

Análisis de imágenes hiperespectrales de maní contaminado con aflatoxinas

Vranic Maria Laura^{1,2,3}[0000-0002-9627-6575], Martinez Vargas, Steven⁴[0000-0001-5452-1168],
Cristos Diego Sebastián¹[0000-0002-8763-9100], Pesquero Natalia Victoria¹ [0009-0005-2877-1856],
Vorobioff Juan²[0000-0001-9346-061X], Delrieux Claudio^{2,4}[0000-0002-2727-8374]

¹ Instituto de Tecnología de Alimentos, INTA, Argentina

² Universidad Tecnológica Nacional, Buenos Aires, Argentina.

³ Universidad Nacional de Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

⁴ Universidad Nacional del Sur, Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación, Laboratorio de Ciencias de las Imágenes, Bahía Blanca, Argentina.
mlvranic@gmail.com

Abstract. Las aflatoxinas son subproductos naturales producidos por hongos, principalmente *Aspergillus flavus* y *Aspergillus parasiticus*, presentes en los cereales y otros cultivos, en particular el maíz y el maní. Medir los niveles de aflatoxinas en productos de grano es complicado debido a la distribución extremadamente sesgada de las micotoxinas. Las aflatoxinas poseen propiedades significativas de absorción de luz ultravioleta (UV) y fluorescencia. La aplicación del análisis de imágenes en el control de calidad para detectar la presencia de aflatoxinas en granos de maní ofrece varias ventajas significativas frente al muestreo y análisis químico, merecen destacarse que la técnica no es destructiva y se puede controlar todo el lote. Si el análisis de imágenes, se integra con algoritmos de aprendizaje automático, pueden procesarse grandes volúmenes de muestras rápidamente.

El objetivo del presente trabajo es seleccionar algoritmos de aprendizaje supervisado que permitan detectar la presencia de aflatoxinas en imágenes hiperespectrales de maní. Se evaluaron muestras de maní sin contaminar, contaminado con Aflatoxina B1 (B1, 6.2426 $\mu\text{g}/\text{kg}$) y una mezcla de aflatoxinas (MIX, 26.9725 $\mu\text{g}/\text{kg}$ totales). Con una precisión global de 0.98 el algoritmo de Random Forest (RF) y Máquinas de Vectores de Soporte (SVM) permitieron clasificar correctamente los 3 grupos.

Keywords: Aflatoxinas, maní, Imágenes hiperespectrales, métodos de clasificación.

1 Introducción

Las aflatoxinas son subproductos naturales producidos por hongos, principalmente *Aspergillus flavus* y *Aspergillus parasiticus*, presentes en los cereales y otros cultivos, en particular el maíz y el maní. Se conocen con el término general de Aflatoxinas al grupo de aproximadamente 20 tipos de metabolitos diferentes cuya toxicidad y presencia en los alimentos varía, si bien son 6 los más frecuentes en los alimentos: B1, B2, G1, G2, M1 y M2. Son genotóxicas y la B1 puede causar carcinomas hepatocelulares en humanos. En 2020, la EFSA (Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria) emitió una

opinión científica sobre los riesgos para la salud pública relacionados con la presencia de aflatoxinas en los alimentos. La evaluación del riesgo se centró en las aflatoxinas B1, B2, G1, G2 y M1. Se utilizaron más de 200.000 resultados analíticos sobre la presencia de aflatoxinas en la evaluación. Los granos y productos a base de granos contribuyeron en mayor medida a la exposición crónica media a B1 en todas las edades (1).

La Argentina es el mayor productor de maní de América Latina, y el séptimo mayor productor en el mundo. Sin embargo, es el primer exportador mundial de maní y además se ha consolidado como el principal proveedor de maní de la Unión Económica Europea y es líder mundial de calidad (2). Durante 2023, el Sistema de Alerta Rápida para Alimentos y Piensos (RASFF), ha registrado 546 alertas por la presencia de toxinas naturales, 57.5 % de los casos de contaminación con micotoxinas ha sido causada por aflatoxinas, siendo el maní el producto implicado en la mayoría de las ocasiones (3) (4).

