

# Codigo

July 10, 2025

Probabilidad y estadística: Proyecto 4

Universidad de Antioquia

Facultad de ingeniería

Programa de Bioingeniería

Integrantes: - Miguel Angel Nava Perez - Ana Luisa Parra Valencia

```
[1]: from sklearn.datasets import make_blobs
from sklearn.metrics import classification_report, confusion_matrix,
    ↳ConfusionMatrixDisplay, RocCurveDisplay, precision_recall_curve,
    ↳mean_squared_error, r2_score, roc_auc_score , average_precision_score,
    ↳recall_score
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.model_selection import train_test_split, GridSearchCV,
    ↳validation_curve, learning_curve
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier , RandomForestRegressor
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
from sklearn.preprocessing import OneHotEncoder, StandardScaler, LabelEncoder
from sklearn.pipeline import Pipeline
from sklearn.compose import ColumnTransformer
from sklearn.cluster import KMeans
from skimage.io import imread
import numpy as np
from scipy.stats import zscore
import pandas as pd
import os, joblib
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
```

Parte 1: Clasificación

punto 1: modelo KNN y nueva característica

```
[2]: # --- 1. Carga y preparación inicial de datos ---
# Se lee el conjunto de datos.
df = pd.read_csv("healthcare-dataset-stroke-data.csv")
```

```

# Se imputan los valores nulos en 'bmi' usando la media de su grupo respectivo
↳('stroke' o 'no stroke').
# Esto es un poco más preciso que usar la media global.
df['bmi'] = df.groupby('stroke')['bmi'].transform(lambda x: x.fillna(x.mean()))
# Se eliminan filas donde 'gender' es 'Other' ya que es solo un caso y puede
↳complicar la codificación.
df = df[df['gender'] != 'Other']
# Se elimina la columna 'id' ya que no aporta información predictiva.
df = df.drop(columns=['id'])

# --- 2. Separación de características (X) y variable objetivo (y) ---
X = df.drop("stroke", axis=1)
y = df["stroke"]

# --- 3. División en conjuntos de entrenamiento y prueba ---
# Se dividen los datos, manteniendo la proporción de la variable 'stroke' en
↳ambos conjuntos
# gracias a 'stratify=y'. Esto es vital para problemas de clase rara.
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(
    X, y, test_size=0.3, stratify=y, random_state=42
)

# --- 4. Definición del preprocesamiento ---
# Se identifican las columnas numéricas que necesitan ser escaladas.
num_cols = ["age", "avg_glucose_level", "bmi"]
# Se identifican las columnas categóricas que necesitan ser codificadas.
cat_cols = ["gender", "hypertension", "heart_disease", "ever_married",
            "work_type", "Residence_type", "smoking_status"]

# Se crea un transformador de columnas para aplicar los pasos correctos a cada
↳tipo de columna.
preprocessor = ColumnTransformer([
    ("num", StandardScaler(), num_cols),
    ("cat", OneHotEncoder(handle_unknown="ignore", drop='first'), cat_cols),
], remainder='passthrough') # remainder='passthrough' es útil por si olvidamos
↳una columna

# --- 5. Creación del Pipeline y Búsqueda del mejor K ---
# Se crea un pipeline que primero aplica el preprocesamiento y luego el modelo
↳KNN.
# Esto automatiza el flujo y previene errores como la fuga de datos.
pipe_knn = Pipeline([
    ("prep", preprocessor),
    ("knn", KNeighborsClassifier())
])

```

```

# Se define un rango de valores de K para probar.
k_vals = np.arange(1, 81, 2) #k impares para evitar empates

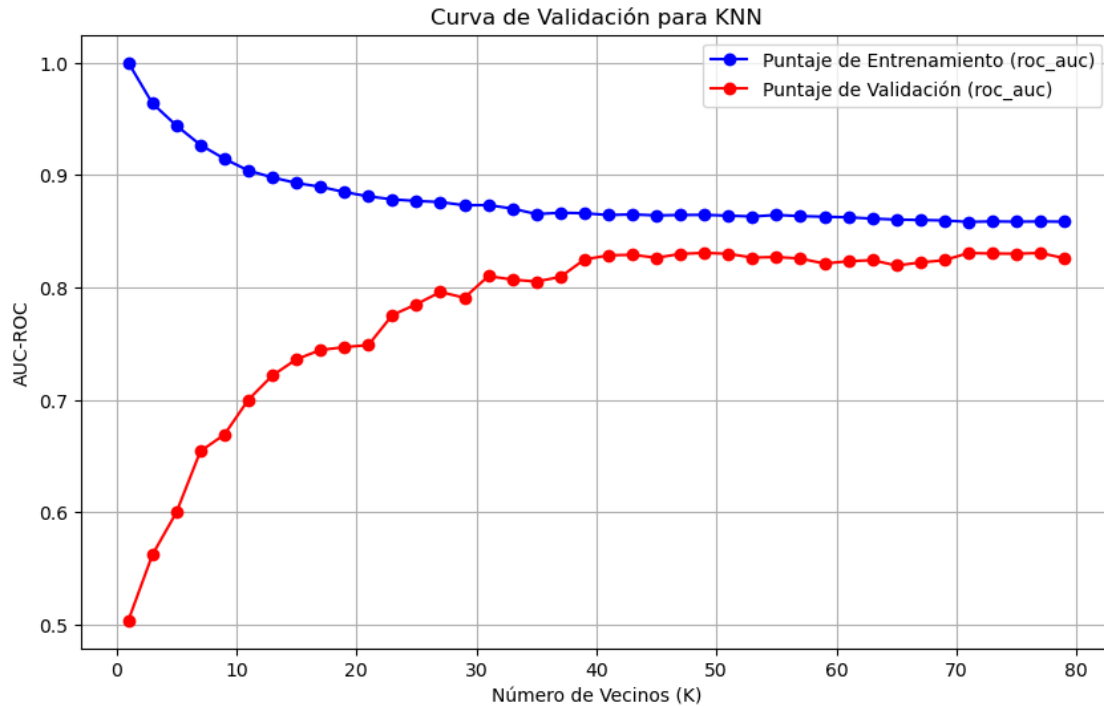
# Se utiliza validation_curve para evaluar el rendimiento del pipeline con
↳ diferentes valores de K.
# La métrica usada es 'roc_auc', ideal para este problema.
# cv=5 significa que se hará una validación cruzada de 5 pliegues.
train_scores, val_scores = validation_curve(
    pipe_knn,
    X_train, y_train,
    param_name="knn__n_neighbors", # El nombre del parámetro dentro del
↳ pipeline es 'nombrepaso__parámetro'
    param_range=k_vals,
    cv=10,
    scoring="roc_auc"
)

# --- 6. Visualización y selección del mejor K ---
# Se calcula la mediana de los puntajes de validación para cada K.
# La mediana es más robusta a valores atípicos que la media.
median_val_scores = np.median(val_scores, axis=1)

plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.plot(k_vals, np.median(train_scores, axis=1), 'b-o', label="Puntaje de
↳ Entrenamiento (roc_auc)")
plt.plot(k_vals, median_val_scores, 'r-o', label="Puntaje de Validación
↳ (roc_auc)")
plt.xlabel("Número de Vecinos (K)")
plt.ylabel("AUC-ROC")
plt.title("Curva de Validación para KNN")
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.show()

# Se encuentra el valor de K que maximizó el puntaje de validación.
best_k = k_vals[np.argmax(median_val_scores)]
print(f"El mejor valor de K según la curva de validación es: {best_k}")

```



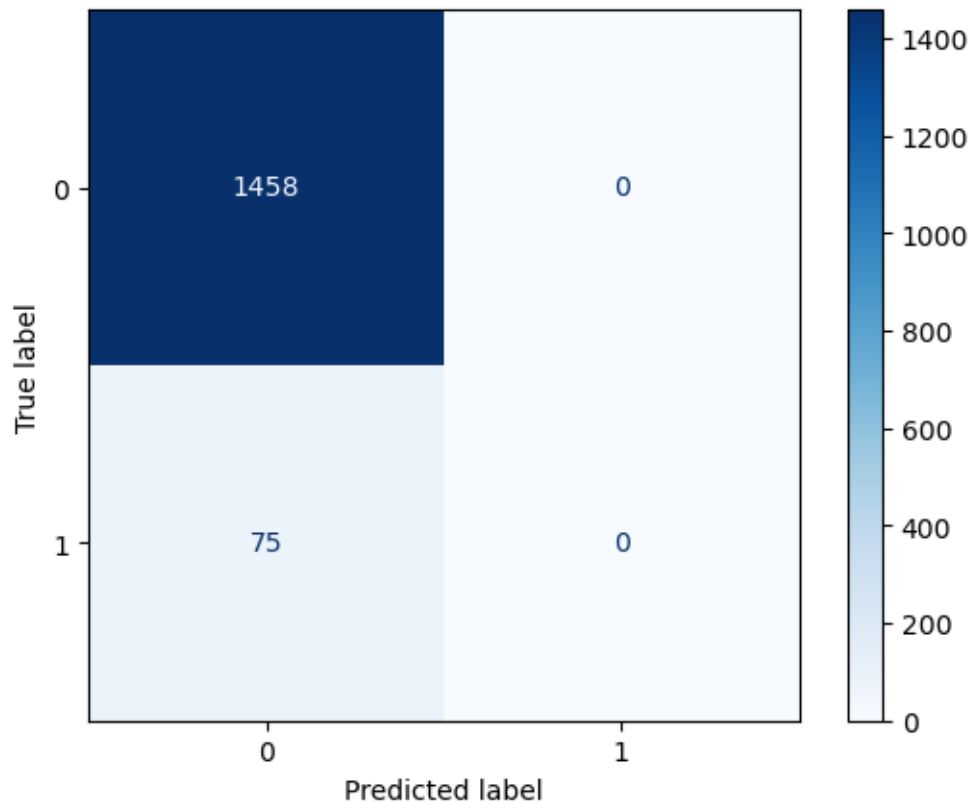
El mejor valor de K según la curva de validación es: 49

