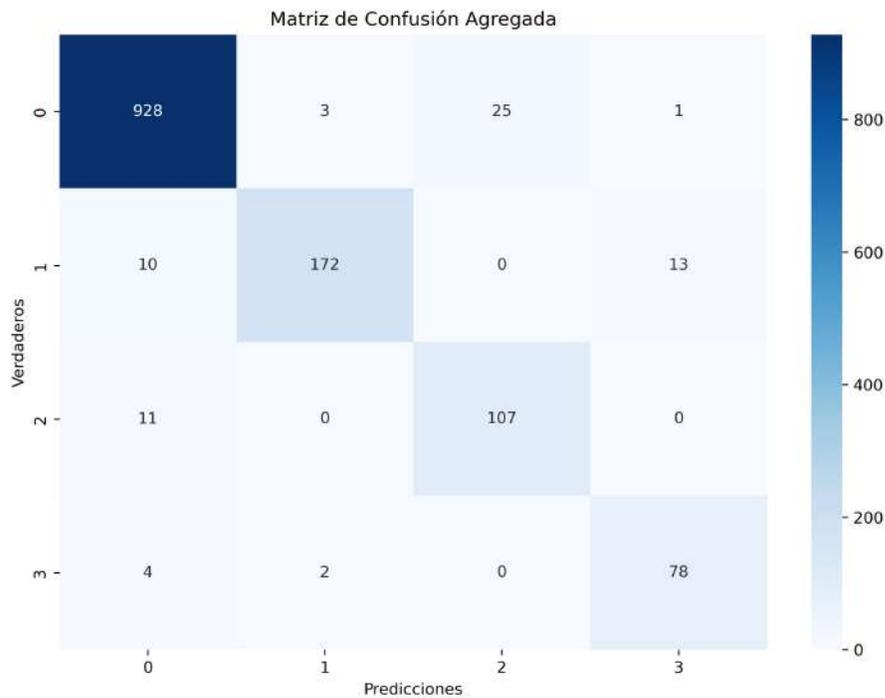


Figura 4: Matriz de confusión para la clasificación de serpientes

Al comparar los gráficos de rendimiento del modelo original con aquellos obtenidos tras aplicar el sobremuestreo utilizando SMOTE (Synthetic Minority Over-sampling Technique), se evidencian diferencias significativas en el comportamiento del modelo. En la matriz de confusión, se observa que la ANN presenta un alto número de verdaderos positivos para la clase 0 (928), pero su desempeño en las clases 1, 2 y 3 es considerablemente inferior, con verdaderos positivos de solo 3, 25 y 1, respectivamente. Esto sugiere que el modelo enfrenta desafíos significativos al clasificar estas clases, posiblemente debido a un desequilibrio en el conjunto de datos.

Es importante resaltar que, a pesar de que el modelo se está validando mediante K-fold cross-validation, los resultados obtenidos con el modelo original son más favorables. Esto sugiere que, aunque SMOTE es una técnica útil para abordar el desbalance de clases, su implementación no siempre garantiza una mejora en el rendimiento del modelo.

