



Universidad Veracruzana

Instituto de Investigaciones en Inteligencia Artificial

Región: Xalapa

Doctorado en Inteligencia Artificial

Estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol (*Phaseolus Vulgaris* L.) a partir de sus propiedades colorimétricas utilizando técnicas de procesamiento digital de imágenes y aprendizaje automático

Tesis para obtener el grado de Doctor en
Inteligencia Artificial

Presenta:

MIA. José Luis Morales Reyes

Director de tesis:

Dr. Héctor Gabriel Acosta Mesa

Codirectora de tesis:

Dra. Elia Nora Aquino Bolaños

Noviembre de 2022

“Lis de Veracruz: Arte, Ciencia, Luz”



Universidad Veracruzana

Instituto de Investigaciones en Inteligencia
Artificial

Región: Xalapa

Doctor en Inteligencia Artificial

Tesis para obtener el grado de Doctor en
Inteligencia Artificial

Presenta:

MIA. José Luis Morales Reyes

Director de tesis:

[Dr. Héctor Gabriel Acosta Mesa](#)

Codirectora de tesis:

[Dra. Elia Nora Aquino Bolaños](#)

UNIVERSIDAD VERACRUZANA

Instituto de Investigaciones en Inteligencia Artificial

Resumen

Estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol (*Phaseolus Vulgaris L.*) a partir de sus propiedades colorimétricas utilizando técnicas de procesamiento digital de imágenes y aprendizaje automático

MIA. José Luis Morales Reyes

En esta investigación se propone una metodología no invasiva para la estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol de coloración homogénea y heterogénea. Uno de sus compuestos de gran interés son las antocianinas que dan la coloración roja, morada y azul al grano. Las antocianinas ayudan a evitar la proliferación de células cancerígenas, previenen cálculos renales, favorecen el control de la diabetes, entre otros beneficios para la salud. En México existe gran cantidad de variedades nativas de frijol, que han sido preservadas por distintas etnias y cultivadas para el consumo particular de los agricultores. Las antocianinas están presentes en el frijol y su concentración varía con respecto a la coloración que presenta. Determinar la concentración de antocianinas es un proceso invasivo realizado en laboratorio que consume tiempo, recursos humanos especializados, económicos y químicos. Existen métodos no invasivos como los sistemas de visión por computadora que han demostrado ser apropiados para la inspección de frutos y hortalizas. En el estado del arte se ha reportado la estimación de antocianinas en diferentes dominios en los cuales las coloraciones son homogéneas y reportan promedios de color. En el presente trabajo se propone la caracterización del color mediante el uso de funciones de probabilidad de masa para la creación de histogramas creados a partir de la distribución de color de un conjunto de semillas, mismas que se toman como entrada en una red neuronal convolucional (CNN por sus siglas en inglés). Los resultados obtenidos de los experimentos realizados para estimación de antocianinas en 40 poblaciones de frijol de coloración homogénea muestran que usando una arquitectura CNN propuesta por nosotros llamada AnthEstNet (Anthocyanins Estimation Net) y recibiendo como entrada histogramas 2D de los canales H y S del espacio de color HSI, se obtuvo un valor de precisión de $87.68\% \pm 10.95$ en el conjunto de pruebas. Por otro lado, AnthEstNet, con histogramas 2D de los canales a^* y b^* del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$, alcanzó un valor de precisión de $87.49\% \pm 11.84$. Los resultados anteriores dieron paso a experimentos de estimación de antocianinas en 46 poblaciones de frijol de color homogéneo y heterogéneo usando técnicas de neuroevolución para encontrar una estructura de red óptima. Los resultados obtenidos fueron dos arquitecturas de redes convolucionales generadas con el algoritmo Deep GA que recibió de entrada una caracterización de color de cada población de frijol conformada por la unión de tres histogramas. Los resultados de las arquitecturas evaluadas alcanzaron el valor de precisión de $93.53\% \pm 4.85$ en el espacio de color CIE $L^*a^*b^*$ y $92.33\% \pm 8.04$ en el espacio HSI. Nuestra propuesta es un método robusto, innovador, rápido, económico y no invasivo para la estimación de antocianinas que tiene en cuenta la distribución de color obtenida de la imagen de un alimento como lo son las poblaciones de frijol. Adicionalmente, conocer la concentración de antocianinas en cada población de frijol permitirá estimar su valor funcional para mejorar la dieta de los consumidores.

UNIVERSIDAD VERACRUZANA

Instituto de Investigaciones en Inteligencia Artificial

Summary

Estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol (*Phaseolus Vulgaris L.*) a partir de sus propiedades colorimétricas utilizando técnicas de procesamiento digital de imágenes y aprendizaje automático

MIA. José Luis Morales Reyes

This research proposes a non-invasive methodology for estimating anthocyanins in common bean landraces of homogeneous and heterogeneous coloration. One of its compounds of great interest are the anthocyanins that give red, purple, and blue coloration to the bean. Anthocyanins help prevent cancer cell proliferation, kidney stones, control diabetes, among other health benefits. In Mexico, there are many bean landraces that have been preserved by different ethnicities and cultivated for private consumption of farmers. Anthocyanins are present in beans and their concentration varies concerning their coloration. Determining the concentration of anthocyanins is an invasive process in the laboratory that consumes time, human, economic and chemical resources. There are non-invasive methods such as computer vision systems that have demonstrated to be suitable for inspecting fruits and vegetables. State-of-the-art anthocyanin estimation has been reported in different domains in which the coloration is homogeneous and report color averages. In the present work, color characterization is proposed through the use of mass probability functions for creating histograms created from the color distribution of a set of seeds, which are taken as input in a convolutional neural network (CNN). The results obtained from the experiments performed for anthocyanin estimation in 40 homogeneously colored bean populations show that using a CNN architecture proposed by us called AnthEstNet (Anthocyanins Estimation Net) and receiving as input 2D histograms of the H and S channels of the HSI color space, an accuracy value of $87.68\% \pm 10.95$ was obtained in the test set. On the other hand, AnthEstNet with 2D histograms of the a^* and b^* channels of the CIE $L^*a^*b^*$ color space, achieved an accuracy value of $87.49\% \pm 11.84$. The above results gave way to anthocyanin estimation experiments on 46 homogeneously and heterogeneously colored bean landraces using neuroevolution techniques to find an optimal network structure. The results obtained were two convolutional network architectures generated with the Deep GA algorithm that received as input a color characterization of each bean landrace formed by the union of three histograms. The results of the evaluated architectures reached the accuracy value of $93.53\% \pm 4.85$ in the CIE $L^*a^*b^*$ color space and $92.33\% \pm 8.04$ in the HSI space. Our proposal is a robust, innovative, fast, economical and non-invasive method for anthocyanin estimation that considers the color distribution obtained from the image of food such as bean landraces. Additionally, knowing the concentration of anthocyanins in each bean landrace will allow estimating their functional value to improve the diet of consumers.

Productos del proyecto

Artículo de divulgación (TIES)

- J. L. Morales, H. G. Acosta, E. N. Aquino, *et al.*, “Clasificación de poblaciones nativas de frijol utilizando visión artificial,” TIES, Revista de Tecnología e Innovación en Educación Superior, no. 4, octubre, 2021. [En línea]. Disponible en: <http://ties.unam.mx/> [Consultado 07 23, 2022]

Artículo de Congreso (ROPEC 2011) scopus

- J. L. M. Reyes, H. G. A. Mesa, E. N. A. Bolaños, S. H. Meza, N. C. Ramírez and J. L. C. Servia, “Classification of Bean (*Phaseolus vulgaris L.*) Landraces with Heterogeneous Seed Color using a Probabilistic Representation” 2021 IEEE International Autumn Meeting on Power, Electronics and Computing (ROPEC), 2021, pp. 1-7, doi: 10.1109/ROPEC53248.2021.9668106.

Artículo JCR Journal of Agricultural Engineering (JAE).

- Morales-Reyes, J. L., Acosta-Mesa, H.-G. ., Aquino-Bolaños, E.-N., Herrera Meza, S. and Márquez Grajales, A. (2023) “Anthocyanins estimation in homogeneous bean landrace (*Phaseolus vulgaris L.*) using probabilistic representation and convolutional neural networks”, Journal of Agricultural Engineering, 54(2). doi: 10.4081/jae.2023.1421.

Software SEAPF (Sistema para la Estimación de Antocianinas en Poblaciones de frijol)

- Software para Usuario Final
- Manual de Usuario SEAPF

Agradecimientos

A la Universidad Veracruzana y al Instituto de Investigaciones en Inteligencia Artificial (IIIA-UV), por la oportunidad de ser estudiante y aportarme el conocimiento que me permitió haber finalizado esta investigación.

Al Centro de Investigación y Desarrollo en Alimentos de la Universidad Veracruzana (CIDEA-UV) por analizar químicamente las muestras utilizadas en este trabajo.

De manera especial agradezco la confianza a mi director de tesis Dr. Héctor Gabriel Acosta Mesa y codirectora de tesis Dra. Elia Nora Aquino Bolaños por darme la oportunidad de desarrollar mi trabajo de tesis de doctorado.

Mi agradecimiento al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por el apoyo otorgado para la realización de esta investigación a través de la beca 712056.

A mis sinodales Dra. Lorena Avendaño Garrido, Dr. Homero Vladimir Ríos Figueroa, Dra. Elia Nora Aquino Bolaños, Dr. Nicandro Cruz Ramírez y Dr. Efrén Mezura Montes que amablemente me brindaron su tiempo para leer este trabajo.

Mi agradecimiento al Dr. José Luis Chávez Servia por el conjunto de muestras de poblaciones de frijol utilizadas en este trabajo.

Dedicatorias

Dedico esta tesis a mis hijos para que sepan que los logros se ganan con esfuerzos y que la educación da el sentido a la vida, que este documento sea testimonio de mi gran amor hacia ellos.

A mi esposa Delfina Contreras Garrido por su amor y comprensión de todas aquellas semanas completas que dedique a mi formación para hacer realidad mi sueño, que me alentó para continuar, cuando parecía que me iba a rendir. Comparto contigo este logro.

A mis Padres Eduardo Morales Moreno y Alicia Reyes Jiménez por su incansable amor, apoyo incondicional y porque muchos de mis logros alcanzados se los debo incluido este.

A Dios ante todo por la vida, conservarme con salud y brindarme una hermosa familia que me alentaron a alcanzar este logro.

Índice general

Resumen	III
Summary	V
Productos del proyecto	VII
Agradecimientos	IX
Dedicatorias	XI
1 Introducción	1
1.1 Antecedentes	3
1.2 Motivación	7
1.3 Propuesta	8
1.4 Justificación	10
1.5 Hipótesis	10
1.6 Objetivos	10
1.6.1 Objetivo general	10
1.6.2 Objetivos específicos	10
2 Fundamentos teóricos	13
2.1 Sistema de visión computacional	13
2.2 Equipo de adquisición	14
2.2.1 Cámara fotográfica digital	14
2.2.2 Formato RAW	15
2.3 Calibración del color	16
2.3.1 X-Rite ColorChecker Passport	16
2.4 Procesamiento y análisis de imágenes digitales	17
2.4.1 Medición de distancia entre píxeles	18
2.4.2 Histograma de una imagen digital	19
2.4.3 Filtrado espacial	19
2.5 Espacios de color	21
2.5.1 Espacios orientados al ser humano	21
2.5.2 Distribución de probabilidad conjunta	24
2.6 Técnicas de Aprendizaje automático	25
2.6.1 Regresión múltiple	25
2.6.2 Redes Neuronales Artificiales	25
2.6.3 Redes Neuronales Convolucionales	27

2.7	Neuroevolución	29
3	Material y métodos	33
3.1	Poblaciones nativas de frijol	34
3.2	Cuantificación de antocianinas monoméricas	34
3.3	Prototipo de iluminación	35
3.3.1	Caja fotográfica con iluminación controlada	35
3.4	Flujo de trabajo de reproducción de imágenes en color	37
3.4.1	Proceso de adquisición de imágenes	46
3.5	Proceso de segmentación	47
3.6	Caracterización del color	48
3.6.1	Caracterización promedio del color	48
3.6.2	Función de Probabilidad de Masa	49
3.6.3	Análisis de Componentes Principales	49
3.7	Técnicas de aprendizaje para estimación de antocianinas	50
3.7.1	Técnicas de regresión múltiple	50
3.7.2	Redes Neuronales Artificiales	51
3.7.3	Redes Neuronales Convolucionales	51
3.7.4	Técnicas de neuroevolución	52
3.7.5	Algoritmo NEAT	52
3.7.6	Hiperparámetros de configuración para el algoritmo NEAT	54
	Caracterización de color para NEAT	55
3.7.7	Algoritmo Deep GA	55
	Caracterización de color para Deep GA	57
3.8	Métricas de evaluación	58
3.8.1	Raíz del error cuadrático medio	58
3.8.2	Coefficiente de determinación	59
3.8.3	Precisión	59
3.9	Estimación de antocianinas en poblaciones de frijol	59
3.10	Diseño experimental	62
3.10.1	Experimento 1: Análisis de la caracterización del color y métodos estadísticos clásicos de regresión multivariada y ANN	63
3.10.2	Experimento 2: Estimación de antocianinas obtenidas por la red AnthEstNet	63
3.11	Experimentos con herramientas de neuroevolución	64
3.11.1	Experimento 1: Estimación de antocianinas obtenidas ANN Generada con el algoritmo NEAT	65
3.11.2	Experimento 2: Estimación de antocianinas con CNN generada con Deep GA	66
4	Resultados	67
4.1	Resultados de estimación de antocianinas en Poblaciones nativas de frijol de color homogéneo	67
4.1.1	Análisis de la caracterización del color y métodos estadísticos clásicos de regresión multivariada.	67
4.1.2	Estimación de antocianinas obtenidas por la red AnthEstNet	67

4.2	Resultados de estimación de antocianinas en Poblaciones nativas de frijol de color homogéneo y heterogéneo	70
4.3	Resultados obtenidos con el algoritmo NEAT	70
4.4	Deep GA	73
5	Discusión	77
5.1	Estimación de antocianinas en Poblaciones nativas de frijol de color homogéneo	77
5.2	Estimación de antocianinas en Poblaciones nativas de frijol de color homogéneo y heterogéneo	78
6	Conclusiones y trabajo futuro	81
A	Apéndice A	85
A.1	Poblaciones nativas de frijol	85
B	Resultados de la cuantificación de antocianinas monoméricas	91
C	Sistema para la Estimación de Antocianinas en Poblaciones de Frijol (SEAPF)	93
C.0.1	información de color de la muestra	94
C.0.2	Reporte de análisis	95
D	Manual de usuario	97
E	Entorno de iluminación	99
E.1	Caja fotográfica	99

Índice de tablas

1.1	Comparativa de trabajos relacionados con estimación de antocianinas. . .	6
3.1	Parámetros y valores de configuración de la cámara fotográfica.	38
3.2	Opciones de formato.	40
3.3	Parámetros de color obtenidos del Colorchecker realizando procesamiento digital a la imagen.	43
3.4	Parámetros de color obtenidos del Colorchecker con el espectrofotómetro KM2500D.	44
3.5	Valores Delta de cada parche de color del ColorChecker medido con espectrofotómetro e imagen digital.	45
3.6	Parámetros de configuración para el algoritmo NEAT.	54
3.7	Valores de los hiperparámetros utilizados en Deep GA para regresión. . .	56

4.1	Resultados de los modelos de regresión múltiple y de las ANNs en cada espacio de color. El nombre de la ANN depende del número de capas de entrada, capas ocultas y capas de salida separadas por dos puntos. Los números en negrita representan los mejores valores por espacio de color en cada medida de evaluación.	67
4.2	Resultados de AnthEstNet y de ANN en cada espacio de color. Los números en negrita representan los mejores valores de precisión por espacio de color en cada métrica de evaluación.	68
4.3	Resultados de la correlación entre la desviación estándar de los métodos de estimación de antocianinas. La letra p representa el valor alcanzado por la prueba de Spearman.	70
4.4	Resultados de estimación obtenidas con las redes generadas con NEAT y dos caracterizaciones de color. En negrita los mejores resultados.	71
4.5	Resultados de estimación obtenidas con la arquitectura CNN de Deep GA con triple histograma.	74
4.6	Resultados de estimación obtenidas de la evaluación de la arquitectura CNN generada de Deep GA con la representación de color histograma triple en el espacio de color HSI.	75
B.1	Estimación de antocianinas monoméricas de las poblaciones nativas de frijol por el método químico. Los resultados se expresaron como $mg\ C3G\ g^{-1}$ en base seca.	91

Índice de figuras

1.1	Ejemplos de resultados de estimación con regresión lineal simple utilizando una variable predictora, del Valle <i>et al.</i> , 2018	7
1.2	Histograma granos de frijol de dos tonalidades	7
1.3	Histograma granos de frijol de dos tonalidades	8
2.1	Sistema de visión computacional.	14
2.2	X-Rite ®ColorChecker Passport de 24 parches.	16
2.3	Forma matricial que permite describir una imagen digital de $M \times N$	18
2.4	El filtro es centrado en la coordenada (x, y) , el coeficiente $w(0, 0)$ coincide con el valor de la imagen $f(x, y)$, la respuesta del filtro es calculada como la suma de los productos, el filtro avanza de izquierda a derecha con punto de inicio en el origen de la imagen.	20
2.5	Espacio de color HSI	22
2.6	Espacio de color CIE $L^*a^*b^*$	23

2.7	Representación de una NN, donde x_1, x_2, \dots, x_n son las neuronas de entrada, h_1, h_2, \dots, h_p son las neuronas ocultas, y_1, y_2, \dots, y_m son las neuronas de salida, y los valores w son los pesos de cada conexión entre neuronas (Cruz, 2011).	26
2.8	Ejemplo de aplicación del método convolucional para obtener el mapa de características reducido de una imagen digital.	27
2.9	Ejemplo de aplicación del proceso de reducción utilizando la estrategia de valor máximo para reducir el mapa de características.	28
2.10	Ejemplo de implementación de las capas totalmente conectadas en una NN.	29
2.11	Proceso evolutivo aplicado en neuroevolución	31
3.1	Diagrama de la metodología para la estimación de antocianinas.	33
3.2	Poblaciones de frijol ordenadas por el promedio de concentración de antocianinas.	35
3.3	Foco LimoStudio® utilizado para iluminación en el interior de la caja fotográfica.	36
3.4	Prototipo de adquisición de imágenes. a) Caja externa de aluminio en la que se conectan las fuentes de luz fluorescente equilibrada con luz diurna, b) Caja de difusión utilizada para disminuir los reflejos especulares y las sombras en las muestras, c) Orificio para el objetivo de la cámara.	36
3.5	Difusor	37
3.6	Diagrama de flujo de trabajo de reproducción de imágenes en color.	38
3.7	Carta de balance de blancos.	39
3.8	Imagen fotográfica de referencia de la Carta Clásica.	39
3.9	Opciones de importación.	39
3.10	Opciones de revelado digital de *.arw a *.tif.	40
3.11	Software ColorChecker Camera Calibration.	41
3.12	Detección de cada parche de color.	41
3.13	Ruta destino del perfil personalizado ICC.	42
3.14	Regiones de interés de cada parche del colorchecker.	43
3.15	Área de adquisición	46
3.16	Colocación de las semillas en el área de adquisición.	47
3.17	Ejemplo de segmentación, la imagen binaria resulta de la segmentación y es utilizada para ubicar las regiones de interés. En la imagen binaria el valor 0 es para las regiones de interés y 1 para el fondo.	48
3.18	La distribución de color de un conjunto de semillas representativas de una población de frijol, su representación usando una función de probabilidad de masa.	50
3.19	Arquitectura AnthEstNet para la estimación de antocianinas.	51
3.20	Representación de genotipo y fenotipo en NEAT (Stanley & Miikkulainen, 2002).	53
3.21	Tipos de mutación estructural en NEAT (Stanley & Miikkulainen, 2002).	54
3.22	Histograma bidimensional (256x256) a vector (1x65,536).	55
3.23	Codificación de Deep GA Vargas-Hákim <i>et al.</i> (2021).	56
3.24	Caracterización de color conformada por tres histogramas agrupados para representar la información de cada población de frijol.	57

3.25	Caracterización de color conformada por tres histogramas agrupados para representar la información de cada población de frijol en el espacio de color HSI.	58
3.26	Ejemplo del proceso de división de semillas para crear los conjuntos de entrenamiento, validación y prueba.	60
3.27	Caracterización de color y su correspondiente técnica de aprendizaje utilizada para estimación de antocianinas en poblaciones de color homogéneo.	61
3.28	Ejemplo del proceso de división de semillas para crear los conjuntos de entrenamiento y prueba para neuroevolución.	61
3.29	Representaciones de color y algoritmos de neuroevolución utilizados para generación de redes neuronales.	62
3.30	Poblaciones de frijol ordenadas por el promedio de concentración de antocianinas	65
4.1	Comparación de los resultados de estimación alcanzados por cada modelo de aprendizaje y los resultados del procedimiento de laboratorio en el espacio de color CIE L*a*b. Los cuatro valores corresponden a los valores reportados por el método pH Diferencial y los cuatro valores estimados por cada modelo para cada población de frijol.	68
4.2	Comparación de los resultados de estimación alcanzados por cada enfoque de aprendizaje con los resultados del procedimiento de laboratorio en el espacio de color HSI.	69
4.3	Resultados estadísticos ANOVA para los valores de las precisiones (a) y las desviaciones estándar (b).	69
4.4	Valores de desviación estándar de los mejores resultados en cada enfoque y el método pH Diferencial.	70
4.5	Comparación de los resultados de estimación alcanzados las ANNs generadas por NEAT en cada caracterización de color(PCA de histogramas e histogramas 2D) en el espacio de color HSI en comparativa con los resultados del método pH Diferencial.	71
4.6	Comparación de los resultados de estimación alcanzados por NEAT en dos representaciones en el espacio de color HSI (PCA de histogramas 2D e histogramas 2D) en comparativa con los resultados reportados por el método pH Diferencial.	72
4.7	Gráfica del conjunto de datos de entrenamiento y prueba, cada caso corresponde a la información de caracterización de color de cada población, en este caso el histograma pasó a vector en el espacio de color HSI. Las marcas de color a un costado de cada gráfica resaltan los grupos de poblaciones del mismo color que la marca.	72
4.8	Gráfica del conjunto de datos de entrenamiento y prueba, los datos provienen de la caracterización de color de histogramas convertidos a vectores en el espacio de color CIE L*a*b*.	73
4.9	Representación gráfica de la arquitectura CNN obtenida con Deep GA usando la caracterización de color representada por triple histograma. . .	73
4.10	Representación gráfica de la arquitectura CNN obtenida de Deep GA con histograma triple del espacio de color HSI.	74

4.11	Resultados de estimación con dos arquitecturas CNN evolucionadas por Deep GA.	75
C.1	Interfaz de la herramienta y el resultado de analizar una nueva muestra. .	93
C.2	Ventana con gráficas de información de color.	95
C.3	SEAPF: Reporte del análisis de estimación de antocianinas	96
E.1	Caja fotográfica con difusor de luz.	99
E.2	Área de adquisición	100
E.3	Jaladera de barra.	100
E.4	Difusor de luz.	100

Lista de abreviaturas

RGB	(Red Green Blue): Rojo, Verde, Azul
HSI	(Hue Saturation Intensity): Matiz, Saturación, Intensidad
HSV	(Hue Saturation Value): Matiz, Saturación, Valor
ICC	(International Color Consortium) : Consorcio Internacional del Color
PCS	(Profile Connection SSpace): Espacio de conexión de perfiles
CIE	(Commission Internationale de l'Elclairage)
PMF	(Probability Mass Function): Función de masa de probabilidad
PCA	(Principal Components Analysis): Análisis de Componentes Principales
SVM	(Support Vector Machine): Máquinas de soporte vectorial
CNN	(Convolutional Neural Network): Red Neuronal Convolutiva
ANN	(Artificial Neural Network): Red Neuronal Artificial
RMSE	(Root Mean Square Error): Raíz del error cuadrático medio
MAPE	(Mean Absolute Percentage Error): Error porcentual absoluto medio

Capítulo 1

Introducción

El color de los alimentos está determinado por las propiedades nutritivas debido a la relación con su composición química (Stintzing & Carle, 2004). El estudio de la composición química de los alimentos de origen vegetal ha permitido conocer su contenido nutricional, el color de frutas y hortalizas pueden determinar el impacto en la nutrición y prevención de enfermedades (Horbowicz *et al.*, 2008; Stintzing & Carle, 2004).

Uno de los compuestos de gran interés en la investigación de compuestos que tienen benéficos en la salud, son las antocianinas (del griego anthos, flor y kyanos, azul), estos compuestos pertenecen al grupo de los flavonoides y son los responsables de la coloración rojo, morado y azul (Garzón, 2008).

Las antocianinas tienen beneficios en la salud ya que previenen enfermedades y su actividad antioxidante favorece el control de la diabetes y reducción del riesgo de enfermedades coronarias (Ataie-Jafari *et al.*, 2008), evitan la proliferación de células cancerígenas (Grimes *et al.*, 2018), reducen el colesterol (Farrell *et al.*, 2015), previenen la formación de cálculos renales (Nirumand *et al.*, 2018), además, tienen propiedades antiinflamatorias (Bowen-Forbes *et al.*, 2010; Hidalgo *et al.*, 2012).

El frijol y el maíz son de los cultivos de mayor importancia ya que constituyen la dieta de gran parte de la población Mexicana (Soleri *et al.*, 2013). En México existe gran cantidad de variedades nativas de frijol preservadas por distintas etnias y cultivadas para el consumo particular de los agricultores, por lo tanto, el análisis de compuestos benéficos para la salud es motivo de investigación sobre los valores nutricionales que aportan las variedades nativas de frijol (Chávez-Servia *et al.*, 2016).

Los diferentes tipos de poblaciones de frijol cultivadas presentan gran variación en rasgos morfológicos, de crecimiento, adaptación y potencial de rendimiento y coloración (Romero-Arenas *et al.*, 2013). Las características colorimétricas de las poblaciones de frijol son diversas, poblaciones de color homogéneo conformadas con semillas de similar coloración, de color heterogéneo representadas por mezcla de semillas de diferentes colores o semillas de colores variegados. La concentración de antocianinas es variable con respecto a las coloraciones de semillas presentes en una población de frijol.

La concentración de antocianinas es evaluada por métodos químicos en los que se requiere equipos, reactivos y materiales de laboratorio, se analiza una muestra representativa

de cada población de frijol, como lo reportó Aquino-Bolaños *et al.* (2017) para la determinación de antocianinas de 26 poblaciones nativas de frijol, para el análisis realizaron procedimientos invasivos separando la testa o corteza del grano para generar una mezcla homogénea con solvente. El método de pH diferencial fue utilizado para la determinación de antocianinas, el contenido fue reportado en el intervalo de 0.04 a 9.07 mg. de cianidina-3-glucosido por gramo de muestra en base seca (mg C3G g⁻¹ bs) (Aquino-Bolaños *et al.*, 2017). El procedimiento de laboratorio requiere de tiempo, recursos humanos, materiales, reactivos químicos y equipo de laboratorio. Todo en conjunto representa un alto costo en términos económicos, químicos y es requerido personal especializado.

Por otra parte, existen soluciones no invasivas como el uso de técnicas de inteligencia artificial, los sistemas de visión por computadoras han resultado de gran ayuda para la inspección de frutos y hortalizas (Zhang *et al.*, 2014). También, se han utilizado para la evaluación de la calidad de los alimentos (Sun, 2016).

Los trabajos relacionados de estimación de antocianinas se han empleado satisfactoriamente en diversas variedades de frutos, hortalizas, flores y hojas. A continuación, son mostrados los trabajos de estimación de antocianinas en diferentes muestras biológicas usando técnicas de inteligencia artificial.

1.1. Antecedentes

En este apartado son descritos trabajos que han reportado la estimación de antocianinas usando diferentes técnicas no invasivas, en ellos se resaltan las técnicas de cuantificación de antocianinas a partir del color y los resultados obtenidos de estimación.

Yoshioka *et al.* (2013) estimaron antocianinas en fresas procesando imágenes digitales. Esta estimación se realizó calculando los promedios de cada canal para los espacios de color RGB, HSL y CIE L*a*b*. Aplicaron el algoritmo de regresión múltiple utilizando promedios de los diferentes espacios de color antes mencionados. Los resultados sugieren que los promedios son relevantes para la estimación de las antocianinas, alcanzando un valor de coeficiente de determinación de 0.978 para el espacio de color RGB, 0.948 para HSL y 0.980 para CIE L*a*b*.

Además, Taghadomi-Saberi *et al.* (2014) estimaron la actividad antioxidante y la cantidad de antocianinas contenidas en 420 especímenes de cereza agrupados en 42 conjuntos para conformar seis estados de maduración. Para la etapa de procesamiento de imágenes digitales utilizaron tres espacios de color (RGB, HSV y CIE L*a*b*), cada imagen digital de las cerezas se caracterizó con 11 rasgos diversos (media estadística, varianza estadística, asimetría, curtosis, cromaticidad, entre otros). Implementaron varias redes neuronales artificiales (Artificial Neural Network o ANN en inglés) para la tarea de estimación, seleccionando la ANN de mayor rendimiento (con coeficiente de correlación de 0.98). Los resultados de la cuantificación se evaluaron mediante el error medio absoluto, alcanzando una tasa de error de 0.13.

Por otra parte, Fernandes *et al.* (2015) estimó la concentración de antocianinas en 240 racimos de uva. De la muestra, se seleccionaron al azar seis uvas para capturar imágenes digitales de las que se calculó el espectro de reflectancia (Porcentaje de intensidad reflejada por la muestra). Debido a la alta dimensionalidad de dicho espectro, se realizó una reducción de la misma mediante el Análisis de Componentes Principales (Principal Components Analysis o PCA en inglés), obteniendo 14 componentes para describir el espectro de reflectancia. Con base en estos componentes, se evaluó una ANN para la determinación de antocianinas obteniendo un rango de coeficiente de determinación de 0.87 y 0.95.

De forma similar, Chen *et al.* (2015) estimaron antocianinas utilizando imágenes digitales de 50 uvas en el intervalo de longitud de onda de 928-1695 nm. Además, fue calculado el promedio de las regiones de interés de cada imagen, el valor del promedio fue utilizado como variable predictora. El modelo predictivo utilizado fue de regresión de vectores soporte, el coeficiente de determinación de antocianinas obtenido fue de 0.9414.

Otra investigación sobre la cuantificación de antocianinas es la presentada por del Valle *et al.* (2018), estimaron las antocianinas en pétalos, tallos, pedicelos y cálices de seis especies de flores. Para la representación de los datos, utilizaron el promedio de color de los tejidos en cada canal de color del espacio de color RGB, los valores de los promedios fueron empleados para calcular índices, los cuales emplearon como entrada para el algoritmo de regresión lineal simple. Los coeficientes de determinación reportados por los modelos

de regresión estuvieron entre 0.63 y 0.94.

Chen *et al.* (2020) reportan la estimación de las antocianinas en hojas de lechuga morada. Capturaron cada espécimen en imágenes digitales y utilizaron los colores de los espacios RGB, HSV y CIE $L^*a^*b^*$. Calcularon el valor promedio de cada canal en cada espacio de color (R, G, B, H, S, V, L^* , a^* y b^*) para caracterizarlas. Las características de color V, $R-B$, $B/(R+G)$, $2R(G-B)/(G+B)$ y $L^*+a^*+b^*$ se emplearon para entrenar los modelos de regresión lineal múltiple, Máquinas de Soporte Vectorial (Support Vector Machine o SVM en inglés) y el método de bosque aleatorio (Random Forest). Los resultados indican que el método de bosque aleatorio fue el más competitivo, con un coeficiente de determinación de 0.5709 para el conjunto de pruebas.

Zhang *et al.* (2020) reportan la estimación de antocianinas en bayas negras de goji, adquirieron imágenes digitales en el espectro del infrarrojo cercano. Para la extracción del espectro se utilizó la Ondícula de Daubechies para el preprocesamiento de los píxeles. Se utilizó el Algoritmo de Proyecciones Sucesivas y el Muestreo Adaptativo Competitivo Reponderado (CARS) para seleccionar las longitudes de onda representativas, además, se utilizó PCA y la Transformada de Ondas para extraer las características relevantes. Se emplearon tres enfoques de aprendizaje supervisado para la estimación de antocianinas, Regresión de Mínimos Cuadrados Parciales (PLSR por sus siglas en inglés), SVM y Redes Neuronales Convolucionales (Convolutional Neural Networks o CNN en inglés). El rendimiento entre los modelos mostró similitud, sus resultados fueron equivalentes y no se obtuvieron diferencias significativas, sus resultados se midieron en términos del coeficiente de determinación y RMSE. Los coeficientes de determinación reportados estuvieron entre 0.88 y 0.92.

Prilianti *et al.* (2018) reportan estimación de pigmentos en hojas, adquirieron y procesaron imágenes digitales hiperespectrales. Utilizaron filtros para obtener imágenes de 10 distintas longitudes de onda por muestra. De manera simultánea con un espectrómetro las hojas fueron medidas para registrar el índice de reflectancia de cada pigmento presente en las hojas. Las imágenes digitales fueron reducidas a dos diferentes tamaños 32x32 píxeles y 120x120 píxeles. Evaluaron las arquitecturas de CNN de ShallowNet, VGGNet y AlexNet. Como medida de desempeño utilizaron error cuadrático medio, reportan obtener un menor error en la estructura ShallowNet con valor de 0.0060.

Por otra parte, la misma autora reporta predicción de pigmentos en cuatro especies de hojas. Emplearon los espacios de color RGB, HSV y LAB. Las representaciones son el conjunto de imágenes a dos escalas 54x54 píxeles y 120x120 píxeles, reporta aumentos de datos para mejorar el desempeño de los enfoques de aprendizaje, fueron entrenadas y evaluadas 4 arquitecturas CNN (LeNet, P3Net, AlexNet y VGG-9). El desempeño de cada red fue evaluado en términos del error absoluto medio, reportando la red P3Net como la de mejor desempeño con el valor de 0.01249 ± 0.00219 (Prilianti *et al.*, 2020).

Además, Prilianti *et al.* (2021), reporta la metodología para la predicción de pigmentos en hojas, para la adquisición de los datos utilizó un espectrómetro de reflectancia registrando longitudes de onda en el rango de 360-2400 nm. Los espectros de reflectancia fueron usados como entrada para evaluar las distintas arquitecturas CNN (PNet_V1, PNet_V2,

PNet_V3, PNet_V4, AlexNet y VGG-9). Reportaron los valores correspondientes al error absoluto medio obtenidos de evaluar cada estructura, reportando que el mejor desempeño lo obtuvo PNet_V3 con 0.0321 ± 0.0022 para el conjunto de validación.

Rouxinol *et al.* (2022), desarrolló un modelo para estimación de antocianinas en cuatro tipos de uvas utilizando la espectroscopia NIR (Infrarrojo cercano), registraron los espectros de uvas. Los modelos se construyeron utilizando un algoritmo de PLSR mostraron un coeficiente de determinación de 0.81 en la estimación de antocianinas.

En el trabajo de Grimm *et al.* (2022), reportaron una metodología para la estimación de antocianinas en manzanas, adquirieron imágenes de cortes circulares de manzanas, fueron empleados los espacios de color RGB y CIE L*a*b*, los logaritmos de los valores de los canales de G, B y L* fueron convertidos a su valor de logaritmo, por lo que, fueron los datos de entrada del modelo de regresión lineal. Se estimó el contenido de antocianina de cada corte circular obtenido de cada imagen, píxel por píxel y reportado el promedio. Los coeficientes de determinación de los modelos de regresión lineal oscilaron entre 0.88 y 0.89.

La Tabla 1.1 muestra una comparativa de trabajos relacionados de estimación de antocianinas en los que se observa el dominio, la caracterización de color, las técnicas utilizadas y el resultado obtenido.

TABLA 1.1. Comparativa de trabajos relacionados con estimación de antocianinas.

