

```

% 1. Cargar las variables de entrenamiento
load('pell.mat');

%-----
%algor1: Crear histograma modelo de píxeles de piel usando las máscaras
manuales
%-----
% Extraer, para cada imagen, los valores de Cb y Cr sólo en los píxeles
marcados como piel de las máscaras (BW)
imgNums = 1:60; % Tenemos 60 máscaras en total

% imgFiles contendrá nombres de archivos de imagen formateados
% %maskFiles contendrá nombres de archivos de máscara, como BW1, BW2, etc.,
basados en los números en imgNums
imgFiles = cellfun(@(n) sprintf('inputImage%d', n), num2cell(imgNums),
'UniformOutput', false);
maskFiles = cellfun(@(n) sprintf('BW%d', n), num2cell(imgNums),
'UniformOutput', false);

% Acumular todos los valores en los vectores all_Cb y all_Cr
% Convierte cada imagen a YCbCr y extrae los canales Cb (azul-croma) y Cr
(rojo-croma)
% Sólo guarda los valores de los píxeles donde BW==1 (las zonas marcadas
como piel manualmente)
all_Cb = [];
all_Cr = [];

for k = 1:length(imgFiles)
    img = eval(imgFiles{k}); % Carga la imagen RGB
    mask = eval(maskFiles{k}); % Su máscara de piel (BW)

    imgYCbCr = rgb2ycbcr(img);
    cb = imgYCbCr(:,:,2);
