

Identificación de genotipos de batata mediante técnicas de aprendizaje profundo

Javier Berger¹, Antonella Vilanova Perez²,
Sofía Solange Flamarique² y Liliana del Valle Di Feo²

¹ Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales
Félix de Azara N° 1552, Posadas (3300), Misiones, Argentina
javiberger@gmail.com

² Instituto de Patología Vegetal (IPAVE), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP),
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)
Camino 60 cuadras km 5.5, Córdoba, Argentina
{vilanova.antonella;difeo.liliana}@inta.gob.ar,
soflamarique@gmail.com

Resumen. El cultivo de *Ipomoea batatas* (L.) Lam conocida regionalmente como batata se desarrolla en más de 100 países. Existe una gran variabilidad genética de la especie que se refleja en la variación del sabor, tamaño, forma, peso y textura de la batata, como así también en las formas de las hojas de cada genotipo. La identificación de los genotipos de batata permite reconocer aquellas variedades que poseen características específicas, esta tarea requiere de personas con entrenamiento visual suficiente. Por esta razón, en este trabajo se desarrolla un modelo basado en técnicas de aprendizaje profundo como herramienta de apoyo para la identificación de cuatro genotipos de batata: Arapey INIA, Beauregard, Boni INTA y Morada INTA mediante el uso de fotografías pertenecientes a un conjunto de 836 imágenes distribuidas bajo licencia Creative Commons con Atribución por el Instituto de Patología Vegetal (IPAVE) dependiente del Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP) del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Se utilizó la técnica de aprendizaje por transferencia con el modelo MobileNet v2, ejecutado en el entorno de desarrollo Google Colaboratory mediante la librería de código abierto Tensorflow. Durante el entrenamiento se obtuvo 93,33 % de clasificaciones correctas y con un conjunto de evaluación se obtuvo 92,5 % de aciertos.

Palabras claves: aprendizaje automático, transferencia de aprendizaje, procesamiento de imágenes, *Ipomoea batatas*.

1 Introducción

La batata comprende una sola especie: *Ipomoea batatas* (L.) Lam, conocida en el mundo con diferentes nombres comunes: batata, boniato, camote, batata doce, kumara, *sweet potato*, entre otros. Posee un ancestro diploide: *Ipomoea trifida* [1] que, junto a

sus especies silvestres emparentadas con ella, pertenecen a la familia de las convolvuláceas. El género *Ipomoea*, con cerca de 500-600 especies, es el más numeroso dentro de la familia [2][3] y su hábitat óptimo son los trópicos del mundo, aunque algunas especies también alcanzan zonas templadas. Se distribuyen principalmente en los países de América del sur y Centroamérica, y en los territorios tropicales de África [2].

Aunque el sitio exacto de origen y domesticación de la batata no ha sido bien definido, [4], basado en el análisis de caracteres morfológicos de las especies silvestres del género *Ipomoea*, postuló que su centro de origen estaría comprendido entre la Península de Yucatán en México y la desembocadura del río Orinoco en Venezuela. Estudios con marcadores moleculares en variedades de batata de diferentes regiones de América Latina, encontraron la mayor diversidad genética en América Central, por lo que éste sería el centro de origen de la especie. Esta teoría se sustenta, además, en la riqueza de especies silvestres de *Ipomoea* allí hallada.

Debido a la gran variabilidad genética de la especie, los diferentes clones de batata varían ampliamente en sabor, tamaño, forma, peso, y textura de sus raíces reservantes. Las variantes en la coloración de piel y pulpa de raíz son una característica sobresaliente en batata: pueden tener pulpa blanca, amarilla, anaranjada, morada, rojo, rosa y violeta, a veces con incrustaciones moradas o anaranjadas, mientras que la piel comprende una gama que va desde blanco, crema y amarillo a rojo, anaranjado, marrón y morado.

La batata presenta también una gran diversidad de formas de hojas e incluso dentro de una misma planta, las hojas varían su forma a medida que se desarrolla la planta en algunos cultivares [5]. Éstas pueden ser redondeadas, cordadas, reniformes, triangulares, lobuladas. Se disponen en espiral en el tallo y si bien su color predominante es el verde con diferentes tonalidades, las hojas jóvenes pueden ser moradas. Es importante aclarar que las infecciones virales provocan alteraciones de la forma, textura, tamaño, color y densidad de las hojas.

Lo mencionado anteriormente provoca que la identificación de los genotipos se torne una tarea compleja para personas que no posean el entrenamiento visual suficiente. Esta situación, que también se observa en otros cultivos, es uno de los tópicos de interés dentro del área de la inteligencia artificial, específicamente dentro del aprendizaje profundo o *deep learning* ya que mediante las técnicas que se investigan en este campo se busca emular la capacidad humana para identificar y clasificar objetos, como son las variedades de una especie vegetal. Ejemplos de esto son, la clasificación de variedades de cítricos [6], de mandioca [7], de vid [8] y de té [9].

