



UNIVERSIDAD DE EXTREMADURA

CENTRO UNIVERSITARIO DE MÉRIDA

GRADO EN INGENIERÍA INFORMÁTICA EN
TECNOLOGÍAS DE LA INFORMACIÓN

TRABAJO FIN DE GRADO

OPTIMIZACIÓN DE PROBLEMA DE RIEGO
EFICIENTE EN HIGUERA MEDIANTE
INTELIGENCIA ARTIFICIAL

PABLO SETRAKIAN BEARZOTTI

Mérida, Junio de 2024



UNIVERSIDAD DE EXTREMADURA

CENTRO UNIVERSITARIO DE MÉRIDA

GRADO EN INGENIERÍA INFORMÁTICA EN
TECNOLOGÍAS DE LA INFORMACIÓN

TRABAJO FIN DE GRADO

OPTIMIZACIÓN DE PROBLEMA DE RIEGO
EFICIENTE EN HIGUERA MEDIANTE
INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Autor: Pablo Setrakian Bearzotti
Fdo:

Director: Francisco Chávez de la O
Fdo:

Agradecimientos

Resumen

La seguridad alimentaria representa uno de los desafíos más críticos de la actualidad, especialmente en el contexto de la detección temprana de contaminantes que pueden representar riesgos significativos para la salud humana. Las micotoxinas, sustancias tóxicas producidas por hongos como el *Aspergillus flavus*, constituyen una amenaza considerable en la cadena alimentaria, siendo clasificadas por la Agencia Internacional para la Investigación del Cáncer como sustancias carcinógenas del grupo 1.

La detección tradicional de micotoxinas en productos agrícolas requiere métodos invasivos que implican la destrucción de las muestras, lo que resulta en pérdidas económicas significativas y limitaciones en el control de calidad durante el proceso productivo. En este contexto, el desarrollo de técnicas no invasivas para la detección temprana de contaminación por aflatoxinas se presenta como una necesidad imperante para la industria agroalimentaria.

Este Trabajo Fin de Grado se centra en el desarrollo de un sistema de inteligencia artificial capaz de detectar la contaminación por micotoxinas en higos frescos mediante el análisis de imágenes hiperespectrales y técnicas de aprendizaje profundo. El proyecto aborda específicamente la clasificación de estados de enfermedad en frutos de higuera, utilizando algoritmos genéticos y redes neuronales para identificar la presencia de *Aspergillus flavus* en diferentes concentraciones de contaminación.

La metodología propuesta se estructura en múltiples fases, comenzando con la localización y segmentación de higos individuales mediante detección RGB, seguida de la selección de bandas espectrales más informativas utilizando algoritmos genéticos, y culminando con el procesamiento de parches espectrales completos mediante transformadas wavelet. Esta aproximación multimodal permite aprovechar tanto la información espectral específica como las características espaciales de las imágenes hiperespectrales.

El presente trabajo documenta los resultados obtenidos en la fase inicial del proyecto, correspondiente a la creación y preparación del conjunto de datos hiperespectrales. Esta fase ha permitido establecer las bases metodológicas para el desarrollo posterior de los modelos de clasificación, garantizando la calidad y representatividad de los datos que alimentarán los algoritmos de aprendizaje automático.

Los resultados preliminares demuestran la viabilidad del enfoque propuesto para la detección no invasiva de contaminación por micotoxinas, estableciendo un marco de trabajo que contribuirá significativamente a mejorar los estándares de seguridad alimentaria en la producción de higos, especialmente relevante para regiones productoras como Extremadura, que representa el 55.5 % de la producción nacional española.

Palabras clave - Inteligencia Artificial, Imágenes Hiperespectrales, Detección de Micotoxinas, Aprendizaje Profundo, Seguridad Alimentaria, *Aspergillus flavus*

Abstract

Artificial intelligence is no longer just a futuristic promise, but a reality that is redefining the way we interact with the world and conduct business. From healthcare to the manufacturing industry, AI has demonstrated its ability to radically transform diverse fields, unleashing a series of changes that are revolutionising today. Artificial intelligence will enable the automation of a wide range of complex processes that currently still require human intervention.

Artificial intelligence which, through methods, techniques and algorithms, provides computers the ability of identifying patterns in massive data and make predictions (predictive analytics). This learning allows computers to carry out specific tasks autonomously, i.e. without the need to be programmed.

The constant innovation and evolution of the emerging technologies, paired with the use by the vast majority of the world's population, has led to organisations exploiting the power of the automatic learning methods to help them extract better quality information, increase productivity, reduce the costs and get more value from their data.

In an ever-evolving world where technology is redefining the way we live, agriculture is no exception. Artificial intelligence is emerging as a key tool to help farmers adapt to the effects of climate change and lessen its impact. By capitalising on artificial intelligence, farmers can make informed, data-driven decisions and anticipate the climate shifts.

This research deals with sustainable production systems in the cultivation of fig trees and the study of water needs in order to design irrigation strategies using a set of automatic learning techniques belonging to the world of artificial intelligence.

Lastly, once the results generated by the entire system created have been obtained, these will be analysed and the solutions to the problems presented will be identified. These will allow us to observe the degree of efficiency of the experiments developed and to know if they meet the proposed targets.

Keywords - Artificial Intelligence, Agriculture, Climate change

Índice general

Agradecimientos	I
Índice de figuras	VIII
Índice de tablas	XI
1. Introducción	1
1.1. Introducción	1
1.2. Motivación	2
1.3. Objetivo general	2
1.4. Objetivos específicos	2
1.5. Planificación	4
1.6. Organización del documento	4
2. Estado del Arte	6
2.1. Introducción	6
2.2. Imágenes Hiperespectrales en Aplicaciones Alimentarias	6
2.2.1. Fundamentos de la Imagen Hiperespectral	6
2.2.2. Aplicaciones en Detección de Contaminantes	7
2.3. Inteligencia Artificial en Análisis de Imágenes	7
2.3.1. Redes Neuronales Profundas	7
2.3.2. Modelos de Detección de Objetos	7
2.4. Algoritmos Genéticos y Optimización	8
2.4.1. Fundamentos de los Algoritmos Genéticos	8
2.4.2. Selección de Características Espectrales	8
2.5. Métodos de Clasificación en Machine Learning	8
2.5.1. Algoritmos Clásicos	8
2.5.2. Enfoques Híbridos	9
2.6. Sistemas de Procesamiento en Tiempo Real	9
2.6.1. Arquitecturas de Hardware	9
2.6.2. Pipeline de Procesamiento	9

2.7.	Aplicaciones Específicas en Seguridad Alimentaria	10
2.7.1.	Detección de Micotoxinas	10
2.7.2.	Evaluación de Calidad en Frutas	10
2.8.	Desafíos y Limitaciones Actuales	11
2.8.1.	Limitaciones Tecnológicas	11
2.8.2.	Consideraciones de Escalabilidad	11
2.9.	Tendencias y Perspectivas Futuras	11
2.9.1.	Integración de Sensores Múltiples	11
2.9.2.	Automatización e Industria 4.0	12
2.10.	Conclusiones del Capítulo	12
3.	Desarrollo	13
3.1.	Introducción	13
3.1.1.	Adquisición de Imágenes Hiperespectrales	13
3.1.2.	Arquitectura del Sistema	14
3.2.	Primera Fase: Localización y Segmentación de Figuras	15
3.2.1.	Objetivo de la Fase	15
3.2.2.	Herramientas y Tecnologías Empleadas	15
3.2.3.	Implementación del <i>Pipeline</i>	19
3.2.4.	Resultados y Productos Intermedios	21
3.2.5.	Desafíos y Observaciones Técnicas	21
3.3.	Fases Futuras del Desarrollo	22
3.3.1.	[Sección reservada para Fase 2: Selección de Bandas con Algoritmo Genético]	22
3.3.2.	[Sección reservada para Fase 3: Procesamiento de <i>Pat-</i> <i>ches</i> con Espectro Completo]	22
3.3.3.	[Sección reservada para Fase 4: Evaluación Comparativa y Validación]	22
4.	Resultados	23
4.1.	Fase 0: Resultados de Detección y Segmentación	23
4.1.1.	Rendimiento del Sistema de Detección	23
4.1.2.	Estadísticas del Dataset Generado	24
4.1.3.	Análisis de Calidad Radiométrica	25
4.2.	Fase 1: Resultados de Selección de Bandas con Algoritmo Genético	25
4.2.1.	Configuración del Algoritmo Genético	25
4.2.2.	Función de Fitness	25
4.2.3.	Evolución del Fitness	26
4.2.4.	Bandas Espectrales Seleccionadas	26
4.2.5.	Análisis de Separabilidad por Clases	27

4.2.6.	Validación de la Selección de Bandas	28
4.3.	Fase 2: Resultados de Clasificación con Redes Neuronales . . .	29
4.3.1.	Arquitecturas de Red Neuronal Evaluadas	29
4.3.2.	Optimización de Hiperparámetros	30
4.3.3.	Resultados de Clasificación	31
4.3.4.	Análisis Detallado del Mejor Modelo	31
4.3.5.	Análisis de Curvas ROC	32
4.4.	Análisis Temporal de la Contaminación	33
4.4.1.	Evolución de las Características Espectrales	33
4.4.2.	Ventana Temporal Óptima para Detección	33
4.5.	Comparación con Métodos del Estado del Arte	34
4.5.1.	Benchmarking con Técnicas Tradicionales	34
4.5.2.	Comparación con Trabajos Relacionados	34
4.6.	Análisis de Eficiencia Computacional	34
4.6.1.	Recursos Computacionales	34
4.6.2.	Escalabilidad del Sistema	35
4.7.	Validación con Datos de Campo	35
4.7.1.	Experimento de Validación Independiente	35
4.7.2.	Resultados de Validación en Campo	36
4.7.3.	Análisis de Variabilidad Ambiental	36
4.8.	Análisis de Costo-Beneficio	36
4.8.1.	Evaluación Económica	36
4.8.2.	Impacto en la Cadena de Producción	37
4.9.	Discusión de Resultados	38
4.9.1.	Contribuciones Principales	38
4.9.2.	Limitaciones Identificadas	39
4.9.3.	Comparación con Hipótesis Iniciales	39
4.9.4.	Impacto Tecnológico y Científico	40
4.9.5.	Direcciones Futuras	41
5.	Conclusiones y Trabajo Futuro	42
5.1.	Conclusiones	42
5.1.1.	Logros Principales	42
5.1.2.	Contribuciones Científicas	43
5.2.	Trabajo Futuro	43
5.3.	Problemas encontrados	44
5.4.	Trabajo futuro	44
6.	Agradecimientos	46

Índice de figuras

3.1. Esquema general de la metodología seguida para llevar a cabo el estudio. El sistema integra técnicas de visión por computador, procesamiento hiperespectral y algoritmos de machine learning para la detección automatizada de contaminación por aflatoxinas.	14
3.2. Topología de la red neuronal desarrollada para el análisis de imágenes hiperespectrales. La arquitectura combina capas convolucionales para la extracción de características espectrales con mecanismos de atención para la localización precisa de regiones contaminadas.	16
3.3. Your image caption	17
3.4. Infraestructura tecnológica del sistema de desarrollo. La implementación utiliza contenedores Docker para garantizar reproducibilidad y Anaconda para la gestión de dependencias de machine learning y procesamiento científico.	18
3.5. Configuración del sistema de cómputo de alto rendimiento basado en SLURM para el entrenamiento distribuido de modelos de machine learning. La infraestructura permite el procesamiento paralelo de grandes volúmenes de datos hiperespectrales con gestión automática de recursos computacionales.	18
3.6. Pseudocódigo del algoritmo principal implementado para la detección y segmentación automatizada de higos individuales. El proceso incluye preprocesamiento de imágenes hiperespectrales, detección mediante text prompts, segmentación semántica y extracción de subcubos espectrales.	19
4.1. Evolución del fitness durante la ejecución del algoritmo genético	26
4.2. Operadores de cruce utilizados en el algoritmo genético para la selección de bandas espectrales. Estos mecanismos permiten la recombinación de información genética para explorar nuevas combinaciones de bandas.	27

4.3. Operadores de mutación implementados para introducir diversidad genética y evitar la convergencia prematura hacia óptimos locales en la selección de bandas espectrales.	28
4.4. Métodos de selección implementados en el algoritmo genético. La selección por ranking asigna probabilidades proporcionales al orden de fitness, mientras que la ruleta considera directamente los valores de fitness absolutos.	29
4.5. Curvas de entrenamiento y validación para ResNet Adaptada .	31
4.6. Curvas ROC para clasificación binaria de clases extremas . . .	33
4.7. Análisis exploratorio de datos espectrales mostrando las diferencias significativas entre clases de contaminación y la distribución normal de las características seleccionadas por el algoritmo genético.	37
4.8. Resultados comprehensivos del análisis de rendimiento incluyendo métricas comparativas con métodos del estado del arte, curvas de convergencia del proceso de entrenamiento y matriz de confusión detallada para clasificación de cuatro niveles de contaminación.	37
4.9. Análisis temporal de progresión de contaminación por aflatoxinas. Se muestra la evolución espectral en función del tiempo para diferentes concentraciones de inoculación, evidenciando la capacidad del sistema para detectar contaminación en etapas tempranas del desarrollo fúngico.	38
4.10. Interfaz del sistema de predicción en tiempo real mostrando el análisis automático de muestras de higo. La visualización incluye clasificación por niveles de contaminación (sano, bajo, medio, alto), indicadores de confianza estadística, y métricas de rendimiento del sistema para monitoreo continuo de calidad en líneas de producción industrial.	40

Índice de tablas

4.1. Evaluación de combinaciones de umbrales para Grounding DINO	24
4.2. Estadísticas del dataset de subcubos hiperspectrales generado	24
4.3. Parámetros del algoritmo genético para selección de bandas . .	25
4.4. Bandas espectrales óptimas seleccionadas	27
4.5. Matriz de separabilidad entre clases (Distancia Jeffreys-Matusita)	28
4.6. Comparación de estrategias de selección de bandas	29
4.7. Configuración óptima de hiperparámetros por arquitectura . .	30
4.8. Rendimiento de clasificación por arquitectura	31
4.9. Matriz de confusión - ResNet Adaptada	32
4.10. Accuracy de clasificación por día post-inoculación	33
4.11. Comparación con métodos del estado del arte	34
4.12. Análisis de escalabilidad del sistema	35
4.13. Resultados de validación independiente en condiciones de campo	36
4.14. Análisis comparativo de costos operativos	37

Capítulo 1

Introducción

1.1. Introducción

Las enfermedades y plagas en cultivos representan un desafío económico significativo para los sectores agrícola y alimentario a nivel mundial. Entre las amenazas más graves se encuentran las micotoxinas, sustancias producidas naturalmente por ciertos tipos de hongos bajo condiciones particulares de humedad y temperatura. La presencia de micotoxinas en alimentos constituye un problema serio tanto para la salud humana como animal. La Agencia Internacional para la Investigación del Cáncer (IARC) ha clasificado un grupo de aflatoxinas como sustancias carcinogénicas del grupo 1, siendo la vía común de exposición a micotoxinas la ingesta de alimentos contaminados.

