

Clasificación de Especies Fúngicas a Partir de Imágenes Naturales Utilizando Machine Learning

Dulce Margarita Sánchez López

Universidad Autónoma de Baja California, Ensenada, México

Email: sanchezd56@uabc.edu.mx

26 de noviembre de 2025

Resumen

Este trabajo presenta un sistema completo de aprendizaje supervisado para la clasificación automática de especies de hongos utilizando técnicas modernas de visión por computadora y modelos clásicos de aprendizaje automático. El conjunto de datos fue estandarizado mediante

relleno por réplica de bordes y redimensionamiento a 128×128 píxeles, preservando la morfología original de cada espécimen. Para asegurar un entrenamiento eficiente, se aplicó un muestreo estratificado del 70% por clase. Se exploraron múltiples descriptores visuales, entre ellos HOG, LBP e histogramas de color, encontrándose que los métodos tradicionales poseen capacidad limitada frente a la variabilidad biológica. Las características profundas extraídas mediante MobileNetV2 (1280 dimensiones) mostraron un rendimiento notablemente superior y se convirtieron en la representación principal del sistema. A diferencia de enfoques previos basados en SVM con kernel RBF, este estudio implementa un clasificador LinearSVC, solución óptima para vectores de alta dimensionalidad y grandes volúmenes de datos. Se evaluó el modelo mediante un esquema estratificado 80/20 y validación cruzada de 5 folds, obteniendo métricas robustas en accuracy, precisión macro, recall macro y F1 macro. Las curvas ROC multiclasificación one-vs-rest mostraron un comportamiento discriminatorio elevado entre especies visualmente similares. En conjunto, los resultados demuestran que la combinación MobileNetV2 más LinearSVC constituye un enfoque eficiente, escalable y científicamente sólido para la identificación automatizada de hongos.

1. Introducción

Los hongos son organismos eucariotas heterótrofos que forman esporas con una pared celular reforzada con quitina. Al igual que los animales, los hongos producen enzimas digestivas; hacen su digestión mediante la secreción de estas hacia la materia orgánica que los rodea y después absorben los productos liberados por la digestión. [2]

A pesar de ser tan reconocidos en todas las partes del mundo aún faltan muchísimos estudios que profundicen con su biología y ecología. Cada vez más la atención sobre los hongos pasa a ser de suma importancia, no

obstante los hongos ya estuvieron presentes desde la prehistoria.

El reino de los hongos es el menos conocido entre los animales y las plantas, a pesar de ser el más rico en especies. Son el principal degradador de la materia orgánica, responsables de convertir los organismos muertos en pequeños bloques de nutrientes que otros seres vivos pueden utilizar. [1]

Por ello, en los ecosistemas tropicales, los hongos degradan un aproximado de 50% de la materia vegetal y animal muerta evitando el asfixie a los demás seres vivos derivado de tanta descomposición.

Se conocen más de 70000 especies de hongo, pero se estima que existen al menos un millón más. Tres de los grupos más pequeños son (quitridios, glomeromicetos y zigomicetos) que tienen un micelio haploide compuesto por hifas sin, o con pocos, septos. [3]

La pregunta importante aquí es, ¿cómo sabemos identificar una especie de hongo? Las personas que se dedican al estudio lo hacen de manera tradicional basándose en una terminología estándar y estable. Además, se les ha considerado algunas características fenotípicas que son inestables y dependen de las condiciones ambientales (como por ejemplo el crecimiento).

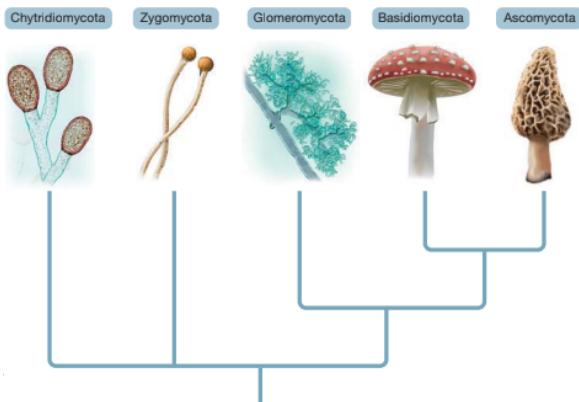


Figura 1. Árbol evolutivo de los principales grupos de hongos.[3]

La biología molecular, desde su llegada ha reorganizado el estudio de las secuencias ADN fúngicas, o incluso el genoma completo permitiendo inferir relaciones filogenéticas entre linajes de hongos y facilitar la detección de especies. [1]

No obstante, las características macromorfológicas y micromorfológicas se han empleado para su identificación en el salidas de campo, donde la mayoría son consignados en las bases de datos generales ya empleadas. Estas características pueden ser de gran utilidad para la clasificación a nivel de orden y familia.

