

Detección del Virus de la Mancha Anular en la Papaya Mediante una Red Neuronal Convolucional



Colaboración

Cristian Armando Larios Bravo; Nydia Naomi Olmos Romero; Jesús Alberto Verduzco Ramírez; Luis Eduardo Morán López, Universidad de Colima

Fecha de recepción: 23 de noviembre 2025

Fecha de aceptación: 28 de septiembre de 2025

RESUMEN: México es uno de los principales productores de papaya en el mundo, posicionándose en el cuarto lugar en el ranking global. Este artículo explora el uso de redes neuronales convolucionales mediante el modelo pre-entrenado YOLOv11 para la detección del virus de la mancha anular en el cultivo de papaya (PRSV). El modelo fue entrenado con 2,880 imágenes que incluyen plantas infectadas y sanas, logrando una exactitud del 96.6%. Los resultados muestran una robusta capacidad de distinguir con eficacia entre ejemplares afectados por el virus y plantas saludables. Los modelos de aprendizaje profundo permiten procesar volúmenes significativos de datos de imágenes de forma rápida y realizar evaluaciones con un alto grado de exactitud, lo que optimiza la detección de plantas dañadas.

PALABRAS CLAVE: Aprendizaje Profundo, Cultivo de Papaya, Modelos Pre-entrenados, Redes Neuronales Convolucionales, Virus de la Mancha Anular, YOLO.

ABSTRACT: Mexico is one of the world's leading producers of papaya, ranking fourth globally. This article explores the use of convolutional neural networks through the pre-trained YOLO model to detect Papaya Ringspot Virus (PRSV) in papaya crops. The model was trained with 2,880 images of papaya plants infected with PRSV and healthy plants, achieving a high accuracy of 96.6%. The model is capable of distinguishing effectively between a plant that is infected with the virus from a healthy one. Deep learning models are capable of processing large volumes of image data quickly and performing evaluations with a high degree of accuracy, optimizing the detection of diseased plants.

KEYWORDS: Convolutional Neural Networks, Deep Learning, Papaya Crop, Papaya Ringspot Virus, Pre-trained models, YOLO.

INTRODUCCIÓN

El cultivo de papaya es susceptible al padecimiento de una gran variedad de plagas y enfermedades de rápido de-

sarrollo. La temprana detección de dichas plagas y enfermedades traen consigo múltiples beneficios, entre los que se destaca la reducción de costos al ahorrar en plaguicidas, lo que, a su vez, contribuye a salvaguardar la salud de los consumidores reduciendo la presencia de los contaminantes derivados de estos productos [1], manteniendo el control de la enfermedad, evitando su propagación.

El papayo (*Carica papaya* L.) es una planta herbácea tropical nativa de México y Centroamérica [2]. México en particular es uno de los principales productores de papaya en el mundo, posicionándose en el cuarto lugar a nivel mundial [3].

El virus de la mancha anular en el cultivo de papaya (PRSV) ocupa el primer lugar a nivel mundial por su facilidad de transmisión, amplia distribución e importantes pérdidas de hasta el 100% en postcosecha y del 30% al 40% en cultivo [4].

Actualmente, no existe tratamiento químico capaz de eliminar el virus por completo, la única forma conocida para su control es retirando y quemando por completo el cultivo infectado, de esa forma se evita su propagación a los cultivos sanos [1].

El método más simple para la detección de plagas y enfermedades es a través de la detección visual de los síntomas de dichas afecciones, sin embargo, este método depende completamente de la experiencia del observador y es propenso a sesgos [5].

El desarrollo tecnológico ha conllevado una modernización de la agricultura [6]. La visión artificial más particularmente ha tenido un importante papel en la detección de plagas y enfermedades en múltiples cultivos, generando múltiples proyectos que han logrado una detección precisa.

En el trabajo de Hossen [7], se desarrolla un modelo de red neuronal convolucional con 30 épocas para la detección de cinco enfermedades en el cultivo de papaya, entre las que se encuentra el virus de la mancha anular. El trabajo se realizó con un total de 234 imágenes recolectadas de dataset públicas. Para evitar la distribución de las imágenes en 6 clases, se optó por hacer una clasificación binaria entre las plantas sanas y enfermas. Lograron obtener un 91% de precisión, concluyendo que su modelo posee la capacidad de diferenciar cultivos sanos de los enfermos.