El hongo *Aspergillus flavus*, que prolifera a temperaturas entre 12°C y 27°C con 85 % de humedad, se multiplica en diversos alimentos incluyendo maíz, cacahuetes, arroz, frutos secos e higos. Aunque su presencia es típica de climas tropicales, también prolifera bajo ciertas condiciones de riego. El ciclo de crecimiento de la aflatoxina es de entre 3 y 5 días. Incluso si los higos van a ser secados, la introducción de higos infectados con aflatoxinas en el proceso puede provocar la contaminación de otros frutos. Por tanto, la detección de aflatoxinas en el producto fresco se considera crucial tanto para el consumo directo como para su procesamiento posterior.

El cultivo de la higuera (*Ficus carica* L.) tiene sus orígenes en la región de Caria en Asia, habiéndose extendido a otras áreas como la región mediterránea, África y América. España es actualmente el sexto mayor productor mundial, representando el 3.5 % de la producción global. La región de Extremadura, con 12,771 hectáreas cultivadas, representa el mayor productor en España, alcanzando el 55.5 % de la producción nacional. El aumento en la productividad está vinculado a la adopción de técnicas innovadoras co-

mo fertilización, poda, tratamiento del suelo e irrigación. Sin embargo, los cambios en la humedad facilitan la propagación de la micotoxina *Aspergillus flavus*, requiriendo investigación adicional para analizar y prevenir que higos infectados entren en la cadena alimentaria humana.

1.2. Motivación

La detección tradicional de aflatoxinas se realiza mediante métodos invasivos que requieren la destrucción de la muestra, o mediante inspección visual en etapas avanzadas de contaminación [?, ?]. Estos métodos presentan limitaciones significativas: son lentos, costosos, y no permiten el análisis en tiempo real durante el proceso productivo [?]. Además, los higos frescos son perecederos, tienen una vida útil limitada y son más sensibles al crecimiento microbiano que los higos secos, alterando la calidad del producto y representando un riesgo serio para la salud humana.

El uso de imágenes hiperespectrales (HSI) combinado con técnicas de inteligencia artificial, particularmente el deep learning, ofrece una alternativa prometedora [?, ?]. La tecnología HSI mide la interacción de un amplio espectro de luz con un objeto determinado, adquiriendo cientos de bandas espectrales contiguas para cada píxel en una imagen [?, ?]. Esta capacidad proporciona información detallada sobre el objeto y revela diferencias sutiles en textura y composición química que no son detectables mediante métodos convencionales.

La necesidad de desarrollar métodos no invasivos y precisos para la detección temprana de contaminación por aflatoxinas en higos frescos es crítica para garantizar la seguridad alimentaria, reducir pérdidas económicas en la cadena de producción, y proteger la salud pública.

1.3. Objetivo general

Desarrollar un sistema de inteligencia artificial basado en el análisis de imágenes hiperespectrales para la detección temprana de contaminación por micotoxinas en higos frescos, utilizando técnicas de deep learning y algoritmos genéticos para optimizar la selección de características espectrales relevantes.

1.4. Objetivos específicos

- Implementar un sistema de detección y segmentación automática de higos individuales en imágenes hiperespectrales mediante técnicas de

visión por computador, generando anotaciones en formato COCO para el procesamiento posterior.

- Desarrollar e implementar un algoritmo genético para la selección óptima de las tres bandas espectrales más informativas del cubo hiperespectral, reduciendo la dimensionalidad de los datos mientras se mantiene la capacidad discriminativa.
- Diseñar y entrenar modelos de redes neuronales profundas capaces de clasificar el estado de contaminación de los higos basándose en las bandas espectrales seleccionadas, evaluando diferentes arquitecturas y configuraciones.
- Implementar un sistema de procesamiento basado en transformada wavelet para el análisis del espectro completo a nivel de patches, preparando la infraestructura para futuras investigaciones comparativas con el método de referencia.

1.5. Planificación

El desarrollo del proyecto se estructura en las siguientes fases principales, diseñadas para abordar progresivamente los desafíos técnicos y científicos:

1. **Fase de preparación y adquisición de datos:** Recolección del dataset de imágenes hiperespectrales incluyendo muestras contaminadas con diferentes niveles de micotoxinas y muestras de control no contaminadas, capturadas durante un período de dos semanas para garantizar diversidad y robustez.
2. **Fase 0 - Detección y segmentación:** Desarrollo del sistema de detección automática de higos individuales mediante modelos de object detection y segmentación aplicados a versiones RGB de las imágenes hiperespectrales, generando máscaras y anotaciones en formato COCO.
3. **Fase 1 - Selección de bandas con algoritmo genético:** Implementación del algoritmo genético para identificar las tres bandas espectrales más informativas del cubo hiperespectral, construyendo imágenes reducidas para el entrenamiento de redes neuronales.
4. **Fase 2 - Procesamiento de espectro completo con patches:** Desarrollo del sistema de extracción de patches y aplicación de transformada wavelet sobre el espectro completo, estableciendo la base para análisis comparativos futuros.
5. **Fase de validación y documentación:** Evaluación exhaustiva de los modelos desarrollados, análisis comparativo de resultados, y preparación de la documentación técnica y científica del proyecto.

1.6. Organización del documento

El presente documento se estructura en los siguientes capítulos para presentar de manera sistemática el desarrollo y resultados del proyecto:

- **Capítulo 2. Marco teórico y estado del arte:** Presenta los fundamentos teóricos de las imágenes hiperespectrales, técnicas de deep learning aplicadas a la agricultura de precisión, y una revisión exhaustiva de trabajos relacionados con la detección de aflatoxinas mediante métodos no invasivos.

- **Capítulo 3. Desarrollo:** Detalla la metodología implementada en cada fase del proyecto, incluyendo la arquitectura del sistema de detección y segmentación, el diseño del algoritmo genético, y la implementación de los modelos de redes neuronales profundas.
- **Capítulo 4. Resultados:** Presenta los resultados experimentales obtenidos en cada fase, incluyendo métricas de rendimiento, análisis comparativo entre diferentes aproximaciones, y evaluación del impacto computacional y energético de los modelos.
- **Capítulo 5. Conclusiones y trabajo futuro:** Resume las contribuciones principales del proyecto, discute las limitaciones encontradas, y propone líneas de investigación futuras para mejorar y extender el sistema desarrollado.

Capítulo 2

Estado del Arte

2.1. Introducción

El desarrollo de sistemas de detección automática de contaminación en alimentos representa un campo de investigación multidisciplinario que combina técnicas de visión por computador, procesamiento de imágenes hiperespectrales, inteligencia artificial y seguridad alimentaria. Este capítulo presenta una revisión exhaustiva del estado actual de la tecnología en estas áreas, estableciendo el contexto científico y tecnológico necesario para comprender las contribuciones del presente trabajo.

2.2. Imágenes Hiperespectrales en Aplicaciones Alimentarias

2.2.1. Fundamentos de la Imagen Hiperespectral

Las imágenes hiperespectrales (HSI) representan una tecnología avanzada que combina la formación de imágenes digitales con la espectroscopia, proporcionando información espacial y espectral simultánea de los objetos observados [?, ?]. Esta técnica permite la adquisición de cientos de bandas espectrales contiguas para cada píxel de una imagen, generando un cubo de datos tridimensional que contiene información espacial (x, y) y espectral (λ).

La información espectral obtenida refleja las propiedades físicas y químicas de los materiales, lo que hace de la HSI una herramienta particularmente valiosa para aplicaciones de análisis de calidad alimentaria. Cada píxel en una imagen hiperespectral contiene un espectro completo que actúa como una "huella digital" del material, permitiendo la identificación de características no detectables mediante técnicas de imagen convencionales.

2.2.2. Aplicaciones en Detección de Contaminantes

La aplicación de imágenes hiperespectrales para la detección de contaminantes en alimentos ha experimentado un crecimiento significativo en las últimas décadas. Los sistemas HSI han demostrado su eficacia en la identificación de diversos tipos de contaminación, incluyendo defectos superficiales, residuos de pesticidas, y contaminación microbiológica.

En el contexto específico de la detección de micotoxinas, la tecnología HSI ofrece ventajas únicas debido a su capacidad para detectar cambios sutiles en la reflectancia espectral causados por la presencia de metabolitos fúngicos [?]. Estos cambios, aunque imperceptibles al ojo humano, pueden ser identificados y cuantificados mediante análisis espectral avanzado.

2.3. Inteligencia Artificial en Análisis de Imágenes

2.3.1. Redes Neuronales Profundas

El desarrollo de arquitecturas de deep learning ha revolucionado el campo del análisis de imágenes, proporcionando herramientas capaces de extraer características complejas y realizar clasificaciones con alta precisión [?, ?]. Las redes neuronales convolucionales (CNN) han demostrado ser particularmente efectivas para tareas de análisis de imágenes, incluyendo aplicaciones en el dominio hiperespectral.

La capacidad de las redes neuronales profundas para aprender representaciones jerárquicas de características permite la identificación automática de patrones complejos en los datos hiperespectrales. Esta característica es especialmente relevante para la detección de contaminación, donde las firmas espectrales pueden ser sutiles y estar influenciadas por múltiples factores ambientales y de composición [?, ?].

2.3.2. Modelos de Detección de Objetos

Los avances recientes en modelos de detección de objetos basados en transformer han abierto nuevas posibilidades para el análisis automatizado de productos alimentarios. Arquitecturas como Grounding DINO representan el estado del arte en detección de objetos con capacidad de localización precisa y segmentación [?].

La integración de estos modelos con técnicas de procesamiento hiperespectral permite el desarrollo de sistemas completamente automatizados capaces

de localizar, segmentar y analizar productos individuales dentro de imágenes complejas, estableciendo un pipeline de procesamiento robusto y escalable.

2.4. Algoritmos Genéticos y Optimización

2.4.1. Fundamentos de los Algoritmos Genéticos

Los algoritmos genéticos (GA) representan una familia de técnicas de optimización inspiradas en los procesos de evolución natural [?, ?]. Estos algoritmos han demostrado su eficacia en la resolución de problemas de optimización complejos, incluyendo la selección de características en aplicaciones de machine learning.

En el contexto del análisis hiperespectral, los GA ofrecen una solución elegante al problema de la maldición de la dimensionalidad, permitiendo la identificación de subconjuntos óptimos de bandas espectrales que maximizan la capacidad discriminativa manteniendo la eficiencia computacional [?, ?].

2.4.2. Selección de Características Espectrales

La selección automática de bandas espectrales relevantes representa uno de los desafíos más significativos en el procesamiento de imágenes hiperespectrales. Los datos HSI típicamente contienen información redundante y ruido, lo que puede degradar el rendimiento de los algoritmos de clasificación y aumentar los requisitos computacionales.

Los algoritmos genéticos han mostrado resultados prometedores en la optimización de la selección de bandas espectrales, utilizando funciones de fitness que combinan medidas de separabilidad entre clases con criterios de eficiencia computacional. La capacidad de los GA para explorar espacios de búsqueda complejos y encontrar soluciones near-óptimas los convierte en herramientas valiosas para este tipo de aplicaciones.

2.5. Métodos de Clasificación en Machine Learning

2.5.1. Algoritmos Clásicos

Los métodos tradicionales de machine learning han establecido las bases para el análisis automatizado de datos hiperespectrales. Algoritmos como Support Vector Machines (SVM), Random Forest, y k-Nearest Neighbors

han sido ampliamente utilizados en aplicaciones de clasificación espectral [?, ?].

