




Artículo de Investigación Original / Original Research Article

Sistema de control digital basado en Machine Learning para el monitoreo de procesos de propagación in vitro: estudio comparativo de casos institucionales

Digital control system based on Machine Learning for the monitoring of in vitro propagation processes: comparative study of institutional cases

Danny Manuel Diaz Puruncaja ¹, Dayana Noemi Cedeño Zambrano ¹, and Mauricio Nabor Loor Cepeda ¹

¹Universidad Técnica de Cotopaxi, Extensión La Maná

Recibido: 24 febrero 2026

Aceptado: 03 marzo 2026

Publicado: 06 abril 2026

Correspondencia:

Danny Manuel Diaz Puruncaja
danny.diaz3951@utc.edu.ec

Citación sugerida:

Diaz Puruncaja, Danny M.; Cedeño Zambrano, Dayana N.; Loor Cepeda, Mauricio N. (2026). Sistema de control digital basado en Machine Learning para el monitoreo de procesos de propagación in vitro: estudio comparativo de casos institucionales. *Land, Crops & Environment*, 1(1), 46–53.

Derechos:

© 2026 bajo CC BY 4.0.

Resumen

El presente estudio analiza comparativamente la gestión de datos experimentales en procesos de propagación in vitro a partir de tres investigaciones institucionales desarrolladas en la Universidad Técnica de Cotopaxi, correspondientes a banano (*Musa × paradisiaca* L.), heliconias (*Heliconia* sp.) y arándano (*Vaccinium corymbosum* L.). En dichos estudios se evidencia un manejo predominantemente manual de la información experimental, lo que limita la trazabilidad, integración de variables y capacidad de análisis avanzado. A partir de este análisis, se propone un sistema de control digital basado en Machine Learning orientado a automatizar el registro, almacenamiento y análisis de variables experimentales. La metodología adoptó un enfoque comparativo y descriptivo, contrastando los mecanismos tradicionales de gestión de datos con la propuesta tecnológica. Los resultados evidencian mejoras potenciales en la organización de la información, reducción de errores humanos y habilitación de análisis predictivos. El estudio demuestra el aporte de la ingeniería en sistemas a la digitalización de procesos biotecnológicos mediante el uso de sistemas inteligentes.

Keywords: control digital; machine learning; propagación in vitro; análisis comparativo; sistemas inteligentes

Abstract

The present study comparatively analyzes the management of experimental data in in vitro propagation processes based on three institutional investigations developed at the Universidad Técnica de Cotopaxi, corresponding to banana (*Musa × paradisiaca* L.), heliconias (*Heliconia* sp.), and blueberry (*Vaccinium corymbosum* L.). In these studies, a predominantly manual management of experimental infor-

mation is evidenced, which limits traceability, integration of variables, and capacity for advanced analysis. Based on this analysis, a digital control system based on Machine Learning is proposed, aimed at automating the recording, storage, and analysis of experimental variables. The methodology adopted a comparative and descriptive approach, contrasting traditional data management mechanisms with the technological proposal. The results show potential improvements in information organization, reduction of human errors, and enabling of predictive analysis. The study demonstrates the contribution of systems engineering to the digitalization of biotechnological processes through the use of intelligent systems.

Keywords: digital control; machine learning; in vitro propagation; comparative analysis; intelligent systems

1 Introducción

La propagación vegetal *in vitro* constituye una de las herramientas fundamentales de la biotecnología moderna, ampliamente utilizada para la producción masiva de plantas libres de patógenos y la conservación de germoplasma (George et al., 2008). Su aplicación ha sido ampliamente documentada en especies agrícolas, ornamentales y frutales, destacándose por su eficiencia en la multiplicación clonal y la uniformidad del material vegetal.

Sin embargo, a pesar de los avances en los protocolos de micropropagación, la gestión de datos experimentales continúa realizándose, en muchos casos, mediante registros manuales o sistemas no integrados. En este tipo de estudios, variables como contaminación, número de brotes, longitud de brotes, enraizamiento y supervivencia suelen registrarse de forma secuencial, lo que limita la trazabilidad, la interoperabilidad de los datos y el análisis multivariable (Abdalla et al., 2022). Esta limitación dificulta la identificación de patrones complejos y la optimización de los procesos biotecnológicos.

En investigaciones institucionales sobre propagación *in vitro* de banano (*Musa × paradisiaca* L.), heliconias (*Heliconia* sp.) y arándano (*Vaccinium corymbosum* L.), se evidencia un manejo predominantemente manual de la información experimental, lo que restringe la validación automatizada, la integración de variables y el desarrollo de modelos predictivos.

