

Tarea_02

September 14, 2025

1 Integrantes

- Centeno Amado Eduardo
- Orozpe Frias Erick Adrian
- Pineda Gaona Maricruz
- Rodríguez Teodores Armando Jair
- Velasco Martell Dayra

2 Bibliotecas

```
[1]: #Bibliotecas
import os
import pandas as pd
import numpy as np

#KS test, ji-cuadrada
from scipy.stats import ks_2samp, chi2_contingency

#Graficas
import matplotlib.pyplot as plt
from matplotlib import cycler
import seaborn as sns
import plotly.express as px
import plotly.graph_objects as go
from plotly.subplots import make_subplots

#Valores atipicos
from pyod.models.knn import KNN
from pyod.models.iforest import IForest
from pyod.models.mcd import MCD

#Valores ausentes
from sklearn.experimental import enable_iterative_imputer
from sklearn.impute import IterativeImputer
from sklearn.ensemble import RandomForestRegressor, RandomForestClassifier
from sklearn.linear_model import BayesianRidge, LogisticRegression
from sklearn.preprocessing import LabelEncoder
```

```
[2]: # Configurar Paleta
PALETA = sns.color_palette("flare")
sns.set_theme(style="whitegrid", palette=PALETA) # Seaborn global
plt.style.use("seaborn-v0_8-whitegrid")
plt.rcParams["axes.prop_cycle"] = cycler(color=PALETA.as_hex()) # Matplotlib
→ global
```

3 Cargar Dataset

```
[3]: def ruta(folder, file, user='Wsm-erick', main='Diplomado-Ciencia-de-Datos/refs/
→heads/main'):
    return os.path.join('https://raw.githubusercontent.com', user, main, folder,
→file)
```

```
[4]: url = ruta('Modulo-I/Datasets', 'wine_quality.csv')

df = pd.read_csv(url, encoding='utf-8')
df.head()
```

```
[4]:
```

	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	\
0	7.4	0.70	0.00	1.9	0.076	
1	7.8	0.88	0.00	2.6	0.098	
2	7.8	0.76	0.04	2.3	0.092	
3	NaN	0.28	0.56	1.9	0.075	
4	7.4	0.70	NaN	1.9	0.076	

	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	sulphates	\
0	11.0	34.0	0.9978	3.51	0.56	
1	25.0	67.0	0.9968	3.20	0.68	
2	15.0	54.0	0.9970	3.26	0.65	
3	17.0	60.0	0.9980	3.16	0.58	
4	11.0	34.0	0.9978	3.51	0.56	

	alcohol	quality	type
0	9.4	5.0	red
1	9.8	5.0	red
2	9.8	5.0	red
3	9.8	6.0	NaN
4	9.4	5.0	red

3.1 1.- Investiga a qué se refiere cada variable del conjunto de datos y sus valores normales de referencia.

Se encontró la siguiente información referente a los valores normales para cada una de las variables. Con base en esta información, se tomará la decisión sobre el tratamiento de los valores atípicos que se lleguen a encontrar en la base.

```
[5]: url = ruta('Modulo-I/Datasets', 'Variables_del_vino.csv')
```

```
description = pd.read_csv(url, encoding='utf-8')
description
```

```
[5]:
```

	Variable	Valor normal / típico \
0	fixed acidity	4.0 - 15.0 g/dm³ (tinto más ácido que blanco)
1	volatile acidity	0.12 - 1.10 g/dm³
2	citric acid	0.0 - 1.0 g/dm³
3	residual sugar	0.6 - 65.0 g/dm³ (más en vinos blancos)
4	chlorides	0.009 - 0.346 g/dm³
5	free sulfur dioxide	1 - 72 mg/dm³ (mayor en blancos)
6	total sulfur dioxide	6 - 440 mg/dm³ (mayor en blancos)
7	density	0.9900 - 1.0040 g/cm³
8	pH	2.9 - 3.9
9	sulphates	0.22 - 1.08 g/dm³
10	alcohol	8.0 - 14.9 % vol
11	quality	3 - 9 (según escala del dataset)
12	type	'red' o 'white'

	Descripción breve
0	Ácidos no volátiles como tartárico
1	Ácidos volátiles (como el acético)
2	Contribuye a frescura
3	Azúcar restante tras fermentación
4	Indica presencia de sal
5	\$SO ₂ \$ libre, protección antimicrobiana
6	Total de \$SO ₂ \$ (libre + ligado)
7	Relacionado con azúcar y alcohol
8	Acidez, vinos blancos suelen tener pH más bajo
9	Estabilizador y conservante
10	Mayor alcohol suele estar asociado con mejor c...
11	Calificación subjetiva del vino
12	Tipo de vino (categoría)

```
[6]: valores_tipicos = {x: None for x in set(description['Variable'])-set({'type'})}

print(list(valores_tipicos.keys()))
```

```
['residual sugar', 'alcohol', 'citric acid', 'chlorides', 'fixed acidity',
'total sulfur dioxide', 'sulphates', 'density', 'free sulfur dioxide', 'pH',
'volatile acidity', 'quality']
```

```
[7]: valores_tipicos = {
    'fixed acidity': (4,15,'g/dm³'),
    'volatile acidity': (0.12,1.1,'g/dm³'),
    'citric acid': (0,1,'g/dm³'),
```

```

'residual sugar': (0.6,65,'g/dm³'),
'chlorides': (0.009,0.346,'g/dm³'),
'free sulfur dioxide': (1,72,'mg/dm³'),
'total sulfur dioxide': (6,440,'mg/dm³'),
'density': (0.99,1.0040,'g/cm³'),
'pH': (2.9,3.9,'-'),
'sulphates': (0.22,1.08,'g/dm³'),
'alcohol': (8,14.9,'vol'),
'quality': (3,9,'-')
}

