



**PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR**

**FACULTAD DE HÁBITAT, INFRAESTRUCTURA Y CREATIVIDAD**

**TÍTULO DE MÁSTER EN BIOLOGÍA COMPUTACIONAL**

**Visión computacional y aprendizaje profundo para el fenotipado de alto rendimiento de mazorcas de cacao *Theobroma cacao* L.**

Trabajo de Titulación

**Autor: Ing.** Zhiminaicela Cabrera, Jonathan Bladimir.

**Directora: PhD.** Gonzalez García, Laura Natalia.

QUITO – ECUADOR

2024

## **AGRADECIMIENTOS**

A mis padres, Esthela Josefina Cabrera Carrión y Bolívar Enrique Zhiminaicela Cuzco, por ser el pilar de mi vida, por su amor incondicional y por enseñarnos que los sueños no solo se persiguen, sino que se construyen con esfuerzo, valores y determinación.

A mis hermanos, Kevin y Cristhian, y a mi sobrino, Dominic, por ser mi inspiración diaria, por sus consejos, compañía y por recordarme siempre que cada día es una oportunidad para ser mejor.

A Laura Natalia González García, mi tutora, por su orientación y apoyo durante todo el proceso de titulación sus conocimientos fueron claves para que pudiera desarrollar y perfeccionar mi trabajo.

A todos aquellos que, de alguna manera, han formado parte de mi crecimiento, especialmente a mis profesores de pregrado y maestría, quienes con su guía han dejado huellas imborrables en mi formación.

Este logro es también de ustedes.

# ÍNDICE DE CONTENIDO

AGRADECIMIENTOS .....	2
ÍNDICE FIGURAS .....	5
ÍNDICE DE TABLAS.....	6
ÍNDICE DE ANEXOS.....	7
CAPÍTULO I .....	8
1. Introducción .....	8
1.1. Problema.....	8
1.2. Justificación.....	9
1.3. Pregunta de investigación.....	10
1.4. Objetivos.....	11
1.4.1. Objetivo general .....	11
1.4.2. Objetivos específicos .....	11
CAPÍTULO II.....	12
2. Revisión de literatura .....	12
2.1. Cacao .....	12
2.1.1. Origen.....	12
2.1.2. Grupos genéticos cacao.....	13
2.1.3. Cultivares liberados de Ecuador.....	13
2.2. Fenotipado .....	14
2.2.1. Fenotipado de alto rendimiento.....	15
2.3. Inteligencia artificial.....	16
2.3.1. Aprendizaje automático.....	17
2.3.2. Aprendizaje profundo.....	17
2.3.2.1. Redes neuronales convolucionales CNN .....	18
2.4. YOLO .....	18
CAPÍTULO III.....	24
3. Metodología .....	24
3.1. Tipo de Estudio.....	24
3.2. Preparación de los datos .....	24
3.3. Entrenamiento del Modelo .....	26
3.4. Flujo de trabajo.....	28
CAPÍTULO IV.....	29
4. Resultados y discusión .....	29
4.1. Resultados.....	29

1.1.1. Ratios fenotipado convencional & fenotipado de alto rendimiento .....	33
1.1.2. Análisis costo beneficio .....	34
4.2. Discusión .....	34
5. Conclusiones .....	36
6. Bibliografía .....	37

## ÍNDICE FIGURAS

Figura 1 Diferencias de la inteligencia artificial, machine learning y deep learning. ....	16
Figura 2. Rendimientos de los modelos YOLO desarrollados por Ultralytics.....	19
Figura 3 Arquitectura del modelo Yolov11 aplicado para el entrenamiento. ....	20
Figura 4 Descripción visual de las categorías utilizadas dentro del ensayo.....	25
Figura 5. a) Largo y ancho de las imágenes b) número de casos de cada grupo obtenido en las imágenes de entrenamiento. Descripción de las características extraídas del conjunto de datos para el entrenamiento.....	26
Figura 6 Vista del etiquetado de los diversos conjuntos de datos mediante Labelimg. ....	27
Figura 7 Diagrama de flujo del proceso, herramientas y funciones utilizadas para el entrenamiento desde la colectada de datos hasta la validación.....	28
Figura 8. Conjunto de validación aplicando en modelo entrenado en Yolo v11. ....	29
Figura 9 Métricas del entrenamiento del algoritmo para identificar estadios e incidencias en cacao. 30	
Figura 10 a) Recall-Confidence Curve b) Precision-Confidence Curve c) Precision-Recall Curve d) F1-Confidence Curve. Métricas de rendimiento del algoritmo. Azul: todas las clases, naranja: mazorcas de 15-24 semanas, verde: mazorca madura y rojo Mazorca de 1-14 semanas.....	31
Figura 11 Matriz de confusión general y normalizada.....	32

## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1 Características asociadas al modelo YoloV11.....</b>	<b>20</b>
<b>Tabla 2 Estudios previos de High-Throughput Phenotyping en Cacao. ....</b>	<b>22</b>
<b>Tabla 3 Métricas de rendimiento evaluadas para el conjunto de validación.....</b>	<b>31</b>
<b>Tabla 4 Resumen comparativo del fenotipado convencional y el algoritmo desarrollado por deep learning. ....</b>	<b>33</b>

## **ÍNDICE DE ANEXOS**

<b>ANEXOS 1 Resultados de cada Epochs del conjunto de entrenamiento mediante Yolov11 propuesto. ....</b>	<b>44</b>
--	-----------

# CAPÍTULO I

## 1. Introducción

### 1.1. Problema

El cultivo cacao (*Theobroma cacao* L.) es una especie de interés económica a nivel mundial, reconocida principalmente por la producción de sus granos (semillas), que constituyen la materia prima fundamental para la obtención de subproductos como el licor de cacao, un componente esencial en la industria del chocolate (Kongor et al., 2024). Su alto valor económico ha orientado programas de mejoramiento genético enfocados a buscar genotipos con mazorcas (frutos) resistentes a enfermedades y semillas de características específicas requeridas en la industria chocolatera (Wessel & Quist-Wessel, 2015). Estas iniciativas, son lideradas a escala global por instituciones como CATIE, INIAP, MARS, Agrosavia y CRIG, programas que buscan optimizar los rendimientos en áreas cultivadas y mitigar las pérdidas asociadas a patógenos, contribuyendo así al fortalecimiento de la sostenibilidad y productividad del cultivo (Cruz Caro et al., 2025; Monteiro et al., 2009).

No obstante, uno de los principales retos en la producción de cacao en Ecuador y otras regiones productoras continúa siendo la alta incidencia de patógenos como *Moniliophthora roreri* y *Phytophthora* spp., responsables de enfermedades como la moniliasis y la mazorca negra, respectivamente (Amores, 2024). Estas enfermedades pueden causar pérdidas superiores al 50% de la producción (Reis et al., 2025), afectando particularmente a pequeños productores (Amores, 2024). Por ello, capturar datos detallados sobre la incidencia de estos patógenos en parcelas de producción es fundamental para implementar controles más eficaces basados en grandes volúmenes de datos (Romero Navarro et al., 2017).

En este contexto, los avances en la investigación han permitido explorar enfoques innovadores para enfrentar estos desafíos como Romero Navarro et al., (2017) quienes han demostrado que combinar datos fenotípicos de alta resolución con marcadores genéticos de alta densidad permite identificar loci de rasgos cuantitativos (QTL) relacionados con resistencia a enfermedades. A través de GWAS y análisis de expresión diferencial, se han identificado genes clave que regulan la respuesta del cacao a patógenos, esta integración de datos genómicos y fenotípicos abre nuevas oportunidades para el mejoramiento genético de cultivares resistentes (Colonges et al., 2022).

Complementando a estos avances genómicos, tecnologías como la visión computacional y el aprendizaje profundo emergen como herramientas estratégicas para el fenotipado de alto rendimiento (High Throughput Phenotyping) (Arya et al., 2022a). Estas técnicas facilitan la identificación automatizada y precisa de características agronómicas y fitosanitarias, superando las limitaciones de los métodos tradicionales, que dependen de evaluaciones manuales propensas a errores, con baja escalabilidad y altos costos operativos (Suparno et al., 2024; Wang & Su, 2022).

En este sentido, el fenotipado de alto rendimiento en cacao integrando inteligencia artificial permitiría recopilar información clave sobre la morfología y sanidad de las mazorcas, datos indispensables para realizar estudios genómicos a gran escala (Schneider, 2022). Esto incluye la caracterización de enfermedades como moniliasis y mazorca negra, cuya expresión puede variar significativamente entre genotipos (Giordano et al., 2021; Yudha et al., 2021). Además,

evaluar la severidad del daño resulta crucial, ya que los síntomas no siempre reflejan el mismo grado de susceptibilidad, facilitando la selección de materiales resistentes y la comprensión de la interacción genoma-ambiente, un factor determinante en el desempeño del cultivo bajo diversas condiciones de manejo (E. Lee et al., 2024). Esta caracterización detallada es igualmente esencial para estudios GWAS, que requieren grandes volúmenes de datos fenotípicos bien caracterizados para establecer correlaciones significativas con las variaciones genéticas (Colonges et al., 2022). Sin una base de datos amplia y detallada, identificar loci de resistencia se vuelve más complejo, especialmente considerando la heterogeneidad genética de las poblaciones de cacao.

Los métodos tradicionales de fenotipado en cacao, limitados por recursos de personal y tiempo, solo permiten evaluar un reducido número de plantas por lote (Amoako et al., 2023) restringiendo el volumen de datos para análisis avanzados. Para superar esta barrera, en este proyecto se desarrolló un modelo de visión computacional basado en YOLOv11, una versión mejorada de YOLO que supera a YOLOv10 en precisión y eficiencia. Este sistema permite a un usuario tomar fotos en campo con un dispositivo móvil, llevarlo a un ordenador y procesarlo identificando los estadios de desarrollo de las mazorcas y la presencia de enfermedades como moniliasis o mazorca negra. Con ello, se facilita la estimación de la producción futura, la generación de mapas de incidencia y la evaluación de genotipos resistentes, optimizando la selección de materiales y el manejo sanitario con datos fenotípicos de mayor volumen y calidad.

La problemática central radica en la baja eficiencia y precisión del fenotipado convencional de mazorcas de *T. cacao* L., que dificulta el monitoreo efectivo de su desarrollo y la incidencia de enfermedades, un factor clave para seleccionar genotipos de alto rendimiento (Oliva-Cruz et al., 2021). Este enfoque automatizado ofrece una solución escalable para potenciar tanto la investigación genómica como la gestión agrícola del cacao.

## **1.2. Justificación**

La producción sostenible de cacao enfrenta limitaciones críticas debido a la ineficiencia del fenotipado convencional, el cual depende de evaluaciones manuales realizadas por técnicos en campo (Schneider, 2022). Este enfoque, aunque tradicionalmente aceptado, presenta múltiples desventajas: es lento, costoso, poco escalable y susceptible a errores humanos debido a su naturaleza subjetiva (Oliva-Cruz et al., 2021; Sanjinez & Julca, 2019). Como consecuencia, se limita la capacidad para recolectar grandes volúmenes de datos fenotípicos confiables, necesarios para estudios genómicos avanzados y la toma de decisiones agronómicas basadas en evidencia (Santos et al., 2012). Esta situación se agrava cuando se trata de caracterizar visualmente enfermedades como la moniliasis y mazorca negra, cuya detección oportuna y precisa es fundamental para reducir pérdidas económicas y evitar la propagación en las plantaciones (Oliva-Cruz et al., 2021).

Frente a este escenario, la aplicación de tecnologías emergentes como la visión computacional y el aprendizaje profundo se presenta como una solución transformadora, estas herramientas permiten automatizar el proceso de fenotipado, elevando drásticamente la eficiencia, precisión y volumen de datos recolectados en campo (Arya et al., 2022b; Che et al., 2015). Mediante algoritmos avanzados como las redes neuronales convolucionales (CNN), es posible identificar

con alta exactitud características agronómicas (Lim et al., 2025) y fitosanitarias de las mazorcas de cacao (Montesino et al., 2021; Olofintuyi et al., 2023; Sing Soh et al., 2024), incluso en condiciones ambientales variables, superando las limitaciones de los métodos convencionales.

El desarrollo de un modelo basado en YOLOv11, entrenado con imágenes reales obtenidas en campo, tiene un gran potencial para modernizar tanto la investigación científica como la gestión agrícola (Y.-S. Lee et al., 2025; Y. Zhang et al., 2025). A nivel de mejoramiento genético, esta herramienta facilitará la identificación temprana de genotipos superiores, especialmente aquellos con tolerancia a enfermedades o con características comerciales deseadas (Engels et al., 2006). Esto permitirá acelerar ciclos de selección, reducir costos de evaluación y aumentar la precisión de los programas de mejoramiento liderados por diversas instituciones.

Desde una perspectiva agronómica, este enfoque empodera a los productores con una herramienta accesible para monitorear en tiempo real el estado fenológico y sanitario de sus cultivos mediante un dispositivo móvil (Ubbens & Stavness, 2017). De esta manera, se promueve una agricultura más inteligente, eficiente y proactiva, alineada con los principios de sostenibilidad y manejo integrado de enfermedades (Montesino et al., 2021). Además, la posibilidad de generar mapas de incidencia y estimaciones de producción mejora el control sobre las fincas, fortalece la toma de decisiones, y puede convertirse en una fuente clave de datos para estudios epidemiológicos y económicos (Taghavi Namin et al., 2018).

Económicamente, la automatización del fenotipado reduce significativamente la dependencia de mano de obra intensiva y disminuye los costos operativos asociados a evaluaciones a gran escala, esto incrementa la rentabilidad del cultivo y mejora la competitividad del sector cacaotero, tanto a nivel nacional como internacional (Pratapa et al., 2021; Singh et al., 2018), especialmente en regiones como Ecuador, donde la producción de cacao representa una fuente importante de ingresos para pequeños y medianos productores.

Metodológicamente, el proyecto responde a desafíos reales como la heterogeneidad genética del cacao y las variaciones ambientales que afectan la calidad de los datos, para abordar esta complejidad, se utilizará un conjunto de 625 imágenes provenientes de la variedad CCN-51, una de las más representativas en América Latina. Esta base sólida permitirá desarrollar una herramienta confiable, con aplicabilidad práctica tanto en estaciones experimentales como en sistemas de producción comercial.

Esta propuesta responde al problema biológico de modernizar el fenotipado de cacao, su impacto abarca desde la generación de conocimiento científico hasta la mejora directa de la productividad y sostenibilidad del cultivo. La integración de inteligencia artificial en la agricultura no solo moderniza el manejo agronómico, sino que también contribuye al desarrollo rural, fortaleciendo la bioeconomía local y consolidando a Ecuador como referente en innovación agrícola en el cultivo de *T. cacao* L.

### **1.3. Pregunta de investigación**

¿Puede desarrollarse un modelo de visión computacional basado en aprendizaje profundo que permita el fenotipado automatizado de mazorcas de *T. cacao* L., identificando sus estadios de desarrollo y la incidencia de *M. royeri* y *Phytophthora* spp?

## **1.4. Objetivos**

### **1.4.1. Objetivo general**

Desarrollar un modelo de visión computacional basado en aprendizaje profundo para el fenotipado automatizado de mazorcas de *T. cacao* L., orientado a la identificación de sus estadios de desarrollo y la detección de la incidencia de *Phytophthora spp.* y *M. royeri*, con el fin de optimizar la caracterización fitosanitaria y apoyar la toma de decisiones en campo.