Medir los niveles de aflatoxinas en productos de grano es complicado debido a la distribución extremadamente sesgada de las micotoxinas. En consecuencia, el muestreo/submuestreo es ampliamente reconocido como la mayor fuente de error en la medición de aflatoxinas, representando hasta el 90 por ciento del error en la prueba de variabilidad de los niveles de aflatoxinas entre la submuestra medida y la muestra completa, en comparación con la variabilidad de la prueba analítica en sí. Menos del 1 por ciento de los granos pueden estar contaminados, pero estos granos pueden contener niveles extremadamente altos de aflatoxinas: hasta 1.000.000 de nanogramos por gramo (ng/g) en maníes individuales. Por lo tanto, es fundamental para la precisión de cualquier análisis que se obtenga una muestra "representativa" para la prueba. Estas estrategias de muestreo son tan importantes como las pruebas analíticas en sí.

Las aflatoxinas poseen propiedades significativas de absorción de luz ultravioleta (UV) y fluorescencia, y los métodos cromatográficos, ya sea cromatografía líquida de alta resolución (HPLC) o cromatografía en capa fina (TLC) con detección por UV o fluorescencia, se utilizan ampliamente (5). La aplicación del análisis de imágenes en el control de calidad en línea para detectar la presencia de aflatoxinas ofrece varias ventajas significativas como la rápida detección, no necesita de toma de muestras, se puede controlar todo el lote y no es destructiva. Si se integra con algoritmos de aprendizaje automático, puede procesar grandes volúmenes de muestras rápidamente, aunque la implementación inicial de un sistema de análisis de imágenes puede ser costosa, a largo plazo puede reducir los costos operativos.

El objetivo del presente trabajo es seleccionar algoritmos de aprendizaje supervisado que permitan detectar la presencia de aflatoxinas en imágenes hiperespectrales de maní.

2 Materiales y métodos

2.1 Muestras.

Materia prima: se utilizaron medios maníes sin tostar (Variedad: *Granoleico*). Se utilizó un total de 15 maníes que fueron divididos aleatoriamente en 3 grupos con igual número de granos: SC (maníes control, sin contaminación), B1 (maníes contaminados con un estándar de aflatoxina B1) y MIX (maníes contaminados con un estándar de las 4 aflatoxinas: B1, B2, G1 y G2).

2.2 Contaminación

Superficialmente y con la ayuda de una pipeta, cada una de las mitades de los maníes se contaminaron con 2 μL solución estándar de aflatoxina B1 0,001 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ en metanol o 4 μl Mix aflatoxinas en acetonitrilo. El MIX de aflatoxinas contiene: 0,00088 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ de AFB1, 0,00031 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ de AFB2, 0,00099 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ de AFG1 y 0,00032 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ de AFG2 (Marca: Sigma Aldrich). El peso medio de las muestras \pm el desvío estándar es el siguiente: para SC: $0,3629 \pm 0,0569$ g, para B1 $0,3317 \pm 0,0598$ g y para MIX $0,3607 \pm 0,0543$ g.

2.3 Adquisición de Imágenes

Las imágenes se capturaron dentro de una caja negra diseñada para minimizar la interferencia lumínica externa. La caja tenía una estructura cubica de 75 cm de lado, con dos puertas frontales. Como iluminantes se utilizaron 2 lámparas de luz ultravioleta (UV), dispuestas estratégicamente para garantizar una iluminación uniforme sobre las muestras. Se utilizó una cámara hiperespectral Rikola, posicionada a 20 cm de la base. Esta cámara captura información espectral en múltiples bandas; en total, se registraron 194 imágenes a diferentes longitudes de onda, abarcando el rango de 500 a 700 nm. Como puede observarse en la Figura 1, una imagen hiperespectral consiste en una serie de imágenes, cada una asociada a una banda espectral específica a lo largo del espectro electromagnético.