```

```

[8]: def f_tip(x: float, xmin: float, xmax: float):
      return 1 if x >= xmin and x <= xmax else 0

N = df.shape[0]
data = []
for x, (xmin, xmax, unidad) in valores_tipicos.items():
    n = df[x].apply(lambda y: f_tip(y, xmin, xmax)).sum()
    nulos = df[x].isna().sum()
    data.append([x, unidad, xmin, xmax, nulos, n, N-n-nulos])

df_val_atipicos = pd.DataFrame(data=data, columns=['Variable', 'Unidad', 'Límite_
↳Inf', 'Límite Sup', 'Valores Ausentes', 'Valores Típicos', 'Valores Atípicos'])
display(df_val_atipicos)

```

	Variable	Unidad	Límite Inf	Límite Sup	Valores Ausentes \
0	fixed acidity	g/dm³	4.000	15.000	995
1	volatile acidity	g/dm³	0.120	1.100	949
2	citric acid	g/dm³	0.000	1.000	454
3	residual sugar	g/dm³	0.600	65.000	200
4	chlorides	g/dm³	0.009	0.346	0
5	free sulfur dioxide	mg/dm³	1.000	72.000	138
6	total sulfur dioxide	mg/dm³	6.000	440.000	744
7	density	g/cm³	0.990	1.004	0
8	pH	-	2.900	3.900	180
9	sulphates	g/dm³	0.220	1.080	626
10	alcohol	vol	8.000	14.900	183
11	quality	-	3.000	9.000	591

	Valores Típicos	Valores Atípicos
0	5497	5
1	5517	31
2	6042	1
3	6296	1
4	6479	18
5	6267	92
6	5753	0

7	6149	348
8	6238	79
9	5836	35
10	6314	0
11	5906	0

```
[9]: print("Valores atípicos con respecto a los valores normales de la variable:",
      ↪df_val_atipicos['Valores Atípicos'].sum())
```

Valores atípicos con respecto a los valores normales de la variable: 610

3.2 2.- ¿Existen valores atípicos? ¿Valores ausentes?

Sí, como vemos en las celdas anteriores si hay valores ausentes y valores atípicos. A continuación vamos a revisar más a detalle los valores ausentes e imputaremos por el método de MICE los valores nulos para poder revisar los valores atípicos, cuando el dataset no contenga valores nulos.

```
[10]: var_cat = ["type"]
      var_num = list(set(df.columns) - set(var_cat))
```

```
[11]: print('Variables categóricas:', var_cat[0],
          '\n\n'+ 'Variables numéricas:', ', '.join(var_num))
```

Variables categóricas: type

Variables numéricas: residual sugar, alcohol, citric acid, chlorides, fixed acidity, total sulfur dioxide, sulphates, density, free sulfur dioxide, pH, volatile acidity, quality

```
[12]: def is_na_df(df):
      #Establecemos el resumen de NAs por columna
      na_summary = (
          df.isna().sum()
          .reset_index()
          .rename(columns={"index": "columna", 0: "n_missing"})
      )

      #Tomamos totales y prporciones
      na_summary["total"] = len(df)
      na_summary["prop_missing"] = na_summary["n_missing"] / na_summary["total"]
      na_summary["prop_original"] = 1 - na_summary["prop_missing"]

      #Filtramos solo columnas con al menos 1 NA
      na_summary = na_summary[na_summary["n_missing"] > 0].reset_index(drop=True)

      #Agregamos fila resumen global
      total_missing = df.isna().sum().sum()
      total_elements = df.size
```

```

prop_missing_global = total_missing / total_elements
prop_original_global = 1 - prop_missing_global

resumen = pd.DataFrame({
    "columna": ["TOTAL"],
    "n_missing": [total_missing],
    "total": [total_elements],
    "prop_missing": [prop_missing_global],
    "prop_original": [prop_original_global]
})

#Creamos la tabla
na_summary = pd.concat([na_summary, resumen], ignore_index=True)

return na_summary

```

```
[13]: is_na_df(df)
```

```
[13]:
```

	columna	n_missing	total	prop_missing	prop_original
0	fixed acidity	995	6497	0.153148	0.846852
1	volatile acidity	949	6497	0.146067	0.853933
2	citric acid	454	6497	0.069878	0.930122
3	residual sugar	200	6497	0.030783	0.969217
4	free sulfur dioxide	138	6497	0.021241	0.978759
5	total sulfur dioxide	744	6497	0.114514	0.885486
6	pH	180	6497	0.027705	0.972295
7	sulphates	626	6497	0.096352	0.903648
8	alcohol	183	6497	0.028167	0.971833
9	quality	591	6497	0.090965	0.909035
10	type	800	6497	0.123134	0.876866
11	TOTAL	5860	84461	0.069381	0.930619

Obtenemos que 10 variables cuentan con valores ausentes. Se representa en la siguiente tabla el numero de valores ausentes por variable y la proporcion que representan.

Realizaremos dos metodos de imputacion con el fin de poder determinar cual es el mas conveniente en cuanto a la preservacion de las distribuciones.