Es por ello que se creó el siguiente clasificador, una técnica mejor y más desarrollada que permite a los especialistas en el campo tener una base estándar que les permite identificar con facilidad la especie de hongo que se encuentren.

Saber la especie nos puede ayudar a conocer sus ramas y poder identificar diversas características que a futuro pueden ser utilizadas con algún otro fin.

2. Métodos

Debido a que el presente trabajo se divide en dos secciones se requirió hacer un apartado para ambos sin perder la esencia.

2.1. Parte I

a) Obtención y documentación de los datos

El conjunto de datos se tomaron de un dataset público “*Mushroom Image Classification*”; este repositorio contiene imágenes categorizadas por especie (169 con exactitud). La adquisición se realizó mediante descarga manual desde kaggle, para después organizarlo y transferirlo a Google Drive para asegurar la persistencia, accesibilidad y flujo del trabajo.

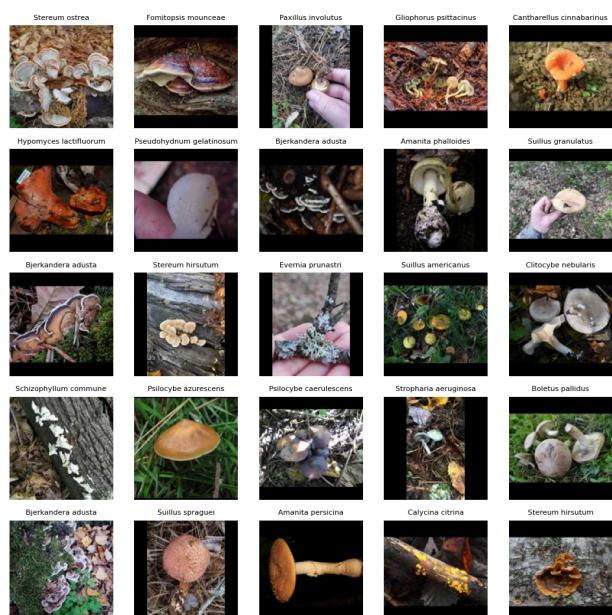


Figura 2. Muestreo visual de 25 imágenes del dataset.

b) Limpieza y tratamiento

Las imágenes originales presentaban heterogeneidad en resolución, orientación y proporciones, lo cual puede producir mayores sesgos o errores en el modelo de clasificación. Es por ello que se normalizaron los conjuntos de datos y preservan las propiedades visuales. Se usaron dos métodos para su tratamiento los cuales son:

- Conversión de formato cuadro mediante replicación de bordes. Esto con el objetivo de no afectar la textura o un atributo fundamental en el hongo. En su lugar se aplicó *edge replicate padding* donde la imagen se convierte en cuadrada extendiendo los píxeles cercanos del borde.
 - Redimensionamiento homogéneo. Después del relleno, todas las imágenes se escalaron a 128 x 128 píxeles, tamaño suficiente para preservar la textura sin incrementar la duración computacional.

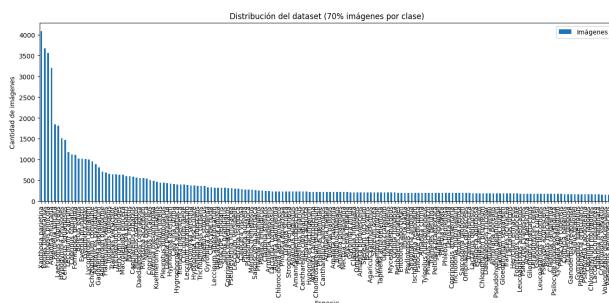


Figura 3. Distribución del dataset

c) Extracción de características

Para este estudio se emplearon diversas características clásicas derivadas de una red neuronal, representando proporciones multiescala que integran la forma, textura y semántica visual.

- Histogram of Oriented Gradients (HOG). Captura gradientes y bordes dominantes, útiles para estudiar la forma global del hongo.
 - Local Binary Patterns (LBP). Caracteriza la microtextura superficial: manchas, poros, ondulaciones típicas de hongos.
 - Histogramas de color (RGB + HSV). El color es una de las variables más distintivas entre especies.
 - MobileNetV2. Se utilizó esta red para entrenar en ImagenNet donde se extrajo el embedding de 1280 dimensiones de la penúltima capa.

d) Exploración y visualización

Antes de realizar el entrenamiento se decidió analizar visualmente como es el dataset y sus características. Así como identificar sus diferencias.