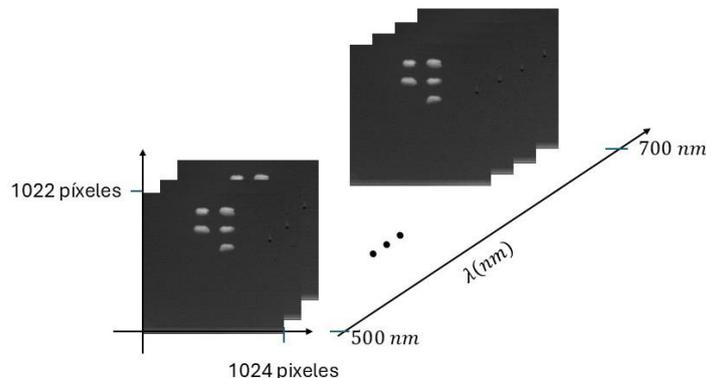


Figura 1: Imagen hiperespectral

1.4 Procesamiento de las imágenes

El proceso de preprocesamiento de imágenes incluyó recorte de la imagen (150 x 200 píxeles), suavizado mediante un filtro gaussiano, umbralización utilizando el método de Otsu, y limpieza de la imagen binaria resultante para eliminar artefactos no deseados. Se creó una máscara binaria que luego fue aplicada a todas las longitudes de onda, en la zona seleccionada se definieron subregiones de 3x3, cada observación está representada por el valor máximo del píxel (en escala de grises) de la subregión para las 194

longitudes de onda (Figura 2). La tabla 1 presenta el número de observaciones por tratamiento. La base de datos es de 6928 observaciones por 194 variables.

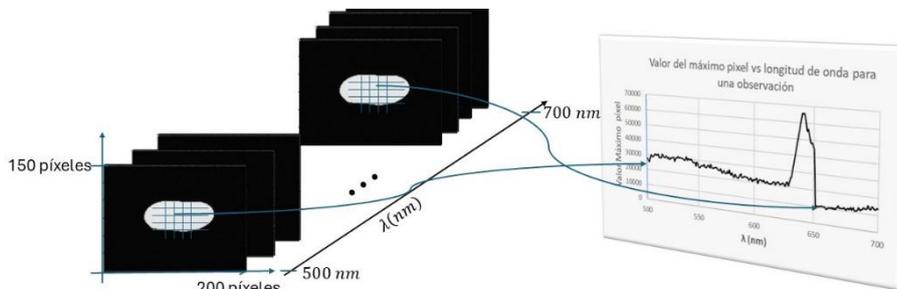


Figura 2: Representación del registro de una observación.

Tabla 1. Número de observaciones por tratamiento y por mani.

Tratamiento	Mani					Total
	1	2	3	4	5	
SC	510	439	445	527	535	2456
CB1	449	438	388	382	480	2137
CMIX	593	425	349	490	478	2335
						6928

1.5 Algoritmos de clasificación

Se evaluaron los siguientes algoritmos de clasificación no paramétricos, para construir un clasificador para una variable politómica que puede asumir 3 categorías distintas SC, CB1 y CMIX:

Regresión Logística Multinomial: es una extensión de la regresión logística binaria, para más de 2 clases (K). Se selecciona una única clase de regresión logística multinomial para que sirva como la línea base. Sin pérdida de generalidad, seleccionamos la k –ésima clase para este rol y el modelo para la regresión logística multinomial toma la forma: $\log\left(\frac{P(Y=k/X=x)}{P(Y=K/X=x)}\right) = \beta_{k0} + \beta_{k1}x_1 + \dots + \beta_{kp}x_p$ donde $P(Y = k/X = x)$ es la probabilidad de que la respuesta sea k dado el vector de predictores x . Para resolver la regresión logística multinomial, se empleó un algoritmo de optimización basado en el método de cuasi-Newton, como “lbfgs” (Limited-memory Broyden–Fletcher–Goldfarb–Shanno), que es eficiente en términos de memoria y computación, particularmente para problemas de tamaño pequeño a mediano.