6.3. Modelo con 3 capas: Undersampling

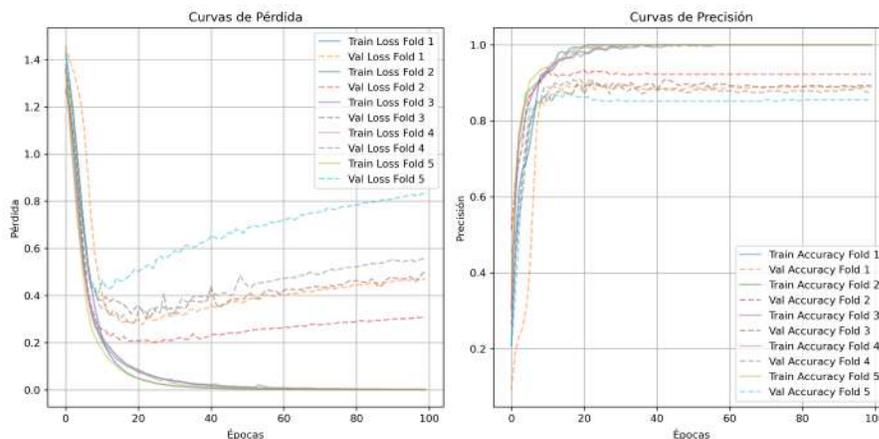


Figura 5: Curvas de pérdida y precisión durante el entrenamiento

Al analizar las curvas de pérdida y precisión del modelo tras aplicar submuestreo, se observa un comportamiento interesante. Aunque la pérdida de entrenamiento disminuye de manera continua, la pérdida de validación presenta fluctuaciones y no muestra una mejora consistente a lo largo de las épocas. Esto sugiere la posibilidad de sobreajuste, ya que el modelo parece adaptarse excesivamente a los datos de entrenamiento reducidos.

Por otro lado, la precisión de entrenamiento se mantiene en niveles elevados, mientras que la precisión de validación no sigue el mismo patrón, evidenciando una mayor variabilidad. Esto indica que el modelo no está generalizando de manera efectiva, y es probable que esté aprendiendo patrones específicos de los datos de entrenamiento reducidos en lugar de captar las características generales del conjunto de datos.

Esta falta de generalización puede comprometer el rendimiento del modelo en datos no vistos y resalta la necesidad de considerar estrategias adicionales, como la implementación de técnicas de regularización o la utilización de un conjunto de datos más equilibrado, para mejorar su capacidad de generalización.

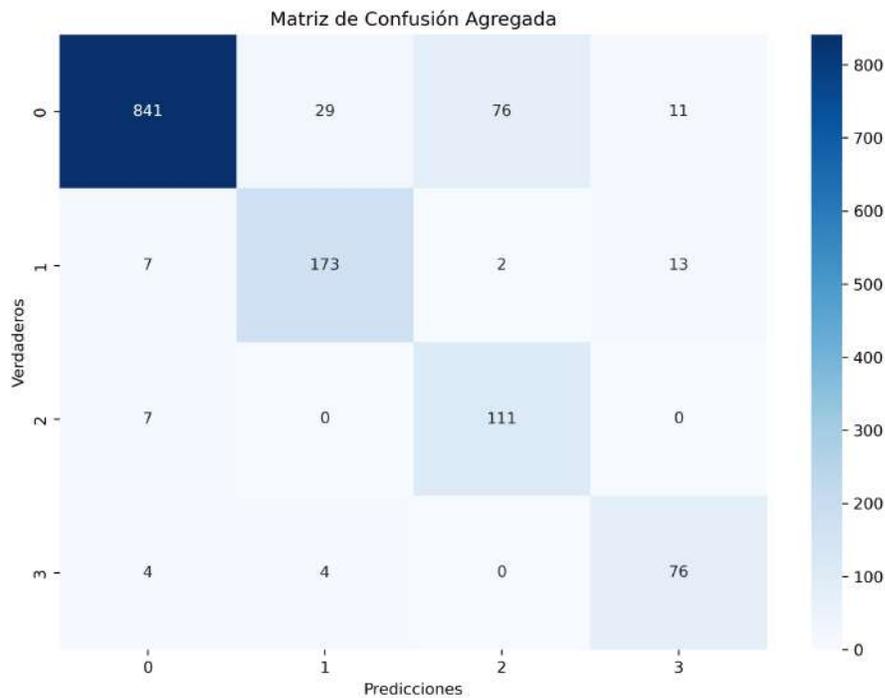


Figura 6: Matriz de confusión para la clasificación de serpientes

La matriz de confusión del modelo con submuestreo muestra un rendimiento inferior en comparación con el modelo original. En esta matriz, se observa que los verdaderos positivos para la clase 0 son 841, con 29 falsos negativos. Para la clase 1, hay 173 verdaderos positivos y 2 falsos negativos. La clase 2 tiene 111 verdaderos positivos y 0 falsos negativos, mientras que la clase 3 cuenta con 76 verdaderos positivos y 4 falsos negativos. Aunque los verdaderos positivos para algunas clases han aumentado ligeramente, el número de predicciones incorrectas sigue siendo significativo.