Autores	Dominio	Caracterización del color	Técnica de aprendizaje	Métricas
Yoshioka <i>et al.</i> (2013)	Fresas	Imágenes digitales de fresas, promedios de los espacios de color RGB, HSL, CIE L*a*b*	Regresión múltiple	Coefficiente de determinación 0.978 em RGB, 0.948 en HSL y 0.980 en CIE L*a*b*
Taghadomi-Saberi <i>et al.</i> (2014)	Cerezas	Imágenes digitales en los espacios de color RGB, HSV y CIE L*a*b* para formar 11 rasgos (Media estadística, varianza, asimetría, curtosis, entre otros)	ANN	Coefficiente de determinación de 0.98 y error medio absoluto de 0.13
Fernandes <i>et al.</i> (2015)	Uvas	Imágenes digitales de las que calcularon el espectro de reflectancia y PCA para la reducción de la misma	ANN	El rango de coeficientes de determinación de 0.87 y 0.95
Chen <i>et al.</i> (2015)	Uvas	Imágenes digitales hiperespectrales, fue calculado el promedio de las regiones de interés	SVM	El coeficiente de determinación fue de 0.9414
del Valle <i>et al.</i> (2018)	pétalos, tallos, pedicelos y cálices de seis especies de flores	Imágenes digitales, utilizaron el promedio de color de los tejidos en cada canal de RGB	Modelos de regresión lineal simple®	Coefficientes de determinación entre 0.63 y 0.94
Chen <i>et al.</i> (2020)	Hojas de lechuga morada	Imágenes digitales, usaron el valor promedio de los canales de RGB, HSV, CIE L*a*b*	Modelos de regresión lineal múltiple, SVM y método Random Forest	Coefficiente de determinación de 0.5709
Zhang <i>et al.</i> (2020)	Bayas negras de goji	Imágenes digitales en el espectro del infrarrojo cercano, Los algoritmos de SPA, CARS y PCA fueron utilizados para extraer las características relevantes	PLSR, SVM y CNN	Los coeficientes de determinación reportados entre 0.88 y 0.92
Priilanti <i>et al.</i> (2018)	Cuatro especies de hojas	Imágenes digitales hiperespectrales de las cuales obtuvieron imágenes de 10 distintas longitudes de ondas y reducidas a los tamaños de 32x32 y 120x120 píxeles	Evaluaron arquitecturas CNN de ShallowNet, VGGNet y AlexNet	El menor error cuadrático medio reportado fue con la estructura ShallowNet con valor de 0.0060
Priilanti <i>et al.</i> (2020)	Cuatro especies de hojas	Imágenes digitales en los espacios de color RGB, HSV y CIE L*a*b* a dos escalas 54x54 y 120x120 píxeles	Las arquitecturas CNN LeNet, P3Net, AlexNet y VGG-9 fueron evaluadas	Error absoluto medio de 0.01249 obtenido de P3Net
Priilanti <i>et al.</i> (2021)	Cuatro especies de hojas	Espectro de reflectancia	Evaluación de las redes PNet_V1, PNet_V2, PNet_V3, PNet_V4, AlexNet y VGG-9	Error absoluto medio en PNet_V3 de 0.0321
Rouxinol <i>et al.</i> (2022)	Cuatro especies de uva	Espectros del infrarrojo cercano	PLSR	Coefficiente de determinación fue de 0.81
Grimm <i>et al.</i> (2022)	Manzanas	Imágenes digitales de cortes circulares de manzanas en los espacios de color RGB y CIE L*a*b*, los valores de los canales de R, G y L* convertidos a su valor de logaritmo	Regresión lineal	Coefficiente de determinación entre 0.88 y 0.89

1.2. Motivación

Los trabajos afines reportan la evaluación de antocianinas en muestras biológicas de color homogéneo, en el estudio realizado por del Valle *et al.* (2018) reporta estimación de antocianinas en tejidos, el color de cada tejido es caracterizado con un valor promedio utilizado como regresor Ver Figura 1.1.

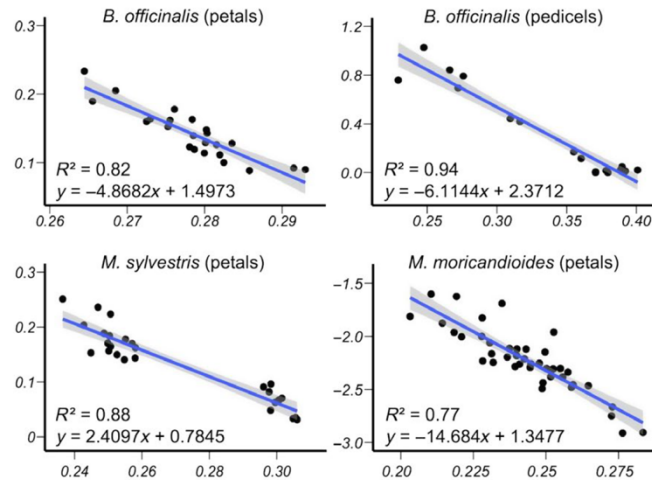
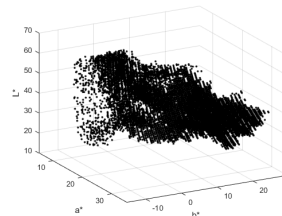


FIGURA 1.1. Ejemplos de resultados de estimación con regresión lineal simple utilizando una variable predictora, del Valle *et al.*, 2018

En la literatura son reportadas distintas representaciones de color para caracterizar diferentes muestras, es necesaria la exploración de diferentes representaciones para conocer las aportaciones de cada una para este estudio.

En la Figura 1.2a es mostrado el ejemplo de semilla de color rojo. Observamos que presenta una distribución de tonos similares, un promedio representaría un punto en la nube mostrada en la Figura 1.2b.



(a) Semilla de frijol de color rojo (b) Distribución de color en el espacio CIE L*a*b*

FIGURA 1.2. Ejemplo de distribución de color de grano de dos colores

Por otra parte, existen semillas que presentan variegación, su color es heterogéneo como lo muestra la Figura 1.3a. En la Figura 1.3b observamos la nube de puntos que

representa la distribución de color de la semilla, en este caso un promedio no es representativo de la completa coloración. La Figura 1.3c muestra tres histogramas de tres canales de color del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$, en cada uno de los tres histogramas observamos distribución bimodal, por tal motivo, es necesario explorar el uso de la representación de color que permita considerar la distribución de color.

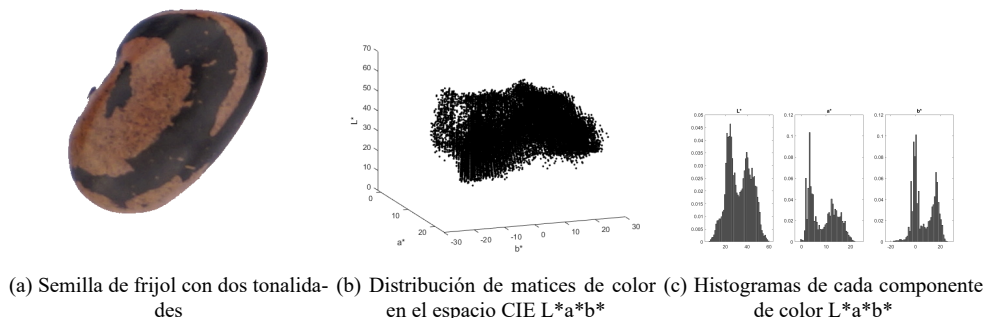


FIGURA 1.3. Ejemplo de distribución de color de grano de dos colores

Cabe señalar que una semilla no representa a una población de frijol, la complejidad aumenta considerando que para representar a una población es requerido un conjunto de semillas. Las coloraciones de las poblaciones de frijol son homogéneas y heterogéneas. Las poblaciones de frijol de color homogéneo, son conformadas por semillas de similar coloración, por otra parte, las poblaciones de color heterogéneo son conformadas por semillas de distintas coloraciones o semillas de colores variegados.

Las soluciones reportadas en la literatura resultarían con ciertas limitaciones, usar el promedio de color representa una reducción importante de información de color, además, un reducido conjunto de características colorimétricas no cubre la información completa de color, en otros casos, la reducción de tamaño de imágenes representa una reducción de patrones colorimétricos. Algunos de las técnicas reportadas en la literatura son adecuadas para trabajar con un determinado número de características que pueden ser utilizados como variables de decisión, en este trabajo es deseable utilizar la distribución de color y una técnica de aprendizaje que reciba como entrada una distribución de probabilidad.

1.3. Propuesta

Hasta el momento no existen trabajos de estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol, es por ello, que se propone un sistema de visión computacional para la estimación de antocianinas, como un método no invasivo con técnicas de procesamiento de imágenes digitales. Debido a la variabilidad colorimétrica de las poblaciones de frijol, es necesaria la exploración de diferentes representaciones de color para su caracterización, además, para la estimación de la concentración de antocianinas la utilización de diferentes técnicas de regresión.

Este proyecto tiene como finalidad desarrollar una metodología no invasiva para cuantificar antocianinas. El procedimiento consistirá en adquirir imágenes utilizando una cámara digital profesional, serán usadas las técnicas de procesamiento digital de imágenes para obtener el color de un conjunto de semillas de una población de frijol. La característica principal de estudio será la distribución de color que se obtendrá de una imagen digital.

Serán exploradas técnicas de aprendizaje automático para estimar el contenido de antocianinas. Algunos trabajos reportan la utilización de arquitecturas de redes neuronales convolucionales para la predicción de compuestos químicos en muestras biológicas, la bondad de estos enfoques es que son adecuados para recibir matrices de $N \times M$ dimensiones, en este trabajo la distribución de color será representada como una distribución de probabilidad conjunta, por lo que es posible formar matrices de $N \times N \times L$.

Dado que existen cientos de arquitecturas de redes convolucionales apropiadas para estimar compuestos, es posible trabajar con neuroevolución para explorar el espacio de las CNN y obtener aquella estructura adecuada para satisfacer la necesidad de estimación. Los resultados serán evaluados en términos de porcentaje de error de estimación y de precisión ya que permite comprender el valor obtenido en valor de porcentaje.

1.4. Justificación

Los trabajos realizados para la estimación de antocianinas usan muestras de color homogéneo, del color obtenido, proponen utilizar un valor promedio de color, o algún tipo de reducción de la información, componentes principales o reducción de tamaño de las imágenes. Representa una limitación considerando que las poblaciones son de variabilidad colorimétrica, en algunos casos pigmentos de diferente color sobre las semillas.

En este trabajo se propone utilizar la distribución de color que presentan los granos de frijol como aporte al uso de promedios de color u otro tipo de reducción reportada en la literatura. Además, hasta el momento no se tiene conocimiento de trabajos de estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol.

Es necesario investigar nuevas soluciones que permitan estimar antocianinas usando la distribución de color, además, es posible representar la coloración de un conjunto de granos mediante una distribución de probabilidad conjunta, así mismo, contar con un método sencillo, rápido y económico que permita estimar el contenido de antocianinas en muestras de color homogéneo y heterogéneo.

1.5. Hipótesis

Es posible estimar antocianinas totales en poblaciones nativas de frijol de color homogéneo y heterogéneo a partir de su distribución de color usando técnicas clásicas y de inteligencia computacional, logrando un grado de precisión superior al 85 %.

1.6. Objetivos

1.6.1. Objetivo general

- Estimar antocianinas totales utilizando la distribución de color heterogéneo de las poblaciones nativas de frijol utilizando imágenes digitales e inteligencia computacional.

1.6.2. Objetivos específicos

- Elaborar un prototipo para tener condiciones ideales de iluminación.
- Adquirir imágenes fotográficas digitales de poblaciones de frijol para procesamiento digital de imágenes.
- Estandarizar la calibración de color utilizando el ColorChecker Passport.
- Implementar un algoritmo de segmentación para extraer las características colorimétricas de cada población de frijol.
- Utilizar los espacios de color RGB, HSI y CIE L*a*b* para representar la distribución de color utilizando histogramas.

- Realizar análisis de componentes principales (PCA) para reducir la dimensionalidad de los histogramas de dos dimensiones.
- Estimar el contenido de antocianinas en poblaciones de color homogéneo (fase 1) y heterogéneo (fase 2) utilizando:
 - Regresión lineal multivariada.
 - Regresión no lineal multivariada.
 - Redes neuronales Artificiales (ANN).
 - Redes neuronales convolucionales.
- Desarrollar una herramienta de software que permita a los usuarios del sistema procesar imágenes digitales para estimar antocianinas a partir del color de las poblaciones de frijol.

En el capítulo 2 se presenta el fundamento teórico conceptual de este trabajo, en el capítulo 3 se presenta material y métodos empleados en este estudio junto con el diseño experimental realizados, en el capítulo 4 se presentan los resultados obtenidos de estimación de antocianinas en poblaciones de frijol de color homogéneo y los resultados obtenidos de estimación de antocianinas en poblaciones de frijol de color homogéneo y heterogéneo, en el capítulo 5 es mostrada la discusión de los resultados obtenidos de estimación de antocianinas, por último, en el capítulo 6 se muestra las conclusiones y trabajo futuro.

Capítulo 2

Fundamentos teóricos

La inteligencia artificial es una área multidisciplinar con técnicas para solucionar diversos problemas. Existen técnicas de inteligencia artificial aplicadas en la agricultura que apoyan en la realización de tareas como análisis de suelos, identificación de malas hierbas, identificación de plagas, clasificación de frutos y estados de madurez, detección de enfermedades de la fruta (Eli-Chukwu, 2019; Sharma, 2021). Las ramas de la inteligencia artificial que se han empleado en el sector de la agricultura son visión por computadora, aprendizaje automático y robótica.

2.1. Sistema de visión computacional

Los sistemas de visión por computadora ofrecen soluciones que permiten reducir el tiempo que la inspección manual requiere, además, un sistema de visión por computadora permite reducir la subjetividad (Zhang *et al.*, 2014). Los sistemas de visión por computadora comúnmente están conformados por una cámara fotográfica o videocámara que imitan la visión del ojo humano, una plataforma o banda transportadora utilizada para colocación del objeto o conjunto de objetos, fuentes de iluminación que simulan la luz solar y que ofrecen iluminación controlada para la correcta visualización mediante el dispositivo de adquisición, una computadora con los algoritmos de inteligencia artificial para procesar las imágenes, extraer las regiones de interés para caracterizar las muestras, además, la acción inteligente que debe realizarse mediante algún algoritmo de aprendizaje máquina (Ver Figura 2.1).

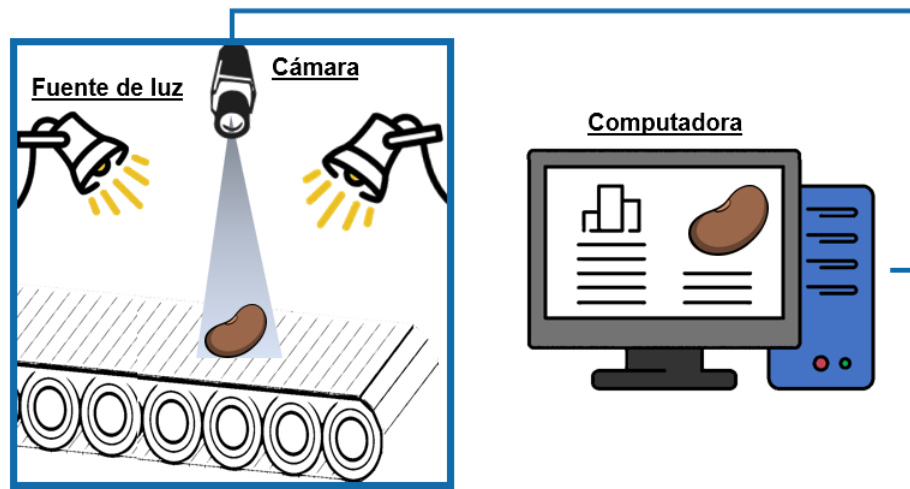


FIGURA 2.1. Sistema de visión computacional.

En los sistemas de visión por computadora multiespectral e hiperespectral en la cual el espectro se compone de un conjunto de imágenes monocromáticas que corresponden a determinadas longitudes de onda, son empleados para descubrir defectos no evidentes como magulladuras por golpes en frutos. Los sistemas de visión por computadora tradicionales se basan en cámaras fotográficas o de video que hace uso del color RGB, para capturar imágenes mediante tres filtros centrados en las longitudes de onda rojo, verde y azul, las imágenes captadas por las cámaras de color RGB se acercan mucho a las escenas reales percibidas por los ojos humanos (Zhang *et al.*, 2014). Se asume que el color está relacionado con la concentración de antocianinas (Chávez-Mendoza *et al.*, 2019), en este trabajo fue considerado este tipo de sistema de visión por computadora, de esta manera, el color obtenido de una imagen digital permitirá analizar esta relación de concentración.

2.2. Equipo de adquisición

Un elemento esencial del sistema de visión tradicional es el dispositivo de adquisición, sea una cámara fotográfica digital o una videocámara, esta última es comúnmente empleada en sistema con banda transportadora, sin embargo, las cámaras fotográficas digitales son adecuadas para la adquisición de muestras en posiciones fijas.

2.2.1. Cámara fotográfica digital

Existen diferentes opciones de cámaras y cada una con su correspondiente configuración de fábrica, una manera de estandarizar el color que se adquiere en la adquisición fotográfica, consiste en definir un flujo de trabajo de reproducción de imágenes en color. Para tal fin, debe trabajarse con una cámara fotográfica que genere archivos digitales negativos del tipo RAW. La cámara debe ser semi-profesional o profesional. Cada fabricante usa su tipo de formato RAW como lo muestra la lista siguiente.

- Sony: . ARW, . SRF o . SR2.
- Fuji: . RAF.

- Panasonic: . RW2.
- Nikon: . NEF o . NRW.
- Canon: . CR2 o . CRW.
- Pentax: . PEF o . PTX.
- Olympus: . ORF.

Las cámaras fotográficas incluyen diferentes configuraciones de adquisición fotográfica, para definir una configuración fija es requerido conocer el funcionamiento de cada opción de configuración mostrado a continuación.

- ISO: Es el grado de sensibilidad del sensor de la cámara respecto a la luz que capta en la escena.
- Apertura: Permite controlar la cantidad de luz que pasará por el obturador, se mide en valor f.
- Velocidad de obturación: Controla la velocidad de cierre del obturador de la cámara.
- Balance de blancos: Opción para indicar a la cámara la temperatura de color que hay en el ambiente.
- Formato de archivo: Archivo RAW para ediciones futuras o JPEG para el caso de no edición.
- Espacio de color: sRGB, AdobeRGB, entre otros.

2.2.2. Formato RAW

El formato RAW es utilizado por archivos fuente de imagen digital, del cual mediante software puede obtenerse la imagen final en diferentes formatos de imagen (jpg, bmp, png, tif, entre otros). Es considerado como un archivo digital negativo. Es recomendable el uso de este tipo de formato para estandarizar el revelado, por consiguiente, es un formato abierto a cambios, tales como, el balance de blancos, exposición, saturación, contraste, entre otras opciones, es un estándar ampliamente utilizado por los profesionales de la fotografía. Una de las desventajas de escoger otro formato como el formato jpg, es que la imagen será generada con los ajustes que la cámara considere, además, no admite cambios posteriores, por lo tanto, este formato no es apropiado para la calibración del color.

Existen diferentes soluciones de software para la edición de archivos digitales en formato de tipo RAW, la lista siguiente muestra algunos programas.

- Adobe Photoshop Ligthroom CC
- @Darktable <https://www.darktable.org/>
- Adobe Camera RAW
- Capture ONE

- Raw Therapee
- DxO Optics Pro
- Bibble Pro
- Los propios de cada fabricante, este software es incluido en un cd que acompaña a la cámara fotográfica digital

2.3. Calibración del color

Un estándar en la industria fotográfica es la utilización de una referencia colorimétrica para una mayor precisión y consistencia del color. La gestión del color consiste en conseguir que los colores coincidan desde la adquisición fotográfica hasta el proceso final de impresión. La calibración del color es ampliamente utilizada en la fotografía profesional para capturar los colores reales.

2.3.1. X-Rite ColorChecker Passport

El ColorChecker Passport de 24 parches es una solución utilizada en la captura y edición fotográfica para la calibración de color, es ideal para definir un flujo de trabajo RAW. Es conformado por tres diferentes cartas de color en un estuche de bolsillo similar al mostrado en la Figura 2.2.



FIGURA 2.2. X-Rite ®ColorChecker Passport de 24 parches.
<https://xritephoto.com/colorchecker-passport-photo2>.

El ColorChecker Passport de 24 parches es conformado por 3 cartas de color:

Carta de balance de blancos: Es utilizada como punto de referencia para la adquisición posterior de imágenes, esto garantiza que el color de los objetos sea fiel, además, es un punto de referencia neutro que permite compensar las diferentes condiciones

de iluminación. Además, en cada diferente condición de iluminación, es necesario realizar el balance de blancos de la cámara. En entornos controlados de iluminación, el balance de blancos no necesariamente tiene que efectuarse en posteriores adquisiciones, una vez será suficiente.

Carta Clásica: Es un punto visual de referencia para el color, por lo que, cada uno de los 24 parches de color representa los colores de los objetos naturales. Como el color de las semillas de frijol o de muestras biológicas como frutos u hortalizas. La carta es ideal para controlar la apariencia de los colores en la adquisición fotográfica, además, permite obtener resultados consistentes, predecibles y repetibles de imagen a imagen y de cámara a cámara.

Carta de realce creativo: Incluye parches de color para refinar el color de una imagen a los tonos de piel o de un paisaje. En este trabajo no es utilizada esta carta de color debido a la función para la que fue diseñada.

2.4. Procesamiento y análisis de imágenes digitales

El procesamiento de imágenes y el análisis de imágenes son considerados el núcleo de un sistema de visión por computadora porque incluyen algoritmos y métodos para completar una tarea específica como clasificación o predicción de valores.

El procesamiento de imágenes digitales se refiere a procesar imágenes por medio de una computadora. Involucra una serie de operaciones que mejoran la calidad de la imagen, son empleados para remover ruido, mejorar el enfoque, entre otras operaciones de mejora. Adicionalmente, el análisis de imágenes es el proceso utilizado para distinguir las regiones de interés del fondo, además, la información obtenida de las regiones de interés es usada en el sistema para la toma de decisiones (Brosnan & Sun, 2004; Zhang *et al.*, 2014).

Una imagen puede ser definida como una función bidimensional $f(x, y)$, donde, x e y son coordenadas espaciales, la amplitud de f de un par de coordenadas es llamada nivel de gris de la imagen en un punto. La imagen contiene M filas y N columnas, el valor de la coordenada origen es $(x, y) = (0, 0)$, la siguiente coordenada está representada por $(x, y) = (0, 1)$, la forma matricial es mostrada en la Figura 2.3.

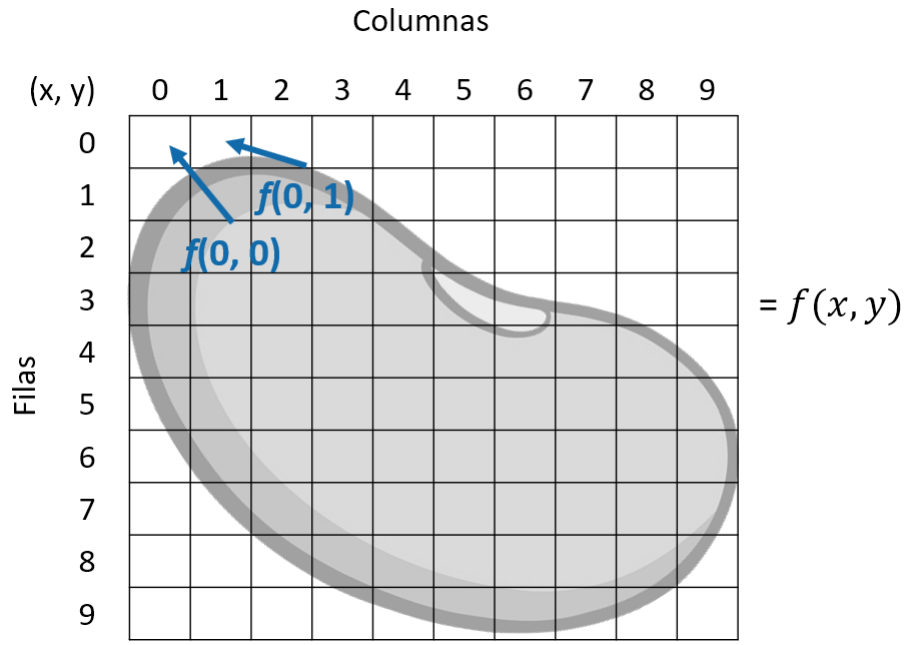


FIGURA 2.3. Forma matricial que permite describir una imagen digital de $M \times N$.

El número de niveles de gris de una imagen es un entero potencia de 2 (Ecuación 2.1):

$$L = 2^k \quad (2.1)$$

Con un rango dinámico definido en el intervalo $[0, L - 1]$. Una imagen digital es una matriz que es conformada por elementos llamados píxeles, cada píxel contiene un valor de nivel de gris permitido (Gonzalez & Woods, 2002). Dado que una imagen es una función bidimensional $f(x, y)$, es posible acceder a cada coordenada de la imagen para realizar operaciones sobre la información que se obtiene de cada píxel.

Una imagen es una matriz y cada píxel es adyacente a otros píxeles de la misma imagen. Sea p un píxel para la coordenada (x, y) se tiene cuatro píxeles adyacentes horizontales y verticales, en las cuales sus coordenadas estarán dadas por $(x + 1, y)$, $(x - 1, y)$, $(x, y + 1)$, $(x, y - 1)$, esto representa cuatro vecinos de p . Los vecinos diagonales de p tienen las siguientes coordenadas $(x + 1, y + 1)$, $(x + 1, y - 1)$, $(x - 1, y + 1)$, $(x - 1, y - 1)$. En conjunto representan los ocho vecinos de p , si (x, y) está en el borde de la imagen, algunos de los puntos quedan fuera.

2.4.1. Medición de distancia entre píxeles

Medir la distancia de los valores de los píxeles como una manera de medir su similitud es mediante una métrica. Para los píxeles p y q con coordenadas (x, y) , (s, t) respectivamente, D es una función de distancia o métrica si cumple con lo siguiente.

(a) $D(p, q) \leq 0 (D(p, q) = 0 \quad \text{si} \quad p = q),$

(b) $D(p, q) = D(q, p), \quad y$

$$(c) D(p, z) \geq D(p, q) + D(q, z).$$

Con base en lo anterior, la distancia euclidiana (Ecuación 2.2) entre p y q se define como la distancia más corta entre los dos puntos.

$$D_e(p, q) = \sqrt{(x - s)^2 + (y - t)^2} \quad (2.2)$$

Los métodos basados en regiones se basan en el postulado de que los píxeles vecinos dentro de una región tienen un valor similar (Adams & Bischof, 1994), el procedimiento general consiste en comparar un píxel con sus vecinos dentro de una región con un valor similar. Si la comparativa cumple un criterio de homogeneidad calculado mediante una métrica, se dice que el píxel pertenece a la misma clase que uno o varios de sus vecinos. Para tal fin, es necesario definir un píxel semilla como punto de partida para la segmentación. Basado en una métrica los píxeles vecinos alrededor del dominio del píxel semilla se fusionan si cumplen una propiedad de similitud. Si lo anterior se cumple, estos nuevos píxeles son el nuevo píxel semilla que continuarán con el proceso anterior hasta que no se puedan incluir más píxeles que cumplan la condición, el procedimiento dará paso al crecimiento de la región (Tang, 2010).

2.4.2. Histograma de una imagen digital

El histograma de una imagen digital se utiliza para representar la relación estadística entre cada uno de los números de niveles de gris en el rango $[0, L - 1]$. En el sistema de coordenadas cartesianas, la abscisa representa el nivel de gris y la ordenada la frecuencia del nivel de gris. El histograma de una imagen digital es representado como la función discreta (Ecuación 2.3)

$$p(r_k) = n_k/n \quad k = 0, 1, 2, \dots, L - 1 \quad (2.3)$$

En la fórmula r_k representa el nivel de gris, n_k el número de píxeles en la imagen que tienen un nivel de gris r_k , n representa el número total de píxeles de la imagen, además, es utilizado para normalizar el histograma dividiendo cada uno de sus valores entre el número total de píxeles de la imagen. La suma de todos los componentes de un histograma normalizado es igual a 1. Finalmente, L es el número total de posibles niveles de gris de la imagen.

2.4.3. Filtrado espacial

En las imágenes digitales, algunas operaciones de vecindarios de píxeles trabajan con los valores correspondientes de una subimagen que tiene las mismas dimensiones que la vecindad. La subimagen se denomina filtro, máscara, siendo los términos más comunes. Los valores de una subimagen (filtro) se denominan coeficientes, en lugar de píxeles. Para definir el tamaño de un filtro de $m \times n$, resultan de aplicar las siguientes expresiones $m = 2a + 1$ y $n = 2b + 1$, sean a y b enteros no negativos. Lo anterior dará como resultado filtros con tamaño de valor impar.

La operación entre la imagen y el filtro consiste simplemente en mover el filtro de un punto a otro sobre la imagen. En cada punto (x, y) la respuesta del filtro en ese punto es, calcular la suma de productos de los coeficientes del filtro y los píxeles de la imagen correspondientes en el área abarcada por la máscara del filtro (Ver Figura 2.4).

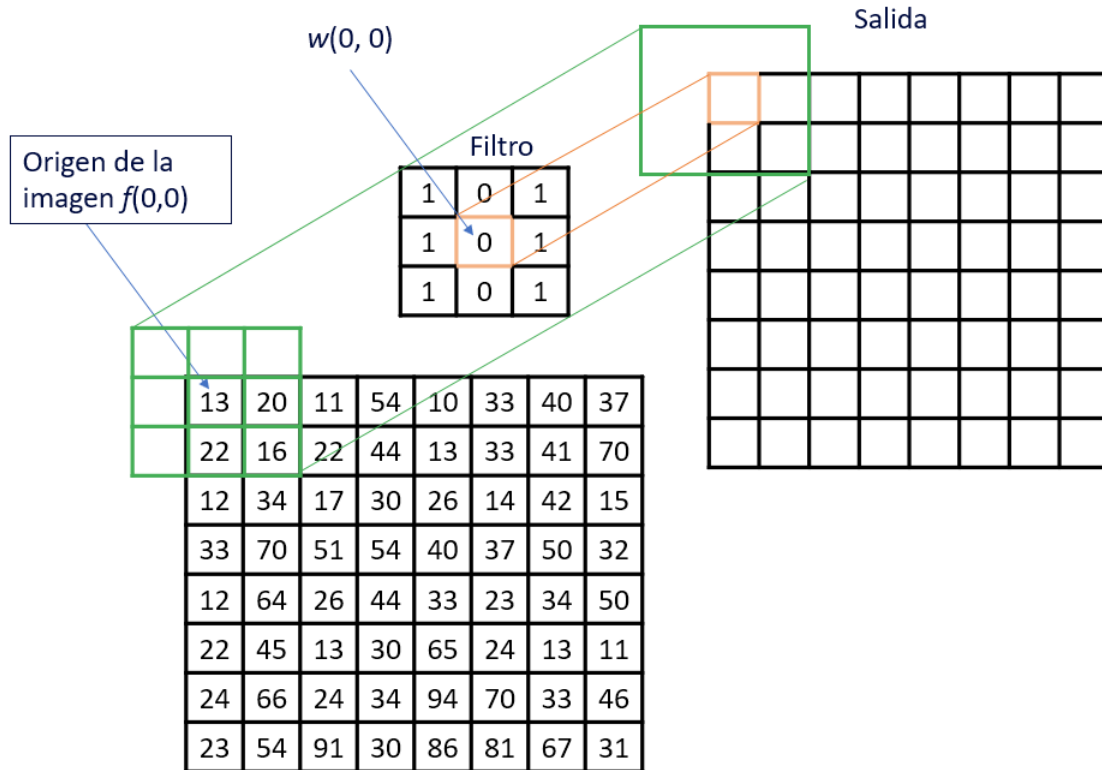


FIGURA 2.4. El filtro es centrado en la coordenada (x, y) , el coeficiente $w(0, 0)$ coincide con el valor de la imagen $f(x, y)$, la respuesta del filtro es calculada como la suma de los productos, el filtro avanza de izquierda a derecha con punto de inicio en el origen de la imagen.

El filtrado lineal de una imagen f de tamaño $M \times N$ con un filtro de tamaño $m \times n$ está dado por la siguiente Ecuación 2.4.

$$g(x, y) = \sum_{s=-a}^a \sum_{t=-b}^b w(s, t) f(x + s, y + t) \quad (2.4)$$

Donde, $a = (m - 1) / 2, b = (n - 1) / 2, x = 0, 1, 2, \dots, M - 1$ y con $y = 0, 1, 2, \dots, N - 1$ para un filtrado completo de una imagen.

El filtrado espacial lineal frecuentemente se denomina “convolución” los filtros a veces llamados máscaras de convolución.

El resultado R del filtrado espacial lineal con la máscara de filtrado en un punto (x, y) de la imagen es definido como $R = w(-1, -1) f(x - 1, y - 1) + w(-1, 0) f(x - 1, y) + \dots + w(0, 0) f(x, y) + \dots + w(1, 0) f(x + 1, y) + w(1, 1) f(x + 1, y + 1)$.

Una notación simplificada utilizada de la convolución es mostrada en la siguiente Ecuación 2.5.

$$R = w_1 z_1 + w_2 z_2 + \cdots + w_{mn} z_{mn} = \sum_{i=1}^{mn} w_i z_i \quad (2.5)$$

R de una máscara $m \times n$ en cualquier punto (x, y) , w representa los coeficientes de la máscara, z son los valores de los niveles de gris de la imagen, y mn es el número total de coeficientes de la máscara.

Para un filtro de 3×3 para cualquier punto (x, y) en una imagen es representado por la Ecuación 2.6.

$$R = w_1 z_1 + w_2 z_2 + \cdots + w_9 z_9 = \sum_{i=1}^9 w_i z_i \quad (2.6)$$

El resultado del filtrado espacial lineal es el promedio de suma de los productos de los valores de los píxeles contenidos en el vecindario abarcado por la máscara y los coeficientes del filtro, el resultado es asignado en la misma posición en la imagen de salida.

Basado en la Ecuación 2.4, la implementación general para el filtrado de una imagen con dimensiones $M \times N$ para un filtro de tamaño $m \times n$, esta dado por la Ecuación 2.7.

$$g(x, y) = \frac{\sum_{s=-a}^a \sum_{t=-b}^b w(s, t) f(x + s, y + t)}{\sum_{s=-a}^a \sum_{t=-b}^b w(s, t)} \quad (2.7)$$

Para $x = 0, 1, 2, \dots, M - 1$ y para $y = 0, 1, 2, \dots, N - 1$, el denominador indica la suma de los coeficientes del filtro. Los demás parámetros de la ecuación son descritos en la ecuación 2.4.

Los filtros son utilizados para distintos propósitos, su aplicación abarca operaciones en el dominio del espacio trabajando directamente sobre los píxeles de la imagen, o en el dominio de la frecuencia, donde las operaciones se llevan a cabo en la transformada de Fourier de la imagen (Gonzalez & Woods, 2002).

2.5. Espacios de color

Los modelos de color son útiles para tener una estandarización de color, esto evita problemas subjetivos en la definición y caracterización de colores, el espacio de color RGB es un espacio orientado al hardware, El espacio de color RGB es una representación útil para la visualización de imágenes de color en los dispositivos como las pantallas, escáneres, cámaras, entre otros. El color en el espacio RGB se define mediante coordenadas en tres ejes, es decir, rojo, verde y azul. También, existen otras representaciones con distintos propósitos, como HSI y CIE $L^*a^*b^*$ que permiten tener una representación más acorde a la forma en como los humanos interpretan los colores (Gonzalez & Woods, 2002).

2.5.1. Espacios orientados al ser humano

Familia de modelos de color HSI Los espacios orientados al ser humano, son el espacio HSI (Matiz, Saturación, Intensidad), el HSV (Matiz, Saturación, Valor) y el HSL

(Matiz, Saturación, Luminosidad), se han desarrollado con el objetivo de corresponder a los conceptos de intensidad, matiz y tono. El componente Hue o matiz (H) se mide por la distancia de la posición actual del color respecto al eje del rojo, es medido en grados y gira al sentido contrario de las manecillas del reloj para posicionarse sobre los colores principales (Figura 2.5). La saturación (S) es una medida de la cantidad de color, es decir, la cantidad de luz blanca que está presente en la luz monocromática, de manera que, el componente saturación es la distancia del eje origen al punto de saturación. El último, el componente de la intensidad (I), el valor (V) o la luminosidad (L), que va de negro a blanco el cual se refiere al brillo o la luminancia, definida como la intensidad radiante por unidad de superficie proyectada por la sensibilidad espectral asociada a la sensación de brillo de la visión humana (Ibraheem *et al.*, 2012; Sun, 2016).