### **1.4.2. Objetivos específicos**

- Diseñar y construir un conjunto de datos de imágenes de alta calidad de mazorcas de *T. cacao* L. afectadas por *Phytophthora* y *M. royeri*, asegurando una adecuada anotación y diversidad de condiciones.
- Entrenar y optimizar modelos de redes neuronales convolucionales (CNN), utilizando arquitecturas como YOLOv11, para la clasificación automática de los estadios de desarrollo de las mazorcas y la detección de síntomas visuales asociados a ambas enfermedades.
- Evaluar el rendimiento del modelo desarrollado mediante métricas como precisión, sensibilidad, especificidad y mAP, aplicando técnicas de validación cruzada.
- Comparar el desempeño del modelo automatizado con los métodos convencionales de evaluación en campo, considerando factores como tiempo, costos operativos y capacidad de muestreo.

## CAPÍTULO II

### 2. Revisión de literatura

#### 2.1. Cacao

##### 2.1.1. Origen

El cacao una especie crucial en el desarrollo de las civilizaciones mesoamericanas y en la formación de sociedades organizadas, se ha estimado que la domesticación del cacao ocurrió hace alrededor de 3600 años en Mesoamérica, un proceso que tuvo un impacto significativo en las comunidades que cultivaban esta planta (Fanning et al., 2023; Motamayor et al., 2002). Durante la domesticación, se seleccionaron fuertemente genes asociados con el metabolismo de compuestos como las antocianinas, que otorgan color, y la teobromina, un estimulante, así como genes relacionados con la resistencia a enfermedades (Motamayor et al., 2002).

Sin embargo, investigaciones más recientes en genómica y arqueología han ampliado la comprensión de su origen, apuntando al alto Amazonas particularmente en el noroeste de Sudamérica como el verdadero centro de origen de *T. cacao*, dado que esta región alberga la mayor diversidad genética conocida de la especie. En el sitio arqueológico Santa Ana-La Florida (SALF), en el sureste de Ecuador, se han identificado granos de almidón de cacao, residuos absorbidos de teobromina y ADN antiguo en cerámicas, datados en aproximadamente 5300 años antes del presente (Zarrillo et al., 2018). Estos hallazgos constituyen la evidencia más antigua conocida del uso del cacao en las Américas y el primer caso arqueológico indiscutible de su uso precolombino en Sudamérica.

Asimismo, el análisis de residuos cerámicos de culturas precolombinas tanto de Sudamérica como de Centroamérica sugiere un uso extendido del cacao más allá de su región de origen, lo cual pudo haber sido posible gracias a las interacciones culturales entre la cuenca amazónica y la costa del Pacífico. Se ha documentado una intensa mezcla genética entre poblaciones geográficamente distantes desde mediados del Holoceno, promovida por la actividad humana. Esta dispersión temprana habría favorecido la adaptación del cacao a nuevos ambientes y modelado la base genética de las poblaciones actuales (Lanaud et al., 2024a).

A pesar de los esfuerzos por documentar el proceso de domesticación, existen aún lagunas de conocimiento sobre las rutas exactas y el origen de la planta domesticada, algunos estudios sugieren que el cacao pudo haber sido introducido en Mesoamérica desde la región amazónica, un área clave de diversidad genética, y que su domesticación pudo haberse dispersado en varias direcciones (Lanaud et al., 2024b; Motamayor & Lanaud, 2002a). Aunque diversas poblaciones han contribuido al genoma del cacao cultivado, muchas de ellas siguen existiendo como especies silvestres, lo que plantea desafíos en la comprensión de la evolución completa de la planta.

En este sentido, el origen del cacao está profundamente enraizado en la historia biocultural de América tropical, con un proceso de domesticación que no solo transformó la especie, sino que también contribuyó al desarrollo agrícola, económico y simbólico de múltiples civilizaciones. Comprender sus rutas de dispersión, centros de diversidad genética y la evolución de sus atributos sensoriales resulta esencial para valorar el cacao no solo como un cultivo comercial, sino también como un patrimonio agrícola con implicancias globales (Putri et al., 2024).

### **2.1.2. Grupos genéticos cacao**

El cacao cultivado ha sido tradicionalmente clasificado en tres grupos genéticos principales: Criollo, Forastero y Trinitario. Sin embargo, investigaciones recientes que utilizan técnicas genéticas más avanzadas han identificado una mayor diversidad dentro de estos grupos, revelando hasta diez grupos genéticos diferentes en *T. cacao* (Motamayor & Lanaud, 2002b).

El grupo Criollo se considera el cacao más antiguo y de mejor calidad, especialmente en términos de sabor. Este grupo está estrechamente relacionado con la domesticación en Mesoamérica y es altamente apreciado en la industria del chocolate fino. No obstante, el Criollo es más susceptible a enfermedades, lo que limita su producción a pequeña escala. Se ha observado que, como consecuencia de su domesticación, el cacao Criollo ha acumulado una mayor proporción de mutaciones deletéreas, lo que ha impactado negativamente en su productividad.

Por otro lado, el grupo Forastero es el más cultivado a nivel mundial y representa la mayor parte de la producción comercial de cacao. Originario de la región amazónica, el Forastero es más resistente a enfermedades y tiene un rendimiento superior en comparación con el Criollo, aunque su sabor es menos complejo. Este grupo es la base de la mayoría de las variedades comerciales y de bajo costo (Charters & Wilkinson, 2000). El Trinitario, un híbrido entre Criollo y Forastero, combina características de ambos grupos. Se cultiva principalmente en el Caribe y Sudamérica, y su calidad supera a la del Forastero, con una mayor resistencia a enfermedades que el Criollo.

Gracias a los avances en la genómica, como la secuenciación de los genomas de 200 individuos de cacao, se ha logrado realizar un análisis más exhaustivo de la variabilidad genética en *T. cacao* L. Esto ha permitido identificar varios grupos genéticos diferenciados, como Amelonado, Contamana, Guianá, Iquitos, Marañón, Nacional, Nanay y Purús, entre otros. Esta comprensión detallada de la variabilidad genética es fundamental no solo para estudiar la historia evolutiva del cacao, sino también para la mejora genética de la planta y la selección de variedades con mejores características agronómicas y de calidad (Motamayor et al., 2008).

### **2.1.3. Cultivares liberados de Ecuador**

Ecuador es reconocido por su producción de cacao de alta calidad, siendo uno de los países con una gran diversidad genética en sus cultivares, la mejora genética del cacao en el país ha estado orientada a la obtención de variedades que no solo mantengan la excelente calidad del grano, sino que también sean resistentes a enfermedades y con un alto rendimiento (Amores, 2024). A lo largo de los años, varios cultivares han sido liberados oficialmente, basándose en la selección y mejoramiento de características agronómicas y de calidad.

Entre los cultivares más representativos que han sido liberados en Ecuador se encuentran varias variedades híbridas de Forastero y Criollo, así como algunos cultivares de Nacional, una variedad que se caracteriza por su sabor distintivo y su importancia en la industria del chocolate fino. El cultivar "Arriba" es uno de los más conocidos y valorados por su calidad de grano, originario de la región de las estribaciones de los Andes en Ecuador (Boza et al., 2014). Además, se han liberado cultivares como "Nacional Ecuatoriano", que ha sido ampliamente

adoptado por los productores debido a su excelente calidad y adaptabilidad a diferentes condiciones de cultivo.

El enfoque en la mejora genética ha permitido a Ecuador posicionarse como líder en la producción de cacao fino de aroma, lo que ha sido clave para el crecimiento de la industria del chocolate de alta gama (Loor Solorzano et al., 2012). Sin embargo, la resistencia a enfermedades como la moniliasis, la mazorcas negra o escoba de bruja siguen siendo un desafío en el país, lo que ha impulsado el desarrollo de cultivares con mayor tolerancia a estas plagas y enfermedades, en la actualidad el INIAP (Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias) a liberado INIAP-EETP-800 'Aroma Pichilingue', INIAP-EETP-801 'Fino Pichilingue', INIAP-EET-802, INIAP-EETP-803 'Floral Pichilingue', INIAP-EETP-804 'Sabor Esmeralda'.

## **2.2. Fenotipado**

El fenotipado es un proceso fundamental en la mejora genética de las plantas, ya que permite la evaluación de las características observables o fenotípicas que resultan de la interacción entre el genotipo y el ambiente. En el caso del cacao, el fenotipado es crucial para identificar las mejores variedades en términos de rendimiento, calidad del grano, resistencia a enfermedades y adaptación a diferentes condiciones agroecológicas (Mishra et al., 2016).

Tradicionalmente, el fenotipado en cacao se ha basado en métodos visuales y mediciones morfológicas directas. Sin embargo, los avances tecnológicos han permitido incorporar técnicas modernas como la imagen digital, sensores remotos y herramientas de análisis multivariado, que permiten una evaluación más precisa y eficiente de una amplia gama de características, desde el tamaño y forma de las mazorcas hasta parámetros fisiológicos y bioquímicos relacionados con la respuesta a factores ambientales (Sauvadet et al., 2021).

La aparición de enfermedades como la moniliasis y la mazorca negra en los años 80 impulsó el desarrollo de clones resistentes. No obstante, mientras que la resistencia clonal a enfermedades ha sido bien documentada, la capacidad de adaptación de esos mismos clones a diferentes pedoclimas aún es poco comprendida. Estudios recientes &De Almeida et al., (2019) & Sauvadet et al., (2021) han demostrado que los clones resistentes presentan una variación significativa en sus rasgos funcionales (como área foliar específica, contenido de nitrógeno y tasa fotosintética), dependiendo del ambiente en el que se cultivan, lo que evidencia una interacción genotipo  $\times$  ambiente que puede ser evaluada a través del enfoque de rasgos funcionales (ITV, por sus siglas en inglés). Esta aproximación permite detectar plasticidad fenotípica y orientar mejor los procesos de selección en programas de mejoramiento (e.g., clones con mayor área foliar específica tienden a ser más productivos en distintos ambientes).

Además, se ha comprobado que el cacao presenta una respuesta notable a la intensidad de luz (PPFD), mostrando una alta plasticidad en variables fisiológicas y bioquímicas, aunque menor en rasgos morfoanatómicos. Esta plasticidad, sin embargo, no siempre se traduce en mayor crecimiento, ya que plántulas expuestas a alta radiación pueden experimentar fotoinhibición y reducciones en la eficiencia fotosintética, lo que reafirma el carácter sombreado del cultivo y la importancia de adecuar las condiciones de crecimiento a las características genotípicas específicas (Pereira et al., 2017).

Por otro lado, la evaluación de progenies derivadas de cruzamientos dialélicos entre clones contrastantes ha revelado una considerable variabilidad genética en características morfológicas y fisiológicas, como vigor de copa, eficiencia de carboxilación y acumulación de magnesio (Ricaño-Rodríguez, 2018). Estas características, muchas con alta heredabilidad, permiten la formulación de índices de selección multicausal, y facilitan el desarrollo de variedades adaptadas a condiciones de estrés hídrico, salinidad o deficiencia lumínica sin necesidad de esquemas de mejoramiento complejos (Monteiro et al., 2009).

El fenotipado convencional en cacao involucra la medición directa de diversas características de la planta, como la altura, la estructura de las ramas, el tamaño y la forma de las mazorcas, el número de flores, la cantidad de granos por mazorca, entre otras, estas mediciones se realizan de manera visual o utilizando herramientas básicas, como calibres y cintas métricas. Además, se observa la calidad del grano a través de pruebas organolépticas que evalúan el sabor, el aroma y la textura del cacao (Pieruschka & Schurr, 2019).

En cuanto a la resistencia a enfermedades, el fenotipado convencional incluye la observación de síntomas visibles de plagas y enfermedades, como manchas en las hojas o deformaciones en las mazorcas. Estas observaciones ayudan a identificar genotipos más resistentes o tolerantes a las condiciones adversas (Amores, 2024; Amores Puyutaxi et al., 2009). Aunque el fenotipado convencional ha sido eficaz en el pasado, este método puede ser laborioso y subjetivo, lo que limita la precisión en la identificación de características importantes (C. Zhang et al., 2023). El uso de tecnologías modernas ha comenzado a complementar el fenotipado convencional, proporcionando métodos más rápidos, precisos y eficientes para evaluar las características fenotípicas de las plantas de cacao, lo que permite una mejora genética más efectiva y dirigida.

### **2.2.1. Fenotipado de alto rendimiento**

El fenotipado de alto rendimiento (High-Throughput Phenotyping, HTP) es un enfoque tecnológico que permite recolectar de forma rápida, precisa y masiva información fenotípica de organismos, especialmente en contextos agrícolas, mediante el uso de sensores avanzados, plataformas automatizadas y algoritmos de procesamiento de datos (González-López et al., 2021). A diferencia de los métodos convencionales, que suelen ser lentos, subjetivos y limitados en escala, el HTP busca capturar características morfofisiológicas y sanitarias de las plantas con alta frecuencia y resolución, permitiendo así acelerar procesos de selección en programas de mejoramiento genético (Miracle, 2024).

La integración del HTP con tecnologías como visión computacional, inteligencia artificial y aprendizaje profundo ha transformado la manera en que se caracteriza el fenotipo, especialmente en cultivos tropicales como *T. cacao* L. Estas herramientas permiten analizar imágenes digitales tomadas en campo o laboratorio para extraer rasgos clave como tamaño, forma, color, textura o presencia de síntomas de enfermedades, sin intervención humana directa (Che et al., 2015; Taghavi Namin et al., 2018; Ubbens & Stavness, 2017). Esto no solo incrementa la objetividad de las mediciones, sino que también posibilita trabajar con grandes volúmenes de datos de forma eficiente.

En cultivos perennes como el cacao, donde la evaluación fenotípica tradicional es especialmente costosa y lenta, el HTP permite monitorear variables agronómicas y fitosanitarias a lo largo del tiempo, generando datos cruciales para estudios genómicos como

GWAS (Genome-Wide Association Studies) o QTL mapping (Quantitative Trait Loci) (McElroy et al., 2018). Estos estudios requieren conjuntos de datos fenotípicos extensos y bien caracterizados para identificar asociaciones confiables entre rasgos de interés y marcadores genéticos.

Además, el HTP posibilita una caracterización más precisa de la interacción genotipo-ambiente, lo que resulta esencial para seleccionar materiales adaptables a condiciones variables, como ocurre en las zonas productoras de cacao afectadas por enfermedades como la Moniliasis (*M. roseri*) o mazorca negra (*Phytophthora* spp.). La capacidad de detectar de manera automatizada síntomas visibles en etapas tempranas del desarrollo de estas enfermedades puede mejorar significativamente los esquemas de manejo fitosanitario y reducir pérdidas económicas (Sheikh et al., 2024).

### 2.3. Inteligencia artificial

En el contexto de la agricultura digital, el fenotipado de plantas ha evolucionado significativamente gracias a la integración de tecnologías avanzadas como la visión computacional y el aprendizaje profundo (Sheikh et al., 2024). Tradicionalmente, el fenotipado de mazorcas de *T. cacao* L. se ha realizado mediante métodos manuales, lo que implica un trabajo intensivo, prolongado, y susceptible a errores humanos. Estas limitaciones impactan directamente en la eficiencia de la selección de cultivos y en la toma de decisiones por parte de los productores y científicos.