Este patrón se respalda con las curvas de precisión y pérdida, que corroboran los resultados de la matriz de confusión. En estas curvas, se evidencia que el modelo con submuestreo tiene dificultades para generalizar adecuadamente a datos no vistos, ya que la precisión de validación presenta más variabilidad y la pérdida de validación no mejora de manera consistente. Esto refuerza la conclusión de que el submuestreo no logra un desempeño competitivo en comparación con el modelo original.

6.4. modelo SVM

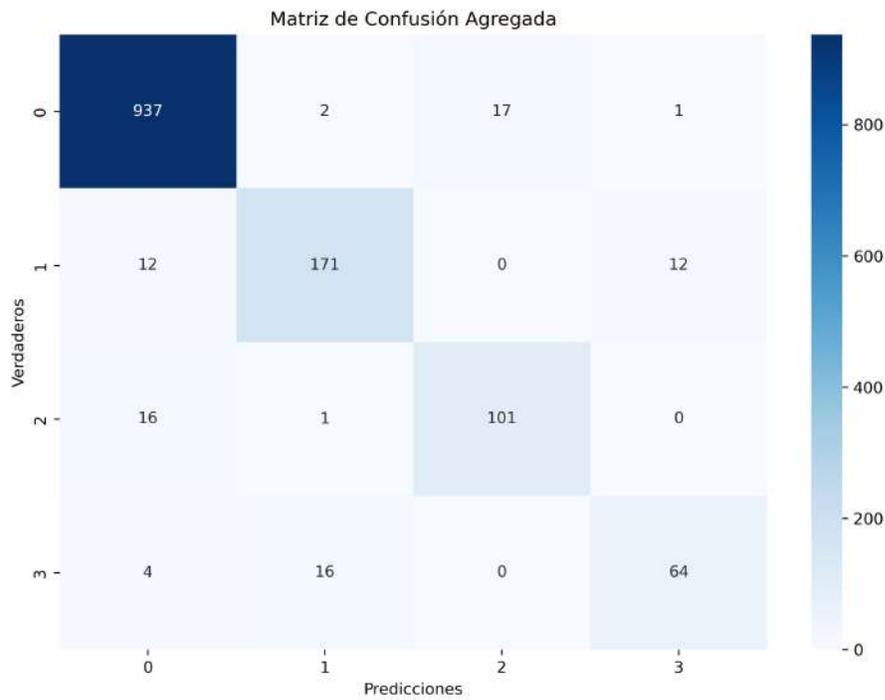


Figura 7: Matriz de confusión para la clasificación de serpientes

En comparación con el modelo SVM, la red neuronal muestra un rendimiento superior en términos generales, especialmente en las clases 0 y 1, donde presenta significativamente menos falsos negativos. En la clase 0, la red neuronal logra 937 verdaderos positivos y solo 12 falsos negativos, mientras que en la clase 1 obtiene 171 verdaderos positivos sin falsos negativos, superando ampliamente al SVM en ambas clases. Aunque el SVM presenta un mejor desempeño en la clase 2, con 101 verdaderos positivos y ningún falso negativo frente a los 17 verdaderos positivos de la red neuronal, el impacto de esta ventaja es menor en el conjunto general. En la clase 3, ambos modelos tienen un desempeño idéntico, con 64 verdaderos positivos y sin falsos negativos. En conjunto, estos resultados sugieren que la red neuronal es más efectiva para este conjunto de datos, ofreciendo un mejor balance entre las clases, mientras que el SVM destaca únicamente en casos puntuales.