Es una herramienta ideal para el desarrollo de algoritmos de procesamiento de imágenes, basado en la descripción del color siendo natural e intuitiva para los humanos, este espacio de color compuesto de tres canales mantiene la separación del matiz, saturación e intensidad, trabajar con esta representación de color permite lograr un modelo deseable para la interpretación del color (Gonzalez & Woods, 2002).

La Figura 2.5 presenta un esquema gráfico del espacio de color.

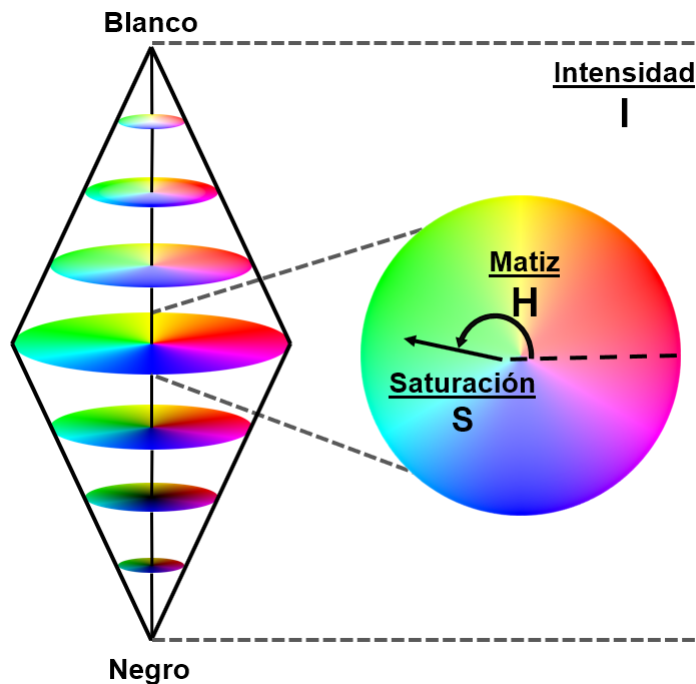


FIGURA 2.5. Espacio de color HSI

A diferencia del espacio RGB, el espacio de color HSI se define mediante coordenadas cuboidales, las coordenadas utilizadas para definir el color en HSI, HSV y HSL son cilíndricas. Para hacer uso del espacio de color HSI, es necesaria la conversión de una imagen RGB pixel por pixel.

El espacio de color CIE 1976 $L^*a^*b^*$ CIE $L^*a^*b^*$ es un sistema de color basado en un sistema anterior de Richard Hunter llamado L, a, b . El color se correlaciona con los

descubrimientos a mediados de los años setenta, entre el nervio óptico y el cerebro, los estímulos de color de la retina se traducen en distinciones entre luz y oscuridad, rojo y verde y azul y amarillo. El eje vertical central representa la luminosidad (L^*) con valores de 0 (negro) a 100 (blanco) ver Figura 2.6, los ejes de color van de rojo a verde y de azul a amarillo, en cada eje el valor va de negativo a positivo. Con el eje de a^* el valor positivo indica cantidad de rojo mientras que los valores negativos indican cantidad de verde, en el eje de b^* el amarillo es positivo y el azul es negativo, para ambos ejes el valor cero es gris neutro (Sun, 2016).

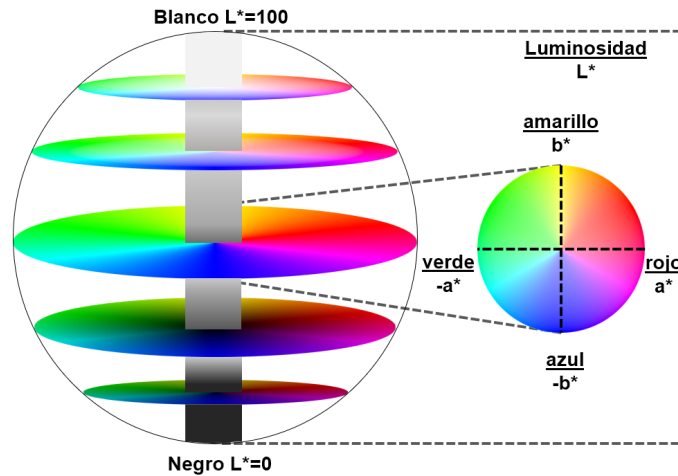


FIGURA 2.6. Espacio de color CIE $L^*a^*b^*$

El espacio de color CIE $L^*a^*b^*$, es un espacio ampliamente utilizado en los instrumentos de color, como el colorímetro y el espectrofotómetro, debido a la independencia del instrumento de medición que lo emplea (Sun, 2016). Es basado en los valores triestímulos de CIE XYZ que es una representación para definir el color, donde Y representa la luminosidad, mientras X y Z son los componentes de color, adicionalmente, abarca multitud de colores que están fuera de la gama de color del espacio RGB. Incluye la codificación de color de todas las percepciones de color posibles del mundo real, describe todos los demás espacios de color incluido el espacio de color RGB. Para una conversión de RGB al espacio XYZ se utiliza la siguiente Ecuación 2.8.

$$\begin{bmatrix} \hat{X} \\ \hat{Y} \\ \hat{Z} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,412453 & 0,357580 & 0,180423 \\ 0,212671 & 0,715160 & 0,072169 \\ 0,019334 & 0,119194 & 0,950227 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{R} \\ \hat{G} \\ \hat{B} \end{bmatrix} \quad (2.8)$$

El espacio de color CIE $L^*a^*b^*$ es la transformación no lineal de XYZ, el cual es ideal para describir la percepción del color en la visión humana, la transformación se define a continuación para cada componente de color (ecuaciones 2.9, 2.10 y 2.11):

$$L^* = \begin{cases} \{116 * \left(\frac{\hat{Y}}{Y_n}\right)^{\frac{1}{3}} - 16 & \text{si } \left(\frac{\hat{Y}}{Y_n}\right) > 0,008856 \\ 903,3 * \left(\frac{\hat{Y}}{Y_n}\right) & \text{en otro caso} \end{cases} \quad (2.9)$$

$$a^* = 500 \left[\left(\frac{\hat{X}}{X_n} \right)^{\frac{1}{3}} - \left(\frac{\hat{Y}}{Y_n} \right)^{\frac{1}{3}} \right] \quad (2.10)$$

$$b^* = 200 \left[\left(\frac{\hat{Y}}{Y_n} \right)^{\frac{1}{3}} - \left(\frac{\hat{Z}}{Z_n} \right)^{\frac{1}{3}} \right] \quad (2.11)$$

Los valores para X_n , Y_n y Z_n corresponden a los valores que determinan el blanco de referencia White Point $D65$ mostrado en la Ecuación 2.12:

$$\begin{bmatrix} X_n \\ Y_n \\ Z_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 95,047 \\ 100 \\ 108,883 \end{bmatrix} \quad (2.12)$$

2.5.2. Distribución de probabilidad conjunta

La distribución de probabilidad conjunta para un par de variables aleatorias discretas X y Y es representada por una función con valores $f(x, y)$ para cualquier par de valores (x, y) en el rango de X y Y definida como Walpole *et al.*, 2012.

La función $f(x, y)$ es una **distribución de probabilidad conjunta** o **función de masa de la probabilidad** de las variables aleatorias discretas X y Y se describe a continuación (Ecuación 2.13):

$$f(x, y) = P(X = x, Y = y) \quad (2.13)$$

El valor de $f(x, y)$ representa la probabilidad de ocurrencia del par x y y . Sujeto a:

1. $f(x, y) \geq 0$ para todo (x, y) ,
2. $\sum_x \sum_y f(x, y) = 1$
3. $P(X = x, Y = y) = f(x, y)$

La generalización se define como X_1, X_2, \dots, X_n son variables aleatorias discretas, entonces, su función de masa de probabilidad conjunta es (Ecuación 2.14):

$$f_{X_1, X_2, \dots, X_n}(x_1, x_2, \dots, x_n) = P(X_1 = x_1, X_2 = x_2, \dots, X_n = x_n) \quad (2.14)$$

La densidad conjunta para n variables aleatorias es una función en R^n . No es cero solo un conjunto finito y contable de puntos en R^n . La suma de las probabilidades da como resultado el valor 1 (Ecuación 2.15).

$$\sum_{x_1, \dots, x_n} f_{X_1, X_2, \dots, X_n}(x_1, x_2, \dots, x_n) = 1 \quad (2.15)$$

2.6. Técnicas de Aprendizaje automático

2.6.1. Regresión múltiple

El análisis de regresión es una técnica estadística para modelar las relaciones de variables (Montgomery *et al.*, 2006). La ecuación general del modelo de regresión se expresa en la Ecuación 2.16, donde Y es la variable dependiente (variable de respuesta), X_1, X_2, \dots, X_n son las variables independientes (variables predictoras), $\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_n$ son los parámetros de regresión que ajustan el modelo a los datos, y ϵ_i es la desviación del valor observado respecto al modelo generado (Berry *et al.*, 1985; Montgomery *et al.*, 2006).

Cuando el modelo contiene una sola variable independiente, se denomina regresión lineal simple, y cuando contiene más de una variable independiente se denomina regresión lineal múltiple (véase la Ecuación 2.16).

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \epsilon_i \quad (2.16)$$

La estimación de los parámetros de regresión se realiza por el criterio de mínimos cuadrados, minimizando la suma de la desviación al cuadrado de las variables de respuesta respecto a las variables predictoras en una muestra de los datos, ver Ecuación 2.17.

$$\sum_{j=1}^n (Y_j - \hat{Y}_j)^2 = \epsilon \quad (2.17)$$

Sin embargo, esta estimación se realiza mediante álgebra matricial (Hanushek & Jackson, 2013). El modelo de regresión general (Ecuación 2.16) puede expresarse en notación matricial como en la Ecuación 2.18.

$$Y = XB + E \quad (2.18)$$

Donde, Y son las variables de respuesta representadas como un vector $N \times 1$, X es una matriz $N \times M$ con las variables predictoras, B es un vector $M \times 1$ con los parámetros de regresión, E son los términos de error expresados un vector $N \times 1$, M es el número de observaciones y N es el número de variables independientes.

Finalmente, los parámetros de regresión se estiman mediante la Ecuación 2.19, derivada de la minimización del criterio de mínimos cuadrados (Hanushek & Jackson, 2013).

$$B = (X'X)^{-1} X'Y \quad (2.19)$$

En esta ecuación X' representa la matriz transpuesta de X y $(X'X)^{-1}$ representa la inversa de la matriz que resulta del producto de las matrices $X'X$.

2.6.2. Redes Neuronales Artificiales

Una red neuronal artificial (Artificial Neural Network o ANN en inglés) es un sistema de mapeo no lineal basado en los sistemas nerviosos humano y animal (Cruz, 2011). La ANN consiste en un grupo de procesadores simples, llamados neuronas artificiales, conectados a través de pesos. Las neuronas artificiales reciben entradas de otras neuronas, y su

salida se transmite a otras neuronas como un simple valor escalar. Un conjunto de neuronas que operan en la misma profundidad o nivel dentro de una red neuronal se denomina capa. La Figura 2.7 muestra una representación de una ANN, en la que destacan tres tipos de neuronas.

- a) Neuronas de entrada (x_n). Las neuronas de entrada proporcionan los valores iniciales a la ANN.
- b) Neuronas ocultas (h_p). Estas neuronas procesan la señal de las neuronas anteriores y comunican el resultado a las neuronas posteriores.
- c) Neuronas de salida (y_m). Devuelven las salidas de la ANN.

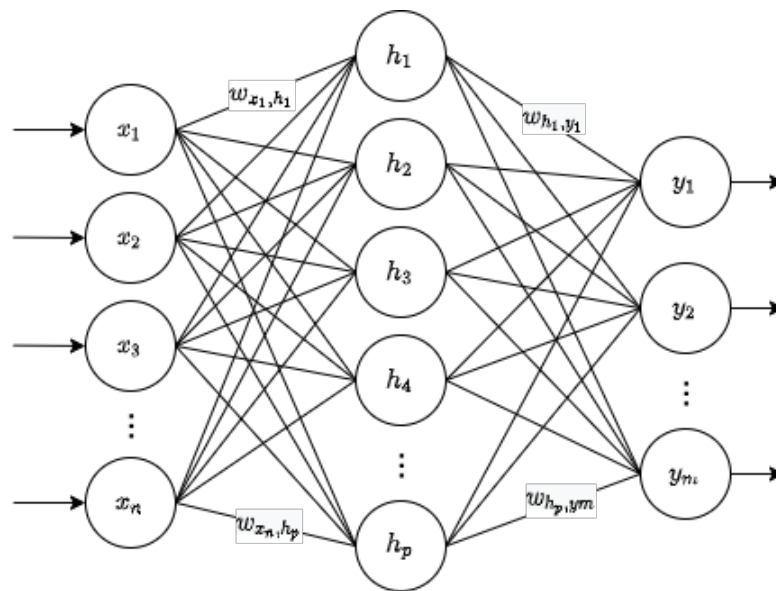


FIGURA 2.7. Representación de una ANN, donde x_1, x_2, \dots, x_n son las neuronas de entrada, h_1, h_2, \dots, h_p son las neuronas ocultas, y_1, y_2, \dots, y_m son las neuronas de salida, y los valores w son los pesos de cada conexión entre neuronas (Cruz, 2011).

La ANN contiene varios elementos que se enumeran a continuación.

1. Un conjunto de neuronas artificiales.
2. Un estado de activación para cada neurona.
3. Existen conexiones entre las neuronas asociadas a pesos que determinan el efecto de la señal de entrada.
4. Una regla de propagación para evaluar las señales de entrada para determinar el nuevo potencial postsináptico.
5. Una función de activación para actualizar el nivel de activación de una neurona.
6. Se utiliza una entrada externa como término de sesgo para cada neurona.

- Una regla de aprendizaje para actualizar los pesos sinápticos.

La mayoría de las ANN emplean la Ecuación 2.20 para predecir un nuevo valor (etiqueta de clase o datos continuos) a partir de las entradas y sus conexiones, donde $x_{k,a}$ son los valores de entrada para la neurona a , $w_{k,a}$ es el peso de cada conexión de las neuronas de entrada a la neurona a , n es el total de neuronas de entrada, y f_a es la función utilizada para determinar la salida. En la literatura, se utiliza un conjunto de funciones para determinar la nueva clase o valor dependiendo del conjunto de entrenamiento.

$$y_a = f_a \left(\sum_{k=1}^n w_{k,a} x_{k,a} \right) \quad (2.20)$$

2.6.3. Redes Neuronales Convolucionales

Una Red Neuronal Convolutiva (Convolutional Neural Network o CNN en inglés) es una red neuronal empleada para el reconocimiento de imágenes, clasificación y estimación (Kim, 2017). La estructura básica de la CNN consiste en capas de convolución, agrupación y conexión completa. La capa de convolución genera un conjunto de mapas de características a partir de las imágenes de entrada sin pesos de conexión ni suma ponderada (Kim, 2017). Como sustituto, la capa convolutiva implementa filtros (kernels) que son utilizados para el proceso de convolución sobre las imágenes generando los mapas de características mencionados anteriormente (Guo *et al.*, 2016). La Figura 2.8 muestra el proceso convolutivo.

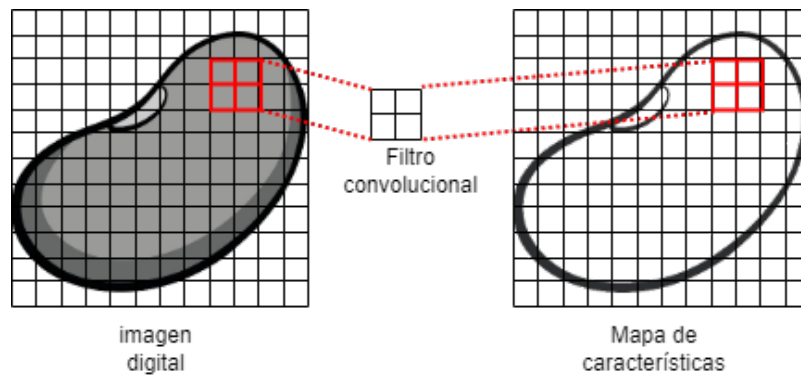


FIGURA 2.8. Ejemplo de aplicación del método convolutivo para obtener el mapa de características reducido de una imagen digital.

Las capas de reducción (Pooling layer en inglés) reducen las dimensiones de los mapas de características generados en las capas convolucionales (Guo *et al.*, 2016; Kim, 2017). Al igual que las capas convolucionales, las capas de reducción utilizan filtros para obtener un nuevo valor a partir de los vecinos de un píxel.

Para calcular el valor a partir de los filtros se utilizan habitualmente dos estrategias, la reducción media (Avg-pooling) y la reducción máxima (Max-pooling) (Guo *et al.*, 2016). La reducción media obtiene el valor promedio de todos los píxeles dentro del filtro, y la

capa de reducción máxima obtiene el valor máximo (Guo *et al.*, 2016). La Figura 2.9 ilustra la aplicación de un filtro de reducción.

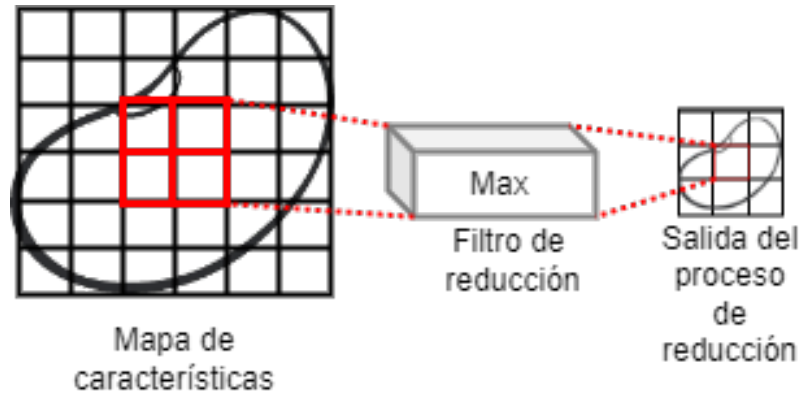


FIGURA 2.9. Ejemplo de aplicación del proceso de reducción utilizando la estrategia de valor máximo para reducir el mapa de características.

Por último, las capas totalmente conectadas (Fully connected en inglés) convierten los mapas de características resultantes de la capa de reducción en un vector que representa una ANN (Guo *et al.*, 2016; Kim, 2017).

Adicionalmente, las operaciones realizadas en las capas totalmente conectadas son las funciones de la ANN. Por lo tanto, es necesario calibrar todos los hiperparámetros de la ANN, que representan la mayoría de los hiperparámetros de la CNN. La Figura 8 muestra la implementación de las capas totalmente conectadas.

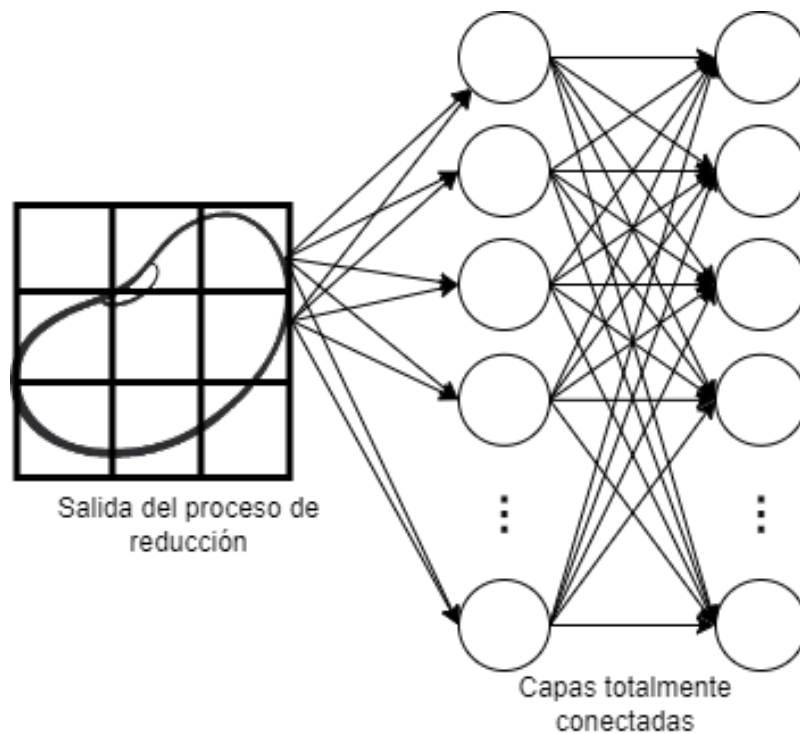


FIGURA 2.10. Ejemplo de implementación de las capas totalmente conectadas en una CNN.

El algoritmo de normalización por lotes (Batch normalization en inglés) es una técnica para transformar los valores de entrada de las redes artificiales en valores con media cero y desviación estándar constante (Bjorck *et al.*, 2018).

Por otro lado, la función de activación ReLU devuelve cero si el parámetro de entrada de la función es menor que cero, de lo contrario devuelve una función lineal con pendiente de uno (Agarap, 2018). Por lo tanto, el algoritmo de normalización por lotes y la función de activación, llamada ReLU, se emplearon en cada capa convolucional. Una CNN es una ANN con capas internas u ocultas. Sin embargo, a diferencia de las ANN, una CNN utiliza núcleos espaciales de convolución en lugar de multiplicar directamente las entradas (Berzal, 2018).

2.7. Neuroevolución

Los algoritmos evolutivos son una clase de métodos de búsqueda estocástica inspirados en los principios de la evolución darwiniana, está basado en la evolución de una población de individuos que son soluciones potenciales codificadas para un problema en particular. Cada solución potencial, representa un punto en el espacio de búsqueda, donde se encuentra la solución óptima. La población es evoluciona por medio de operadores genéticos a lo largo de un número de generaciones, para producir mejores soluciones para el problema. Cada individuo de la población se evalúa mediante una función de aptitud para determinar lo buena o mala que es la solución potencial en el problema en cuestión. El valor de aptitud asignado a cada individuo de la población determina de forma probabilística el éxito que

tendrá el individuo al propagar su código a las siguientes generaciones. Las soluciones con mejor rendimiento se les asignan valores más altos (para problemas de maximización) o valores más bajos (para problemas de minimización) (Galván & Mooney, 2021).

Los algoritmos evolutivos proporcionan una interesante alternativa que complementan a los algoritmos de aprendizaje comúnmente utilizados, como la retropropagación. Las ventajas de utilizar un algoritmo evolutivo en lugar de otro método de aprendizaje es que se pueden codificar genéticamente varias características de la red neuronal y evolucionar bajo la definición de un criterio de desempeño. La síntesis evolutiva de una red neuronal conduce a varias opciones de diseño. Además, de la elección de una función de aptitud adecuada y el establecimiento de los parámetros evolutivos adecuados (Floreano *et al.*, 2008).

La neuroevolución es una técnica de aprendizaje automático que emplea algoritmos evolutivos para evolucionar redes neuronales. En la neuroevolución se hace evolucionar una población de codificaciones genéticas de redes neuronales con el fin de encontrar una red que resuelva una tarea determinada. Cada individuo (un genotipo) de una población no se almacena como una red neuronal compleja, sino como un genoma que es una representación genética simplificada que puede decodificarse en una red neuronal (un fenotipo), el proceso de neuroevolución inicializa primero un conjunto de estos genomas y luego los aplica al entorno del problema, tras lo cual asigna a cada genoma una puntuación de aptitud basada en lo bien que la red neuronal resuelve el problema aplicado. Por ejemplo, esta puntuación de aptitud podría ser una función de la precisión o error de estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol.

Una vez evaluados todos los miembros de la población se utilizan operadores genéticos para crear la siguiente generación de la población. Las codificaciones con mayor aptitud mutan y se cruzan entre sí, y la descendencia resultante sustituye a los genotipos con menor aptitud de la población. El proceso constituye, por tanto, una búsqueda paralela inteligente hacia mejores genotipos que continúa hasta que se encuentra una red con una aptitud suficientemente alta (Lehman & Miikkulainen, 2013; Stanley *et al.*, 2019). La Figura 2.11 muestra gráficamente el proceso realizado en neuroevolución para la evolución de las redes neuronales.

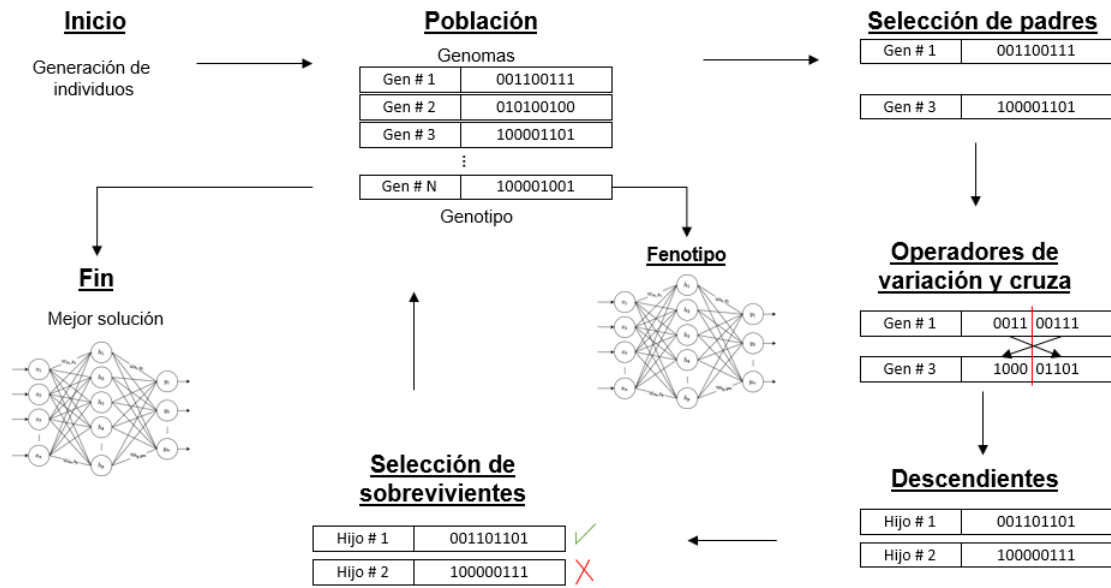


FIGURA 2.11. Proceso evolutivo aplicado en neuroevolución

Capítulo 3

Material y métodos

La metodología realizada para la estimación de antocianinas en poblaciones de frijol utilizando procesamiento digital de imágenes es ejemplificado mediante el diagrama de procesos mostrado en la Figura 3.1.

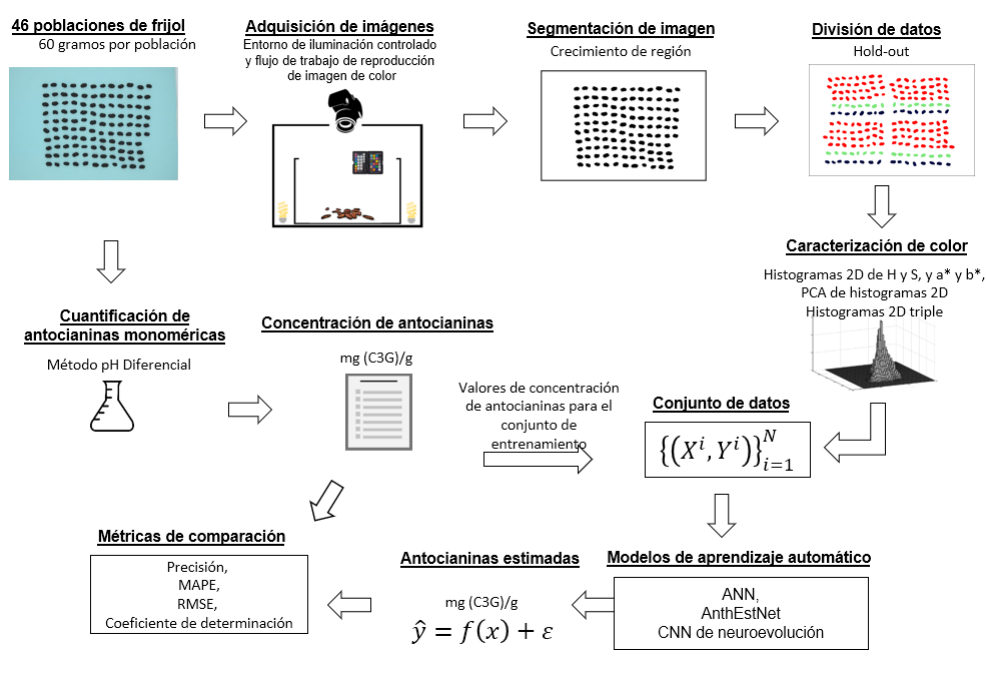


FIGURA 3.1. Diagrama de la metodología para la estimación de antocianinas.

Para estimar antocianinas en poblaciones nativas de frijol utilizando procesamiento de imágenes digitales se requirió una serie de pasos:

1. Fotografiado de las poblaciones, fue necesario tener condiciones ideales de iluminación y configuración de disparo para estandarizar las adquisiciones fotográficas.
2. Algoritmo de segmentación, para separar el fondo de las regiones de interés las cuales representa el color de las semillas de una población de frijol.
3. Caracterización, después de obtener las características colorimétricas estas fueron representadas como una distribución de probabilidad conjunta. Los histogramas fueron apropiados para la caracterización de color de las poblaciones nativas de frijol.

4. Técnicas de aprendizaje, en este estudio las técnicas utilizadas fueron regresión lineal múltiple, regresión no lineal múltiple, ANN y CNN, para obtener el modelo de regresión de mejor aproximación, además, fueron utilizadas dos técnicas de neuro-evolución para encontrar arquitecturas de ANN y CNN para este fin.

Para la comparativa de métodos, los resultados de estimación de antocianinas fueron comparados con los resultados de determinación de antocianinas reportados por el método químico de pH Diferencial.

3.1. Poblaciones nativas de frijol

En este trabajo se emplearon 46 poblaciones nativas de frijol (*Phaseolus Vulgaris L.*) diferentes. Estas variedades locales fueron recolectadas en varios municipios del estado de Oaxaca, México. Cada muestra contiene 60 gramos de semillas sanas y limpias. Además, 40 poblaciones de frijol son de color homogéneo conformado por los grupos de color: 18 poblaciones de frijol negro, nueve de frijol rojo, ocho de frijol amarillo, cuatro de frijol blanco, una de frijol café. Seis poblaciones de frijol de color heterogéneo (Anexo A). Debido al procedimiento invasivo y destructivo, el proceso de adquisición de imágenes de las semillas de frijol fue realizado antes de aplicar el método pH Diferencial para la determinación de antocianinas.

3.2. Cuantificación de antocianinas monoméricas

Las antocianinas se midieron en la testa o corteza de las semillas mediante el método descrito por Xu *et al.* (2007). Las semillas se pusieron en remojo en agua destilada durante 12 horas para remover la corteza, después, se trituraron tres gramos con 25 ml de mezcla de acetona/agua/ácido acético (70:29,5:0,5, v/v/v).

Dicha mezcla se homogeneizó durante 20 minutos (homogeneizador Wisetis, HG-15-A, 110 v; marca DAIHAN, Gang-won, Corea). Posteriormente, el material triturado se centrifugó a 4000 rpm durante 20 minutos (centrífuga Hettich, Universal 32R, Tuttlingen, Alemania), el sobrenadante fue removido, el mismo proceso fue repetido con los residuos bajo las mismas condiciones. Finalmente, el sobrenadante de cada fracción fue agrupado para evaluar el contenido de antocianina monomérica. El contenido de antocianinas fue determinado por el método de pH Diferencial.

Se realizaron dos diluciones del extracto, una con amortiguador de cloruro de potasio a pH 1.0 y la otra con amortiguador de acetato de sodio a pH 4.5. Posteriormente, se obtuvo el espectro de absorción en un intervalo de 460-710 nm (Spectrophotometer UV-1800, Shimadzu, Kyoto, Japan) para determinar la máxima absorbancia. La concentración de antocianinas monoméricas fue calculada de acuerdo a la ecuación descrita por Giusti y Wrolstad (2001). Los resultados se expresaron como mg de cianidina-3-glucósido por gramo de muestra seca ($mg\ C3G\ g^{-1}\ bs$).

Los resultados de la cuantificación de antocianinas monoméricas se muestran en la Tabla B.1 ubicada en el apéndice B. La Figura 3.2 muestra, en orden ascendente, los valores

de la cuantificación de antocianinas correspondiente a 46 poblaciones de frijol de color homogéneo y heterogéneo. De izquierda a derecha, de menor a mayor concentración de antocianinas, se destaca la relación entre la coloración de las poblaciones de frijol y la concentración de antocianinas. Los valores de concentración de antocianinas igual a cero se registro en las poblaciones con semillas de color amarillo, blanco y café, por el contrario, las poblaciones de color negro muestran los mayores valores de concentración de antocianinas.

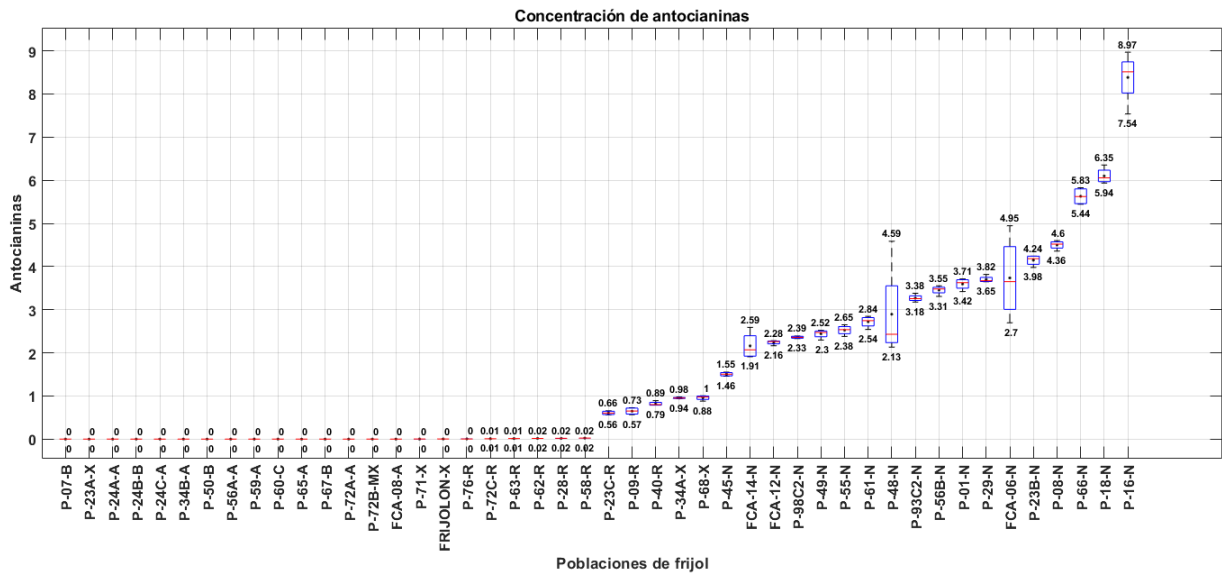


FIGURA 3.2. Poblaciones de frijol ordenadas por el promedio de concentración de antocianinas.

3.3. Prototipo de iluminación

La necesidad de estimar antocianinas mediante un sistema de visión por computadora requiere de imágenes claras y nítidas con iluminación controlada. Las fuentes de iluminación propias para fotografía y las condiciones de luz adecuadas favorecen la calidad de las fotografías, ya que, permiten obtener el color propio de los objetos. Para disponer de iluminación fue construido un entorno de iluminación controlado para garantizar un procedimiento estandarizado. A continuación, se describen los detalles del prototipo utilizado.

3.3.1. Caja fotográfica con iluminación controlada

La caja fotográfica fue construida considerando que también puede ser empleada para futuros trabajos. Las dimensiones de diseño fueron con base en la cantidad de semillas representativas de una población de frijol, el área fotográfica fue definida con dimensiones de 38x38cm, suficiente espacio para colocar las semillas de una muestra de 60 gramos, además, resultó ser un área suficiente para utilizarse en la iluminación de otro tipo de muestra biológica. La caja tiene dimensiones de 68 cm x 68 cm x 60 cm de altura.