Por su parte, Ajo Flores [8] decidió combinar técnicas moleculares (RT-PCR) con modelos de aprendizaje profundo. Para llevar a cabo el trabajo, se recolectaron imágenes multiespectral con un dron, para posteriormente hacer uso del modelo pre-entrenado YOLOv8 para la identificación de los cultivos de

papayo, obteniendo una precisión del 91%. Una vez identificado el cultivo, se emplearon los resultados de las pruebas RT-PCR para identificar los cultivos que poseyeran el PRSV, obteniendo un 86% de precisión.

Ambos trabajos demuestran resultados positivos para la identificación de enfermedades en el cultivo de papaya, sin embargo, en ambos casos se observan áreas de oportunidad para mejora. En el caso del trabajo de Hossen [7], se plantea la ampliación del volumen del conjunto de datos, ya que se considera que el volumen que obtuvieron es poco representativo y muy limitante. Además se plantea generar uno personalizado para el enfoque de este proyecto, para de esa forma evitar el uso de imágenes generadas por inteligencia artificial. Por parte del trabajo de Ajo Flores [8], se hará uso del mismo modelo pre-entrenado, economizando el proyecto, sustituyendo el uso de drones por teléfonos móviles, además de implementar el modelo directamente para la identificación del PRSV.

El proyecto surge de la necesidad existente de facilitar la detección temprana del PRSV en huertas de la región de Coahuayana, Michoacán. La rápida propagación de esta enfermedad en los cultivos locales ha ocasionado pérdidas económicas significativas, llegando incluso a contagiar la totalidad de cultivos productivos. Debido al nivel de impacto que tiene el PRSV en la producción y ganancias en el cultivo de papayo, el desarrollo de herramientas de bajo costo y métodos eficientes para su identificación oportuna se vuelve esencial. La implementación de herramientas accesibles y precisas podrían mitigar el impacto del virus, contribuyendo así a la seguridad alimentaria y el desarrollo económico de la región.

Se plantea la hipótesis que un modelo pre-entrenado puede detectar exitosamente la enfermedad del virus de la mancha anular en cultivos de papaya con una exactitud comparable o superior a los métodos tradicionales.

El objetivo principal del presente trabajo es implementar y evaluar un modelo convolucional pre-entrenado para la detección del PRSV en hojas y frutos de la papaya, como base para el desarrollo de un aplicativo móvil de apoyo a agricultores locales. Esto con la intención de incrementar la economía local, y mejorar la salud alimentaria de la zona.

MATERIAL Y MÉTODOS

A través de una revisión sistemática de la literatura, se observa que numerosos estudios que implementan modelos de redes neuronales convolucionales y reportan resultados exitosos han adoptado la metodología CRISP-DM, mostrada en la Figura 1.

En consecuencia, este trabajo se basa en dicha metodología, la cual se estructura en las siguientes fases: comprensión del problema, comprensión de los datos –que abarca la adquisición y el etiquetado de las imágenes–, preparación de los datos –mediante técnicas de preprocesamiento de imágenes–, modelado, evaluación del modelo –utilizando métricas de rendimiento como precisión (accuracy)–, y despliegue del modelo.

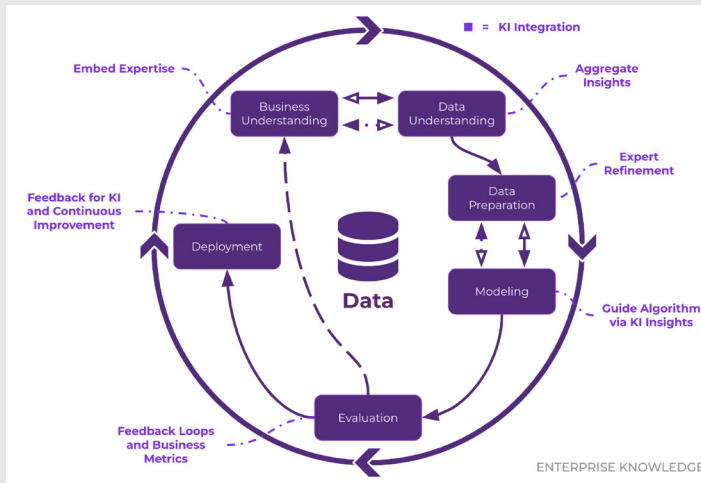


Figura 1. CRISP-DM.