3.2.1 Imputación en cadena (MICE)

```
[14]: def evaluate_imputation(df_original, df_imputed, vars_num=None, vars_cat=None):
    resultados = []

    # KS test en variables numéricas
    if vars_num:
        for col in vars_num:
            orig = df_original[col].dropna()
            imp = df_imputed[col]

```

```

        stat, pval = ks_2samp(orig, imp)
        resultados.append({
            "Variable": col,
            "Tipo": "Numérica",
            "Prueba": "KS test",
            "Estadístico": stat,
            "p-value": pval
        })

    # Chi-cuadrada en variables categóricas
    if vars_cat:
        for col in vars_cat:
            orig_counts = df_original[col].value_counts(dropna=True,
↪normalize=True)
            imp_counts = df_imputed[col].value_counts(normalize=True)

            categories = list(set(orig_counts.index) | set(imp_counts.index))
            observed = np.array([
                [orig_counts.get(cat, 0), imp_counts.get(cat, 0)]
                for cat in categories
            ])
            chi2, pval, _, _ = chi2_contingency(observed.T)
            resultados.append({
                "Variable": col,
                "Tipo": "Categórica",
                "Prueba": "Chi-cuadrada",
                "Estadístico": chi2,
                "p-value": pval
            })

    return pd.DataFrame(resultados)

```

```

[15]: def impute_mice(df, vars_num, vars_cat, random_state=1989, max_iter=1000):
    df_copy = df.copy()

    # Convertir categóricas a códigos numéricos temporales
    cat_maps = {}
    for col in vars_cat:
        df_copy[col] = df_copy[col].astype("category")
        cat_maps[col] = dict(enumerate(df_copy[col].cat.categories))
        df_copy[col] = df_copy[col].cat.codes.replace(-1, np.nan)

    # IterativeImputer trabaja sobre todo el DF
    imputer = IterativeImputer(random_state=random_state, max_iter=max_iter)
    imputed_array = imputer.fit_transform(df_copy)
    imputed_df = pd.DataFrame(imputed_array, columns=df_copy.columns,
↪index=df_copy.index)

```

```

# Redondear categóricas y devolver a etiquetas originales
for col in vars_cat:
    imputed_df[col] = imputed_df[col].round().astype(int)
    imputed_df[col] = imputed_df[col].map(cat_maps[col])

reporte = evaluate_imputation(df, imputed_df, vars_num, vars_cat)
return imputed_df, reporte

```

```
[16]: micer = impute_mice(df, var_num, var_cat)
```

```
[17]: display(micer[0], micer[1])
```

	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	\
0	7.400000	0.700000	0.000000	1.900000	0.076	
1	7.800000	0.880000	0.000000	2.600000	0.098	
2	7.800000	0.760000	0.040000	2.300000	0.092	
3	10.178140	0.280000	0.560000	1.900000	0.075	
4	7.400000	0.700000	0.117625	1.900000	0.076	
...	
6492	6.371783	0.210000	0.290000	1.600000	0.039	
6493	6.500478	0.320000	0.360000	8.000000	0.047	
6494	6.500000	0.240000	0.190000	3.349322	0.041	
6495	5.500000	0.290672	0.300000	1.100000	0.022	
6496	6.000000	0.272791	0.380000	0.800000	0.020	

	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	sulphates	\
0	11.0	34.0	0.99780	3.51	0.56	
1	25.0	67.0	0.99680	3.20	0.68	
2	15.0	54.0	0.99700	3.26	0.65	
3	17.0	60.0	0.99800	3.16	0.58	
4	11.0	34.0	0.99780	3.51	0.56	
...	
6492	24.0	92.0	0.99114	3.27	0.50	
6493	57.0	168.0	0.99490	3.15	0.46	
6494	30.0	111.0	0.99254	2.99	0.46	
6495	20.0	110.0	0.98869	3.34	0.38	
6496	22.0	98.0	0.98941	3.26	0.32	

	alcohol	quality	type
0	9.4	5.000000	red
1	9.8	5.000000	red
2	9.8	5.000000	red
3	9.8	6.000000	red
4	9.4	5.000000	red
...
6492	11.2	6.000000	white


```

6493      9.6  5.000000  white
6494      9.4  5.485587  white
6495     12.8  7.000000  white
6496     11.8  6.000000  white

```

```
[6497 rows x 13 columns]
```

	Variable	Tipo	Prueba	Estadístico	p-value
0	residual sugar	Numérica	KS test	0.004566	1.000000
1	alcohol	Numérica	KS test	0.002589	1.000000
2	citric acid	Numérica	KS test	0.007881	0.988915
3	chlorides	Numérica	KS test	0.000000	1.000000
4	fixed acidity	Numérica	KS test	0.016022	0.423044
5	total sulfur dioxide	Numérica	KS test	0.010920	0.854591
6	sulphates	Numérica	KS test	0.021906	0.101626
7	density	Numérica	KS test	0.000000	1.000000
8	free sulfur dioxide	Numérica	KS test	0.001406	1.000000
9	pH	Numérica	KS test	0.004205	1.000000
10	volatile acidity	Numérica	KS test	0.022041	0.107134
11	quality	Numérica	KS test	0.029328	0.009508
12	type	Categórica	Chi-cuadrada	0.000000	1.000000

Realizando la prueba de KS obtenemos que la mayoría de las variables tienen un p-value mayor que 0.05 a excepcion de una, la variable quality. De igual manera, con este metodo de imputacion ya no presentamos ningun valor ausente.