En el interior del prototipo fueron colocados ocho focos alrededor del área de fotografiado para iluminación uniforme, el tipo de foco empleado es de la marca ®LimoStudio Full Spectrum que son los adecuados para fotografía (Figura 3.3). Es una bombilla con conector convencional e iluminante de 45 W con temperatura 6500K.



FIGURA 3.3. Foco LimoStudio®utilizado para iluminación en el interior de la caja fotográfica.

La conexión eléctrica interna de la caja fotográfica es conexión en paralelo, que permite el mismo voltaje en todos los focos, además, el tipo de conexión evita variaciones que afecten la calidad de iluminación (Figura 3.4a).

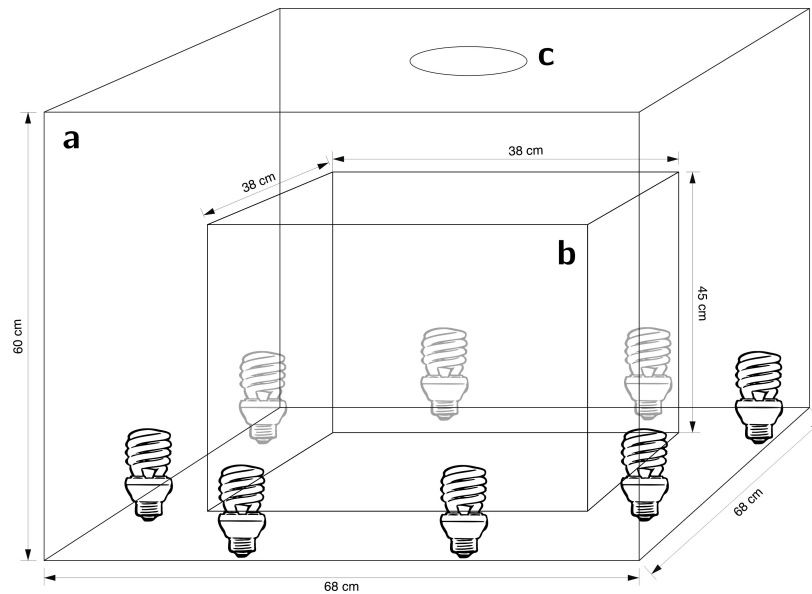


FIGURA 3.4. Prototipo de adquisición de imágenes. a) Caja externa de aluminio en la que se conectan las fuentes de luz fluorescente equilibrada con luz diurna, b) Caja de difusión utilizada para disminuir los reflejos especulares y las sombras en las muestras, c) Orificio para el objetivo de la cámara.

En el interior fue colocado un difusor que cubre el área de fotografiado (Figura 3.4b). Su función consiste en difuminar la luz y reducir sombras entre objetos cercanos. El material

utilizado como difusor es tela blanca gabardina, el tipo de tejido y el grosor que presenta la tela evita que la luz pase por orificios del mismo tejido. Fueron colocadas dos capas de tela para difuminar completamente la luz en el área de adquisición (Figura 3.5).



FIGURA 3.5. Difusor.

Hay un soporte de sujeción para la cámara fotográfica y fue hecho un orificio en la parte alta de la caja fotográfica para la introducción de la lente de la cámara (Figura 3.4c). En el Apéndice E es mostrada la fotografía de la caja física que fue utilizada para esta investigación.

3.4. Flujo de trabajo de reproducción de imágenes en color

Un flujo de trabajo adecuado para la reproducción de imágenes en color es crucial para reproducir los resultados en los sistemas de visión por computadora. De acuerdo con los pasos sugeridos por Korytkowski y Olejnik-Krugly (2017), desarrollamos el siguiente proceso: Captura de imágenes, procesamiento de imágenes RAW, Creación del perfil ICC personalizado y asignación del perfil ICC para conversión de espacio de color(Figura 3.6).

En este trabajo, el flujo de trabajo para la reproducción de imágenes en color tiene como objetivo obtener una representación digital lo más cercana posible al color de las semillas de las poblaciones de frijol.

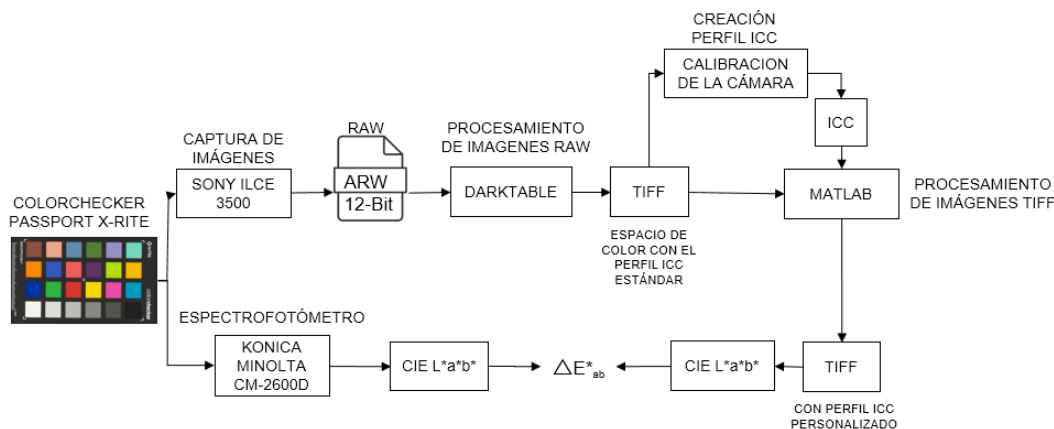


FIGURA 3.6. Diagrama de flujo de trabajo de reproducción de imágenes en color.

Captura de imágenes En este trabajo fue utilizada y configurada la cámara digital SONY modelo ILCE 3500 de 20 MP con una configuración de disparo fotográfico mostrada en la Tabla 3.1.

TABLA 3.1. Parámetros y valores de configuración de la cámara fotográfica.

Configuración de disparo	
Parámetro	Valor
Shutter speed	1/60
Focal length	50 mm
ISO	100
Aperture	f/8.0

Dependerá del modelo de cámara, en el modelo SONY ILCE las correcciones de brillo y contraste fueron desactivadas. La única opción que permite cambios en la configuración de la cámara es la opción M (Modo Manual), por lo tanto, la perilla fue girada a la opción M. Esta configuración fue útil para la normalización de imágenes. Además, de la configuración anterior, en la cámara el balance de blancos se configuró de forma personalizada para evitar desviaciones cromáticas; el balance de blancos del ColorChecker fue referencia poniéndola de objetivo delante de la cámara digital en el interior del prototipo. La carta de balance de blancos es mostrada en le Figura 3.7. Para la distancia de adquisición fue utilizado un zoom óptico de 50 mm con 45 cm de separación al objeto. La adquisición fotográfica debe ser guardada como un archivo ARW, el cual es un archivo digital negativo y la extensión varía de cámara a cámara. Las imágenes se adquirieron como imágenes RAW sin comprimir (ARW 2.3 de 12 bits).



FIGURA 3.7. Carta de balance de blancos.

En este paso, la carta X-Rite ColorChecker Passport de 24 parches fue utilizada como objeto de referencia de color como lo muestra la Figura 3.8.



FIGURA 3.8. Imagen fotográfica de referencia de la Carta Clásica.

La imagen fue adquirida dentro de la caja fotográfica para considerar las condiciones de iluminación que aportan los ocho focos en el interior.

Procesamiento de imágenes RAW Las imágenes RAW fueron procesadas con el software Darktable 3.2.1. En el proceso de revelado fue asignado sRGB como espacio de color que es necesario para la creación del perfil ICC. Las imágenes se guardaron en formato TIFF, que es adecuado para guardar imágenes sin compresión.

®Darktable es un software de código abierto utilizado por fotógrafos para revelar archivos digitales negativos del tipo RAW. La Figura 3.9 muestra las opciones del software darktable.

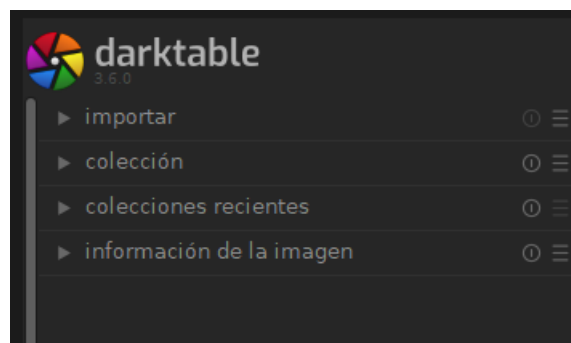


FIGURA 3.9. Opciones de importación.

Los pasos realizados para revelar el archivo digital RAW fueron los siguientes:

1. Fue elegida la opción `Importar>Añadir a la fototeca`.
2. La opción Lugares fue seleccionada y presionado el botón `+`, fue indicada la ubicación del archivo (*.arw)
3. En la opción `Exportar>Guardar en` fue especificada la ruta en la que fue guardado el archivo de imagen (Figura 3.10).
4. La opción `Exportar>Opciones de formato` fueron indicadas las opciones mostradas en la Tabla 3.2.

TABLA 3.2. Opciones de formato.

Opción	Valor
Formato de archivo	TIFF (8/16/32 bits)
Profundidad de bit	16 bits
Compresión	Sin comprimir

5. En la opción `Exportar>Opciones generales` fue indicado el perfil de color sRGB, por consiguiente, fueron definidos los parámetros de revelado como lo muestra la Figura 3.10, por último fue presionado el botón `Exportar`.

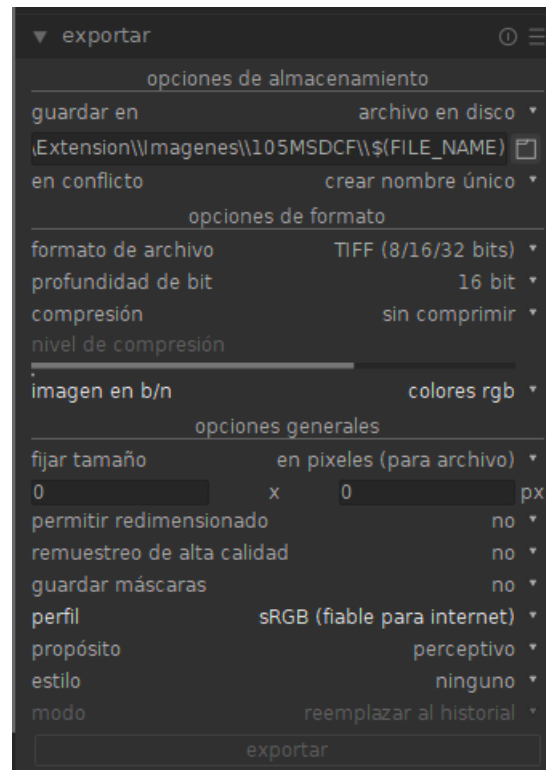


FIGURA 3.10. Opciones de revelado digital de *.arw a *.tif.

El resultado final del revelado fue una imagen con extensión *.tif.

Creación del perfil ICC Se empleó el software ColorChecker Camera Calibration v2.0 - X-Rite® para crear el perfil ICC personalizado, que incluye una etiqueta colorimétrica relativa llamada AToB1 para la transformación de RGB a PCS (Profile Connection Space), además, proporciona información para convertir las imágenes de un espacio de color a otro.

1. El software ColorChecker Camera Calibration (Figura 3.11), dispone de opciones para cargar imágenes con extensión DNG (Imagen negativa digital) y opción para leer imágenes de formato TIFF.

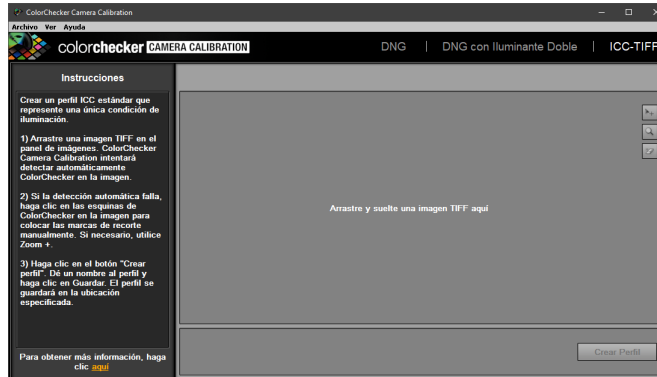


FIGURA 3.11. Software ColorChecker Camera Calibration.

2. Fue seleccionada la opción ICC-TIFF
3. En el software fue cargada la imagen con formato TIFF procesada con darktable correspondiente a la fotografía de la Carta clásica del Colorchecker. La aplicación automáticamente identificó la tarjeta clásica de color y ubicó cada parche de color (Figura 3.12).

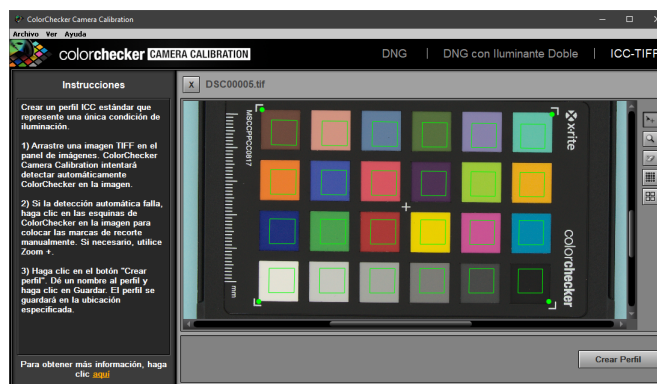


FIGURA 3.12. Detección de cada parche de color.

4. El perfil fue creado con la opción Crear Perfil, por último, fue asignada la ubicación destino del perfil con extensión ICC personalizado (Figura 3.13).

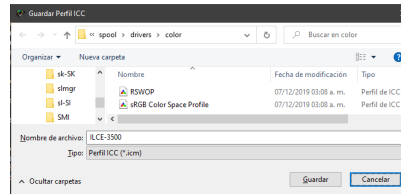


FIGURA 3.13. Ruta destino del perfil personalizado ICC.

Asignación del perfil ICC personalizado El perfil que se incluye fue creado para trabajar con la cámara digital SONY. En caso de usar otro cámara deberá sustituir el perfil. El software de Matlab fue usado para sustituir el perfil ICC estándar de la imagen TIFF por el perfil ICC personalizado. Los valores sRGB de la imagen se convirtieron a CIE 1976 $L^*a^*b^*$ utilizando el perfil ICC personalizado asignado, por lo tanto, El perfil personalizado es necesario para la conversión del espacio de color sRGB a CIE $L^*a^*b^*$.

El código siguiente muestra la implementación realizada con Matlab para la transformación del espacio de color usando el perfil personalizado.

```

1   perfil = iccread('DSC00005.icc'); %Carga del perfil
2   perfil.Header.ColorSpace
3   perfil.Header.ConnectionSpace
4
5   % Cargar imagen sin perfil personalizado (Contiene el ...
6   % perfil estándar)
7   I_rgb = imread('DSC00005_16.tif','tiff');
8   C = makecform('clut', perfil, 'AToB0');
9
10  % Transformar imagen con espacio de color RGB a CIE L*a*b*
11  I_Lab = applycform(I_rgb, C);
12
13  aDouble = double(I_Lab); % De 16 bits a 8 bits de ...
14  % profundidad de color
15  Lab(:,:,1) = aDouble(:,:,1)*100/65280; % L
16  Lab(:,:,2) = aDouble(:,:,2)/256 - 128; % a
17  Lab(:,:,3) = aDouble(:,:,3)/256 - 128 ; % b
18
19  % La variable lab es la imagen en el espacio de color ...
20  % CIE L*a*b*.
21  % .... Procesamiento digital de imagen

```













Posterior a la conversión de espacio de color, fue realizado el procesamiento digital de la imagen para obtener las regiones de cada parche de color como lo muestra la imagen 3.14, Los valores de L^* , a^* y b^* fueron promediados para realizar el cálculo de ΔE .



FIGURA 3.14. Regiones de interés de cada parche del colorchecker.





La Tabla 3.3 muestra el valor promedio de cada parche de color obtenido de la imagen digital.

TABLA 3.3. Parámetros de color obtenidos del Colorchecker realizando procesamiento digital a la imagen.

Núm.	Nombre	Parche	L*	a*	b*
1	Dark skin		37.6147	9.5215	7.2443
2	Light skin		63.7659	20.0994	12.6284
3	Blue sky		49.8420	-2.0217	-19.1940
4	Foliage		44.2412	-9.4308	15.5172
5	Blue Flower		54.4726	8.1319	-20.7377
6	Bluish green		68.9429	-27.1406	1.5539
7	Orange		61.2443	35.7389	41.9297
8	Purplish blue		40.9272	10.7060	-37.9338
9	Moderate red		51.0484	43.1914	11.5311
10	Purple		30.8949	14.0344	-13.7209
11	Yellow green		72.8398	-21.8413	48.4858
12	Orange yellow		71.7084	18.6652	57.9718
13	Blue		29.8939	12.0256	-35.0898
14	Green		56.2727	-27.2944	23.7041
15	Red		39.6281	35.3287	14.8375
16	Yellow		82.1620	2.5439	75.6893
17	Magenta		51.2202	42.6489	-13.5090
18	Cyan		49.4105	-21.6769	-26.3188
19	White		89.7496	-0.5203	4.4474
20	Neutral 8		79.2908	-0.7064	1.5961



















Continúa en la página siguiente

Tabla 3.3 – Continuación de la página anterior

Núm.	Nombre	Parche	L*	a*	b*
21	Neutral 6.5		65.4713	-0.5473	-0.0406
22	Neutral 5		50.2791	0.3315	-1.1763
23	Neutral 3.5		35.4630	0.3721	-1.0241
24	Black		22.8868	0.9307	-0.4774







Medición de color con espectrofotómetro Los 24 parches de color del ColorChecker Passport se midieron con el espectrofotómetro Minolta CM-2600d (Konica Minolta Sensing Inc., Japón) con un iluminante D50 y un ángulo de observación de 10°. Se registraron los parámetros CIE 1976 L*, a* y b*. Usando el espectrofotómetro fueron realizadas 6 mediciones de color de cada patch de color del Colorchecker. La siguiente Tabla 3.4 muestra cada parche de color y su correspondiente promedio de las seis mediciones realizadas con el espectrofotómetro. El espectrofotómetro se utilizó como prueba de validación para verificar la precisión de las conversiones al espacio de color CIE L*a*b*.

TABLA 3.4. Parámetros de color obtenidos del Colorchecker con el espectrofotómetro KM2500D.

Núm.	Nombre	Patch	L*	a*	b*
1	Dark skin		38.3850	12.7117	12.5083
2	Light skin		63.2317	12.9317	16.9500
3	Blue sky		51.4700	-4.5017	-19.3967
4	Foliage		42.5350	-10.2500	20.7200
5	Blue Flower		55.2300	6.0167	-22.0450
6	Bluish green		70.5850	-29.3017	3.0150
7	Orange		59.6283	33.7533	53.0783
8	Purplish blue		43.5367	7.6433	-40.6183
9	Moderate red		49.7767	42.2317	12.8783
10	Purple		31.8150	18.2967	-20.7567
11	Yellow green		70.4533	-19.4583	57.0600
12	Orange yellow		68.2533	19.5700	62.7283
13	Blue		33.4617	10.6567	-43.1683
14	Green		54.3517	-32.7983	32.5417
15	Red		40.3800	42.7550	23.9650
16	Yellow		78.8717	5.3167	78.6733
17	Magenta		51.7300	41.5717	-16.5250
18	Cyan		54.0033	-29.0967	-21.5550

Continúa en la página siguiente

Tabla 3.4 – Continuación de la página anterior















Núm.	Nombre	Patch	L*	a*	b*
19	White		94.1200	-0.6833	2.6667
20	Neutral 8		80.8817	-0.6183	0.2483
21	Neutral 6.5		67.0050	-0.8183	-0.0300
22	Neutral 5		50.7367	-0.1900	-0.2067
23	Neutral 3.5		36.3017	-0.5267	-0.9333
24	Black		21.4800	0.0150	-0.5333

Precisión del color ΔE^*_{ab} La precisión del color se calculó utilizando un delta E medio y máximo. La fórmula utilizada para determinar el valor delta E es CIE 1976 L*a*b*. La precisión del color es mostrada en ΔE^* (Ecuación 3.1).

$$\square E^* = \sqrt{(L_s - L_{ref})^2 + (a_s - a_{ref})^2 + (b_s - b_{ref})^2} \quad (3.1)$$











Donde, s representa los valores de los parámetros L*, a* y b* de cada parche de color de la imagen del ColorChecker y ref para la referencia del valor obtenido de los parámetros de color L*, a* y b* obtenidos con el espectrofotómetro de cada parche del ColorChecker. Las diferencias de color ΔE_{ab} se calcularon entre las mediciones espectrales y el color de un píxel en la imagen de ColorChecker después de aplicar perfil de calibración de la cámara, el resultado lo muestra la Tabla 3.5.

TABLA 3.5. Valores Delta de cada parche de color del ColorChecker medido con espectrofotómetro e imagen digital.

Núm.	Nombre	Parche	Delta
1	Dark skin		6.2044
2	Light skin		8.3883
3	Blue sky		2.9723
4	Foliage		5.5348
5	Blue Flower		2.5992
6	Bluish green		3.0864
7	Orange		11.4408
8	Purplish blue		4.8418
9	Moderate red		2.0863
10	Purple		8.2825
11	Yellow green		9.2140
12	Orange yellow		5.9514
13	Blue		8.9371
14	Green		10.5868

Continua en la página siguiente

Tabla 3.5 – Continuación de la página anterior

Núm.	Nombre	Parche	Delta
15	Red		11.7979
16	Yellow		5.2372
17	Magenta		3.2481
18	Cyan		9.9404
19	White		4.7207
20	Neutral 8		2.0845
21	Neutral 6.5		1.5627
22	Neutral 5		1.1909
23	Neutral 3.5		1.2342
24	Black		1.6767
Delta Promedio			5.5341
Delta Máximo			11.7979

Finalmente, los valores medio y máximo de las diferencias de color de los 24 parches de la imagen ColorChecker Passport nos permiten alcanzar una precisión de color CIE L*a*b* (ΔE_{ab}) de 1976 de media=5.5, máxima=11.8.

Todo el anterior procedimiento fue realizado con la finalidad de estandarizar el procedimiento de adquisición, reproducción, calibración de color y conversión del espacio de color sRGB a CIE L*a*b* para la estimación de antocianinas.

3.4.1. Proceso de adquisición de imágenes

La caja fotográfica fue diseñada para facilitar la colocación de cada población de frijol, para tal fin, fue incluida una plataforma deslizante útil para colocar la muestras (Figura 3.15).



FIGURA 3.15. Área de adquisición.

No se tiene evidencia de la existencia de frijol de color azul cielo, por tal razón, fue utilizado papel azul cielo para contrastar el color de las semillas. Esto facilitará al algoritmo de segmentación identificar las regiones de interés y extraer las características de color del conjunto de semillas de cada muestra de frijol.

El color como elemento principal de estudio en este trabajo debe ser adquirido de manera fiel, primeramente, el proceso de adquisición de imagen consistió en colocar la muestra de 60 gramos de cada población de frijol. Por consiguiente, las semillas de cada muestra fueron colocadas y separadas dentro del área de fotografiado (Figura 3.16). Las semillas agrupadas y superpuestas conllevan a información de color incompleta, además, podría generar ruido durante en el análisis.

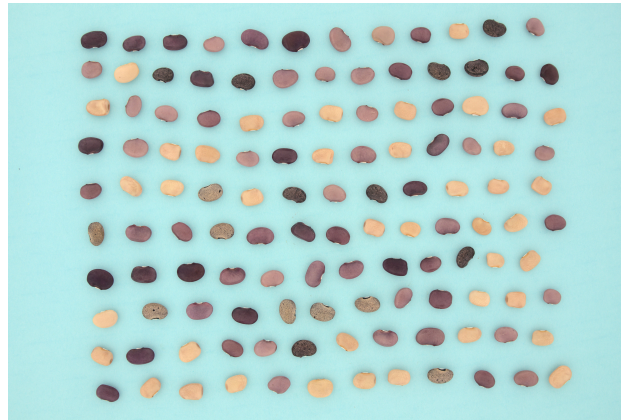


FIGURA 3.16. Colocación de los semillas en el área de adquisición.

3.5. Proceso de segmentación

La segmentación es un paso clave en el procesamiento de imágenes digitales, el cual consiste en dividir la imagen en diferentes regiones y ubicar la región o regiones de interés (Tang, 2010). Finalizada la adquisición de imágenes y aplicado el Flujo de trabajo de reproducción de imágenes en color descrito anteriormente. El siguiente paso fue, extraer las regiones de interés en cada imagen digital. Para tal fin, fue empleado el algoritmo de segmentación crecimiento de regiones. El método agrupa los píxeles vecinos en función de una medida de similitud predefinida (Gonzalez & Woods, 2002; Tang, 2010).

El criterio de similitud fue el color de fondo, debido a su coloración homogénea, además, los tres canales de color del fondo se utilizaron como semilla para la inicialización del algoritmo, y como métrica de similitud entre un píxel y su vecino se empleó la precisión del color, CIE $L^*a^*b^*$ (ΔE_{Lab}^*).

La Ecuación 3.2 calcula la precisión de color CIE $L^*a^*b^*$ por la distancia entre los canales de color (L, a, b) de la muestra (s) y los canales de color (L, a, b) del píxel de referencia (r).

$$\square E_{Lab}^* = \sqrt{(L_s - L_r)^2 + (a_s - a_r)^2 + (b_s - b_r)^2} \quad (3.2)$$

La Figura 3.17 muestra el resultado de aplicar segmentación por crecimiento de región, donde las manchas negras son las regiones de interés. La plantilla resultante o imagen binaria servirá para obtener los colores de las semillas.

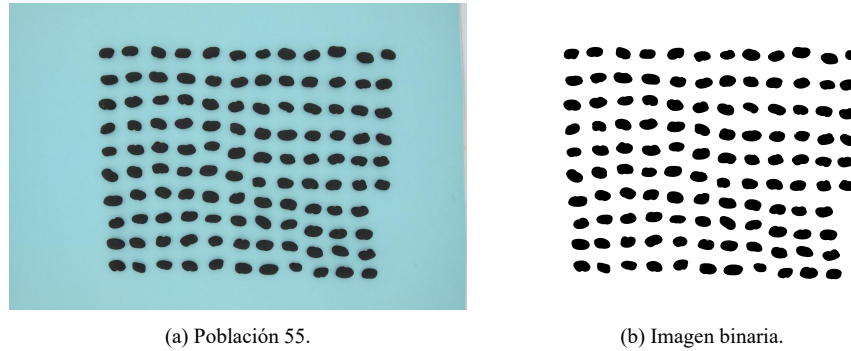


FIGURA 3.17. Ejemplo de segmentación, la imagen binaria resulta de la segmentación y es utilizada para ubicar las regiones de interés. En la imagen binaria el valor 0 es para las regiones de interés y 1 para el fondo.

3.6. Caracterización del color

Varios autores utilizan espacios de color para estimar la cuantificación de antocianinas (Chen *et al.*, 2015; Chen *et al.*, 2020; del Valle *et al.*, 2018; Prilianti *et al.*, 2018; Prilianti *et al.*, 2020; Taghadomi-Saberi *et al.*, 2014; Yoshioka *et al.*, 2013; Zhang *et al.*, 2020), como los espacios de RGB, HSI, HSV, HSL y CIE L*a*b*. Sin embargo, se desea explorar los canales de cromaticidad. Por esta razón, el espacio de color RGB no es apropiado para separar los canales de cromaticidad de la luminosidad. Alternativamente, otros espacios de color son apropiados para desacoplar la intensidad de la cromaticidad. Por ejemplo, el espacio de color CIE L*a*b* se utiliza en los equipos de laboratorio para la medición del color debido a su proximidad con la percepción visual humana.

El espacio de color HSI (Hue, Saturation, Intensity) también es un espacio de color apropiado para separar la intensidad luminosa, es calculado a partir del espacio de color RGB. Estas formas de caracterización del color (HSI, CIE L*a*b*) fueron considerados para evaluar cuál es la adecuada para desarrollar un método de estimación de antocianinas no invasivo. El espacio de color sRGB, fue empleado en el flujo de trabajo de reproducción de imágenes en color descrito anteriormente para transformarlo en el espacio de color CIE L*a*b*.

3.6.1. Caracterización promedio del color

La caracterización del color más sencilla es el método de promedios. Esta técnica extrae el promedio de los canales L*, a* y b* para el caso del espacio de color CIE L*a*b*, que corresponde al color de las semillas de una población de frijol segmentadas en la imagen. El

valor medio de cada canal $(\bar{L}, \bar{a}, \bar{b})$ se obtiene mediante la Ecuación 3.3, donde i representa un píxel de las regiones de interés. Del mismo modo, este procedimiento se aplica para el espacio de color HSI.

$$\bar{L} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n L_i, \quad \bar{a} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n a_i, \quad \bar{b} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n b_i \quad (3.3)$$

3.6.2. Función de Probabilidad de Masa

Otra caracterización robusta del color es el uso de la función de probabilidad de Masa que permite representar la distribución de color de las semillas. En las imágenes digitales el color es formado de la conjunción de tres canales de color que conforman la coloración final. Por lo tanto, la frecuencia de aparición de un valor en una imagen se cuenta como la probabilidad conjunta de cada valor de dicho píxel en cada canal de la imagen.

La probabilidad conjunta de la función de la probabilidad de la masa $(f_{X,Y})$ de un par de variables aleatorias discretas (X, Y) , se calcula en la Ecuación 3.4 (Pishro-Nik, 2016). Así, $f_{X,Y}$ puede interpretarse como la probabilidad simultánea de los valores x e y .

$$f_{X,Y} = P(X = x, Y = y) \quad (3.4)$$

La probabilidad conjunta de los canales de cromaticidad $f_{i,j}$ viene dada por la ecuación 3.5, donde f_{ij} es la frecuencia de aparición de los valores de los píxeles, y n es el número de frecuencias de aparición (f_{ij}) (Gong *et al.*, 1998).

$$f_{i,j} = \frac{f_{ij}}{n} \quad (3.5)$$

El valor de $i, j = 1 \dots L$, dado que son probabilidades sujeto a $\sum_{i=1}^L \sum_{j=1}^L f_{ij} = 1$.

Bajo esta representación, es posible formar un histograma 2D utilizando un par de canales en cada espacio de color HSI y CIE L*a*b*.

El número de intervalos del histograma se calcula discretizando los canales de cromaticidad (H, S, I para el espacio HSI y L*, a*, b* para CIE L*a*b*) en 256 valores (2^8), debido al dominio de los canales a* y b* ubicados dentro de $[-128, 127]$. Por consiguiente, los histogramas 2D se expresan en el intervalo $[0, 255]$ sumando el valor absoluto del límite inferior del dominio del canal a* a cada valor del histograma. En este trabajo, la caracterización de las propiedades colorimétricas de cada población de frijol fueron representadas por medio de histogramas construidos a partir de las probabilidades conjuntas, además, es ideal para representar la distribución total del color de un conjunto de semillas. Los histogramas 2D se representan como una matriz de dimensión 256×256 (Figura 3.18).

El código implementado para Matlab de la creación de los histogramas 2D puede consultarse en la liga github <https://github.com/JLMR-Code-Creator/>.

3.6.3. Análisis de Componentes Principales

Análisis de Componentes Principales (PCA en inglés) es un método estadístico ampliamente utilizado para la reducción de la dimensionalidad de los datos. PCA extrae las

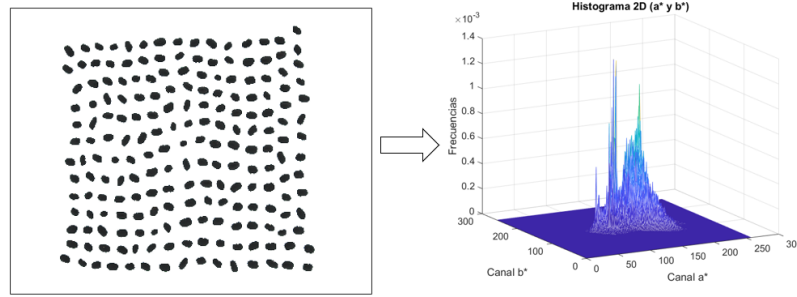


FIGURA 3.18. La distribución de color de un conjunto de semillas representativas de una población de frijol, su representación usando una función de probabilidad de masa.

principales características de los datos mediante una transformación lineal de las variables originales en variables ortogonales y no correlacionadas llamadas componentes principales (Zhang *et al.*, 2020).

Esta técnica se empleó para obtener los componentes principales de los histogramas 2D expresados como vectores de 65,536 (256×256) posiciones. La técnica PCA se empleó para calcular los primeros 30 componentes que capturaban el 98 % de la varianza. Posteriormente, esos componentes fueron utilizados para proyectar cada histograma sobre esas bases para tener una representación comprimida de 30 coeficientes.

3.7. Técnicas de aprendizaje para estimación de antocianinas

3.7.1. Técnicas de regresión múltiple

Como se menciona en la sección 2.6.1, a partir del modelo general de regresiones múltiples para ajustar la forma de relación entre la respuesta y las variables predictoras (Hanushek & Jackson, 2013), se han propuesto varias transformaciones, por ejemplo, la regresión cuadrática (Ecuación 3.6) y la regresión con interacción de términos (Ecuación 3.7).

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_1^2 + \varepsilon_i \quad (3.6)$$

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \beta_3 X_1 X_2 + \varepsilon_i \quad (3.7)$$

Los modelos de regresión funcionan mejor con un número reducido de predictores. Si el número de predictores aumenta, la fiabilidad de los modelos de regresión disminuye. Uno de los más frecuentes es la multicolinealidad, que se refiere a predictores correlacionados. No es apropiado para otra representación compleja del color como los histogramas.

Cada uno de los conjuntos de datos representados por la caracterización de color conformada por cada componente principal se evaluó con diferentes modelos de regresión

(lineal, de interacción de términos, cuadrático y cuadrático puro). Se utilizaron las mismas técnicas para los datos de la caracterización promedios de color.

3.7.2. Redes Neuronales Artificiales

El modelo de regresión en una ANN reside en una capa de neuronas que actúan como detectores de características de los datos. Como resultado, la red puede aprender complejas relaciones funcionales no lineales entre las variables dependientes e independientes. Esta técnica es apropiada para utilizar la caracterización de color promedio y PCA expresados como vectores.

Es este trabajo fueron evaluadas diferentes arquitecturas de redes neuronales para cada componente principal, cambiando el número de neuronas en la capa oculta de 3 a 40 neuronas. En el caso de la caracterización con promedios de color, fue aplicado el mismo criterio para la construcción de arquitecturas de ANN.

3.7.3. Redes Neuronales Convolucionales

La principal ventaja de la CNN consiste en recibir un conjunto de matrices o vectores como entrada, un histograma 2D es una matriz, por lo tanto, es una técnica de aprendizaje adecuada para recibir histogramas 2D como entrada.

Es importante destacar que en la literatura no se ha mencionado el uso de este aporte como entrada para una CNN, por lo tanto, fue diseñada y aplicada una estructura de CNN que recibiera de entrada histogramas 2D para entrenarse y estimar antocianinas en poblaciones nativas de frijol de color homogéneo.

A partir de experimentos fue construida una arquitectura CNN, como resultado, la CNN propuesta en este trabajo fue denominada AnthEstNet (Anthocyanins Estimation Net), contiene seis capas convolucionales y capas de reducción máximo. La Figura 3.19 muestra la estructura básica de la CNN AnthEstNet.

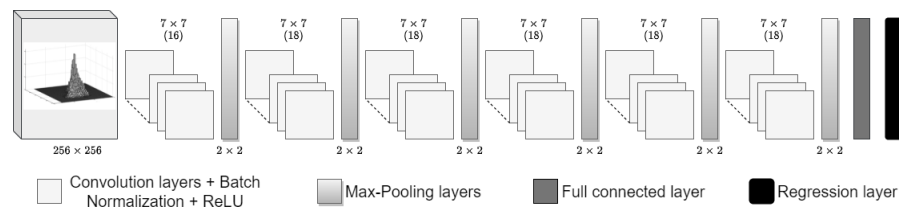


FIGURA 3.19. Arquitectura AnthEstNet para la estimación de antocianinas.