6.5. Modelo SVM: Smote

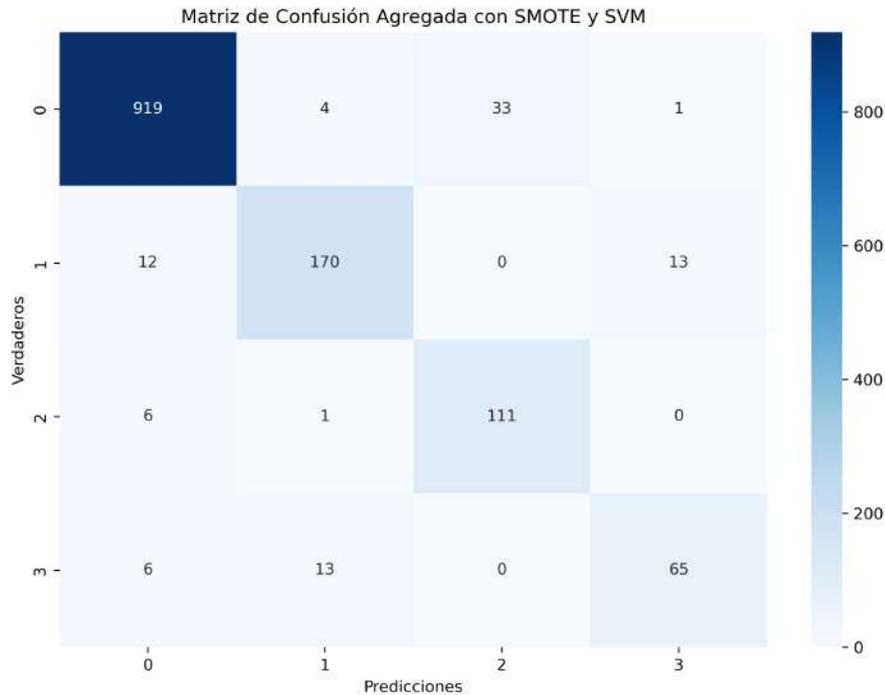


Figura 8: Matriz de confusión para la clasificación de serpientes

El modelo SVM con SMOTE muestra un mejor rendimiento general en comparación con el modelo de red neuronal principal, especialmente en las clases 0 y 2, donde presenta menos falsos negativos. En la clase 0, el SVM logra 919 verdaderos positivos y solo 12 falsos negativos, mientras que en la clase 2 obtiene 111 verdaderos positivos y 6 falsos negativos. Sin embargo, la red neuronal tiene un rendimiento superior en la clase 1, con 170 verdaderos positivos y sin falsos negativos. Esto sugiere que el SVM con SMOTE puede ser más efectivo para este conjunto de datos específico, aunque la red neuronal también tiene sus fortalezas en ciertas clases.

Es importante destacar que el uso de SMOTE presenta algunas desventajas. Una de las principales limitaciones es que esta técnica puede introducir ruido en el conjunto de datos al crear ejemplos sintéticos que no representan adecuadamente las características de los datos originales. Esto puede llevar a un sobreajuste, donde el modelo aprende a generalizar en base a patrones artificiales en lugar de patrones reales, comprometiendo así su rendimiento en datos no vistos. Además, SMOTE no aborda el desbalanceo de clases de manera global, lo que significa que, aunque pueda mejorar el rendimiento en algunas clases, puede no ser suficiente para equili-

brar todas las clases, dejando algunas aún con una representación insuficiente. Por lo tanto, aunque el SVM con SMOTE puede ofrecer ventajas en ciertos aspectos, es esencial considerar estas desventajas al evaluar su eficacia general.