Sin embargo, debido a que una variable no paso la prueba de KS, realizaremos otro metodo de imputacion con el fin de poder ver cual de los dos nos arroja mejores resultados.

```
[18]: is_na_df(micer[1])
```

```

[18]:  column  n_missing  total  prop_missing  prop_original
0  TOTAL          0      65          0.0          1.0

```

```
[19]: imputed_df = micer[0]
```

```
[20]: imputed_df.describe(include = "all")
```

```

[20]:      fixed acidity  volatile acidity  citric acid  residual sugar  \
count      6497.000000      6497.000000  6497.000000      6497.000000
unique           NaN                NaN          NaN                NaN
top             NaN                NaN          NaN                NaN
freq            NaN                NaN          NaN                NaN
mean          7.215580          0.340131    0.318424          5.443155
std           1.272535          0.158513    0.141323          4.749903
min           3.800000         -0.261265   -0.282880         -3.297837
25%           6.400000          0.230000    0.250000          1.800000
50%           7.000000          0.295000    0.310000          3.100000
75%           7.700000          0.410000    0.390000          8.100000

```

max	15.900000	1.580000	1.660000	65.800000
-----	-----------	----------	----------	-----------

	chlorides	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density \
count	6497.000000	6497.000000	6497.000000	6497.000000
unique	NaN	NaN	NaN	NaN
top	NaN	NaN	NaN	NaN
freq	NaN	NaN	NaN	NaN
mean	0.056034	30.528763	115.376127	0.994697
std	0.035034	17.639884	55.591614	0.002999
min	0.009000	-0.813248	-19.857417	0.987110
25%	0.038000	17.000000	78.000000	0.992340
50%	0.047000	29.000000	118.000000	0.994890
75%	0.065000	41.000000	154.108606	0.996990
max	0.611000	289.000000	440.000000	1.038980

	pH	sulphates	alcohol	quality	type
count	6497.000000	6497.000000	6497.000000	6497.000000	6494
unique	NaN	NaN	NaN	NaN	2
top	NaN	NaN	NaN	NaN	white
freq	NaN	NaN	NaN	NaN	4897
mean	3.218443	0.531498	10.494635	5.816498	NaN
std	0.160206	0.145053	1.188895	0.844550	NaN
min	2.720000	0.220000	8.000000	3.000000	NaN
25%	3.110000	0.440000	9.500000	5.000000	NaN
50%	3.210000	0.510000	10.300000	6.000000	NaN
75%	3.320000	0.600000	11.300000	6.000000	NaN
max	4.010000	2.000000	14.900000	9.000000	NaN

3.2.2 Imputación Random Forest

```
[21]: #Metodo de Random Forest

def impute_rf(df, vars_num, vars_cat, random_state=1989, max_iter=10):
    df_copy = df.copy()

    # Convertir variables categóricas a códigos numéricos temporales
    cat_maps = {}
    for col in vars_cat:
        df_copy[col] = df_copy[col].astype("category")
        cat_maps[col] = dict(enumerate(df_copy[col].cat.categories))
        df_copy[col] = df_copy[col].cat.codes.replace(-1, np.nan)

    # Imputar con IterativeImputer + RandomForestRegressor
    imputer = IterativeImputer(
        estimator=RandomForestRegressor(n_estimators=100,
        ↪random_state=random_state),
        random_state=random_state,
```

```

        max_iter=max_iter
    )

    imputed_array = imputer.fit_transform(df_copy)
    imputed_df = pd.DataFrame(imputed_array, columns=df_copy.columns,
    ↪index=df_copy.index)

    # Restaurar variables categóricas
    for col in vars_cat:
        imputed_df[col] = imputed_df[col].round().astype(int)
        imputed_df[col] = imputed_df[col].map(cat_maps[col])

    # Reporte de comparación (suponiendo que tienes una función definida)
    reporte = evaluate_imputation(df, imputed_df, vars_num, vars_cat)
    return imputed_df, reporte

```

```
[22]: randomforest = impute_rf(df, var_num, var_cat)
```

```

/home/erick/Entorno/lib/python3.10/site-
packages/sklearn/impute/_iterative.py:895: ConvergenceWarning:
[IterativeImputer] Early stopping criterion not reached.
warnings.warn(

```

```
[25]: display(randomforest[0], randomforest[1])
```

	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides \
0	7.400	0.70000	0.0000	1.900	0.076
1	7.800	0.88000	0.0000	2.600	0.098
2	7.800	0.76000	0.0400	2.300	0.092
3	10.391	0.28000	0.5600	1.900	0.075
4	7.400	0.70000	0.0166	1.900	0.076
...
6492	6.433	0.21000	0.2900	1.600	0.039
6493	6.568	0.32000	0.3600	8.000	0.047
6494	6.500	0.24000	0.1900	1.577	0.041
6495	5.500	0.31310	0.3000	1.100	0.022
6496	6.000	0.26375	0.3800	0.800	0.020

	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	sulphates \
0	11.0	34.0	0.99780	3.51	0.56
1	25.0	67.0	0.99680	3.20	0.68
2	15.0	54.0	0.99700	3.26	0.65
3	17.0	60.0	0.99800	3.16	0.58
4	11.0	34.0	0.99780	3.51	0.56
...
6492	24.0	92.0	0.99114	3.27	0.50
6493	57.0	168.0	0.99490	3.15	0.46

6494	30.0	111.0	0.99254	2.99	0.46
6495	20.0	110.0	0.98869	3.34	0.38
6496	22.0	98.0	0.98941	3.26	0.32

	alcohol	quality	type
0	9.4	5.00	red
1	9.8	5.00	red
2	9.8	5.00	red
3	9.8	6.00	red
4	9.4	5.00	red
...
6492	11.2	6.00	white
6493	9.6	5.00	white
6494	9.4	5.41	white
6495	12.8	7.00	white
6496	11.8	6.00	white

[6497 rows x 13 columns]

	Variable	Tipo	Prueba	Estadístico	p-value
0	residual sugar	Numérica	KS test	0.005161	0.999994
1	alcohol	Numérica	KS test	0.002627	1.000000
2	citric acid	Numérica	KS test	0.008958	0.960481
3	chlorides	Numérica	KS test	0.000000	1.000000
4	fixed acidity	Numérica	KS test	0.020821	0.148284
5	total sulfur dioxide	Numérica	KS test	0.006746	0.998890
6	sulphates	Numérica	KS test	0.020673	0.140607
7	density	Numérica	KS test	0.000000	1.000000
8	free sulfur dioxide	Numérica	KS test	0.001588	1.000000
9	pH	Numérica	KS test	0.004182	1.000000
10	volatile acidity	Numérica	KS test	0.019254	0.213624
11	quality	Numérica	KS test	0.028251	0.013971
12	type	Categórica	Chi-cuadrada	0.000000	1.000000