AnthEstNet recibe una matriz de entrada de 256x256 correspondiente a las dimensiones de los histogramas 2D. La primera capa convolucional de AnthEstNet contiene 16 filtros de 7x7, y el resto contiene 18 filtros de las mismas dimensiones. Además, todas las capas convolucionales contienen una zancada (stride en inglés) de [1,1] y un acolchado (padding en inglés) de [2 2 2 2].

Realizan la normalización por lotes y la función de activación ReLU. Asimismo, las capas de agrupación utilizan la estrategia de reducción max con dimensiones de 2x2 y

una zancada de [2,2] que son las posiciones en las que se moverá el núcleo. AnthEstNet contiene una capa totalmente conectada y una capa de regresión para estimar las antocianinas. El código de la implementación de AnthEstNet puede consultarse en la liga <https://github.com/JLMR-Code-Creator/AnthEstNet>

3.7.4. Técnicas de neuroevolución

Definir una estructura de CNN implica una serie de interrogantes, como el número de capas convolucionales, en ese sentido el número de filtros y su tamaño, entre otros parámetros necesarios para la creación de una estructura de CNN óptima para un problema en particular. Adicionalmente, las técnicas de neuroevolución son enfoques adecuados para generar estructuras de redes neuronales (ANN o CNN) de manera automática. El uso de estas técnicas implica una previa asignación de valores a los hiperparámetros y datos de entrada, por consiguiente, el enfoque generará una solución óptima. En este trabajo fueron consideradas las técnicas de NEAT y Deep GA por ser herramientas para la exploración de redes neuronales, para tal fin, los datos de entrada serán las representaciones de color permitidas en cada técnica, la red neuronal resultante será evaluada para conocer el desempeño en la estimación de antocianinas en poblaciones de frijol de coloraciones homogéneas y heterogéneas.

3.7.5. Algoritmo NEAT

NEAT son las siglas de NeuroEvolution of Augmenting Topologies (Neuroevolución de topologías aumentadas). Es un método de evolución de ANN utilizando un algoritmo genético, fue desarrollado por Kenneth O. Stanley y Risto Miikkulainen ambos de la Universidad de Texas. El algoritmo NEAT aplica la idea de empezar la evolución con redes pequeñas y sencillas para dejar que se vuelvan cada vez más complejas a lo largo de las generaciones, por lo tanto, este proceso de evolución continua permite encontrar redes neuronales muy sofisticadas y complejas (Stanley & Miikkulainen, 2002).

El esquema de codificación genética de NEAT para representar el genoma de cada individuo, es por medio de una representación lineal (Figura 3.20), incluye los genes de nodos que proporcionan una lista de entradas, nodos ocultos y nodos de salidas que pueden conectarse. Asimismo, incluye una lista de genes de conexión, en cada gen de conexión refiere al gen nodo de entrada y gen nodo de salida, el peso de la conexión, la conexión activa se expresa mediante un bit de habilitación, y finalmente, un número de innovación que es utilizado para que los individuos sean fácilmente alineados durante la cruce.

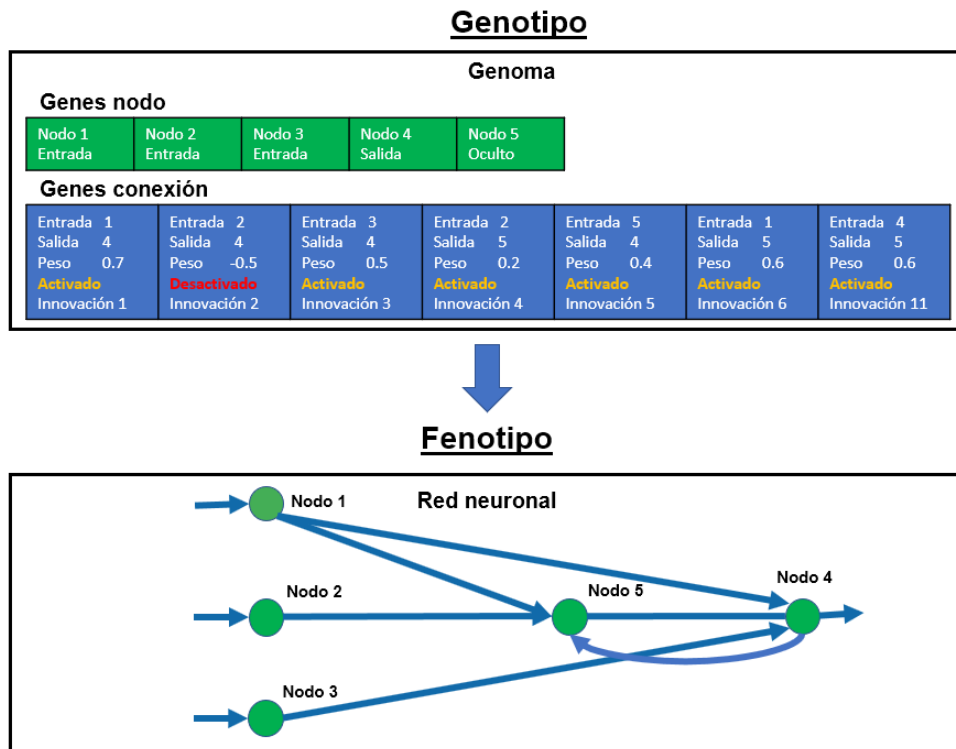


FIGURA 3.20. Representación de genotipo y fenotipo en NEAT (Stanley & Miikkulainen, 2002).

En NEAT incluye operadores de mutación para cambiar tanto los pesos de las conexiones como las estructuras de la red 3.21. En cada mutación el tamaño del genoma es expandido para agregar gen o genes, por lo que, en una mutación de adición de conexión, un nuevo gen de conexión con peso aleatorio es agregado conectando a dos nodos previamente desconectados. Por otra parte, en una mutación de adición de nodo, una conexión existente es dividida y el nuevo nodo es conectado. La nueva conexión que conecta en el nuevo nodo recibe un valor de peso de 1, y la nueva conexión que sale del nodo conserva el peso de la conexión antigua. El gen de conexión anterior es desactivado y dos nuevos genes de conexiones son agregados al genoma.

A través de la mutación, los genomas de NEAT se incrementarán gradualmente. Por lo tanto, se obtendrán genomas de diferentes tamaños. Cada vez que aparece un nuevo gen es incrementado el número de innovación y es asignado a ese gen. Los números de innovación representan así una cronología de la aparición de cada gen en el genoma, los números de innovación nunca se cambian. Como resultado, el origen histórico de cada gen en el sistema se conoce a lo largo de la evolución.

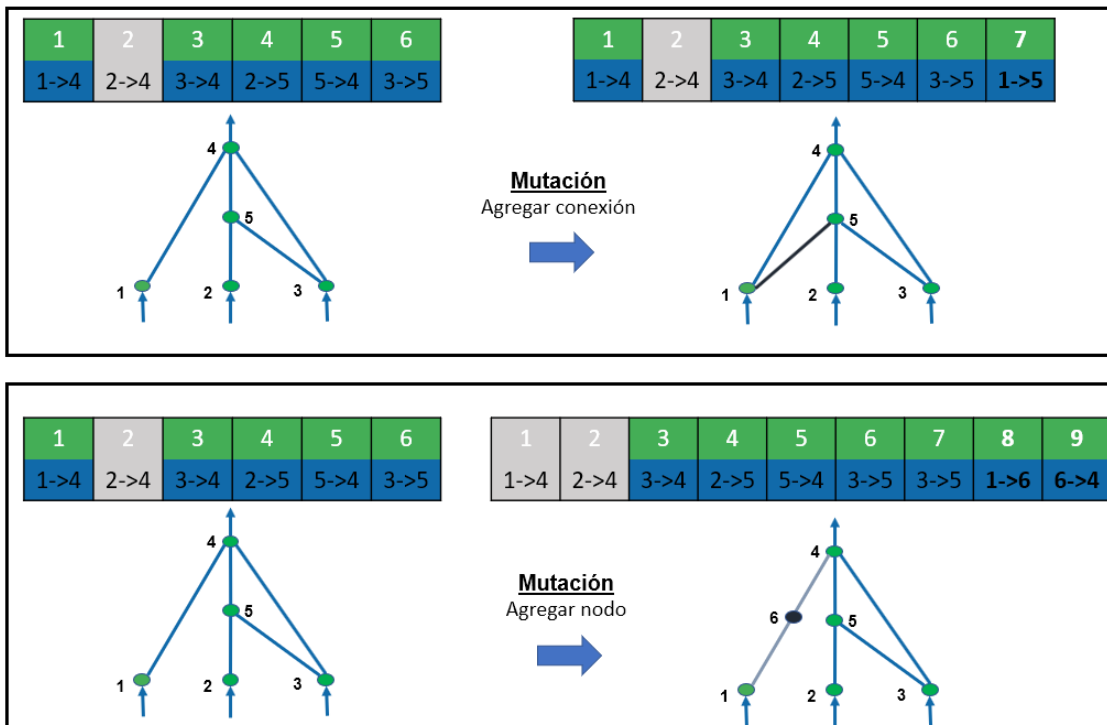


FIGURA 3.21. Tipos de mutación estructural en NEAT (Stanley & Miikkulainen, 2002).

3.7.6. Hiperparámetros de configuración para el algoritmo NEAT

El algoritmo NEAT incluye parametrización, para lo cual es necesario asignar valores. Para los experimentos con el algoritmo NEAT fueron asignados los valores de los parámetros de configuración, los cuales son mostrados en la Tabla 3.6:

TABLA 3.6. Parámetros de configuración para el algoritmo NEAT.

Parámetro	Valor
[<i>generations</i> : <i>int</i>] Número máximo de generaciones:	300
[<i>fitness_threshold</i> : <i>int</i>] Umbral de desempeño:	0.95
[<i>fitness_criterion</i> : <i>str</i>] Criterio de desempeño:	max
[<i>pop_size</i> : <i>int</i>] Tamaño de población:	100
[<i>activation_default</i> : <i>str</i>] Función de activación:	relu
[<i>bias_max_val</i> : <i>float</i>] Valor de sesgo max:	30.0
[<i>bias_min_val</i> : <i>float</i>] Valor de sesgo min:	-30.0
[<i>num_inputs</i> : <i>int</i>] Número de neuronas de entrada:	65536
[<i>num_outputs</i> : <i>int</i>] Número de neuronas de salidas:	1
[<i>num_hidden</i> : <i>int</i>] Número de neuronas en capa oculta:	0
[<i>weight_max_val</i> : <i>float</i>] Valor de pesos max:	30.0
[<i>weight_min_val</i> : <i>float</i>] Valor de pesos min:	-30.0
[<i>compatibility_threshold</i> : <i>str</i>] Umbral de compatibilidad:	3.0
[<i>weight_mutate_rate</i> : <i>float</i>] Probabilidad de mutación de pesos:	0.8

Continúa en la página siguiente

Tabla 3.6 – Continuación de la página anterior

Parámetro	Valor
[<i>bias_mutate_rate</i> : <i>float</i>] Probabilidad de mutación de sesgo:	0.7
[<i>node_add_prob</i> : <i>float</i>] Probabilidad de agregar nodo:	0.2
[<i>node_delete_prob</i> : <i>float</i>] Probabilidad de borrar nodo:	0.0
[<i>edge_add_prob</i> : <i>float</i>] Probabilidad de agregar enlace:	0.2
[<i>edge_delete_prob</i> : <i>float</i>] Probabilidad de borrar enlace:	0.0
[<i>enable_mutate_rate</i> : <i>float</i>] Probabilidad de activar/desactivar enlace:	0.01
[<i>survival_threshold</i> : <i>float</i>] Umbral de supervivencia:	0.2

La función de evaluación fue la métrica de precisión expresada en la sección 3.8.3. Los experimentos fueron realizados bajo las mismas condiciones, en ese sentido, fueron utilizados los mismos valores asignados a los hiperparámetros para una comparativa equitativa, a excepción del hiperparámetro [*num_inputs* : *int*] que representa el número de neuronas de entrada, el valor asignado fue cambiado al tamaño del vector de características de entrada.

Caracterización de color para NEAT

La representación de color de las poblaciones fue histogramas 2D de los canales de cromaticidad, dado que, las ANN reciben como entrada un vector de características, cada histograma con dimensión de 256x256 fue convertido a vector (de $N \times N$ a $1 \times M$), el tamaño resultante de cada vector fue de 65,536 elementos. Además, para tener una representación compacta de la información de los histogramas fue utilizada la técnica PCA para trabajar con 5 a 30 componentes (Figura 3.22).

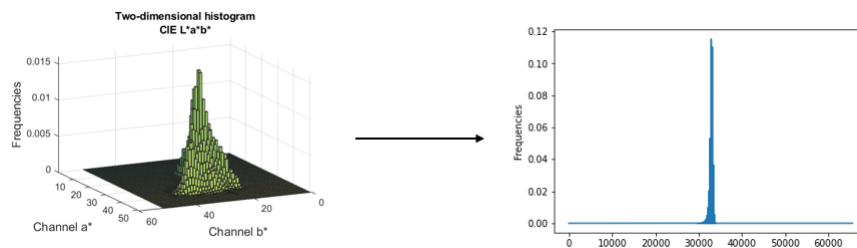


FIGURA 3.22. Histograma bidimensional (256x256) a vector (1x65,536).

3.7.7. Algoritmo Deep GA

Deep GA una herramienta para la optimización de CNN (Vargas-Hákim *et al.*, 2021). Utiliza un algoritmo genético para evolucionar CNN, el resultado es una CNN competitiva con un menor número de capas convolucionales. Deep GA define una codificación híbrida para representar las CNN, utiliza dos niveles de codificación, en el primer nivel la codificación utilizada es por bloques, donde cada bloque representa una capa convolucional, normalización por lotes y función de activación ReLU. Adicionalmente, incluye los hiperparámetros que definen el tamaño del filtro, zancada y el tipo de capa reducción. El segundo nivel usa codificación binaria que es utilizada para describir la conexión entre

capas, las conexiones son representadas con el valor 1 y las no conexiones con el valor 0 (Ver Figura 3.23).

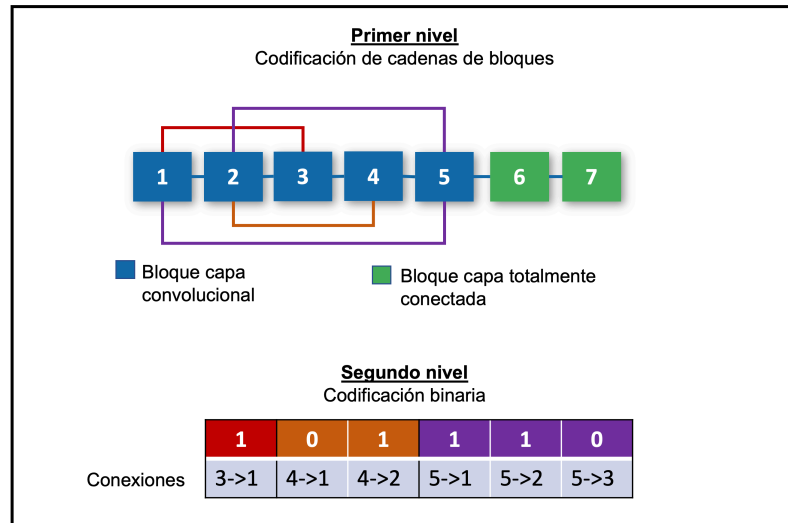


FIGURA 3.23. Codificación de Deep GA Vargas-Hákim *et al.* (2021).

En este trabajo fue utilizada la herramienta de neuroevolución Deep GA que fue diseñada para evolucionar redes neuronales convoluciones de clasificación, dada la necesidad de evolucionar CNN de regresión, en este trabajo fueron realizados ajustes a la herramienta para que Deep GA evolucione redes neuronales convolucionales de regresión. Durante su ajuste y prueba permanecieron sin modificación los valores de algunos hiperparámetros (cruza = 0.7, mutación = 0.5 y torneo = 5) previamente definidos con base en resultados de convergencia al momento del desarrollo de Deep GA.

La configuración adicional de los hiperparámetros indica el número de generaciones, tamaño de la población y función objetivo, además, del número de épocas de entrenamiento de cada red. Con base en previos experimentos y dadas las limitaciones de tiempo en las plataformas de ejecución, fue definido a 30 épocas el entrenamiento de cada CNN. La función de evaluación para el algoritmo evolutivo fue el valor obtenido de la métrica MAPE definida en la sección 3.8.3. La configuración completa es mostrada en la Tabla 3.7.

TABLA 3.7. Valores de los hiperparámetros utilizados en Deep GA para regresión.

Parámetros					
Núm.	Algoritmo evolutivo	Valor	Núm.	CNN	Valor
1	Tamaño de población	20	1	Número de épocas	30
2	Núm. de generaciones	50	2	Taza de aprendizaje	0.001
3	Función objetivo	MAPE	3	Optimización	ADAM
			4	Función de pérdida	MSE

Dado el costo computacional que implica evolucionar redes neuronales convolucionales, los experimentos fueron ejecutados en la plataforma de Google Colaboratory utilizando

GPU durante la ejecución.

Caracterización de color para Deep GA

Como se mencionó en el apartado 3.7.3, la CNN recibe vectores o matrices de entrada. Una imagen RGB es conformada por tres matrices de la misma dimensión que representan los canales Rojo, Verde y Azul. Bajo la misma agrupación fue caracterizado el color de cada población de frijol. La caracterización final es una matriz de $256 \times 256 \times 3$ (Ver Figura 3.24). Para construir la caracterización de color fue con los histogramas 2D de a^* y b^* , de L^* y a^* y de L^* y b^* obtenidos del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$.

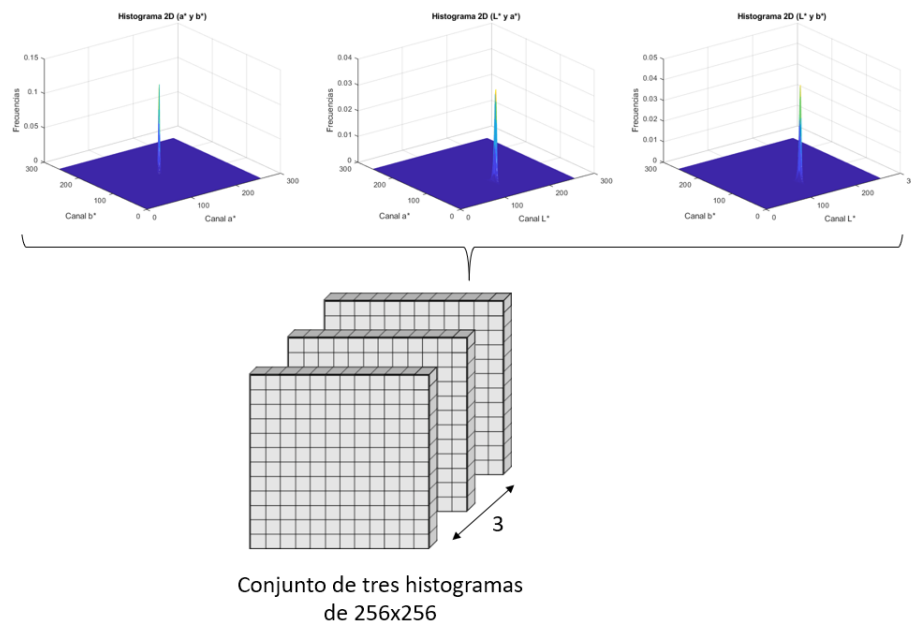


FIGURA 3.24. Caracterización de color conformada por tres histogramas agrupados para representar la información de cada población de frijol.

El mismo procedimiento fue aplicado para caracterizar con tres histogramas el espacio de color HSI. Histograma 2D de H y S, de H e I y por último, de S e I, como lo muestra la Figura 3.25

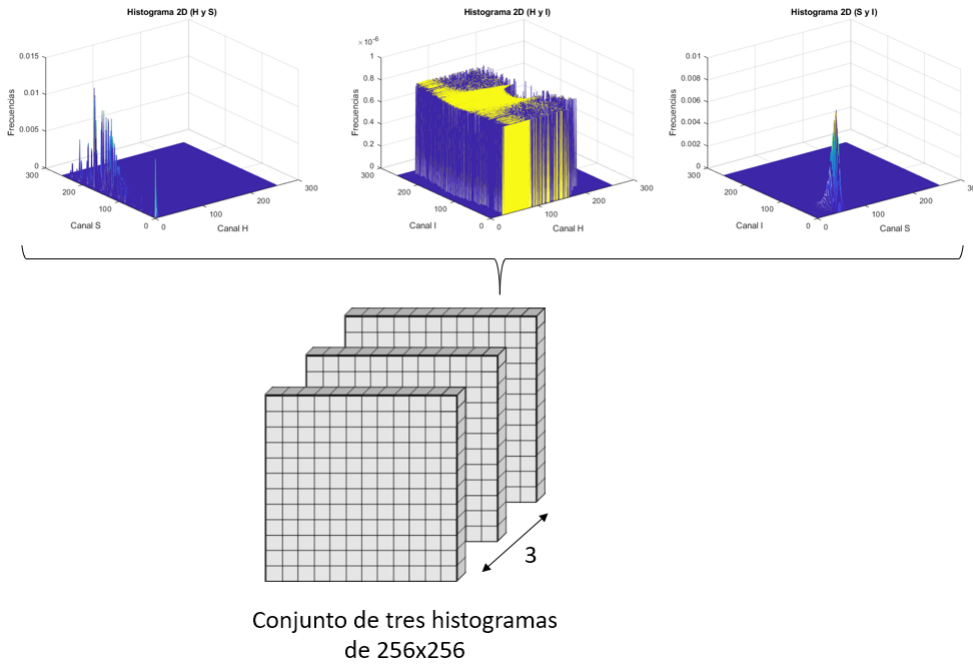


FIGURA 3.25. Caracterización de color conformada por tres histogramas agrupados para representar la información de cada población de frijol en el espacio de color HSI.

Con esta representación se consigue robustecer la información, además, este aporte de caracterización de color es una solución de menor coste computacional comparada con la generación y manejo de los histogramas 3D, los cuales son cubos de 256x256x256.

3.8. Métricas de evaluación

En las tareas de estimación de valores continuos, se emplean varias métricas para comparar el valor predicho o estimado con el valor real. En esta sección se presentan tres métodos de evaluación para medir la precisión de las métricas de estimación.

3.8.1. Raíz del error cuadrático medio

Raíz del error cuadrático medio (RMSE por sus siglas en inglés) es otra medida empleada para evaluar los modelos. El RMSE es una medida para evaluar la proximidad del valor estimado con respecto a la línea de ajuste de los modelos de regresión. Además, el RMSE es apropiado cuando se espera que la distribución del error sea una distribución gaussiana (Chai & Draxler, 2014). El RMSE se obtiene mediante la Ecuación 3.8, donde p es el número de parámetros según los grados de libertad del modelo, y_i es el valor real, \hat{y}_i es el valor estimado, y n es el número de observaciones. En la ANN y la CNN, el valor de p es cero. Son preferidos los valores más bajos de RMSE.

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n-p} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2} \quad \text{Intervalo } [0, \infty) \quad (3.8)$$

3.8.2. Coeficiente de determinación

Una métrica de evaluación utilizada para valorar la precisión de los modelos de regresión y estimación, es el coeficiente de determinación R^2 . Este coeficiente devuelve un valor en el intervalo $[0,1]$, representa la proporción de la varianza original en el modelo real que considera el modelo estimado (Berry *et al.*, 1985). La Ecuación 3.9 se emplea para obtener el coeficiente R^2 . En esta métrica se prefieren los valores más altos.

$$R^2 = 1 - \left[\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y}_i)^2} \right] \quad \text{Intervalo } [0, 1] \quad (3.9)$$

3.8.3. Precisión

El error porcentual absoluto medio (MAPE por sus siglas en inglés) es el error absoluto medio entre los valores predichos y los actuales del modelo (Swamidass, 2000). Este error se obtiene restando el valor real del valor estimado. Después, el error se convierte en términos de porcentaje, lo que permite una mejor comprensión del valor resultante. La Ecuación 3.10 expresa el cálculo del MAPE (Goodwin & Lawton, 1999). Se prefieren los valores más bajos de MAPE.

$$MAPE = \frac{\sum_{i=1}^n \left| \frac{y_i - \hat{y}_i}{y_i} \right| * 100}{n} \quad \text{Intervalo } [0, 100] \quad (3.10)$$

La métrica MAPE se integró para saber el error del valor estimado del valor de concentración de antocianinas reportado por el método químico. Esta medida es fácil de interpretar porque proporciona el error en términos de porcentajes. Por otro lado, para saber qué tan cerca está el valor estimado en términos de precisión al valor real, se integra la siguiente Ecuación 3.11.

$$Precision = 100 - MAPE \quad (3.11)$$

Por lo tanto, un valor de precisión más alto representa una mejor estimación de antocianina.

3.9. Estimación de antocianinas en poblaciones de frijol

Las poblaciones de frijol se presentan en diferentes coloraciones, poblaciones con semillas de similar coloración catalogadas como poblaciones de color homogéneo. Poblaciones de frijol conformadas por mezcla de semillas de diferentes coloraciones o semillas

de color variegado identificadas como poblaciones de color heterogéneo.

En la literatura se observó que las diferentes muestras reportadas son de color homogéneo, esto debido a la complejidad que representa estimar antocianinas en muestras biológicas. Con base en la literatura y dada la complejidad de estimar antocianinas en poblaciones nativas de frijol, este trabajo fue dividido en dos fases con la finalidad de explorar e identificar las representaciones que aportan mayor información, y las técnicas que mejor desempeño presentan en la estimación de antocianinas.

Estimación de antocianinas en poblaciones de color homogéneo En esta fase se utilizaron 40 muestras de poblaciones nativas de frijol de color homogéneo. Para crear el conjunto de datos de entrenamiento, validación y prueba, cada población fue dividida aleatoriamente en cuatro subconjuntos.

En el caso de los métodos de regresión múltiple, de cada subconjunto el 70 % de las semillas fue para formar el conjunto de entrenamiento y el otro 30 % el conjunto de prueba. Debido a los requisitos de los algoritmos de ANN y CNN, la división de cada subconjunto fue el 70 % de las semillas para conformar el conjunto de entrenamiento, el 15 % para el conjunto de validación y el restante 15 % para el conjunto de prueba. Cada subconjunto recibió como etiqueta de clase uno de los cuatro valores de concentración de antocianinas reportados por el método químico pH Diferencial. La Figura 3.26 muestra un ejemplo de cómo se dividió cada variedad de frijol.

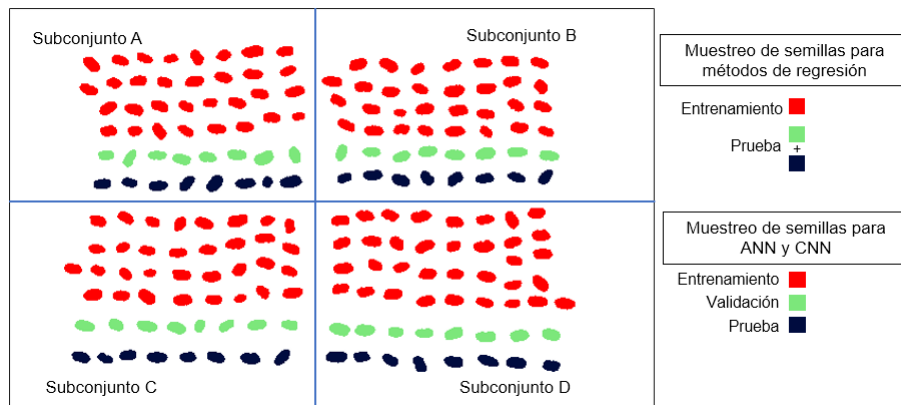


FIGURA 3.26. Ejemplo del proceso de división de semillas para crear los conjuntos de entrenamiento, validación y prueba.

Fueron creadas tres caracterizaciones de color diferente, Promedios, PCA de histogramas 2D e Histogramas 2D, para la evaluación de las técnicas de Regresión Múltiple, Redes Neuronales Artificiales y la CNN AnthEstNet como lo muestra el proceso de la Figura 3.27. La finalidad de los experimentos con dichas técnicas de aprendizaje con las caracterizaciones mencionadas es alcanzar parte de los objetivos descritos en la Sección 1.6.

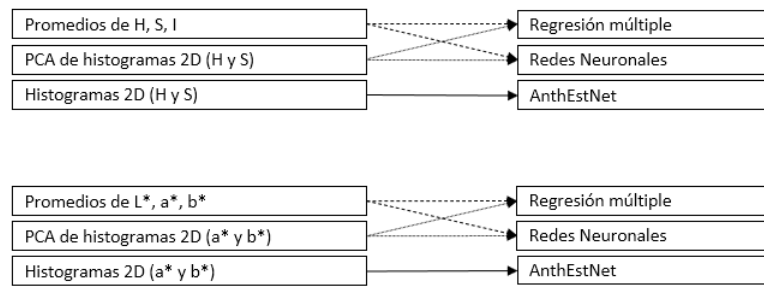


FIGURA 3.27. Caracterización de color y su correspondiente técnica de aprendizaje utilizada para estimación de antocianinas en poblaciones de color homogéneo.

Estimación de antocianinas en poblaciones de color homogéneo y heterogéneo En esta segunda fase se utilizaron 46 poblaciones de frijol, el muestreo fue diferente debido a la heterogeneidad de color que presentan las distintas poblaciones de frijol. Las poblaciones de color homogéneo son conformadas por semillas de similar coloración que permite la posibilidad de definir varias particiones por muestra. Por otra parte, las poblaciones de color heterogéneo presentan una mezcla de semillas de distintas coloraciones limitando explorar diferentes particiones de datos, por lo tanto, un tipo de división fue realizada para conformar datos de entrenamiento y prueba manteniendo entre ambas particiones semillas de similar coloración, asimismo, para conservar homogeneidad en el muestreo, fue realizada la separación en dos conjuntos del 50 % de las semillas de cada población, por consiguiente, el 50 % fue para entrenamiento y 50 % para prueba como lo muestra la Figura 3.28.

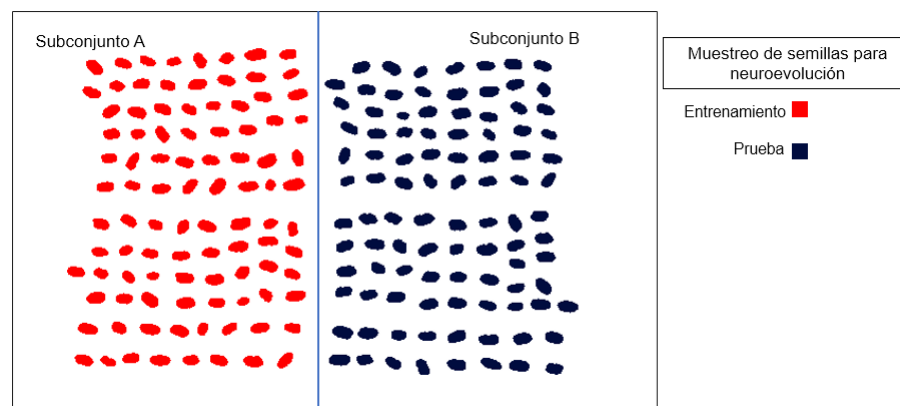


FIGURA 3.28. Ejemplo del proceso de división de semillas para crear los conjuntos de entrenamiento y prueba para neuroevolución.

El procedimiento aplicado consistió en realizar muestreo aleatorio de las semillas al 50%, este procedimiento fue aplicado en 200 iteraciones, en cada iteración fue medida la separación homogénea y registrada la separación con un valor menor. Posterior a la formación del conjunto de datos, fue asignado el valor promedio de los cuatro valores reportados por el método pH Diferencial.

En cada proceso de muestreo de semillas fueron creados histogramas para medir la distancia entre particiones de la misma población. A menor valor, una mayor similitud entre las particiones. Se tiene evidencia que la distancia Manhattan es una métrica adecuada por ser la métrica de similitud utilizada para comparar histogramas y que mejor resultados de clasificación dio con el algoritmo K -vecinos cercanos en el trabajo de Reyes *et al.* (2021).

La segunda fase incluye experimentos con las representaciones de color: Histogramas 2D y PCA de histogramas 2D, y la representación hecha con la unión de tres histogramas 2D. Así mismo, fueron realizados experimentos con las técnicas de neuroevolución usando el algoritmo NEAT y el algoritmo Deep GA (Ver Figura 3.29).

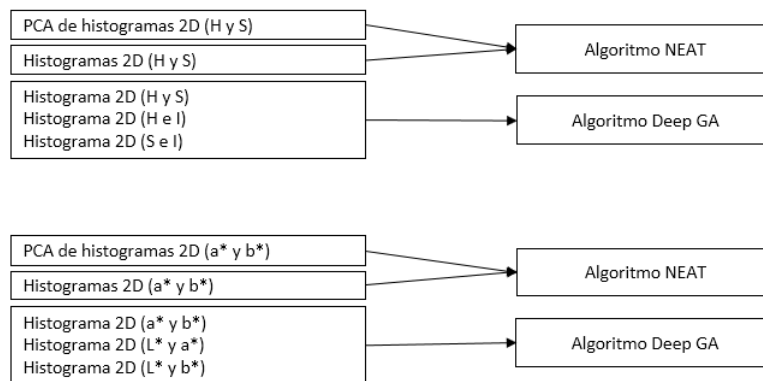


FIGURA 3.29. Representaciones de color y algoritmos de neuroevolución utilizados para generación de redes neuronales.

3.10. Diseño experimental

En esta investigación se buscó un método no invasivo para la estimación de antocianinas presentes en las poblaciones de frijol. Por lo tanto, los experimentos fueron diseñados para alcanzar los objetivos descritos en la Sección 1.6.

Los experimentos descritos en esta sección fueron diseñados para responder a las siguientes preguntas de investigación mostradas a continuación.

1. **¿Qué técnicas de caracterización del color y de estimación (estadísticos o de inteligencia artificial) ofrecen una mayor precisión de estimación de antocianinas en poblaciones de color homogéneo?**, esta pregunta nos permitirá analizar qué técnica de caracterización del color es apropiada. Para responder a esta pregunta se han comparado dos técnicas de estimación (regresión múltiple y ANN) con las caracterizaciones de color (promedio y PCA aplicados a histogramas 2D).
2. **¿Qué precisión de estimación de antocianinas ofrece una CNN con histogramas 2D?**, esta pregunta determinará si los histogramas 2D y AnthEstNet ofrecen una precisión mayor de estimación que las técnicas mencionadas en la primera interrogante.

3.10.1. Experimento 1: Análisis de la caracterización del color y métodos estadísticos clásicos de regresión multivariada y ANN

Con el fin de encontrar una estimación cercana a la cuantificación obtenida con el método pH Diferencial, se inició con la comparación de dos técnicas de predicción o estimación (regresión múltiple y ANN), con dos caracterizaciones de color (promedio y PCA aplicados a histogramas 2D). Para esta comparación se emplearon los modelos de regresión múltiple (lineal, cuadrática, cuadrática pura y regresión con interacción de términos) y diferentes arquitecturas de ANN. Cada método se realizó utilizando el software MATLAB (fitlm para regresión múltiple, y fitnet para ANN). Las caracterizaciones de color seleccionadas fueron promedios y PCA de histogramas 2D.

En la sección 3.6.3 se hizo mención acerca de la técnica PCA para generar diferentes conjuntos de datos, cada uno con la información del resultado del número de componentes principales. Dichas caracterizaciones de color fueron la entrada de las técnicas de regresión múltiple, adicionalmente, los datos fueron la entrada de diferentes arquitecturas ANN, las diferentes arquitecturas evaluadas fueron generadas cambiando el número de neuronas en la capa oculta, de 3 a 40 neuronas como se mencionó en la sección 3.7.2. La medida de evaluación utilizada para seleccionar el modelo con mayor rendimiento fue la métrica de precisión descrita en la sección 3.8.3. Se realizaron 20 ejecuciones con cada técnica de regresión aplicando una división aleatoria diferente. Para cada ejecución se almacenaron los promedios de precisión y su desviación estándar de los modelos que mayor precisión reportaron. La comparación se presenta en la sección 4.1.1. El objetivo de estos experimentos fue para conocer el aporte de las caracterizaciones de color y las diferentes técnicas de regresión para la estimación de antocianinas. Los resultados con mayores precisiones son comparados con los resultados del segundo experimento.