se elimina el valor de “Other” de la columna del genero, pues este valor solamente está en una fila, lo cual causa problemas en la validación cruzada, se obtuvo un mejor k de 49, el cual no es necesariamente alto, pues, siguiendo una de las *rule-of-thumb* en el KNN, el valor de k es optimo al rededor de la raiz cuadrada de el numero de datos de el conjunto de prueba,  $5111-1 = 5110$  (por el valor de gender),  $\sqrt{0.7 \times 5110} \approx 59,81$ , por lo que este valor obtenido está dentro de un rango aceptable. ahora procederemos a ver el desempeño del modelo con este valor de k y determinaremos si se agrega como característica al conjunto de datos

```
[3]: # Se define el pipeline final con el mejor valor de K encontrado.
pipe_knn_final = Pipeline([
    ("prep", preprocessor), # El preprocessor ya está definido en el código
    ↪ anterior
    ("knn", KNeighborsClassifier(n_neighbors=best_k))
])
# Se entrena el pipeline final con TODOS los datos de entrenamiento.
pipe_knn_final.fit(X_train, y_train)
# 1. Predicción de etiquetas sobre el test set
y_pred = pipe_knn_final.predict(X_test)
# 2. Matriz de confusión
cm = confusion_matrix(y_test, y_pred, labels=pipe_knn_final.classes_)
disp = ConfusionMatrixDisplay(confusion_matrix=cm,
                              display_labels=pipe_knn_final.classes_)
disp.plot(cmap='Blues') # podrás ver TN, FP, FN y TP
```

```
# 3. Métricas de precision / recall / f1
print(classification_report(y_test, y_pred, target_names=['No Stroke', 'Stroke'],
↪, zero_division=0))
```

	precision	recall	f1-score	support
No Stroke	0.95	1.00	0.97	1458
Stroke	0.00	0.00	0.00	75
accuracy			0.95	1533
macro avg	0.48	0.50	0.49	1533
weighted avg	0.90	0.95	0.93	1533



como se puede observar, el desempeño de este modelo KNN no es útil según nuestros propósitos pues no predice en ninguna ocasión el ACV efectivamente, por lo que se necesitaría ajustar un umbral para obtener un valor de recall optimo, pero en su lugar, podemos utilizarlo como generador de características, la cual sería la *probabilidad* generada por el modelo, pues hay que ajustar el umbral, pero las probabilidades siguen siendo las mismas, y probaremos con el ROC-AUC pues éste mide la capacidad de un predictor continuo para **distinguir** las dos clases (en este caso, “Stroke” vs. “No Stroke”) sin elegir un umbral fijo, y a diferencia de metricas basadas en etiquetas duras (accuracy,

precision, etc.), la AUC evalúa **toda la gama de umbrales** y cuantifica cuán separadas están las distribuciones de probabilidad de cada clase.

```
[4]: from sklearn.model_selection import cross_val_predict

# Genero las proba. out-of-fold para todo el train
knn_oof_proba = cross_val_predict(
    pipe_knn_final,      # pipeline KNN ya con k=best_k
    X_train, y_train,
    cv=5,
    method='predict_proba'
)[: , 1]                # tomo la columna de "Stroke"

# Añado esa probabilidad como feature nueva
X_train_stack = X_train.copy()
X_train_stack['knn_proba'] = knn_oof_proba
# Re-entreno KNN con todo el train
pipe_knn_final.fit(X_train, y_train)

# Probabilidades en el test
knn_test_proba = pipe_knn_final.predict_proba(X_test)[: , 1]

# Añado la columna al test
X_test_stack = X_test.copy()
X_test_stack['knn_proba'] = knn_test_proba

# ROC AUC de la nueva feature sola
auc_knn_feat = roc_auc_score(y_test, knn_test_proba)
print(f"ROC-AUC de 'knn_proba' como único predictor: {auc_knn_feat:.3f}")
```

ROC-AUC de 'knn\_proba' como único predictor: 0.804

### Interpretación del resultado

ROC-AUC de knn\_proba como único predictor: **0.804**

- Un valor de **0.50** correspondería a “azar puro” (no hay capacidad discriminativa).
- **0.804** indica que, si tomamos al azar un par de pacientes («uno que sí tuvo stroke» y «uno que no»), el **80.4% de las veces** el paciente con stroke recibirá una probabilidad mayor que el que no tuvo stroke.
- Esto es una señal clara de que la **salida continua** del KNN aporta información predictiva relevante, incluso cuando su predicción dura (umbral 0.5) falla completamente.

### 0.1 Por esto, se puede concluir que:

1. Aunque el KNN con umbral 0.5 no detecta ningún “Stroke” (recall = 0), su **probabilidad cruda** (predict\_proba[:,1]) **sí discrimina** bien los casos de interés (AUC = 0.80).

2. Por lo tanto, **sí cumple** como generador de característica:

- La nueva columna `knn_proba` contiene una señal continua y cuantitativa de riesgo de stroke.
- Al inyectarla en un meta-modelo (árbol, bosque, regresión logística...), mejorará su capacidad de predicción.

Finalmente, procedemos a agregar la nueva característica con estas probabilidades:

```
[5]: # 3) Crear dos Series indexadas para luego concatenar
knn_train_series = pd.Series(knn_oof_proba, index=X_train.index,
    ↪name='knn_proba')
knn_test_series = pd.Series(knn_test_proba, index=X_test.index,
    ↪name='knn_proba')

# 4) Unir ambas en una sola serie sobre todo X
knn_full = pd.concat([knn_train_series, knn_test_series]).sort_index()
X["knn_proba"] = knn_full
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(
    X, y, test_size=0.3, stratify=y, random_state=42
)
```

punto 2: Arbol de decisión

```
[6]: # Reusamos el preprocessor original que escala numéricos y codifica categóricos,
# con remainder="passthrough" para que si aparece knn_proba (o cualquier otra
    ↪columna),
# quede incluida sin codificar.
preprocessor = ColumnTransformer([
    ("num", StandardScaler(), ["age", "avg_glucose_level", "bmi"]),
    ("cat", OneHotEncoder(handle_unknown="ignore", drop="first"),
    ["gender", "hypertension", "heart_disease", "ever_married",
    "work_type", "Residence_type", "smoking_status"])
], remainder="passthrough")

# Rango de profundidades a probar
depths = np.arange(1, 21)
```

se prepara el preprocesado inicial para posteriormente hacer el árbol de decisión con y sin la característica agregada, para observar la mejor profundidad del árbol para cada caso:

```
[7]: # Rango de profundidades a probar
depths = np.arange(1, 21)

# Preprocessor común
preprocessor = ColumnTransformer([
    ("num", StandardScaler(), ["age", "avg_glucose_level", "bmi"]),
    ("cat", OneHotEncoder(handle_unknown="ignore", drop="first"),
    ["gender", "hypertension", "heart_disease", "ever_married",
```

```

        "work_type", "Residence_type", "smoking_status"]])
], remainder="passthrough")

# --- Validación para árbol SIN knn_proba ---
pipe_base = Pipeline([
    ("prep", preprocessor),
    ("dt", DecisionTreeClassifier(random_state=42))
])
X_base = X_train.drop(columns=["knn_proba"], errors="ignore")
train_scores_base, val_scores_base = validation_curve(
    pipe_base, X_base, y_train,
    param_name="dt__max_depth", param_range=depths,
    cv=5, scoring="roc_auc"
)
train_med_base = np.median(train_scores_base, axis=1)
val_med_base = np.median(val_scores_base, axis=1)
best_depth_base = depths[np.argmax(val_med_base)]

# Entrenar y evaluar con profundidad óptima
pipe_base.set_params(dt__max_depth=best_depth_base).fit(X_base, y_train)
y_pred_base = pipe_base.predict(X_test.drop(columns=["knn_proba"],
↪errors="ignore"))
cm_base = confusion_matrix(y_test, y_pred_base)

# --- Validación para árbol CON knn_proba ---
pipe_stack = Pipeline([
    ("prep", preprocessor),
    ("dt", DecisionTreeClassifier(random_state=42))
])
train_scores_stack, val_scores_stack = validation_curve(
    pipe_stack, X_train, y_train,
    param_name="dt__max_depth", param_range=depths,
    cv=5, scoring="roc_auc"
)
train_med_stack = np.median(train_scores_stack, axis=1)
val_med_stack = np.median(val_scores_stack, axis=1)
best_depth_stack = depths[np.argmax(val_med_stack)]

# Entrenar y evaluar con profundidad óptima
pipe_stack.set_params(dt__max_depth=best_depth_stack).fit(X_train, y_train)
y_pred_stack = pipe_stack.predict(X_test)
cm_stack = confusion_matrix(y_test, y_pred_stack)

# --- Gráficas comparativas ---
fig, axes = plt.subplots(1, 2, figsize=(18, 8))

# Curvas de validación

```



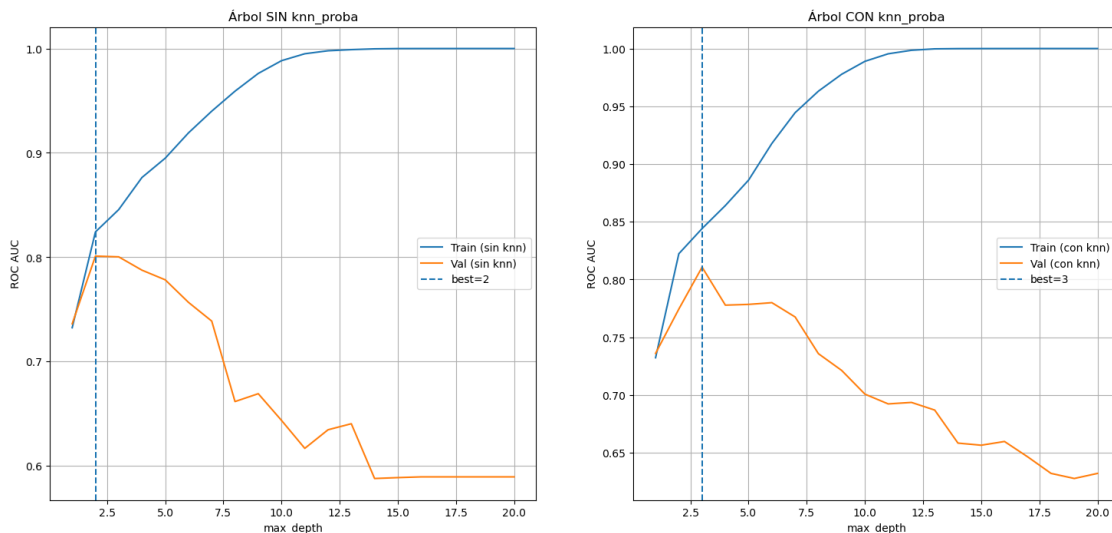
```

axes[0].plot(depths, train_med_base, label="Train (sin knn)")
axes[0].plot(depths, val_med_base, label="Val (sin knn)")
axes[0].axvline(best_depth_base, linestyle="--", □
    ↳label=f"best={best_depth_base}")
axes[0].set_title("Árbol SIN knn_proba")
axes[0].set_xlabel("max_depth"); axes[0].set_ylabel("ROC AUC")
axes[0].legend(); axes[0].grid(True)

axes[1].plot(depths, train_med_stack, label="Train (con knn)")
axes[1].plot(depths, val_med_stack, label="Val (con knn)")
axes[1].axvline(best_depth_stack, linestyle="--", □
    ↳label=f"best={best_depth_stack}")
axes[1].set_title("Árbol CON knn_proba")
axes[1].set_xlabel("max_depth"); axes[1].set_ylabel("ROC AUC")
axes[1].legend(); axes[1].grid(True)

plt.show()