En cuanto a los desarrollo y aplicaciones la inteligencia artificial tiene diferentes niveles de profundidad de los principales la IA de forma general, el aprendizaje automático como segunda fase y finalmente el aprendizaje profundo herramientas que se utilizaron para el entrenamiento de algoritmo realizado en el estudio, cada una tiene diferentes características véase en la Figura 1.

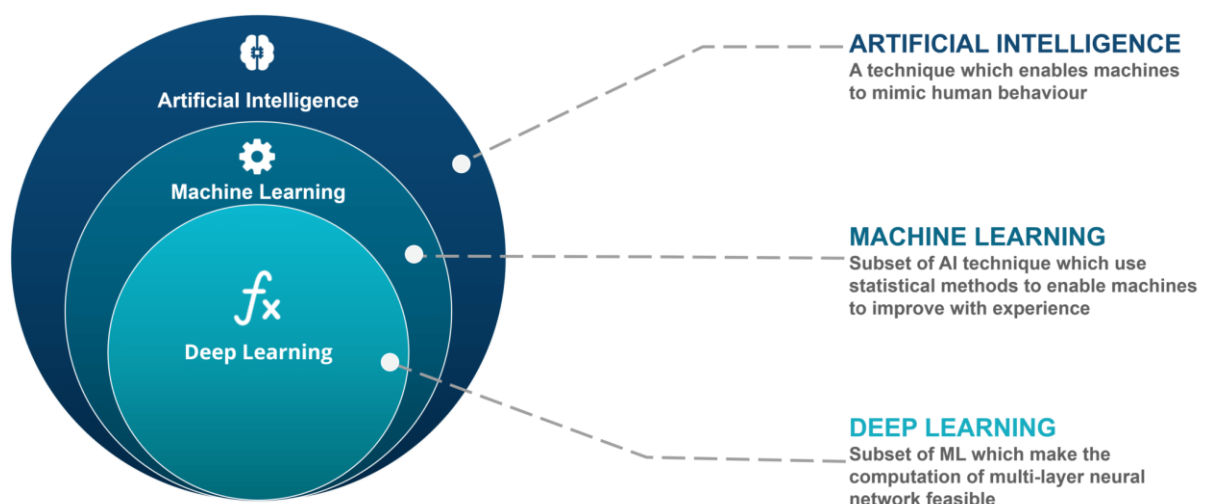


Figura 1 Diferencias de la inteligencia artificial, machine learning y deep learning.

### **2.3.1. Aprendizaje automático**

El aprendizaje automático (Machine Learning, ML) es una rama de la inteligencia artificial que permite a los sistemas informáticos aprender patrones a partir de datos y realizar predicciones o decisiones sin estar explícitamente programados para cada tarea (Cerezo et al., 2022). Este enfoque ha transformado numerosos campos científicos y tecnológicos, incluida la agricultura, al permitir la automatización de tareas complejas como el diagnóstico de enfermedades, la clasificación de cultivos o la predicción de rendimientos (Domingues et al., 2022; Tussupov et al., 2024).

En el contexto del fenotipado de plantas, el aprendizaje automático permite desarrollar modelos que identifican relaciones entre características visuales extraídas de imágenes y variables de interés, como el estado de salud de las mazorcas o la severidad de una enfermedad. Técnicas como máquinas de soporte vectorial (SVM), árboles de decisión y bosques aleatorios han sido ampliamente utilizadas para este propósito. Sin embargo, su rendimiento suele estar limitado por la calidad de las características que deben ser extraídas manualmente o mediante técnicas básicas de procesamiento de imágenes (Attri et al., 2023; Mustafa Abdullah & Mohsin Abdulazeez, 2021).

Frente a estas limitaciones, se considera que el aprendizaje profundo ha emergido como una solución importante para las limitaciones del aprendizaje automático, pues esta permite la extracción automática de características relevantes directamente a partir de los datos sin intervención humana, especialmente en tareas basadas en imágenes que facilitan la identificación de diversos patrones en las imágenes.

### **2.3.2. Aprendizaje profundo**

El aprendizaje profundo (Deep Learning, DL) es una subdisciplina del aprendizaje automático que utiliza arquitecturas de redes neuronales artificiales con múltiples capas para aprender representaciones jerárquicas de los datos, en todo caso la capacidad para capturar patrones complejos y no lineales lo ha posicionado como una herramienta de vanguardia en tareas de visión computacional, como el reconocimiento de objetos, segmentación de imágenes y análisis de patrones visuales (Otchere et al., 2021).

En agricultura, el aprendizaje profundo ha sido implementado exitosamente para detectar enfermedades, clasificar cultivos, estimar biomasa, y realizar fenotipado a gran escala con un alto grado de precisión. Su capacidad para adaptarse a diferentes condiciones de iluminación, fondo y morfología vegetal lo hace ideal para aplicaciones en campo, donde la variabilidad ambiental representa un gran reto (Coulibaly et al., 2022; Saleem et al., 2021).

El entrenamiento de modelos de aprendizaje profundo requiere grandes volúmenes de datos etiquetados y una considerable capacidad computacional. Sin embargo, los avances recientes en hardware y la disponibilidad de plataformas como Google Colab, junto con bibliotecas como PyTorch o TensorFlow, han democratizado su uso en la investigación agrícola (Altalak et al., 2022).

### 2.3.2.1. Redes neuronales convolucionales CNN

Las redes neuronales convolucionales (Convolutional Neural Networks, CNN) son un tipo especializado de red neuronal profunda diseñada para procesar datos con una estructura de cuadrícula, como imágenes. Las CNN han revolucionado el campo de la visión por computadora gracias a su habilidad para aprender características espaciales jerárquicas a través de capas convolucionales, de activación y de agrupamiento (pooling) (Bhosle & Musande, 2023; Chattopadhyay & Maitra, 2022).

En el fenotipado de plantas, las CNN se utilizan ampliamente para identificar rasgos visuales como color, forma, textura, y presencia de síntomas de enfermedades, estas redes pueden detectar patrones que son difíciles de discernir incluso para expertos humanos, lo que las convierte en una herramienta esencial para el monitoreo automatizado y preciso del estado sanitario de los cultivos (Gupta et al., 2022).

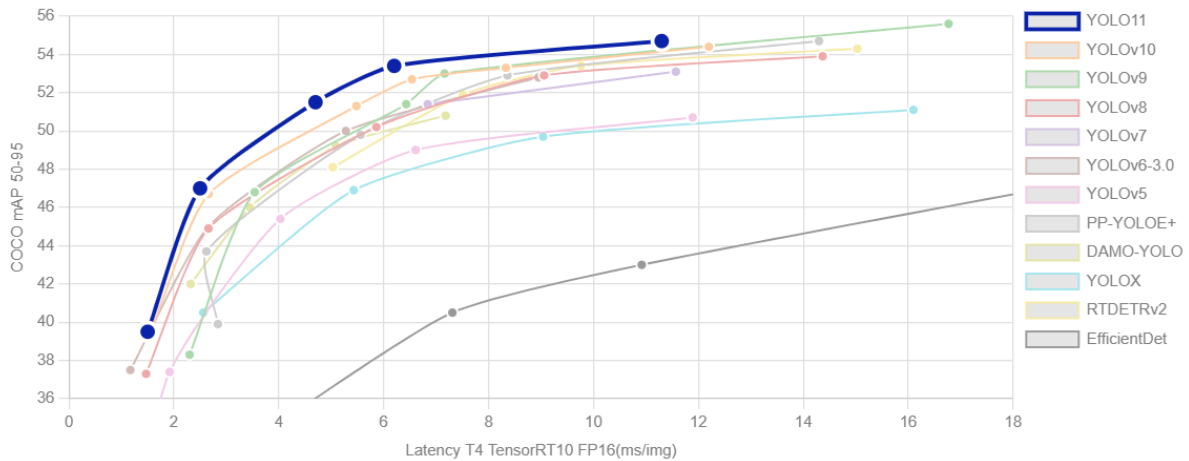
Aplicadas al cacao, las CNN permiten analizar imágenes de mazorcas y reconocer signos de enfermedades como *Phytophthora* spp. y *M. royeri*. Modelos como YOLO (You Only Look Once) y sus variantes más recientes combinan velocidad y precisión en la detección de objetos, siendo altamente adecuados para implementaciones en tiempo real mediante dispositivos móviles, como se propone en este estudio (Essah et al., 2022; Kumi et al., 2022).

## 2.4. YOLO

YOLO (You Only Look Once) es una familia de modelos de detección de objetos en tiempo real que revolucionó la visión computacional por su capacidad de identificar múltiples objetos dentro de una imagen en una sola pasada por la red neuronal (Glenn Jocher & Jing Qiu, 2024). A diferencia de otros métodos que realizan múltiples etapas (como la propuesta de regiones y la clasificación posterior), YOLO realiza la detección de forma unificada, lo que permite una alta velocidad sin sacrificar precisión.

Este enfoque lo hace especialmente adecuado para tareas en entornos de campo, como la agricultura, donde se requiere procesamiento rápido y eficiente de imágenes en dispositivos con recursos limitados. En el contexto del fenotipado vegetal, YOLO se ha utilizado para detectar mazorcas, identificar enfermedades y clasificar estadios de desarrollo fenológico con altos niveles de exactitud y eficiencia, continuamente las diversas versiones de YOLO han tenido mejoras debido al equipo de Ultralytics, que busca ir mejorando las posibles limitaciones continuamente los valores de mAP descrito para cada modelo y la razón por la cual se utiliza esto modelo para el entramiento en el proyecto se describe en la Figura 2.

## Métricas de rendimiento

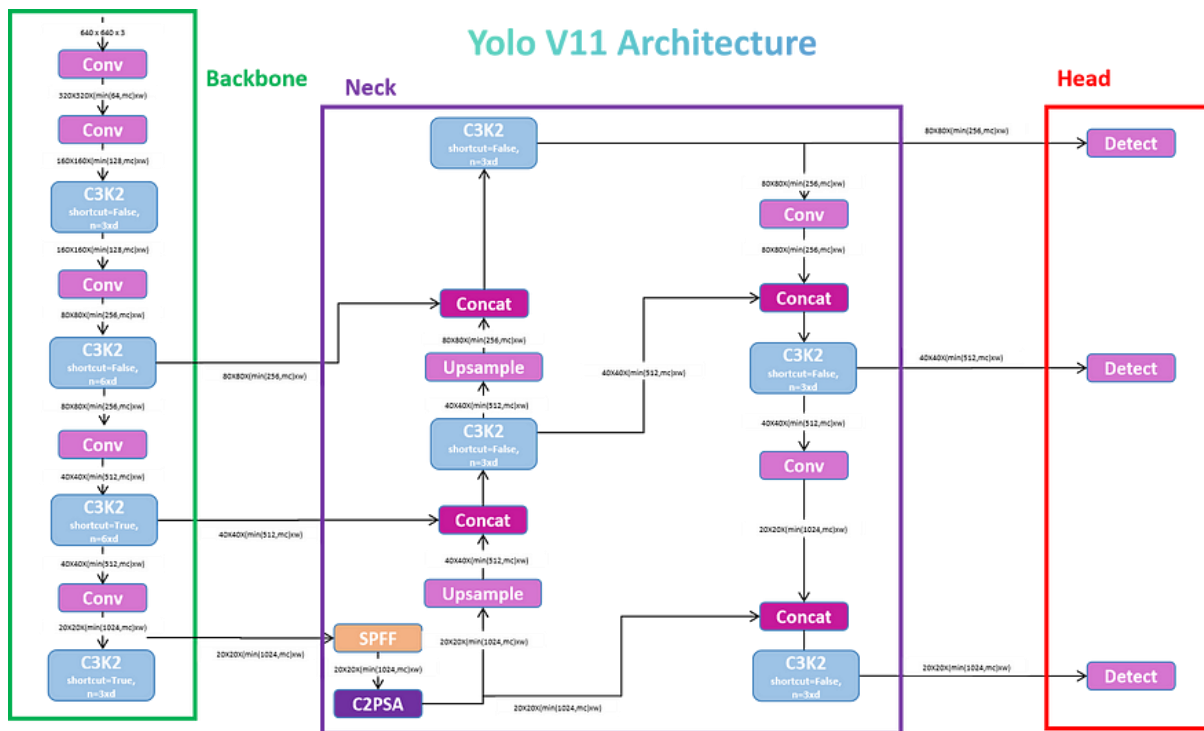


**Figura 2. Rendimientos de los modelos YOLO desarrollados por Ultralytics.**

### 2.4.1.1. Yolov11

YOLOv11 es la última versión de la serie YOLO desarrollada por Ultralytics. Introduce mejoras sustanciales en arquitectura y eficiencia, posicionándose como una de las herramientas más avanzadas para la detección y análisis de objetos en imágenes. Esta versión incorpora una arquitectura optimizada con una mejor extracción de características (backbone y neck mejorados), lo que permite una mayor precisión con un menor número de parámetros, especialmente en su modelo YOLO11m, que supera en precisión al YOLOv8m utilizando un 22% menos de parámetros.

Además de la detección de objetos, YOLOv11 soporta otras tareas como segmentación de instancias, estimación de poses, clasificación de imágenes y detección orientada (Oriented Bounding Boxes), lo cual lo convierte en una herramienta versátil para diversos desafíos de visión computacional. Su capacidad para desplegarse tanto en dispositivos móviles como en entornos de alto rendimiento lo hace ideal para aplicaciones agrícolas que requieren respuestas rápidas en campo.



**Figura 3** Arquitectura del modelo YoloV11 aplicado para el entrenamiento.

En este estudio, se utiliza YOLOv11 como base para desarrollar un sistema automatizado de detección del estado sanitario de las mazorcas de cacao, particularmente orientado a identificar síntomas de enfermedades como moniliasis y mazorca. La precisión, velocidad y adaptabilidad de YOLOv11 lo convierten en una alternativa ideal para mejorar la eficiencia del fenotipado y la toma de decisiones agronómicas a través del monitoreo visual automatizado.

YOLOv11 (You Only Look Once, versión 11) es una arquitectura de red neuronal profunda diseñada específicamente para la detección de objetos en tiempo real (Figura 3) y es una de las versiones más recientes de la serie YOLO desarrollada por Ultralytics. YOLOv11 se destaca por su velocidad y precisión, lo que lo hace adecuado para tareas en las que se requiere una alta eficiencia en la identificación y clasificación de objetos dentro de una imagen.

Este modelo ha introducido mejoras sustanciales con respecto a sus versiones anteriores, tanto en la precisión como en la velocidad de procesamiento, gracias a los avances en su arquitectura. Entre las mejoras clave que incorpora YOLOv11, se destacan las siguientes:

**Tabla 1** Características asociadas al modelo YoloV11.

Característica	Descripción
Arquitectura mejorada de la columna vertebral y el cuello	YOLOv11 utiliza una red optimizada para la extracción de características, lo que mejora la precisión en imágenes complejas o con fondos variados.