En este contexto, el uso de técnicas de *Machine Learning* ha emergido como una herramienta prometedora para mejorar el análisis de datos en biotecnología vegetal. Diversos estudios han demostrado que los modelos de aprendizaje automático permiten predecir respuestas *in vitro*, optimizar medios de cultivo y mejorar la eficiencia de los protocolos experimentales (Hesami and Jones, 2020; Niazián and Niedbała, 2020; Pepe et al., 2021; Jafari et al., 2022; Demirel et al., 2023; Jafari et al., 2023).

Paralelamente, la digitalización de los procesos experimentales mediante sistemas de gestión de datos y plataformas de control digital permite mejorar la trazabilidad, la reproducibilidad y la calidad de la información científica. En este sentido, el uso de sistemas digitales se ha consolidado como una estrategia clave para reducir errores humanos y facilitar el análisis en tiempo real en entornos de laboratorio (Kitchin, 2014; Oluwole et al., 2022; Rooke and Habicher, 2024).

Desde la perspectiva de la ingeniería en sistemas, la integración de sistemas de control digital con algoritmos de aprendizaje automático permite transformar datos experimentales en información predictiva, contribuyendo a la toma de decisiones y a la optimización de los procesos biotecnológicos. Por ello, el objetivo del presente estudio es comparar la gestión de datos experimentales en tres casos institucionales de propagación *in vitro* con una propuesta

de sistema de control digital basado en *Machine Learning*, evaluando su potencial para mejorar la trazabilidad, la integración de variables y la capacidad de análisis predictivo.

2 Materiales y Métodos

La investigación se desarrolló bajo un enfoque aplicado, descriptivo y comparativo. Se seleccionaron tres estudios de caso institucionales correspondientes a la propagación *in vitro* de banano, heliconias y arándano, los cuales presentan similitudes metodológicas en cuanto a variables evaluadas y procedimientos experimentales.

Para el desarrollo del análisis comparativo se seleccionaron tres estudios de caso institucionales correspondientes a investigaciones de propagación *in vitro* de banano, heliconias y arándano, desarrolladas en la Universidad Técnica de Cotopaxi. Estos estudios fueron elegidos por presentar similitudes metodológicas en cuanto a variables evaluadas, fases experimentales y mecanismos de registro de datos, constituyéndose en una base adecuada para analizar las limitaciones del manejo manual de la información experimental (Cayo Toaquiza and Peralta Piedad, 2021; Mora Vaca and Pilatasig Pilatasig, 2025; Corro Yanchaliquin, 2025).

El análisis se centró en los mecanismos de registro, validación, almacenamiento y análisis de datos empleados en cada estudio. A partir de este diagnóstico, se diseñó un sistema de control digital basado en una arquitectura cliente–servidor, incorporando modelos de *Machine Learning* supervisado para el análisis multivariable. La comparación se realizó a nivel metodológico y funcional, sin intervenir los procesos biológicos reportados.

2.1 Caso de validación del sistema: Proceso de propagación *in vitro* de la vainilla

Con el fin de validar el funcionamiento del sistema de control digital propuesto, se seleccionó el proceso de propagación *in vitro* de la vainilla (*Vanilla planifolia*) como caso de validación para el ingreso, procesamiento y análisis de datos experimentales. Este proceso fue elegido debido a la disponibilidad de registros reales, la relevancia agronómica del cultivo y la complejidad de las variables evaluadas, lo que permitió contrastar el desempeño del sistema frente al manejo tradicional de la información.

En el procedimiento convencional, los datos experimentales son registrados manualmente en cuadernos de laboratorio, posteriormente transcritos a hojas de cálculo Excel y exportados al software InfoStat para la aplicación de pruebas estadísticas, como la prueba de Tukey. En contraste, en el sistema propuesto los datos fueron ingresados directamente en una plataforma digital, permitiendo la generación automática de resúmenes estadísticos, pruebas comparativas y reportes gráficos.

Este enfoque permitió evaluar la consistencia, confiabilidad y equivalencia de los resultados generados por el sistema digital en relación con los obtenidos mediante el proceso manual tradicional, sin modificar los protocolos biológicos del cultivo *in vitro* de la vainilla.