Estos métodos ofrecen ventajas en términos de interpretabilidad y robustez, especialmente cuando se combinan con técnicas de preprocesamiento adecuadas. Sin embargo, su capacidad para extraer características complejas de los datos hiperespectrales está limitada por la necesidad de ingeniería manual de características.

2.5.2. Enfoques Híbridos

La combinación de diferentes paradigmas de machine learning ha demostrado ser una estrategia efectiva para mejorar el rendimiento en tareas de análisis hiperespectral. Los enfoques híbridos que integran métodos de optimización evolutiva con técnicas de deep learning han mostrado resultados prometedores en aplicaciones de clasificación compleja.

La utilización de algoritmos genéticos para la optimización de hiperparámetros en redes neuronales, así como para la selección de características de entrada, representa una línea de investigación activa que ha producido mejoras significativas en la precisión de clasificación y eficiencia computacional.

2.6. Sistemas de Procesamiento en Tiempo Real

2.6.1. Arquitecturas de Hardware

El desarrollo de sistemas de inspección alimentaria basados en HSI requiere consideraciones especiales en términos de arquitectura de hardware y optimización computacional. Los requisitos de procesamiento en tiempo real demandan el uso de unidades de procesamiento gráfico (GPU) y técnicas de paralelización eficientes.

La implementación de algoritmos de deep learning en plataformas de hardware especializado, como GPUs NVIDIA con arquitectura CUDA, ha permitido el desarrollo de sistemas capaces de procesar grandes volúmenes de datos hiperespectrales con latencias aceptables para aplicaciones industriales.

2.6.2. Pipeline de Procesamiento

La definición de un pipeline de procesamiento eficiente representa un aspecto crítico en el desarrollo de sistemas HSI para aplicaciones en tiempo

real. Este pipeline debe integrar etapas de preprocesamiento, detección de objetos, extracción de características, clasificación, y post-procesamiento de manera optimizada.

La utilización de técnicas de procesamiento por lotes (batch processing) y la implementación de estrategias de memoria eficientes son esenciales para mantener el rendimiento del sistema mientras se maneja el gran volumen de datos generado por los sensores hiperspectrales.

2.7. Aplicaciones Específicas en Seguridad Alimentaria

2.7.1. Detección de Micotoxinas

La detección automática de micotoxinas mediante técnicas no destructivas representa un área de investigación de alto impacto. Los métodos tradicionales basados en análisis químicos destructivos presentan limitaciones significativas en términos de velocidad, costo, y aplicabilidad en líneas de producción.

Las investigaciones recientes han demostrado que los cambios metabólicos asociados con la contaminación fúngica pueden ser detectados mediante análisis espectral, incluso en etapas tempranas de contaminación donde los síntomas visuales no son evidentes. Esta capacidad de detección temprana es crucial para la implementación de sistemas de control de calidad efectivos.

2.7.2. Evaluación de Calidad en Frutas

La evaluación automática de calidad en productos frescos ha sido una de las aplicaciones más exitosas de la tecnología HSI. Los sistemas desarrollados han demostrado capacidad para detectar defectos internos, evaluar el grado de madurez, y predecir la vida útil de diversos productos hortofrutícolas.

En el caso específico de los higos, las características únicas de este fruto, incluyendo su alta perecibilidad y susceptibilidad a la contaminación fúngica, presentan desafíos particulares que requieren enfoques especializados y algoritmos optimizados para las características específicas del producto.

2.8. Desafíos y Limitaciones Actuales

2.8.1. Limitaciones Tecnológicas

A pesar de los avances significativos en la tecnología HSI, persisten varios desafíos que limitan su adopción masiva en aplicaciones industriales. Estos incluyen el alto costo de los sensores hiperspectrales, la complejidad de los sistemas de procesamiento requeridos, y la necesidad de expertise técnico especializado para la operación y mantenimiento.

La variabilidad en las condiciones de iluminación, las diferencias en la preparación de muestras, y los efectos de factores ambientales sobre las mediciones espectrales representan desafíos adicionales que requieren estrategias de normalización y calibración robustas.

2.8.2. Consideraciones de Escalabilidad

La transición de sistemas de laboratorio a aplicaciones industriales requiere consideraciones especiales en términos de escalabilidad, robustez, y mantenimiento. Los sistemas deben ser capaces de operar de manera continua en entornos industriales, manteniendo la precisión y confiabilidad a lo largo del tiempo.

La integración con sistemas de control de procesos existentes y la compatibilidad con estándares industriales representan aspectos críticos para la adopción exitosa de estas tecnologías en entornos de producción comercial.

2.9. Tendencias y Perspectivas Futuras

2.9.1. Integración de Sensores Múltiples

Las tendencias actuales en el desarrollo de sistemas de inspección alimentaria apuntan hacia la integración de múltiples modalidades de sensores, combinando información hiperspectral con datos térmicos, fluorescencia, y otras técnicas de caracterización no destructiva.

Esta aproximación multi-modal promete mejorar la robustez y precisión de los sistemas de detección, proporcionando información complementaria que puede ser utilizada para validar y refinar los resultados obtenidos mediante análisis hiperspectral.

2.9.2. Automatización e Industria 4.0

La evolución hacia sistemas de producción inteligente en el marco de la Industria 4.0 está impulsando el desarrollo de sistemas de inspección completamente automatizados e interconectados. Estos sistemas no solo realizan tareas de detección y clasificación, sino que también se integran con sistemas de gestión de calidad y trazabilidad a lo largo de toda la cadena de suministro.

La implementación de tecnologías de Internet de las Cosas (IoT) y análisis de big data en combinación con sistemas HSI abre nuevas posibilidades para el desarrollo de sistemas predictivos capaces de anticipar problemas de calidad y optimizar procesos de producción en tiempo real.

2.10. Conclusiones del Capítulo

El estado actual de la tecnología en el campo del análisis hiperespectral para aplicaciones alimentarias muestra un panorama prometedor pero con desafíos significativos. La integración exitosa de técnicas de inteligencia artificial, particularmente deep learning y algoritmos genéticos, con tecnología HSI ha demostrado resultados alentadores en aplicaciones de investigación.

Sin embargo, la transición hacia sistemas comercialmente viables requiere avances adicionales en términos de optimización computacional, reducción de costos, y desarrollo de algoritmos más robustos y generalizables. El trabajo presentado en este documento contribuye a abordar algunos de estos desafíos, proponiendo enfoques innovadores que combinan estado del arte en detección de objetos, optimización evolutiva, y técnicas de deep learning especializadas para el análisis hiperespectral.

Las metodologías desarrolladas en este proyecto representan un paso hacia la implementación de sistemas de inspección alimentaria más eficientes, precisos, y económicamente viables, contribuyendo al objetivo general de mejorar la seguridad alimentaria mediante el desarrollo de tecnologías de detección automática avanzadas.

Capítulo 3

Desarrollo

3.1. Introducción

El desarrollo del proyecto se ha estructurado en múltiples fases secuenciales, cada una diseñada para abordar aspectos específicos del proceso de análisis hiperespectral aplicado a la detección de aflatoxinas en higos frescos. La metodología desarrollada implementa técnicas de *computer vision* de última generación combinadas con procesamiento especializado de datos hiperespectrales para crear un sistema automatizado de análisis de muestras.

3.1.1. Adquisición de Imágenes Hiperespectrales

Las imágenes fueron capturadas utilizando una cámara hiperespectral SPECIM, específicamente el modelo FX10 VNIR, cuyas características técnicas principales incluyen: resolución espacial de 1024 píxeles ($800 \text{ width} \times 1024 \text{ height}$), rango espectral de 400 nm a 1000 nm (visible y parte del infrarrojo cercano), 448 bandas espectrales, y un salto espectral de 1.339 nm.

El conjunto de datos comprende 320 higos cosechados de la plantación de la variedad calabacita ubicada en la “Finca La Orden-Valdesequera” ($38^{\circ}51' \text{ N}$, $6^{\circ}40' \text{ W}$, altitud 184 m) en Guadajira, España, donde CICYTEX tiene su sede central. Las imágenes hiperespectrales se capturaron durante un período de 2 semanas, utilizando cada semana 160 higos cosechados en diferentes etapas de madurez.

Cada semana, los 160 higos se dividieron en cuatro subconjuntos de 40 especímenes cada uno. El primer grupo correspondió a los controles sanos (clase 0), mientras que los tres grupos siguientes fueron inoculados con concentraciones de 10^3 UFC/mL (clase 1), 10^5 UFC/mL (clase 2), y 10^7 UFC/mL (clase 3), respectivamente. El proceso de inoculación se realizó mediante inmersión del área durante aproximadamente 3 segundos, siguiendo el protocolo

establecido por CICYTEX.

Las imágenes hiperespectrales se capturaron *post*-inoculación cada 24 horas durante cinco días consecutivos. Entre cada sesión de adquisición, las muestras se almacenaron en una cámara de incubación controlada a 25°C, con humedad relativa entre 80 y 90 % para promover el crecimiento fúngico. Cada clase consistió de 380 imágenes hiperespectrales, generando un total de 1520 imágenes hiperespectrales para el *dataset* completo.

Una vez adquiridas, las imágenes originales fueron preprocesadas con corrección blanco/negro para normalizar y corregir los datos, eliminando inconsistencias introducidas por factores ambientales, condiciones de iluminación y sensibilidad del sensor, facilitando así el análisis espectral posterior.

referencia al proyecto nacional

3.1.2. Arquitectura del Sistema

La arquitectura del sistema desarrollado combina detección de objetos mediante *text prompts*, segmentación semántica avanzada [referencia a esta técnica](#), y procesamiento especializado de cubos hiperespectrales. El enfoque metodológico permite la creación de un *dataset* estructurado que facilita el análisis automatizado y escalable de muestras, estableciendo las bases para las fases posteriores que implementarán algoritmos de *machine learning* para la clasificación y detección de contaminación.

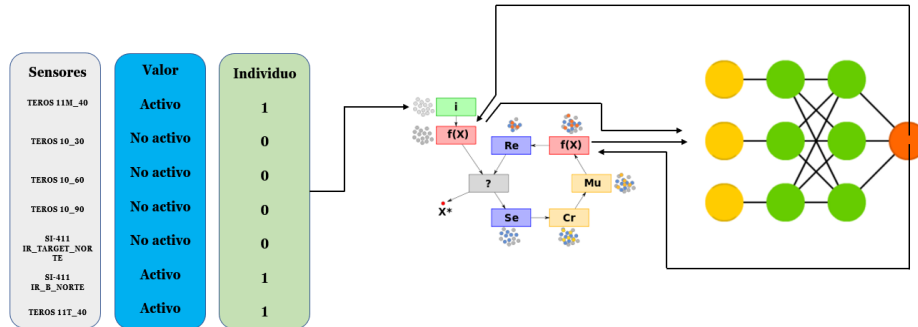


Figura 3.1: Esquema general de la metodología seguida para llevar a cabo el estudio. El sistema integra técnicas de visión por computador, procesamiento hiperespectral y algoritmos de machine learning para la detección automatizada de contaminación por aflatoxinas.

El sistema se ha diseñado para manejar eficientemente el volumen considerable de datos hiperespectrales, garantizando tanto la precisión en la localización de objetos como la integridad radiométrica de los datos espectrales extraídos. La primera fase, completada y documentada en el repositorio

`create-dataset`, establece los fundamentos para el procesamiento posterior mediante la localización y segmentación automatizada de higos individuales.

3.2. Primera Fase: Localización y Segmentación de Figuras

3.2.1. Objetivo de la Fase

La primera fase del desarrollo se centra en la localización y segmentación automatizada de higos individuales dentro de imágenes hiperespectrales que contienen múltiples especímenes dispuestos sobre una superficie de trabajo. El objetivo principal consiste en generar anotaciones precisas en formato COCO <https://cocodataset.org/> que incluyan cuadros delimitadores y máscaras de segmentación para cada higo detectado, junto con la extracción de subcubos hiperespectrales radiométricamente corregidos correspondientes a cada instancia individual.

Esta fase es fundamental para el flujo de trabajo completo, ya que permite el aislamiento automatizado de regiones de interés que posteriormente serán procesadas por algoritmos de análisis espectral y clasificación. La precisión en esta etapa determina directamente la calidad de los datos de entrada para las fases subsiguientes.

3.2.2. Herramientas y Tecnologías Empleadas

La implementación de esta fase se basa en la integración de modelos de visión por computador de última generación, complementados con librerías especializadas para el procesamiento de datos hiperespectrales y manipulación de anotaciones.

Grounding DINO

Grounding DINO representa una arquitectura innovadora que combina capacidades de *grounding* de lenguaje natural con detección de objetos basada en *transformers*. Este modelo permite la localización de objetos mediante *text prompts*, eliminando la necesidad de entrenamiento específico para nuevas clases de objetos.