Fuente: Recuperada de Kaleb Schultz [10].

En este trabajo, se decidió utilizar el modelo pre-entrenado YOLO en su decimoprimer versión (YOLOv11), específicamente en su variante classify nano (yolo11n-cls.pt), debido a que, hasta el momento de la implementación, la decimosegunda versión (YOLOv12) aún no contaba con una versión estable para tareas de clasificación. De acuerdo con los resultados obtenidos por Madhu & Ravisankar [9], YOLOv5 demostró una superioridad en la detección de enfermedades en cultivos de algodón, superando a ResNet50 y VGG16. En el trabajo de Ajo Flores [8] YOLOv8 demostró un sólido desempeño en la detección de PRSV por lo que se considera un modelo óptimo para implementar. Ultralytics en su documentación en el momento de la elaboración de este trabajo comentaba que los recientes modelos YOLO ofrecen un mejor rendimiento de vanguardia (SOTA) en varias tareas, entre ellas la detección de objetos, la segmentación, la estimación de la pose, el seguimiento y la clasificación [11]. Pese a que la mayoría de las investigaciones que han implementado YOLO utilizan versiones anteriores, se cree que las mejoras que presenta la versión 11 se verán reflejadas en el entrenamiento y resultados, a su vez, este estudio se realiza con fines de investigación, buscando visualizar el rendimiento y precisión de decimoprimer versión en la tarea de clasificación e incentivar su uso para futuras investigaciones. En la Figura 2 se muestra la arquitectura implementada por YOLOv11.

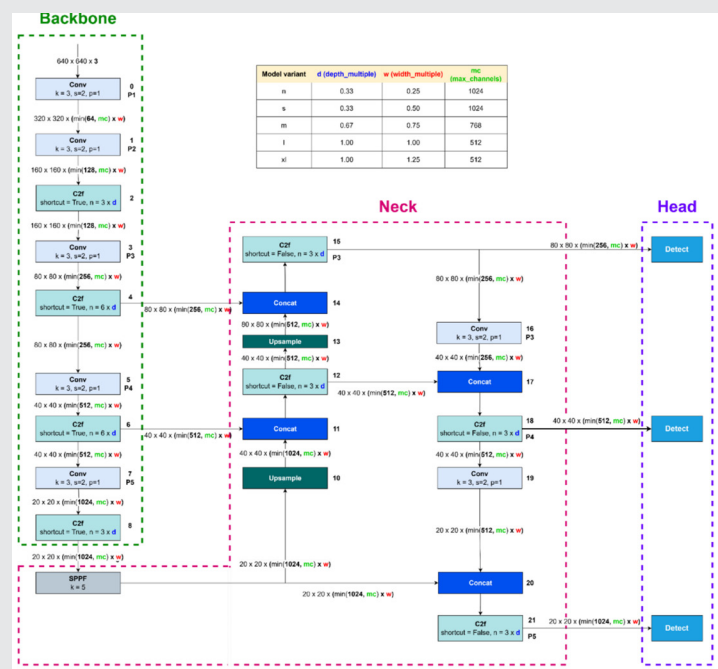


Figura 2. Arquitectura YOLOv11.

Fuente: Recuperada de Hidayatullah, Syakrani, Sholahuddin, Gelar, & Tubagus [12].

El modelo YOLOv11 fue entrenado con un conjunto enriquecido de imágenes obtenidas directamente por los autores en condiciones reales de campo, lo que refuerza la aplicabilidad del modelo en escenarios reales de producción agrícola. En contraste con investigaciones previas, como la realizada por Hossen [7], donde se han desarrollado modelos de redes neuronales convolucionales para la clasificación de diversas enfermedades en los cultivos, este trabajo se enfoca exclusivamente en la detección del PRSV. Esta decisión responde a la alta tasa de pérdidas económicas que esta enfermedad genera en los cultivos de papaya, así como a su rápida propagación, lo que hace prioritaria la detección temprana y precisa para la implementación de medidas de control eficaces.