2.2 Diseño del sistema de control digital

El sistema de control corresponde a una versión inicial 1.0, concebida bajo una arquitectura cliente–servidor, orientada a la modularidad y escalabilidad. La capa de presentación permite el ingreso y visualización de datos experimentales mediante formularios y paneles de control, mientras que la capa de procesamiento gestiona la validación, almacenamiento y análisis de la información.

La base de datos fue estructurada para garantizar la integridad, consistencia y trazabilidad de los registros experimentales, permitiendo consultas históricas y análisis comparativos. El diseño del sistema priorizó principios de usabilidad, seguridad y mantenibilidad, fundamentales en aplicaciones informáticas de carácter académico.

2.3 Modelo de aprendizaje automático

Para el análisis inteligente de los datos experimentales, se integraron modelos de *Machine Learning* supervisado (Qader and Mohammad, 2023), seleccionados por su aplicabilidad en problemas de predicción y clasificación. Los modelos fueron definidos para analizar la relación entre las variables experimentales y los resultados observados en los procesos *in vitro*, permitiendo identificar patrones y tendencias relevantes.

El proceso de modelado incluyó las etapas de selección de variables, preprocesamiento de datos, entrenamiento y validación conceptual del modelo (Pepe et al., 2025). Este enfoque permitió evaluar el potencial del aprendizaje automático como herramienta de apoyo a la toma de decisiones en el control experimental.

2.4 Herramientas tecnológicas

El desarrollo del sistema se apoyó en herramientas de software libre ampliamente utilizadas en la ingeniería de sistemas. El lenguaje de programación Python fue empleado para la lógica de procesamiento y el modelado de datos, mientras que un framework web ligero facilitó la implementación de la aplicación.

Para el almacenamiento de la información se utilizó un sistema gestor de bases de datos relacional, y para el análisis y visualización de resultados se consideraron librerías especializadas de análisis de datos y gráficos. Estas herramientas garantizan portabilidad, bajo costo y facilidad de mantenimiento del sistema propuesto.

3 Resultados y Discusión

3.1 Análisis de los estudios *in vitro*

Los tres estudios analizados evidencian una gestión predominantemente manual de los datos experimentales, basada en registros secuenciales y análisis estadísticos básicos. Si bien los resultados agronómicos reportados son técnicamente válidos, la ausencia de sistemas digitales limita la trazabilidad temporal, la integración multivariable y la capacidad de análisis avanzado, especialmente en experimentos con múltiples tratamientos y repeticiones.

Este enfoque coincide con lo reportado en la literatura, donde la gestión manual de datos experimentales en ciencias biológicas ha sido identificada como un factor limitante para la reproducibilidad y escalabilidad de los resultados (Wilkinson, 2016; Mons, 2017). En particular, la evaluación de resultados basada en análisis descriptivos dificulta la identificación de patrones complejos y relaciones no lineales entre variables, aspecto crítico en sistemas biológicos dinámicos.

Asimismo, la ausencia de mecanismos automatizados de validación incrementa la probabilidad de errores humanos, como inconsistencias, omisiones o duplicidad de datos, lo cual ha sido ampliamente documentado en entornos de laboratorio sin sistemas de gestión digital (Barga, 2011). Estas limitaciones se acentúan en estudios con alto volumen de datos, donde la integridad y consistencia de la información son fundamentales para garantizar la calidad de los resultados.

3.2 Comparación con el sistema propuesto

3.2.1 Resultados del diseño del sistema de control digital

Como se observa en la Tabla 1, el sistema de control digital propuesto permitió estructurar un modelo de gestión de datos orientado a la automatización del registro experimental. A diferencia de los enfoques tradicionales observados en las tesis analizadas, el sistema organiza las variables *in vitro* en una base de datos relacional, asegurando consistencia, integridad y disponibilidad histórica de la información.

Tabla 1. Comparación entre la gestión de datos experimental tradicional y el sistema de control digital propuesto

Criterio	Estudios <i>in vitro</i> institucionales	Sistema propuesto
Registro de datos	Manual (tablas / Excel)	Digital centralizado
Validación	No automatizada	Automática
Trazabilidad	Limitada	Completa
Integración de variables	Aislada	Multivariable
Análisis	Descriptivo	Predictivo (ML)
Soporte a decisiones	Empírico	Basado en datos

Fuente: Modificado a partir de Cayo Toaquiza and Peralta Piedmag (2021), Mora Vaca and Pilatasig Pilatasig (2025) y Corro Yanchaliquin (2025).