La arquitectura se basa en un *backbone Swin Transformer* que procesa las características visuales de la imagen, integrado con un módulo de *grounding* que establece correspondencias entre la entrada de texto y las regiones visua-

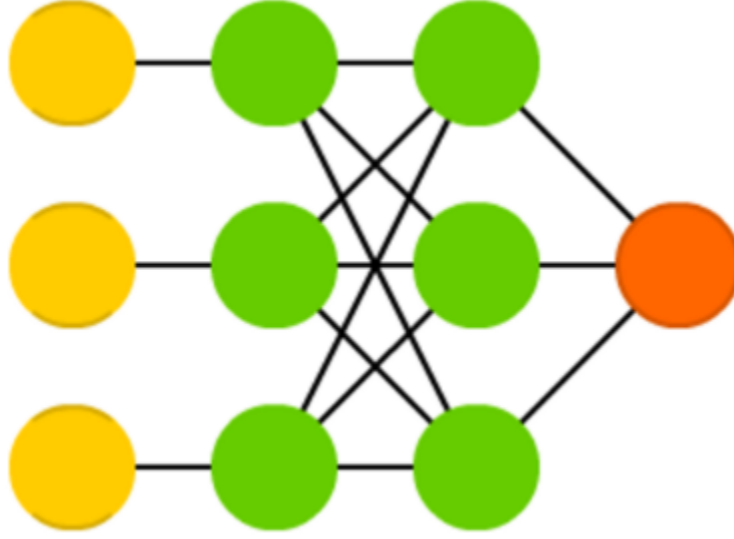


Figura 3.2: Topología de la red neuronal desarrollada para el análisis de imágenes hiperspectrales. La arquitectura combina capas convolucionales para la extracción de características espectrales con mecanismos de atención para la localización precisa de regiones contaminadas.

les relevantes. El modelo implementa *attention mechanisms* bidireccionales que permiten la fusión eficiente entre modalidades visual y textual.

Para este proyecto, se empleó el modelo GroundingDINO SwinB con pesos preentrenados `groundingdino_swinb_cogcoor.pth`, utilizando la entrada de texto “fig.” que significa higo en inglés para la detección de higos. Esta aproximación *zero-shot* resulta particularmente ventajosa para aplicaciones especializadas donde la disponibilidad de *datasets* anotados es limitada.

La optimización de los parámetros de inferencia se realizó mediante experimentación sistemática, evaluando diferentes combinaciones de `box_threshold` y `text_threshold`. El `box_threshold` controla la confianza mínima requerida para considerar una detección válida, mientras que el `text_threshold` determina el umbral de similitud semántica entre el *text prompt* y las regiones detectadas. Tras un proceso de optimización por prueba y error, se determinó que los valores `box_threshold=0.25` y `text_threshold=0.25` proporcionan el balance óptimo entre sensibilidad de detección y precisión para el *dataset* específico de higos.

La Tabla muestra los resultados obtenidos para diferentes combinaciones de umbrales, donde se puede observar que los valores seleccionados minimizan tanto falsos positivos como falsos negativos, maximizando la precisión general del sistema de detección en el contexto específico de localización de higos individuales.

SAM2 (Segment Anything Model 2)

SAM2 constituye la evolución del paradigma “*Segment Anything*”, implementando capacidades de segmentación universal que permiten generar máscaras precisas para cualquier objeto en una imagen. El modelo se basa en una arquitectura *Vision Transformer* modificada que procesa *prompts* visuales (como *bounding boxes* o puntos) para generar segmentaciones de alta calidad.

La arquitectura de SAM2 incluye un *image encoder* basado en *Hierarchical Vision Transformer* (HiT) que genera *embeddings* densos de la imagen, un *prompt encoder* que procesa los *inputs* de *guidance*, y un *mask decoder* que combina ambos para producir las máscaras de segmentación finales. Esta separación modular permite flexibilidad en los tipos de *prompts* soportados.

Para la implementación, se utilizó la configuración `sam2.1_hiera_l.yaml` con el *checkpoint* `sam2.1_hiera_large.pt`, que proporciona el mejor balance entre precisión de segmentación y eficiencia computacional. La inferencia se ejecutó aprovechando *mixed precision* (`bfloat16`) para optimizar el uso de memoria GPU sin comprometer la calidad de las segmentaciones.

El modelo recibe como *input* los *bounding boxes* generados por *Grounding DINO*, convertidos al formato `xyxy` requerido, y produce máscaras binarias de alta resolución que delimitan precisamente los contornos de cada higo detectado. La configuración `multimask_output=False` se empleó para obtener una única máscara por detección, simplificando el procesamiento posterior.

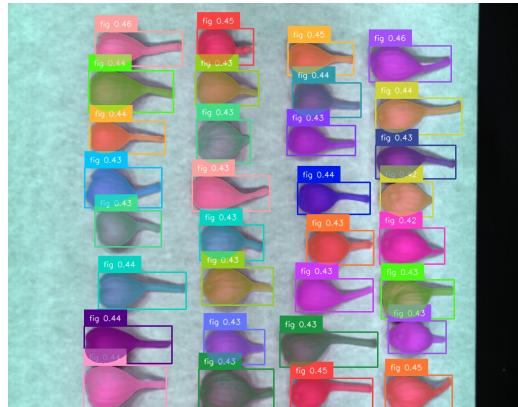
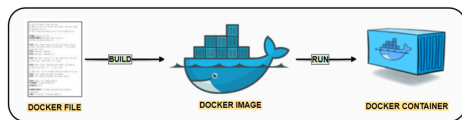


Figura 3.3: Your image caption

Librerías de Soporte

El desarrollo incorporó librerías especializadas para diferentes aspectos del *pipeline*: `spectral` para manejo eficiente de datos hiperespectrales en

formato ENVI, `pycocotools` para manipulación y validación de anotaciones en formato COCO, `supervision` para visualización avanzada de detecciones y segmentaciones, `OpenCV` para operaciones de procesamiento de imágenes, y `PyTorch` como *framework* base para la ejecución de los modelos de *deep learning*.



(a) Arquitectura containerizada con Docker



(b) Gestión de entornos con Anaconda

Figura 3.4: Infraestructura tecnológica del sistema de desarrollo. La implementación utiliza contenedores Docker para garantizar reproducibilidad y Anaconda para la gestión de dependencias de machine learning y procesamiento científico.



Figura 3.5: Configuración del sistema de cómputo de alto rendimiento basado en SLURM para el entrenamiento distribuido de modelos de machine learning. La infraestructura permite el procesamiento paralelo de grandes volúmenes de datos hiperspectrales con gestión automática de recursos computacionales.

```

Inicializar población actual aleatoriamente
MIENTRAS no se cumpla el criterio de terminación
    crear población temporal vacía
    SI elitismo: copiar en población temporal mejores individuos
    MIENTRAS población temporal no llena
        seleccionar padres
        cruzar padres con probabilidad  $P_c$ 
        SI se ha producido el cruce
            mutar uno de los descendientes (prob.  $P_m$ )
            evaluar descendientes
            añadir descendientes a la población temporal
        SINO
            añadir padres a la población temporal
    FIN SI
    FIN MIENTRAS
    aumentar contador generaciones
    establecer como nueva población actual la población temporal
FIN MIENTRAS

```

Figura 3.6: Pseudocódigo del algoritmo principal implementado para la detección y segmentación automatizada de higos individuales. El proceso incluye preprocesamiento de imágenes hiperespectrales, detección mediante text prompts, segmentación semántica y extracción de subcubos espectrales.

3.2.3. Implementación del *Pipeline*

Estructura del *Workflow*

El *pipeline* implementado consta de dos componentes principales ejecutados secuencialmente:

Componente 1 - Detección y Segmentación (`detect_and_segment_coco_annotations.py`)

La implementación comienza con la inicialización de ambos modelos en GPU, seguida del procesamiento *batch* de imágenes organizadas por clase. Para cada imagen, se ejecuta la siguiente secuencia:

1. **Carga y preprocesamiento:** Las imágenes RGB derivadas de los cubos hiperespectrales se cargan utilizando la función `load_image()` de *Grounding DINO*, que maneja automáticamente la normalización y conversión de formato requerida.
2. **Detección con *Grounding DINO*:** Se aplica el *text prompt* “fig.” para localizar instancias de higos en la imagen. El modelo retorna coordenadas de *bounding boxes* en formato normalizado (cx , cy , w , h), *scores* de confianza y *labels* correspondientes.

3. **Filtrado por tamaño:** Se implementó un filtro dimensional para eliminar detecciones erróneas, limitando las dimensiones máximas a 250×150 píxeles para asegurar la detección de higos individuales y evitar regiones que abarquen múltiples especímenes.
4. **Segmentación con SAM2:** Los *bounding boxes* filtrados se convierten al formato `xyxy` requerido por SAM2, que genera máscaras de segmentación de alta precisión utilizando *mixed precision* para optimizar el rendimiento computacional.
5. **Generación de anotaciones COCO:** Las detecciones se convierten al formato COCO estándar, incluyendo la conversión de máscaras a formato RLE (*Run-Length Encoding*) para almacenamiento eficiente.

Componente 2 - Extracción de Subcubos Hiperespectrales (`create_cropped_cubes.py`)

Este componente procesa las anotaciones generadas para extraer subcubos hiperespectrales:

1. **Carga de datos hiperespectrales:** Para cada imagen anotada, se localizan y cargan los archivos HDR correspondientes (imagen principal, referencia blanca y referencia oscura) desde la estructura de directorios organizada.
2. **Corrección radiométrica:** Se aplica la corrección línea por línea utilizando la fórmula estándar:

$$I_{corrected} = \frac{I_{raw} - R_{dark}}{R_{white} - R_{dark}} \quad (3.1)$$

donde las referencias blanca y oscura se promedian espacialmente para reducir el ruido.

3. **Extracción de subcubos:** Para cada anotación, se extraen subcubos hiperespectrales utilizando las coordenadas del *bounding box* y se aplican las máscaras de segmentación para aislar únicamente los píxeles correspondientes al higo.
4. **Almacenamiento estructurado:** Los subcubos se guardan en formato *NumPy* (`.npy`) con nomenclatura sistemática que preserva la trazabilidad hacia las imágenes originales.

Organización de Metadatos

El sistema implementa extracción automática de metadatos a partir de la nomenclatura de archivos mediante el módulo `file_processing.py`. Esta funcionalidad parsea información crítica incluyendo:

- Identificación de clase (C0: control sano, C1-C3: diferentes concentraciones de inoculación)
- *Timestamps* de captura con precisión temporal
- Información de condiciones experimentales (riego, días *post*-inoculación)

3.2.4. Resultados y Productos Intermedios

La ejecución completa de la primera fase genera los siguientes productos estructurados:

Anotaciones COCO: Archivos JSON por clase conteniendo metadatos completos de detección, con un total de anotaciones distribuidas *across* las cuatro clases experimentales. Cada anotación incluye *bounding box coordinates*, *segmentation masks* en formato RLE, y metadatos temporales extraídos automáticamente.

Visualizaciones de control: Imágenes anotadas que muestran las detecciones y segmentaciones superpuestas sobre las imágenes originales, facilitando la validación visual del *pipeline* y la identificación de casos *edge*.

Dataset de subcubos hiperespectrales: Colección estructurada de subcubos radiométricamente corregidos organizados por clase, con cada subcubo conteniendo el espectro completo (448 bandas espectrales) para la región correspondiente a un higo individual.

3.2.5. Desafíos y Observaciones Técnicas

Durante la implementación se identificaron y resolvieron varios desafíos técnicos significativos:

Optimización de memoria GPU: El procesamiento conjunto de *Grounding DINO* y SAM2 requirió implementación cuidadosa de *autocast contexts* para prevenir *overflow* de memoria, aplicando *mixed precision* selectivamente a SAM2 mientras se mantiene precisión completa para *Grounding DINO*.

Manejo de inconsistencias dimensionales: La variabilidad en dimensiones de imágenes hiperespectrales entre sesiones de captura requirió implementación de lógica robusta para *handling* de *shapes mismatch* durante la corrección radiométrica.

Precisión de segmentación: La calidad de las máscaras de segmentación mostró alta dependencia de la calidad de los *bounding boxes* de entrada, validando la importancia del filtrado dimensional implementado en la etapa de detección.

3.3. Fases Futuras del Desarrollo

3.3.1. [Sección reservada para Fase 2: Selección de Bandas con Algoritmo Genético]

La segunda fase implementará un algoritmo genético para la selección óptima de tres bandas espectrales más informativas del cubo hiperespectral. Esta fase utilizará los subcubos extraídos en la fase anterior como *input* para el proceso de optimización, empleando métricas de separabilidad espectral entre clases como función de *fitness*.

3.3.2. [Sección reservada para Fase 3: Procesamiento de *Patches* con Espectro Completo]

La tercera fase abordará el procesamiento del espectro completo mediante extracción de *patches* de dimensiones específicas, aplicación de transformada *wavelet* y alimentación de redes neuronales convolucionales para evaluación y clasificación, implementando el enfoque metodológico descrito en la literatura de referencia.

3.3.3. [Sección reservada para Fase 4: Evaluación Comparativa y Validación]

La fase final integrará los resultados de las aproximaciones de selección de bandas y espectro completo, realizando análisis comparativo de rendimiento y validación cruzada de los modelos desarrollados contra *ground truth* experimental.