```



## Conclusión del Punto 2: Árbol de decisión con vs. sin knn\_proba

- Sin la característica nueva (knn\_proba):
  - La profundidad óptima del árbol resultó ser **max\_depth = 2**.
  - El mejor ROC AUC en validación fue de aproximadamente **0.8**.
- Con la característica nueva (knn\_proba):
  - La profundidad óptima aumentó a **max\_depth = 3**, indicando que el modelo pudo aprovechar información adicional antes de sobreajustar.
  - El ROC AUC en validación subió a alrededor de **0.82**, una mejora sobre el caso base.

Estos resultados muestran que **la probabilidad continua generada por el KNN (knn\_proba) aporta señal predictiva** que el árbol de decisión puede explotar, elevando su capacidad de discriminación sin incurrir en un sobreajuste prematuro. Por tanto, incluir `knn_proba` no solo está justificado, sino que mejora de forma cuantificable el desempeño del modelo.

Punto 3: Búsqueda de Hiperparametros para el modelo Random Forest

```
[8]: # Preprocessor (as before)
preprocessor = ColumnTransformer([
    ("num", StandardScaler(), ["age", "avg_glucose_level", "bmi"]),
    ("cat", OneHotEncoder(handle_unknown="ignore", drop="first"),
     ["gender", "hypertension", "heart_disease", "ever_married",
      "work_type", "Residence_type", "smoking_status"])
], remainder="passthrough")

# Pipeline placeholder
pipeline = Pipeline([
    ("prep", preprocessor),
    ("rf", RandomForestClassifier(random_state=42, bootstrap=True))
])

# Parameter ranges
n_estimators_range = [10, 50, 100, 200, 300]
max_samples_range = np.linspace(0.5, 1.0, 6) # from 50% to 100% of samples
max_features_range = [0.3, 0.5, 0.7, 1.0] # fraction of features

# Validation curves
def plot_validation_curve(param_name, param_range, ax):
    train_scores, val_scores = validation_curve(
        pipeline, X_train, y_train,
        param_name=f"rf__{param_name}", param_range=param_range,
        cv=5, scoring="roc_auc"
    )
    train_median = np.median(train_scores, axis=1)
    val_median = np.median(val_scores, axis=1)
    ax.plot(param_range, train_median, label="Train")
    ax.plot(param_range, val_median, label="Validation")
    ax.set_xlabel(param_name)
    ax.set_ylabel("ROC AUC")
    ax.set_title(f"Validation Curve for {param_name}")
    ax.legend()
    ax.grid(True)
    best_idx = np.argmax(val_median)
    return param_range[best_idx]

fig, axes = plt.subplots(1, 3, figsize=(18, 5))
```

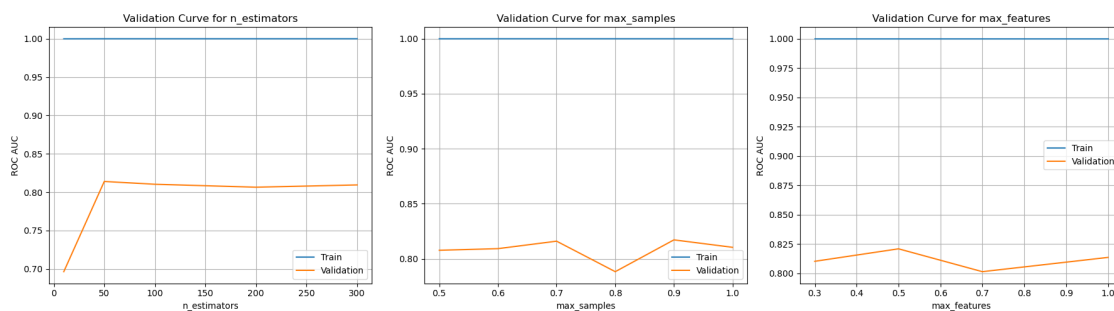
```

best_n_estimators = plot_validation_curve("n_estimators", n_estimators_range,
    ↪axes[0])
best_max_samples = plot_validation_curve("max_samples", max_samples_range,
    ↪axes[1])
best_max_features = plot_validation_curve("max_features", max_features_range,
    ↪axes[2])

plt.tight_layout()
plt.show()

print("Optimal n_estimators:", best_n_estimators)
print("Optimal max_samples:", best_max_samples)
print("Optimal max_features:", best_max_features)

```



Optimal n\_estimators: 50  
 Optimal max\_samples: 0.9  
 Optimal max\_features: 0.5

## Análisis de las curvas de validación para Random Forest

Para ajustar los tres hiperparámetros principales del Random Forest hemos explorado:

### 1. Número de árboles (n\_estimators)

- Rango probado: 10, 50, 100, 200, 300.
- El ROC-AUC de validación alcanza su máximo en **50 árboles**, punto a partir del cual añadir más estimadores aporta rendimientos marginales o incluso un ligero sobreajuste.
- **Conclusión:** un bosque de 50 árboles equilibra muy bien estabilidad y eficiencia computacional.

### 2. Fracción de muestras en cada bootstrap (max\_samples)

- Rango probado: 0.50, 0.60, 0.70, 0.80, 0.90, 1.00 del conjunto de entrenamiento.
- El valor óptimo de validación es **0.90**, lo que indica que usar el 90 % de las muestras por árbol introduce suficiente variedad entre árboles sin degradar la capacidad predictiva.
- **Conclusión:** el muestreo casi completo (pero no total) maximiza la diversificación del

ensamblado.

### 3. Fracción de características en cada división (`max_features`)

- Rango probado: 0.30, 0.50, 0.70, 1.00 de las variables disponibles.
- El mejor rendimiento se obtiene con **0.50** (la mitad de las variables por split), lo cual reduce la correlación entre árboles y mejora la robustez general.
- **Conclusión:** seleccionar aleatoriamente la mitad de las features en cada nodo contribuye a un ensamblado más diverso y eficaz.

### Selección final de hiperparámetros

```
- n_estimators = 50  
- max_samples = 0.90  
- max_features = 0.50
```

Con estos valores obtenemos el mayor ROC-AUC en validación cruzada, al mismo tiempo que controlamos el coste computacional y minimizamos el riesgo de sobreajuste. Estos serán los parámetros base para entrenar el modelo final y compararlo con los árboles de decisión y otros enfoques.