3.10.2. Experimento 2: Estimación de antocianinas obtenidas por la red AnthEstNet

Para dar respuesta a la segunda interrogante fue analizar si la caracterización de color con histogramas 2D ofrecen mejoras sobre la caracterización de color PCA aplicados a histogramas 2D, dado que, un histograma 2D es una estructura compleja creada a partir de la distribución de probabilidad conjunta que proporciona más información acerca de las propiedades de color. La caracterización de histogramas 2D se empleó como entrada de nuestra propuesta de red convolucional (AnthEstNet) mostrada en la sección 3.7.3. AnthEstNet recibe las matrices de entrada de 255x255 correspondiente a las dimensiones de los histogramas 2D que caracterizan el color de las poblaciones de frijol. Los histogramas 2D corresponden a los histogramas creados a partir de los canales de cromaticidad (a^* y b^*) de CIE $L^*a^*b^*$ y (H y S) de HSI. AnthEstNet se entrenó con 250 épocas, una tasa de aprendizaje inicial de 0.001 y una función para actualizar los pesos en el proceso de retropropagación llamada descenso de gradiente estocástico con impulso, que minimiza la función de pérdida mediante pequeños pasos en la dirección del gradiente en cada iteración del algoritmo. La comparación se presenta en la sección 4.1.2.

Se utilizó la prueba de normalidad Shapiro-Wilk en cada variable para verificar si procedían de una población con distribución normal los resultados de las precisiones obtenidas. La prueba de normalidad demostró que las variables se distribuían normalmente con un valor $p > 0.05$. Por lo tanto, se aplicó una prueba de significancia estadística paramétrica. La prueba paramétrica de análisis de varianza de una vía (ANOVA) con nivel de confianza del 95 %, se validó mediante la prueba posthoc denominada prueba de Tukey para la comparación múltiple de medias.

Adicionalmente, con la finalidad de conocer la correlación entre las desviaciones estándar de las estimaciones con respecto a las desviaciones estándar de las determinaciones reportadas por el método pH Diferencial, se realizó un análisis de correlación entre las desviaciones estándar para investigar la relación entre la dispersión de las cuatro determinaciones de antocianinas con el método pH diferencial y las técnicas propuestas. Para ello, de las 20 ejecuciones, se seleccionó el modelo de cada técnica con el mayor valor de precisión. El análisis pretende conocer el efecto de las variaciones entre las dispersiones reportadas de la estimación de antocianinas obtenidas por el Método pH Diferencial en cada una de las poblaciones de frijol y la desviación estándar alcanzada por los modelos ANN y AnthEstNet.

De forma similar al análisis estadístico de las precisiones, se aplicó la prueba de Shapiro-Wilk para observar si los valores de la desviación estándar siguen una distribución normal. La prueba de normalidad reveló que la desviación estándar no presentaba una distribución normal. Por lo tanto, se empleó la prueba no paramétrica de Spearman para el análisis de la correlación.

3.11. Experimentos con herramientas de neuroevolución

En esta sección se definen los experimentos realizados para la estimación de poblaciones de color homogéneo y heterogéneo, para este caso fueron consideradas 46 poblaciones de frijol de coloración homogéneo y heterogéneo, la Figura 3.30 muestra, en orden ascendente, los valores de concentración de antocianinas obtenidos a partir de los resultados reportados por el Método pH Diferencial.

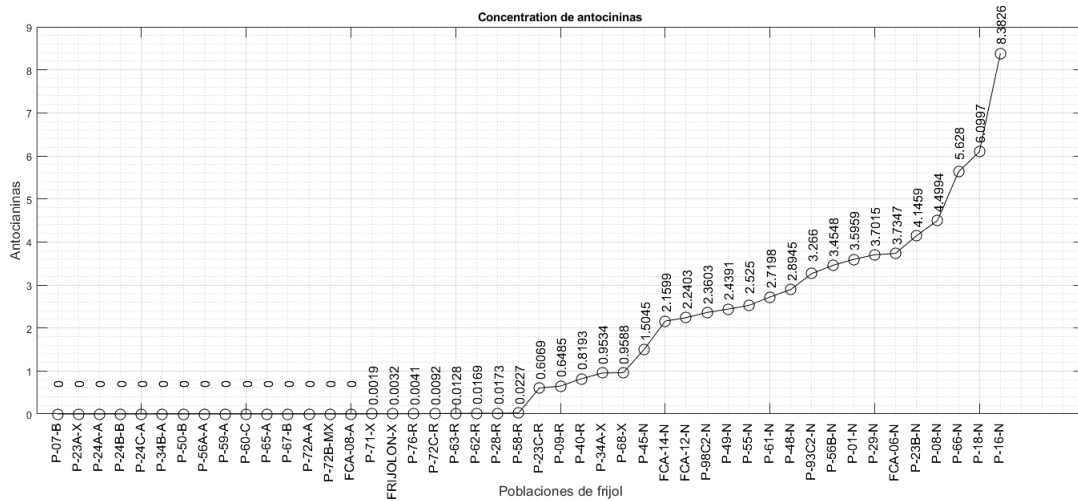


FIGURA 3.30. Poblaciones de frijol ordenadas por el promedio de concentración de antocianinas

Antes de hacer uso de neuroevolución fueron planteadas las siguientes interrogantes de investigación.

1. **¿Qué técnica de neuroevolución es necesaria para lograr el objetivo de estimación de antocianinas en poblaciones de coloración homogénea y heterogénea?** Con esta pregunta se analizará los alcances de cada técnica para lograr el objetivo de esta investigación.
2. **¿Qué contribución aportará la integración del canal de luminosidad para caracterización del color?** Se pretende analizar la contribución del canal de luminosidad como parte de la caracterización del color para robustecer la información.

Las respuestas a las anteriores interrogantes ayudarán a dar respuesta a más interrogantes relacionadas con la construcción de arquitecturas de redes neuronales, por ejemplo: el número de neuronas necesarias en la capa oculta de una arquitectura ANN, o el número de capas ocultas necesarias. En la experimentación previa, se tuvo que definir un intervalo de número de neuronas en la capa oculta para encontrar la arquitectura con mejor desempeño. Adicionalmente, definir una arquitectura CNN representa un reto mayor, definir el número de filtros de la capa convolucional necesarios, el número de capas convolucionales que se necesitan para la arquitectura de red, el tipo de capa de reducción (Max o Avg) que debe usarse, el número de capas totalmente conectadas que se requiere y el número de neuronas de la capa. Dadas las interrogantes se decidió explorar técnicas de neuroevolución.

3.11.1. Experimento 1: Estimación de antocianinas obtenidas ANN Generada con el algoritmo NEAT

La finalidad de este experimento es conocer el aporte de NEAT al generar soluciones optimizadas para resolver un problema en particular. Por consiguiente, analizar los resultados de estimación de las redes ANN generadas con el algoritmo NEAT usando dos caracterizaciones de color, PCA de histogramas 2D de dos espacios de color y los histogramas 2D convertidos a vectores como se indicó en la sección 3.7.6. De manera similar a

los experimentos anteriores, los histogramas 2D fueron creados a partir de la información de los canales de cromaticidad (a^* y b^*) de CIE $L^*a^*b^*$ y (H y S) de HSI. Se utilizó la versión 0.92 de NEAT para los experimentos en un entorno de python mediante el gestor de paquetes anaconda. Antes de la ejecución de cada experimento fueron definidos los hiperparámetros mostrados en la sección 3.7.6. Los resultados obtenidos de estimación determinarán el alcance del algoritmo NEAT para reducir el error de estimación de antocianinas. Adicionalmente, los resultados darán respuesta a la interrogante acerca de la técnica de neuroevolución adecuada para la reducción de estimación de antocianinas. Los resultados son mostrados en la sección 4.3

3.11.2. Experimento 2: Estimación de antocianinas con CNN generada con Deep GA

Debido a los requisitos de entrada de una ANN, el cual debe ser un vector de datos, en este caso no es posible el uso de una caracterización de color que incluya más de un histograma 2D. Como se observó en los experimentos previos, una CNN permite la entrada de matrices, por lo tanto, una caracterización de color conformada por tres matrices para representar el color de cada población es posible. También con la finalidad de definir la técnica de neuroevolución es deseable para evolucionar CNN.

Fueron realizados experimentos con Deep GA con la caracterización de color conformada por histograma 2D triple del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$ (Histograma de a^* y b^* , Histograma de L y a^* , por último, histogramas L^* y b^*) mencionado previamente en la sección 3.7.7. Los hiperparámetros utilizados por el algoritmo Deep GA fueron definidos en la sección 3.7.7.

Por otra parte, con la finalidad de poder efectuar una comparativa de arquitecturas, fue llevar a cabo un segundo experimento con el algoritmo Deep GA con la caracterización de color histograma 2D triple (Histograma de H y S, Histograma de H e I, por último, histogramas S e I) del espacio de color HSI. Los resultados obtenidos son mostrados en la sección 4.4. Los experimentos permitirán conocer el desempeño de las arquitecturas ANN generadas por Deep GA y su desempeño, los resultados permitirán dar respuesta a las interrogantes anteriores y cumplir con el objetivo general de este trabajo.

Capítulo 4

Resultados

4.1. Resultados de estimación de antocianinas en Poblaciones nativas de frijol de color homogéneo

4.1.1. Análisis de la caracterización del color y métodos estadísticos clásicos de regresión multivariada.

La Tabla 4.1 muestra los valores de la media y la desviación estándar de las precisiones del conjunto de evaluaciones de los modelos de regresión múltiple y ANN considerados en el experimento, los resultados fueron agrupados por espacio de color.

Tabla 4.1. Resultados de los modelos de regresión múltiple y de las ANNs en cada espacio de color. El nombre de la ANN depende del número de capas de entrada, capas ocultas y capas de salida separadas por puntos. Los números en negrita representan los mejores valores por espacio de color en cada medida de evaluación.

Espacio de color		HSI				CIE L*a*b*			
Modelo	Regresión (Interacción)	Regresión (Lineal)	ANN(3:36:1)	ANN(28:3:1)	Regresión (Cuadrática)	Regresión (Cuadrática pura)	ANN(3:10:1)	ANN(6:21:1)	
Técnica de caracterización del color	Promedios	PCA de histogramas 2D (H y S) (10 componentes) 90.00 % varianza de los datos	Promedios	PCA de histogramas 2D (H y S) (28 componentes) 98.31 % varianza de los datos	Promedios	PCA de histogramas 2D (a* y b*) (17 componentes) 98.75 % varianza de los datos	Promedios	PCA de histogramas 2D (a* y b*) (6 componentes) 90.71 % varianza de los datos	
Entrenamiento	Precisión	66.29 ±29.05	85.84 % ±14.68	90.35 % ±11.10	89.71 % ± 10.25	76.37 % ±28.89	89.46 % ±10.77	89.45 % ±11.07	89.52 % ±11.78
	RMSE	1.17	0.73	0.51	0.56	1.19	0.61	0.49	0.58
	R2	0.69	0.88	0.93	0.92	0.69	0.93	0.96	0.92
Validación	Precisión	-	-	83.79 % ±20.89	87.04 % ±13.75	-	-	86.69 % ±14.04	86.73 % ±13.89
	RMSE	-	-	0.63	0.64	-	-	0.58	0.66
	R2	-	-	0.90	0.90	-	-	0.92	0.89
Prueba	Precisión	66.11 % ±30.05	85.61 % ±14.82	83.03 % ±24.35	86.83 % ±14.11	76.22 % ±28.89	85.06 % ±14.58	86.55 % ±14.41	87.04 % ±13.80
	RMSE	1.17	0.74	0.65	0.65	1.19	0.70	0.60	0.67
	R2	0.69	0.88	0.90	0.90	0.69	0.90	0.91	0.89

4.1.2. Estimación de antocianinas obtenidas por la red AnthEstNet

La Tabla 4.2 detalla la comparación de los resultados obtenidos con la arquitectura CNN AnthEstNet con histogramas 2D y los resultados obtenidos con los experimentos ANN con PCA de histogramas 2D que corresponde a los mejores resultados reportados en la Tabla anterior.

TABLA 4.2. Resultados de AnthEstNet y de ANN en cada espacio de color. Los números en negrita representan los mejores valores de precisión por espacio de color en cada métrica de evaluación.

Espacio de color		HSI		CIE L*a*b	
Modelos		ANN(28:3:1)	AnthEstNet	ANN(6:21:1)	AnthEstNet
Técnica de caracterización del color		PCA de histogramas 2D (H y S) (28 componentes) 98.31 % varianza de los datos	Histograma 2D (H y S)	PCA de histogramas 2D (a* y b*) (6 componentes) 90.71 % varianza de los datos	Histograma 2D (a* y b*)
Entrenamiento	Precisión	89.71 ± 10.25	93.83 % ± 6.39	89.52 % ± 11.78	93.52 % ± 7.75
	RMSE	0.56	0.32	0.58	0.39
	R2	0.928	0.97	0.92	0.96
Validación	Precisión	87.04 % ± 13.75	87.93 % ± 10.66	86.73 % ± 13.89	87.51 ± 11.81
	RMSE	0.64	0.48	0.66	0.52
	R2	0.90	0.94	0.89	0.93
Prueba	Precisión	86.83 % ± 14.11	87.68 % ± 10.95	87.04 % ± 13.80	87.49 ± 11.84
	RMSE	0.65	0.49	0.67	0.51
	R2	0.90	0.94	0.89	0.93

Las Figuras 4.1 y 4.2 muestran la comparativa de los resultados de estimación de antocianinas alcanzada por ANN con PCA de los histogramas 2D, AnthEstNet con histogramas 2D y la estimación de antocianinas reportada por el procedimiento de laboratorio pH Diferencial (Figura 3.2) en ambos espacios de color.

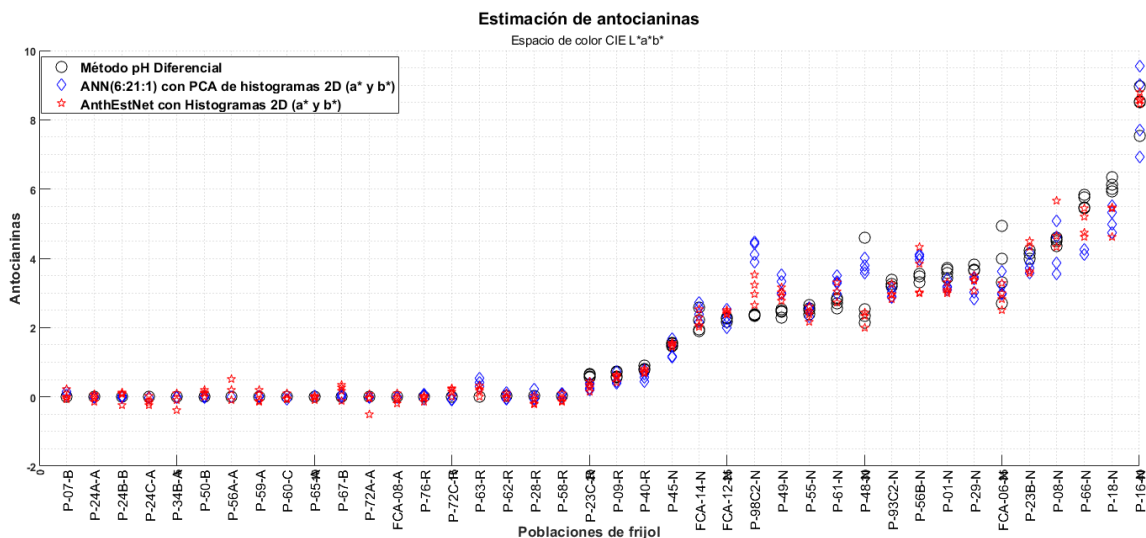


FIGURA 4.1. Comparación de los resultados de estimación alcanzados por cada modelo de aprendizaje y los resultados del procedimiento de laboratorio en el espacio de color CIE L*a*b*. Los cuatro valores corresponden a los valores reportados por el método pH Diferencial y los cuatro valores estimados por cada modelo para cada población de frijol.

La Figura 4.3a muestra los resultados estadísticos de la medida de precisión, donde no se presentan diferencias estadísticas significativas entre los resultados de las técnicas comparadas, con un valor p de 0.0646. Adicionalmente, se consideró la desviación estándar de las 20 ejecuciones para analizar la varianza de los datos. Como los valores de la desviación estándar también presentan una distribución normal, se aplicaron las pruebas ANOVA y

Tukey para el análisis estadístico. La Figura 4.3b presenta los resultados estadísticos sobre los valores de la desviación estándar, en los que los grupos de AnthEstNet presentan diferencias estadísticas significativas en comparación con los grupos de ANN, con un valor $p < 0.05$.

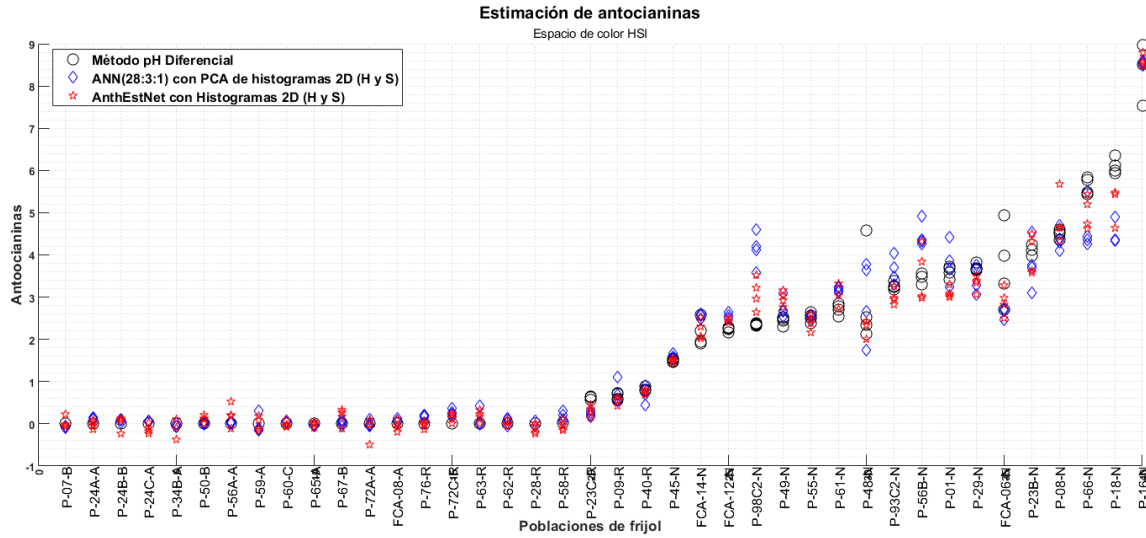


FIGURA 4.2. Comparación de los resultados de estimación alcanzados por cada enfoque de aprendizaje con los resultados del procedimiento de laboratorio en el espacio de color HSI.

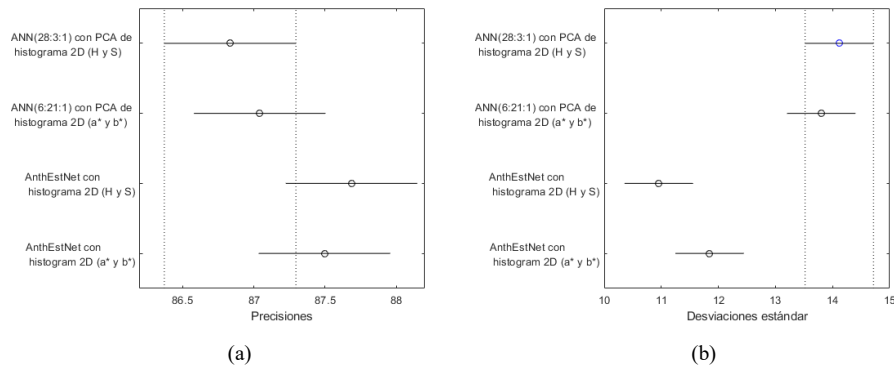


FIGURA 4.3. Resultados estadísticos ANOVA para los valores de las precisiones (a) y las desviaciones estándar (b).

Con respecto al análisis de correlación entre las desviaciones estándar, la Figura 4.4 muestra la desviación estándar de los valores de estimación reportados por los cinco métodos en cada una de las 40 variedades locales de frijol.

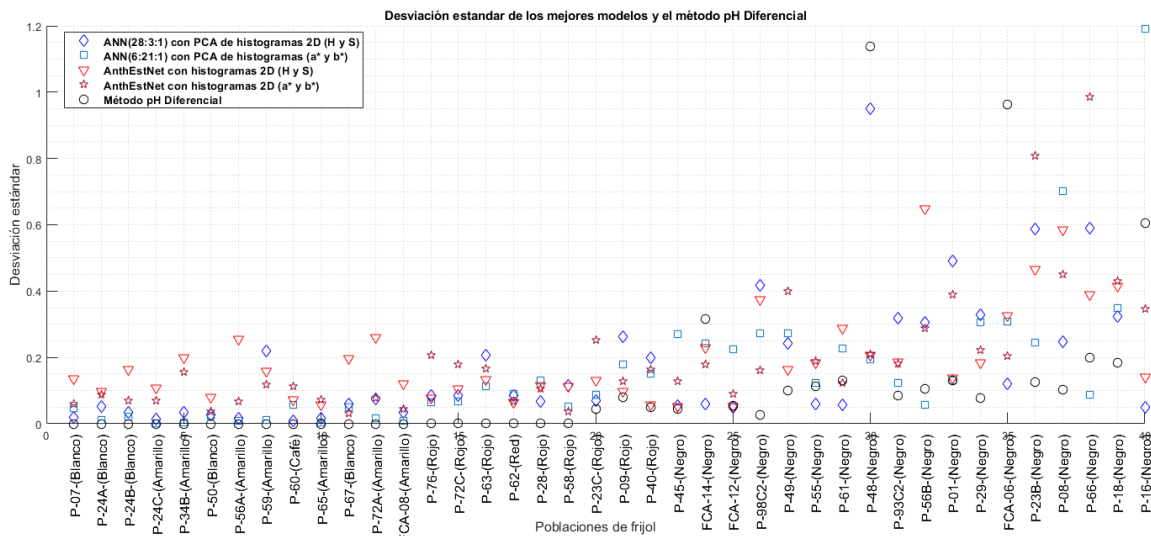


FIGURA 4.4. Valores de desviación estándar de los mejores resultados en cada enfoque y el método pH Diferencial.

La Tabla 4.3 muestra la correlación y los valores p entre el método pH Diferencial y los resultados de los modelos de las técnicas computacionales propuestas.

TABLA 4.3. Resultados de la correlación entre la desviación estándar de los métodos de estimación de antocianinas. La letra p representa el valor alcanzado por la prueba de Spearman.

Correlación de las desviaciones estándar de las estimaciones	ANN (28:3:1) con PCA de histogramas 2D (H y S)	ANN (6:21:1) con PCA de histogramas 2D (a* y b*)	AnthEstNet con histogramas 2D (H y S)	AnthEstNet con histogramas 2D (a* y b*)
Método pH Diferencial	0.6309 p:0.0000	0.8236 p:0.0000	0.4418 p:0.0043	0.7970 p:0.0000

4.2. Resultados de estimación de antocianinas en Poblaciones nativas de frijol de color homogéneo y heterogéneo

4.3. Resultados obtenidos con el algoritmo NEAT

Los resultados obtenidos con el algoritmo NEAT con dos caracterizaciones de color se muestran en la Tabla 4.4.

TABLA 4.4. Resultados de estimación obtenidas con las redes generadas con NEAT y dos caracterizaciones de color. En negrita los mejores resultados.

Espacio de color		HSI		CIE L*a*b	
NEAT		ANN(25:15:1)	ANN	ANN(6:21:01)	ANN
Caracterización del color		PCA de histogramas 2D (H y S) (25 componentes) 99.33 % varianza de los datos	Histogramas 2D (H y S)	Histogramas 2D (a* y b*) PCA (25 componentes) 99.70 % varianza de los datos	Histogramas 2D (a* y b*)
Entrenamiento	Precisión	88.21 % ± 17.28	81.35 % ± 21.03	90.67 % ± 14.74	88.83 % ± 16.74
	RMSE	0.94	1.50	0.54	0.87
	R2	0.71	0.43	0.82	0.80
Prueba	Precisión	87.85 % ± 16.99	81.41 % ± 21.03	90.60 % ± 14.81	88.88 % ± 16.70
	RMSE	0.96	1.51	0.85	0.87
	R2	0.76	0.4296	0.81	0.81

En las Figuras 4.5 y 4.6 son graficados los valores calculados por el método pH Diferencial, también se muestran las estimaciones alcanzadas por las ANNs construidas por NEAT con cada caracterización de color en dos espacios de color.

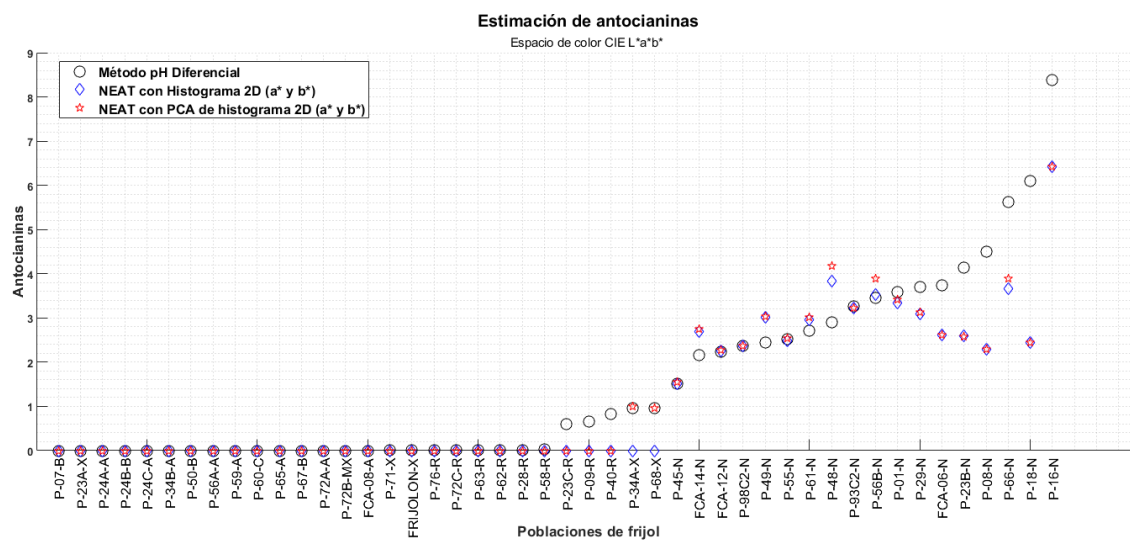


FIGURA 4.5. Comparación de los resultados de estimación alcanzados las ANNs generadas por NEAT en cada caracterización de color (PCA de histogramas e histogramas 2D) en el espacio de color HSI en comparativa con los resultados del método pH Diferencial.

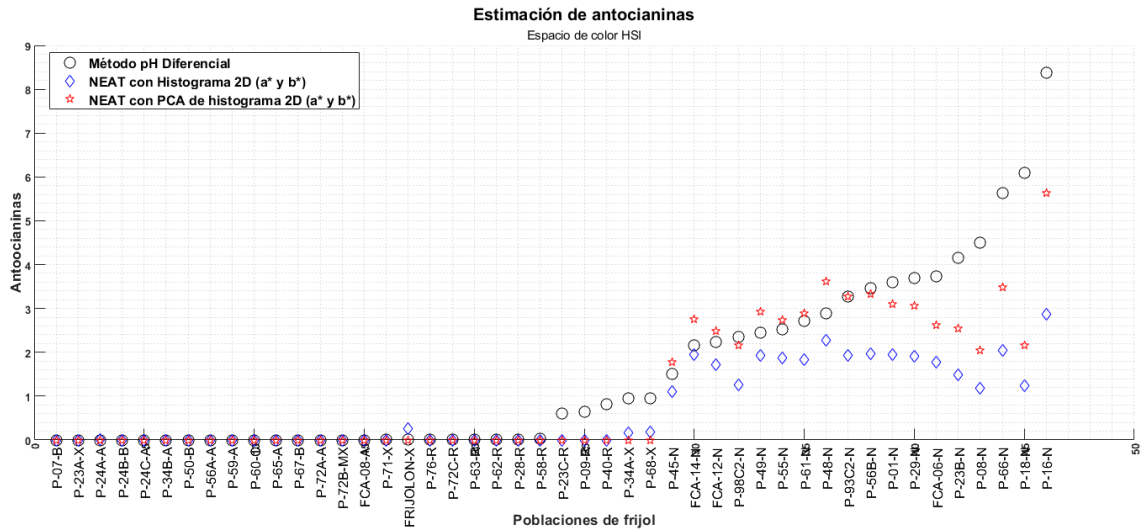


FIGURA 4.6. Comparación de los resultados de estimación alcanzados por NEAT en dos representaciones en el espacio de color HSI (PCA de histogramas 2D e histogramas 2D) en comparativa con los resultados reportados por el método pH Diferencial.

Con la finalidad de saber el factor por el cual los resultados de las precisiones reportados con las ANNs de NEAT en el espacio de color HSI fueron inferiores a los resultados de las caracterizaciones en el espacio CIE $L^*a^*b^*$, fue analizado el conjunto de datos de entrenamiento y prueba. La representación visual del conjunto de datos la podemos observar en las Figuras 4.7 y 4.8.

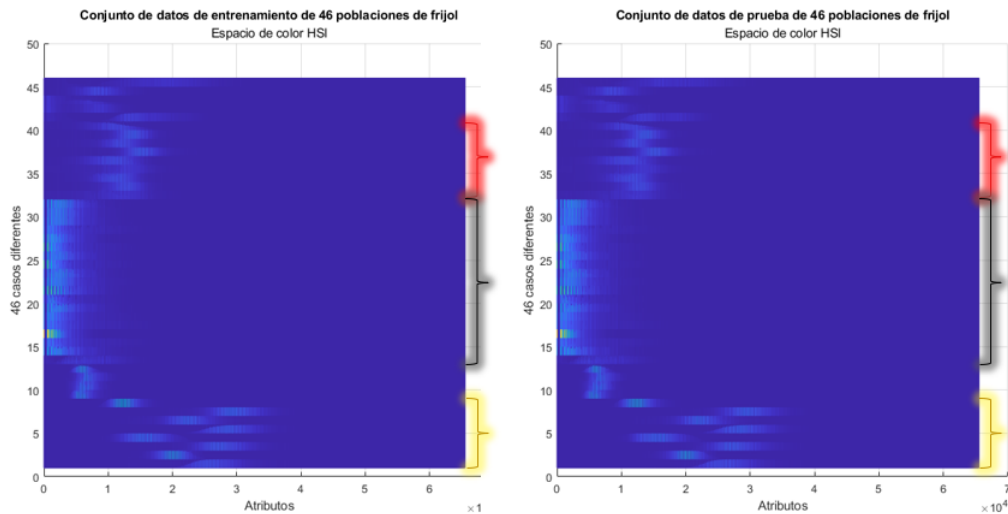


FIGURA 4.7. Gráfica del conjunto de datos de entrenamiento y prueba, cada caso corresponde a la información de caracterización de color de cada población, en este caso el histograma pasó a vector en el espacio de color HSI. Las marcas de color a un costado de cada gráfica resaltan los grupos de poblaciones del mismo color que la marca.

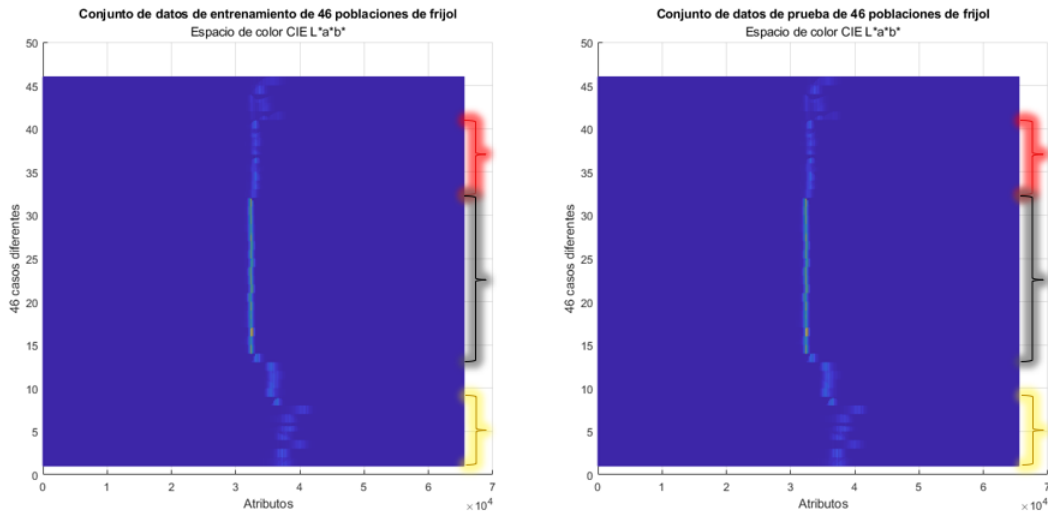


FIGURA 4.8. Gráfica del conjunto de datos de entrenamiento y prueba, los datos provienen de la caracterización de color de histogramas convertidos a vectores en el espacio de color CIE L*a*b*.

4.4. Deep GA

La arquitectura CNN optimizada con Deep GA es la mostrada en la Figura 4.9, la cual está conformada por tres capas convolucionales que permiten la extracción de los rasgos característicos de los histogramas y dos capas fully connected. La primera capa convolucional contiene 32 filtros de 4×4 , le sigue una capa de reducción avg pooling de 2×2 , la segunda capa convolucional contiene 8 filtros de 3×3 y una capa max pooling, la tercera capa convolucional, contiene 16 filtros de 4×4 , y una capa max pooling, dos capas full connected de 128 y 16 respectivamente, que observan el resultado de las capas anteriores para determinar las características que se más se relacionan y la última capa de regresión que da el valor que representa la estimación.

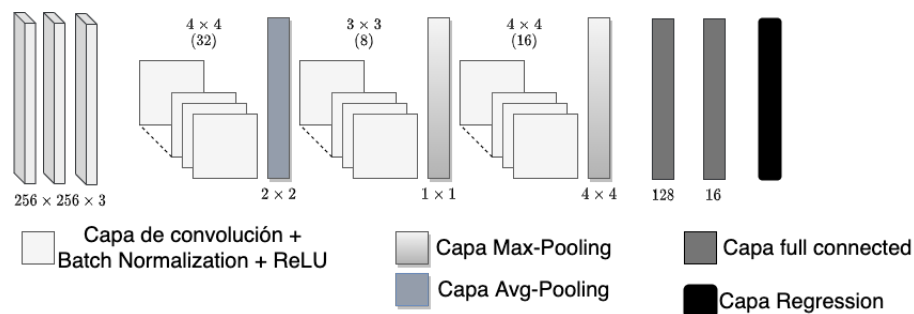


FIGURA 4.9. Representación gráfica de la arquitectura CNN obtenida con Deep GA usando la caracterización de color representada por triple histograma.

Con la finalidad de conocer el desempeño de la red, fue entrenada a 1,000 de épocas, el resultado es mostrado en la siguiente Tabla 4.5.

TABLA 4.5. Resultados de estimación obtenidas con la arquitectura CNN de Deep GA con triple histograma.

Deep GA		CNN generada por Deep GA
Caracterización del color		Histograma 2D (a^* y b^*) Histograma 2D (L^* y a^*) Histograma 2D (L^* y b^*)
Entrenamiento	Precisión	96.65 % \pm 3.19
	RMSE	0.183
	R2	0.99
Prueba	Precisión	93.53 % \pm 4.85
	RMSE	0.22
	R2	0.98

La estructura encontrada con neuroevolución es mostrada en la Figura 4.10. Está conformada por 3 capas convolucionales, la primer capa convolucional es conformada por dos filtros de 7×7 y una capa de reducción max pooling de 5×5 , la segunda capa convolucional es conformada por ocho filtros de 4×4 seguida por una capa avg pooling de 4×4 , la tercer capa convolucional de 16 filtros de 1×1 sin capa de reducción, finalmente, dos capas completamente conectadas o full connected, y capa final de regresión que dará el resultado.