Una de las principales diferencias metodológicas con respecto a estudios previos radica en el uso de fotografías capturadas directamente en huertas de cultivo de papaya, asegurando así que las condiciones de iluminación, ángulos de cámara y calidad de imagen sean representativas del entorno en el que los agricultores implementarían el modelo. Este enfoque busca mejorar la capacidad del modelo para generalizar su aprendizaje y ofrecer un desempeño robusto en situaciones reales de campo. La hoja y el fruto fueron los objetos de interés para estos modelos de clasificación.

Adquisición y etiquetado de imágenes

Se recopiló un conjunto de 1200 imágenes utilizando tres cámaras de teléfonos celulares inteligentes, de las cuales 600 corresponden a hojas y frutos de cultivos de papayo afectados por el PRSV y 600 a muestras de hojas y frutos en estado saludable. En las figuras 3 y 4 se muestran ejemplos de fotos tomadas. La selección de teléfonos celulares inteligentes como dispositivos de captura se basó en la aplicabilidad del modelo de entornos agrícolas reales, ya que su implementación está orientada a facilitar la detección de la enfermedad directamente en campo mediante imágenes tomadas con estos dispositivos, además de las limitaciones económicas con las que se realizó el presente trabajo. El conjunto de imágenes de plantas de papayo utilizado en este trabajo fue recolectado manualmente de diversas huertas ubicadas en la región de Coahuayana, Michoacán. Las imágenes estaban distribuidas en dos categorías distintas, todas a color y en tres tamaños diferentes: 2600x4624, 960x1280 y 1836x4080 píxeles, en formato JPG.

El proceso de recolección de imágenes se llevó a cabo a lo largo de un semestre en huertas de tamaño moderado, asegurando la obtención de un conjunto de datos representativo de la variabilidad fenotípica del papayo en distintas condiciones ambientales y de desarrollo. Para garantizar una correcta clasificación de las imágenes, se empleó la plataforma Roboflow, la cual permitió realizar el etiquetado preciso de las muestras, separándolas en categorías según su estado fitosanitario, la división del dataset fue aleatoria dando lugar a 840 imágenes en entrenamiento, 240 en validación y 120 en prueba, siguiendo las recomendaciones de la plataforma.



Figura 3 y 4. Ejemplares de papayo sano y papayo con presencia del PRSV Anular en el Papayo.

Fuente: Elaboración propia.

Preprocesamiento de imágenes

Se llevó a cabo un preprocesamiento de las imágenes con el objetivo de optimizar su calidad y adap-

tarlas a los requerimientos del modelo de aprendizaje profundo. Este proceso incluyó la aplicación de técnicas de aumento de datos aplicada al conjunto de datos de entrenamiento, con ayuda de la plataforma Roboflow, para incrementar la diversidad del conjunto de entrenamiento y mejorar la capacidad de generalización del modelo. Entre las técnicas utilizadas se encuentran la inversión horizontal (espejado), rotación con distintos ángulos y ajustes en los niveles de brillo, lo que permitió simular variaciones en las condiciones de captura y mitigar posibles sesgos en el entrenamiento. En la Figura 5 se muestran las configuraciones empleadas en Roboflow.

Adicionalmente, todas las imágenes fueron redimensionadas a una resolución de 640 x 640 píxeles, asegurando uniformidad en el conjunto de datos y optimizando la eficiencia computacional durante la fase de entrenamiento del modelo. Como resultado de este proceso de aumento y estandarización, se generó un conjunto de entrenamiento con 2,520 imágenes, lo que representa un incremento de 1,680 imágenes. Para evitar el sesgo del modelo no se incluyeron imágenes con aumentación de datos en el conjunto de validación y pruebas.

Esta distribución del conjunto de datos sigue las mejores prácticas en el desarrollo de modelos de aprendizaje profundo, asegurando una evaluación rigurosa y representativa del desempeño del modelo en la detección del PRSV en el papayo.