3.2.3 Diferencias por cada Imputación

```
[27]: mice_aux = micer[1].copy()
randomforest_aux = randomforest[1].copy()

var_order = randomforest_aux['Variable']

randomforest_aux.set_index('Variable', inplace=True)
mice_aux.set_index('Variable', inplace=True)

randomforest_aux = randomforest_aux.filter(['p-value'])
mice_aux = mice_aux.filter(['p-value'])
```

```

randomforest_aux.rename(columns={'p-value': 'p-value (randomforest)'},
    inplace=True)
mice_aux.rename(columns={'p-value': 'p-value (mice)'}, inplace=True)

merged = pd.merge(
    randomforest_aux, mice_aux,
    left_index=True,
    right_index=True,
    how="inner"
)

```

[28]: merged

	p-value (randomforest)	p-value (mice)
Variable		
residual sugar	0.999994	1.000000
alcohol	1.000000	1.000000
citric acid	0.960481	0.988915
chlorides	1.000000	1.000000
fixed acidity	0.148284	0.423044
total sulfur dioxide	0.998890	0.854591
sulphates	0.140607	0.101626
density	1.000000	1.000000
free sulfur dioxide	1.000000	1.000000
pH	1.000000	1.000000
volatile acidity	0.213624	0.107134
quality	0.013971	0.009508
type	1.000000	1.000000

Dados los resultados vemos conveniente considerar la imputación por el método mice, por los resultados que son similares a los de random forest y que algunas variables como fixed acidity mantiene mejor la distribución original y porque computacionalmente es menos demandante.

3.2.4 Atípicos

```

[29]: class analyze:
    # Inicializamos la clase
    def __init__(self, df, num_vars, cat_vars):
        self.df = df
        self.num_vars = num_vars
        self.cat_vars = cat_vars

    #Método para graficar variables numéricas (cada una en figura independiente)
    def plot_num(self):
        for var in self.num_vars:
            fig = make_subplots(rows=1, cols=2, subplot_titles=(f"{var} - 
    ↪Boxplot", f"{var} - Histograma"))

```

```

# Boxplot
fig.add_trace(
    go.Box(y=self.df[var], name="Boxplot", marker_color="#008080"),
    row=1, col=1
)

# Histograma
fig.add_trace(
    go.Histogram(x=self.df[var], name="Histograma",
        #marker_color="#00a77d",
        #marker_color='#722F37',
        marker_color="rgba(114, 47, 55, 0.5)", # burdeos
        nbinsx=50,
        histnorm='probability density'),
    row=1, col=2
)

fig.update_layout(title_text=f"Variable numérica: {var}",
    height=400, width=800)
fig.show()

#Método para graficar variables categóricas
def plot_cat(self):
    n = len(self.cat_vars)
    cols = 2
    rows = (n + 1) // cols if n > 1 else 1

    fig = make_subplots(
        rows=rows, cols=cols,
        specs=[[{'type': 'domain'}]*cols for _ in range(rows)],
        subplot_titles=self.cat_vars
    )

    for i, var in enumerate(self.cat_vars):
        row = i // cols + 1
        col = i % cols + 1

        value_counts = self.df[var].value_counts()
        labels = value_counts.index.astype(str)
        values = value_counts.values

        wine_palette = [
            "#722F37", "#B85042", "#E6AF2E", "#F6D55C", "#F4A7B9",
            "#2F4F4F", "#8D6E63", "#A187F", "#D7CCC8", "#795548"
        ]

```

```

fig.add_trace(
    go.Pie(
        labels=labels,
        values=values,
        name=var,
        textinfo='percent+label',
        marker=dict(colors=wine_palette)
    ),
    row=row, col=col
)

#fig.add_trace(
#    go.Pie(labels=labels, values=values, name=var,
→textinfo='percent+label'),
#    row=row, col=col
#)

fig.update_layout(title_text="Variables Categóricas", height=400*rows)
fig.show()

#Método para graficar la matriz de correlación de numéricas
def corr_matrix(self, color):
    corr_matrix = self.df[self.num_vars].corr()

fig = go.Figure(data=go.Heatmap(
    z=corr_matrix.values,
    x=corr_matrix.columns,
    y=corr_matrix.columns,
    colorscale=color,
    text=corr_matrix.round(1).values,      # valores de correlación con
→1 decimal
    texttemplate="%{text}",                # mostrar texto en cada celda
    textfont={"size":10, "color":"black"} # estilo de fuente
))

fig.update_layout(
    title='Matriz de Correlación',
    width=800,
    height=600
)

fig.show()

```

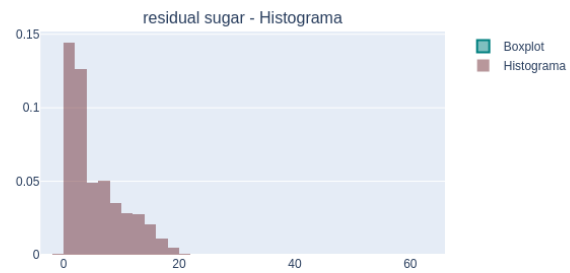
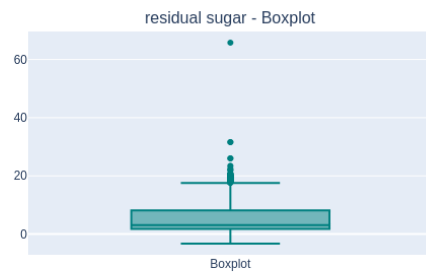
```
[30]: analisis = analyze(imputed_df, var_num, var_cat)
```