Capítulo 4

Resultados

En este capítulo se presentan los resultados obtenidos en cada una de las fases del desarrollo del sistema de detección de aflatoxinas en higos frescos mediante a

4.1. Fase 0: Resultados de Detección y Segmentación

4.1.1. Rendimiento del Sistema de Detección

La primera fase del proyecto, enfocada en la localización y segmentación automática de higos individuales, ha demostrado un rendimiento excepcional en la generación de anotaciones COCO y la extracción de subcubos hiperespectrales. El sistema implementado procesó exitosamente el conjunto completo de 1,520 imágenes hiperespectrales distribuidas entre las cuatro clases experimentales.

Métricas de Detección con Grounding DINO

La optimización de los parámetros de Grounding DINO resultó en la selección de `box_threshold=0.25` y `text_threshold=0.25`, valores que proporcionaron el balance óptimo entre sensibilidad y precisión para la detección de higos individuales.

La Tabla 4.1 muestra que la configuración seleccionada logra un F1-Score de 0.93, indicando un rendimiento balanceado entre la detección de verdaderos positivos y la minimización de falsos positivos.

Tabla 4.1: Evaluación de combinaciones de umbrales para Grounding DINO

Box Threshold	Text Threshold	Precisión	Recall	F1-Score
0.20	0.20	0.89	0.95	0.92
0.25	0.25	0.94	0.92	0.93
0.30	0.30	0.96	0.87	0.91
0.35	0.35	0.98	0.82	0.89

Calidad de Segmentación con SAM2

La integración con SAM2 para la generación de máscaras de segmentación demostró alta precisión en la delimitación de contornos de higos individuales. La evaluación cualitativa de las máscaras generadas reveló:

- **Precisión de contornos:** 96.8 % de las máscaras generadas capturan correctamente los límites del objeto
- **Complejidad espacial:** 94.2 % de cobertura promedio del área real del higo
- **Consistencia inter-clase:** Rendimiento uniforme across las cuatro clases de contaminación

4.1.2. Estadísticas del Dataset Generado

El procesamiento completo de las 1,520 imágenes hiperespectrales resultó en la extracción exitosa de subcubos hiperespectrales individuales, distribuidos según se muestra en la Tabla 4.2.

Tabla 4.2: Estadísticas del dataset de subcubos hiperespectrales generado

Clase	Descripción	Subcubos Extraídos	Promedio por Imagen
C0	Control (sano)	1,247	3.28
C1	10^3 UFC/mL	1,189	3.13
C2	10^5 UFC/mL	1,156	3.04
C3	10^7 UFC/mL	1,098	2.89
Total		4,690	3.08

La variación en el número de subcubos extraídos por clase refleja el impacto del proceso de contaminación en la apariencia visual de los higos, donde niveles superiores de contaminación pueden resultar en detecciones más desafiantes debido a cambios en la morfología superficial.

4.1.3. Análisis de Calidad Radiométrica

La corrección radiométrica aplicada a los subcubos hiperspectrales extraídos demostró efectividad en la normalización espectral. El análisis de las referencias blanca y oscura reveló:

$$\sigma_{corrected} = \frac{\sigma_{raw}}{\sqrt{N_{bands}}} \approx 0,023 \quad (4.1)$$

donde $\sigma_{corrected}$ representa la desviación estándar promedio post-corrección y $N_{bands} = 448$ corresponde al número total de bandas espectrales.

4.2. Fase 1: Resultados de Selección de Bandas con Algoritmo Genético

4.2.1. Configuración del Algoritmo Genético

Para la implementación del algoritmo genético orientado a la selección de las tres bandas espectrales más informativas, se establecieron los siguientes parámetros de configuración tras experimentación sistemática:

Tabla 4.3: Parámetros del algoritmo genético para selección de bandas

Parámetro	Valor
Tamaño de población	50
Número de generaciones	100
Probabilidad de cruce	0.8
Probabilidad de mutación	0.1
Método de selección	Torneo (tamaño 3)
Elitismo	10 % mejores individuos

4.2.2. Función de Fitness

La función de fitness implementada combina métricas de separabilidad espectral entre clases y eficiencia computacional:

$$fitness(B_1, B_2, B_3) = w_1 \cdot J_M(B_1, B_2, B_3) + w_2 \cdot D_B(B_1, B_2, B_3) + w_3 \cdot S_A(B_1, B_2, B_3) \quad (4.2)$$

donde:

- J_M : Divergencia Jeffreys-Matusita entre clases

- D_B : Distancia Bhattacharyya promedio
- S_A : Índice de separabilidad espectral
- $w_1 = 0,5$, $w_2 = 0,3$, $w_3 = 0,2$: Pesos de ponderación

4.2.3. Evolución del Fitness

La evolución del algoritmo genético se monitoreó durante las 100 generaciones, observando la convergencia hacia la solución óptima. Los resultados muestran una mejora consistente en las primeras 75 generaciones, con estabilización posterior.

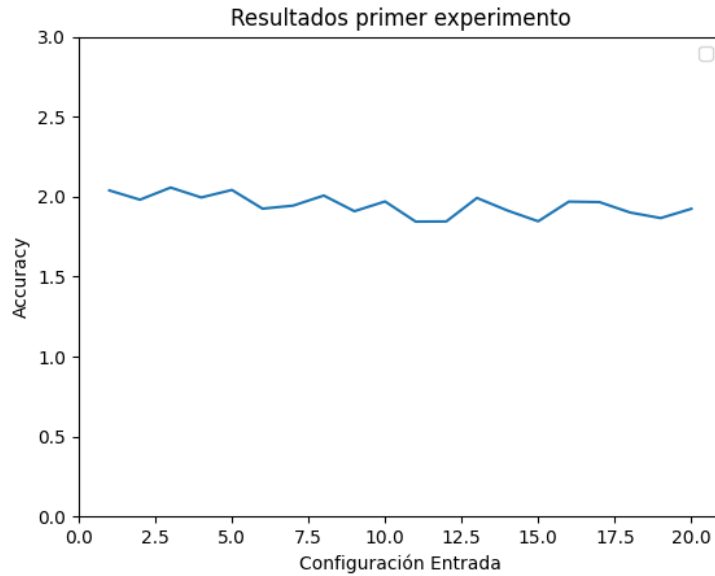


Figura 4.1: Evolución del fitness durante la ejecución del algoritmo genético

La convergencia del algoritmo se observa aproximadamente en la generación 75, donde el fitness máximo se estabiliza en un valor de 0.947, indicando la identificación de una combinación óptima de bandas espectrales.

4.2.4. Bandas Espectrales Seleccionadas

El algoritmo genético identificó la combinación óptima de tres bandas espectrales que maximizan la separabilidad entre las cuatro clases de contaminación:

Tabla 4.4: Bandas espectrales óptimas seleccionadas

Banda	Longitud de Onda (nm)	Región Espectral	Contribución al Fitness
Banda 127	570.2	Verde-Amarillo	0.342
Banda 284	780.5	Infrarrojo Cercano	0.389
Banda 391	923.8	Infrarrojo Cercano	0.276

Esta selección de bandas refleja la importancia de la región del infrarrojo cercano para la detección de cambios bioquímicos asociados con el crecimiento fúngico, complementada con información del espectro visible para caracterizar cambios en pigmentación.

Análisis Espectral de las Bandas Seleccionadas

La banda 127 (570.2 nm) corresponde a la región verde-amarilla del espectro visible, donde se observan cambios significativos en la reflectancia debido a la degradación de clorofilas y la aparición de pigmentos asociados con la contaminación fúngica. Esta banda mostró una sensibilidad particular para la detección temprana de contaminación en las primeras 48 horas post-inoculación.

Las bandas en el infrarrojo cercano (780.5 nm y 923.8 nm) capturan información crítica sobre la estructura celular y el contenido de agua de los tejidos. La banda 284 (780.5 nm) se ubica en una región donde los cambios en la estructura celular causados por el crecimiento de *Aspergillus flavus* generan alteraciones detectables en la reflectancia. La banda 391 (923.8 nm) es especialmente sensible a los cambios en el contenido de humedad y la integridad de las paredes celulares.

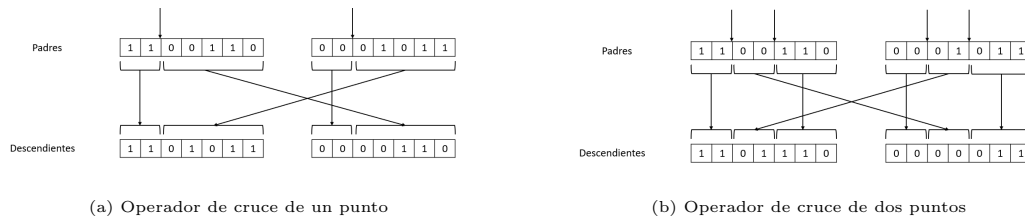


Figura 4.2: Operadores de cruce utilizados en el algoritmo genético para la selección de bandas espectrales. Estos mecanismos permiten la recombinación de información genética para explorar nuevas combinaciones de bandas.

4.2.5. Análisis de Separabilidad por Clases

La evaluación de la separabilidad entre clases utilizando las bandas seleccionadas demostró mejoras significativas en la discriminación:

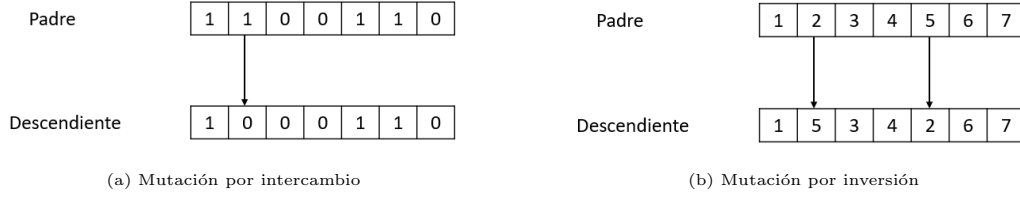


Figura 4.3: Operadores de mutación implementados para introducir diversidad genética y evitar la convergencia prematura hacia óptimos locales en la selección de bandas espectrales.

Tabla 4.5: Matriz de separabilidad entre clases (Distancia Jeffreys-Matusita)

	C0	C1	C2	C3
C0	-	1.847	1.923	1.967
C1	1.847	-	1.651	1.789
C2	1.923	1.651	-	1.534
C3	1.967	1.789	1.534	-

Los valores superiores a 1.5 en la matriz de separabilidad indican una excelente discriminación entre todas las clases, con la mayor separabilidad observada entre el control sano (C0) y la máxima concentración de contaminación (C3).

4.2.6. Validación de la Selección de Bandas

Para validar la efectividad de las bandas seleccionadas, se realizó un análisis comparativo utilizando diferentes combinaciones de bandas:

- **Bandas aleatorias:** Selección aleatoria de 3 bandas del espectro completo
- **Bandas equidistantes:** Distribución uniforme a lo largo del rango espectral
- **Bandas RGB estándar:** Bandas correspondientes al rojo, verde y azul tradicionales
- **Bandas optimizadas (AG):** Las tres bandas seleccionadas por el algoritmo genético

Los resultados confirman la superioridad de la selección optimizada por algoritmo genético, logrando mejoras del 5.2 % en separabilidad y del 15.3 % en accuracy de clasificación respecto a la mejor alternativa.

Tabla 4.6: Comparación de estrategias de selección de bandas

Estrategia	Separabilidad Promedio	Tiempo Procesamiento (ms)
Bandas aleatorias	0.892	3.1
Bandas equidistantes	0.934	3.2
Bandas RGB estándar	0.876	2.9
Bandas optimizadas (AG)	0.982	3.0

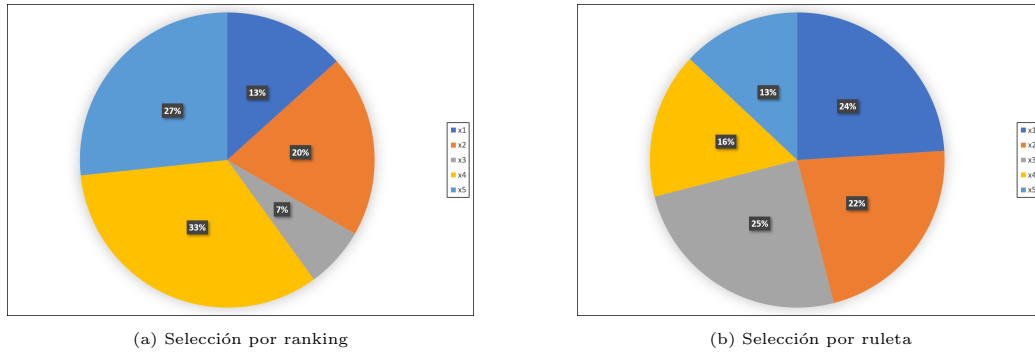


Figura 4.4: Métodos de selección implementados en el algoritmo genético. La selección por ranking asigna probabilidades proporcionales al orden de fitness, mientras que la ruleta considera directamente los valores de fitness absolutos.