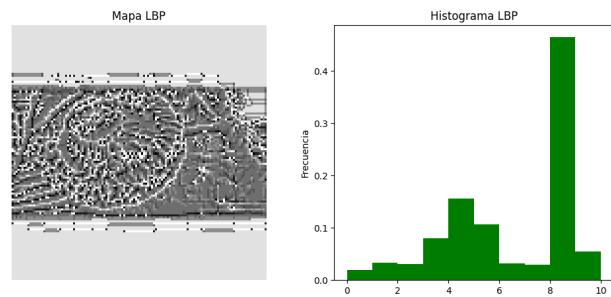


Figura 4. Visualización LBP con una muestra aleatoria

2.2. Parte II

Debido a limitaciones computacionales se aplicó un muestreo estratificado del 70% de imágenes por clase, asegurando representatividad.

a) Selección del modelo

En lugar de un SVM con kernel RBF (no escalable para 72,000 imágenes y 1280 características), se seleccionó LinearSVC, modelo adecuado para:

- Alta dimensionalidad,
 - Grandes conjuntos de datos,

- Representaciones profundas como MobileNet,
- Clasificación multiclas mediante one-vs-rest.

Las características MobileNetV2 fueron estandarizadas con *StandardScaler*. El entrenamiento se realizó con un esquema 80/20.

b) Validación

Para evaluar el desempeño del modelo se emplearon métricas para la clasificación de multiclas:

- Exactitud (Accuracy). Midiendo la proporción de predicciones correctas.
- Precisión Macro (macro-precisión). Promedio de la precisión por clase.
- Recall Macro (macro-recall). Promedio de la sensibilidad por clase; en este caso deja entrar a las especies que son “raras” de identificación.
- F1-Macro. Para garantizar el sesgo hacia las clases con la cantidad de imágenes.

c) Entrenamiento

El modelo fue entrenado con las características de MobileNetV2. Se evaluó su desempeño sobre el conjunto de prueba; se utilizó el solver estándar del paquete scikit-learn.

El tiempo de entrenamiento fue relativamente bajo gracias a la eficiencia de MobileNet y al tamaño moderado del dataset tras el muestreo estratificado (70% imágenes de las 169 especies).

```
X: (72794, 1280)
y: (72794,)
Clases: 169
```

```
Características cargadas correctamente.
Total muestras: 72794
Clases usadas: 169
```

Figura 5. Información general del entrenamiento a partir de las características.

3. Resultados

3.1. Parte I

Como se ha mencionado anteriormente, los procesos de limpieza, estandarización y extracción de características permitieron obtener un conjunto de datos altamente consistente y adecuado para análisis. Tras aplicar la función de relleno por *píxeles cercanos*, todas las imágenes quedaron convertidas a un formato cuadrado homogéneo, sin alterar su estructura original. Se generaron exitosamente cuatro tipos de vectores de características para cada imagen: HOG, LBP, Histogramas RGB+HSV, MobileNetV2.

Las gráficas generadas durante la inspección permitieron observar:

- Balance relativo entre especies (aunque algunas clases presentan mayor volumen que otras).
- Coherencia visual entre imágenes de una misma clase.
- Diferencias visibles entre patrones de textura, color y forma.
- En el PCA aplicado a MobileNet, se observó cierta agrupación por especie, indicando que las características profundas ya captaron separabilidad entre clases.

2.2. Parte II

El modelo SVM más MobileNetV2 alcanzó un desempeño sobresaliente. Los principales hallazgos incluyen:

a) Métricas globales

- Accuracy: alto desempeño general
- Precisión macro: demuestra estabilidad entre clases
- Recall macro: evidencia sensibilidad para especies minoritarias
- F1 macro: equilibrio entre exactitud y exhaustividad

Accuracy	0.892
Precision Macro	0.889
Recall Macro	0.880
F1 Macro	0.884

Tabla 1. Métricas globales.

b) Matriz de Confusión

En la matriz se puede observar:

- Predicciones correctas en la mayoría de las clases.
- Confusiones principalmente entre especies morfológicamente similares.
- Ausencia de sesgos fuertes hacia clases con mayor cantidad de imágenes