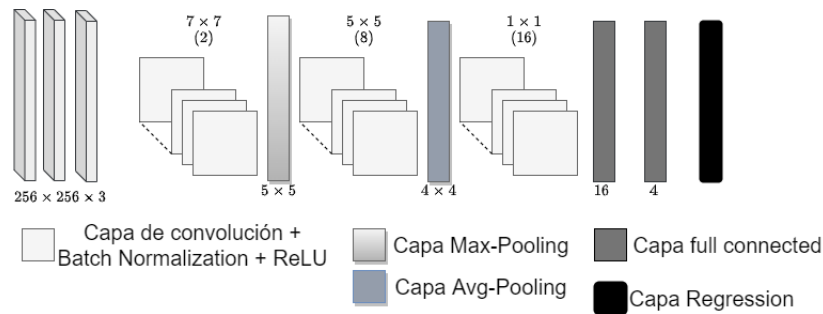


FIGURA 4.10. Representación gráfica de la arquitectura CNN obtenida de Deep GA con histograma triple del espacio de color HSI.

Para una comparativa entre resultados, la estructura de red obtenida fue nuevamente entrenada por 1,000 épocas para conocer su desempeño, el resultado lo podemos observar en la Tabla 4.6.

TABLA 4.6. Resultados de estimación obtenidas de la evaluación de la arquitectura CNN generada de Deep GA con la representación de color histograma triple en el espacio de color HSI.

Deep GA		CNN generada por Deep GA
Caracterización del color		Histograma 2D (H y S) Histograma 2D (H y I) Histograma 2D (S y I)
Entrenamiento	Precisión	98.09 % ±1.14
	RMSE	0.03
	R2	0.99
Prueba	Precisión	92.33 % ±8.04
	RMSE	0.18
	R2	0.99

En la Figura 4.11, podemos observar las estimaciones obtenidas con las diferentes arquitecturas y las determinaciones promediadas del método pH Diferencial.

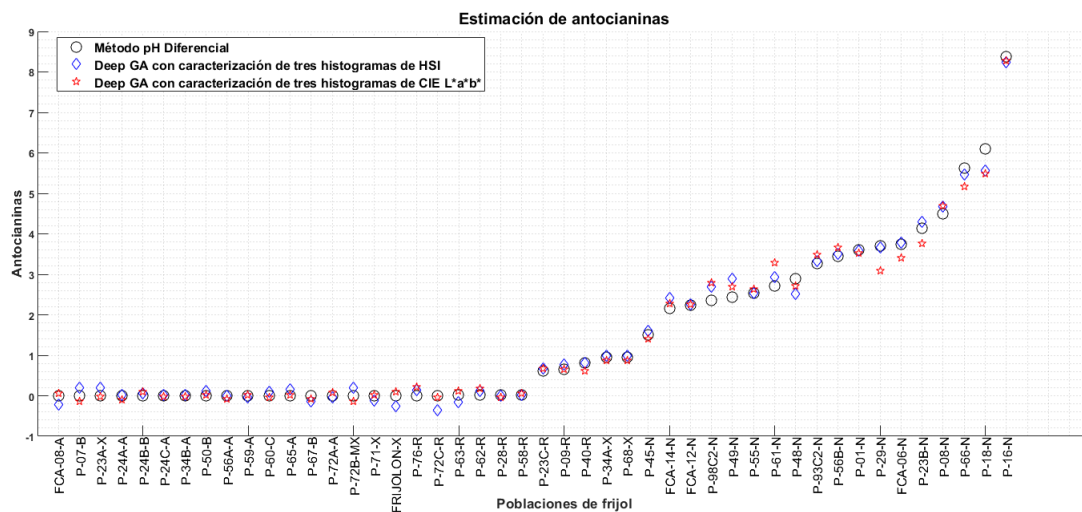


FIGURA 4.11. Resultados de estimación con dos arquitecturas CNN evolucionadas por Deep GA.

Capítulo 5

Discusión

5.1. Estimación de antocianinas en Poblaciones nativas de frijol de color homogéneo

En este trabajo de investigación se inició con la evaluación de diferentes técnicas de aprendizaje y caracterizaciones de color para explorar su desempeño en la estimación de antocianinas en poblaciones de coloración homogénea. Para la medición del desempeño de los modelos evaluados con su respectiva caracterización de color fueron analizados los resultados de precisión obtenidos. En la Tabla 4.1 observamos los resultados obtenidos de los modelos de regresión múltiple con la caracterización de color promedio, alcanzaron una precisión de estimación de antocianinas más baja con un valor de $66.11\% \pm 30.05$ y $76.22\% \pm 28.89$ para HSI y CIE L*a*b*, respectivamente. Para la ANN, el valor de precisión obtenido fue de $83.03\% \pm 24.35$ en el espacio de color HSI y de $86.55\% \pm 14.41$ para el espacio de color CIE L*a*b*. Como conclusión, la ANN supera a los métodos de regresión múltiple alcanzando un menor error de estimación de antocianina en el conjunto de pruebas.

Por otra parte, regresión múltiple con la caracterización de color PCA de histogramas 2D se redujo el error de estimación de antocianinas, alcanzando un valor de precisión de $85.61\% \pm 14.82$ utilizando 10 componentes (que explican el 90% de la varianza de la información de los histogramas) en el espacio de color HSI. En cuanto al espacio de color CIE L*a*b, la caracterización de color PCA obtuvo un valor de precisión de $85.06\% \pm 14.58$ con 17 componentes, explicando el 98.75% de la varianza de los datos de los histogramas. Es esencial mencionar que la caracterización PCA proporciona más información que la caracterización de color promedio. El desempeño de los modelos ANN con la representación PCA disminuye el error de estimación en el espacio de color HSI, obteniendo un valor de precisión de $86.83\% \pm 14.11$ con 28 componentes (explicando el 98.32% de la varianza de los datos de los histogramas) y $87.04\% \pm 13.80$ con seis componentes (explicando el 90.71% de la varianza de los datos del histograma) para CIE L*a*b.

La respuesta a la primera interrogante acerca de la caracterización del color y la técnica de estimación, se concluye que: Los resultados sugieren que ANN con PCA de histogramas 2D se obtiene el menor error de estimación respecto a los modelos de regresión múltiple, por lo tanto, los modelos de ANN presentan un desempeño competitivo en ambos espacios de color, adicionalmente, PCA de histogramas 2D son una caracterización con mayor

información que la caracterización promedios.

La Tabla 4.2 muestra que AnthEstNet con histogramas 2D del espacio de color HSI alcanzó un valor de precisión de $87.68\% \pm 10.95$ y $87.49\% \pm 11.84$ en el espacio de color CIE $L^*a^*b^*$. Los promedios de las precisiones fueron estadísticamente equivalentes en los experimentos. Sin embargo, los valores de desviación estándar obtenidos por AnthEstNet fueron menores en comparación con los obtenidos por ANN en ambos espacios de color.

En la prueba estadística ANOVA la prueba posthoc Tukey fue utilizada para analizar las diferencias entre los valores de precisión y desviación estándar. En cuanto a los valores de precisión, la prueba estadística confirmó que son equivalentes entre todos los métodos comparados, pero en los valores de desviación estándar, la prueba estadística presenta diferencias estadísticas significativas, confirmando que AnthEstNet presenta un comportamiento más estable en comparación con los modelos de las técnicas de ANN. Además, dado que AnthEstNet recibe como entrada los histogramas 2D como caracterización del color, no requiere un proceso de compresión, permitiendo la integración de más información colorimétrica en el proceso de estimación. Adicionalmente, AnthEstNet puede capturar las relaciones espaciales del histograma 2D.

Como se puede observar el Cuadro 4.3, los valores de la desviación estándar de las estimaciones de los modelos comparados y del Método pH Diferencial, presentan una correlación positiva, lo que significa que, si la estimación del Método pH Diferencial presenta un cambio, también lo reflejará la estimación de AnthEstNet. Como resultado, AnthEstNet presenta un comportamiento similar en la estimación y en la varianza de los datos con los métodos químico-invasivos de las poblaciones de color homogéneo.

En la mayoría de los casos las estimaciones alcanzadas se aproximan a los valores de los resultados del Método pH Diferencial, uno de los cuatro valores de estimación de antocianinas se aproxima arriba del 85 % al valor real en la muestra P-98C2 de color negro. Los resultados de estimación que no superan el 85 % se debe a que AnthEstNet emplea los canales de cromaticidad (a^* y b^*) de CIE $L^*a^*b^*$ para estimar la concentración de antocianinas. Observando los resultados de estimación en la misma población, también se observa en los canales de cromaticidad H y S del espacio de color HSI.

5.2. Estimación de antocianinas en Poblaciones nativas de frijol de color homogéneo y heterogéneo

Los resultados obtenidos con AnthEstNet con la caracterización de color histogramas 2D dieron paso a experimentos con neuroevolución para encontrar una arquitectura de red apropiada para esta investigación, adicionalmente, durante la investigación fueron empleadas dos caracterizaciones de color histogramas 2D y PCA de histogramas 2D, con base en los resultados y dada la necesidad de aumentar la precisión fue propuesta una tercera caracterización de color.

El resultado obtenido del primer experimento con neuroevolución lo podemos observar en la Tabla 4.4, en el conjunto de prueba, los modelos ANN generados por NEAT

con la caracterización de color PCA, las precisiones alcanzadas fueron de $87.85\% \pm 16.99$ y $90.60\% \pm 14.81$ con 25 componentes principales en los espacios de color HSI y CIE $L^*a^*b^*$, respectivamente. Para la caracterización de color con histogramas 2D, las precisiones obtenidas fueron de $81.41\% \pm 21.03$ en el espacio de color HSI y de $88.88\% \pm 16.70$ en el espacio de color CIE $L^*a^*b^*$. Como podemos observar, las mayores precisiones se obtuvieron con las caracterizaciones de color el espacio de color CIE $L^*a^*b^*$. La mayor precisión la ofrece el modelo ANN con PCA de histogramas en el espacio de color CIE $L^*a^*b^*$ ($90.60\% \pm 14.81$). Adicionalmente, debe tenerse en cuenta que la similitud de cromaticidad entre poblaciones provoca que los valores de las estimaciones en algunas poblaciones sean inferiores al 85% de precisión. Visualmente se observa en las gráficas de estimación.

Por otra parte, con la finalidad de comprender el motivo por el cual los valores de las precisiones fueron inferiores en el espacio de color HSI, se analizó los conjuntos de datos de entrenamiento y prueba. Los datos provienen de las mismas regiones de interés, adicionalmente, la conversión a los diferentes espacios es la traducción de un espacio de color a otro. Son modelos matemáticos que permiten representar los colores de manera numérica diferente. Es por ello que los datos graficados de las distribuciones de probabilidad en cada espacio de color muestran diferencias que pueden percibirse visualmente en las gráficas 4.7 y 4.8, se observa que la información en el espacio de color HSI presenta una mayor cantidad de patrones (Regiones de frecuencias), en cada uno de los casos del conjunto de datos las regiones son de mayor longitud que las regiones en el espacio de color CIE $L^*a^*b^*$.

Para saber el impacto que tienen las regiones de las frecuencias en cada espacio de color fue medida la similitud entre conjuntos de datos (entrenamiento y prueba) en los mismos espacios de color. La métrica Manhattan fue utilizada para medir la similitud, un valor cercano a cero representa una mayor similitud. En el espacio de color HSI se obtuvo el valor 3.81, mientras que el valor de la comparativa de similitud de los datos en el espacio de color CIE $L^*a^*b^*$ el valor obtenido fue de 2.33. Los valores demuestran la dificultad de estimaciones de antocianinas. Por otra parte, la dimensionalidad de los datos o el incremento del número de variables dificultan el aprendizaje de las redes en NEAT (Mandischer, 2002).

Con base en los resultados obtenidos con NEAT fue necesario considerar una caracterización de color que incluyera el canal de Intensidad (I) en caso del espacio de color HSI y de Luminosidad (L^*) del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$. Con esa finalidad fue definida la caracterización de color conformada por histograma triple. Como podemos observar, los resultados de estimación de las arquitecturas evolucionadas con Deep GA, ofrecen resultados de precisión mayores que los resultados de estimación obtenidos en los experimentos con NEAT. El conjunto de prueba en el espacio de color CIE $L^*a^*b^*$ se obtiene una precisión de $93.53\% \pm 4.85$, mientras que, en el espacio de color HSI $92.33\% \pm 8.04$. Se observó un incremento en la precisión y disminución de la desviación estándar. Con estos resultados se concluye que una caracterización de color que incluye la información del canal de luminosidad fue esencial para robustecer las predicciones. La CNN obtenida con Deep GA con la caracterización de color histograma triple permitieron una mayor precisión, por lo tanto, los resultados obtenidos permitieron la disminución del error de estimación reduciendo la desviación estándar de las estimaciones. Por otra parte, las arquitecturas CNN

evolucionadas con Deep GA, son de menor profundidad comparada con la arquitectura AnthEstNet.

Capítulo 6

Conclusiones y trabajo futuro

En este trabajo fueron realizados significativos aportes a la aplicación de la Inteligencia Artificial para la solución de un problema común para evaluar la calidad de los alimentos, hasta el momento no se tiene evidencia de estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol, además, los trabajos relacionados ofrecen estimación de antocianinas en otros dominios de coloraciones homogéneas, adicionalmente, reportan el uso de promedios como caracterización de color. Por tal razón, se ofrece una metodología de estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol utilizando la distribución de color de un conjunto de semillas. Fue vital la construcción de un sistema de visión por computadora. Por consiguiente, la integración de un entorno de iluminación controlado con difusor fue indispensable, a diferencia de otras muestras reportadas en la literatura, las semillas de algunas poblaciones de frijol brillan con la luz que incide directamente, no obstante, el uso de un difusor fue esencial para la reducción de brillo especular. Adicionalmente, una cámara digital colocada en la parte alta central fue colocada para la adquisición de imágenes.

Fue esencial integrar un flujo de trabajo de reproducción de imágenes a color, para tal fin, fue requerido un procedimiento estandarizado de calibración de color en imágenes, para conseguirlo, fue empleada una referencia colorimétrica como lo es el ColorChecker y su software de creación de perfiles. La conversión del espacio de color RGB a CIE $L^*a^*b^*$ requiere el perfil ICC de la cámara fotográfica usada para el fin en particular, adicionalmente, esto permite no depender de un modelo de cámara en particular.

En la estimación de antocianinas en poblaciones nativas de frijol de color homogéneo, los primeros experimentos fueron con técnicas de regresión múltiple y ANN con las caracterizaciones colorimétricas promedios y PCA de histogramas 2D para analizar su desempeño de estimación. Los primeros experimentos demostraron que una caracterización de color con mayor información y el uso de técnicas de regresión de mayor complejidad, se obtenía una disminución del error de estimación. Por lo tanto, los primeros resultados mostraron que ANN con PCA de histogramas 2D ofrecían las mayores precisiones en comparación con promedios. Por consiguiente, nuestra propuesta llamada AnthEstNet fue utilizada recibiendo como entrada los histogramas 2D, posteriormente, fue realizada la comparativa de resultados entre ANN con PCA de histogramas 2D y CNN (AnthEstNet) con histogramas 2D. Los resultados mostraron una mayor precisión usando nuestra propuesta de red (AnthEstNet). Los cuales mostraron que una arquitectura de CNN con histogramas 2D como entrada ofrecieron una disminución del error de estimación. Por consiguiente, aproximaron los valores de estimación a los reportados por el procedimiento de laboratorio en la mayoría de las muestras de poblaciones de frijol de color homogéneo.

Caracterizar el color mediante histogramas creados a partir de la distribución de color de las semillas usando funciones de probabilidad de la masa permite considerar los patrones de color, es una representación que integra mayor información colorimétrica que promedios y PCA.

Los resultados dieron paso a la estimación de poblaciones nativas de frijol de color homogéneo y heterogéneo, fueron implementados experimentos con técnicas de neuroevolución, con la finalidad de evolucionar estructuras de ANN con el algoritmo NEAT con dos caracterizaciones de color, PCA de histogramas e histogramas 2D de los canales de cromaticidad, con base en los resultados obtenidos, se observó que a pesar de que la precisión promedio obtenida fue mayor al 85 %, los valores de estimación de algunas poblaciones no fueron aproximados a sus valores de referencia, debido a la similitud de coloración entre poblaciones de frijol con diferente concentración de antocianinas.

Fue necesario integrar el canal de luminosidad para generar una caracterización de color que permitiera mayor información, como resultado fue propuesta una caracterización de color de triple histograma 2D, dicha caracterización, fue utilizada como entrada para que el algoritmo Deep GA para evolucionar CNN. El resultado alcanzado fue de dos arquitecturas de red para la estimación de antocianinas. Cada arquitectura fue evaluada obteniendo los porcentajes de precisión de 93.53 % (± 4.85) para la caracterización en el espacio de color CIE L*a*b*, mientras que, para la arquitectura de red evaluada con los datos del espacio de color HSI se obtuvo 92.33 % (± 8.04) de precisión en el conjunto de prueba. Con base en los resultados el uso de una herramienta de neuroevolución fue fundamental para obtener arquitecturas de red optimizadas para solucionar la necesidad de estimación de antocianinas en poblaciones de color homogéneo y heterogéneo.

Fueron realizados y reportados los experimentos que permitieron mostrar que las técnicas de visión computacional y aprendizaje supervisado son una alternativa confiable para ofrecer soluciones de estimación no invasivas, por lo tanto, se cumple la hipótesis de este trabajo, que indica la posibilidad de estimar antocianinas en poblaciones de frijol de coloración heterogénea.

Todo el procedimiento permitió la creación de un sistema de visión por computadora funcional para estimación de antocianinas, adicionalmente, se tiene un software de estimación desarrollado con el software App Designer de Matlab para el usuario final con la finalidad de estimar antocianinas en nuevas muestras (Anexo C).

Como trabajo futuro, se propone la integración de un mayor número de poblaciones de frijol, con la finalidad de generar una solución de modelo de red convolucional que permita considerar las posibles coloraciones de las poblaciones de frijol.

La metodología de este trabajo incluye un procedimiento estandarizado ideal para reportar resultados de experimentaciones en otros tipos de muestras. También puede ser usado en la estimación de compuestos relacionados con el color de otras muestras diferentes al frijol.

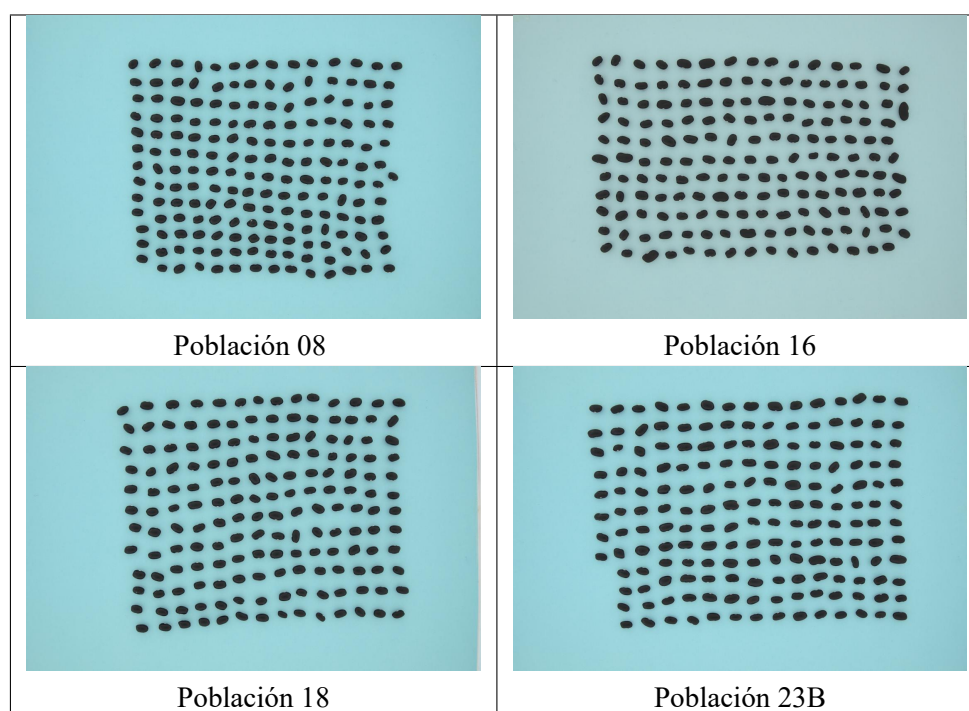
Nuestra propuesta de red AnthEstNet con histogramas 2D podría adaptarse para estimar otros compuestos en muestras de coloración homogénea, adicionalmente, también podría implementarse para resolver problemas de clasificación por estados de madurez en frutos.

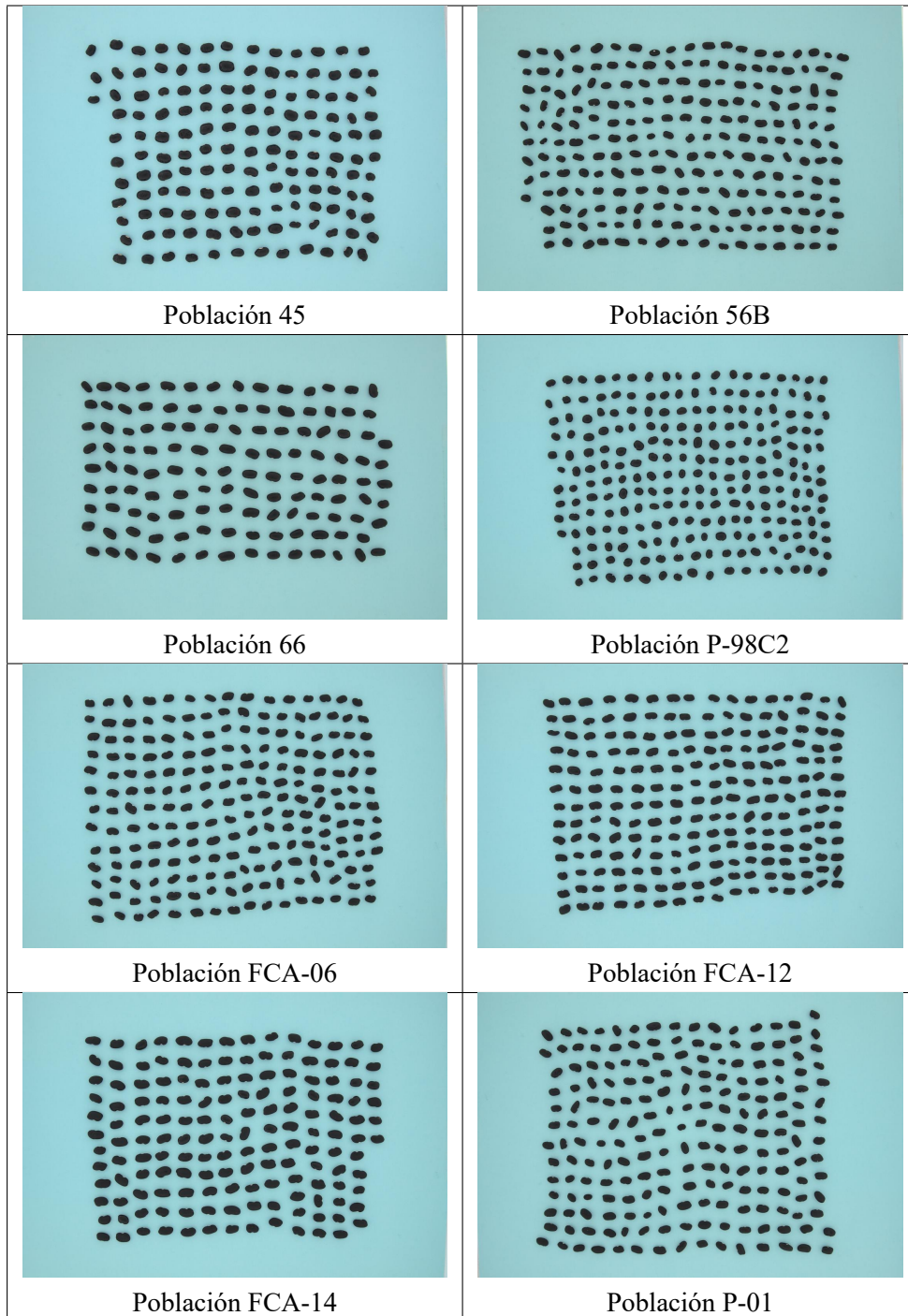
La metodología de este trabajo podría replicarse a problemas complejos como estimación de otros compuestos relacionados con el color en muestras de coloración heterogénea. La caracterización de color histogramas 2D triple permite considerar la completa información de color de distintos espacios de color de una imagen.

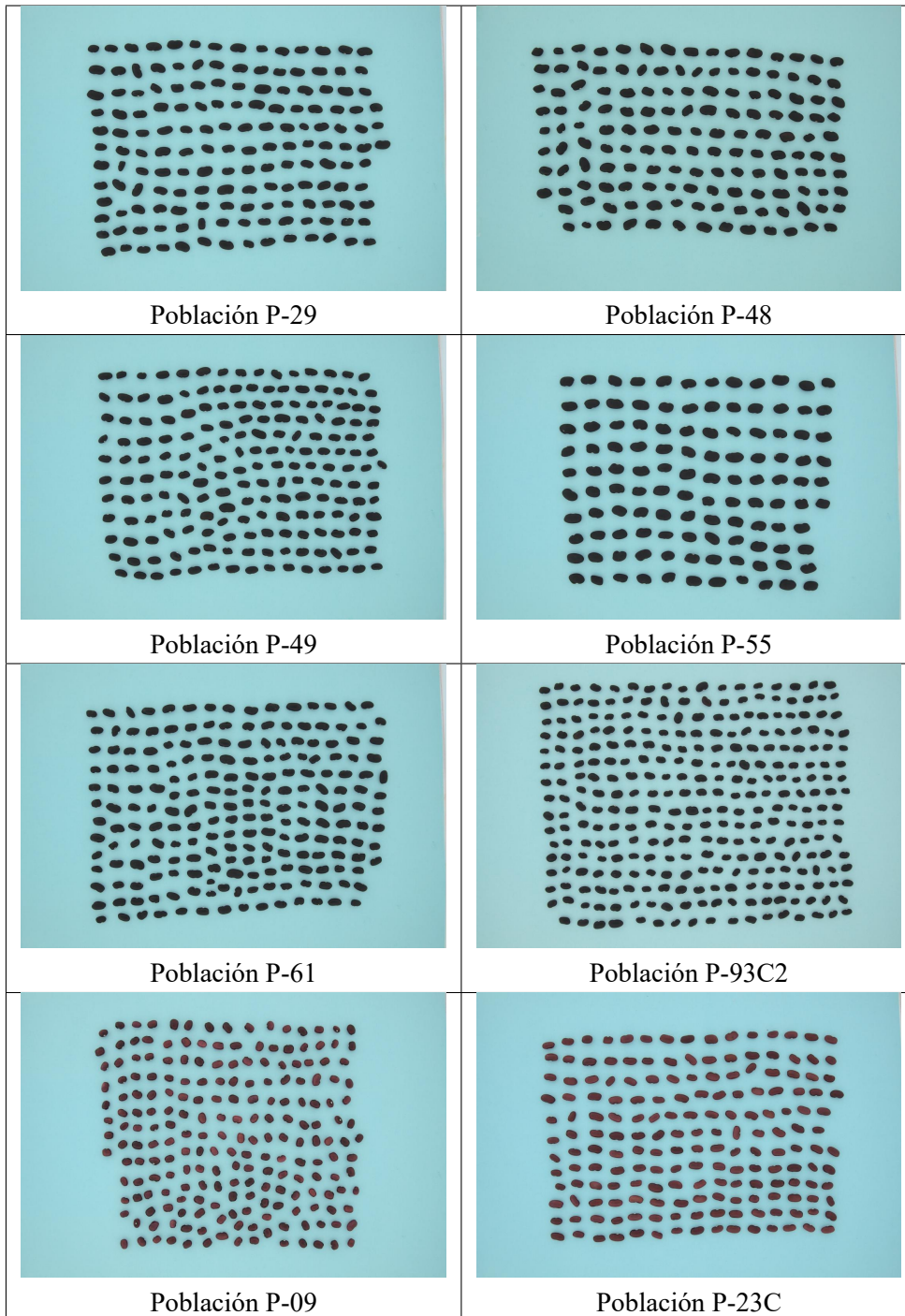
Apéndice A

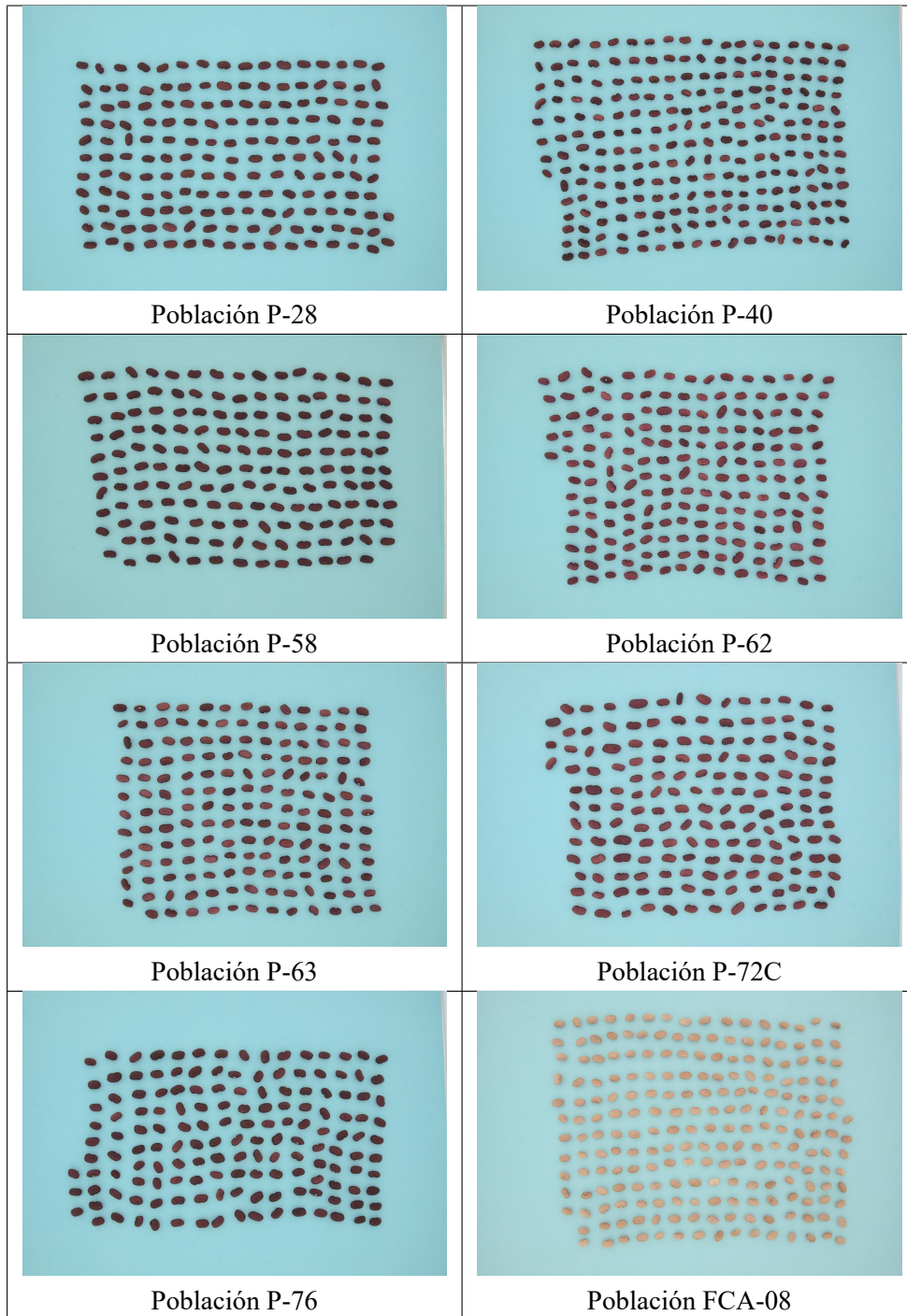
Apéndice A

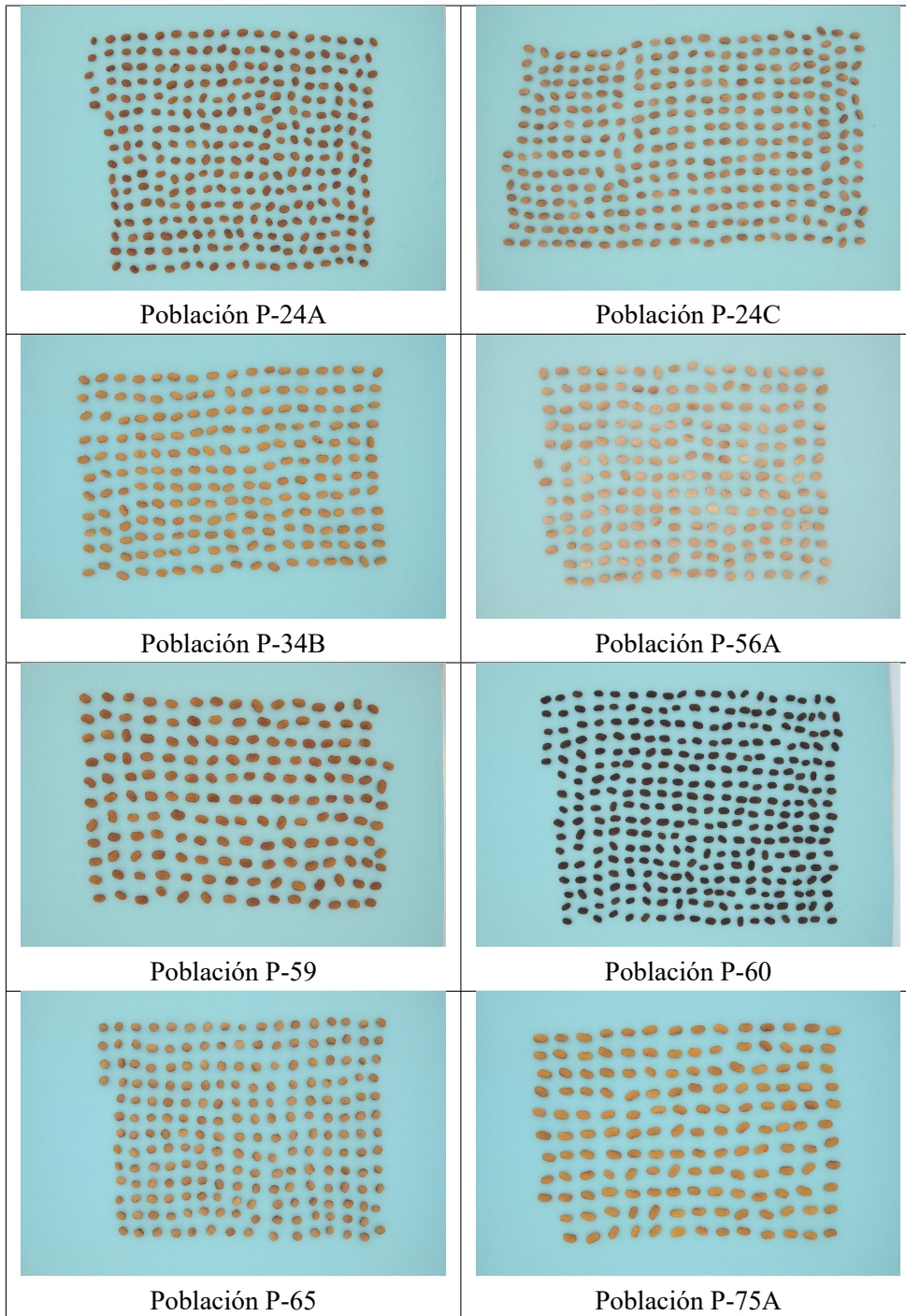
A.1. Poblaciones nativas de frijol

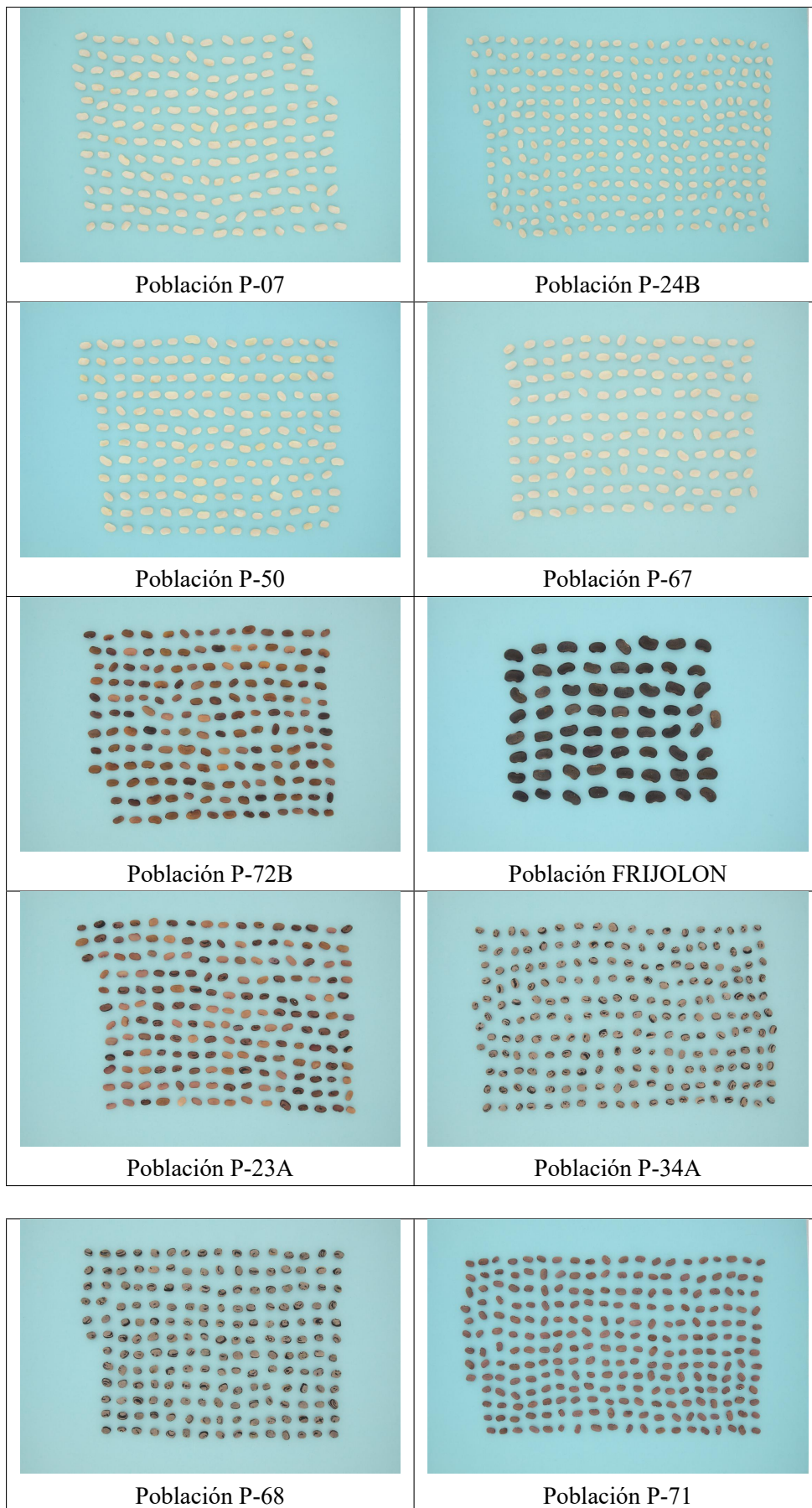












Apéndice B

Resultados de la cuantificación de antocianinas monoméricas

La Tabla B.1 muestra los resultados de la estimación de antocianinas monoméricas de las poblaciones nativas de frijol de este estudio.