En relación al cultivo de batata existen investigaciones que demuestran interés en el uso del procesamiento de imágenes para identificar genotipos, tal es el caso la investigación [10] que utiliza imágenes de las raíces de la batata para clasificar los genotipos obteniendo resultados que superan el 95 % de aciertos en la clasificación. En relación al uso de hojas de batata para la clasificación de variedades, en la investigación [11] se realiza la segmentación de imágenes de hojas de batata mediante el método Otsu para la extracción de nueve descriptores de colores, seis morfológicos y seis de textura con los que se entrena una red neuronal artificial y se alcanza 71,43 % de precisión.

A partir del avance reciente de los métodos de clasificación de imágenes basados en el uso de redes neuronales convolucionales, respaldado por la precisión de los mismos,

como así también las posibilidades que brinda el aprendizaje por transferencia para la evaluación de clasificadores en tiempos reducidos y sin la necesidad de grandes conjuntos de datos [12] se propone evaluar el uso de técnicas de aprendizaje profundo para clasificar los genotipos de batata en función de fotografías del haz y el envés de las hojas obtenidas de un conjunto de datos provisto por investigadores del Instituto de Patología Vegetal (IPAVE) dependiente del Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP) del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). El aporte de este trabajo forma las bases para el posterior desarrollo de una aplicación móvil que permita identificar a campo los genotipos producidos en la región por parte de personas que no posean el entrenamiento visual suficiente ya que los métodos de aprendizaje profundo pueden ser ejecutados en dispositivos móviles con capacidad de procesamiento estándar mediante el uso de librerías como Tensorflow de Google.

El artículo continúa con la sección 2 donde se desarrolla el marco conceptual en el que se describen las características relevantes del cultivo de batata, como así también los conceptos relacionados con el aprendizaje profundo que son la base para el desarrollo del presente trabajo. En la sección 3 se detallan los materiales y métodos utilizados, en la sección 4 se exponen los resultados obtenidos de la evaluación de los modelos de clasificación de imágenes y en la sección 5 se presentan las conclusiones alcanzadas y se proponen los trabajos futuros.

2 Marco conceptual

A continuación, se presentan las características principales del cultivo de batata, como así también el uso del aprendizaje profundo para la clasificación de imágenes.

2.1 Cultivo de batata

En relación a su importancia, es uno de los más relevantes, versátiles e inexplorados cultivos destinados a la alimentación humana y animal en el mundo. Se cultiva en más de 100 países con una producción cercana a 104.453.966 t/año en 8.029.864 ha plantadas en el mundo [13]. Ocupa el séptimo lugar en producción en países en desarrollo después del arroz, caña de azúcar, trigo, maíz, papa y mandioca; y es el tercero de los cultivos, cuyo órgano comercial aprovechable lo constituyen raíces/tubérculos, en importancia económica después de la papa y la mandioca [13]. Pese a ser de origen americano, más del 90% de su producción se concentra en Asia, y China es el principal productor mundial, con un 80% del total cultivado. Los únicos países industrializados que producen cantidades apreciables de batata son Japón (860.700 t) y Estados Unidos (1.4309.00 t). En el último, el consumo creció un 13% entre 2005 y 2008 [14]. América Latina contribuye con sólo 1,45 millones de toneladas, equivalentes al 1,38% de producción global [13]. Actualmente, la batata es empleada tanto en la alimentación humana, para consumo en fresco de sus raíces, como por su follaje, que constituye un excelente alimento para el ganado. También es procesada industrialmente para la fabricación de dulce de batata, batatas en almíbar, chips, harina y extracción de almidón,

entre otras aplicaciones. Potencialmente, el cultivo ocupa un lugar preeminente en la elaboración de biocombustible [15].

Las raíces poseen un 30 % de materia seca, variando entre 15% y 40% dependiendo del cultivar, clima, tipo de suelo, incidencia de plagas y enfermedades. La mayor parte de ella está constituida por hidratos de carbono fácilmente digeribles, particularmente almidón (70% en promedio). Tiene bajo contenido en grasas (1%), con valores máximos de 2,5 %. Los minerales constituyen entre el 3 y 4 % de la materia seca, y el potasio es el que se halla en mayores cantidades (1,7% de la materia seca) [16]. Estas raíces constituyen una fuente excelente de carotenoides (precursores de la vitamina A), vitamina C (20-30 mg/100g), potasio (200-300 mg/100g), hierro (0,8 mg/100g) y calcio (11 mg/100g). Su contenido de aminoácidos es relativamente bien balanceado, y el de almidón es similar al de la mayoría de otras raíces amiláceas. Las batatas contienen una gran cantidad de compuestos bioactivos y mayores niveles de hidratos de carbono y fibra dietaria que la papa, y, además, poder antioxidante superior que el de otros vegetales consumidos normalmente [17]. Posee actividad antimutagénica, propiedades antiinflamatorias, antimicrobianas y antihipertensivas [18] [19]. Por otro lado, se destaca su efecto antiglicémico (antidiabético) [20], debido a su bajo índice glicémico.