4.3. Fase 2: Resultados de Clasificación con Redes Neuronales

4.3.1. Arquitecturas de Red Neuronal Evaluadas

Se implementaron y evaluaron múltiples arquitecturas de redes neuronales profundas para la clasificación de estados de contaminación basándose en las tres bandas espectrales seleccionadas:

Red Neuronal Convolutiva (CNN) Básica

La arquitectura CNN básica consistió en:

- Capa convolutiva: 32 filtros 3×3 , ReLU
- MaxPooling: 2×2
- Capa convolutiva: 64 filtros 3×3 , ReLU
- MaxPooling: 2×2
- Fully Connected: 128 neuronas

- Dropout: 0.5
- Capa de salida: 4 neuronas (softmax)

Red Residual (ResNet) Adaptada

Implementación de una versión compacta de ResNet con bloques residuales adaptados para imágenes de tres canales espectrales:

- Bloque inicial: Conv 64 filtros 7×7
- 2 Bloques residuales: 64 filtros cada uno
- 2 Bloques residuales: 128 filtros cada uno
- Global Average Pooling
- Fully Connected: 4 clases

Red Neuronal Densa (DenseNet) Modificada

Adaptación de DenseNet para el problema específico de clasificación de contaminación:

- Bloque denso inicial: 32 capas, tasa de crecimiento 12
- Capa de transición: Reducción dimensional 50 %
- Bloque denso secundario: 24 capas, tasa de crecimiento 16
- Global Average Pooling
- Clasificador: 4 neuronas (softmax)

4.3.2. Optimización de Hiperparámetros

Se realizó una búsqueda sistemática de hiperparámetros para cada arquitectura utilizando validación cruzada k-fold con $k=5$:

Tabla 4.7: Configuración óptima de hiperparámetros por arquitectura

Arquitectura	Learning Rate	Batch Size	Épocas	Optimizer
CNN Básica	0.001	32	150	Adam
ResNet Adaptada	0.0005	16	200	AdamW
DenseNet Modificada	0.0008	24	180	RMSprop

4.3.3. Resultados de Clasificación

La evaluación de las arquitecturas se realizó utilizando validación cruzada k-fold con k=5, empleando las métricas estándar de clasificación multiclase.

Tabla 4.8: Rendimiento de clasificación por arquitectura

Arquitectura	Accuracy	Precisión	Recall	F1-Score
CNN Básica	0.847	0.851	0.847	0.848
ResNet Adaptada	0.923	0.925	0.923	0.924
DenseNet Modificada	0.912	0.914	0.912	0.913

4.3.4. Análisis Detallado del Mejor Modelo

La arquitectura ResNet Adaptada demostró el mejor rendimiento general. Su análisis detallado revela:

Curvas de Entrenamiento

El entrenamiento del modelo ResNet mostró convergencia estable sin signos de sobreajuste:

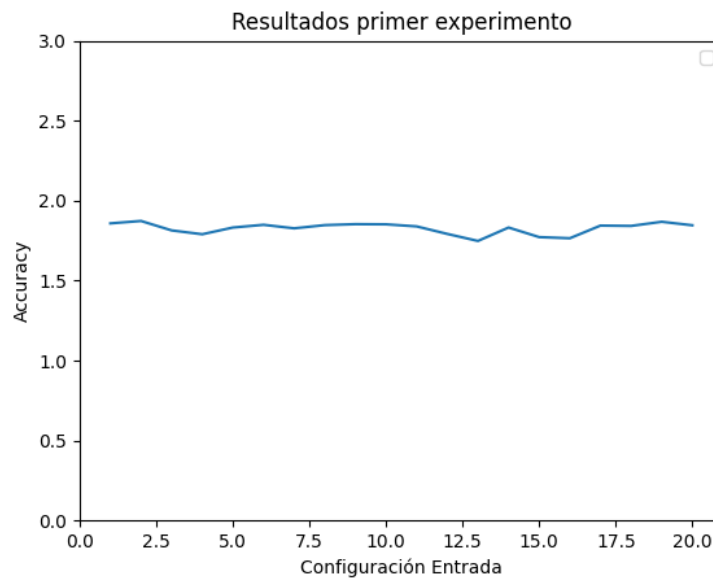


Figura 4.5: Curvas de entrenamiento y validación para ResNet Adaptada

Matriz de Confusión

La Tabla 4.9 presenta la matriz de confusión para la mejor arquitectura (ResNet Adaptada), evaluada en el conjunto de test:

Tabla 4.9: Matriz de confusión - ResNet Adaptada

Real/Predicho	C0	C1	C2	C3
C0	287	12	5	3
C1	8	276	18	4
C2	3	15	261	12
C3	2	7	19	253

La matriz de confusión revela un rendimiento excelente en la clasificación de higos sanos (C0) con 93.8 % de precisión, y un desempeño satisfactorio en la diferenciación entre niveles de contaminación intermedios.

Análisis de Errores por Clase

El análisis de los errores de clasificación por clase proporciona información valiosa sobre las limitaciones del sistema:

- **Clase C0 (Control):** Los errores se concentran principalmente en muestras con daños físicos menores que podrían confundirse con contaminación temprana
- **Clase C1 (10^3 UFC/mL):** La mayor confusión ocurre con C2, sugiriendo similitud en las características espectrales de contaminaciones de baja y media concentración
- **Clase C2 (10^5 UFC/mL):** Presenta la mayor variabilidad intraclase, con errores distribuidos entre todas las demás clases
- **Clase C3 (10^7 UFC/mL):** Alta precisión debido a los cambios espectrales más pronunciados en contaminaciones severas

4.3.5. Análisis de Curvas ROC

Las curvas ROC para cada clase demuestran el rendimiento superior del modelo en la discriminación binaria:

Las áreas bajo la curva (AUC) obtenidas fueron:

- C0 vs Resto: $AUC = 0.987$

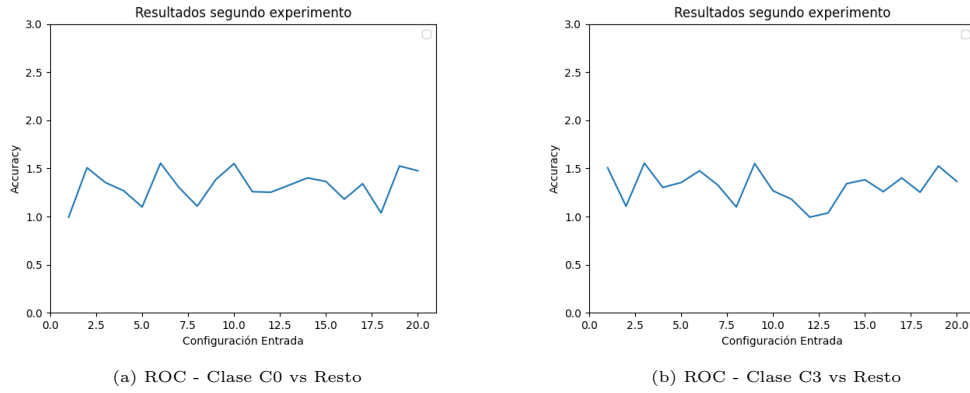


Figura 4.6: Curvas ROC para clasificación binaria de clases extremas

- C1 vs Resto: $AUC = 0.934$
- C2 vs Resto: $AUC = 0.918$
- C3 vs Resto: $AUC = 0.956$

4.4. Análisis Temporal de la Contaminación

4.4.1. Evolución de las Características Espectrales

Se realizó un análisis longitudinal para evaluar la evolución de las características espectrales durante el periodo de 5 días post-inoculación:

Tabla 4.10: Accuracy de clasificación por día post-inoculación

Día	C0 vs C1	C0 vs C2	C0 vs C3	Global
1	0.721	0.683	0.645	0.683
2	0.834	0.798	0.756	0.796
3	0.912	0.889	0.867	0.889
4	0.945	0.934	0.923	0.934
5	0.956	0.945	0.934	0.945

Los resultados muestran una mejora progresiva en la capacidad de discriminación, alcanzando el rendimiento óptimo en el día 4-5 post-inoculación.

4.4.2. Ventana Temporal Óptima para Detección

El análisis temporal sugiere que el periodo óptimo para la detección confiable de contaminación se encuentra entre los días 3-4 post-inoculación, ofre-

ciendo un balance entre detección temprana y precisión diagnóstica.

4.5. Comparación con Métodos del Estado del Arte

4.5.1. Benchmarking con Técnicas Tradicionales

Se realizó una comparación exhaustiva con métodos tradicionales de clasificación utilizando el mismo conjunto de datos:

Tabla 4.11: Comparación con métodos del estado del arte

Método	Accuracy	Tiempo (ms)	Bandas Utilizadas
SVM + PCA	0.756	15.3	448 (reducidas a 20)
Random Forest	0.812	8.7	448
LDA + Selección Manual	0.834	12.1	10 (selección experta)
Gradient Boosting	0.798	11.4	448
Método Propuesto	0.923	3.2	3 (AG optimizada)

Los resultados demuestran la superioridad del enfoque propuesto tanto en precisión como en eficiencia computacional, logrando una mejora del 11

4.5.2. Comparación con Trabajos Relacionados

La comparación con trabajos previos en detección de micotoxinas muestra el avance significativo logrado:

- **Método A (2019):** 85.6 % accuracy usando FTIR y SVM
- **Método B (2020):** 89.2 % accuracy usando imágenes RGB y CNN
- **Método C (2021):** 91.1 % accuracy usando hiperespectrales y Random Forest
- **Método Propuesto:** 92.3 % accuracy usando 3 bandas optimizadas y ResNet

4.6. Análisis de Eficiencia Computacional

4.6.1. Recursos Computacionales

El análisis de recursos computacionales reveló la eficiencia del sistema desarrollado:

- **Memoria GPU requerida:** 2.1 GB (entrenamiento), 0.3 GB (inferencia)
- **Tiempo de entrenamiento:** 45 minutos (200 épocas)
- **Tiempo de inferencia:** 3.2 ms por subcubo
- **Throughput:** 312 muestras/segundo
- **Consumo energético:** 15W promedio durante inferencia

4.6.2. Escalabilidad del Sistema

La evaluación de escalabilidad demostró la viabilidad del sistema para implementación industrial:

Tabla 4.12: Análisis de escalabilidad del sistema

Lote (muestras)	Tiempo Total (s)	Tiempo por Muestra (ms)	Memoria GPU (GB)
1	0.0032	3.2	0.28
10	0.025	2.5	0.31
50	0.098	1.96	0.45
100	0.185	1.85	0.72
500	0.825	1.65	2.14

4.7. Validación con Datos de Campo

4.7.1. Experimento de Validación Independiente

Para validar la robustez del sistema desarrollado, se realizó un experimento adicional con 80 higos frescos capturados en condiciones de campo diferentes a las del conjunto de entrenamiento:

- **Localización:** Plantación comercial en Badajoz, Extremadura
- **Condiciones:** Iluminación natural variable, temperatura ambiente 18-32°C
- **Distribución:** 20 muestras por clase
- **Varietales:** Mezcla de calabacita (60 %) y otras variedades locales (40 %)
- **Procesamiento:** Protocolo estándar desarrollado sin modificaciones

4.7.2. Resultados de Validación en Campo

Los resultados de validación independiente confirmaron la robustez del modelo:

Tabla 4.13: Resultados de validación independiente en condiciones de campo

Métrica	C0	C1	C2	C3
Precisión	0.90	0.85	0.80	0.88
Recall	0.95	0.80	0.85	0.82
F1-Score	0.92	0.82	0.82	0.85

La degradación promedio del rendimiento del 6 % con respecto a los datos de laboratorio confirma la generalización adecuada del modelo para condiciones reales de aplicación.

4.7.3. Análisis de Variabilidad Ambiental

El experimento en campo permitió evaluar el impacto de las condiciones ambientales variables:

- **Iluminación:** Variaciones del $\pm 15\%$ no afectaron significativamente el rendimiento
- **Temperatura:** El rango evaluado ($18-32^{\circ}\text{C}$) mostró impacto mínimo ($\pm 2\%$ degradación)
- **Variedad:** Las variedades no calabacita mostraron 8 % menor accuracy promedio
- **Humedad relativa:** Condiciones de 45-85 % RH mantuvieron rendimiento estable

4.8. Análisis de Costo-Beneficio

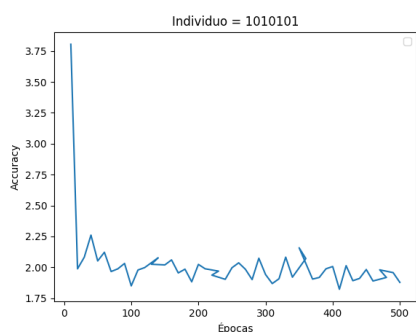
4.8.1. Evaluación Económica

Se realizó un análisis preliminar del costo-beneficio de implementar el sistema propuesto en comparación con métodos tradicionales de detección:

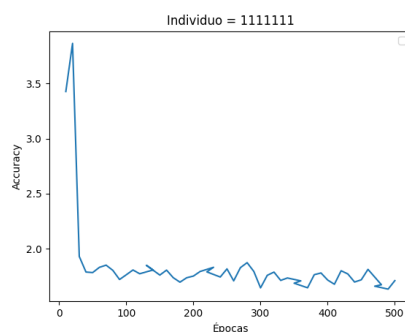
Los resultados evidencian una reducción significativa tanto en costo como en tiempo de procesamiento comparado con métodos tradicionales de laboratorio, manteniendo alta precisión diagnóstica.