<b>Característica</b>	<b>Descripción</b>
Reducción de parámetros sin pérdida de precisión	Con menos parámetros en comparación con modelos anteriores, YOLOv11 mantiene una alta precisión, lo que lo hace más eficiente en términos de memoria y procesamiento.
Mayor velocidad en inferencia	Gracias a optimizaciones arquitectónicas, YOLOv11 realiza detecciones en tiempo real, lo cual es esencial para aplicaciones que requieren procesamiento rápido de imágenes.
Versatilidad	YOLOv11 es eficaz no solo en la detección de objetos, sino también en tareas de segmentación de instancias, estimación de poses y detección orientada, lo que lo hace adaptable a una amplia variedad de problemas en visión por computadora.

## 2.5. Estado del Arte

El uso de visión computacional en la agricultura ha permitido la automatización de la detección, clasificación y cuantificación de características fenotípicas en diversas plantas, estudios recientes han demostrado que los algoritmos de redes neuronales convolucionales (CNN), como ResNet, YOLO, y U-Net, son altamente efectivos para tareas de clasificación y segmentación de imágenes de mazorcas y otros órganos vegetales (Bhosle & Musande, 2023; Chattopadhyay & Maitra, 2022).

En *T. cacao* L., algunas investigaciones preliminares han explorado el uso de técnicas de procesamiento de imágenes para analizar enfermedades foliares y calidad del grano, pero la aplicación directa de estas tecnologías al fenotipado de mazorcas sigue siendo un área de innovación emergente (Sing Soh et al., 2024; Zhinin-Vera et al., 2023). La propuesta actual busca llenar esta brecha aplicando un enfoque metodológico basado en la recolección manual de imágenes de mazorcas, utilizando cámaras de alta resolución para asegurar una captura de datos precisa y detallada en contras con enfoques que utilizan drones, este método permite un control más directo y una resolución más alta de las imágenes capturadas, factores clave para la identificación de características fenotípicas complejas.

## 2.6. Contribución metodológica

La metodología propuesta no solo optimiza el proceso de fenotipado al reducir significativamente los tiempos y costos operativos, sino que también aborda directamente las limitaciones de los métodos tradicionales mediante el uso de herramientas de inteligencia artificial. El enfoque basado en el uso de cámaras digitales en lugar de drones permite un mayor control sobre la captura de imágenes, asegurando que los datos sean consistentes y de alta calidad, lo que es crucial para el entrenamiento de modelos precisos.

La metodología planteada integra técnicas avanzadas de visión computacional y aprendizaje profundo que, junto con innovaciones recientes en el campo, ofrecen una solución más eficiente

y precisa para el fenotipado de mazorcas de *T. cacao* L. Esta propuesta no solo contribuirá al avance del conocimiento en esta área, sino que también proporcionará una herramienta práctica y de alto rendimiento para los actores de la industria del cacao.

## 2.7. Antecedentes Históricos y Referenciales

Históricamente, el fenotipado de plantas ha sido una actividad manual que requiere la observación directa y medición de características morfológicas y fisiológicas de los cultivos., en el caso del cacao, el fenotipado de mazorcas ha sido fundamental para la selección de variedades de alto rendimiento y resistencia a enfermedades (Mishra et al., 2016; Taghavi Namin et al., 2018). Sin embargo, los métodos tradicionales son laboriosos, costosos y sujetos a errores humanos, lo que limita su eficiencia y precisión (Schneider, 2022). En los últimos años, la agricultura digital ha comenzado a incorporar herramientas tecnológicas avanzadas, como sensores, imágenes digitales y sistemas automatizados, para mejorar estos procesos.

El uso de técnicas de visión computacional y aprendizaje profundo en la agricultura ha demostrado ser altamente eficaz en la automatización del fenotipado de cultivos. Investigaciones previas han aplicado redes neuronales convolucionales (CNN) para tareas como la detección de enfermedades en hojas de diferentes plantas, la identificación de mazorcas y la estimación de parámetros como el tamaño, la forma y la madurez (Bhosle & Musande, 2023). No obstante, el fenotipado específico de mazorcas de cacao utilizando estas tecnologías sigue siendo un área de estudio emergente (Tabla 2.). Aunque existen avances significativos en el uso de la inteligencia artificial para el fenotipado de plantas, hay brechas claras en su aplicación específica para mazorcas de *T. cacao* L.

**Tabla 2 Estudios previos de High-Throughput Phenotyping en Cacao.**

<b>Brechas de conocimiento</b>	<b>Aportaciones</b>
Escasa atención al fenotipado automatizado de mazorcas de cacao en comparación con otros cultivos.	Aplicación específica de aprendizaje profundo para identificar y clasificar mazorcas de <i>T. cacao</i> L. con alta precisión.
Falta de conjuntos de datos amplios y bien etiquetados para entrenar modelos.	Recolección y creación de un dataset robusto y etiquetado de imágenes de mazorcas, útil para esta y futuras investigaciones.
Ausencia de estudios comparativos entre métodos tradicionales y enfoques con IA en fenotipado de cacao.	Evaluación comparativa rigurosa entre métodos convencionales y modelos basados en IA, con evidencia empírica de ventajas y limitaciones.

## 2.8. Visión Computacional

La visión computacional es una disciplina de la inteligencia artificial que permite a las máquinas interpretar y entender el mundo visual a través de imágenes y videos, en el contexto

agrícola, se utiliza para analizar características fenotípicas de cultivos mediante el procesamiento de imágenes (Wang & Su, 2022). El aprendizaje profundo, una subdisciplina del aprendizaje automático, utiliza redes neuronales profundas (DNN) para modelar patrones complejos en grandes conjuntos de datos. En particular, las redes neuronales convolucionales (CNN) se destacan en tareas de procesamiento de imágenes, como la clasificación y segmentación (Kumi et al., 2022).

El fenotipado digital se refiere a la aplicación de tecnologías digitales para medir y analizar características físicas y fisiológicas de los cultivos (Mishra et al., 2016). En este proyecto, el fenotipado digital se centra en las mazorcas de *T. cacao* L., utilizando imágenes obtenidas con cámaras digitales y técnicas avanzadas de análisis de imágenes para evaluar parámetros fenotípicos clave, como tamaño, forma, color y presencia de daños o enfermedades (Che et al., 2015).

## 2.9. Antecedentes Referenciales

Los métodos tradicionales de fenotipado de cultivos se basan en la observación visual directa y la medición manual, lo que puede llevar a errores humanos, variabilidad en los datos recolectados y una considerable inversión de tiempo y recursos. Con el avance de la inteligencia artificial y el procesamiento de imágenes, los investigadores han desarrollado métodos automatizados que superan estos desafíos al proporcionar un análisis más rápido, preciso y reproducible de características fenotípicas. Sin embargo, la aplicación específica de estas tecnologías al fenotipado de mazorcas de cacao sigue siendo limitada y representa una oportunidad de innovación.

## CAPÍTULO III

### 3. Metodología

La metodología utilizada en este estudio está centrada en la detección y clasificación de estadios e incidencias de mazorcas de cacao para evaluar esta información a partir de imágenes utilizando el modelo YOLOv11 (Ultralytics YOLO11), que es una versión nueva de los modelos YOLO, optimizada para tareas de visión por computadora en tiempo real. A través de este modelo, se busca identificar diferentes estadios e incidencia en un lote de producción a gran escala, considerando características como la madurez y el estado de salud de estos.

#### 3.1. Tipo de Estudio

Este trabajo tiene un enfoque experimental con un componente de aprendizaje profundo aplicado, se emplea un enfoque cuantitativo, donde se entrenan modelos de redes neuronales profundas (CNN) con el objetivo de obtener un modelo preciso y eficiente capaz de detectar y clasificar automáticamente las mazorcas de cacao a partir de imágenes (Mishra et al., 2016; Pieruschka & Schurr, 2019). El objetivo es diseñar una solución automatizada que facilite el proceso de monitoreo y evaluación de la calidad de las mazorcas de cacao en una plantación. Para lograr esto, el modelo YOLOv11 es entrenado con un conjunto de 625 imágenes previamente etiquetadas y se evalúa su desempeño bajo diferentes condiciones.

#### 3.2. Preparación de los datos

El primer paso en la metodología fue la recopilación y organización de las 625 imágenes de mazorcas de cacao del cultivar CCN-51 de dos fincas ubicadas en la provincia de El Guayas y El Oro capturas por un dispositivo móvil HONOR X8B Versión 9.0.1.380 las imágenes fueron tomadas bajo diferentes condiciones de luz, ángulos y estados de madurez de las mazorcas.

A partir de estas imágenes, se extrajeron las siguientes etapas de preprocesamiento y etiquetado, las clases utilizadas para el entrenamiento están presentadas en la Figura 4:





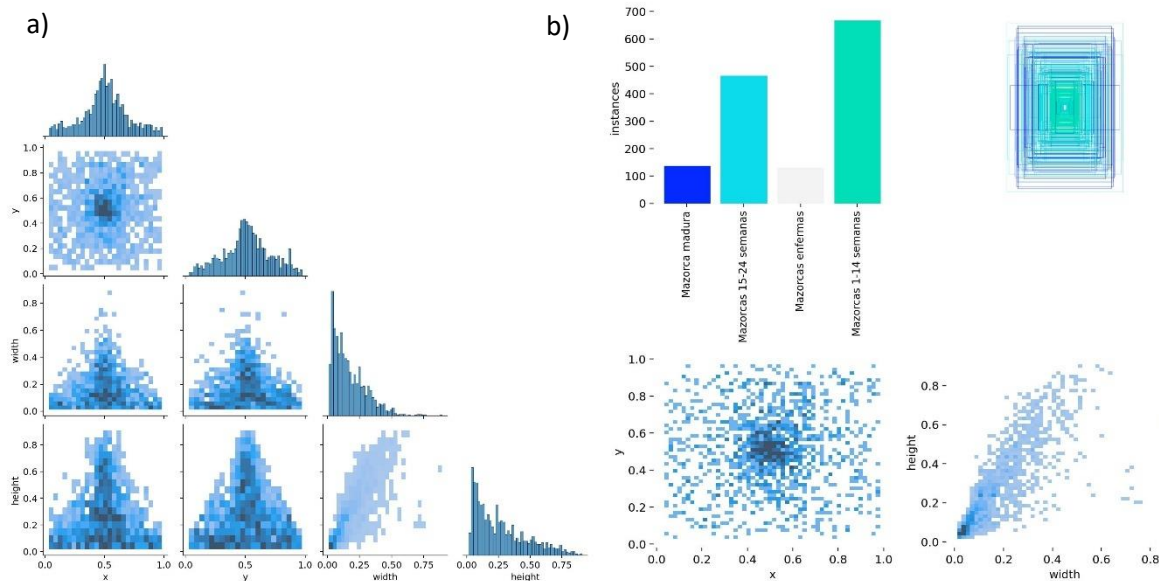
**Figura 4 Descripción visual de las categorías utilizadas dentro del ensayo.**

Las imágenes de las mazorcas de cacao fueron obtenidas de una base de datos personalizada que incluye fotos de diferentes tipos de mazorcas, las imágenes fueron tomadas en un entorno controlado de campo, asegurando la variabilidad necesaria para entrenar un modelo robusto.

Las 625 imágenes fueron divididas en dos subconjuntos: entrenamiento (80%), validación (20%), esta división asegura que el modelo pueda ser entrenado y validado de manera efectiva debido al conjunto de datos obtenidos para el entrenamiento del modelo (Schulte-Sasse et al., 2025). El conjunto de entrenamiento se utiliza para enseñar al modelo a reconocer las características de las mazorcas de cacao, mientras que el conjunto de validación se utiliza para ajustar los hiperparámetros durante el proceso de entrenamiento.

Para entrenar el modelo, cada imagen fue etiquetada con las coordenadas de los cuadros delimitadores (bounding boxes) que rodean a cada mazorca de cacao, junto con la clase correspondiente mazorca madura, mazorcas 1-14 semanas, mazorcas de 15 a 26 semanas, mazorcas enfermas independientes del estadio de desarrollo. El etiquetado se realizó manualmente para garantizar la calidad y precisión de las etiquetas utilizando la herramienta LabelImg desde el prompt de Anaconda versión 2024.10-1.

Las imágenes fueron preprocesadas para ser compatibles con los requisitos del modelo YOLOv11. Esto incluyó la normalización de las imágenes a un tamaño estándar de 640x640 píxeles y la normalización de los valores de píxel para facilitar el proceso de entrenamiento. Además, se realizaron transformaciones como la rotación y el ajuste de brillo/contraste para aumentar la robustez del modelo frente a diferentes condiciones de iluminación, en la sección b) de la Figura 5 se presenta un diagrama de barras con el número de casos para cada categoría estas varían en número debido a que en una misma imagen se pueden presentar varios estadios.



**Figura 5. a) Largo y ancho de las imágenes b) número de casos de cada grupo obtenido en las imágenes de entrenamiento. Descripción de las características extraídas del conjunto de datos para el entrenamiento.**

### 3.3. Entrenamiento del Modelo

El algoritmo contempla diferentes fases comenzando con la implementación de un modelo de detección de objetos basado en YOLO (You Only Look Once), con el objetivo de clasificar diferentes tipos de mazorcas de cacao, el proceso se puede dividir en varias fases clave: etiquetado, almacenamiento o procesamiento y validación (Figura 7.).

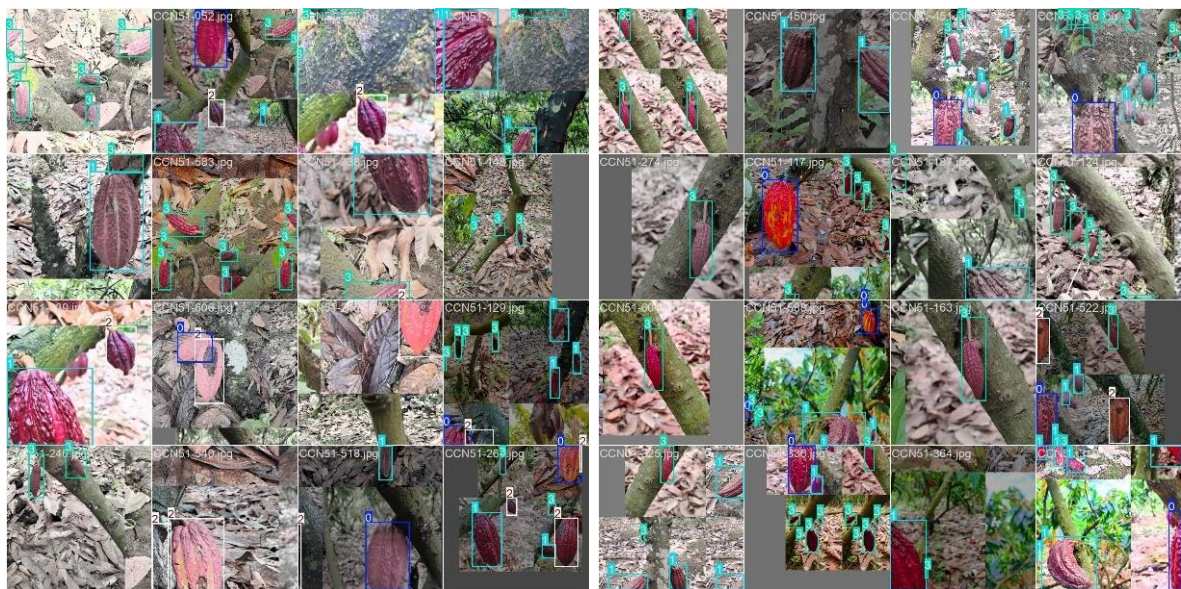
El primer paso consistió en configurar el entorno de trabajo utilizando Google Colab, aprovechando sus recursos de GPU para acelerar el entrenamiento del modelo. Se instalaron las librerías necesarias para ejecutar el modelo YOLO y trabajar con imágenes, como Ultralytics YOLO, OpenCV y Numpy. Una vez configurado el entorno, se procedió a la organización del conjunto de datos, que contiene imágenes de mazorcas de cacao, con sus correspondientes etiquetas que indican la clase y ubicación de cada objeto en la imagen.