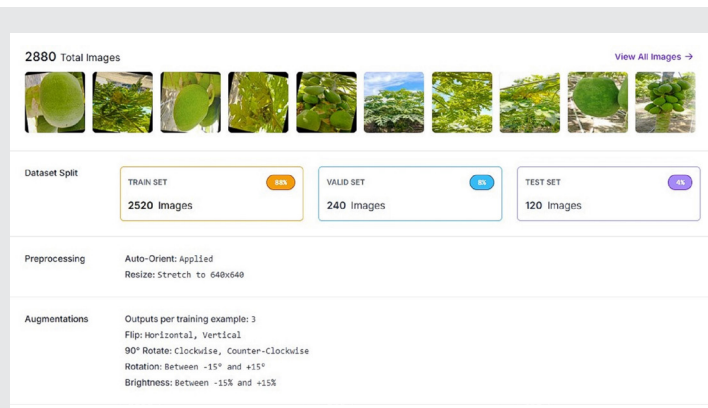


Figura 5. Etiquetado, aumento de datos y división de dataset con Roboflow.

Fuente: Elaboración propia.

Hardware y Software utilizado

El proceso de entrenamiento, validación y prueba del modelo se llevó a cabo en un equipo de cómputo con las especificaciones detalladas en la Tabla 1. Asimismo, la recopilación de imágenes se realizó utilizando teléfonos celulares inteligentes cuyas características también se muestran en dicha tabla. La información es relevante para comprender las condiciones de captura de imágenes y los recursos computacionales utilizados en el desarrollo del modelo.

Tabla 1. Características de hardware del equipo de desarrollo.

Equipo	Elemento	Capacidad
Laptop	Memoria RAM	16 GB
	Disco Duro	480 GB
	Procesador	AMD Ryzen 5 5500U @2.10GHz
	Sistema Operativo	Windows
Teléfono Celular Inteligente 1	Memoria RAM	12 GB
	Disco Duro	512 GB
	Procesador	Snapdragon 8+ Gen 1 Mobile Plarform Octa-core Max 3.0GHz
	Cámara	64 MP
	Sistema Operativo	Android
Teléfono Celular Inteligente 2	Memoria RAM	4 GB
	Disco Duro	128 GB
	Procesador	Snapdragon 680 Octa-core Max 2.40GHz
	Cámara	50 MP
	Sistema Operativo	Android
Teléfono Celular Inteligente 3	Memoria RAM	6 GB
	Disco Duro	256 GB
	Procesador	Apple A16 Bionic
	Cámara	48 MP
	Sistema Operativo	iOS

Fuente: Elaboración propia.

Se utilizó Roboflow para automatizar varias etapas del procesamiento de imágenes, optimizando la preparación del dataset para su posterior uso en el modelo de aprendizaje profundo.

Para la implementación del modelo y el preprocesamiento del conjunto de datos, se eligió el lenguaje de programación Python debido a su amplia compatibilidad con bibliotecas especializadas en aprendizaje automático y visión por computadora, como Tensorflow, Keras, PyTorch y OpenCV. La versatilidad de Python, junto con su extensa comunidad de desarrollo, permitió la integración eficiente de diversas herramientas para el preprocesamiento, entrenamiento y evaluación del modelo. La Figura 6 muestra la línea de código en Python empleada para el entrenamiento del modelo.

```
!yolo task=classify mode=train model=yolo11n-cls.pt data='dataset_papaya' epochs=35 imgsz=640
```

Figura 6. Proceso de entrenamiento del modelo YOLO11n-cls.pt en Python.

Fuente: Elaboración propia.

Dado que el procesamiento y entrenamiento del modelo requiere un alto poder computacional y considerando las limitaciones de hardware locales, se optó por utilizar Google Colaboratory como entorno de desarrollo en la nube. Google Colaboratory proporciona acceso gratuito a recursos com-

putacionales avanzados, incluyendo unidades de procesamiento gráfico (GPU), lo que permite acelerar significativamente el entrenamiento del modelo. Además, su integración con Google Drive facilita el almacenamiento y la gestión de los datos sin la necesidad de infraestructura local adicional. La Tabla 2 se observan las características de la máquina virtual proporcionada por Google Colaboratory en su versión gratuita, el uso de esta infraestructura en la nube permite entrenar el modelo de manera eficiente sin requerir equipos locales de alto rendimiento, garantizando así un proceso de experimentación ágil y escalable.

Tabla 2. Características de la máquina virtual de Google Colaboratory utilizada.