Teniendo en cuenta las actuales tendencias de adopción de hábitos alimentarios “saludables”, la batata posee participación creciente en la dieta de los argentinos.

En Argentina, al igual que en el resto del mundo, hasta hace poco se observaba una tendencia a la baja en la producción. Es así que la superficie plantada se redujo en un 40% en 2002 con respecto a 1988 [21], estimándose que en 2007 se plantaron unas 10.000 ha, con una producción de aproximadamente 120.000 t y un consumo *per cápita* de 3 kg por año. En los inicios de los años 70 se consumían 20 kg/habitante y 10 kg, a comienzos de la década del 90 [22]. Las virosis fueron las determinantes de este fenómeno junto con la plantación generalizada de un clon con características culinarias poco apreciadas por los consumidores. Sin embargo, en la actualidad, el uso de material de plantación de sanidad controlada, y la oferta de una gran diversidad de genotipos por parte de instituciones como el IPAVE, ha logrado revertir esta situación.

En Argentina, las provincias de Buenos Aires, Córdoba y Santa Fe concentran el 43 % de la superficie plantada, las provincias del NEA el 40 %, el NOA el 15%, y el restante 2% corresponde a Cuyo [23]. En la zona pampeana y en Cuyo se plantan cultivares de piel morada y pulpa amarilla, como Morada INTA y Arapey INIA mientras que, en el NEA predominan materiales de piel y pulpa blanca, como Okinawa 100 en Corrientes, o pulpa anaranjada, como Gem, en Entre Ríos. La producción del NEA, salvo la de Formosa, es en su mayoría para mercados regionales y autoconsumo. En el NOA coexisten cultivares locales de pulpa blanca con materiales de piel morada y pulpa amarilla.

2.2 Aprendizaje profundo

Las mejoras recientes vinculadas con la clasificación de imágenes y el reconocimiento de objetos se relacionan directamente con los avances logrados en el área del aprendizaje profundo o *deep learning* [24]. Este subcampo del aprendizaje automático

y de la inteligencia artificial tiene como objetivo generar sistemas capaces de emular las capacidades que, hasta no hace muchos años, se les atribuía únicamente a los humanos, tal es el caso de la capacidad de identificar la variedad de un cultivo en función de una fotografía.

Detrás del avance del aprendizaje profundo para el procesamiento de imágenes y video se encuentran las redes neuronales convolucionales (CNN). Este tipo de redes neuronales artificiales intenta imitar el comportamiento del ojo humano con el objetivo de reconocer las características más importantes que permiten describir un objeto [25]. Utiliza una jerarquía de capas ocultas especializadas en distintas actividades de reconocimiento. Así, las capas exteriores se encargan de identificar, por ejemplo, las líneas y curvas dentro de una imagen, mientras las capas más profundas se dedican a reconocer el contorno de una hoja.

El uso de CNN para la clasificación de imágenes se relaciona, habitualmente, con la necesidad de contar con miles de imágenes de ejemplo para entrenar un modelo y, posteriormente, lograr que el mismo clasifique correctamente nuevas imágenes. Esto provoca que la obtención de un conjunto de datos de imágenes para entrenar los modelos de clasificación se vuelva una tarea compleja, ya que el acceso a estos datos se encuentra restringido o existen muy pocos ejemplos para utilizar en el modelado de la CNN.

Para encarar la problemática anteriormente mencionada surge el aprendizaje por transferencia [26], esta técnica permite utilizar un modelo de CNN previamente entrenado para la solución de un problema de clasificación de imágenes y aplicarlo en el desarrollo de un clasificador para otro problema de clasificación con características similares. De esta manera, se utiliza el aprendizaje de un modelo que ya tiene la capacidad de clasificar correctamente imágenes y se realiza un reentrenamiento para ajustar las últimas capas. Con esto se logra acelerar el proceso de desarrollo de modelos de clasificación, se reduce la necesidad de contar con grandes cantidades de imágenes y brinda la posibilidad de utilizar equipos que no poseen gran capacidad de cómputo, ya que la tarea más costosa en cuanto a recursos se realiza durante el entrenamiento del modelo inicial [12].

En paralelo a la generación de nuevos modelos que facilitan el desarrollo de clasificadores, también se expande día a día el uso de plataformas en la nube que permiten entrenar modelos de CNN sin la necesidad de contar con un ordenador con capacidades importantes de procesamiento gráfico. Entre estas, se destaca Google Colaboratory (Colab), este servicio en la nube se basa en Jupyter Notebooks y ofrece la posibilidad de entrenar modelos de CNN de manera gratuita mediante varias unidades de procesamiento gráfico (GPU) robustas, reduciendo los costos y acelerando el tiempo de entrenamiento para los investigadores del área de aprendizaje profundo [27].