6.6. Modelo SVM : Undersampling

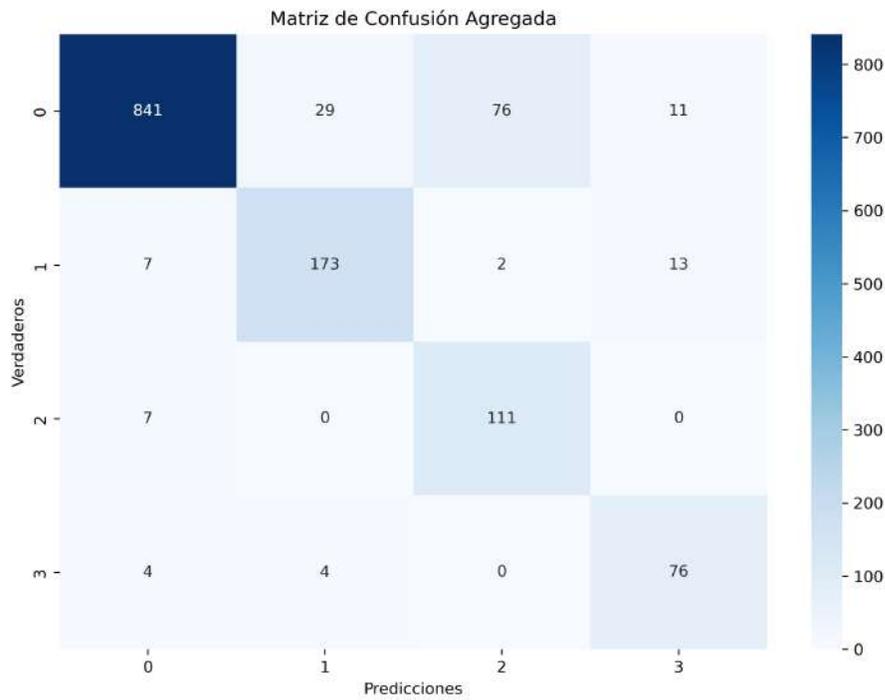


Figura 9: Matriz de confusión para la clasificación de serpientes

El modelo de red neuronal principal supera al modelo SVM con submuestreo en términos de rendimiento general, especialmente en las clases 0 y 1, donde presenta un mayor número de verdaderos positivos y menos falsos negativos. En la clase 0, la red neuronal logra 856 verdaderos positivos con 8 falsos negativos, mientras que en la clase 1 obtiene 172 verdaderos positivos y solo 1 falso negativo. Sin embargo, el SVM con submuestreo demuestra un mejor desempeño en la clase 2, alcanzando 111 verdaderos positivos sin falsos negativos. En cuanto a la clase 3, ambos modelos tienen un rendimiento equivalente, con 72 verdaderos positivos y sin falsos negativos.

Esto indica que, si bien la red neuronal parece ser más efectiva para la mayoría de las clases en este conjunto de datos, el SVM con submuestreo también tiene ventajas notables en situaciones específicas, como en la clasificación de la clase 2.

Tabla 3: Resultados de Métricas de Modelos de Clasificación

Modelo	Acc.	Prec.	Recall	F1
Red Neuronal 3 capas Base	0.9505	0.9278	0.9007	0.9138
Red Neuronal 3 capas Smote	0.9490	0.9010	0.9218	0.9097
Red Neuronal 3 capas Undersampling	0.8870	0.7915	0.9029	0.8346
SVM	0.9402	0.8885	0.8685	0.8781
SVM Smote	0.9343	0.8681	0.8866	0.8750
SVM Undersampling	0.8944	0.7892	0.8936	0.8307

7. Conclusiones

7.1. Rendimiento general de los modelos

Métricas

Los resultados obtenidos de las métricas de clasificación revelan que la Red Neuronal de 3 capas Base se destaca como el modelo más eficaz entre los evaluados. Con una exactitud (Acc.) de 0.9505, este modelo no solo logra una alta tasa de aciertos en la clasificación, sino que también presenta métricas sólidas en precisión (Prec.) y recall, alcanzando valores de 0.9278 y 0.9007, respectivamente. Estos resultados indican que la red neuronal es capaz de identificar correctamente una proporción significativa de las instancias positivas, al tiempo que minimiza el número de falsos positivos, lo cual es crucial en aplicaciones donde las consecuencias de una mala clasificación pueden ser significativas.