Árboles de Clasificación: para construir un árbol de clasificación se utiliza una técnica llamada “división binaria recursiva”, que consiste en partir repetidamente un conjunto

de datos en subconjuntos más pequeños y homogéneos, con el objetivo de crear un modelo predictivo que pueda clasificar nuevas observaciones de manera precisa. Divide el espacio de predictores (variables independientes) en regiones distintas y no sobrepuestas. Se inicia con todo el conjunto de datos en un nodo raíz, se busca la mejor manera de dividir este conjunto en dos subconjuntos, basándose en el valor de un atributo (variable predictora). La "mejor" división es aquella que maximiza la homogeneidad de las clases dentro de cada subconjunto, los dos subconjuntos resultantes de la división se convierten en los nodos hijos del nodo raíz, se repite el proceso para cada nodo hijo hasta que se cumpla una condición de parada.

Se denomina "recursiva" porque el proceso de división se aplica repetidamente a cada nuevo subconjunto creado. La elección de la mejor división se basa en criterios de impureza. Estos criterios miden la heterogeneidad de las clases dentro de un nodo, por ejemplo: la tasa de error de clasificación, el índice Gini o la entropía (6) (7).

K-Vecinos Más Cercanos (KNN): Clasifica una observación en función de la mayoría de los K vecinos más cercanos. No asume ninguna distribución específica de los datos. Para clasificar un nuevo dato, el algoritmo identifica los 'k' puntos de entrenamiento más cercanos a ese punto en el espacio de características. Luego, se estima la probabilidad de que ese punto pertenezca a alguna clase y el clasificador KNN asigna la observación de prueba a la clase que tiene la probabilidad estimada más alta.

Random Forests (RF, Bosque Aleatorio en español): Es lo que se llama un método de ensamble (bagging) que proviene de las siglas en inglés de *Bootstrap Aggregating*, es una técnica en el aprendizaje automático que se utiliza para mejorar la precisión y estabilidad de los modelos. Consiste en crear múltiples modelos a partir de un mismo algoritmo base y luego combinar sus predicciones para obtener una predicción final.

Se divide aleatoriamente los datos de entrenamiento en varios subconjuntos, de ahí el "random" de random forest. Se ajustan varios árboles de clasificación en cada subconjunto: habrá tantos modelos como subconjuntos. Se combinan todos los resultados de los modelos para dar un resultado final. De ese modo, se construye un modelo robusto a partir de varios modelos, que no tienen por qué ser tan robustos (9). Al combinar múltiples árboles, se reduce el riesgo de sobreajuste que puede ocurrir con un solo árbol de decisión, mejora la precisión general y estabiliza las predicciones.

Máquinas de Vectores de Soporte: (SVM, por sus siglas en inglés): Cuando es posible separar perfectamente las observaciones de entrenamiento mediante un hiperplano, existirá un número infinito de hiperplanos. El hiperplano de margen máximo es aquel que maximiza la distancia mínima entre las observaciones de entrenamiento y el hiperplano, las observaciones más cercanas a este hiperplano definen la posición de los vectores de soporte. El hiperplano de margen máximo depende directamente de los vectores de soporte, pero no de las otras observaciones: un movimiento en cualquiera de las otras observaciones no afectaría al hiperplano separador, siempre que el movimiento de la observación no haga que cruce el límite definido por el margen. El clasificador de vectores de soporte, a veces llamado clasificador de margen suave hace esto, permite que algunas observaciones estén en el lado incorrecto del margen, o incluso en

el lado incorrecto del hiperplano. Los núcleos (Nuc) permiten abordar problemas de clasificación no lineal. Al transformar los datos a un espacio de mayor dimensión, hacen que la tarea de encontrar un hiperplano separador sea más sencilla. Se utilizó un núcleo Radial: $Nuc(x, x_i) = \exp\left(-\gamma \sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{ij}^i)^2\right)$ donde γ es una constante positiva.

Para más de 2 clases (K), una estrategia común es la clasificación uno contra uno (one-versus-one o all-pairs). Se construyen $\binom{K}{2}$ clasificadores SVM, donde cada clasificador compara un par de clases. En otras palabras, para K clases, se generan $K(K - 1)/2$ SVMs. Cada clasificador se entrena para distinguir entre dos clases específicas (10) (11).