Dentro del entorno de Colab se encuentran disponibles las librerías más relevantes para desarrollar modelos de redes neuronales. Entre estas se destaca Tensorflow, la biblioteca de código abierto de Google que utiliza gráficos de flujo de datos para representar cálculos [28]. Con el lanzamiento de Tensorflow versión 2.0 se integró en la misma la API Keras, un *framework* de alto nivel para el desarrollo de modelos de aprendizaje profundo escrito en Python ampliamente utilizado por investigadores del área [29].

Todo este conjunto de herramientas se integra dentro de Tensorflow Hub, la biblioteca para la publicación, el descubrimiento y el consumo de módulos reutilizables de modelos de aprendizaje [30]. Es así que mediante la misma es posible utilizar el aprendizaje por transferencia para entrenar clasificadores de imágenes que intentan resolver distintas problemáticas a partir de modelos previamente entrenados. Entre estos modelos se encuentran *Inception*, *Resnet* y *MobileNet*. Este último, se basa en una arquitectura optimizada que utiliza convoluciones separables en profundidad para construir redes neuronales profundas y livianas con el objetivo de utilizarlas en dispositivos móviles con escaso poder de cómputo [31]. Para esto, *Tensorflow* dispone de la versión *TFlite* que permite ejecutar los modelos de clasificación de imágenes en dispositivos móviles, como celulares o *tablets*, sin la necesidad de estar conectados a internet y optimizando los recursos del equipo, evitando degradar la capacidad de predicción que posee el mismo modelo en otro entorno como ser Colab.

3 Materiales y métodos

A continuación, se expone los detalles del conjunto de imágenes utilizado, como así también los métodos de aprendizaje profundo aplicados para la clasificación de las hojas de batatas.

3.1 Conjunto de imágenes

Las fotografías de las hojas de batata que se utilizaron en este trabajo forman parte de un conjunto de datos de imágenes generadas por investigadores IPAVE y corresponden a los genotipos: Arapey INIA, Beauregard, Boni INTA y Morada INTA con sanidad controlada. En la Fig. 1 se observan ejemplos de fotografías del haz y del envés de los cuatro genotipos de batata utilizados en el presente trabajo.

El conjunto de imágenes provisto por los investigadores del IPAVE contiene 836 fotografías de los genotipos de batata mencionados anteriormente, separados por genotipo y por la orientación de la hoja, es decir si es una fotografía del haz o del envés. La distribución de las mismas se aprecia en la Tabla 1.

Tabla 1: Distribución de las fotografías del conjunto de datos del IPAVE

Genotipo	Fotografías del haz de la hoja	Fotografías del envés de la hoja
Arapey INIA	56	61
Beauregard	130	115
Boni INTA	133	133
Morada INTA	113	95

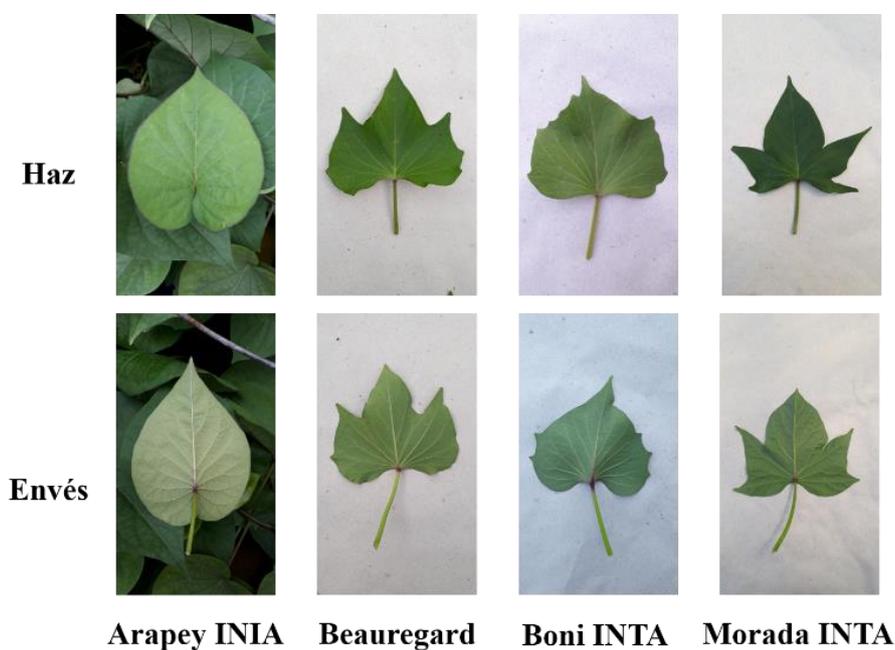


Fig. 1. Fotografías del conjunto de imágenes de genotipos de batata del IPAVE.