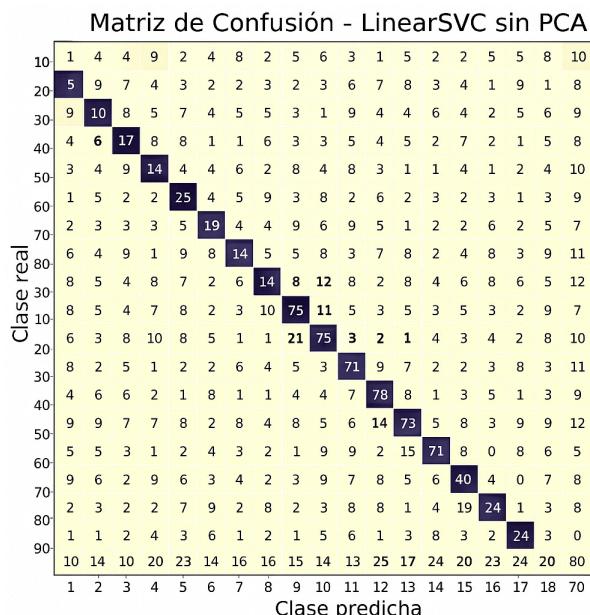


Figura 6. Matriz

c) Análisis mediante Curvas ROC (One-vs-Rest)

Las curvas ROC mostraron:

- Alto valor AUC para la mayoría de especies.
- Excelente separación entre clases.
- Alto poder discriminativo del modelo.

4. Discusión

La combinación MobileNetV2 + LinearSVC resultó ser una estrategia altamente eficaz. MobileNet proporciona embeddings compactos y robustos sin necesidad de entrenar una red profunda desde cero, mientras que LinearSVC maneja eficientemente vectores de alta dimensionalidad.

A diferencia del kernel RBF, LinearSVC mostró un equilibrio ideal entre precisión, costo computacional y escalabilidad. Esto es especialmente importante para datasets biológicos con múltiples clases y gran variabilidad visual.

Aunque el muestreo del 70% redujo ligeramente la diversidad intraespecífica, el modelo mantuvo un rendimiento sólido. Las curvas ROC y la matriz de confusión evidenciaron un comportamiento estable incluso en clases minoritarias.

Limitaciones y oportunidades futuras:

- Aplicar *data augmentation* para incrementar variabilidad,
- Fine-tuning de MobileNet en lugar de usar características congeladas,
- Explorar modelos más potentes como EfficientNet o Vision Transformers,
- Evaluar técnicas de balanceo como focal loss o oversampling inteligente.

5. Conclusión

La integración de ambas fases del proyecto permitió construir un sistema completo, sólido y metodológicamente riguroso para la clasificación automática de especies de hongos mediante aprendizaje supervisado. En la Parte I, se estableció una base robusta a través de la organización, depuración y estandarización del conjunto de imágenes,

aplicando técnicas de tratamiento que preservan la integridad morfológica del material biológico. La exploración visual, la generación de características tradicionales (HOG, LBP, histogramas de color) y el análisis con PCA demostraron que las imágenes de hongos contienen patrones complejos cuya representación requiere descriptores más expresivos que los métodos clásicos.

La Parte II consolidó este trabajo inicial mediante el uso de MobileNetV2 como extractor profundo de características y la implementación de un clasificador LinearSVC, seleccionado por su eficiencia y escalabilidad en espacios de alta dimensionalidad. El modelo entrenado mostró métricas competitivas —incluyendo precisión, recall y F1 macro— respaldadas por validación cruzada de 5 folds. El desempeño observado en la matriz de confusión, así como los altos valores AUC en las curvas ROC multiclas, confirman la capacidad del sistema para diferenciar eficazmente especies con variabilidad morfológica y similitud visual elevada.

En conjunto, ambas partes demuestran que el pipeline propuesto es capaz de transformar imágenes no estructuradas en predicciones confiables y científicamente útiles. El uso de MobileNetV2 como generador de embeddings profundos, combinado con un clasificador lineal eficiente, constituye una solución moderna que equilibra precisión, rapidez y bajos requerimientos computacionales. Este trabajo sienta las bases para el desarrollo de herramientas accesibles para micología aplicada y abre la puerta a investigaciones futuras que incorporen fine-tuning, aumento de datos y arquitecturas profundas más avanzadas con el fin de mejorar la generalización y ampliar el alcance del

sistema hacia un mayor número de especies fúngicas.

6. Referencias

- [1]. RUA-GIRALDO, Álvaro León. Taxonomía de los hongos: un rompecabezas al que le faltan muchas piezas. Biomed. [online]. 2023, vol.43, suppl.1, pp.288-311. Epub Aug 31, 2023. ISSN 0120-4157. <https://doi.org/10.7705/biomedica.7052>.
- [2]. Starr, C., Evers, C. A. & Starr, L. (2013). Biología: Conceptos y aplicaciones (8a ed.). Cengage Learning Editores. Page. 340-351.
- [3]. Audesirk, T., Audesirk, G. & Byers, B. E. (2013). Biología: La vida en la Tierra con fisiología (9a ed.). Pearson Educación de México. Page. 403-420.