TABLA B.1. Estimación de antocianinas monoméricas de las poblaciones nativas de frijol por el método químico. Los resultados se expresaron como $mg\ C3G\ g^{-1}$ en base seca.

Poblaciones de frijol	Color	Determinaciones				Valor promedio	Desviación estándar
		1	2	3	4		
P-16	Negro	7.5352	8.5192	8.9689	8.5070	8.3826	0.6044
P-18	Negro	5.9364	5.9956	6.1135	6.3536	6.0997	0.1845
P-66	Negro	5.4687	5.7729	5.4438	5.8267	5.6280	0.1998
P-08	Negro	4.3568	4.5440	4.4971	4.5995	4.4994	0.1039
P-23B	Negro	4.1260	4.2429	3.9778	4.2371	4.1459	0.1243
FCA-06	Negro	4.9452	2.6965	3.3184	3.9789	3.7347	0.9620
P-29	Negro	3.6598	3.6825	3.8166	3.6472	3.7015	0.0781
P-01	Negro	3.4187	3.5752	3.6783	3.7113	3.5959	0.1316
P-56B	Negro	3.3074	3.4732	3.5522	3.4863	3.4548	0.1042
P-93C2	Negro	3.1766	3.2479	3.3794	3.2602	3.2660	0.0841
P-48	Negro	2.3390	4.5856	2.1318	2.5216	2.8945	1.1386
P-61	Negro	2.5430	2.8440	2.7044	2.7877	2.7198	0.1310
P-55	Negro	2.5648	2.3793	2.6491	2.5071	2.5250	0.1133
P-49	Negro	2.2953	2.4499	2.4907	2.5203	2.4391	0.1001
P-98C2	Negro	2.3313	2.3467	2.3915	2.3718	2.3603	0.0267
FCA-12	Negro	2.1624	2.2812	2.2513	2.2662	2.2403	0.0533
FCA-14	Negro	1.9095	2.2044	1.9363	2.5894	2.1599	0.3158
P-45	Negro	1.5326	1.4761	1.4578	1.5515	1.5045	0.0447
P-68	Heterogéneo	0.8811	0.9587	1.0026	0.9927	0.9588	0.0551
P-34A	Heterogéneo	0.9475	0.9360	0.9766	0.9534	0.9534	0.0171
P-40	Rojo	0.7862	0.8917	0.8106	0.7887	0.8193	0.0495
P-09	Rojo	0.5668	0.5917	0.7270	0.7083	0.6485	0.0809
P-23C	Rojo	0.5631	0.6555	0.6339	0.5752	0.6069	0.0447

Continúa en la página siguiente

Apéndice C

Sistema para la Estimación de Antocianinas en Poblaciones de Frijol (SEAPF)

Uno de los objetivos de este trabajo fue programar una herramienta de software a usuarios del sistema para estimar antocianinas en poblaciones nativas de frijol. Para tal fin, fue desarrollada la herramienta SEAPF (Figura C.1).

The screenshot shows the SEAPF software interface. The title bar reads 'SEAPF'. The main header contains the text 'SEAPF Sistema para la Estimación de Antocianinas en Poblaciones de Frijol'. The interface is divided into two main sections: 'Muestra y regiones de interés' on the left and 'Resultados de análisis' on the right.

In the 'Muestra y regiones de interés' section, there is a 'Cargar muestra' button and a visual representation of a bean sample with a grid overlay. Below it is another visual representation of a different sample. At the bottom of this section is an 'Analizar la muestra' button.

The 'Resultados de análisis' section displays 'Similitudes con otras muestras' in a table format:

Sample ID	Percentage	Color Type	Antocianinas Concentration
P-09	%23.1899	Rojo Antocianinas	0.64845
POB-69	%21.8145	Mezcla morado y negro Antocianinas	0.90628
P-76	%18.5692	Rojo Antocianinas	0.0040799
P-40	%18.2749	Rojo Antocianinas	0.8193
POB-09	%18.1515	Rojo Antocianinas	0.52743

Below the table, a summary box states: 'La muestra tiene concentración de 0.10598 mg Cyn-3-Glu g-1 b.s.' and lists color characteristics: 'Rojo', 'Mezcla morado y negro', 'Amarillo', 'Amarillo con negro', 'Blanco', and provides colorimetric data: 'L* :30.6663 a* :-7.225 b* :-2.7754 C* :7.8878 H* :327.8648'.

At the bottom, there is a 'Panel informativo' with buttons for 'Mostrar información de color', 'Generar reporte de análisis', and 'Realizar nuevo análisis'. A status indicator shows 'Proceso finalizado'.

FIGURA C.1. Interfaz de la herramienta y el resultado de analizar una nueva muestra.

SEAPF fue desarrollado para ser intuitivo y fácil de usar, su ventana principal contiene las funciones necesarias para la estimación de antocianinas en nuevas muestras, en el panel Muestra y regiones de interés ubicado en la parte izquierda de la ventana está

la opción que permite cargar la imagen representativa de una muestra de frijol. El botón **Cargar muestra** permite cargar la imagen de una muestra de frijol, durante la carga la herramienta internamente realizará procesamiento digital para segmentar la imagen y ubicar las regiones de interés. Posterior a la carga de la imagen, en la parte baja del mismo panel es ubicada la opción que permite indicar el **número de poblaciones similares** de la muestra que SEAPF analizará y que comparten similitud colorimétrica.

El panel Resultados de análisis ubicado en la parte derecha mostrará la información del análisis de la muestra, en la parte superior será desplegado un conjunto de imágenes de poblaciones de frijol que comparten similitud colorimétrica con la muestra analizada, adicionalmente la información de su respectiva concentración de antocianinas y su etiqueta de color.

Con fines informativos, en la parte media del panel la información de la concentración de antocianinas de la muestra y los valores de los parámetros L^* , a^* , b^* , el valor de cromaticidad (C^*) y ángulo de matiz (H^*) podrán ser visualizados.

El valor de concentración de antocianinas es calculado usando la información colorimétrica de la muestra, para ello, la caracterización de color se realiza mediante histograma triple que resulta de la unión de tres histogramas 2D creados a partir de funciones de probabilidad de los canales de color de CIE $L^*a^*b^*$. Un modelo de red neuronal convolucional recibe como entrada el histograma triple para realizar la predicción o estimación de concentración. Dicha red fue previamente generada usando neuroevolución (Algoritmo Deep GA).

Finalmente, en la parte baja del panel los botones para realizar acciones, el primer botón **Mostrar información de color** mostrará la ventana información de color para mostrar información de color de la muestra (Sección C.0.1), el segundo botón **Generar reporte de análisis** mostrará un informe del análisis (Sección C.0.2) y el tercer botón **Realizar nuevo análisis** dará paso a un nuevo análisis limpiando los paneles.

C.0.1. información de color de la muestra

La ventana información de color desplegará la información de color de la muestra mediante gráficas, esto es un complemento que da información colorimétrica acerca de la muestra, en dicha ventana se podrá consultar los parámetros de color con 3 gráficas (Ver Figura C.2), el primer gráfico mostrará la distribución de color de la muestra en los tres canales del espacio de color CIE $L^*a^*b^*$, la segunda gráfica mostrará la cromaticidad y ángulo de matiz de la distribución de color. La tercera gráfica mostrará los valores promedios de los parámetros de color de la cromaticidad y ángulo de matiz.

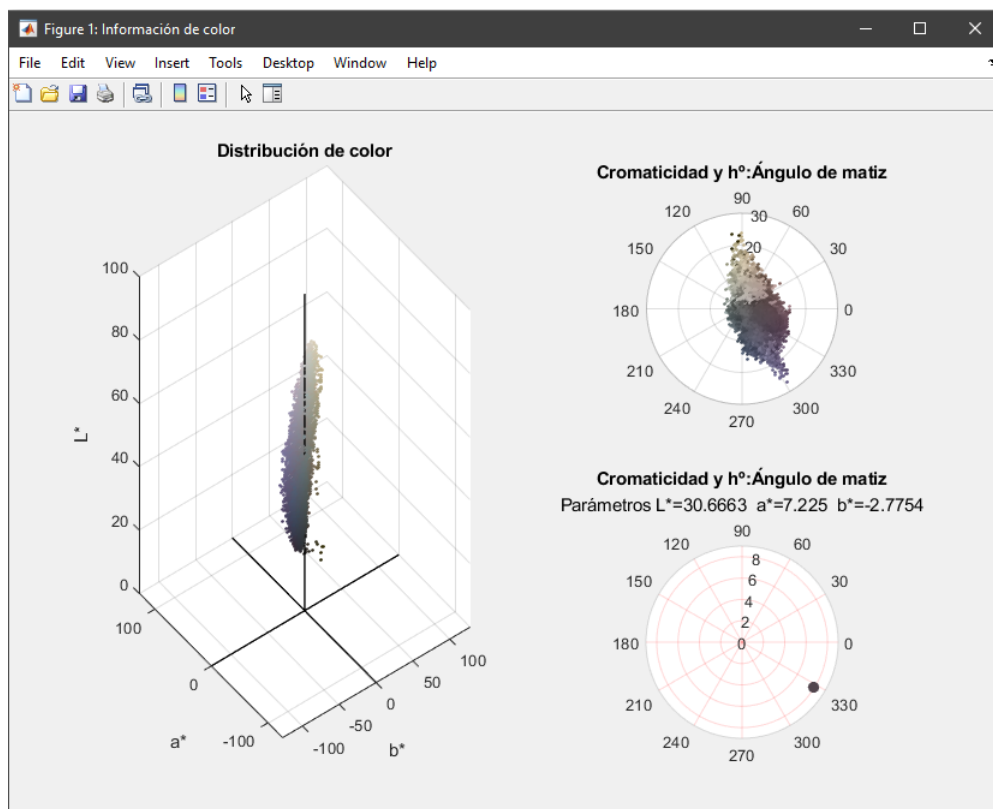


FIGURA C.2. Ventana con gráficas de información de color.

C.0.2. Reporte de análisis

Una funcionalidad de gran apoyo es la generación de reporte de análisis, SEAPF permite generar el reporte de análisis en formato pdf de la muestra analizada, esta funcionalidad queda disponible al finalizar la estimación de antocianinas de la muestra. La generación del reporte será presionando el botón Generar reporte de análisis explicado anteriormente. Esta funcionalidad mostrará una ventana que contendrá los datos obtenidos del análisis, contendrá la imagen de la muestra analizada seguida de las imágenes de las poblaciones con las cuales comparte similitud colorimétrica. adicionalmente serán incluidos los parámetros L^* , a^* , b^* , cromaticidad (C^*) y ángulo de matiz (H^*). La Figura C.3 muestra un ejemplo de reporte.

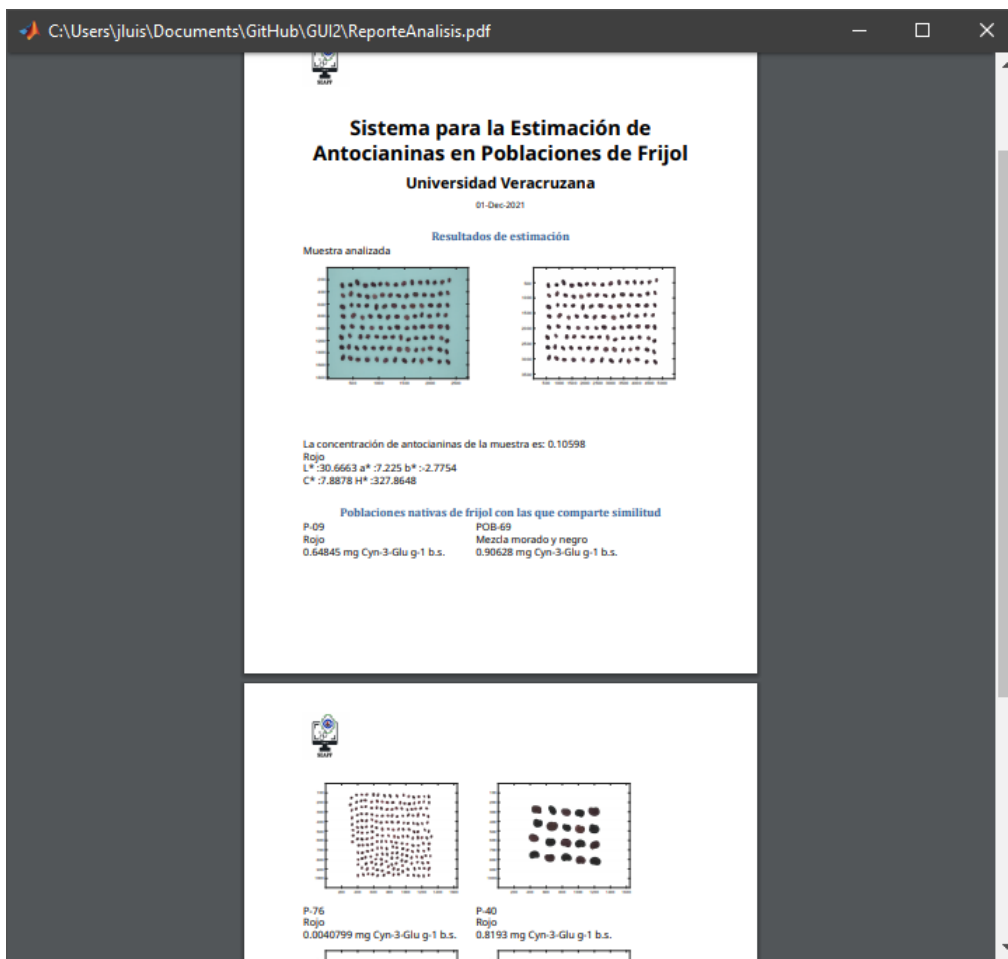


FIGURA C.3. SEAPF: Reporte del análisis de estimación de antocianinas

Apéndice D

Manual de usuario

Un elemento esencial de un sistema de usuario final es la documentación acerca de su uso. Para tal fin, fue escrito el manual de usuario que explica el uso de los elementos que forman parte del sistema de estimación de antocianinas. El manual de usuario considera cubrir todo lo necesario para su uso cubriendo puntos que van desde la adquisición de imágenes hasta la estimación de antocianinas en muestras de frijol, el índice del manual se muestra a continuación.

1. Introducción
2. Caja fotográfica
 - a) Requisitos eléctricos
 - 1) Conexión eléctrica
 - b) Encendido de focos
 - 1) Fuentes de iluminación
 - 2) Reemplazo de focos
3. Dimensiones de la caja fotográfica
4. Difusor de luz
5. Funcionalidad de la caja fotográfica
6. Uso de la caja fotográfica
7. Colocación de la cámara
 - a) Colocación de las semillas de la muestra
8. Cámara fotográfica
 - a) Colocación de la cámara
 - b) Cámara digital fotográfica
 - c) Configuración de disparo
 - d) Revelado de archivo digital negativo
 - 1) Darktable
 - 2) Revelado archivos digitales RAW

9. Estandarización y calibración del color

- a) X-Rite ColorChecker Passport
- b) Software de calibración de cámara
 - 1) Instalación de ColorChecker Camera Calibration
 - 2) Creación de perfil ICC personalizado

10. Flujo de trabajo de reproducción de imágenes en color

- a) Flujo de trabajo

11. SEAPF

- a) SEAPF
- b) Instalación del entorno de ejecución
- c) Sistema para la estimación de antocianinas en poblaciones de frijol
- d) Analizar una nueva muestra
 - 1) Mostrar información de color
 - 2) Generar reporte de análisis

Apéndice E

Entorno de iluminación

E.1. Caja fotográfica

El entorno de iluminación utilizado en este trabajo es una caja que tiene las dimensiones de 68 cm x 68 cm x 60 cm de altura (Ver Figura E.1).



FIGURA E.1. Caja fotográfica con difusor de luz.

La caja fotográfica fue diseñada para facilitar la colocación de las muestras, para tal fin, fue incluida una plataforma deslizable (Ver Figura E.2) que debe jalar para colocar la muestra y empujar para posicionar frente a la lente de la cámara. El área de adquisición es de 38x38cm, suficiente espacio para colocar las semillas de una muestra de 60 gramos.

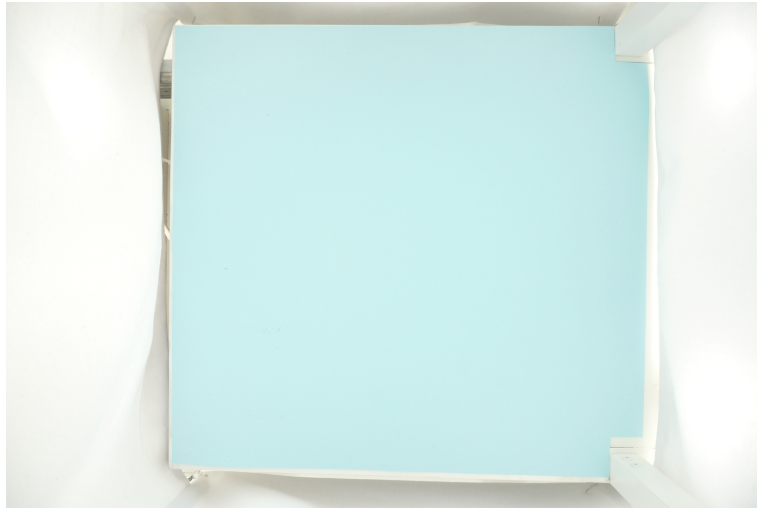


FIGURA E.2. Área de adquisición

Para jalar la base deslizable debe hacerse usando la manija o jaladera de barra (Ver Figura E.3).



FIGURA E.3. Jaladera de barra.

El difusor que cubre el área de fotografiado es tela blanca gabardina, el tipo de tejido y el grosor que presenta la tela evita que la luz pase por orificios del mismo tejido. Fueron colocadas dos capas de tela para difuminar completamente la luz en el área de adquisición. La tela es sujeta a unos ganchos dentro de la caja de luz (Ver Figura E.4).



FIGURA E.4. Difusor de luz.

Bibliografía

- Adams, R., & Bischof, L. (1994). Seeded region growing. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 16(6), 641-647. <https://doi.org/10.1109/34.295913>
- Agarap, A. F. (2018). Deep learning using rectified linear units (relu). *arXiv preprint arXiv:1803.08375*.
- Aquino-Bolaños, E., García-Díaz, Y., Chavez-Servia, J., Carrillo-Rodríguez, J., Vera-Guzman, A., & Heredia-Garcia, E. (2017). Anthocyanins, polyphenols, flavonoids and antioxidant activity in common bean (*Phaseolus Vulgaris* L.) landraces. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 28(8), 581-588. <https://doi.org/https://doi.org/10.9755/ejfa.2016-02-147>
- Ataie-Jafari, A., Hosseini, S., Karimi, F., & Pajouhi, M. (2008). Effects of sour cherry juice on blood glucose and some cardiovascular risk factors improvements in diabetic women: A pilot study. *Nutrition and Food Science*. <https://doi.org/doi:10.1108/00346650810891414>
- Berry, W. D., Feldman, S., & Stanley Feldman, D. (1985). *Multiple regression in practice*. Sage.
- Berzal, F. (2018). *Redes neuronales and deep learning: Volumen I*. Independently published.
- Bjorck, N., Gomes, C. P., Selman, B., & Weinberger, K. Q. (2018). Understanding batch normalization. *Advances in neural information processing systems*, 31.
- Bowen-Forbes, C. S., Zhang, Y., & Nair, M. G. (2010). Anthocyanin content, antioxidant, anti-inflammatory and anticancer properties of blackberry and raspberry fruits [Horticulture, Biodiversity and Nutrition]. *Journal of Food Composition and Analysis*, 23(6), 554-560. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jfca.2009.08.012>
- Brosnan, T., & Sun, D.-W. (2004). Improving quality inspection of food products by computer vision—a review [Applications of computer vision in the food industry]. *Journal of Food Engineering*, 61(1), 3-16. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0260-8774\(03\)00183-3](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0260-8774(03)00183-3)
- Chai, T., & Draxler, R. R. (2014). Root mean square error (RMSE) or mean absolute error (MAE)?—Arguments against avoiding RMSE in the literature. *Geoscientific model development*, 7(3), 1247-1250.
- Chen, S., Zhang, F., Ning, J., Liu, X., Zhang, Z., & Yang, S. (2015). Predicting the anthocyanin content of wine grapes by NIR hyperspectral imaging. *Food Chemistry*, 172, 788-793. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2014.09.119>
- Chen, Y., Zheng, L., Wang, M., Wu, M., & Gao, W. Prediction of chlorophyll and anthocyanin contents in purple lettuce based on image processing. En: *En 2020 ASABE Annual International Virtual Meeting*. American Society of Agricultural y Biological Engineers. 2020, 1.

- Chávez-Mendoza, C., Hernández-Figueroa, K. I., & Sánchez, E. (2019). Antioxidant Capacity and Phytonutrient Content in the Seed Coat and Cotyledon of Common Beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from Various Regions in Mexico. *Antioxidants*, 8(1). <https://doi.org/10.3390/antiox8010005>
- Chávez-Servia, J. L., Heredia-García, E., Mayek-Pérez, N., Aquino-Bolaños, E. N., Hernández-Delgado, S., Carrillo-Rodríguez, J. C., Gill-Langarica, H. R., & Vera-Guzmán, A. M. Diversity of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Landraces and the Nutritional Value of their Grains (A. K. Goyal, Ed.). En: *Grain Legumes* (A. K. Goyal, Ed.). Ed. por Goyal, A. K. Rijeka: IntechOpen, 2016. Cap. 1. <https://doi.org/10.5772/63439>
- Cruz, P. P. (2011). *Inteligencia artificial con aplicaciones a la ingeniería*. Alfaomega.
- del Valle, J. C., Gallardo-López, A., Buide, M. L., Whittall, J. B., & Narbona, E. (2018). Digital photography provides a fast, reliable, and noninvasive method to estimate anthocyanin pigment concentration in reproductive and vegetative plant tissues. *Ecology and Evolution*, 8(6), 3064-3076. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/ece3.3804>
- Eli-Chukwu, N. C. (2019). Applications of artificial intelligence in agriculture: A review. *Engineering, Technology & Applied Science Research*, 9(4), 4377-4383.
- Farrell, N., Norris, G., Lee, S. G., Chun, O. K., & Blesso, C. N. (2015). Anthocyanin-rich black elderberry extract improves markers of HDL function and reduces aortic cholesterol in hyperlipidemic mice. *Food Funct.*, 6, 1278-1287. <https://doi.org/10.1039/C4FO01036A>
- Fernandes, A. M., Franco, C., Mendes-Ferreira, A., Mendes-Faia, A., da Costa, P. L., & Melo-Pinto, P. (2015). Brix, pH and anthocyanin content determination in whole Port wine grape berries by hyperspectral imaging and neural networks. *Computers and Electronics in Agriculture*, 115, 88-96. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.compag.2015.05.013>
- Floreano, D., Dürr, P., & Mattiussi, C. (2008). Neuroevolution: from architectures to learning. *Evolutionary intelligence*, 1(1), 47-62. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/s12065-007-0002-4>
- Galván, E., & Mooney, P. (2021). Neuroevolution in Deep Neural Networks: Current Trends and Future Challenges. *IEEE Transactions on Artificial Intelligence*, 2(6), 476-493. <https://doi.org/10.1109/TAI.2021.3067574>
- Garzón, G. A. (2008). Las antocianinas como colorantes naturales y compuestos bioactivos: Revisión. *Acta Biológica Colombiana*, 13, 27 -36. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-548X2008000300002&nrm=iso
- Giusti, M., & Wrolstad, R. E. (2001). Characterization and Measurement of Anthocyanins by UV-Visible Spectroscopy. *Current Protocols in Food Analytical Chemistry*, 00(1), F1.2.1-F1.2.13. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/0471142913.faf0102s00>
- Gong, J., Li, L., & Chen, W. (1998). Fast recursive algorithms for two-dimensional thresholding. *Pattern Recognition*, 31(3), 295 -300. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0031-3203\(97\)00043-5](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0031-3203(97)00043-5)
- Gonzalez, R. C., & Woods, R. E. (2002). *Digital image processing*. Prentice Hall Press.
- Goodwin, P., & Lawton, R. (1999). On the asymmetry of the symmetric MAPE. *International journal of forecasting*, 15(4), 405-408.

- Grimes, K. L., Stuart, C. M., McCarthy, J. J., Kaur, B., Cantu, E. J., & Forester, S. C. (2018). Enhancing the Cancer Cell Growth Inhibitory Effects of Table Grape Anthocyanins. *Journal of Food Science*, 83(9), 2369-2374. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/1750-3841.14294>
- Grimm, E., Kuhnke, F., Gajdt, A., Ostermann, J., & Knoche, M. (2022). Accurate Quantification of Anthocyanin in Red Flesh Apples Using Digital Photography and Image Analysis. *Horticulturae*, 8(2). <https://doi.org/10.3390/horticulturae8020145>
- Guo, Y., Liu, Y., Oerlemans, A., Lao, S., Wu, S., & Lew, M. S. (2016). Deep learning for visual understanding: A review [Recent Developments on Deep Big Vision]. *Neurocomputing*, 187, 27-48. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.neucom.2015.09.116>
- Hanushek, E. A., & Jackson, J. E. (2013). *Statistical methods for social scientists*. Academic Press.
- Hidalgo, M., Martin-Santamaria, S., Recio, I., Sanchez-Moreno, C., de Pascual-Teresa, B., Rimbach, G., & de Pascual-Teresa, S. (2012). Potential anti-inflammatory, anti-adhesive, anti/estrogenic, and angiotensin-converting enzyme inhibitory activities of anthocyanins and their gut metabolites. *Genes and nutrition*, 7(2), 295-306. <https://doi.org/10.1007/s12263-011-0263-5>
- Horbowicz, M., Kosson, R., Grzesiuk, A., & Dębski, H. (2008). Anthocyanins of Fruits and Vegetables - Their Occurrence, Analysis and Role in Human Nutrition. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*, 68(1), 5-22. <https://doi.org/doi:10.2478/v10032-008-0001-8>
- Ibraheem, N. A., Hasan, M. M., Khan, R. Z., & Mishra, P. K. (2012). Understanding color models: a review. *ARPJ Journal of science and technology*, 2(3), 265-275.
- Kim, P. Convolutional neural network. En: *En MATLAB deep learning*. Springer, 2017, pp. 121-147.
- Korytkowski, P., & Olejnik-Krugly, A. (2017). Precise capture of colors in cultural heritage digitization. *Color Research and Application*, 42(3), 333-336. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/col.22092>
- Lehman, J., & Miikkulainen, R. (2013). Neuroevolution [revision #137053]. *Scholarpedia*, 8(6), 30977. <https://doi.org/10.4249/scholarpedia.30977>
- Mandischer, M. (2002). A comparison of evolution strategies and backpropagation for neural network training [Evolutionary neural systems]. *Neurocomputing*, 42(1), 87-117. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0925-2312\(01\)00596-3](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0925-2312(01)00596-3)
- Montgomery, D., Peck, E., & Vining, G. G. (2006). Introducción al análisis de regresión lineal. *México: Limusa Wiley*.
- Nirumand, M. C., Hajialyani, M., Rahimi, R., Farzaei, M. H., Zingue, S., Nabavi, S. M., & Bishayee, A. (2018). Dietary Plants for the Prevention and Management of Kidney Stones: Preclinical and Clinical Evidence and Molecular Mechanisms. *International Journal of Molecular Sciences*, 19(3). <https://doi.org/10.3390/ijms19030765>
- Pishro-Nik, H. (2016). Introduction to probability, statistics, and random processes.
- Prilianti, K. R., Onggara, I. C., Adhiwibawa, M. A., Brotosudarmo, T. H., Anam, S., & Suryanto, A. Multispectral Imaging and Convolutional Neural Network for Photosynthetic Pigments Prediction. En: *En 2018 5th International Conference on Electrical Engineering, Computer Science and Informatics (EECSI)*. 2018, 554-559. <https://doi.org/10.1109/EECSI.2018.8752649>

- Prilianti, K. R., Anam, S., Brotosudarmo, T. H. P., & Suryanto, A. (2020). Real-time assessment of plant photosynthetic pigment contents with an artificial intelligence approach in a mobile application. *Journal of Agricultural Engineering*, 51(4), 220–228. <https://doi.org/10.4081/jae.2020.1082>
- Prilianti, K. R., Setiyono, E., Kelana, O. H., & Brotosudarmo, T. H. P. (2021). Deep chemometrics for nondestructive photosynthetic pigments prediction using leaf reflectance spectra. *Information Processing in Agriculture*, 8(1), 194-204. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.inpa.2020.02.001>
- Reyes, J. L. M., Mesa, H. G. A., Bolaños, E. N. A., Meza, S. H., Ramírez, N. C., & Servia, J. L. C. Classification of Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Landraces with Heterogeneous Seed Color using a Probabilistic Representation. En: En *2021 IEEE International Autumn Meeting on Power, Electronics and Computing (ROPEC)*. 5. 2021, 1-7. <https://doi.org/10.1109/ROPEC53248.2021.9668106>
- Romero-Arenas, O., Damián-Huato, M., Rivera-Tapia, J., Báez-Simón, A., Huerta-Lara, M., & Cabrera-Huerta, E. (2013). The nutritional value of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) and its importance for feeding of rural communities in Puebla, Mexico. *International Research Journal of Biological Sciences*, 2(8), 59-65.
- Rouxinol, M. I., Martins, M. R., Murta, G. C., Mota Barroso, J., & Rato, A. E. (2022). Quality Assessment of Red Wine Grapes through NIR Spectroscopy. *Agronomy*, 12(3). <https://doi.org/10.3390/agronomy12030637>
- Sharma, R. Artificial Intelligence in Agriculture: A Review. En: En *2021 5th International Conference on Intelligent Computing and Control Systems (ICICCS)*. 2021, 937-942. <https://doi.org/10.1109/ICICCS51141.2021.9432187>
- Soleri, D., Worthington, M., Aragón-Cuevas, F., Smith, S. E., & Gepts, P. (2013). Farmers' varietal identification in a reference sample of local *Phaseolus* species in the Sierra Juárez, Oaxaca, Mexico. *Economic Botany*, 67(4), 283-298.
- Stanley, K. O., Clune, J., Lehman, J., & Miikkulainen, R. (2019). Designing neural networks through neuroevolution. *Nature Machine Intelligence*, 1(1), 24-35.
- Stanley, K. O., & Miikkulainen, R. (2002). Evolving Neural Networks through Augmenting Topologies. *Evolutionary Computation*, 10(2), 99-127. <https://doi.org/10.1162/106365602320169811>
- Stintzing, F. C., & Carle, R. (2004). Functional properties of anthocyanins and betalains in plants, food, and in human nutrition. *Trends in Food Science and Technology*, 15(1), 19-38. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.tifs.2003.07.004>
- Sun, D.-W. (2016). *Computer vision technology for food quality evaluation*. Academic Press.
- Swamidass, P. (2000). Mean absolute percentage error (MAPE). *Encyclopedia of Production and Manufacturing Management*; Springer: Boston, MA, USA, 462.
- Taghadomi-Saberi, S., Omid, M., Emam-Djomeh, Z., & Ahmadi, H. (2014). Evaluating the potential of artificial neural network and neuro-fuzzy techniques for estimating antioxidant activity and anthocyanin content of sweet cherry during ripening by using image processing. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 94(1), 95-101. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/jsfa.6202>
- Tang, J. A color image segmentation algorithm based on region growing. En: En *2010 2nd International Conference on Computer Engineering and Technology*. 6. 2010, V6-634-V6-637. <https://doi.org/10.1109/ICCET.2010.5486012>

- Vargas-Hákim, G.-A., Mezura-Montes, E., & Acosta-Mesa, H.-G. Hybrid Encodings for Neuroevolution of Convolutional Neural Networks: A Case Study. En: *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion*. GECCO '21. Lille, France: Association for Computing Machinery, 2021, 1762–1770. <https://doi.org/10.1145/3449726.3463133>
- Walpole, R. E., Myers, R. H., Myers, S. L., & Ye, K. (2012). *Probability and Statistics for Engineers and Scientists* (. Boston : Prentice Hall, Ed.; Ninth edition).
- Xu, B., Yuan, S., & Chang, S. (2007). Comparative Analyses of Phenolic Composition, Antioxidant Capacity, and Color of Cool Season Legumes and Other Selected Food Legumes. *Journal of Food Science*, 72(2), S167-S177. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1750-3841.2006.00261.x>
- Yoshioka, Y., Nakayama, M., Noguchi, Y., & Horie, H. (2013). Use of image analysis to estimate anthocyanin and UV-excited fluorescent phenolic compound levels in strawberry fruit. *Breeding Science*, 63(2), 211-217. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.63.211>
- Zhang, B., Huang, W., Li, J., Zhao, C., Fan, S., Wu, J., & Liu, C. (2014). Principles, developments and applications of computer vision for external quality inspection of fruits and vegetables: A review. *Food Research International*, 62, 326-343. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.foodres.2014.03.012>
- Zhang, C., Wu, W., Zhou, L., Cheng, H., Ye, X., & He, Y. (2020). Developing deep learning based regression approaches for determination of chemical compositions in dry black goji berries (*Lycium ruthenicum* Murr.) using near-infrared hyperspectral imaging. *Food Chemistry*, 319, 126536. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.126536>

“Lis de Veracruz: Arte, Ciencia, Luz”

“www.uv.mx”