Recurso	Especificación
Sistema Operativo	Ubuntu 20.04 LTS
Unidad de Procesamiento Central (CPU)	Intel Xeon (2 núcleos, ~2.3GHz)
Memoria RAM	12.7 GB
Unidad de Procesamiento Gráfico	NVIDIA Tesla T4
Memoria de la GPU	15 GB
Almacenamiento en Disco	112.6 GB de almacenamiento temporal
Entorno de Desarrollo	Python 3.8+, Jupyter Notebook integrado
Conectividad	Soporte para bibliotecas en la nube y acceso a Google Drive

Fuente: Elaboración propia.

Configuración del modelo YOLO11n-cls.pt

Los hiperparámetros utilizados en el modelo YOLOv11, detallados en la Tabla 3, se basaron principalmente en las configuraciones predeterminadas del framework Ultralytics. Entre las adaptaciones implementadas se destaca el ajuste del número de épocas para equilibrar la convergencia del modelo y evitar el sobreajuste, la selección de la arquitectura YOLOv11n-cls.pt optimizada para clasificación, y la integración de un conjunto de datos especializado compuesto por imágenes de papaya en dos estados: asintomático e infectado por el PRSV. Esta configuración garantizó la reproducibilidad del experimento y se alineó con los estándares metodológicos empleados en visión artificial para el diagnóstico de enfermedades vegetales. Dada la limitación de los recursos computacionales, se optó por hacer uso de 35 épocas por el tiempo de ejecución que tarda en entrenarse el modelo, el cual fue de 1.277 horas.

Tabla 3. Hiperparámetros utilizados en el modelo YOLO11n-cls.pt.

Hiperparámetro	Valor
Task	Classify
Mode	Train
Epochs	35
Batch size	16
Model	Yolo11n-cls.pt
Imgsize	640x640
Momentum	0.937
Optimizer	Adam
Learning rate	0.01

Fuente: Elaboración propia.

RESULTADOS

Conjunto de datos de entrenamiento y validación

Como se ilustra en las figuras 7, 8 y 9, el análisis de las curvas de entrenamiento y validación evidencia un comportamiento coherente del modelo YOLOv11 en la tarea de clasificación fisiopatológica. La curva de pérdida en entrenamiento exhibió una reducción monótonica desde un valor inicial de 0.4 hasta alcanzar una convergencia cercana a 0 (0.0) al finalizar las 30 épocas, reflejando una optimización efectiva de los parámetros del modelo.

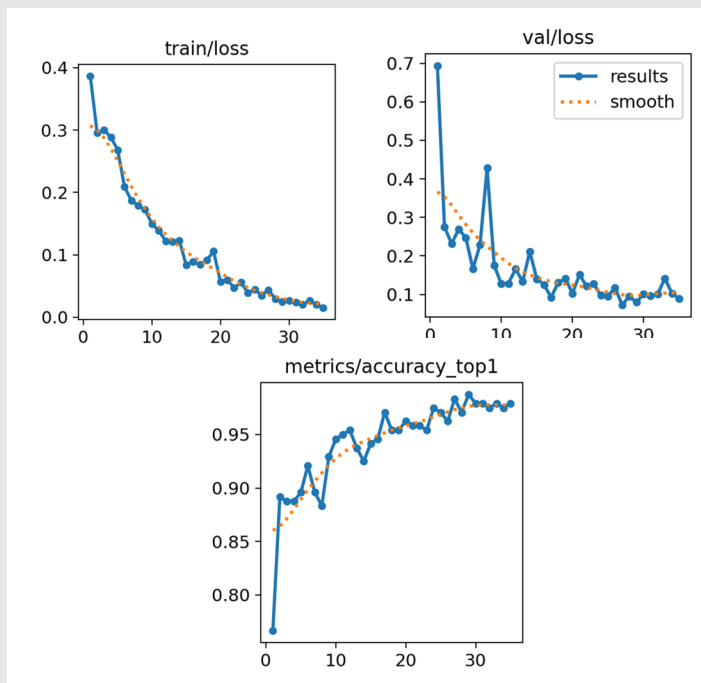


Figura 7, 8 y 9. Pérdida y Accuracy en las fases de Entrenamiento y Validación del modelo YOLOv11.

Fuente: Elaboración propia.