3.2 Preprocesamiento de las imágenes y conformación de conjuntos

El conjunto de imágenes provisto por los investigadores del IPAVE posee características que requieren un trabajo previo de preprocesamiento para garantizar que durante el entrenamiento del modelo no generen interferencias que afecten la posterior clasificación de nuevas imágenes.

En primer lugar, como se aprecia en la Fig. 1 los investigadores fotografiaron las muestras de hojas utilizando dos tipos de fondo, para el caso del genotipo Arapey INIA se utilizó como fondo otras hojas de la misma variedad. Mientras que para los genotipos Beauregard, Boni INTA y Morada INTA se utilizó un fondo uniforme de color claro en el que se resalta la hoja. Para evitar que la configuración de fondo afecte la clasificación se realizó una segmentación previa para separar el fondo de la hoja y así garantizar un fondo uniforme. De este modo, se obtuvieron las imágenes únicamente de la hoja, como se aprecia en la Fig. 2.

Otra característica que se tuvo en cuenta fue la resolución de las imágenes del conjunto de datos del IPAVE, las mismas variaban entre 2322 x 4128 píxeles y 3024 x 4032 píxeles. Por este motivo y para facilitar las tareas de entrenamiento de los modelos se redujo la resolución a 1024 x 768 píxeles.

Por otra parte, como se observa en la Tabla 1, la cantidad de fotografías de cada uno de los genotipos se encuentra desbalanceado, ya que por ejemplo para la variedad Arapey INIA se dispone de un promedio de 50 % menos de muestras que para las demás

variedades. Para solucionar este inconveniente se utilizó el método de aumento de datos que consiste en obtener varias imágenes a partir de una imagen original. Si bien existen bibliotecas como *Keras* que permiten realizar esta tarea de manera automatizada, en este trabajo se optó por aumentar las imágenes transformaciones geométricas como girar y voltear las fotografías en diferentes ángulos lo que permiten genera imágenes diferentes a la original [32] [33]. Se propuso como objetivo disponer de 150 imágenes del haz y 150 imágenes del envés de cada uno de los genotipos, es así que para garantizar que para cada variedad exista la misma cantidad de imágenes originales sin fondo y aumentadas se tomaron 45 imágenes de cada lado de la hoja y se les aplicó el aumento de datos. De esta manera se obtuvo un conjunto de 1200 imágenes, compuesto por 150 imágenes del haz y 150 imágenes del envés de cada genotipo; este conjunto se definió como el conjunto de entrenamiento. Este quedó constituido por cuatro grupos de 300 imágenes, cada uno de los cuales corresponde a una de las variedades de batata en estudio.

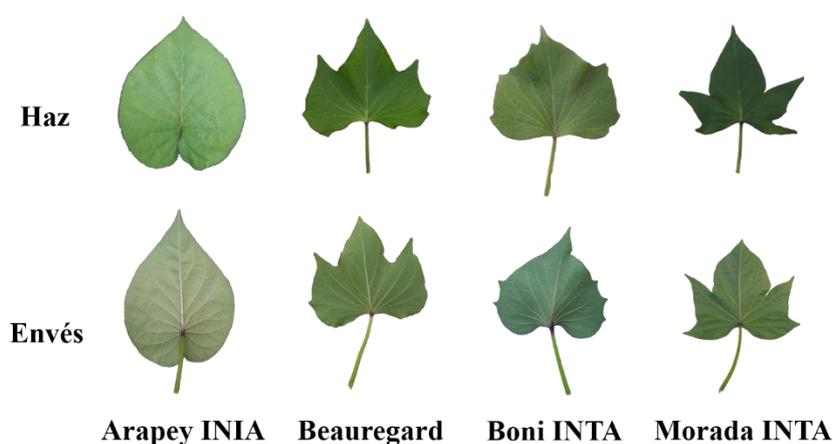


Fig. 2. Imágenes procesadas de las hojas sin el fondo

Por otro lado, se seleccionaron 10 fotografías del haz y 10 fotografías del envés de cada genotipo del conjunto de imágenes originales sin fondo, que no formaban parte de las 45 seleccionadas para armar el conjunto de entrenamiento. A estas 20 imágenes de cada genotipo se le aplicó el método de aumento de datos y se obtuvo un conjunto de 160 imágenes, compuesto por 20 imágenes del haz y 20 del envés de cada variedad; este conjunto se definió como el conjunto de test.

3.3 Configuración del entrenamiento

Para entrenar el modelo se utilizó la plataforma de cómputo en la nube *Colaboratory* de Google. Dentro de la misma se trabajó en el lenguaje *Python 3* y con la biblioteca de código abierto *Tensorflow* en su versión 2.0 para GPU, integrada con la *API Keras*.

Para acceder a los conjuntos de datos generados es necesario subirlos a un repositorio en la web, para lo cual se hizo uso de la integración de Google Colaboratory con Google Drive y se subieron las imágenes a este servicio de intercambio de archivos.