Al observar las demás configuraciones de la red neuronal, como las versiones que emplean técnicas de balanceo de clases, se puede notar que el modelo con SMOTE (0.9490 de Acc.) y el que utiliza undersampling (0.8870 de Acc.) presentan un desempeño inferior al modelo base. Aunque el modelo con SMOTE muestra una mejora en recall (0.9218) en comparación con el undersampling (0.9029), la precisión y el puntaje F1 son más bajos en ambos casos. En particular, el modelo de undersampling presenta una caída significativa en todas las métricas, con una precisión de solo 0.7915 y un puntaje F1 de 0.8346, lo que sugiere que esta técnica de balanceo no es adecuada para este conjunto de datos específico.

Por otro lado, los modelos de SVM (Máquinas de Vectores de Soporte) también se evaluaron, mostrando resultados competitivos, pero aún inferiores a los de la red neuronal base. La precisión y recall del modelo SVM alcanzan 0.8885 y 0.8685, respectivamente, con un puntaje F1 de 0.8781. Aunque estos resultados son razonables, el rendimiento general de la red neuronal es superior, lo que la convierte en la opción preferida.

En conclusión, la Red Neuronal de 3 capas Base no solo presenta la mejor exactitud

general, sino que también ofrece un balance óptimo entre precisión y recall, lo que la posiciona como el modelo más adecuado para esta tarea de clasificación. Su capacidad para manejar correctamente tanto los positivos como los negativos resalta su efectividad.

Redes Neuronales Artificiales (ANN): Las redes neuronales artificiales (ANN) demostraron un rendimiento superior en la clasificación de las clases 0 y 1, evidenciado por un aumento notable en el número de verdaderos positivos y una reducción significativa en los falsos negativos en comparación con el modelo SVM. En la clase 0, la ANN logró 938 verdaderos positivos con solo 12 falsos negativos, mientras que en la clase 1, obtuvo 177 verdaderos positivos con solo 5 falsos negativos. Estos resultados destacan la efectividad de la ANN en estas clases predominantes, reflejando su capacidad para clasificar correctamente ejemplos de alta relevancia en el conjunto de datos.

Modelo de Soporte Vectorial (SVM): Aunque el SVM mejora su rendimiento en la clase 2, su impacto es menor en comparación con el desempeño general de la ANN. En términos de equilibrio y eficacia, la ANN se muestra más efectiva para este conjunto de datos, destacándose en la reducción de falsos negativos y en la obtención de un mayor número de verdaderos positivos en las clases más relevantes. Esto sugiere que la ANN tiene una mejor capacidad para aprender y generalizar patrones en el conjunto de datos, lo que la convierte en la opción preferida en este caso.

En conjunto, tanto la Red Neuronal de 3 capas Base como el modelo SVM tienen sus fortalezas, pero la ANN resalta en la identificación precisa de clases críticas y en la reducción de errores de clasificación, lo que la posiciona como la alternativa más robusta para este análisis específico.

7.2. Efecto del desbalance de clases

La ANN enfrenta desafíos en la clasificación de las clases minoritarias (1, 2 y 3), donde la falta de ejemplos representativos afecta su capacidad para aprender patrones relevantes. El SVM, por otro lado, presenta un rendimiento variable en función del enfoque de muestreo, lo que sugiere que la selección del método adecuado puede ser crucial para optimizar el rendimiento.

7.3. Impacto del muestreo en el rendimiento

Modelo Original sin Muestreo: La ANN original mostró una buena capacidad de generalización, evidenciada por la disminución en la pérdida y el aumento en la precisión durante el entrenamiento.

Uso de SMOTE: Al aplicar SMOTE, aunque se observó una mejora en la precisión de entrenamiento, esto no se reflejó en la precisión de validación, indicando un posible sobreajuste. La técnica puede introducir ruido que afecte la generalización del modelo en datos no vistos.

Submuestreo: El modelo con submuestreo mostró un rendimiento inferior en comparación con el modelo original, con un aumento en los verdaderos positivos en algunas clases, pero un número significativo de predicciones incorrectas.

7.4. Fortalezas y debilidades

Fortalezas de la ANN: La ANN es más efectiva en la clasificación de clases clave y su rendimiento general es sólido, siempre que se maneje adecuadamente el desbalance de clases.