En contraste, la curva de pérdida en validación descendió de 0.7 a 0.1 durante el mismo período, manteniendo una trayectoria paralela sin divergen-

cias significativas, lo que sugiere una capacidad de generalización robusta ante datos no observados durante el entrenamiento. Complementariamente la exactitud como métrica de evaluación, demostró un incremento progresivo desde un 80% hasta estabilizarse arriba del 95% corroborando la eficacia de la configuración de hiperparametros implementada (resolución espacial de 640 x 640 píxeles, arquitectura YOLO11n-cls.pt). Si bien estos resultados indican un aprendizaje exitoso, la proximidad de la pérdida de entrenamiento a valores mínimos absolutos justifica una evaluación rigurosa de sobreajuste mediante un conjunto de pruebas independiente.

Métricas de evaluación

Las métricas de evaluación implementadas son las siguientes: exactitud Ec.1, precisión Ec.2, sensibilidad Ec.3, especificidad Ec.4, y el F1 score Ec.5. Todas las métricas se basan en la matriz de confusión [13].

$$Acc = \frac{TP + TN}{TP + FN + TN + FP} \quad Ec. (1)$$

$$Prc = \frac{TP}{TP + FP} \quad Ec. (2)$$

$$Sns = \frac{TP}{TP + FN} \quad Ec. (3)$$

$$Spc = \frac{TN}{TN + FP} \quad Ec. (4)$$

$$F1 \text{ score} = 2 \frac{Prc * Sns}{Prc + Sns} \quad Ec. (5)$$

Conjunto de datos de pruebas

El modelo demostró una capacidad predictiva robusta en la identificación del PRSV en tejidos de la papaya, alcanzando una sensibilidad del 100% (64/64 muestras infectadas correctamente clasificadas) en condiciones que el modelo nunca había visto en su etapa de entrenamiento y validación. No obstante, en la detección del tejido sano, se registró una especificidad del 92.68% (52/56 muestras asintomáticas identificadas con éxito), lo que sugiere la presencia de falsos positivos en un 7.14% de los casos.

Finalmente, se obtuvo un 96.6% de exactitud y una precisión del 94.12%. El F1 score obtenido fue del 96.96%, demostrando la fortaleza que posee el modelo en la identificación del PRSV.

CONCLUSIONES

Con base en la exactitud (accuracy) del 96.6% obtenida en pruebas por el modelo YOLOv11, entrenado con un conjunto de datos de 2,880 imágenes durante 35 épocas, se concluye que es capaz de identificar con eficacia la presencia del PRSV en la papaya tanto en los frutos como en las hojas de la

planta. Además, la adecuada configuración de los hiperparámetros del modelo permitió reducir el costo computacional y prevenir problemas como el sobreajuste.

En comparación con el trabajo de Ajo Flores [8] el modelo entrenado en el presente trabajo superó en exactitud la solución propuesta por el autor en un 10.68%. Por su parte, el modelo superó al modelo entrenado por Hossen [7] en un 5.6% de exactitud, lo cual se le atribuye a que en este trabajo se contó con un dataset amplio y dedicado para la problemática presentada.

El presente trabajo es un aporte relevante a la agricultura local en el control del PRSV a través de herramientas modernas, ya que, pese a ser un virus con mucho impacto en el cultivo de papaya, no es un tema ampliamente abordado. Gracias a este trabajo se ha logrado identificar y clasificar ejemplares dañados por el PRSV con el fin de detectar y erradicar esta amenaza en cualquier etapa del cultivo, además el tiempo del proceso de revisión de las plantas que realizan los agricultores se podría ver minimizado.

A pesar del buen desempeño alcanzado, el modelo presenta ciertas limitaciones que deben ser consideradas, entre ellas la posibilidad de probar el modelo en ambientes con diferencias drásticas, puesto que las condiciones de los huertos son similares, lo que puede causar resultados erróneos. A su vez, se presenta la necesidad de validar el modelo con diferentes ciclos de crecimiento y calidades de imágenes.

Como trabajo a futuro, se plantea la implementación del modelo generado en este trabajo en un aplicativo móvil que permita su uso en campo, y de esa manera, ser una herramienta de apoyo para los agricultores locales.