    cr = imgYCbCr(:,:,3);
    cb_skin = cb(mask==1); % Solo donde hay piel
    cr_skin = cr(mask==1);
    all_Cb = [all_Cb; cb_skin(:)];
    all_Cr = [all_Cr; cr_skin(:)];
end

%Construir el histograma modelo 2D

% Lo ideal es que la mayoría de bins del histograma tengan algo de
frecuencia en las imágenes de piel

% Calcular edges óptimos
Cb_min = double(min(all_Cb));
Cb_max = double(max(all_Cb));
Cr_min = double(min(all_Cr));

```

```

Cr_max = double(max(all_Cr));

% Si se baja demasiado los bins, puedes empezar a etiquetar "no piel"
% comopiel (más falsos positivos)
nBins = 45; % Número de bins para el histograma
Cb_edges = linspace(Cb_min, Cb_max, nBins + 1);
Cr_edges = linspace(Cr_min, Cr_max, nBins + 1);

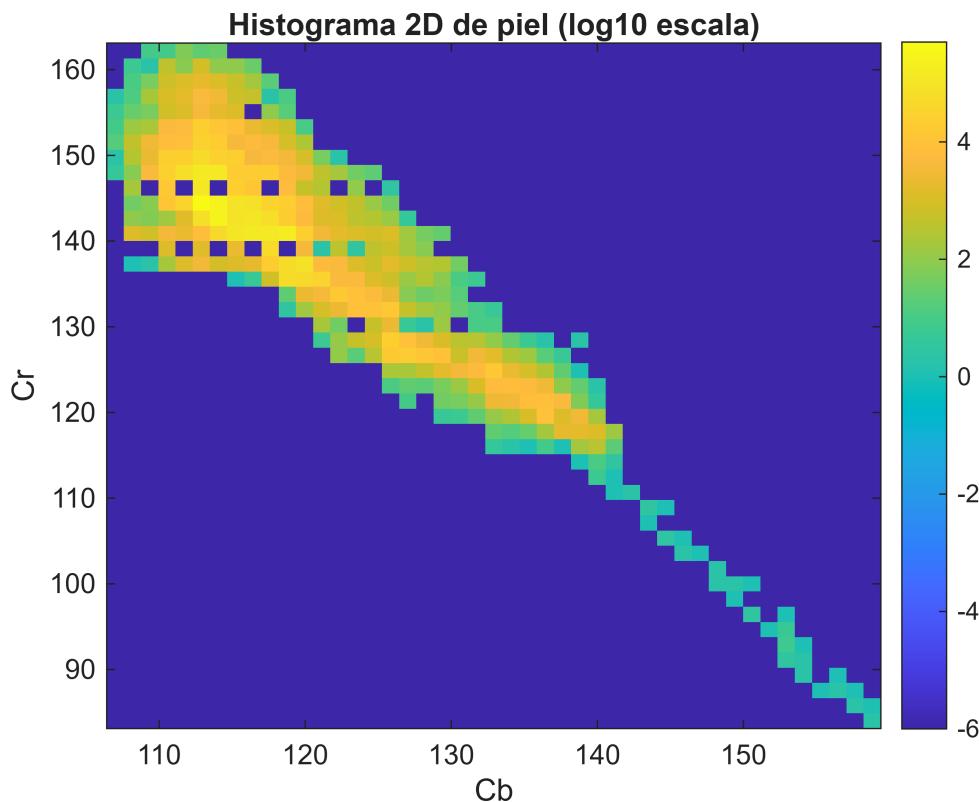
% Construir el histograma sólo con los valores relevantes
hist_2d = histcounts2(all_Cb, all_Cr, Cb_edges, Cr_edges);

save('histograma_modelo.mat', 'hist_2d', 'Cb_edges', 'Cr_edges');

% Visualizar el histograma 2D

figure;
imagesc(Cb_edges(1:end-1), Cr_edges(1:end-1), log10(hist_2d'+1e-6));
set(gca, 'YDir', 'normal');
xlabel('Cb'); ylabel('Cr'); title('Histograma 2D de piel (log10 escala)');
colorbar;