punto 4: Uso de curvas PR para determinar un umbral optimo, y presentación del modelo final optimizado

```
[9]: # 1) Entrenar tu RandomForest optimizado  
pipe_rf = Pipeline([  
    ("prep", preprocessor),  
    ("rf", RandomForestClassifier(  
        random_state=42,  
        bootstrap=True,  
        n_estimators=best_n_estimators,  
        max_samples=best_max_samples,  
        max_features=best_max_features  
    ))  
)  
pipe_rf.fit(X_train, y_train)  
  
# 2) Obtener probabilidades de 'Stroke' en el test  
proba_rf = pipe_rf.predict_proba(X_test)[:, 1]  
  
# 3) Calcular Precision-Recall Curve  
precision, recall, thresholds = precision_recall_curve(y_test, proba_rf)  
ap = average_precision_score(y_test, proba_rf)  
  
# 4) Graficar la curva  
plt.figure(figsize=(8,6))  
plt.plot(recall, precision, label=f"AP = {ap:.3f}")  
plt.xlabel("Recall")  
plt.ylabel("Precision")  
plt.title("Curva Precision-Recall: Random Forest")  
plt.legend()
```

```

plt.grid(True)
plt.show()

# 5) Elegir umbral
target_recall = 0.76

# Inicializamos chosen_threshold a None
chosen_threshold = None

# Iteramos en orden inverso sobre los índices de los umbrales válidos
# `thresholds` tiene un elemento menos que `recall` y `precision`.
# `recall[i]` corresponde a `thresholds[i]`. El último valor de recall
    ↪ (recall[-1])
# se excluye porque corresponde a un umbral de -infinito (que no tiene sentido
    ↪ práctico).
for i in range(len(thresholds) - 1, -1, -1):
    if recall[i] >= target_recall:
        chosen_threshold = thresholds[i]
        break # Una vez que encontramos el primer umbral (más alto) que cumple
    ↪ la condición, salimos.

if chosen_threshold is None:
    print(f"Advertencia: No se encontró un umbral que cumpla con un recall
    ↪ objetivo de {target_recall:.2f}. ")
    "Esto podría indicar que el modelo tiene un rendimiento muy bajo para
    ↪ este recall, "
    "o que el recall objetivo es inalcanzable. Se establecerá el umbral a
    ↪ 0.0 por defecto.")
    chosen_threshold = 0.0 # Valor por defecto si no se encuentra un umbral
    ↪ adecuado

print(f"Umbral elegido para un recall objetivo de {target_recall:.2f}:
    ↪ {chosen_threshold:.3f}")
y_pred_at_threshold = (proba_rf >= chosen_threshold).astype(int)

# 6) Evaluar el modelo con el umbral elegido

print("-"*60, f"Evaluación del modelo con el umbral elegido", "-"*50)
print("\nInforme de Clasificación:")
print(classification_report(y_test, y_pred_at_threshold, target_names=['No
    ↪ Stroke', 'Stroke']))

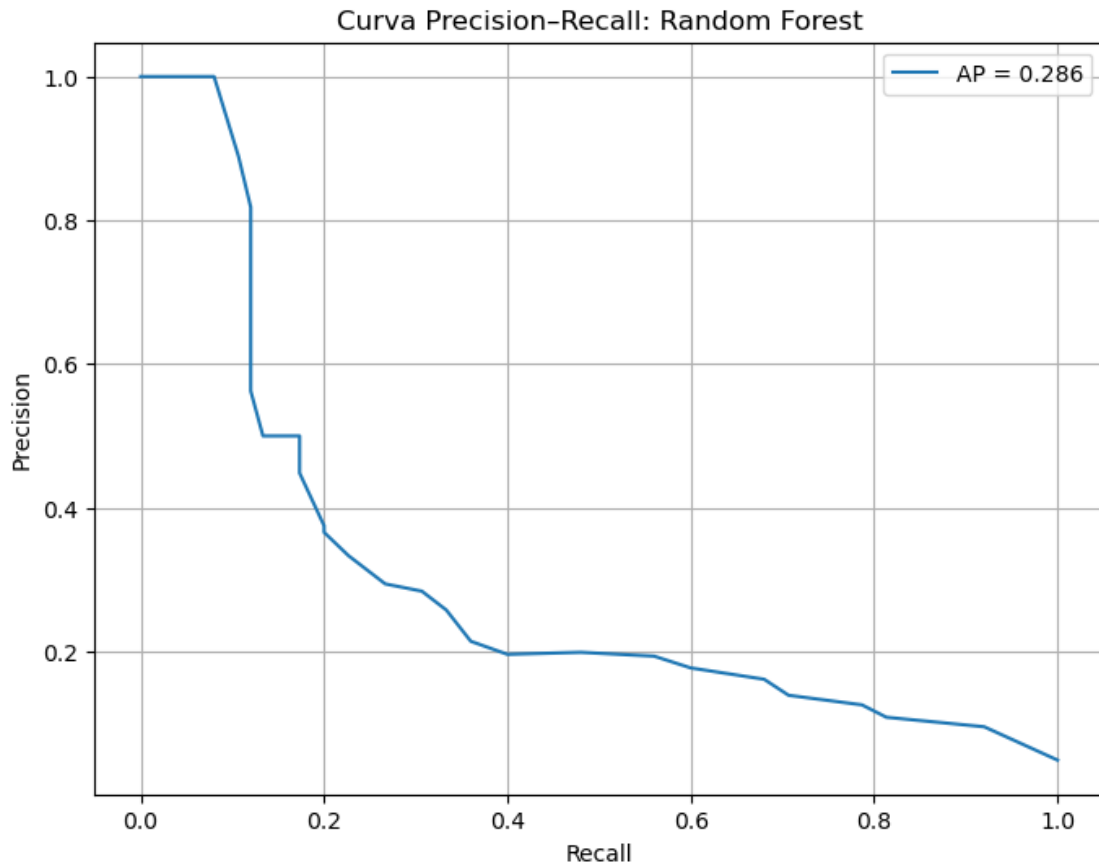
# Matriz de Confusión
cm = confusion_matrix(y_test, y_pred_at_threshold)
disp = ConfusionMatrixDisplay(confusion_matrix=cm, display_labels=['No Stroke',
    ↪ 'Stroke'])

```

```

disp.plot(cmap=plt.cm.Blues)
plt.title(f"Matriz de Confusión para Umbral {chosen_threshold:.3f}")
plt.show()

```

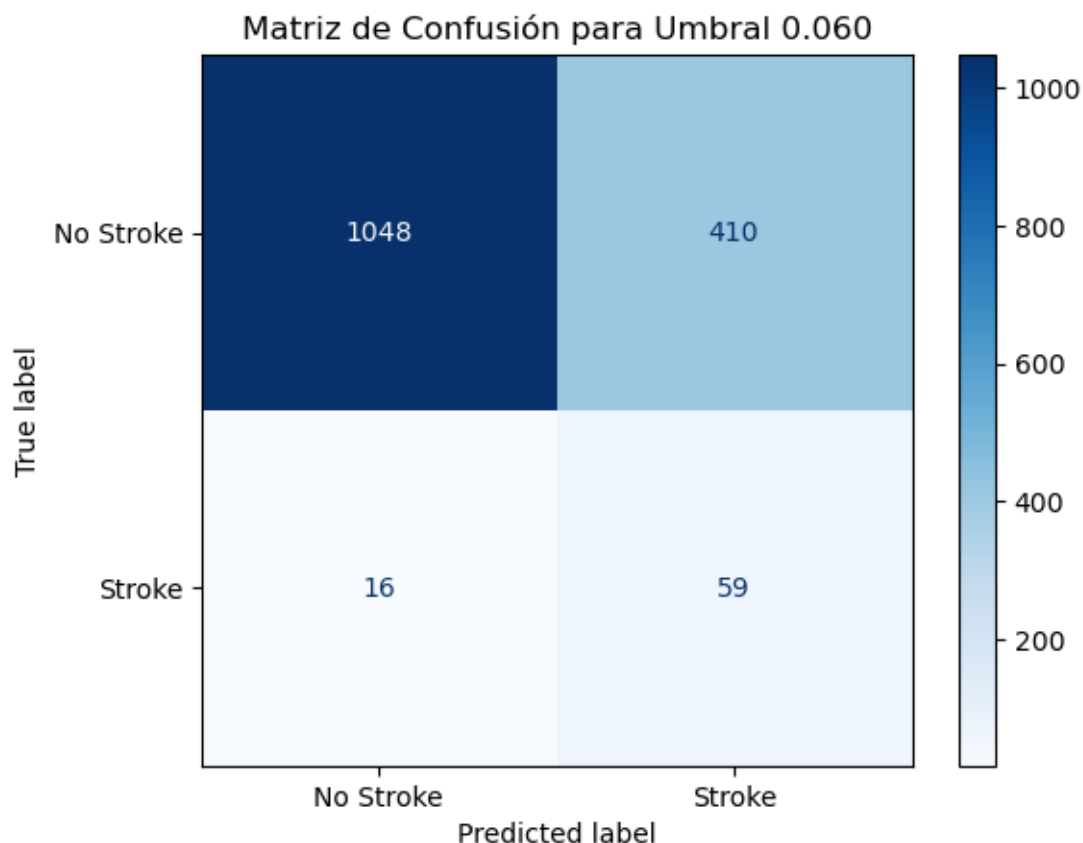


Umbral elegido para un recall objetivo de 0.76: 0.060

----- Evaluación del  
 modelo con el umbral elegido -----

Informe de Clasificación:

	precision	recall	f1-score	support
No Stroke	0.98	0.72	0.83	1458
Stroke	0.13	0.79	0.22	75
accuracy			0.72	1533
macro avg	0.56	0.75	0.52	1533
weighted avg	0.94	0.72	0.80	1533



### Análisis y conclusión de la selección de umbral en Random Forest

- Umbral elegido: 0.060 para alcanzar un **recall 0.76** (objetivo práctico alto).
- Resultados al aplicar ese umbral:
  - **Recall “Stroke”**: 0.79 → detectamos 59 de 75 pacientes con riesgo real.
  - **Precision “Stroke”**: 0.13 → de cada 100 alertas, ~13 son verdaderos positivos.
  - **Recall “No Stroke”**: 0.72 → identificamos correctamente 1048 del total de pacientes sin riesgo.
  - **Precision “No Stroke”**: 0.98 → solo ~2 % de falsos negativos en la clase “No Stroke”.
  - **Accuracy global**: 0.72
  - **F1-score “Stroke”**: 0.22

Esto indica lo siguiente:

1. Alta sensibilidad para Stroke

Con umbral bajo (0.06) logramos un **recall** ~**0.80** en pacientes con ACV, cumpliendo el objetivo de minimizar falsos negativos (casos reales clasificados como “sin riesgo”).

## 2. Coste en precisión

La **precision baja (0.13)** implica muchos falsos positivos, pero éstos son menos críticos que pasar por alto un riesgo real de ACV.

## 3. Trade-off controlado

- Sin umbral ajustado (0.50), el modelo falla en predecir casi todos los ACV (recall = 0).
- Con umbral = 0.06, logramos un compromiso: detectamos la mayoría de casos de riesgo, aceptando un volumen de falsas alarmas manejable.

## 0.2 En conclusión para el punto 4

Elegir un umbral en la zona baja de la curva Precision–Recall (0.06) permite **evitar al máximo posible la clasificación errónea de pacientes con riesgo de ACV como “sin riesgo”**, cumpliendo con el requisito de minimizar falsos negativos, sin caer en el extremo de clasificar todo como “Stroke”. Este umbral y su desempeño quedan justificados para uso en el sistema de alerta clínica.

---

## Parte 2: Segmentación de Imágenes Radiográficas

```
[10]: # Crear figura con 2 filas y 2 columnas
fig, axs = plt.subplots(2, 2, figsize=(10, 8))

# Desactivar el subplot [1, 1] (inferior derecho) si solo tienes 3 imágenes
axs[1, 1].axis('off')

# Imagen 1
img = imread('Radiografias/IMG0000185.jpg', as_gray=True)
axs[0, 0].imshow(img, cmap='gray')
axs[0, 0].set_title("Imagen 1")
axs[0, 0].axis('off')
img_array = np.array(img)
print(f"Forma original de la imagen 1: {img_array.shape}")

# Imagen 2
img2 = imread('Radiografias/IMG0000245.jpg', as_gray=True)
axs[0, 1].imshow(img2, cmap='gray')
axs[0, 1].set_title("Imagen 2")
axs[0, 1].axis('off')
img2_array = np.array(img2)
print(f"Forma original de la imagen 2: {img2_array.shape}")

# Imagen 3
img3 = imread('Radiografias/IMG0003784.jpg', as_gray=True)
```



```

axs[1, 0].imshow(img3, cmap='gray')
axs[1, 0].set_title("Imagen 3")
axs[1, 0].axis('off')
img3_array = np.array(img3)
print(f"Forma original de la imagen 3: {img3_array.shape}")

# Mostrar todo
plt.tight_layout()
plt.show()

```

Forma original de la imagen 1: (2880, 2304)

Forma original de la imagen 2: (2880, 2304)

Forma original de la imagen 3: (373, 454)

Imagen 1



Imagen 2



Imagen 3



### Carga y visualización de imágenes

Se cargaron tres imágenes radiográficas diferentes y se convirtieron a arreglos numpy en escala de grises. Este paso es fundamental para poder manipular numéricamente las intensidades de los píxeles.