Dado que las clases originales de las imágenes no coincidían completamente con las categorías de interés para la tesis, se reestructuraron las etiquetas de las imágenes, esto implicó mapear las clases existentes a un nuevo esquema que reflejaba mejor las categorías de mazorcas de cacao, este paso garantizó que el modelo aprendiera a identificar correctamente las mazorcas según su madurez y estado de salud, con categorías como "mazorca madura", "mazorcas de 15-24 semanas", "mazorcas enfermas", y "mazorcas de 1-14 semanas".

El siguiente paso fue el entrenamiento del modelo YOLO. Para ello, se configuró el archivo de datos, que incluía las rutas a las imágenes de entrenamiento y validación, así como las clases de objetos a detectar, se utilizó un modelo preentrenado (en este caso, YOLOv11) para aprovechar los pesos ya entrenados en una base de datos general, ajustándolos a las nuevas clases de mazorcas de cacao.

El entrenamiento del modelo consistió en optimizar sus parámetros internos para que pudiera predecir las clases y las ubicaciones de los objetos en las imágenes realizó el entrenamiento con 100 época, imágenes de 640x640 píxeles, Batch 16 y Works 4. En esta fase, se midieron las métricas de desempeño, como la precisión, el recall, la F1-score, y la capacidad de detección de objetos en nuevas imágenes. Estas métricas permitieron evaluar la capacidad del modelo para identificar y clasificar correctamente las mazorcas de cacao, y determinar si estaba listo para su implementación en un escenario real.

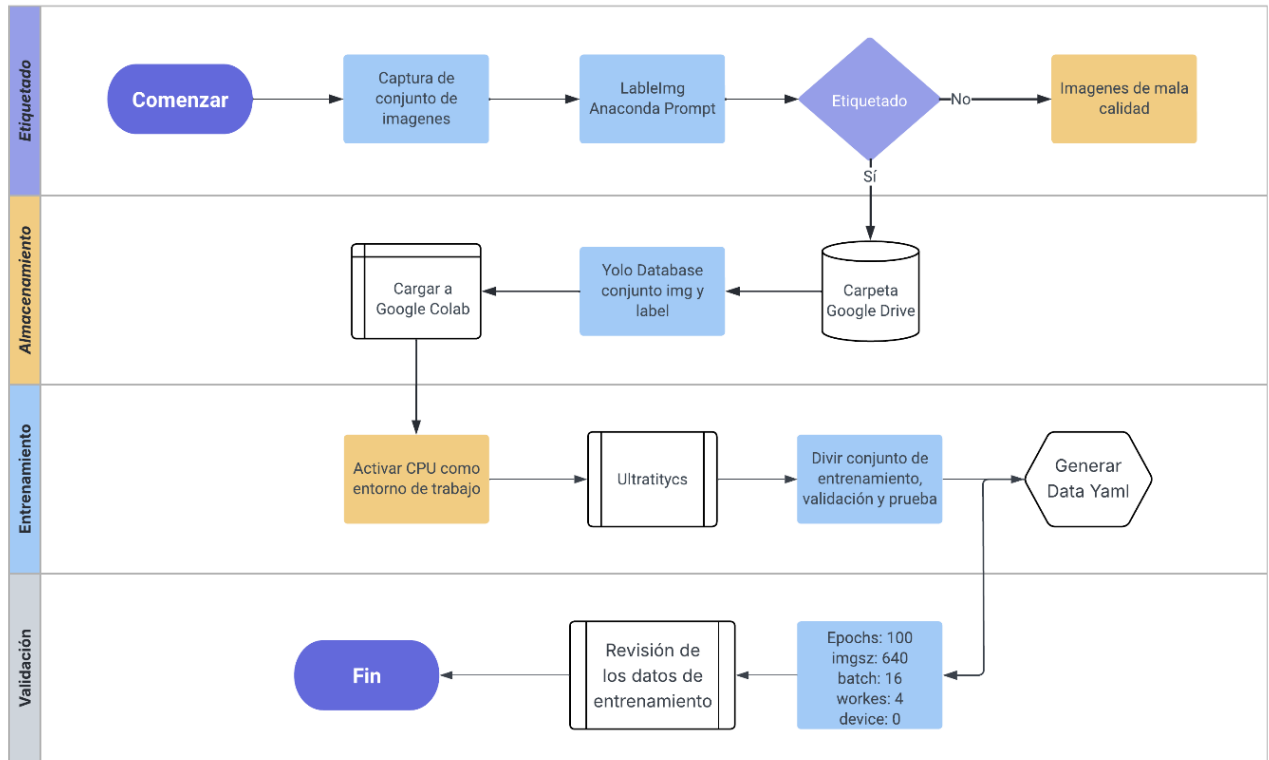
Las imágenes recolectadas serán etiquetadas manualmente mediante LabelImg para identificar y clasificar las mazorcas según características la severidad de la enfermedad expresada en la mazorca para la cual se realizó una escala de 1-5 siendo 1 una mazorca sana y 5 una mazorca completamente enferma. En LabelImg el etiquetado se guarda un archivo .txt en el que se guardan los labels para general el datayaml que le da las instrucciones para buscar las imágenes y proceder con el entrenamiento, para el entrenamiento se obtuvieron 134 instancia en 0 para la categoría mazorcas maduras, 446 instancias en 1 para la categoría mazorcas de 15-26 semanas, 119 instancias en 2 para la categoría mazorcas enfermas y 674 instancias en 3 para la categoría mazorcas de 1-14 semanas en la Figura 5 sección b se presenta el diagrama de barras de las instancias para la categoría y el ejemplo del etiquetado de las imágenes en la Figura 6.



**Figura 6 Vista del etiquetado de los diversos conjuntos de datos mediante Labelimg.**

### 3.4. Flujo de trabajo

Flujo de trabajo de entrenamiento



**Figura 7 Diagrama de flujo del proceso, herramientas y funciones utilizadas para el entrenamiento desde la colectada de datos hasta la validación.**

# CAPÍTULO IV

## 4. Resultados y discusión

### 4.1. Resultados

Las evaluaciones de las diferentes categorías demostraron obtener buenas precisiones para la categorización de las imágenes de validación obtenidos las cuales se describen en la siguiente Figura 8. Las cuales en todos los casos fueron positivas, de forma general cuando revisamos las métricas de entrenamiento podemos identificar que el mayor número de categorías incrementan para estadios jóvenes, evidenciando curvas de producción o estimaciones de estas.

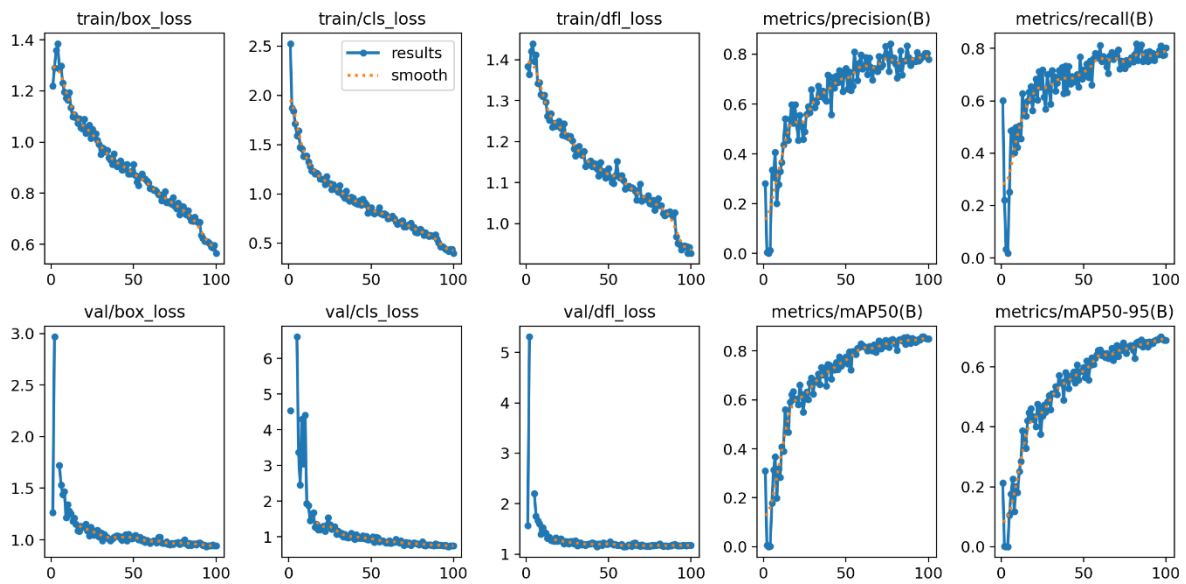


**Figura 8. Conjunto de validación aplicando en modelo entrenado en Yolo v11.**

Durante el proceso de entrenamiento del modelo YOLO11, se observó un comportamiento progresivamente favorable en las métricas de aprendizaje y validación, lo que evidenció un adecuado ajuste del modelo a la tarea de detección y clasificación de mazorcas de cacao. A lo largo de las 100 épocas de entrenamiento, las pérdidas asociadas a la localización de objetos (box\_loss), clasificación (cls\_loss) y ajuste fino de las cajas (dfl\_loss) mostraron una tendencia decreciente constante, este patrón indicó que el modelo fue optimizando su capacidad para identificar correctamente tanto la ubicación como la categoría de los objetos presentes en las imágenes.

En cuanto a las métricas de entrenamiento, se registraron valores consistentemente altos en precisión y exhaustividad, lo que refleja la eficacia del modelo para detectar y clasificar adecuadamente las distintas categorías de mazorcas. La precisión general alcanzó un valor de 0.793, mientras que la exhaustividad o recall fue de 0.812, lo que indica que el modelo logró identificar correctamente la mayoría de los objetos presentes en las imágenes. Estos resultados

se mantuvieron sólidos en todas las clases evaluadas, con valores cercanos o superiores a 0.8 en precisión y recall (Figura 9).



**Figura 9 Métricas del entrenamiento del algoritmo para identificar estadios e incidencias en cacao.**

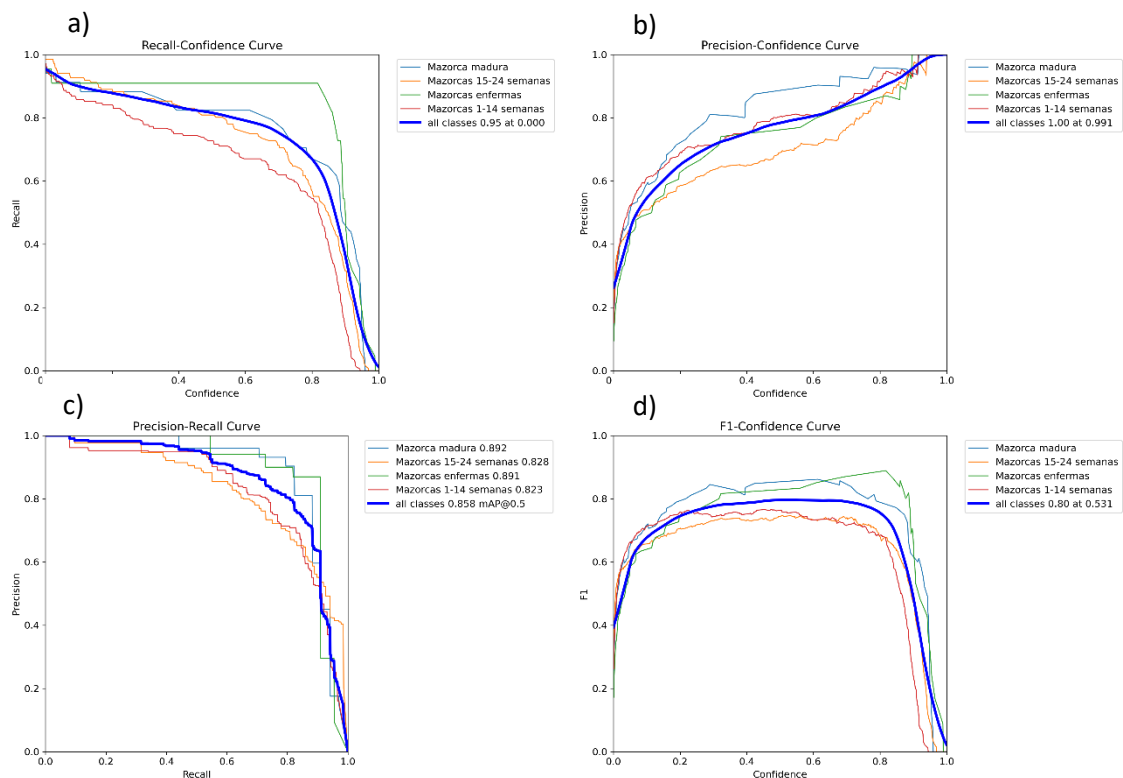
Los resultados en términos de precisión media promedio (mean Average Precision, mAP), tanto bajo el umbral convencional de (Intersection over Union)  $\text{IoU} \geq 0.5$  ( $\text{mAP}@0.5$ ) como bajo umbrales más exigentes ( $\text{mAP}@0.5:0.95$ ), fueron especialmente destacados. El modelo alcanzó un  $\text{mAP}@0.5$  de 0.859, lo cual representa una buena capacidad de detección bajo condiciones de evaluación estándar. Asimismo, el  $\text{mAP}@0.5:0.95$  fue de 0.702, evidenciando un desempeño robusto incluso cuando se requiere una mayor precisión en la localización espacial de los objetos detectados (Tabla 3.).

Aunque las métricas de entrenamiento son buenas es importante tener en cuenta que se podría mejorar en diferentes aspectos como una mayor segmentación de los estadios de desarrollo pasando de tres estadios mazorcas de 1 a 14 semanas, de 15 a 26 semanas y maduras a segmento de cada dos semanas lo que podría reducir la precisión por lo cual se debería aumentar el conjunto de datos de entrenamiento e identificar su precisión o para el caso de la identificación de incidencia segmentarlas no solo como la variable incidencia por lote de evaluación si no por el tipo de patógeno que pueda afectar las mazorcas como mazorcas con *M. royeri* o *Phytophthora* spp.

**Tabla 3 Métricas de rendimiento evaluadas para el conjunto de validación.**

Clase	Imágenes	Instancias	Precisión (P)	Recall (R)	mAP50	mAP50-95
<b>all</b>	125	368	0.793	0.812	0.859	0.702
Mazorca madura	26	34	0.891	0.824	0.893	0.837
Mazorcas 15-24 semanas	54	136	0.698	0.800	0.828	0.653
Mazorcas enfermas	21	22	0.766	0.909	0.891	0.789
Mazorcas 1-14 semanas	81	176	0.818	0.714	0.824	0.528

De forma paralela, las pérdidas observadas en el conjunto de validación mostraron una evolución similar a las pérdidas de entrenamiento, sin señales marcadas de sobreajuste. Las curvas descendentes y estables de val/box\_loss, val/cls\_loss y val/df1\_loss reflejan la habilidad del modelo para generalizar adecuadamente a imágenes no vistas durante el entrenamiento (Figura 10).