Fortalezas del SVM: El SVM, especialmente cuando se utiliza con SMOTE, puede ser ventajoso en contextos específicos, pero conlleva el riesgo de sobreajuste y la introducción de ruido en los datos.

7.5. Recomendaciones para mejora

Se sugiere explorar técnicas adicionales de preprocesamiento, como la regularización, la obtención de datos adicionales o la implementación de métodos de ensamblado, para mejorar la capacidad de generalización y el rendimiento en las clases minoritarias.

En resumen, la elección entre el modelo ANN y SVM debe basarse en la naturaleza del conjunto de datos y en las prioridades de clasificación, considerando las ventajas y desventajas de cada enfoque. La ANN muestra un rendimiento general sólido, mientras que el SVM puede ofrecer beneficios específicos, especialmente en ciertas clases.

7.6. Importancia de los modelos para la conservación y el medio ambiente

Los modelos de clasificación, como las Redes Neuronales Artificiales (ANN) y los Modelos de Soporte Vectorial (SVM), desempeñan un papel crucial en la conservación de la biodiversidad y el medio ambiente. En este estudio, la clasificación de las serpientes se realizó de forma manual por un herpetólogo, caso por caso, lo que, aunque preciso, puede ser un proceso laborioso y propenso a errores humanos. Al permitir la identificación y clasificación precisa de diferentes especies de serpientes, estos modelos contribuyen a la recopilación de datos esenciales sobre la diversidad biológica y la distribución de estas especies en su hábitat natural.

La conservación de las serpientes es vital, ya que desempeñan roles ecológicos fundamentales, como el control de poblaciones de roedores y otros pequeños animales, que pueden afectar el equilibrio de los ecosistemas. A medida que las serpientes enfrentan amenazas como la pérdida de hábitat, la caza y el cambio climático, la implementación de modelos de aprendizaje automático puede ayudar a identificar áreas críticas para su conservación y a formular estrategias efectivas de manejo.

Además, la clasificación precisa de las especies permite abordar problemas de conservación más específicos, como la identificación de especies en peligro de extinción y la evaluación del impacto de las actividades humanas sobre su población. Con esta información, se pueden diseñar programas de conservación y políticas que promuevan la protección de las serpientes y su hábitat, contribuyendo así a la sostenibilidad del medio ambiente y la preservación de la biodiversidad.

En resumen, el uso de modelos de aprendizaje automático no solo mejora la comprensión de las serpientes y su ecología, sino que también proporciona herramientas valiosas para los esfuerzos de conservación y gestión ambiental, superando las limitaciones de la clasificación manual.

8. Limitaciones de los modelos

A pesar de los buenos resultados obtenidos por las Redes Neuronales Artificiales (ANN) y los Modelos de Soporte Vectorial (SVM), existen limitaciones que deben ser consideradas en este estudio. Una de las principales limitaciones es la disponibilidad de datos. Para mejorar el rendimiento y la generalización de los modelos, sería beneficioso contar con un conjunto de datos más amplio y representativo.

El uso de un muestreo no probabilístico intencionado, basado en publicaciones de Facebook, introduce posibles sesgos en los datos, ya que la información recolectada depende de la actividad y participación de los usuarios en redes sociales. Esto puede resultar en una sobrerrepresentación de especies comunes o áreas geográficas específicas. Sin embargo, los resultados obtenidos mediante validación cruzada indican que el modelo generaliza bien dentro del conjunto de datos disponible, lo que sugiere que las técnicas de aprendizaje automático aplicadas son efectivas para identificar patrones relevantes.

Para futuros trabajos, valdría la pena realizar una recolección más extensa de datos, incluyendo muchas más muestras de las familias de serpientes menos comunes. En este estudio, se eliminaron 9 familias debido a su extrema rareza, lo que puede haber afectado la capacidad de los modelos para aprender patrones relevantes en estas clases. La inclusión de estas familias permitiría una mejor representación y, potencialmente, un rendimiento más equilibrado en la clasificación de todas las clases de serpientes.