1.5.2 Métricas evaluadas

En este estudio, se empleó el 80% de los datos para el entrenamiento y el 20% restante para prueba, distribuidos por clase como se detalla en la Tabla 2.

Tabla 2. Número de observaciones para el entrenamiento y prueba por clase.

Clase	Número de observaciones	
	Entrenamiento	Prueba
SC	1950	506
CB1	1712	425
CMIX	1880	455
Total	5542	1386

Para todos los métodos se evaluaron las siguientes métricas:

Precisión: proporción de verdaderos positivos sobre el total de predicciones positivas hechas por el modelo. En otras palabras, es la proporción de veces que el modelo fue correcto al predecir una clase positiva en comparación con todas las veces que predijo esa clase: $Precisión = \frac{VP}{VP+FP}$ donde VP es el número de verdaderos positivos y FP es el número de falsos positivos.

Sensibilidad: proporción de verdaderos positivos sobre el total de casos reales positivos. Es una medida de cuán bien el modelo captura todos los casos positivos: $Sensibilidad = \frac{VP}{VP+FN}$ donde FN es el número de falsos negativos.

Puntuación F1: media armónica entre la precisión y la sensibilidad. Es una métrica útil para equilibrar la precisión y la sensibilidad, especialmente cuando las clases están desbalanceadas: $Puntuación\ F1 = 2 \times \frac{Precisión \times Sensibilidad}{Precisión + Sensibilidad}$.

Soporte: indica el número de ocurrencias de cada clase en el conjunto de datos de prueba. Es útil para entender cuántas instancias de cada clase hay en el conjunto de datos.

Precisión Global: La proporción de todas las predicciones correctas (tanto positivas como negativas) sobre el total de instancias.

Promedio Métricas: El promedio de las métricas (precisión, recall, F1-score) calculadas para cada clase, sin considerar el número de instancias en cada clase. Da igual peso a cada clase.

Promedio Ponderado: El promedio de las métricas calculadas para cada clase, ponderado por el número de instancias en cada clase. Refleja la influencia de cada clase en la métrica general, teniendo en cuenta el soporte de cada clase.

3 Resultados

En la Tabla 3 se muestran los niveles de contaminación, se estimó la concentración de los contaminantes para cada maní y luego se promedió. En las muestras contaminadas por la mezcla de aflatoxinas se sumaron las medias individuales.

Tabla 3. Niveles de contaminación en los maníes en $\mu g/kg$

Tratamiento	Aflatoxina	Media	Mínimo	Máximo
CMIX	B1	9.4943	8,7173	11.4397
	B2	3,3446	3.0716	4.0299
	G1	10.6811	9.8093	12.8697
	G2	3.4525	3.1707	4,1599
	Suma	26.9725	24.7709	32,4992
CB1	B1	6,2426	4.9092	7.8247

En la Unión Europea para maní y otras semillas oleaginosas que deben someterse a un proceso de selección u otro tratamiento físico antes de su comercialización para el consumidor final o como ingredientes alimentarios el Límite máximo permitido expresados como $\mu g/kg$ es de 8.0 para B1 y 15 para la suma de aflatoxinas (12). Obsérvese que la concentración de aflatoxina B1 está por debajo del límite permitido y por encima en la mezcla. Se utilizaron medios maníes, si consideramos el grano entero, los niveles de contaminación deberían ser la mitad.

En la tabla 4 se muestran las métricas obtenidas para cada uno de los métodos, para los datos de prueba, puede observarse que el promedio global de todos los métodos supera el 90%. Los métodos de clasificación: SVM y RF obtuvieron los valores de precisión general más alta 0.98, ambos modelos están clasificando correctamente casi todas las instancias en el conjunto de datos de prueba.

Si comparamos las métricas por clase: SVM logra clasificar mejor a SC con una Precisión: 0.97 (el 97% de las instancias predichas como SC son realmente SC); y valores más altos de sensibilidad: 0.99 (el modelo identificó el 99% de las instancias reales de SC, hay muy pocos falsos negativos) y un índice de Puntuación F1 de 0.98 (El balance entre precisión y exhaustividad sigue siendo alto).