Este tipo de arquitectura es consistente con los principios de gestión de datos FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable), ampliamente recomendados para la investigación científica moderna (Wilkinson, 2016). La implementación de bases de datos estructuradas facilita la consulta cruzada de variables, la generación de reportes dinámicos y el seguimiento temporal de los experimentos, elementos clave para mejorar la calidad del análisis científico.

Desde el punto de vista funcional, el sistema incorpora validaciones automáticas durante el ingreso de datos, lo que reduce significativamente errores de registro asociados a valores fuera de rango, omisiones o duplicidad de información. Estudios previos han demostrado que la automatización en la captura y validación de datos incrementa la precisión y confiabilidad de los resultados experimentales (Barga, 2011).

Tabla 2. Número de hojas por brote y parámetros estadísticos en diferentes tratamientos

Tratamiento	Promedio
MB	2.8 ^a
MBN	1.5 ^b
MBI	0.8 ^b
E.E.	0.4111
C.V. (%)	37.72

Nota: MB: medio basal; MBN: medio basal con nanopartículas; MBI: medio basal con inoculante. Medias seguidas de letras diferentes indican diferencias significativas según la prueba de Tukey ($p < 0.05$).

3.3 Validación del sistema mediante análisis estadístico

Los resultados obtenidos para la variable número de hojas por brote en el proceso de propagación *in vitro* evidencian una alta correspondencia entre el análisis estadístico generado por el sistema digital y el procedimiento tradicional realizado mediante herramientas como Excel e InfoStat (Tabla 2). En ambos enfoques, los tratamientos evaluados presentan diferencias estadísticas significativas determinadas mediante la prueba de Tukey ($p < 0.05$).

El sistema digital determinó un mayor valor promedio para el tratamiento MB (2.80 hojas por brote), clasificado dentro del grupo estadístico “A”, mientras que los tratamientos MBN (1.50) y MBI (0.80) se ubicaron en el grupo “B”. Estos mismos valores promedio y agrupaciones estadísticas se observan en el análisis realizado mediante el proceso manual tradicional, lo que evidencia la consistencia de los resultados obtenidos.

Adicionalmente, parámetros como el error estándar (E.E. = 0.41) y el coeficiente de variación (CV = 37.72%) muestran concordancia entre ambos métodos de análisis, lo que valida la correcta implementación del sistema digital y confirma que los resultados generados son equivalentes a los obtenidos mediante Excel e InfoStat.

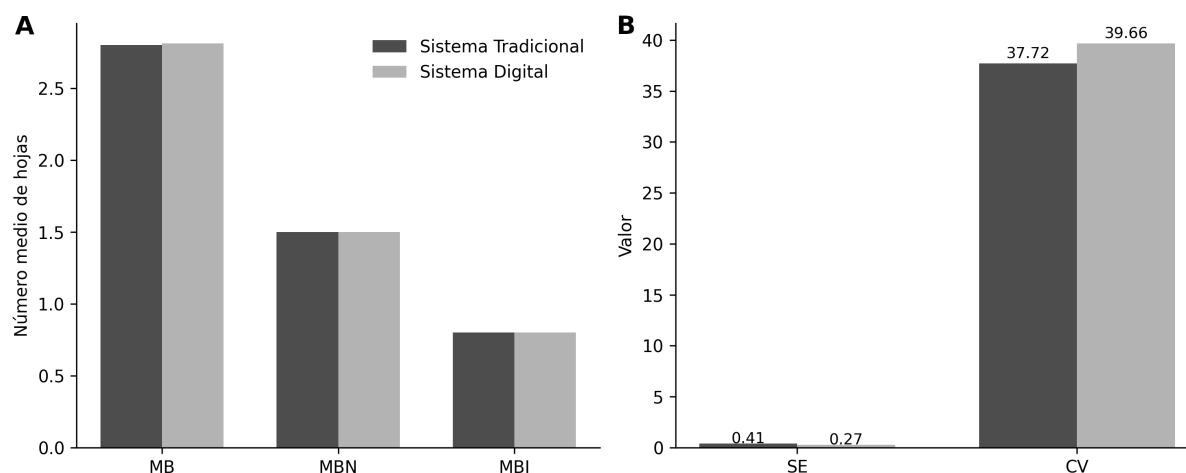


Figura 1. Comparación entre el sistema tradicional y el sistema digital: (A) número medio de hojas por brote en los tratamientos MB, MBN y MBI; (B) error estándar (SE) y coeficiente de variación (CV).