La recolección de datos adicionales no solo ampliaría la diversidad del conjunto de datos, sino que también ayudaría a mitigar los problemas de desbalance de clases observados en el presente estudio. Esto permitiría desarrollar modelos más robustos y precisos, que sean capaces de manejar mejor la variabilidad inherente en la clasificación de serpientes. A pesar de las limitaciones mencionadas, los resultados obtenidos son prometedores y contribuyen al entendimiento y conservación de la biodiversidad en Colombia.

Referencias

- T. Angarita-Sierra, L. F. Montaña-Londoño, and C. A. Bravo-Vega. Id please: Evaluating the utility of facebook as a source of data for snake research and conservation. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 94(suppl 3):e20211043, 2022.
- C. M. Bishop. *Pattern Recognition and Machine Learning (Information Science and Statistics)*. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, 2006. ISBN 0387310738. doi: 10.1117/1.2819119.
- C. M. Bishop and H. Bishop. *Deep Learning: Foundations and Concepts*. Springer, 2024. doi: 10.1007/978-3-031-45468-4.
- M. Chandler, L. See, K. Copas, A. M. Bonde, B. C. Lopez, F. Danielsen, ..., and E. D. Fraser. Contribution of citizen science towards international biodiversity monitoring. *Biological Conservation*, 213:280–294, 2017. doi: 10.1016/j.biocon.2016.09.004.
- I. Goodfellow, Y. Bengio, and A. Courville. *Deep Learning*. MIT Press, 2016. <http://www.deeplearningbook.org>.
- M. J. Hurtado Morales. Vulnerabilidad e importancia de las serpientes en colombia: Escenarios de cambio climático, impactos antrópicos y servicios ecosistémicos. Master's thesis, Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud, 2021. URL <http://hdl.handle.net/1992/55007>.
- G. James, D. Witten, T. Hastie, and R. Tibshirani. *An Introduction to Statistical Learning: with Applications in R*. Springer, 2013. doi: 10.1007/978-1-0716-1418-1. URL <https://faculty.marshall.usc.edu/gareth-james/ISL/>.
- L. Kalinathan, P. Balasundaram, P. Ganesh, S. S. Bathala, and R. K. Mukesh. Automatic snake classification using deep learning algorithm. In *CLEF (Working Notes)*, pages 1587–1596, 2021.
- I. M. Nasser and S. S. Abu-Naser. Artificial neural network for predicting animals category. 2019.
- H. Naz, R. Chamola, J. Sarafraz, M. Razabizadeh, and S. Jain. An efficient densenet-based deep learning model for big-4 snake species classification. *Toxicol*, 243:107744, 2024. doi: 10.1016/j.toxicol.2024.107744.
- N. I. Proga, N. Rezoana, M. S. Hossain, R. U. Islam, and K. Andersson. A cnn based model for venomous and non-venomous snake classification. In *Applied Intelligence and Informatics: First International Conference, AII 2021, Nottingham, UK, July 30–31, 2021, Proceedings 1*, pages 216–231. Springer, 2021. doi: 10.1007/978-3-030-82269-9_17.

- F. Rosenblatt. The perceptron: a probabilistic model for information storage and organization in the brain. *Psychological Review*, 65(6):386, 1958. doi: 10.1037/h0042519.
- J. Silvertown. A new dawn for citizen science. *Trends in Ecology & Evolution*, 24(9):467–471, 2009. doi: 10.1016/j.tree.2009.03.008.
- A. L. Tarca, V. J. Carey, X.-w. Chen, R. Romero, and S. Drăghici. Machine learning and its applications to biology. *PLoS Computational Biology*, 3(6):e116, 2007. doi: 10.1371/journal.pcbi.0030116.
- E. Troullinou, G. Tsagkatakis, S. Chavlis, G. F. Turi, W. Li, A. Losonczy, P. Tsakalides, and P. Poirazi. Artificial neural networks in action for an automated cell-type classification of biological neural networks. *IEEE Transactions on Emerging Topics in Computational Intelligence*, 5(5):755–767, 2020.

Recibido: Noviembre 18 de 2024

Aceptado: Febrero 10 de 2025