El entrenamiento se realizó en 10 épocas utilizando la técnica de aprendizaje por transferencia a partir del modelo *MobileNet v2* con función de activación *softmax*, función que genera un vector que representa las distribuciones de probabilidad de una lista de resultados potenciales, en este caso las variedades de batata y es ampliamente utilizado en clasificadores de imágenes que involucra hojas [34]; además este modelo posee un formato de entrada de $224 \times 224 \times 3$, es decir 224×224 píxeles y 3 canales RGB con un valor en el rango entre 0 y 1. Durante el entrenamiento se aplicó la validación cruzada que consiste en tomar muchos subconjuntos de datos de entrenamiento completos ajustando los hiperparámetros para minimizar el error y evitar el sobreajuste.

4 Resultados

El tiempo desde el inicio de la ejecución del código dentro del entorno de *Colaboratory* hasta la obtención del modelo entrenado fue de 78 segundos, ese tiempo incluye cargar las librerías necesarias, preparar los datos del conjunto de entrenamiento y entrenar el modelo. El tiempo dedicado exclusivamente a esta acción fue de 51 segundos, con un promedio de 5 segundos por época. La exactitud obtenida durante el entrenamiento de 10 épocas fue de 93,33 %. Concluido esto se exportó el modelo entrenado al formato *Tensorflow lite*.

Con el modelo entrenado se procedió a evaluar el mismo mediante el conjunto de imágenes de test compuesta por 160 imágenes, 40 de cada una de las variedades de estudio. Para visualizar las hojas clasificadas del conjunto de test y el valor de predicción se utilizó la biblioteca *matplotlib* y en la parte superior de cada imagen se colocó la etiqueta predicha en color verde para las predicciones correctas y en color rojo para las predicciones erróneas, como se observa en la Fig. 3.

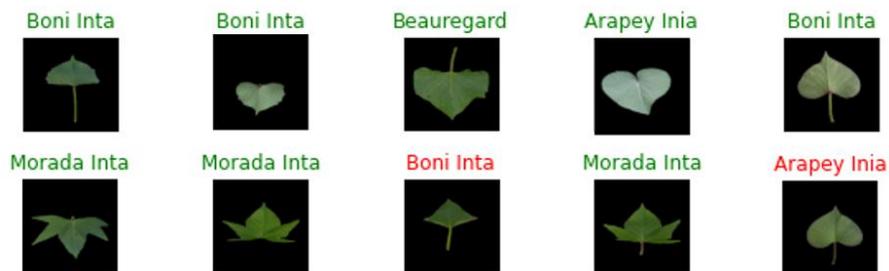


Fig. 3. Vista de la clasificación de las hojas del conjunto de test dentro de *Colaboratory*

Por otra parte, como se observa en la Fig. 4 se utilizó una matriz de confusión como base para determinar las métricas obtenidas durante la evaluación del modelo. Si bien existen otras maneras de mostrar el rendimiento de un clasificador como son la curva

de característica operativa del recepto (ROC), las métricas de precisión, exactitud, exhaustividad y F1 son ampliamente utilizadas en distintos trabajos de investigación para demostrar la capacidad de un clasificador [35] [36] [37]. En función de las mismas se observa que se clasificaron correctamente 148 imágenes de las 160 del conjunto de test, es decir se obtuvo un 92,5 % de aciertos.

	precision	recall	f1-score	support
[[36 0 4 0] [0 38 0 2] [6 0 34 0] [0 0 0 40]]				
Arapey INIA	0.8571	0.9000	0.8780	40
Beauregard	1.0000	0.9500	0.9744	40
Boni INTA	0.8947	0.8500	0.8718	40
Morada INTA	0.9524	1.0000	0.9756	40
accuracy			0.9250	160
macro avg	0.9261	0.9250	0.9250	160
weighted avg	0.9261	0.9250	0.9250	160

Fig. 4. Matriz de confusión y métricas obtenidas de la evaluación del conjunto de test

El mayor número de clasificaciones correctas se obtuvo para el cv Morada INTA con un valor para la métrica F1 de 0,9756, seguido de Beauregard con un valor para F1 de 0,9744. En tanto que entre los genotipos Arapey INIA y Boni INTA se produjeron la mayoría de confusiones, esto se ve reflejado en el valor para F1 de 0,8780 y 0,8718 respectivamente.

5 Conclusiones

Los resultados que se obtuvieron durante este trabajo de aplicación del método de aprendizaje por transferencia a partir del modelo *MobileNet v2* permitieron determinar que el mismo se ajustó a los requerimientos establecidos para la clasificación de genotipos de batata mediante fotografías de las hojas, ya que se logró clasificar con una precisión superior al 90 % las imágenes del conjunto de test. La precisión obtenida en este trabajo supera en más del 18 % a la alcanzada en el trabajo [11] en el que también se utilizan las hojas de la batata para identificar los genotipos. Por otra parte, si bien en el trabajo [10] se logra un porcentaje de clasificación 2,5 % superior que el modelo desarrollado en este trabajo, es importante destacar que en el mismo se utilizan las raíces de la planta, mientras que en la presente investigación se utilizan las hojas lo que facilita la identificación rápida del genotipo de manera no invasiva.