## IMAGEN 1

```
[11]: # Reshape: de (alto, ancho) a (pixeles, 1)
X = img_array.reshape(-1, 1)

# Probar con K clusters (prueba inicial con K=4)
k = 4
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img = labels.reshape(img_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳ visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()

fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()
print("-"*80)
# Probar con K clusters
k = 10
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img = labels.reshape(img_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img, cmap='viridis')
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()

fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
```

```

for i in range(k):
    mask = (segmented_img == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()
print("-"*80)
# Probar con K clusters
k = 8
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img = labels.reshape(img_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img, cmap='viridis')
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()

fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()

print("-"*80)
#Ahora con k=6
k = 6
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img = labels.reshape(img_array.shape)

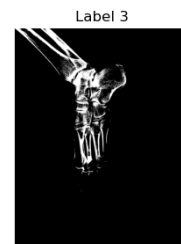
# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img, cmap='viridis')
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")

```

```
plt.axis('off')
plt.show()
fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()
```

Imagen segmentada (k=4)



---

Imagen segmentada (k=10)

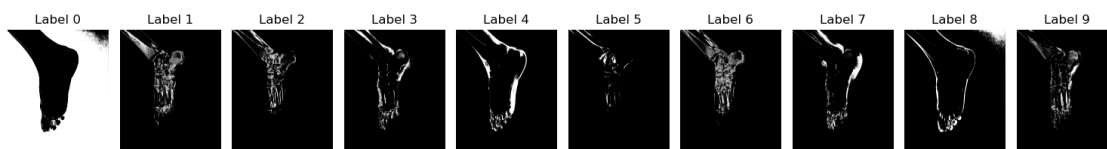
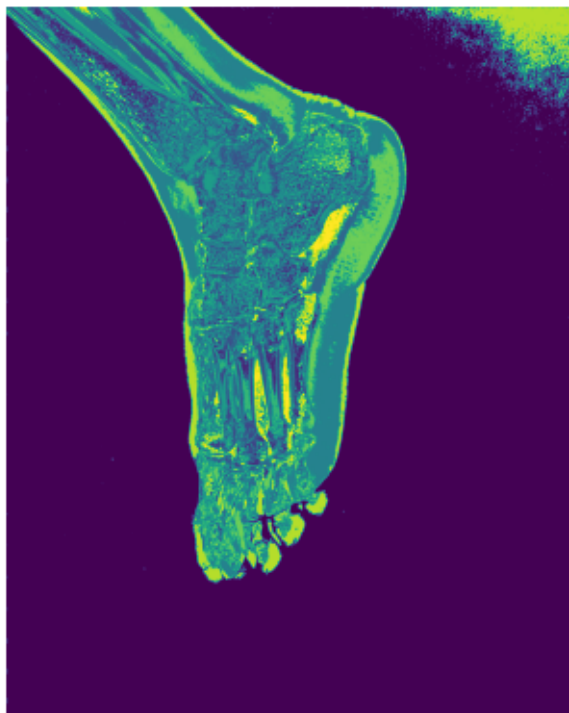


Imagen segmentada (k=8)

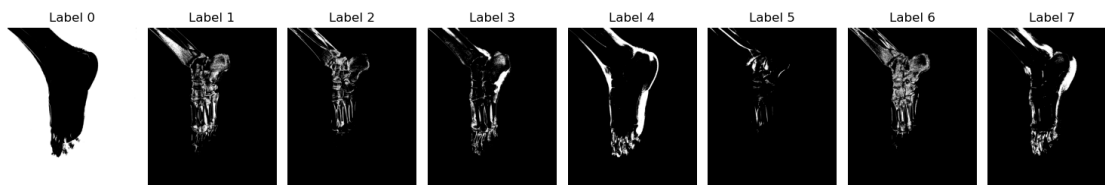
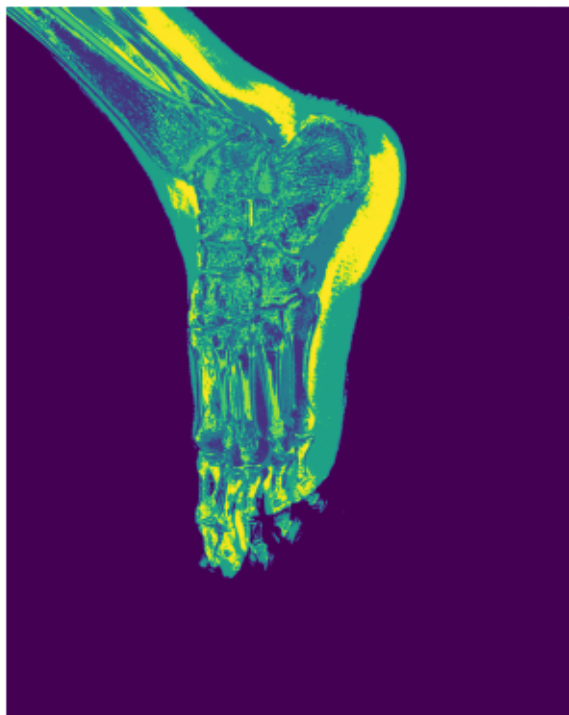
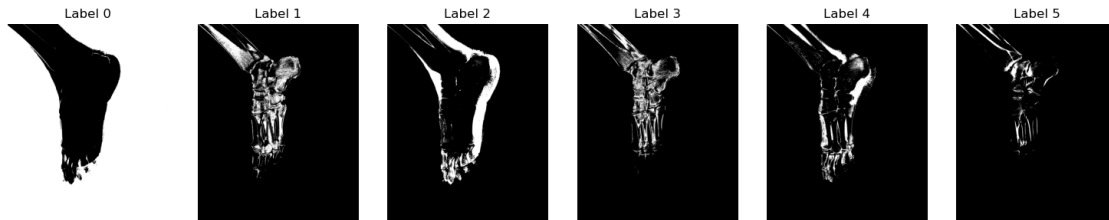
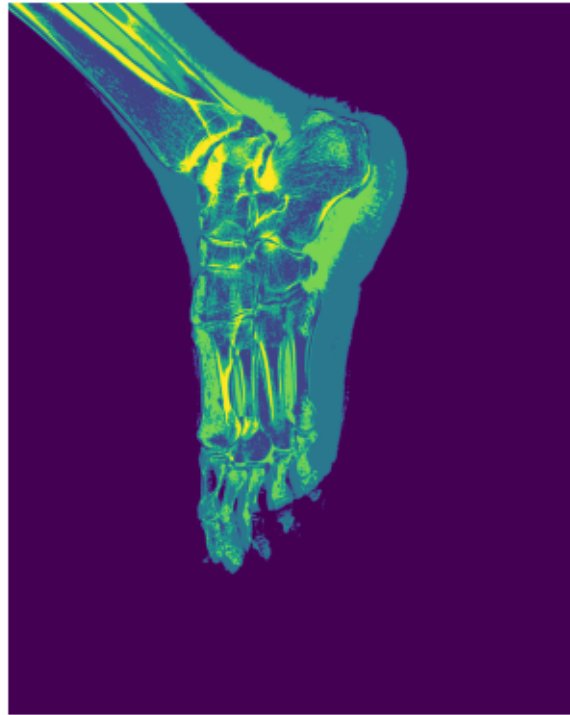


Imagen segmentada (k=6)



Se probó la segmentación con múltiples valores de  $k$  (4, 6, 8 y 10). Los intentos iniciales con  $k=4$  resultaron en una agrupación muy general de las intensidades, lo cual dificultaba distinguir el hueso del tejido circundante.

Con  $k=8$ , hubo una mejora relativa, comenzaron a diferenciarse partes del hueso (particularmente zonas corticales), pero aún persistía la mezcla con otras estructuras. Sin embargo, fue con  $k=6$  donde se alcanzó un resultado más satisfactorio. Este valor permitió aislar las zonas hiperdensas (claras) con mayor precisión.

La selección de etiquetas correspondientes a las regiones óseas se realizó mediante un proceso visual y comparativo. Se graficaron individualmente las máscaras binarias asociadas a cada una de las etiquetas generadas por el algoritmo K-Means. Estas gráficas permitieron observar con claridad qué regiones de la imagen correspondían a cada clúster, facilitando la identificación de aquellas etiquetas que agrupaban zonas hiperdensas, es decir, áreas con alta intensidad de gris típicas del tejido óseo.

Este procedimiento, basado en la inspección visual etiqueta por etiqueta, fue fundamental para construir máscaras precisas que incluyeran el hueso y excluyeran estructuras irrelevantes como tejidos blandos o el fondo.