Para la clase CMIX: SVM logra una Precisión de 1.00 (El modelo predijo correctamente todas las instancias de CMIX que identificó como tal) y una menor sensibilidad

0.96. Para la clase CB1 SVM alcanza la mayor sensibilidad 1.00 (el modelo captura el 100 por ciento de los casos positivos), la precisión y la Puntuación F1 son ligeramente mayores para Random Forest.

Table 4. Métricas evaluadas por algoritmo de clasificación para los datos de prueba

Algoritmo (Precisión global)	Clases y promedios	Preci- sión	Sensibili- dad	Puntuación F1
Regresión Logística Multinomial (0.91)	CB1	0.86	0.89	0.88
	CMIX	0.91	0.88	0.89
	SC	0.96	0.96	0.96
	Promedio Métricas	0.91	0.91	0.91
	Promedio ponderado	0.91	0.91	0.91
Arboles de clasificación (0.92)	CB1	0.97	0.96	0.97
	CMIX	0.87	0.91	0.89
	SC	0.91	0.88	0.90
	Promedio Métricas	0.92	0.92	0.92
	Promedio ponderado	0.92	0.92	0.92
K Vecinos más cercanos (0.94)	CB1	0.96	1.00	0.98
	CMIX	0.88	0.97	0.92
	SC	0.98	0.86	0.92
	Promedio Métricas	0.94	0.94	0.94
	Promedio ponderado	0.94	0.94	0.94
Randon Forest (0.98)	CB1	0.99	0.99	0.99
	CMIX	0.98	0.97	0.98
	SC	0.97	0.97	0.97
	Promedio Métricas	0.98	0.98	0.98
	Promedio ponderado	0.98	0.98	0.98
Máquinas de Vectores de Soporte (0.98)	CB1	0.97	1.00	0.98
	CMIX	1.00	0.96	0.98
	SC	0.97	0.99	0.98
	Promedio Métricas	0.98	0.98	0.98
	Promedio ponderado	0.98	0.98	0.98

No existen diferencias entre el promedio de las métricas y el promedio ponderado; esto se debe a que el número de ocurrencias de cada clase en el conjunto de datos de prueba es muy similar entre clases: 425 observaciones para la clase CB1, 455 para la clase CMIX y 506 observaciones para la clase SC.

El método de KNN obtiene la mayor precisión para la clase SC (0.98) y la mayor sensibilidad (1.00) y Puntuación F1 (0.98) para la clase CB1. La regresión logística multinomial obtiene las mejores métricas para la clase SC; mientras que, los árboles de clasificación obtienen las mejores métricas para la clase CB1.

La tabla 5 muestra las precisiones de entrenamiento y muestra, para cada uno de los algoritmos evaluados, puede observarse que la diferencia en la precisión en ambos grupos es pequeña.

Table 5. Precisión media, datos de entrenamiento y prueba por algoritmo

Algoritmo	Precisión media	
	Entrenamiento	Prueba
Regresión Logística Multinomial	0.94	0.91
Arboles de clasificación	0.96	0.92
K Vecinos más cercanos	0,96	0.94
Randon Forest	1.00	0.98
Máquinas de Vectores de Soporte	0.99	0.98

Conclusiones

Este trabajo constituye una fase preliminar del estudio, en la cual se empleó un número reducido de maníes con el objetivo de seleccionar los métodos estadísticos más adecuados. A partir de los resultados obtenidos, se encontró que los algoritmos RF y SVM obtienen una precisión muy buena permitiendo clasificar adecuadamente los 3 grupos.

Los resultados obtenidos sugieren que ambos modelos tienen un rendimiento excelente, no solo clasifica correctamente una alta proporción de las instancias, sino que también lo hacen de manera consistente en todas las clases. Si bien es importante verificar la generalización en diferentes conjuntos de datos y condiciones, estos resultados son muy alentadores y sugieren que el modelo está funcionando de manera óptima en el conjunto de prueba.