```



```

% Comprobación y optimización de numero de bins
% hay que buscar un equilibrio entre resolución y cantidad real de muestras
% por bin

```

```
% Si los bins son ENORMES, habran segmentaciones MUY groseras (muchos falsos positivos)
% Si los bins son DEMASIADO pequeños, acaban con "agujeros" (falsos negativos)

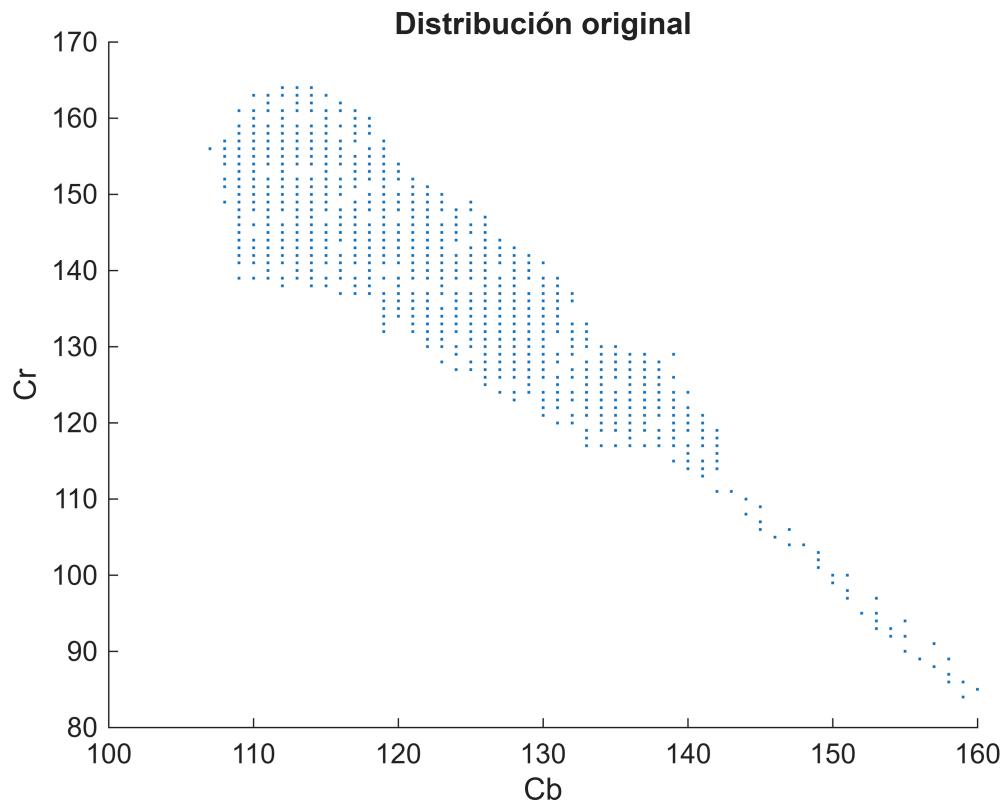
nnz(hist_2d) % Número de bins no nulos
```

```
ans =
365
```

```
pctNulos = 100*nnz(hist_2d)/numel(hist_2d);
fprintf("Porcentaje de bins no nulos: %.2f%%\n", pctNulos);
```

```
Porcentaje de bins no nulos: 18.02%
```

```
figure; scatter(all_Cb, all_Cr, 1, '.' ); xlabel('Cb'); ylabel('Cr');
title('Distribución original');
```



```
disp([min(hist_2d(:)), max(hist_2d(:))]);
```

```
0      502365
```

```
%-----
% algo2: Detección de piel usando el histograma modelo
```

```

%-----
function BW_piel = algo2(imagenRGB, hist_2d, Cb_edges, Cr_edges, umbral)
    % imagenRGB: imagen de entrada (uint8, 3 canales)
    % hist_2d, Cb_edges, Cr_edges: tu modelo de piel (de algo1)
    % umbral: frecuencia mínima en el histograma para considerar piel

    imgYCbCr = rgb2ycbcr(imagenRGB);
    cb = double(imgYCbCr(:,:,2));
    cr = double(imgYCbCr(:,:,3));

    % A qué bin corresponde cada píxel
    bin_Cb = discretize(cb, Cb_edges); % Mapa de índices de Cb (por píxel)
    bin_Cr = discretize(cr, Cr_edges); % Mapa de índices de Cr (por píxel)

    % Sólo consideramos los índices válidos
    valid_mask = ~isnan(bin_Cb) & ~isnan(bin_Cr) & ...
        bin_Cb > 0 & bin_Cr > 0 & ...
        bin_Cb <= size(hist_2d,1) & bin_Cr <= size(hist_2d,2);

    % Índices lineales en el histograma
    ind = sub2ind(size(hist_2d), bin_Cb(valid_mask), bin_Cr(valid_mask));

    % Inicializa máscara
    BW_piel = false(size(cb));

    % Clasifica como piel si frecuencia en el histograma es mayor que el
    umbral
    BW_piel(valid_mask) = hist_2d(ind) > umbral;

end

```

```
umbral = 26000
```

```

umbral =
26000

% Script principal (ejemplo de una sola imagen)
load('modelo_histograma.mat'); % Para tener hist_2d, Cb_edges,
Cr_edges
img = imread('Images/1_P_hgr1_id01_2.jpg');

BW_piel = algo2(img, hist_2d, Cb_edges, Cr_edges, umbral);
imshow(BW_piel) % Para ver la máscara resultante