(Este método de selección por medio de observación será usado para todas las imágenes)

Note que el label=0 hace blanco todo el exterior del pie, por lo que podemos excluirlo de los intentos directamente

```
[21]: bone_labels = [1,3]

# Crear la máscara binaria
mask = np.isin(segmented_img, bone_labels).astype(int)
fig , axes = plt.subplots(2,2,figsize=(8,8))
# Visualizar la máscara
axes[0,1].imshow(mask, cmap='gray')
axes[0,1].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels})")
axes[0,1].axis('off')

#=====
# Probar diferentes combinaciones de etiquetas (ensayo y error)
bone_labels = [1,3,5]

# Crear la máscara binaria
mask = np.isin(segmented_img, bone_labels).astype(int)

# Visualizar la máscara
axes[0,0].imshow(mask, cmap='gray')
axes[0,0].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels})")
axes[0,0].axis('off')
#=====

bone_labels = [1,3,4]

# Crear la máscara binaria
mask = np.isin(segmented_img, bone_labels).astype(int)

# Visualizar la máscara
axes[1,0].imshow(mask, cmap='gray')
axes[1,0].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels})")
axes[1,0].axis('off')
#=====

bone_labels = [1,5]

# Crear la máscara binaria
mask = np.isin(segmented_img, bone_labels).astype(int)
```



```
# Visualizar la máscara
axes[1,1].imshow(mask, cmap='gray')
axes[1,1].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels})")
axes[1,1].axis('off')
plt.tight_layout()
plt.show()
```

Máscara binaria (pixeles hueso = [1, 3, 5])    Máscara binaria (pixeles hueso = [1, 3])



Máscara binaria (pixeles hueso = [1, 3, 4])    Máscara binaria (pixeles hueso = [1, 5])



El label 2 se excluyó directamente de los ensayos, pues ésta etiqueta incluía el tejido no óseo de la zona de la planta del pie, lo cual específicamente no queremos incluir en la segmentación, por lo que se intentaron combinaciones con los label 1,3,4, y 5. se puede observar que en el intento que se incluyó el label 4, se ve que se muestra parte de el tejido no oseó en la zona de la planta del pie, y

que los label 1,3,5 incluyen la mayoría de el tejido óseo dejando un mínimo de tejido no óseo por lo que se elige la combinación de etiquetas [1,3,5] para la segmentación.

```
[23]: # Utilizar mejor label obtenido
bone_labels = [1,3,5]

# Crear la máscara binaria
mask = np.isin(segmented_img, bone_labels).astype(int)
fig, axes = plt.subplots(2,2,figsize=(8,8))
# Visualizar la máscara
axes[0,0].imshow(mask, cmap='gray')
axes[0,0].set_title(f"Máscara binaria (píxeles hueso = {bone_labels})")
axes[0,0].axis('off')
axes[0,1].axis('off')

# Multiplicar para aislar el hueso (usar float para que se mantengan los
↪ valores de intensidad)
segmented_bone = img_array * mask

# Leer imagen en escala de grises
img = imread('Radiografias/IMG0000185.jpg', as_gray=True)

# Imagen original
axes[1,0].imshow(img, cmap='gray')
axes[1,0].set_title("Imagen original")
axes[1,0].axis('off')

# Imagen segmentada
axes[1,1].imshow(segmented_bone, cmap='gray')
axes[1,1].set_title("Hueso segmentado final")
axes[1,1].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()
```

Máscara binaria (píxeles hueso = [1, 3, 5])



Imagen original



Hueso segmentado final



Se aisló con claridad el hueso, conservando su forma, grosor y textura en la mayoría de las zonas, exceptuando las falanges medias y distales del pie. La segmentación resultante fue limpia, anatómicamente coherente y presentó bajo nivel de ruido. Las zonas corticales e internas fueron capturadas adecuadamente gracias a la combinación de etiquetas. Se respetaron las fronteras anatómicas, y se minimizó el ruido de fondo. Incluso en áreas de transición entre hueso y tejido blando, la máscara logró preservar las estructuras relevantes sin incluir regiones irrelevantes.

## 1 Imagen 2

Primero, se procederá a intentar con diferentes valores de  $k$  para posteriormente hacer el prueba y error con las etiquetas.

```

[36]: # Reshape: de (alto, ancho) a (píxeles, 1)
X = img2_array.reshape(-1, 1)

# Probar con K clusters (prueba inicial con K=4)
k = 4
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img2 = labels.reshape(img2_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img2, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳ visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()
fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img2 == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()

print("-"*80)
k = 6
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img2 = labels.reshape(img2_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img2, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳ visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()
fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img2 == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')

```

```

        axes[i].set_title(f'Label {i}')
        axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()

print("-"*80)

k = 10
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img2 = labels.reshape(img2_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img2, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳ visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()
fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img2 == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()

print("-"*80)

k = 8
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img2 = labels.reshape(img2_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img2, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳ visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()

```

```

fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img2 == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()

```

Imagen segmentada (k=4)



Imagen segmentada (k=6)

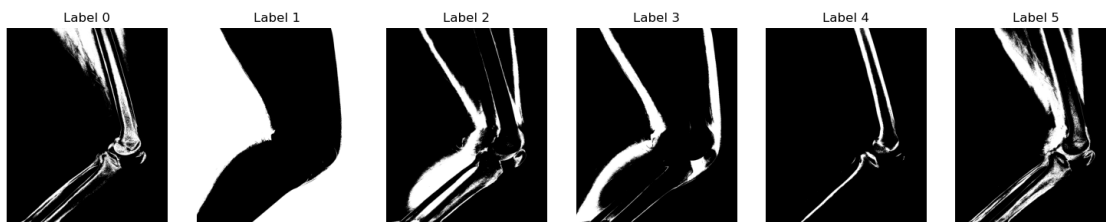
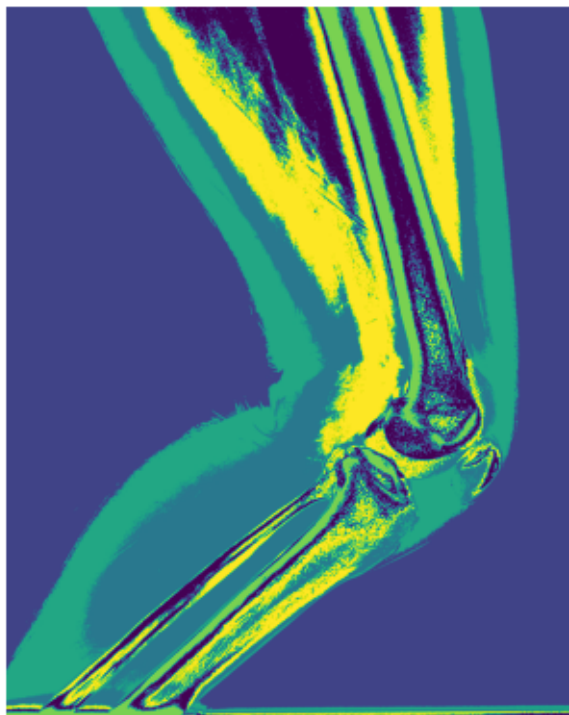


Imagen segmentada (k=10)

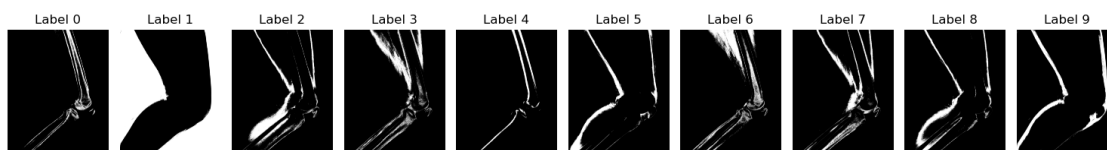
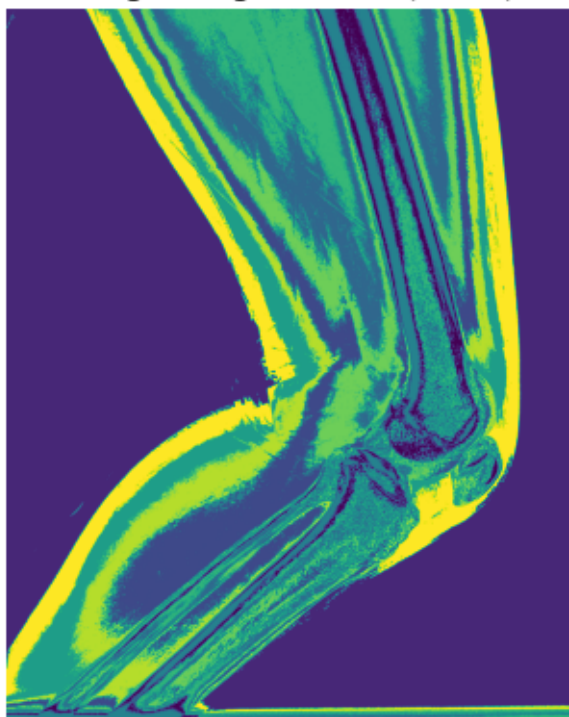
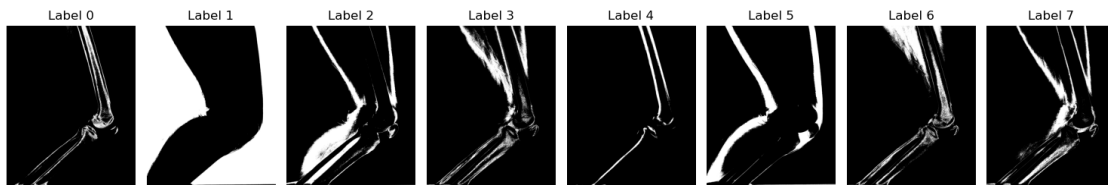
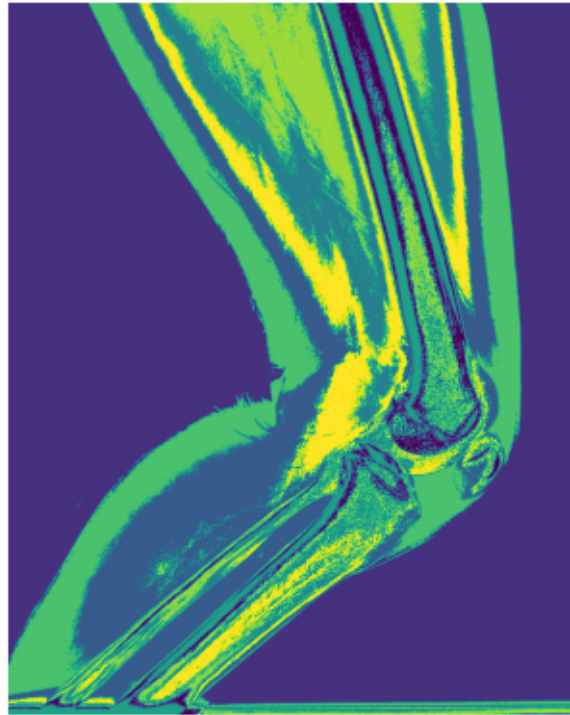