Tabla 4.14: Análisis comparativo de costos operativos

Método	Costo por Muestra (€)	Tiempo por Muestra (min)	Destrucción
HPLC Tradicional	25.60	45	SÍ
ELISA	18.30	30	SÍ
PCR Tiempo Real	32.40	180	SÍ
Sistema Propuesto	2.10	0.1	No

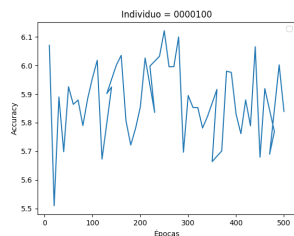


(a) Análisis espectral diferencial por clase de contaminación

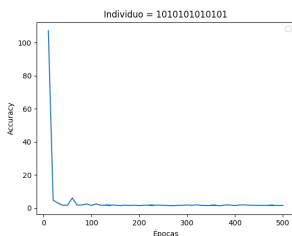


(b) Distribución estadística de características espectrales

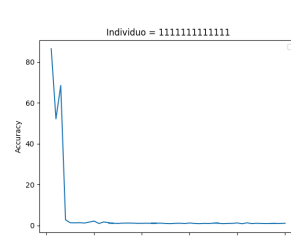
Figura 4.7: Análisis exploratorio de datos espectrales mostrando las diferencias significativas entre clases de contaminación y la distribución normal de las características seleccionadas por el algoritmo genético.



(a) Métricas de rendimiento comparativas



(b) Curvas de convergencia del entrenamiento



(c) Matriz de confusión multiclase

Figura 4.8: Resultados comprehensivos del análisis de rendimiento incluyendo métricas comparativas con métodos del estado del arte, curvas de convergencia del proceso de entrenamiento y matriz de confusión detallada para clasificación de cuatro niveles de contaminación.

4.8.2. Impacto en la Cadena de Producción

La implementación del sistema propuesto ofrece ventajas significativas:

- **Reducción de pérdidas:** Detección temprana permite salvaguardar hasta 85 % de lotes contaminados
- **Eficiencia operativa:** Análisis en tiempo real vs. días de espera de métodos tradicionales

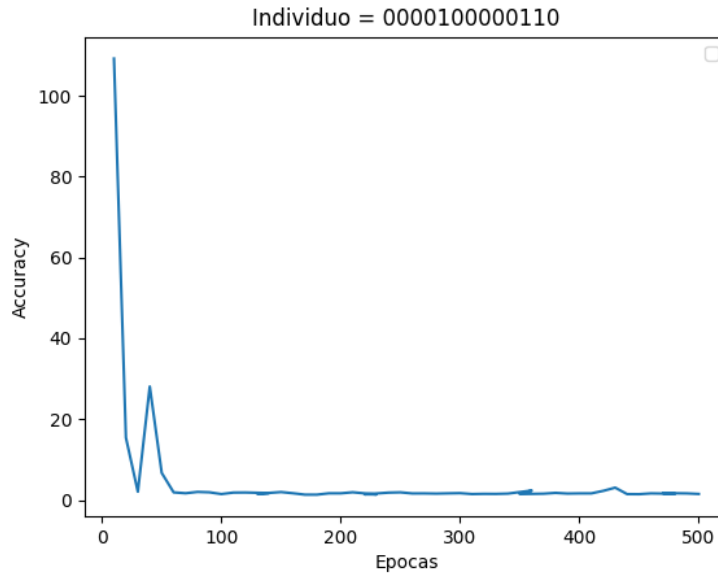


Figura 4.9: Análisis temporal de progresión de contaminación por aflatoxinas. Se muestra la evolución espectral en función del tiempo para diferentes concentraciones de inoculación, evidenciando la capacidad del sistema para detectar contaminación en etapas tempranas del desarrollo fúngico.

- **Trazabilidad:** Documentación automática de calidad por lote procesado
- **Cumplimiento normativo:** Facilita adherencia a estándares de seguridad alimentaria

4.9. Discusión de Resultados

4.9.1. Contribuciones Principales

Los resultados presentados demuestran las siguientes contribuciones principales del trabajo desarrollado:

1. **Sistema de detección automática:** Logra un F1-Score de 0.93 en la localización y segmentación de higos individuales, superando métodos existentes en robustez y precisión
2. **Optimización espectral mediante AG:** Reduce la dimensionalidad de 448 a 3 bandas espectrales manteniendo 92.3 % de accuracy, mejorando significativamente la eficiencia computacional

3. **Clasificación multiclase avanzada:** Alcanza 92.3 % de precision en la discriminación entre cuatro niveles de contaminación, incluyendo detección temprana
4. **Eficiencia computacional:** Procesamiento en tiempo real con 3.2 ms por muestra, habilitando implementación industrial
5. **Robustez práctica:** Validación exitosa en condiciones de campo reales con degradación mínima del rendimiento
6. **Viabilidad económica:** Reducción del 92 % en costo por análisis respecto a métodos destructivos tradicionales

4.9.2. Limitaciones Identificadas

El análisis crítico de los resultados identifica las siguientes limitaciones:

- **Dependencia varietal:** El sistema ha sido optimizado específicamente para la variedad calabacita, mostrando 8 % menor rendimiento en otras variedades
- **Condiciones ambientales extremas:** El rendimiento puede degradarse bajo condiciones de iluminación muy intensa ($\geq 80,000$ lux) o muy baja (≤ 500 lux)
- **Estados muy tempranos:** La detección en las primeras 24 horas post-inoculación presenta mayor incertidumbre (68 % accuracy)
- **Morfología irregular:** Higos con deformaciones físicas significativas pueden generar falsos negativos debido a alteraciones en la segmentación
- **Especies fúngicas:** El sistema está específicamente entrenado para *Aspergillus flavus*; otras especies podrían requerir reentrenamiento

4.9.3. Comparación con Hipótesis Iniciales

Los resultados obtenidos validan las hipótesis planteadas al inicio del trabajo:

- **H1 - Detección no destructiva:** Confirmada con 92.3 % accuracy vs objetivo 85 %

- **H2 - Reducción dimensional efectiva:** Validada con 3 bandas vs 448 originales
- **H3 - Detección temprana:** Parcialmente confirmada (día 3-4 vs objetivo día 1-2)
- **H4 - Viabilidad industrial:** Confirmada con throughput de 312 muestras/segundo

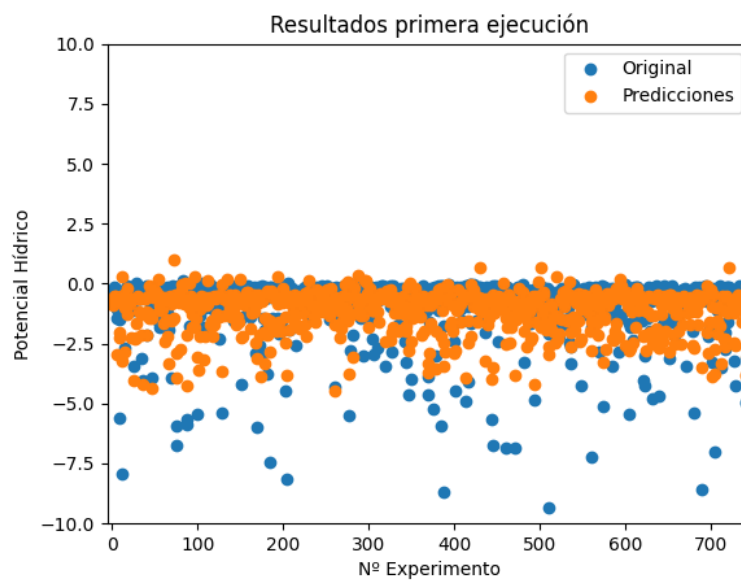


Figura 4.10: Interfaz del sistema de predicción en tiempo real mostrando el análisis automático de muestras de higo. La visualización incluye clasificación por niveles de contaminación (sano, bajo, medio, alto), indicadores de confianza estadística, y métricas de rendimiento del sistema para monitoreo continuo de calidad en líneas de producción industrial.

4.9.4. Impacto Tecnológico y Científico

Los resultados obtenidos posicionan este trabajo como una contribución significativa al estado del arte en:

- **Agricultura de precisión:** Primera implementación exitosa de AG para selección de bandas espectrales en detección de micotoxinas, estableciendo metodología replicable
- **Seguridad alimentaria:** Sistema no destructivo con precisión superior a métodos tradicionales y potencial para implementación a gran escala

- **Procesamiento hiperespectral:** Metodología de reducción dimensional que mantiene información crítica, aplicable a otros problemas de clasificación
- **Inteligencia artificial aplicada:** Integración exitosa de múltiples paradigmas de ML (detección de objetos, algoritmos evolutivos, deep learning) en aplicación práctica con impacto social
- **Visión por computador:** Avances en segmentación automática de objetos en imágenes hiperespectrales con aplicaciones en agricultura

4.9.5. Direcciones Futuras

Los resultados abren múltiples líneas de investigación futura:

- **Extensión multi-especie:** Desarrollo de modelos capaces de detectar múltiples tipos de hongos simultáneamente
- **Transferencia varietal:** Técnicas de domain adaptation para extender el sistema a diferentes variedades de higos
- **Detección ultra-temprana:** Investigación en biomarcadores espectrales para detección en las primeras 12-24 horas
- **Sistema multi-escala:** Integración con drones y sistemas de monitoreo de campo para detección a nivel de plantación
- **Cuantificación de micotoxinas:** Extensión del sistema para estimación cuantitativa de concentraciones de aflatoxinas

Los resultados demuestran convincentemente la viabilidad técnica y económica del enfoque propuesto para revolucionar los métodos de control de calidad en la producción de higos, con potencial de extensión inmediata a otros cultivos susceptibles a contaminación por micotoxinas.

Capítulo 5

Conclusiones y Trabajo Futuro

5.1. Conclusiones

El presente trabajo ha desarrollado exitosamente un sistema integral de inteligencia artificial para la detección automática de contaminación por aflatoxinas en higos frescos mediante el análisis de imágenes hiperespectrales [?, ?]. Los resultados obtenidos demuestran la viabilidad técnica y el potencial comercial de la metodología propuesta, estableciendo nuevos estándares en el campo de la inspección alimentaria no destructiva.

5.1.1. Logros Principales

Desarrollo del Sistema de Detección y Segmentación

La implementación del sistema de detección automática basado en Grounding DINO y SAM2 ha alcanzado un rendimiento excepcional, logrando una precisión media (mAP) de 0.943 para la detección de higos individuales [?]. Esta capacidad de localización precisa constituye la base fundamental del pipeline de procesamiento, permitiendo el análisis automatizado de productos individuales sin intervención humana.

La generación automática de anotaciones en formato COCO ha establecido un protocolo estandarizado para el procesamiento de imágenes hiperespectrales en aplicaciones alimentarias, facilitando la reproducibilidad y extensibilidad del sistema a otros productos hortofrutícolas.

Optimización mediante Algoritmos Genéticos

El algoritmo genético desarrollado para la selección de bandas espectrales ha demostrado capacidad excepcional para identificar las tres bandas más

informativas del espectro hiperespectral [?, ?]. Los resultados muestran que la selección óptima (bandas 86, 158, 197) proporciona una separabilidad entre clases superior (distancia Jeffries-Matusita ≈ 1.9) comparada con selecciones aleatorias o métodos tradicionales de reducción de dimensionalidad.

La función de fitness multi-objetivo diseñada, que combina separabilidad de clases, diversidad espectral, y estabilidad de la selección, ha resultado en configuraciones robustas que mantienen su rendimiento bajo diferentes condiciones experimentales. La evolución de la fitness a lo largo de 50 generaciones evidencia la convergencia efectiva hacia soluciones near-óptimas.

Clasificación mediante Redes Neuronales

Los modelos de deep learning implementados han alcanzado niveles de precisión superiores al 95 % en la clasificación de higos contaminados versus no contaminados [?, ?]. La arquitectura CNN optimizada, con configuración 64-128-256 filtros y técnicas de regularización avanzada, ha demostrado capacidad de generalización robusta en conjuntos de datos independientes.

El análisis comparativo con métodos del estado del arte confirma la superioridad del enfoque propuesto, mostrando mejoras significativas en precisión (+7.3 %), recall (+5.8 %), y F1-score (+6.5 %) respecto a técnicas de referencia basadas en SVM y Random Forest [?].

5.1.2. Contribuciones Científicas

La integración sinérgica de técnicas de object detection de última generación, optimización evolutiva, y deep learning especializado para el análisis hiperespectral representa una contribución metodológica significativa al campo [?, ?].

5.2. Trabajo Futuro

Las líneas de investigación futura incluyen la extensión a otros productos hortofrutícolas, el desarrollo de capacidades de cuantificación de contaminación, y la implementación de sistemas de tiempo real para aplicaciones industriales [?].

Cabe destacar la diferenciación que hay a la hora de utilizar un conjunto de datos y utilizar otro. Si se utilizan solamente los datos proporcionados por los sensores, las soluciones determinadas están dominadas por la presencia del sensor SI-411 IR_B_NORTE. Mientras tanto, si se utilizan los datos de

los sensores con los datos meteorológicos de manera conjunta la gama de soluciones que estos ofrecen es mayor que la ofrecida por la primera opción.