Exploración de distribución de cada variable para la detección de valores atípicos (primer acer-

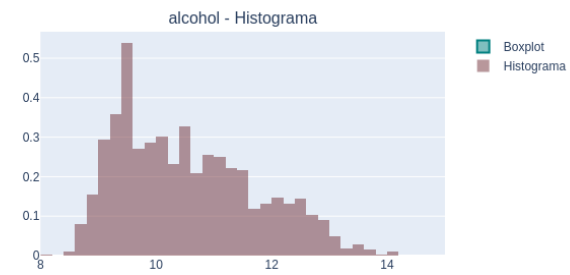
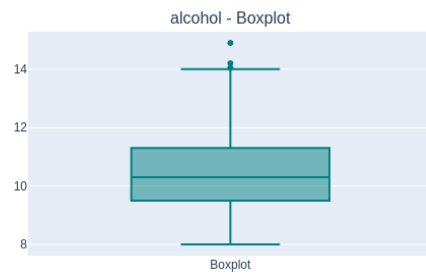
camiento).

```
[31]: analisis.plot_num()
```

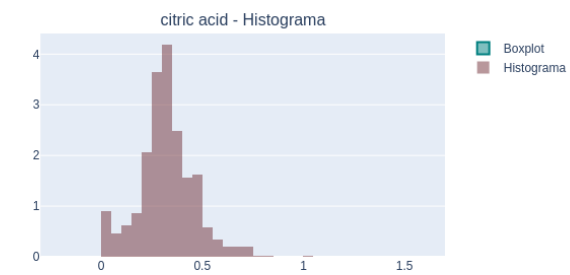
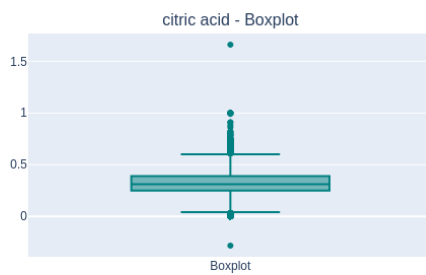
Variable numérica: residual sugar



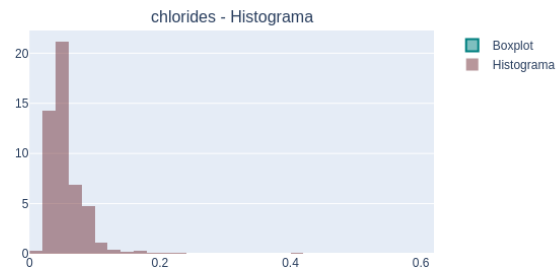
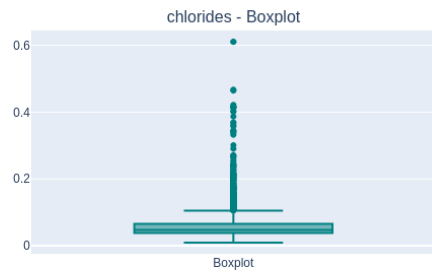
Variable numérica: alcohol



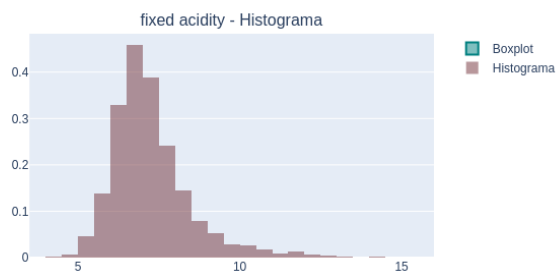
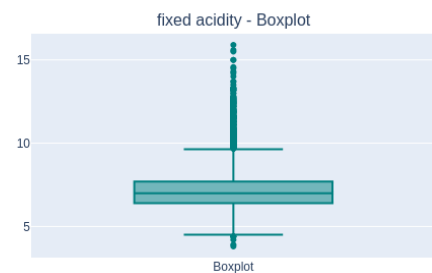
Variable numérica: citric acid



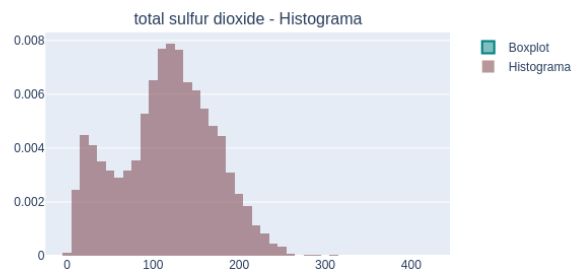
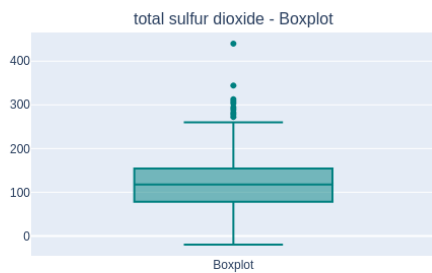
Variable numérica: chlorides



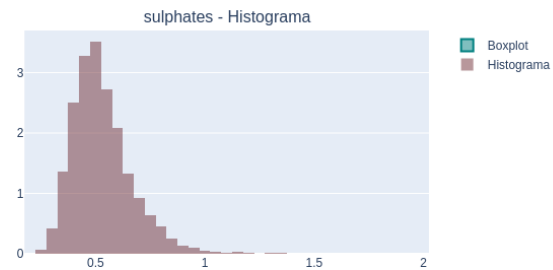
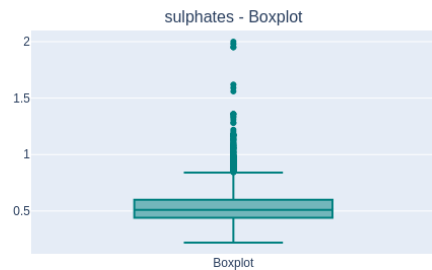
Variable numérica: fixed acidity