Durante la evaluación del modelo se observó que la similitud entre las hojas de las variedades Arapey INIA y Boni INTA produjo el mayor número de predicciones incorrectas. Asimismo, se observó que la particular forma de las hojas del genotipo Morada

INTA permitieron que el 100 % de las imágenes correspondientes a esta variedad se clasificaran correctamente. Para resolver los inconvenientes relacionados con la confusión entre variedades se estima que será conveniente incorporar un mayor número de muestras de todas las variedades, así también generar un conjunto de datos con fondo homogéneo para evitar las tareas de preprocesamiento de las imágenes y, de esta manera, acelerar el proceso de pruebas de distintos modelos disponibles para comparar con los resultados del presente trabajo.

Los valores obtenidos en la clasificación mediante el modelo propuesto impulsan la continuidad del presente trabajo en varias líneas de acción. Entre estas se destaca el fundamento de esta investigación que es el desarrollo de una aplicación móvil para que las personas que no posean suficiente entrenamiento visual para identificar los diferentes genotipos de batatas utilicen la misma y, mediante una fotografía de las hojas, obtenga en pocos segundos una respuesta. Además, se proyecta la inclusión de un mayor número de genotipos, como así también el uso de imágenes de otras partes de la planta, por ejemplo, la raíz, para mejorar la eficiencia a la hora de identificar un genotipo y, con esto, la investigación de nuevos modelos de redes neuronales artificiales que permanentemente mejoran con el objetivo de optimizar los resultados de la clasificación de imágenes.

Referencias

- [1] I. Nishiyama, T. Miyazaki, and S. Sakamoto, "Evolutionary autopolyploidy in the sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) and its progenitors," *Euphytica*, vol. 24, no. 1, pp. 197–208, Feb. 1975.
- [2] D. F. Austin and Z. Huáman, "A synopsis of *Ipomoea* (Convolvulaceae) in the Americas," *Taxon*, vol. 45, no. 1, pp. 3–38, 1996.
- [3] M. Meira, E. P. da Silva, J. M. David, and J. P. David, "Review of the genus *Ipomoea*: Traditional uses, chemistry and biological activities," *Brazilian Journal of Pharmacognosy*, vol. 22, no. 3. Sociedade Brasileira de Farmacognosia, pp. 682–713, May-2012.
- [4] D. F. Austin, "The taxonomy, evolution and genetic diversity of sweet potatoes and related wild species," *Explor. maintenance, Util. sweetpotato Genet. Resour.*, pp. 27–60, 1988.
- [5] S. Gupta, D. M. Rosenthal, J. R. Stinchcombe, and R. S. Baucom, "The remarkable morphological diversity of leaf shape in sweet potato (*Ipomoea batatas*): the influence of genetics, environment, and G×E," *New Phytol.*, vol. 225, no. 5, pp. 2183–2195, Mar. 2020.
- [6] S. Qadri *et al.*, "Machine vision approach for classification of citrus leaves using fused features," *Int. J. Food Prop.*, vol. 22, no. 1, pp. 2072–2089, Jan. 2019.
- [7] J. Berger, A. Tamada, and R. Feltan, "Aplicación móvil para la identificación de variedades de *Manihot esculenta* Crantz cultivadas en Misiones mediante técnicas de deep learning," 2019.
- [8] S. Gutiérrez, J. Tardaguila, J. Fernández-Novales, and M. P. Diago, "Support