Como se observa en la Figura 1 la concordancia valida la correcta implementación del sistema digital y demuestra su capacidad para reproducir análisis estadísticos convencionales sin pérdida de precisión. Además, la automatización del procesamiento reduce el tiempo de análisis y minimiza errores asociados a la manipulación manual de datos, lo que coincide con estudios previos sobre digitalización de flujos de trabajo científicos (Hey et al., 2010).

3.4 Análisis comparativo mediante *Machine Learning*

A partir de los datos reportados en la información revisada, el sistema propuesto permitiría la implementación de modelos de *Machine Learning* supervisado para analizar relaciones complejas entre variables experimentales. A diferencia de los enfoques tradicionales, el aprendizaje automático permite identificar patrones no lineales y generar modelos predictivos que optimizan la toma de decisiones en sistemas biológicos.

El uso de *Machine Learning* en ciencias biológicas ha demostrado ser altamente efectivo para modelar procesos complejos y mejorar la precisión en la predicción de resultados experimentales (Libbrecht and Noble, 2015). En el contexto de la propagación *in vitro*, esta aproximación permitiría anticipar el comportamiento de los tratamientos y optimizar protocolos experimentales.

3.5 Discusión del aporte desde la ingeniería de sistemas

Los resultados obtenidos evidencian que el principal aporte del estudio no radica en la modificación de los protocolos biotecnológicos, sino en la optimización del control, análisis y gestión de la información experimental. La incorporación de herramientas digitales permite mejorar la trazabilidad, eficiencia operativa y capacidad analítica de los estudios *in vitro*.

Desde la ingeniería de sistemas, la integración de *Machine Learning* en un entorno de control digital representa un avance hacia la digitalización inteligente de los procesos de laboratorio. Este enfoque se alinea con las tendencias actuales de ciencia de datos y transformación digital en investigación científica (Hey et al., 2010), posicionando al sistema propuesto como una herramienta transversal capaz de integrarse a distintos estudios sin alterar su naturaleza experimental.

4 Conclusión

El estudio permitió diseñar y analizar un sistema inicial (versión 1.0) de control digital basado en *Machine Learning*, orientado al monitoreo de procesos de propagación *in vitro*, abor-

dando una problemática recurrente identificada en tesis y estudios académicos, relacionada con la gestión manual y limitada de los datos experimentales. A partir del análisis de dichos documentos, se evidenció que, si bien los protocolos biotecnológicos generan resultados técnicamente válidos, el manejo de la información carece de mecanismos automatizados que aseguren la trazabilidad, consistencia e integración de variables, así como capacidades de análisis avanzado. Desde la perspectiva de la ingeniería en sistemas, el sistema propuesto constituye un aporte significativo al integrar una arquitectura digital que permite estructurar, almacenar y analizar variables experimentales de manera sistemática y eficiente. La incorporación de modelos de *Machine Learning* supervisado representa una mejora sustancial frente a los enfoques tradicionales, al posibilitar el análisis predictivo y la identificación de patrones complejos a partir de datos históricos, fortaleciendo así la toma de decisiones en entornos de laboratorio. La presente investigación evidencia el potencial de los sistemas inteligentes como herramientas de apoyo para la digitalización de procesos biotecnológicos, sin intervenir en los protocolos experimentales existentes. Como línea futura de trabajo, se plantea la implementación del sistema en un entorno real de laboratorio, con el fin de validar empíricamente su impacto en la eficiencia operativa y en la calidad del análisis experimental *in vitro*.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Universidad Técnica de Cotopaxi, Extensión La Maná, por el apoyo institucional y las facilidades brindadas para el desarrollo de este estudio.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