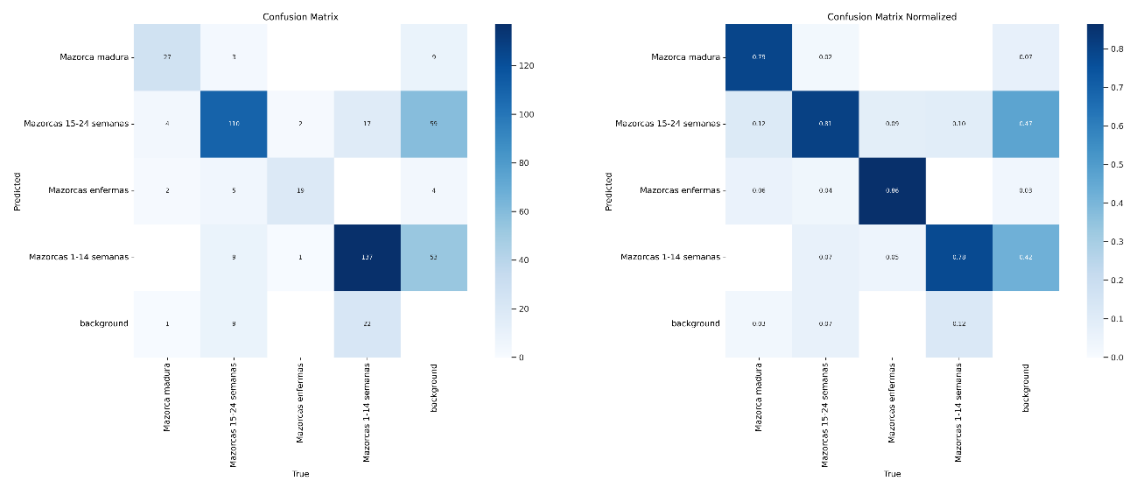


**Figura 10 a) Recall-Confidence Curve b) Precision-Confidence Curve c) Precision-Recall Curve d) F1-Confidence Curve. Métricas de rendimiento del algoritmo. Azul: todas las clases, naranja: mazorcas de 15-24 semanas, verde: mazorca madura y rojo Mazorca de 1-14 semanas.**

Estos resultados indican que el modelo YOLO11 logró un aprendizaje efectivo, con un rendimiento sólido tanto en términos de localización como de clasificación de mazorcas de cacao, sin embargo en cuanto a las categorías clasificadas las mazorcas de 1-14 semanas el mAP@0.5:0.95 fue de 0.808 y mazorcas de 15-24 de 0.825 en contraste a mazorcas enfermas de 0.939 y mazorcas maduras de 0.954.

Esta disminución en el rendimiento del modelo al clasificar mazorcas en etapas tempranas e intermedias de desarrollo en comparación con categorías más definidas como mazorcas maduras o enfermas puede atribuirse a varios factores como la variabilidad visual que presentan estas mazorcas debido a los cambios graduales en color, tamaño y textura; durante su crecimiento lo que genera una menor diferenciación entre clases y dificulta una segmentación precisa.

Además factores como el bajo contraste con el fondo o condiciones de iluminación no uniformes podrían haber limitado la capacidad del modelo para aprender patrones consistentes en estas categorías por lo tanto los resultados sugieren la necesidad de incorporar un mayor número de imágenes representativas ampliar la diversidad de condiciones en la base de datos y aplicar técnicas específicas de aumento de datos que mejoren la discriminación entre estadios de desarrollo especialmente cuando se busca una clasificación precisa que permita apoyar decisiones relacionadas con el monitoreo fenológico la estimación de cosechas o la planificación de intervenciones agronómicas vease la Figura 11.



**Figura 11 Matriz de confusión general y normalizada.**

Sin embargo, en general su comportamiento estable y consistente durante el entrenamiento, junto con métricas finales altamente satisfactorias, sugiere que el modelo es adecuado para ser implementado en tareas prácticas de monitoreo y análisis automatizado en campo, dentro del contexto de mejoramiento genético, diagnóstico sanitario o estimación de producción en sistemas de cultivo de cacao, observando la matriz de confusión de la Figura 11 el background incrementa en los estadios 1-14 semanas y de 15 a 24 semanas, siendo unos de los principales focos a tener en cuenta en los entrenamientos futuros.

### 1.1.1. Ratios fenotipado convencional & fenotipado de alto rendimiento

**Tabla 4 Resumen comparativo del fenotipado convencional y el algoritmo desarrollado por deep learning.**

Aspecto	Método manual	Modelo YOLO11 (automatizado)
Unidades muestreadas por ciclo	15 árboles	60 árboles
Tiempo estimado de recolección	45 minutos	45 minutos
Cobertura estimada por ciclo	Parcial, centrada en individuos seleccionados	Ampliada, incluye más plantas y frutas por imagen
Sesgo humano	Alto (subjetividad en conteo y clasificación)	Bajo (detección objetiva y constante)
Precisión de clasificación	Variable (depende del evaluador)	Estable, ~86% mAP@0.5 en validación
Cantidad de datos recolectados	Limitada (conteo manual, notas individuales)	Alta (detección automática, metadatos por clase y ubicación)
Escalabilidad	Baja (incrementar plantas requiere más personal/tiempo)	Alta (puede recolectar datos en más plantas con igual esfuerzo)
Repetibilidad del proceso	Media (varía según persona y condiciones)	Alta (modelo responde igual ante mismas condiciones)
Aplicabilidad en tiempo real	No	Sí (detección e inferencia en campo con dispositivo móvil)
Requiere capacitación técnica	Media (conocimientos agronómicos)	Baja (uso de dispositivo)

El uso del algoritmo YOLO11 permite aumentar drásticamente la eficiencia y cobertura en la recolección de datos sobre el estado y sanidad de mazorcas, mientras que el método manual limita la observación a 15 plantas en un mismo periodo de tiempo, la implementación del modelo permite capturar e interpretar automáticamente información de hasta 60 imágenes, que pueden contener múltiples plantas y mazorcas por toma (Tabla 4.). Esto no solo acelera el proceso de monitoreo, sino que reduce el sesgo humano y mejora la precisión en la clasificación de estados fenológicos y síntomas de enfermedades. Además, la capacidad del modelo de operar en tiempo real y su aplicabilidad a dispositivos móviles lo convierten en una herramienta potente para escalabilidad y despliegue a campo, lo que representa un avance significativo en comparación con métodos tradicionales.

### 1.1.2. Análisis costo beneficio

La comparación entre el método tradicional de recolección de datos y la implementación del modelo YOLO11 revela diferencias sustanciales en términos de eficiencia operativa, precisión de resultados y escalabilidad del monitoreo agrícola. El enfoque convencional implica el recorrido planta por planta por parte de un operario capacitado, quien registra manualmente el número de mazorcas y el estado sanitario de cada una, limitando la cobertura a un promedio de 15 plantas por ciclo de monitoreo de aproximadamente 10 minutos. Este procedimiento, aunque útil en entornos reducidos, resulta poco escalable y altamente susceptible a sesgos humanos y errores de registro.

En contraste, el uso de un modelo de visión por computador como YOLO11 permite automatizar el proceso mediante la captura e interpretación de imágenes que contienen múltiples plantas y mazorcas por cuadro. En ese mismo intervalo de tiempo, un operador equipado con un dispositivo móvil o tableta podría capturar al menos 50 imágenes, superando significativamente la capacidad de observación del método manual. Esta diferencia representa un incremento de más del 230% en la cobertura por unidad de tiempo, además de garantizar una mayor uniformidad en la clasificación de estados fenológicos y síntomas de enfermedades.

Desde el punto de vista económico, la inversión inicial en la implementación del modelo (entrenamiento, integración en un dispositivo móvil y adquisición de hardware básico como cámaras o tablets) se compensa rápidamente al reducir la necesidad de personal especializado y al permitir un monitoreo más frecuente sin aumento proporcional de costos operativos. A largo plazo, esta eficiencia se traduce en una mejor toma de decisiones agronómicas, reducción de pérdidas por enfermedades no detectadas oportunamente y optimización del programa de mejoramiento genético basado en datos objetivos y de alta resolución.

La relación costo-beneficio favorece claramente al modelo automatizado, no solo por su capacidad para ampliar la escala de observación sin comprometer la precisión, sino también por su potencial para integrarse de forma sostenible en los sistemas de monitoreo agrícola actuales, promoviendo una agricultura más inteligente, eficiente y basada en datos.

## 4.2. Discusión

Los resultados obtenidos mediante el entrenamiento y validación del modelo YOLOv11 demuestran que la aplicación de algoritmos de aprendizaje profundo en el contexto agrícola, específicamente en el cultivo de cacao, ofrece ventajas claras frente a los métodos tradicionales de fenotipado. El desempeño alcanzado por el modelo, con un mAP@0.5 de aproximadamente 0.72 y un mAP50-95 cercano a 0.46, evidencia una capacidad robusta para identificar estadios de desarrollo de las mazorcas y detectar incidencias sanitarias, incluso en condiciones de variabilidad visual propias del entorno agrícola, en el cultivo órganos como mazorcas modelos Yolo han demostraron tener precisiones altas como en el caso de soja mediante Yolov5 de acuerdo con lo reportado por He et al., (2023).

La disminución sostenida de las pérdidas durante el entrenamiento y validación, así como la evolución positiva de las métricas de precisión y recall, reflejan una adecuada generalización del modelo, sin indicios de sobreajuste. Estos comportamientos son fundamentales para

asegurar un rendimiento estable en aplicaciones prácticas, donde las condiciones del entorno y la calidad de las imágenes pueden variar significativamente (Mathew et al., 2023).

La comparación con el fenotipado convencional resalta las limitaciones inherentes al método manual, como la cobertura restringida, el sesgo subjetivo y la baja escalabilidad. En contraste, el modelo automatizado permitió ampliar el número de plantas observadas por ciclo en un 300%, manteniendo una clasificación objetiva, rápida y repetible. Esto implica una transformación significativa en los sistemas de monitoreo agrícola, no solo en términos de eficiencia operativa, sino también en la calidad y volumen de los datos recolectados.

Esta característica lo convierte en una herramienta accesible para técnicos y agricultores, con un bajo requerimiento de capacitación, pero con alto impacto en la toma de decisiones. Desde una perspectiva económica y agronómica, la implementación del modelo YOLOv11 representa una inversión estratégica, dado que reduce la dependencia de personal especializado, minimiza los errores humanos y mejora la frecuencia del monitoreo sin incrementar los costos (Li et al., 2024; Lu et al., 2022). Esto tiene implicaciones directas en el fortalecimiento de los programas de mejoramiento genético, el manejo fitosanitario oportuno y la estimación más precisa del rendimiento del cultivo como en el caso reportado por (He et al., 2023) como para los conteos oportunos por planta un dato importante para conocer la variabilidad fenotípica de los clones (C. Zhang et al., 2023).

En conjunto, los hallazgos validan la viabilidad técnica y operativa del modelo propuesto y subrayan su potencial para integrarse de forma sostenible en prácticas agrícolas de precisión. La detección automatizada de estados fenológicos y enfermedades en cacao no solo mejora el manejo del cultivo, sino que abre camino hacia sistemas más inteligentes, basados en datos, escalables y adaptados a los desafíos de la agricultura moderna.

## 5. Conclusiones

El modelo basado en YOLOv11 demostró ser una herramienta eficaz para el fenotipado automatizado de mazorcas de cacao, identificando estadios de desarrollo y detectando síntomas de *Phytophthora spp.* y *Moniliophthora roreri*. Con un conjunto de entrenamiento de 125 imágenes y 368 instancias, el modelo alcanzó una precisión de 0.793, un recall de 0.812, un mAP@0.5 de 0.859 y un mAP@0.5:0.95 de 0.702. Estas métricas reflejan un rendimiento sólido que optimiza la caracterización fitosanitaria, proporcionando datos objetivos y escalables para la toma de decisiones en campo, lo que impulsa sistemas de monitoreo agrícola más eficientes.

El conjunto de datos, compuesto por 625 imágenes de mazorcas, presentó adecuada anotación y diversidad de condiciones. Sin embargo, la variabilidad visual en estadios tempranos (1-14 semanas) e intermedios (15-24 semanas), junto con desafíos como bajo contraste e iluminación no uniforme, afectó el rendimiento, con mAP@0.5:0.95 de 0.528 y 0.653, respectivamente. Esto indica la necesidad de ampliar el conjunto de datos con imágenes más representativas y emplear técnicas de aumento de datos para mejorar la discriminación entre estadios y la detección específica por patógeno.

Entrenado durante 100 épocas, el modelo mostró estabilidad con pérdidas decrecientes (*box\_loss*, *cls\_loss*, *dfl\_loss*). Las mazorcas maduras y enfermas obtuvieron mAP@0.5:0.95 de 0.837 y 0.789, respectivamente, destacando por sus características visuales más claras, mientras que los estadios tempranos e intermedios presentaron menor precisión. Se recomienda segmentar los estadios en intervalos más específicos (e.g., cada dos semanas) y por tipo de patógeno para incrementar la precisión en estas categorías.

La evaluación del modelo evidenció un desempeño aceptable, con curvas de validación (*Recall-Confidence*, *Precision-Recall*, *F1-Confidence*) y una matriz de confusión que confirman una generalización adecuada sin sobreajuste. Las métricas más altas se observaron en mazorcas maduras y enfermas, mientras que los estadios intermedios requieren mejoras en segmentación. La validación cruzada respaldó la estabilidad del modelo, sugiriendo su viabilidad para aplicaciones en campo.

En comparación con el fenotipado convencional, el modelo YOLOv11 ofrece ventajas significativas en eficiencia y objetividad. Mientras el método manual evalúa 15 árboles en 45 minutos con alta subjetividad, el modelo procesa 60 árboles en el mismo tiempo, logrando una cobertura 300% mayor y un mAP@0.5 de 0.859. Además, minimiza el sesgo humano, permite operatividad en tiempo real con dispositivos móviles y reduce costos operativos a largo plazo. La relación costo-beneficio favorece al modelo automatizado, que optimiza el monitoreo fitosanitario y apoya la planificación agronómica y el mejoramiento genético.