AGRADECIMIENTOS

Agradecimientos a los propietarios de las huertas, los cuales nos permitieron tomar fotografías a sus cultivos. En especial, al agricultor que nos guió en cada una de las visitas al campo, además de brindarnos más detalles e información respecto a la identificación y tratamiento del PRSV. Sin ellos no hubiese sido posible la realización de este trabajo.

BIBLIOGRAFÍA

[1] Gobierno del Estado de Colima. (2015). *Guía Para El Control De Plagas Y Enfermedades En El Cultivo Del Papayo, En El Estado De Colima*. Colima, México.

[2] Bermúdez Guzmán, M. de J., Guzmán González, S., Lara Reyna, J., Palmeros Suárez, P. A.,

López Muraira, I. G., y Gómez Leyva, J. F. (2018). *Presencia de Papaya ringspot virus (PRSV) en arvenses asociadas a Carica papaya en Colima, México*. *Revista mexicana de fitopatología*, 36(1).

[3] Burns, P., Saengmanee, P., y Doung-Ngern, U. (2022). *Papaya: The Versatile Tropical Fruit*. En *Tropical Plant Species and Technological Interventions for Improvement* (pp. 1–14). IntechOpen.

[4] Valderrama Alfaro, S. M., y Sedano Saavedra, C. (2013). *Caracterización Sintomatológica Y Determinación De Virus Que Infeccionan Al Cultivo De Carica Papaya L., En Algunas Zonas Del Norte Del Perú [Tesis de maestría]*. Universidad Nacional De Trujillo, Perú.

[5] Venbrux, M., Crauwels, S., y Rediers, H. (2023). *Current and emerging trends in techniques for plant pathogen detection*. *Frontiers in Plant Science*, 14.

[6] Carrillo Riofrío, F. M., Segovia Cáceres, S. M., y Jijon Paredes, E. M. (2021). *La Innovación en la Agricultura Digital*. *Dominio de las ciencias*, 7(3), 1652–1658.

[7] Hossen, S., Haque, I., Islam, S., Ahmed, T., Nime, J., y Islam, A. (2020). *Deep learning based classification of papaya disease recognition*. En *Proceedings of the 3rd International Conference on Intelligent Sustainable Systems* (pp. 945–951). Thoothukudi, India: Institute of Electrical and Electronics Engineers Inc.

[8] Ajo Flores, R. E., Eras Zamora, E. A., y García Baño, X. P. (2023). *Detección temprana de Papaya ringspot virus (PRSV) en cultivos de papaya (Carica papaya) usando imágenes multiespectrales y aprendizaje profundo relacionado con técnicas moleculares [Proyecto integrador]*. Escuela Superior Politécnica del Litoral, Guayaquil, Ecuador. Recuperado de <https://www.dspace.espol.edu.ec/handle/123456789/58408>

[9] Madhu, S., y Ravisankar, V. (2025). *Comprehensive Analysis of a YOLO-based Deep Learning Model for Cotton Plant Leaf Disease Detection*. *Engineering, Technology and Applied Science Research*, 15(1), 19947–19952.

[10] Kaleb Schultz (2025). *Understanding the Role of Knowledge Intelligence in the CRISP-DM Framework: A Guide for Data Science Projects*. Obtenida el 11 junio de 2025, de la página electrónica <https://enterprise-knowledge.com/understanding-the-role-of-knowledge-intelligence-in-the-crisp-dm-framework-a-guide-for-data-science-projects/>.

[11] Ultralytics. (2025). YOLO: Breve historia. Recuperado el 11 de junio de 2025, de <https://docs.ultralytics.com/es/#yolo-a-brief-history>.

[12] Hidayatullah, P., Syakrani, N., Sholahuddin, M. R., Gelar, T., y Tubagus, R. (2025). *YOLOv8 to YOLO11: A Comprehensive Architecture In-depth Comparative Review*. arXiv preprint arXiv:2501.13400. Recuperado de <https://doi.org/10.48550/arXiv.2501.13400>.

[13] Google (2025). "Google Colaboratory,". Recuperado el 05 de septiembre de 2025 de <https://colab.google/>.

[14] J. R. Macas Bermeo, "Desarrollo De Una Aplicación Para La Detección De Plagas En El Cultivo De Papas Aplicando Redes Neuronales Convolucionales," Tesis de grado, Universidad Técnica de Machala, Machala, Ecuador, 2022, pp. 45.