Referencias

- Abdalla, N., El-Ramady, H., Seliem, M. K., El-Mahrouk, M. E., Taha, N., Bayoumi, Y., et al. (2022). An Academic and Technical Overview on Plant Micropropagation Challenges. *Horticulturae* 8, 677. doi: [10.3390/horticulturae8080677](https://doi.org/10.3390/horticulturae8080677)
- Barga, R. e. a. (2011). The Client and the Cloud: Democratizing Research Computing. *IEEE Internet Computing* 15, 72–75
- Cayo Toaquiza, N. Y. and Peralta Piedmag, E. A. (2021). *Propagación in vitro del cultivo de arándano (Vaccinium corymbosum L.) en el Cantón Cevallos, Provincia Tungurahua*. Tesis de grado, Universidad Técnica de Cotopaxi
- Corro Yanchaliquin, A. E. (2025). *Establecimiento in vitro de banano (Musa × paradisiaca L.)*. Tesis de grado, Universidad Técnica de Cotopaxi
- Demirel, F., Yildirim, B., and Yildirim, F. (2023). Usage of Machine Learning Algorithms for Micropropagation in Aronia melanocarpa. *Horticulturae* 9, 1112. doi: [10.3390/horticulturae9101112](https://doi.org/10.3390/horticulturae9101112)
- George, E. F., Hall, M. A., and De Klerk, G.-J. (2008). *Plant Propagation by Tissue Culture* (Springer). doi: [10.1007/978-1-4020-5005-3](https://doi.org/10.1007/978-1-4020-5005-3)
- Hesami, M. and Jones, A. M. P. (2020). Application of artificial intelligence models and optimization algorithms in plant cell and tissue culture. *Applied Microbiology and Biotechnology* 104, 9449–9485. doi: [10.1007/s00253-020-10888-2](https://doi.org/10.1007/s00253-020-10888-2)

- Hey, T., Tansley, S., and Tolle, K. (2010). *The Fourth Paradigm: Data-Intensive Scientific Discovery* (Microsoft Research)
- Jafari, M., Ahmadi-Lahijani, M. J., and Daneshvar, M. H. (2023). Prediction and optimization of indirect shoot regeneration using machine learning. *BMC Biotechnology* 23, 15. doi: [10.1186/s12896-023-00796-4](https://doi.org/10.1186/s12896-023-00796-4)
- Jafari, M., Daneshvar, M. H., and Ahmadi-Lahijani, M. J. (2022). Machine Learning-Assisted In Vitro Rooting Optimization of *Passiflora caerulea*. *Forests* 13, 2020. doi: [10.3390/f13122020](https://doi.org/10.3390/f13122020)
- Kitchin, R. (2014). Big Data, new epistemologies and paradigm shifts. *Big Data & Society* 1. doi: [10.1177/2053951714528481](https://doi.org/10.1177/2053951714528481)
- Libbrecht, M. W. and Noble, W. S. (2015). Machine learning applications in genetics and genomics. *Nature Reviews Genetics* 16, 321–332
- Mons, B. e. a. (2017). Cloudy, increasingly FAIR; revisiting the FAIR Data guiding principles for the European Open Science Cloud. *Information Services & Use* 37, 49–56
- Mora Vaca, M. F. and Pilatasig Pilatasig, J. V. (2025). *Propagación in vitro de heliconias (Heliconia sp.) a partir de explantes nodales con diferentes tipos de hormonas*. Tesis de grado, Universidad Técnica de Cotopaxi – Extensión La Maná
- Niazian, M. and Niedbała, G. (2020). Machine Learning for Plant Breeding and Biotechnology. *Agriculture* 10, 436. doi: [10.3390/agriculture10100436](https://doi.org/10.3390/agriculture10100436)
- Oluwole, O. G., Oosterwyk, C., and Anderson, D. (2022). Implementation of Laboratory Information Management Systems in genetics studies. *Journal of Molecular Pathology* 3, 262–272. doi: [10.3390/jmp3040022](https://doi.org/10.3390/jmp3040022)
- Pepe, M., Hesami, M., and Jones, A. M. P. (2025). A comprehensive guide to machine learning-mediated optimization of medium composition for enhanced *in vitro* performance. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology* 69, 103810. doi: [10.1016/j.bcab.2025.103810](https://doi.org/10.1016/j.bcab.2025.103810)
- Pepe, M., Hesami, M., Small, F., and Jones, A. M. P. (2021). Comparative analysis of machine learning and evolutionary optimization algorithms for precision micropropagation of *Cannabis sativa*. *Frontiers in Plant Science* 12, 757869. doi: [10.3389/fpls.2021.757869](https://doi.org/10.3389/fpls.2021.757869)
- Qader, R. A. H. A. and Mohammad, M. J. (2023). Modelling mechanisms for measurable and detection based on artificial intelligence. *IAES International Journal of Artificial Intelligence (IJ-AI)* 12, 2042–2047. doi: [10.11591/ijai.v12.i4.pp2042-2047](https://doi.org/10.11591/ijai.v12.i4.pp2042-2047)
- Rooke, C. and Habicher, T. (2024). Digitalization concepts in academic bioprocess development. *Engineering in Life Sciences* doi: [10.1002/elsc.202300238](https://doi.org/10.1002/elsc.202300238)
- Wilkinson, M. D. e. a. (2016). The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship. *Scientific Data* 3, 160018