```



```
imshowpair(inputImage2, BW_piel);
```



```
% Comprobación de las máscaras hechas manualmente
```

```
imshowpair(inputImage2, BW2);
```



```
% algo3: procesamiento de todas las imagines y guardado de las máscaras
% --- CONFIGURACIÓN ---
imageDir = 'Images'; % Directorio de imágenes a segmentar
maskDir = 'Masks'; % Carpeta donde guardarás las máscaras
segmentadas
if ~exist(maskDir, 'dir')
    mkdir(maskDir);
end

load('histograma_modelo.mat'); % hist_2d, Cb_edges, Cr_edges

counts = hist_2d(hist_2d > 0);
umbral = 26000

umbral =
26000

imageFiles = dir(fullfile(imageDir, '*.jpg'));

for k = 1:length(imageFiles)
    img = imread(fullfile(imageDir, imageFiles(k).name));
    BW_piel = algo2(img, hist_2d, Cb_edges, Cr_edges, umbral);
    [~, baseName, ~] = fileparts(imageFiles(k).name);
    maskName = [baseName '.bmp'];
```

```
imwrite(BW_piel, fullfile(maskDir, maskName));  
end  
  
disp('Todas las segmentaciones están guardadas en la carpeta Masks!');  
;Todas las segmentaciones están guardadas en la carpeta Masks!
```

```
% Comprobacion de una sola mascara  
imshow('Masks/1_P_hgr1_id01_2.bmp')
```



```
% Comprobación  
mask = imread('Masks/5_P_hgr1_id01_2.bmp');  
ideal = imread('Masks-Ideal/5_P_hgr1_id01_2.bmp');  
imshow(~mask);
```



```
imshow(ideal);
```



```
size(~mask), size(ideal)
```

```
ans = 1x2
 349   424
ans = 1x2
 349   424
```

```
imshowpair(~mask, ideal)
```



```
%-----%
% algo4:
%-----%
maskDir = 'Masks';
idealDir = 'Masks-Ideal';

maskFiles = dir(fullfile(maskDir, '*.bmp'));
F_scores = zeros(length(maskFiles),1);
precision_vals = zeros(length(maskFiles),1);
recall_vals = zeros(length(maskFiles),1);

% Haz loop por nombres, no por orden:
for k = 1:length(maskFiles)
    mask_name = maskFiles(k).name;
    mask_path = fullfile(maskDir, mask_name);
    ideal_path = fullfile(idealDir, mask_name);
    if ~exist(ideal_path, 'file')
        warning('Saltando %s: sin ideal correspondiente', mask_name);
```

```

        continue
end

mask = imread(fullfile(maskDir, maskFiles(k).name));
ideal = imread(fullfile(idealDir, maskFiles(k).name));
mask = mask > 0;
ideal = ideal > 0;

mask = ~mask;      % <--- CORRECCIÓN AQUÍ!!!!!!!!!!!!!!!!

if ~isequal(size(mask), size(ideal))
    warning('Error: Las máscaras no tienen la misma dimensión en %s',
mask_name);
    continue
end

TP = sum(mask(:) & ideal(:));
FP = sum(mask(:) & ~ideal(:));
FN = sum(~mask(:) & ideal(:));

if (TP+FP)==0
    precision = NaN;
else
    precision = TP / (TP + FP);
end

if (TP+FN)==0
    recall = NaN;
else
    recall = TP / (TP + FN);
end

if isnan(precision) || isnan(recall) || (precision+recall)==0
    F = NaN;
else
    F = 2 * precision * recall / (precision + recall);
end

precision_vals(k) = precision;
recall_vals(k) = recall;
F_scores(k) = F;
end

fprintf('F-score medio: %.3f\n', nanmean(F_scores));

```

F-score medio: 0.924

```

fprintf('Precisión media: %.3f\n', nanmean(precision_vals));

```

Precisión media: 0.910

```
fprintf('Recall media: %.3f\n', nanmean(recall_vals));
```

```
Recall media: 0.943
```

```
% Visualizar grafica resultante
figure;
hold on;
plot(recall_vals, precision_vals, 'bo');

xlabel('Recall');
ylabel('Precision');
title('Precision-Recall por imagen');
grid on;

% Añadir los números a cada punto
for k = 1:length(recall_vals)
    if ~isnan(recall_vals(k)) && ~isnan(precision_vals(k))
        text(recall_vals(k), precision_vals(k), num2str(k), 'FontSize', 8,
'HORIZONTALAlignment', 'left', 'VerticalAlignment', 'top');
    end
end
```