- Vector Machine and Artificial Neural Network Models for the Classification of Grapevine Varieties Using a Portable NIR Spectrophotometer,” *PLoS One*, vol. 10, no. 11, p. e0143197, Nov. 2015.
- [9] X. Li and Y. He, “Discriminating varieties of tea plant based on Vis/NIR spectral characteristics and using artificial neural networks,” *Biosyst. Eng.*, vol. 99, no. 3, pp. 313–321, Mar. 2008.
- [10] D. I. Mercurio and A. A. Hernandez, “Classification of sweet potato variety using convolutional neural network,” in *2019 IEEE 9th International Conference on System Engineering and Technology, ICSET 2019 - Proceeding*, 2019, pp. 120–125.
- [11] M. C. Unajan, W. M. Tabada, B. D. Gerardo, and A. C. Fajardo, “Sweet Potato (*Ipomoea batatas*) Variety Recognizer Using Image Processing and Artificial Neural Network.”
- [12] J. Lu, V. Behbood, P. Hao, H. Zuo, S. Xue, and G. Zhang, “Transfer learning using computational intelligence: A survey,” *Knowledge-Based Syst.*, vol. 80, pp. 14–23, May 2015.
- [13] FAOSTAT, “Agriculture Organization of the United Nations Statistics Division,” 2014. [Online]. Available: <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/S>. [Accessed: 01-Aug-2016].
- [14] T. P. Smith and D. LaBonte, “Sky’s the Limit: Change in the Sweet Potato Industry,” *Louisiana Agric.*, 2009.
- [15] C. M. Arizio, “Marcadores funcionales relacionados con la síntesis de pigmentos y su localización en un mapa de ligamiento en *Ipomoea batatas* L. Lam,” Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, 2011.
- [16] H. R. Martí, “La batata: oportunidades para una hortaliza subutilizada,” *Boletín Hortícola*, pp. 1–4, 2008.
- [17] R. C. Cambie and L. R. Ferguson, “Potential functional foods in the traditional Maori diet,” in *Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis*, 2003, vol. 523–524, pp. 109–117.
- [18] T. Oki, M. Masuda, S. Furuta, Y. Nishiba, N. Terahara, and I. Suda, “Involvement of anthocyanins and other phenolic compounds in radical-scavenging activity of purple-fleshed sweet potato cultivars,” *J. Food Sci.*, vol. 67, no. 5, pp. 1752–1756, 2002.
- [19] M. Yoshimoto, S. Okuno, M. Yamaguchi, and O. Yamakawa, “Antimutagenicity of deacylated anthocyanins in purple-fleshed sweetpotato,” *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, vol. 65, no. 7, pp. 1652–1655, Jul. 2001.
- [20] T. Matsui *et al.*, “Anti-hyperglycemic effect of diacylated anthocyanin derived from *Ipomoea batatas* cultivar ayamurasaki can be achieved through the α -glucosidase inhibitory action,” *J. Agric. Food Chem.*, vol. 50, no. 25, pp. 7244–7248, Dec. 2002.
- [21] INDEC, “Censo Nacional Agropecuario,” 2002.
- [22] C. A. Maggi *et al.*, *La comercialización de batata en la argentina: Un estudio basado en información del mercado central de Buenos Aires*. 1990.
- [23] SAGPyA, “Información de Producción Hortícola. Dirección de Mercados Agroalimentarios.” 2008.
- [24] Y. Lecun, Y. Bengio, and G. Hinton, “Deep learning,” *Nature*, vol. 521, no. 7553. Nature Publishing Group, pp. 436–444, 27-May-2015.

- [25] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, “ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks,” 2012.
- [26] K. Weiss, T. M. Khoshgoftaar, and D. D. Wang, “A survey of transfer learning,” *J. Big Data*, vol. 3, no. 1, pp. 1–40, Dec. 2016.
- [27] T. Carneiro, R. V. M. Da Nobrega, T. Nepomuceno, G. Bin Bian, V. H. C. De Albuquerque, and P. P. R. Filho, “Performance Analysis of Google Colaboratory as a Tool for Accelerating Deep Learning Applications,” *IEEE Access*, vol. 6, pp. 61677–61685, 2018.
- [28] M. Abadi *et al.*, *TensorFlow: A System for Large-Scale Machine Learning*. 2016.
- [29] N. Ketkar and N. Ketkar, “Introduction to Keras,” in *Deep Learning with Python*, Apress, 2017, pp. 97–111.
- [30] J. Manning *et al.*, “Machine-Learning Space Applications on SmallSat Platforms with TensorFlow,” *Small Satell. Conf.*, Aug. 2018.
- [31] A. G. Howard *et al.*, “MobileNets: Efficient Convolutional Neural Networks for Mobile Vision Applications,” Apr. 2017.
- [32] L. Perez and J. Wang, “The Effectiveness of Data Augmentation in Image Classification using Deep Learning,” Dec. 2017.
- [33] A. Mikołajczyk and M. Grochowski, “Data augmentation for improving deep learning in image classification problem,” in *2018 International Interdisciplinary PhD Workshop, IIPhDW 2018*, 2018, pp. 117–122.
- [34] A. Adedoja, P. A. Owolawi, and T. Mapayi, “Deep learning based on NASNet for plant disease recognition using leave images,” in *icABCD 2019 - 2nd International Conference on Advances in Big Data, Computing and Data Communication Systems*, 2019.
- [35] L. Zhong, L. Hu, and H. Zhou, “Deep learning based multi-temporal crop classification,” *Remote Sens. Environ.*, vol. 221, pp. 430–443, Feb. 2019.
- [36] A. Koirala, K. B. Walsh, Z. Wang, and C. McCarthy, “Deep learning for real-time fruit detection and orchard fruit load estimation: benchmarking of ‘MangoYOLO,’” *Precis. Agric.*, vol. 20, no. 6, pp. 1107–1135, Dec. 2019.
- [37] D. Chicco and G. Jurman, “The advantages of the Matthews correlation coefficient (MCC) over F1 score and accuracy in binary classification evaluation,” *BMC Genomics*, vol. 21, no. 1, pp. 1–13, Jan. 2020.