Los algoritmos de clasificación utilizados en este trabajo se limitan al aprendizaje automático tradicional. El rendimiento de los métodos seleccionados en este estudio podría mejorarse aún más aumentando el número de muestras y diversificando las variedades de maní. Nuestro próximo paso será analizar los algoritmos seleccionados y evaluar si se puede reducir la cantidad de longitudes de onda y luego aplicar los métodos a gran escala.

Los sistemas de análisis de imágenes pueden ayudar a las empresas a cumplir con los estándares de seguridad alimentaria establecidos por las autoridades reguladoras, lo que les permite acceder a mercados internacionales y evitar sanciones.

Referencias

1. Publications, EFSA Supporting. *Outcome of a public consultation on the draft risk assessment of aflatoxins in food*. EFSA. 2020. Técnico. 2397-8325.
2. Argentina.gob.ar Ministerio de Economía, Secretaría de Bioeconomía, Senasa. [En línea] 8 de Septiembre de 2023. <https://www.argentina.gob.ar/noticias/analisis-de-la-situacion-actual-de-la-produccion-de-mani-y-de-sus-mercados-de-exportacion>.
3. Elika. *INFORME RASFF Alimentos Alertas y notificaciones Resumen Anual 2023*. Fundación Vasca para la producción agroalimentaria. 2023.
4. European Commission. RASSF Window. [En línea] 2023. [Citado el: 2 de Agosto de 2024.] <https://webgate.ec.europa.eu/rasff-window/screen/notification/649924>.
5. Unnevehr, Laurian J. y Grace, Delia. *Finding solutions for improved food safety. 2020 Vision Focus 20*. INTERNATIONAL FOOD POLICY RESEARCH INSTITUTE. 2020. págs. 50-51. ISBN: 978-0-89629-676-3 |.
6. Scikit Learn. Decision Tress. [En línea] 5 de Agosto de 2025. <https://scikit-learn.org/stable/modules/tree.html>
7. James, Gareth, y otros. *An Introduction to Statistical Learning with Applications in Python*. s.l. : Springer, págs. 337-339.
8. Scikit Learn. Nearest Neighbors Classification. [En línea] [Citado el: 5 de Agosto de 2024.] <https://scikit-learn.org/stable/modules/neighbors.html#nearest-neighbors-classification>.
9. RandomForestClassifier. <https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.ensemble.RandomForestClassifier.html>. [En línea] Python. [Citado el: 5 de Agosto de 2024.]
10. Jemes, Gareth , y otros. *An Introduction to Statistical Learning with Applications in Python*. Springer Nature Switzerland : Springer, 2023. págs. 367-384. 978-3-031-38746-3.
11. Scikit Learn. *Support Vector Machines*. [En línea] 5 de Agosto de 2024. <https://scikit-learn.org/stable/modules/svm.html>.
12. EURO LEX. Reglamento (UE) 2023/915 de la Comisión de 25 de abril de 2023 relativo a los límites máximos de determinados contaminantes en los alimentos y por el que se deroga el Reglamento (CE) n.º 1881/2006. [En línea] [Citado el: 6 de Agosto de 2024.] <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/ES/TXT/PDF/?uri=CELEX:32023R0915>
13. Scikit Learn. Naive Bayes. [En línea] 5 de Agosto de 2024. https://scikit-learn.org/stable/modules/naive_bayes.html

Agradecimientos.

Esta investigación se realizó en el marco del Doctorado en Ingeniería Mención en procesamiento de señales e imágenes de la Universidad Tecnológica Nacional, sede Medrano. Los autores desean agradecer al Laboratorio de Ciencias de las imágenes de la UNS por prestarnos la cámara para la toma de muestras y al Área de Protección de Alimentos del Instituto de Tecnología de alimentos del INTA por facilitarnos su laboratorio para realizar la contaminación de las muestras y la adquisición de imágenes. Esta investigación ha sido financiada por el Instituto Nacional de Tecnología Alimentaria, en el marco del Proyecto INTA Innovaciones tecnológicas aplicadas a la sostenibilidad en agroindustria (PE 088 P03 A09) y la actividad de Innovación tecnológica: Aplicación del análisis de imágenes en la detección de aflatoxinas en maní.