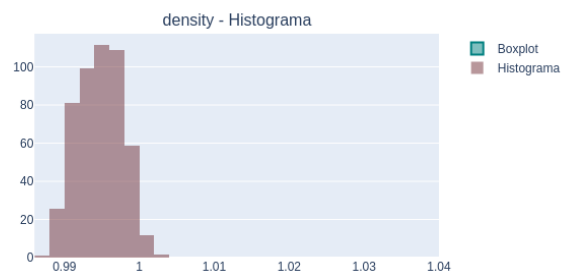
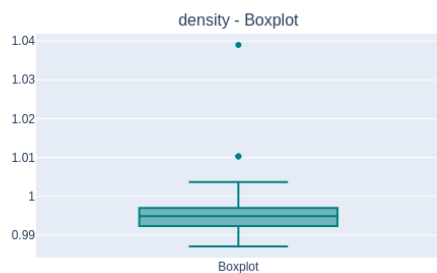
Variable numérica: total sulfur dioxide



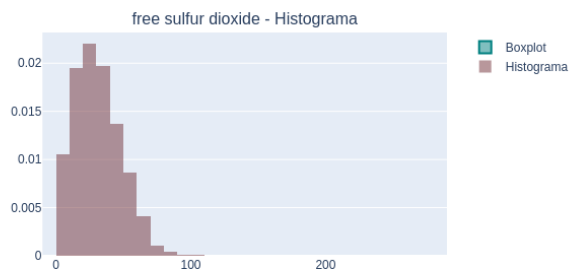
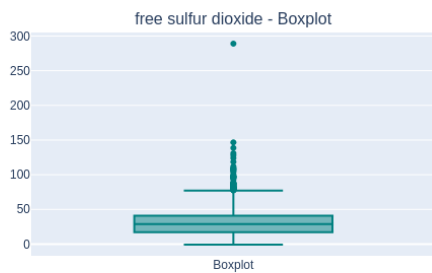
Variable numérica: sulphates



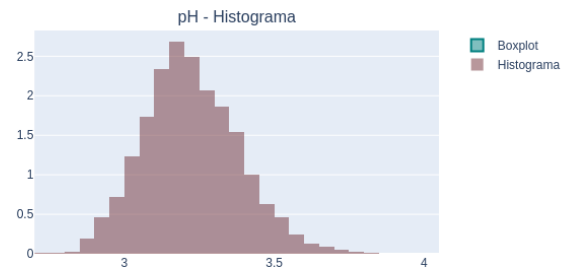
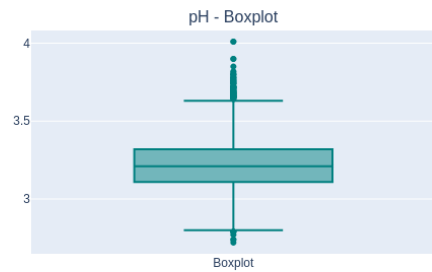
Variable numérica: density



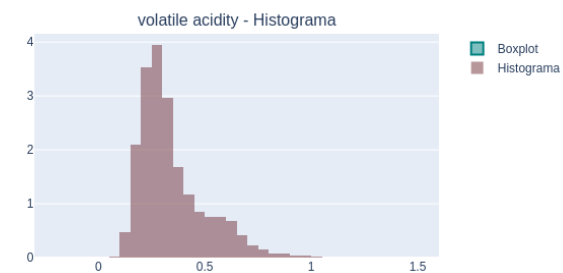
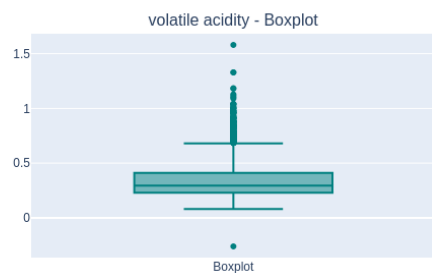
Variable numérica: free sulfur dioxide



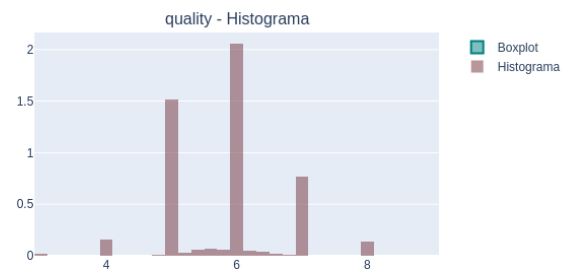
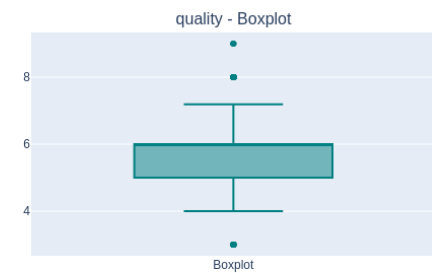
Variable numérica: pH



Variable numérica: volatile acidity



Variable numérica: quality



3.2.5 Valores Atípicos

```
[32]: df_val_atipicos[['Variable', 'Unidad', 'Límite Inf', 'Límite Sup', 'Valores_↪Atípicos']]
```

```
[32]:
```