## 6. Bibliografía

- Altalak, M., Ammad uddin, M., Alajmi, A., & Rizg, A. (2022). Smart Agriculture Applications Using Deep Learning Technologies: A Survey. *Applied Sciences*, 12(12), 5919. <https://doi.org/10.3390/app12125919>
- Amoako, P. Y. O., Cao, G., & Arthur, J. K. (2023). An Image-Based Cocoa Diseases Classification Based on an Improved Vgg19 Model. In *Sustainable Education and Development – Sustainable Industrialization and Innovation* (pp. 711–722). Springer International Publishing. [https://doi.org/10.1007/978-3-031-25998-2\\_55](https://doi.org/10.1007/978-3-031-25998-2_55)
- Amores, F. (2024). History, Origin, Cultivars, and Cacao Research in Ecuador. In *Sustainable Cacao Cultivation in Latin America*, 16–32.
- Amores Puyutaxi, F. M., Palacios, Á., Jiménez Barragán, J. C., & Zhang, D. (2009). *Entorno ambiental, genética, atributos de calidad y singularización del cacao en el nor oriente de la provincia de Esmeraldas*.
- Arya, S., Sandhu, K. S., Singh, J., & kumar, S. (2022a). Deep learning: as the new frontier in high-throughput plant phenotyping. *Euphytica*, 218(4), 47. <https://doi.org/10.1007/s10681-022-02992-3>
- Arya, S., Sandhu, K. S., Singh, J., & kumar, S. (2022b). Deep learning: as the new frontier in high-throughput plant phenotyping. *Euphytica*, 218(4), 47. <https://doi.org/10.1007/s10681-022-02992-3>
- Attri, I., Awasthi, L. K., Sharma, T. P., & Rathee, P. (2023). A review of deep learning techniques used in agriculture. *Ecological Informatics*, 77, 102217. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2023.102217>
- Bhosle, K., & Musande, V. (2023). Evaluation of Deep Learning CNN Model for Recognition of Devanagari Digit. *Artificial Intelligence and Applications*, 1(2), 98–102. <https://doi.org/10.47852/bonviewAIA3202441>
- Boza, E. J., Motamayor, J. C., Amores, F. M., Cedeño-Amador, S., Tondo, C. L., Livingstone, D. S., Schnell, R. J., & Gutiérrez, O. A. (2014). Genetic Characterization of the Cacao Cultivar CCN 51: Its Impact and Significance on Global Cacao Improvement and Production. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 139(2), 219–229. <https://doi.org/10.21273/JASHS.139.2.219>
- Cerezo, M., Verdon, G., Huang, H.-Y., Cincio, L., & Coles, P. J. (2022). Challenges and opportunities in quantum machine learning. *Nature Computational Science*, 2(9), 567–576. <https://doi.org/10.1038/s43588-022-00311-3>
- Charters, Y. M., & Wilkinson, M. J. (2000). The use of self-pollinated progenies as 'in-groups' for the genetic characterization of cocoa germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 100(1), 160–166. <https://doi.org/10.1007/PL00002903>
- Chattopadhyay, A., & Maitra, M. (2022). MRI-based brain tumour image detection using CNN based deep learning method. *Neuroscience Informatics*, 2(4), 100060. <https://doi.org/10.1016/j.neuri.2022.100060>

- Che, Z., Kale, D., Li, W., Bahadori, M. T., & Liu, Y. (2015). Deep Computational Phenotyping. *Proceedings of the 21th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, 507–516. <https://doi.org/10.1145/2783258.2783365>
- Colonges, K., Jimenez, J.-C., Saltos, A., Seguíne, E., Lóor Solorzano, R. G., Fouet, O., Argout, X., Assemat, S., Davrieux, F., Cros, E., Lanaud, C., & Boulanger, R. (2022). Integration of GWAS, metabolomics, and sensorial analyses to reveal novel metabolic pathways involved in cocoa fruity aroma GWAS of fruity aroma in *Theobroma cacao*. *Plant Physiology and Biochemistry*, 171, 213–225. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2021.11.006>
- Coulibaly, S., Kamsu-Foguem, B., Kamissoko, D., & Traore, D. (2022). Deep learning for precision agriculture: A bibliometric analysis. *Intelligent Systems with Applications*, 16, 200102. <https://doi.org/10.1016/j.iswa.2022.200102>
- Cruz Caro, O., Cueva Vega, E., Maicelo Rubio, Y. del C., Sánchez Bardales, E., Alva Tuesta, J. N., Sánchez Pantaleón, A. J., & Chavez Cruz, C. F. (2025). Socioeconomic Factors Influencing Cocoa Consumption in Amazonas. *Qubahan Academic Journal*, 5(1), 202–214. <https://doi.org/10.48161/qaj.v5n1a1251>
- De Almeida, J., Herrera, A., & Tezara, W. (2019). Phenotypic plasticity to photon flux density of physiological, anatomical and growth traits in a modern Criollo cocoa clone. *Physiologia Plantarum*, 166(3), 821–832. <https://doi.org/10.1111/pppl.12840>
- Domingues, T., Brandão, T., & Ferreira, J. C. (2022). Machine Learning for Detection and Prediction of Crop Diseases and Pests: A Comprehensive Survey. *Agriculture*, 12(9), 1350. <https://doi.org/10.3390/agriculture12091350>
- Engels, J. M. M., Ebert, A. W., Thormann, I., & de Vicente, M. C. (2006). Centres of Crop Diversity and/or Origin, Genetically Modified Crops and Implications for Plant Genetic Resources Conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(8), 1675–1688. <https://doi.org/10.1007/s10722-005-1215-y>
- Essah, R., Anand, D., & Singh, S. (2022). An intelligent cocoa quality testing framework based on deep learning techniques. *Measurement: Sensors*, 24, 100466. <https://doi.org/10.1016/j.measen.2022.100466>
- Fanning, E., Eyres, G., Frew, R., & Kebede, B. (2023). Linking cocoa quality attributes to its origin using geographical indications. *Food Control*, 151, 109825. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2023.109825>
- Giordano, M., Petropoulos, S. A., & Rouphael, Y. (2021). Response and Defence Mechanisms of Vegetable Crops against Drought, Heat and Salinity Stress. *Agriculture*, 11(5), 463. <https://doi.org/10.3390/agriculture11050463>
- Glenn Jocher, & Jing Qiu. (2024). *Ultralytics YOLO11* (11.0.0).
- González-López, J., Rodríguez-Moar, S., & Silvar, C. (2021). Correlation Analysis of High-Throughput Fruit Phenomics and Biochemical Profiles in Native Peppers (*Capsicum* spp.) from the Primary Center of Diversification. *Agronomy*, 11(2), 262. <https://doi.org/10.3390/agronomy11020262>

- Gupta, J., Pathak, S., & Kumar, G. (2022). Deep Learning (CNN) and Transfer Learning: A Review. *Journal of Physics: Conference Series*, 2273(1), 012029. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/2273/1/012029>
- He, H., Ma, X., Guan, H., Wang, F., & Shen, P. (2023). Recognition of soybean pods and yield prediction based on improved deep learning model. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1096619>
- Kongor, J. E., Owusu, M., & Oduro-Yeboah, C. (2024). Cocoa production in the 2020s: challenges and solutions. *CABI Agriculture and Bioscience*. <https://doi.org/10.1186/s43170-024-00310-6>
- Kumi, S., Kelly, D., Woodstuff, J., Lomotey, R. K., Orji, R., & Deters, R. (2022). Cocoa Companion: Deep Learning-Based Smartphone Application for Cocoa Disease Detection. *Procedia Computer Science*, 203, 87–94. <https://doi.org/10.1016/j.procs.2022.07.013>
- Lanaud, C., Vignes, H., Utge, J., Valette, G., Rhoné, B., Garcia Caputi, M., Angarita Nieto, N. S., Fouet, O., Gaikwad, N., Zarrillo, S., Powis, T. G., Cyphers, A., Valdez, F., Olivera Nunez, S. Q., Speller, C., Blake, M., Valdez, F., Raymond, S., Rowe, S. M., ... Argout, X. (2024a). A revisited history of cacao domestication in pre-Columbian times revealed by archaeogenomic approaches. *Scientific Reports*, 14(1), 2972. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-53010-6>
- Lanaud, C., Vignes, H., Utge, J., Valette, G., Rhoné, B., Garcia Caputi, M., Angarita Nieto, N. S., Fouet, O., Gaikwad, N., Zarrillo, S., Powis, T. G., Cyphers, A., Valdez, F., Olivera Nunez, S. Q., Speller, C., Blake, M., Valdez, F., Raymond, S., Rowe, S. M., ... Argout, X. (2024b). A revisited history of cacao domestication in pre-Columbian times revealed by archaeogenomic approaches. *Scientific Reports*, 14(1), 2972. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-53010-6>
- Lee, E., Kim, J.-H., Lee, S.-Y., Lee, S. H., Park, Y. M., Oh, H. Y., Yeom, J., Ahn, H.-S., Yoo, H. J., Kim, B.-S., Yun, S. M., Choi, E. J., Song, K. B., Park, M. J., Ahn, K., Kim, K. W., Shin, Y. H., Suh, D. I., Song, J. Y., & Hong, S.-J. (2024). Developmental trajectories of atopic dermatitis with multiomics approaches in the infant gut: COCOA birth cohort. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*. <https://doi.org/10.1016/j.jaci.2024.10.036>
- Lee, Y.-S., Patil, M. P., Kim, J. G., Seo, Y. B., Ahn, D.-H., & Kim, G.-D. (2025). Hyperparameter Optimization for Tomato Leaf Disease Recognition Based on YOLOv11m. *Plants*, 14(5), 653. <https://doi.org/10.3390/plants14050653>
- Li, X., Chen, M., He, S., Xu, X., He, L., Wang, L., Gao, Y., Tang, F., Gong, T., Wang, W., Xu, M., Liu, C., Yu, L., Liu, W., & Yang, W. (2024). Estimation of soybean yield based on high-throughput phenotyping and machine learning. *Frontiers in Plant Science*, 15. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1395760>
- Lim, S., Baek, I., Hong, S. M., Lee, Y., Kirubakaran, S., Kim, M. S., Meinhardt, L. W., Park, S., & Ahn, E. (2025). Cacao floral traits are shaped by the interaction of flower position with genotype. *Heliyon*, 11(4), e42407. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2025.e42407>

- Loor Solorzano, R. G., Fouet, O., Lemainque, A., Pavek, S., Boccara, M., Argout, X., Amores, F., Courtois, B., Risterucci, A. M., & Lanaud, C. (2012). Insight into the Wild Origin, Migration and Domestication History of the Fine Flavour Nacional *Theobroma cacao* L. Variety from Ecuador. *PLoS ONE*, 7(11), e48438. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0048438>
- Lu, W., Du, R., Niu, P., Xing, G., Luo, H., Deng, Y., & Shu, L. (2022). Soybean Yield Preharvest Prediction Based on Bean Pods and Leaves Image Recognition Using Deep Learning Neural Network Combined With GRNN. *Frontiers in Plant Science*, 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.791256>
- Mathew, J., Delavarpour, N., Miranda, C., Stenger, J., Zhang, Z., Aduteye, J., & Flores, P. (2023). A Novel Approach to Pod Count Estimation Using a Depth Camera in Support of Soybean Breeding Applications. *Sensors*, 23(14), 6506. <https://doi.org/10.3390/s23146506>
- McElroy, M. S., Navarro, A. J. R., Mustiga, G., Stack, C., Gezan, S., Peña, G., Sarabia, W., Saquicela, D., Sotomayor, I., Douglas, G. M., Migicovsky, Z., Amores, F., Tarqui, O., Myles, S., & Motamayor, J. C. (2018). Prediction of Cacao (*Theobroma cacao*) Resistance to *Moniliophthora* spp. Diseases via Genome-Wide Association Analysis and Genomic Selection. *Frontiers in Plant Science*, 9. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00343>
- Miracle, A. (2024). Enhancing Cocoa Crop Resilience in Ghana: The Application of Convolutional Neural Networks for Early Detection of Disease and Pest Infestations. *Qeios*. <https://doi.org/10.32388/DPS5ZH>
- Mishra, K. B., Mishra, A., Klem, K., & Govindjee. (2016). Plant phenotyping: a perspective. *Indian Journal of Plant Physiology*, 21(4), 514–527. <https://doi.org/10.1007/s40502-016-0271-y>
- Monteiro, W. R., Lopes, U. V., & Clement, D. (2009). Genetic Improvement in Cocoa. In *Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species* (pp. 589–626). Springer New York. [https://doi.org/10.1007/978-0-387-71201-7\\_16](https://doi.org/10.1007/978-0-387-71201-7_16)
- Montesino, R. Y., Rosales-Huamani, J. A., & Castillo-Sequera, J. L. (2021). Detection of phytophthora palmivora in cocoa fruit with deep learning. *2021 16th Iberian Conference on Information Systems and Technologies (CISTI)*, 1–4. <https://doi.org/10.23919/CISTI52073.2021.9476279>
- Motamayor, J. C., Lachenaud, P., da Silva e Mota, J. W., Loor, R., Kuhn, D. N., Brown, J. S., & Schnell, R. J. (2008). Geographic and Genetic Population Differentiation of the Amazonian Chocolate Tree (*Theobroma cacao* L). *PLoS ONE*, 3(10), e3311. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0003311>
- Motamayor, J. C., & Lanaud, C. (2002a). Molecular analysis of the origin and domestication of *Theobroma cacao* L. In *Managing plant genetic diversity. Proceedings of an international conference, Kuala Lumpur, Malaysia, 12-16 June 2000* (pp. 77–87). CABI Publishing. <https://doi.org/10.1079/9780851995229.0077>

- Motamayor, J. C., & Lanaud, C. (2002b). Molecular analysis of the origin and domestication of *Theobroma cacao* L. In *Managing plant genetic diversity. Proceedings of an international conference, Kuala Lumpur, Malaysia, 12-16 June 2000* (pp. 77–87). CABI Publishing. <https://doi.org/10.1079/9780851995229.0077>
- Motamayor, J. C., Risterucci, A. M., Lopez, P. A., Ortiz, C. F., Moreno, A., & Lanaud, C. (2002). Cacao domestication I: the origin of the cacao cultivated by the Mayas. *Heredity*, *89*(5), 380–386. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800156>
- Mustafa Abdullah, D., & Mohsin Abdulazeez, A. (2021). Machine Learning Applications based on SVM Classification A Review. *Qubahan Academic Journal*, *1*(2), 81–90. <https://doi.org/10.48161/qaj.v1n2a50>
- Oliva-Cruz, M., Goñas, M., García, L. M., Rabanal-Oyarse, R., Alvarado-Chuqui, C., Escobedo-Ocampo, P., & Maicelo-Quintana, J. L. (2021). Phenotypic Characterization of Fine-Aroma Cocoa from Northeastern Peru. *International Journal of Agronomy*, *2021*, 1–12. <https://doi.org/10.1155/2021/2909909>
- Olofintuyi, S. S., Olajubu, E. A., & Olanike, D. (2023). An ensemble deep learning approach for predicting cocoa yield. *Heliyon*, *9*(4), e15245. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e15245>
- Otchere, D. A., Arbi Ganat, T. O., Gholami, R., & Ridha, S. (2021). Application of supervised machine learning paradigms in the prediction of petroleum reservoir properties: Comparative analysis of ANN and SVM models. *Journal of Petroleum Science and Engineering*, *200*, 108182. <https://doi.org/10.1016/j.petrol.2020.108182>
- Pereira, A. S., de Almeida, A.-A. F., Branco, M. C. da S., Costa, M. G. C., & Ahnert, D. (2017). Combining ability, heritability and genotypic relations of different physiological traits in cacao hybrids. *PLOS ONE*, *12*(6), e0178790. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0178790>
- Pieruschka, R., & Schurr, U. (2019). Plant Phenotyping: Past, Present, and Future. *Plant Phenomics*, *2019*, 7507131. <https://doi.org/10.34133/2019/7507131>
- Pratapa, A., Doron, M., & Caicedo, J. C. (2021). Image-based cell phenotyping with deep learning. *Current Opinion in Chemical Biology*, *65*, 9–17. <https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2021.04.001>
- Putri, D. N., De Steur, H., Juvinal, J. G., Gellynck, X., & Schouteten, J. J. (2024). Sensory attributes of fine flavor cocoa beans and chocolate: A systematic literature review. *Journal of Food Science*, *89*(4), 1917–1943. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.17006>
- Reis, S. P. M., Diorato, V. S., dos Santos Júnior, A. N., Barbosa, C. S., Ciampi-Guillard, M., de Andrade, E. M., Solis, K. Z., Manco, M. J. S., França, F. S., Vera, D., Catota, A. I. G., Niella, G. R., Arévalo-Gardini, E., Bonilla, J. L. S., Micheli, F., Wong, J. A. C., & Gramacho, K. P. (2025). Genome-Wide Analysis of *Moniliophthora roreri* Facilitates the Development of Species-Specific Primers for Biomonitoring Frosty Pod Rot of Cacao. *PhytoFrontiers<sup>TM</sup>*. <https://doi.org/10.1094/PHYTOFR-03-24-0032-R>