Imagen segmentada (k=8)



en  $k=4$  y  $k=6$  donde se aprecia el hueso, también se agrupa mucho tejido que se nota que no es óseo, por lo que no se considerarán estos valores, y para el  $k=8$  y  $k=10$ , se ve que las etiquetas de relevantes del  $k=10$  son muy similares a la del  $k=8$ , incluso mostrando una diferencia despreciable, por lo que tomaremos el  $k=8$ , procederemos a hacer el prueba y error con distintas combinaciones de etiquetas para hallar la segmentación ideal

```
[47]: fig , axes = plt.subplots(2,2,figsize=(9,9))

bone_labels2 = [0,3,4,6]
# Crear la máscara binaria
mask2 = np.isin(segmented_img2, bone_labels2).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[0,0].imshow(mask2, cmap='gray')
axes[0,0].set_title(f"Máscara binaria (píxeles hueso = {bone_labels2})")
```

```

axes[0,0].axis('off')
#=====
bone_labels2 = [0,3,4,6,7]
# Crear la máscara binaria
mask2 = np.isin(segmented_img2, bone_labels2).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[0,1].imshow(mask2, cmap='gray')
axes[0,1].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels2})")
axes[0,1].axis('off')
#=====
bone_labels2 = [0,3,4]
# Crear la máscara binaria
mask2 = np.isin(segmented_img2, bone_labels2).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[1,0].imshow(mask2, cmap='gray')
axes[1,0].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels2})")
axes[1,0].axis('off')
#=====
bone_labels2 = [0,4,6]
# Crear la máscara binaria
mask2 = np.isin(segmented_img2, bone_labels2).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[1,1].imshow(mask2, cmap='gray')
axes[1,1].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels2})")
axes[1,1].axis('off')
plt.tight_layout()
plt.show()

```

Máscara binaria (pixeles hueso = [0, 3, 4, 6])



Máscara binaria (pixeles hueso = [0, 3, 4, 6, 7])



Máscara binaria (pixeles hueso = [0, 3, 4])



Máscara binaria (pixeles hueso = [0, 4, 6])



Como se pudo analizar, el label que contenía mas información de el *Fémur* es el label 3, el cual tambien incluía una buena cantida de tejido no óseo el cual lo rodea, por lo cual en ese aspecto no se pudo evitar la presencia de tejido blando en esa zona, pero en el área de la pierna (área de la tibia y la fíbula), se pudo minimizar mucho la presencia de tejido blando, y se puede ver que la combinación de labels [0,3,4,6,7] es la que mejor incluye la información de todos estos huesos, por lo que ésta es la combinación elegida para la segmentación de ésta imagen.

```
[49]: fig , axes = plt.subplots(2,2,figsize=(8,8))

bone_labels2 = [0,3,4,6,7]
```

```

# Crear la máscara binaria
mask2 = np.isin(segmented_img2, bone_labels2).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[0,0].imshow(mask2, cmap='gray')
axes[0,0].set_title(f"Máscara binaria (píxeles hueso = {bone_labels2})")
axes[0,0].axis('off')
axes[0,1].axis("off")
# Multiplicar para aislar el hueso (usar float para que se mantengan los
↪ valores de intensidad)
segmented_bone2 = img2_array * mask2

# Leer imagen en escala de grises
img2 = imread('Radiografias/IMG0000245.jpg', as_gray=True)

# Imagen original
axes[1,0].imshow(img2, cmap='gray')
axes[1,0].set_title("Imagen original")
axes[1,0].axis('off')

# Imagen segmentada
axes[1,1].imshow(segmented_bone2, cmap='gray')
axes[1,1].set_title("Hueso segmentado final")
axes[1,1].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()

```

Máscara binaria (píxeles hueso = [0, 3, 4, 6, 7])



Imagen original



Hueso segmentado final



se puede observar que en la segmentación, se conservó muy bien la información de los huesos, excepto por una cantidad mínima de ruido en la tibia. en la zona de la pierna, se minimizó exitosamente la presencia de tejido blando, observando claramete que solo hay tejido óseo en esta area, destacando también que se conservó bien el aspecto de la rótula y toda la estructura del fémur.

## 2 Imagen 3

```
[ ]: # Reshape: de (alto, ancho) a (píxeles, 1)
X = img3_array.reshape(-1, 1)

# Probar con K clusters (prueba inicial con K=4)
k = 4
```

```

kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img3 = labels.reshape(img3_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img3, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳ visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()
fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img3 == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()
#=====
k = 6
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img3 = labels.reshape(img3_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img3, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳ visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()
fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img3 == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()

```

```

#=====
k = 10
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img3 = labels.reshape(img3_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img3, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()
fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img3 == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()
#=====
k = 12
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42)
kmeans.fit(X)
labels = kmeans.labels_

# Rearmar la imagen segmentada
segmented_img3 = labels.reshape(img3_array.shape)

# Visualizar imagen segmentada
plt.imshow(segmented_img3, cmap='viridis') # cmap puede cambiarse para
↳visualización
plt.title(f"Imagen segmentada (k={k})")
plt.axis('off')
plt.show()
fig, axes = plt.subplots(1, k, figsize=(15, 3)) # 1 fila, k columnas
for i in range(k):
    mask = (segmented_img3 == i).astype(int)
    axes[i].imshow(mask, cmap='gray')
    axes[i].set_title(f'Label {i}')
    axes[i].axis('off')

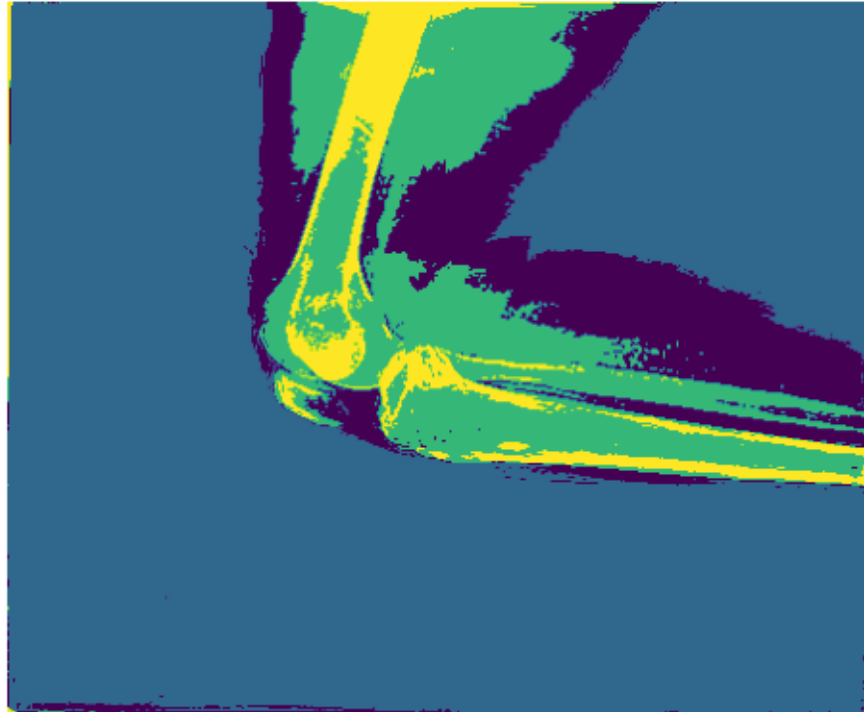
plt.tight_layout()

```

```
plt.show()
```

```
#=====
```

Imagen segmentada (k=4)



Label 0



Label 1



Label 2



Label 3





Imagen segmentada (k=6)

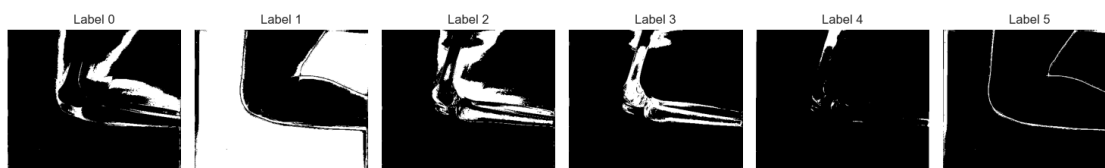
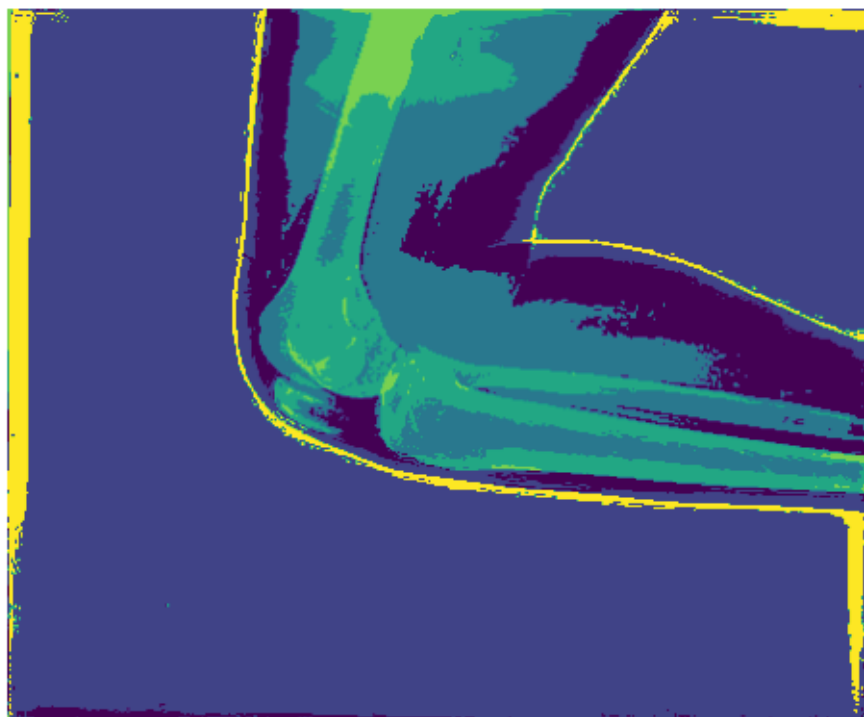


Imagen segmentada (k=10)