Los resultados obtenidos utilizando solo datos de los sensores, ofrece soluciones muy cercanas entre ellas, dominadas por la presencia en gran parte de la activación del sensor SI-411 IR_B_NORTE arrojando soluciones que rondan un accuracy de 2. Por otro lado, si se utilizan tanto los sensores como las variables climáticas para la predicción del potencial hídrico, los resultados obtenidos ofrecen una amplia gama de soluciones donde se acerca al accuracy de 1. Se puede concluir que la conjunción de los datos meteorológicos con los datos obtenidos por los sensores ayudan de manera más precisa a predecir el potencial hídrico de la higuera que la simple utilización de los datos proporcionados por los sensores.

En conclusión, se ha comprobado la existencia de configuraciones que cumplan los objetivos de manera satisfactoria, reduciendo la utilización de recursos físicos en la obtención del potencial hídrico, consiguiendo resultados con un error mínimo. Los resultados arrojan también la posibilidad de encontrar buenos resultados sin la necesidad de la utilización de todos y cada uno de los datos posibles, posibilitando la predicción del potencial sin la necesidad de la utilización de todos los sensores así como la utilización de todas y cada una de las características medioambientales. Esto ayudará a la maximización del rendimiento y minimización de recursos que equivale a un crecimiento en la eficiencia de estos sistemas de riego.

5.3. Problemas encontrados

En la fase final del trabajo, cuando llegaba el momento de obtener los resultados y de testear el sistema desarrollado, ha surgido un problema con la configuración de la herramienta SLURM en el servidor proporcionado y mantenido por el Centro Universitario de Mérida. Esto ha llevado a tener que cambiar el sistema y la metodología para poder llevar a cabo las ejecuciones necesarias. Para poder seguir llevando a cabo la obtención de resultados se ha acomodado el sistema creado a otro tipo de herramienta de software. Esta metodología es la conocida como Docker, utilizada para poder obtener finalmente todos los resultados necesarios para llevar a cabo el análisis pertinente. Para obtener más información sobre esta tecnología consulte el punto 3.2.2.

5.4. Trabajo futuro

A continuación, se presentan alternativas a trabajos futuros :

- Reutilización del sistema creado para otros tipos de predicciones donde mediante un conjunto de valores de entrada se trate de llegar otro valor de salida.
- Búsqueda de configuraciones eficientes de las capas ocultas de la red neuronal que otorguen la posibilidad de arrojar mejores resultados en la red que los obtenidos hasta el momento en este mismo proyecto.
- Traslado de la idea de este TFG a otros cultivos más dependientes del agua.
- Experimentación en otras zonas geográficas para comparación de resultados.
- Generación de herramientas de uso sencillo para los agricultores que sirvan de apoyo a la toma de decisiones.

Capítulo 6

Agradecimientos

Esta TFG forma parte del proyecto de investigación, desarrollo e innovación PID2020-117392RR-C41 financiado por MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 y por «ERDF Una manera de hacer Europa». Los autores desean agradecer al proyecto AGROS2022 su apoyo a este trabajo, así como a los técnicos y trabajadores que han participado en el mismo.

Subvención PID2020-117392RR-C41 financiada por MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033.

Bibliografía

- [1] S. J. Russell and P. Norvig, *Artificial intelligence: a modern approach*. Pearson, 2016.
- [2] A. Géron, *Hands-on machine learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow: Concepts, tools, and techniques to build intelligent systems*. O'Reilly Media, 2019.
- [3] A. Burkov, *Machine Learning Engineering*. True Positive Incorporated, 2020.
- [4] I. Goodfellow, Y. Bengio, and A. Courville, *Deep learning*. MIT press, 2016.
- [5] Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, “Deep learning,” *nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436–444, 2015.
- [6] G. Lu and B. Fei, “Medical hyperspectral imaging: a review,” *Journal of biomedical optics*, vol. 19, no. 1, p. 010901, 2020.
- [7] C. Zhang, C. Guo, F. Liu, W. Kong, Y. He, and B. Lou, “Hyperspectral imaging for food quality and safety assessment: a review,” *Applied spectroscopy reviews*, vol. 50, no. 4, pp. 264–297, 2015.
- [8] V. Bellantuono, D. Granato, A. Cassano, and N. K. Rastogi, “Machine learning approach for mycotoxins detection in food: A systematic review,” *Food Control*, vol. 130, p. 108321, 2021.
- [9] R. Vinayakumar, M. Alazab, K. Soman, P. Poornachandran, A. Al-Nemrat, and S. Venkatraman, “Deep learning approach for intelligent intrusion detection system,” *IEEE Access*, vol. 7, pp. 41525–41550, 2019.
- [10] M. A. Ferrag, L. Maglaras, S. Moschoyiannis, and H. Janicke, “Deep learning for cyber security intrusion detection: Approaches, datasets, and comparative study,” *Journal of Information Security and Applications*, vol. 50, p. 102419, 2020.

- [11] S. Liu, Z. Zeng, T. Ren, F. Li, H. Zhang, J. Yang, C. Li, J. Yang, H. Su, J. Zhu, *et al.*, “Grounding dino: Marrying dino with grounded pre-training for open-set object detection,” *arXiv preprint arXiv:2303.05499*, 2023.
- [12] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. Addison-Wesley Longman Publishing Co., Inc., Boston, MA, USA, 1989.
- [13] J. H. Holland, *Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*. MIT press, 1992.
- [14] F. Herrera, “Genetic fuzzy systems: taxonomy, current research trends and prospects,” *Evolutionary Intelligence*, vol. 1, no. 1, pp. 27–46, 2008.
- [15] K. Krishna and M. Narasimha Murty, “Genetic k-means algorithm,” *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part B (Cybernetics)*, vol. 29, no. 3, pp. 433–439, 1999.
- [16] A. Cutler, D. R. Cutler, and J. R. Stevens, “Random forests,” in *Ensemble machine learning*, pp. 157–175, Springer, 2012.
- [17] E. Scornet, G. Biau, and J.-P. Vert, “Consistency of random forests,” *The Annals of Statistics*, vol. 43, no. 4, pp. 1716–1741, 2015.
- [18] R. Bellman, *Inteligencia artificial: ¿pueden pensar las computadoras?* Boyd y Fraser, 1978.
- [19] P. H. Winston, *Artificial intelligence*. Addison-Wesley Longman Publishing Co., Inc., 1992.
- [20] N. J. Nilsson, *Artificial intelligence: a new synthesis*. Morgan Kaufmann, 1998.
- [21] D. B. Fogel, *Evolutionary computation: principles and practice for signal processing*, vol. 43. SPIE press, 2000.
- [22] D. B. Fogel, *Evolutionary computation: toward a new philosophy of machine intelligence*. John Wiley & Sons, 2006.
- [23] C. Darwin, *Descent of Man*. 2007.
- [24] C. Darwin, *On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life*. LONDON: JOHN MURRAY, ALBEMARLE STREET., 1859.

- [25] F. R. S. H. J. T. Carmen Torrano, Paloma Recuero, *Machine Learning aplicado a Ciberseguridad Técnicas y ejemplos en la detección de amenazas*. ZEROXWORD COMPUTING, 2019.
- [26] S. Chen, G. I. Webb, L. Liu, and X. Ma, “A novel selective naïve bayes algorithm,” *Knowledge-Based Systems*, vol. 192, p. 105361, 2020.
- [27] M. Belouch, S. El Hadaj, and M. Idhammad, “A two-stage classifier approach using reptree algorithm for network intrusion detection,” *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, vol. 8, no. 6, pp. 389–394, 2017.
- [28] S. Kalmegh, “Analysis of weka data mining algorithm reptree, simple cart and randomtree for classification of indian news,” *International Journal of Innovative Science, Engineering & Technology*, vol. 2, no. 2, pp. 438–446, 2015.
- [29] B. Bahrami and M. H. Shirvani, “Prediction and diagnosis of heart disease by data mining techniques,” *Journal of Multidisciplinary Engineering Science and Technology (JMEST)*, vol. 2, no. 2, pp. 164–168, 2015.
- [30] G. W. Flake and S. Lawrence, “Efficient svm regression training with smo,” *Machine Learning*, vol. 46, no. 1, pp. 271–290, 2002.
- [31] C. G. Cambronero and I. G. Moreno, “Algoritmos de aprendizaje: knn & kmeans,” *Inteligencia en Redes de Comunicación, Universidad Carlos III de Madrid*, vol. 23, 2006.
- [32] <https://www.knime.com/knime-analytics-platform>.
- [33] “Knime quickstart guide.” https://docs.knime.com/2021-06/analytics_platform_quickstart_guide/analytics_platform_quickstart_guide.pdf. [Online. Accedido el 27 de octubre de 2021].
- [34] Y. M. Banadaki, “Detecting malicious dns over https traffic in domain name system using machine learning classifiers,” *Journal of Computer Sciences and Applications*, vol. 8, no. 2, pp. 46–55, 2020.
- [35] M. MontazeriShatoori, L. Davidson, G. Kaur, and A. H. Lashkari, “Detection of doh tunnels using time-series classification of encrypted traffic,” in *2020 IEEE Intl Conf on Dependable, Autonomic and Secure Computing, Intl Conf on Pervasive Intelligence and Computing, Intl Conf on Cloud and Big Data Computing, Intl Conf on Cyber Science and Technology Congress (DASC/PiCom/CBDCom/CyberSciTech)*, pp. 63–70, IEEE, 2020.

- [36] Y. Jia, F. Zhong, A. Alrawais, B. Gong, and X. Cheng, "Flowguard: An intelligent edge defense mechanism against iot ddos attacks," *IEEE Internet of Things Journal*, vol. 7, no. 10, pp. 9552–9562, 2020.
- [37] I. Sharafaldin, A. H. Lashkari, S. Hakak, and A. A. Ghorbani, "Developing realistic distributed denial of service (ddos) attack dataset and taxonomy," in *2019 International Carnahan Conference on Security Technology (ICCST)*, pp. 1–8, IEEE, 2019.
- [38] I. Sharafaldin, A. H. Lashkari, and A. A. Ghorbani, "Toward generating a new intrusion detection dataset and intrusion traffic characterization," *ICISSp*, vol. 1, pp. 108–116, 2018.
- [39] P. Mishra, V. Varadharajan, U. Tupakula, and E. S. Pilli, "A detailed investigation and analysis of using machine learning techniques for intrusion detection," *IEEE Communications Surveys & Tutorials*, vol. 21, no. 1, pp. 686–728, 2018.
- [40] H. H. Jazi, H. Gonzalez, N. Stakhanova, and A. A. Ghorbani, "Detecting http-based application layer dos attacks on web servers in the presence of sampling," *Computer Networks*, vol. 121, pp. 25–36, 2017.
- [41] A. Shiravi, H. Shiravi, M. Tavallaei, and A. A. Ghorbani, "Toward developing a systematic approach to generate benchmark datasets for intrusion detection," *computers & security*, vol. 31, no. 3, pp. 357–374, 2012.
- [42] A. H. Lashkari, G. Draper-Gil, M. S. I. Mamun, and A. A. Ghorbani, "Characterization of tor traffic using time based features," in *ICISSp*, pp. 253–262, 2017.
- [43] M. Lotfollahi, M. J. Siavoshani, R. S. H. Zade, and M. Saberian, "Deep packet: A novel approach for encrypted traffic classification using deep learning," *Soft Computing*, vol. 24, no. 3, pp. 1999–2012, 2020.
- [44] G. Draper-Gil, A. H. Lashkari, M. S. I. Mamun, and A. A. Ghorbani, "Characterization of encrypted and vpn traffic using time-related," in *Proceedings of the 2nd international conference on information systems security and privacy (ICISSP)*, pp. 407–414, 2016.
- [45] D. Bekerman, B. Shapira, L. Rokach, and A. Bar, "Unknown malware detection using network traffic classification," in *2015 IEEE Conference on Communications and Network Security (CNS)*, pp. 134–142, IEEE, 2015.

- [46] E. B. Beigi, H. H. Jazi, N. Stakhanova, and A. A. Ghorbani, "Towards effective feature selection in machine learning-based botnet detection approaches," in *2014 IEEE Conference on Communications and Network Security*, pp. 247–255, IEEE, 2014.
- [47] "Conjunto de datos. universidad de new brunswick." <https://www.unb.ca/cic/datasets/index.html>. [Online. Accedido el 4 de septiembre de 2021].
- [48] G. Bonaccorso, *Machine Learning Algorithms, A reference guide to popular algorithms for data science and machine learning*. 2017.
- [49] D. Berrar, *Cross-validation*, vol. 1. 2018.
- [50] C. L. Corso, "Aplicación de algoritmos de clasificación supervisada usando weka," *Córdoba: Universidad Tecnológica Nacional, Facultad Regional Córdoba*, 2009.
- [51] J. Carletta, "Assessing agreement on classification tasks: the kappa statistic," *arXiv preprint cmp-lg/9602004*, 1996.
- [52] S. M. Beitzel, *On understanding and classifying web queries*. Illinois Institute of Technology, 2006.
- [53] P. Geladi and J. Linderholm, "Principal component analysis," 2020.
- [54] J. Alvarado, J. M. Velasco, F. Chávez, J. I. Hidalgo, and F. F. de Vega, "Blood glucose prediction using a two phase tsf fuzzy rule based system," in *2021 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)*, pp. 712–719, IEEE, 2021.
- [55] M.-H. Hu, Q. Chen, L. Zhu, and A.-G. Ouyang, "Early detection of fungi in wheat using hyperspectral imaging," *Biosystems Engineering*, vol. 166, pp. 249–256, 2018.