- Ricaño-Rodríguez, J. (2018). El estudio genómico del cacao (*Theobroma cacao* L.); breve recopilación de sus bases conceptuales. *Agro Productividad*, 11(9), 29–35.
- Romero Navarro, J. A., Phillips-Mora, W., Arciniegas-Leal, A., Mata-Quirós, A., Haiminen, N., Mustiga, G., Livingstone III, D., van Bakel, H., Kuhn, D. N., Parida, L., Kasarskis, A., & Motamayor, J. C. (2017). Application of Genome Wide Association and Genomic Prediction for Improvement of Cacao Productivity and Resistance to Black and Frosty Pod Diseases. *Frontiers in Plant Science*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01905>
- Saleem, M. H., Potgieter, J., & Arif, K. M. (2021). Automation in Agriculture by Machine and Deep Learning Techniques: A Review of Recent Developments. *Precision Agriculture*, 22(6), 2053–2091. <https://doi.org/10.1007/s11119-021-09806-x>
- Sanjinez, F., & Julca, A. (2019). Characterization of plots producing of rice (*Oryza sativa* L.) in Tumbes, Peru. *Agroindustrial Science*, 9(1), 67–75. <https://doi.org/10.17268/agroind.sci.2019.01.09>
- Santos, R. C., Pires, J. L., & Correa, R. X. (2012). Morphological characterization of leaf, flower, fruit and seed traits among Brazilian *Theobroma* L. species. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59(3), 327–345. <https://doi.org/10.1007/s10722-011-9685-6>
- Sauvadet, M., Dickinson, A. K., Somarriba, E., Phillips-Mora, W., Cerda, R. H., Martin, A. R., & Isaac, M. E. (2021). Genotype–environment interactions shape leaf functional traits of cacao in agroforests. *Agronomy for Sustainable Development*, 41(2), 31. <https://doi.org/10.1007/s13593-021-00690-3>
- Schneider, H. M. (2022). Characterization, costs, cues and future perspectives of phenotypic plasticity. *Annals of Botany*, 130(2), 131–148. <https://doi.org/10.1093/aob/mcac087>
- Schulte-Sasse, J., Steinfurth, B., & Weiss, J. (2025). Automatic extraction of wall streamlines from oil-flow visualizations using a convolutional neural network. *Experiments in Fluids*, 66(5), 86. <https://doi.org/10.1007/s00348-025-04016-x>
- Sheikh, M., Iqra, F., Ambreen, H., Pravin, K. A., Ikra, M., & Chung, Y. S. (2024). Integrating artificial intelligence and high-throughput phenotyping for crop improvement. *Journal of Integrative Agriculture*, 23(6), 1787–1802. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2023.10.019>
- Sing Soh, K., Gubin Moun, E., John Julius Danker, K., Dargham, J. A., & Farzamnia, A. (2024). Cocoa Diseases Classification using Deep Learning Algorithm. *ITM Web of Conferences*, 63, 01014. <https://doi.org/10.1051/itmconf/20246301014>
- Singh, A. K., Ganapathysubramanian, B., Sarkar, S., & Singh, A. (2018). Deep Learning for Plant Stress Phenotyping: Trends and Future Perspectives. *Trends in Plant Science*, 23(10), 883–898. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2018.07.004>
- Suparno, A., Arbianto, M. A., Prawardani, S., Chadikun, P., Tata, H., & Luhulima, F. D. N. (2024). The identification of yield components, genetic variability, and heritability

- to determine the superior cocoa trees in West Papua, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 25(6). <https://doi.org/10.13057/biodiv/d250605>
- Taghavi Namin, S., Esmailzadeh, M., Najafi, M., Brown, T. B., & Borevitz, J. O. (2018). Deep phenotyping: deep learning for temporal phenotype/genotype classification. *Plant Methods*, 14(1), 66. <https://doi.org/10.1186/s13007-018-0333-4>
- Tussupov, J., Yessenova, M., Abdikerimova, G., Aimbetov, A., Baktybekov, K., Murzabekova, G., & Aitimova, U. (2024). Analysis of Formal Concepts for Verification of Pests and Diseases of Crops Using Machine Learning Methods. *IEEE Access*, 12, 19902–19910. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2024.3361046>
- Ubbens, J. R., & Stavness, I. (2017). Deep Plant Phenomics: A Deep Learning Platform for Complex Plant Phenotyping Tasks. *Frontiers in Plant Science*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01190>
- Wang, Y.-H., & Su, W.-H. (2022). Convolutional Neural Networks in Computer Vision for Grain Crop Phenotyping: A Review. *Agronomy*, 12(11), 2659. <https://doi.org/10.3390/agronomy12112659>
- Wessel, M., & Quist-Wessel, P. M. F. (2015). Cocoa production in West Africa, a review and analysis of recent developments. *NJAS: Wageningen Journal of Life Sciences*, 74–75(1), 1–7. <https://doi.org/10.1016/j.njas.2015.09.001>
- Yudha, P. A., Dwipa, I., & Azwardi, D. (2021). Exploration of Cocoa Pod Pest and Damage Level in Lima Puluh Kota Regency, West Sumatera, Indonesia. *Asian Journal of Advances in Agricultural Research*, 14–20. <https://doi.org/10.9734/ajaar/2021/v17i430202>
- Zarrillo, S., Gaikwad, N., Lanaud, C., Powis, T., Viot, C., Lesur, I., Fouet, O., Argout, X., Guichoux, E., Salin, F., Solorzano, R. L., Bouchez, O., Vignes, H., Severts, P., Hurtado, J., Yepez, A., Grivetti, L., Blake, M., & Valdez, F. (2018). The use and domestication of *Theobroma cacao* during the mid-Holocene in the upper Amazon. *Nature Ecology & Evolution*, 2(12), 1879–1888. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0697-x>
- Zhang, C., Lu, X., Ma, H., Hu, Y., Zhang, S., Ning, X., Hu, J., & Jiao, J. (2023). High-Throughput Classification and Counting of Vegetable Soybean Pods Based on Deep Learning. *Agronomy*, 13(4), 1154. <https://doi.org/10.3390/agronomy13041154>
- Zhang, Y., Xu, Y., Hou, J., & Song, Y. (2025). LMS-YOLO11n: A Lightweight Multi-Scale Weed Detection Model. *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, 16(1). <https://doi.org/10.14569/IJACSA.2025.01601123>
- Zhinin-Vera, L., Zhiminaicela-Cabrera, J., Pretel, E., Suárez, P., Chang, O., Castro, F. A., & de la Rosa, F. L. (2023). *Artificial Vision Technique to Detect and Classify Cocoa Beans* (pp. 217–228). [https://doi.org/10.1007/978-3-031-43078-7\\_18](https://doi.org/10.1007/978-3-031-43078-7_18)

<b>epoch</b>	<b>train/box_loss</b>	<b>train/cls_loss</b>	<b>train/dfl_loss</b>	<b>metrics/precision(B)</b>	<b>metrics/recall(B)</b>	<b>metrics/mAP50(B)</b>	<b>metrics/mAP50-95(B)</b>
1	1.2	2.5	1.4	0.3	0.6	0.3	0.2
2	1.3	1.9	1.4	0.0	0.2	0.0	0.0
3	1.4	1.8	1.4	0.0	0.0	0.0	0.0
4	1.4	1.7	1.4	0.0	0.0	0.0	0.0
5	1.3	1.6	1.4	0.3	0.3	0.2	0.1
6	1.3	1.6	1.4	0.3	0.5	0.3	0.2
7	1.2	1.5	1.3	0.4	0.5	0.4	0.2
8	1.2	1.5	1.3	0.2	0.4	0.2	0.1
9	1.2	1.4	1.3	0.3	0.5	0.3	0.2
10	1.2	1.4	1.3	0.3	0.4	0.3	0.2
11	1.2	1.4	1.3	0.4	0.5	0.4	0.3
12	1.1	1.3	1.3	0.4	0.5	0.4	0.3
13	1.1	1.3	1.3	0.5	0.6	0.6	0.4
14	1.1	1.2	1.3	0.5	0.6	0.5	0.4
15	1.1	1.2	1.3	0.5	0.5	0.5	0.3
16	1.1	1.2	1.2	0.5	0.6	0.6	0.4
17	1.1	1.2	1.2	0.6	0.6	0.6	0.4
18	1.1	1.2	1.2	0.5	0.7	0.6	0.5
19	1.1	1.1	1.2	0.6	0.6	0.6	0.4
20	1.1	1.2	1.2	0.5	0.6	0.6	0.4
21	1.0	1.1	1.2	0.5	0.7	0.6	0.4
22	1.1	1.1	1.2	0.6	0.6	0.7	0.5
23	1.1	1.2	1.2	0.5	0.7	0.6	0.5
24	1.0	1.1	1.2	0.5	0.7	0.6	0.4
25	1.1	1.1	1.2	0.5	0.7	0.6	0.4
26	1.0	1.0	1.2	0.6	0.6	0.6	0.5
27	1.0	1.1	1.2	0.6	0.6	0.6	0.4

28	1.0	1.1	1.2	0.6	0.7	0.7	0.5
29	1.0	1.0	1.2	0.7	0.6	0.7	0.5
30	1.0	1.0	1.2	0.6	0.6	0.6	0.5
31	1.0	1.1	1.2	0.6	0.7	0.7	0.5
32	1.0	1.0	1.2	0.6	0.7	0.7	0.5
33	1.0	1.0	1.2	0.7	0.6	0.7	0.5
34	1.0	1.0	1.2	0.6	0.7	0.7	0.5
35	0.9	1.0	1.2	0.6	0.7	0.7	0.6
36	0.9	0.9	1.1	0.7	0.7	0.7	0.5
37	0.9	0.9	1.1	0.6	0.7	0.7	0.6
38	1.0	1.0	1.1	0.6	0.6	0.7	0.5
39	0.9	1.0	1.2	0.7	0.7	0.7	0.6
40	0.9	0.9	1.1	0.7	0.6	0.7	0.6
41	0.9	0.9	1.1	0.6	0.7	0.7	0.5
42	0.9	0.9	1.1	0.7	0.7	0.7	0.6
43	0.9	0.9	1.1	0.7	0.7	0.7	0.6
44	0.9	0.9	1.1	0.7	0.7	0.8	0.6
45	0.9	0.9	1.1	0.7	0.7	0.7	0.5
46	0.9	0.9	1.1	0.7	0.7	0.8	0.6
47	0.9	0.9	1.1	0.7	0.7	0.7	0.6
48	0.9	0.8	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
49	0.9	0.8	1.1	0.7	0.7	0.8	0.6
50	0.9	0.9	1.1	0.7	0.7	0.8	0.6
51	0.9	0.8	1.1	0.7	0.7	0.7	0.6
52	0.8	0.8	1.1	0.7	0.7	0.8	0.6
53	0.8	0.8	1.1	0.7	0.7	0.7	0.6
54	0.9	0.8	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
55	0.9	0.9	1.2	0.8	0.7	0.8	0.6

56	0.9	0.8	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
57	0.9	0.8	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
58	0.8	0.8	1.1	0.8	0.8	0.8	0.6
59	0.8	0.8	1.1	0.8	0.8	0.8	0.7
60	0.8	0.7	1.1	0.7	0.8	0.8	0.7
61	0.8	0.8	1.1	0.8	0.8	0.8	0.6
62	0.8	0.8	1.1	0.8	0.8	0.8	0.6
63	0.8	0.8	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
64	0.8	0.7	1.1	0.8	0.7	0.8	0.6
65	0.8	0.7	1.1	0.7	0.7	0.8	0.6
66	0.8	0.7	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
67	0.8	0.7	1.1	0.7	0.8	0.8	0.7
68	0.8	0.7	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
69	0.8	0.7	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
70	0.8	0.7	1.1	0.8	0.8	0.8	0.7
71	0.8	0.7	1.1	0.7	0.8	0.8	0.6
72	0.8	0.7	1.1	0.8	0.7	0.8	0.7
73	0.8	0.7	1.1	0.8	0.8	0.8	0.7
74	0.8	0.7	1.1	0.8	0.7	0.8	0.7
75	0.7	0.7	1.0	0.8	0.7	0.8	0.7
76	0.7	0.7	1.0	0.7	0.8	0.8	0.6
77	0.8	0.6	1.1	0.8	0.7	0.8	0.7
78	0.7	0.6	1.0	0.8	0.8	0.8	0.7
79	0.7	0.6	1.1	0.8	0.8	0.8	0.7
80	0.7	0.6	1.1	0.8	0.7	0.8	0.7
81	0.7	0.6	1.0	0.7	0.8	0.8	0.6
82	0.7	0.6	1.0	0.7	0.8	0.8	0.7
83	0.7	0.6	1.0	0.8	0.8	0.8	0.7

84	0.7	0.6	1.0	0.7	0.8	0.8	0.7
85	0.7	0.6	1.0	0.8	0.8	0.9	0.7
86	0.7	0.6	1.0	0.8	0.8	0.8	0.7
87	0.7	0.6	1.0	0.8	0.8	0.9	0.7
88	0.7	0.6	1.0	0.8	0.8	0.8	0.7
89	0.7	0.6	1.0	0.8	0.8	0.8	0.7
90	0.7	0.5	1.0	0.8	0.8	0.9	0.7
91	0.6	0.5	1.0	0.8	0.8	0.8	0.7
92	0.6	0.5	1.0	0.8	0.8	0.8	0.7
93	0.6	0.5	0.9	0.8	0.8	0.8	0.7
94	0.6	0.5	0.9	0.8	0.8	0.8	0.7
95	0.6	0.4	0.9	0.8	0.8	0.8	0.7
96	0.6	0.4	0.9	0.8	0.8	0.9	0.7
97	0.6	0.4	0.9	0.8	0.8	0.9	0.7
98	0.6	0.4	0.9	0.8	0.8	0.9	0.7
99	0.6	0.4	0.9	0.8	0.8	0.8	0.7
100	0.6	0.4	0.9	0.8	0.8	0.9	0.7

**ANEXOS 1 Resultados de cada Epochs del conjunto de entrenamiento mediante Yolov11 propuesto.**