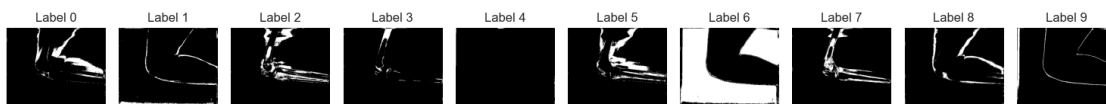
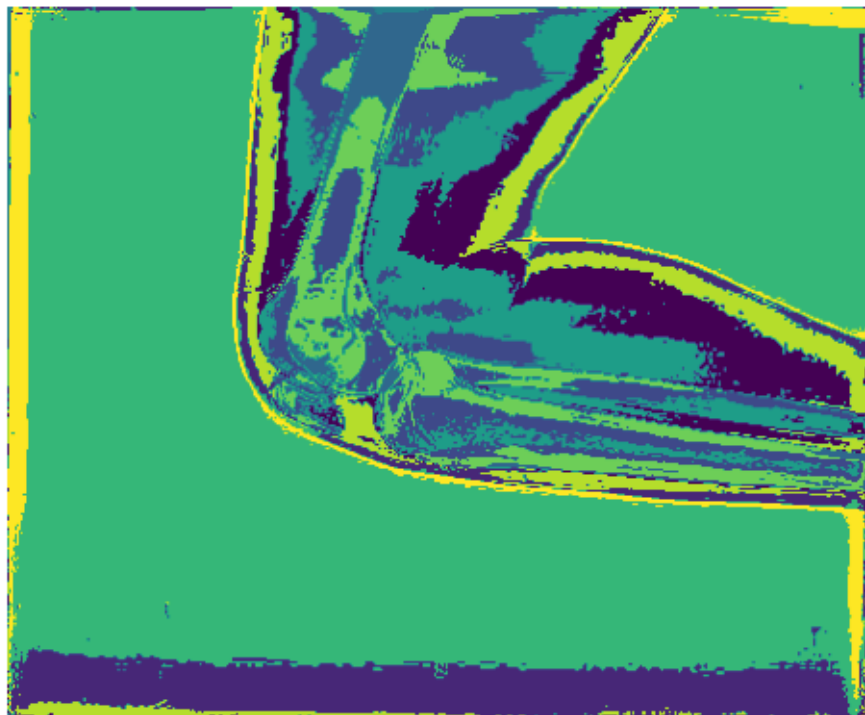
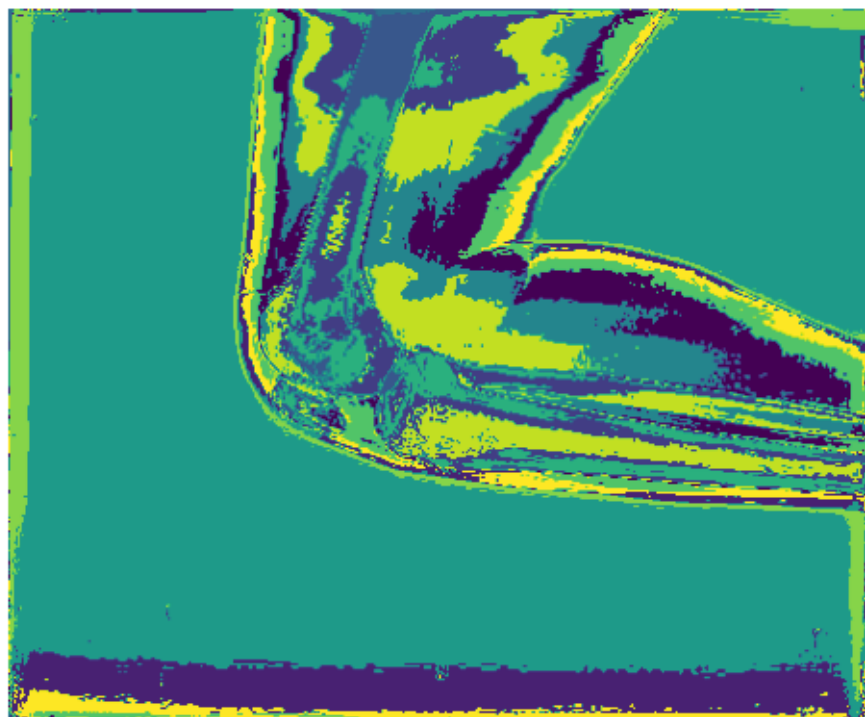


Imagen segmentada (k=12)



lo obtenido de los valores  $k=4$  y  $k=6$  se despreciarán, pues en ambos se observa claramente que en donde se observa hueso, en esas mismas etiquetas tambien se observa demasiado tejido blando, por lo que no son adecuados para nuestros propósitos, entonces, tendremos la elección entre el  $k=10$  y  $k=12$ , finalmente, se elige el  $k=12$ , pues en el label 10, permite incluir mas información de la fíbula, incluyendo menos tejido blando, por lo cual este será el valor de  $k$  a elegir para la segmentación, a continuación, se probarán varias combinaciones de etiquetas para determinar la mejor combinación posible.

```
[92]: fig , axes = plt.subplots(2,2,figsize=(8,8))

bone_labels3 = [2,3,7,10]
# Crear la máscara binaria
mask3 = np.isin(segmented_img3, bone_labels3).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[0,0].imshow(mask3, cmap='gray')
axes[0,0].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels3})")
axes[0,0].axis('off')
```

```

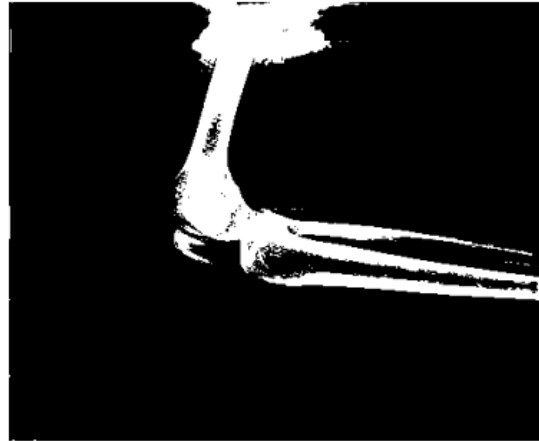
#=====
bone_labels3 = [2,3,7]
# Crear la máscara binaria
mask3 = np.isin(segmented_img3, bone_labels3).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[0,1].imshow(mask3, cmap='gray')
axes[0,1].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels3})")
axes[0,1].axis('off')
#=====
bone_labels3 = [2,3,10]
# Crear la máscara binaria
mask3 = np.isin(segmented_img3, bone_labels3).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[1,0].imshow(mask3, cmap='gray')
axes[1,0].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels3})")
axes[1,0].axis('off')
#=====
bone_labels3 = [3,7,10]
# Crear la máscara binaria
mask3 = np.isin(segmented_img3, bone_labels3).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[1,1].imshow(mask3, cmap='gray')
axes[1,1].set_title(f"Máscara binaria (pixeles hueso = {bone_labels3})")
axes[1,1].axis('off')
plt.tight_layout()
plt.show()

```

Máscara binaria (píxeles hueso = [2, 3, 7, 10])



Máscara binaria (píxeles hueso = [2, 3, 7])



Máscara binaria (píxeles hueso = [2, 3, 10])



Máscara binaria (píxeles hueso = [3, 7, 10])



En las dos segmentaciones inferiores de las combinaciones de label [2,3,10] y [3,7,10] se observa una cantidad considerable de ruido en los huesos, lo cual infiere en que si se utilizan para la segmentación, el hueso se verá con mucho granulado, y con el tejido blando que se observa por la zona mas proximal de la rótula, por lo que no son ideales para nuestra aplicación, y entre la combinación de labels [2,3,7], en la cual se minimizó la presencia de tejido blando, se ve que se pierde la mayoría de el interior de la tibia, lo cual es una pérdida importante de información. Por otro lado, se puede observar que en la combinación de labels de [2,3,7,10], aunque se ve el tejido blando anteriormente mencionado, se ve que se representan bien los huesos importantes, y claramente que se ha reducido la cantidad de tejido blando observable al mínimo, por lo que ésta será la combinación de etiquetas elegidas para la segmentación de ésta imagen.

```
[88]: fig , axes = plt.subplots(2,2,figsize=(8,8))

bone_labels3 = [2,3,7,10]
# Crear la máscara binaria
```

```

mask3 = np.isin(segmented_img3, bone_labels3).astype(int)
# Visualizar la máscara
axes[0,0].imshow(mask3, cmap='gray')
axes[0,0].set_title(f"Máscara binaria (píxeles hueso = {bone_labels3})")
axes[0,0].axis('off')
axes[0,1].axis("off")
# Multiplicar para aislar el hueso (usar float para que se mantengan los
    ↪ valores de intensidad)
segmented_bone3 = img3_array * mask3

# Leer imagen en escala de grises
img3 = imread('Radiografias/IMG0003784.jpg', as_gray=True)

# Imagen original
axes[1,0].imshow(img3, cmap='gray')
axes[1,0].set_title("Imagen original")
axes[1,0].axis('off')

# Imagen segmentada
axes[1,1].imshow(segmented_bone3, cmap='gray')
axes[1,1].set_title("Hueso segmentado final")
axes[1,1].axis('off')

plt.tight_layout()
plt.show()

```

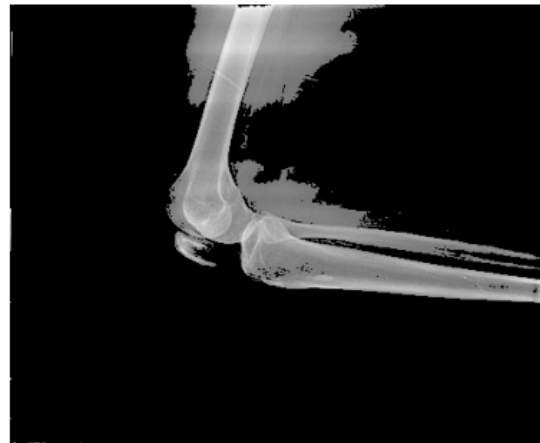
Máscara binaria (píxeles hueso = [2, 3, 7, 10])



Imagen original



Hueso segmentado final



de la segmentación, se puede observar que se perdió una cantidad pequeña de información en la parte distal inferior de la fíbula. pero el resto de el hueso se ha conservado bien, incluso pudiendo diferenciar estructuras que están “por detrás” de los huesos como en los cóndilos del fémur, se ha conservado bien la rótula y las cabezas de la fíbula y tibia se han conservado bien, intentando mantener el tejido blando al mínimo, aunque desafortunadamente no se pudo evitar la porción de tejido blando que se encuentra por detrás de la articulación femorotibial.