	Variable	Unidad	Límite Inf	Límite Sup	Valores Atípicos
0	fixed acidity	g/dm ³	4.000	15.000	5
1	volatile acidity	g/dm ³	0.120	1.100	31
2	citric acid	g/dm ³	0.000	1.000	1
3	residual sugar	g/dm ³	0.600	65.000	1
4	chlorides	g/dm ³	0.009	0.346	18
5	free sulfur dioxide	mg/dm ³	1.000	72.000	92
6	total sulfur dioxide	mg/dm ³	6.000	440.000	0
7	density	g/cm ³	0.990	1.004	348
8	pH	-	2.900	3.900	79
9	sulphates	g/dm ³	0.220	1.080	35
10	alcohol	vol	8.000	14.900	0
11	quality	-	3.000	9.000	0

Variable Chlorides

Aunque en el gráfico de boxplot de la variable chlorides pareciera que hay muchos puntos atípicos, si tomamos en cuenta el rango normal de la variable (valores entre 0.009 y 0.346), en realidad solo se identifican 18 valores fuera de este rango, lo cual es un número reducido en comparación con lo que sugiere el gráfico.

```
[33]: print("Valores atípicos en la variable chlorides:",↪↪imputed_df[(imputed_df['chlorides'] < 0.009) | (imputed_df['chlorides'] > 0.↪↪346)].shape[0])
```

Valores atípicos en la variable chlorides: 18

Variable Density

```
[34]: print("Valores atípicos en la variable density:",↪↪imputed_df[(imputed_df['density'] < 0.99) | (imputed_df['density'] > 1.004)].↪↪shape[0])
```

Valores atípicos en la variable density: 348

```
[35]: percentiles = [0, 1, 5, 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 95, 99, 100]

valores = np.percentile(imputed_df['density'], percentiles)

percentiles_df = pd.DataFrame(data = [valores], columns = percentiles)

display(percentiles_df)
```

	0	1	5	10	20	30	40	50	\
0	0.98711	0.98892	0.9899	0.99067	0.9918	0.9928	0.9938	0.99489	

	60	70	80	90	95	99	100
0	0.99568	0.99655	0.9974	0.9984	0.999392	1.0006	1.03898

```
[36]: percentiles = np.arange(5, 10.5, 0.5) # incluimos 10

valores = np.percentile(imputed_df['density'], percentiles)

percentiles_df = pd.DataFrame(data = [valores], columns = percentiles)

display(percentiles_df)
```

	5.0	5.5	6.0	6.5	7.0	7.5	8.0	8.5	\
0	0.9899	0.99	0.990078	0.990182	0.99022	0.99031	0.9904	0.990472	

	9.0	9.5	10.0
0	0.99058	0.9906	0.99067

Vemos que un 5.5% de la muestra se acumula por debajo del valor mínimo esperado, 345 de los 348 valores atípicos observados anteriormente, el resto son valores mayores a 1.004.

```
[37]: imputed_df[imputed_df['density'] < np.percentile(imputed_df['density'], 5.5)].
      ↪shape[0]
```

```
[37]: 345
```

Density es la variable con más valores atípicos, sin embargo, tomando en cuenta que los valores por debajo del valor mínimo esperado se encuentran cerca de éste, entonces más adelante podemos considerar si los mantenemos como parte de la muestra.

Detección de outliers

```
[38]: #Detectar
def detect_outliers_iforest(df, n_estimators=100, contamination=0.01,
    ↪random_state=1989):
    model = IForest(n_estimators=n_estimators, contamination=contamination,
    ↪random_state=random_state)
    model.fit(df.values)
    preds = model.predict(df.values)
    return df[preds == 1]
```

```
[39]: df_outliers = detect_outliers_iforest(imputed_df[var_num])
```

```
[40]: N = imputed_df.shape[0] # Filas del dataframe original
```

```
[41]: n_outliers = df_outliers.shape[0] # Outliers
```

```
[42]: prop = n_outliers / N
      print(f"Proporción de valores atípicos: {prop:.6%}")
```

Proporción de valores atípicos: 1.000462%

```
[43]: df_val_atipicos[['Variable', 'Unidad', 'Límite Inf', 'Límite Sup', 'Valores_
→Atípicos']]
```

```
[43]:
```

	Variable	Unidad	Límite Inf	Límite Sup	Valores Atípicos
0	fixed acidity	g/dm³	4.000	15.000	5
1	volatile acidity	g/dm³	0.120	1.100	31
2	citric acid	g/dm³	0.000	1.000	1
3	residual sugar	g/dm³	0.600	65.000	1
4	chlorides	g/dm³	0.009	0.346	18
5	free sulfur dioxide	mg/dm³	1.000	72.000	92
6	total sulfur dioxide	mg/dm³	6.000	440.000	0
7	density	g/cm³	0.990	1.004	348
8	pH	-	2.900	3.900	79
9	sulphates	g/dm³	0.220	1.080	35
10	alcohol	vol	8.000	14.900	0
11	quality	-	3.000	9.000	0

```
[44]: df_outliers.describe().loc[['min', '25%', '50%', '75%', 'max'],:]
```

```
[44]:
```

	residual sugar	alcohol	citric acid	chlorides	fixed acidity	\
min	-0.481195	8.4	-0.28288	0.013	4.2	
25%	1.800000	9.2	0.15000	0.072	6.5	
50%	2.200000	9.9	0.50000	0.097	8.5	
75%	4.800000	12.0	0.67000	0.301	11.5	
max	17.550000	14.9	1.00000	0.611	15.9	

	total sulfur dioxide	sulphates	density	free sulfur dioxide	pH	\
min	-19.857417	0.340000	0.98722	3.0	2.74	
25%	19.000000	0.679885	0.99580	6.0	3.00	
50%	46.000000	0.810000	0.99740	12.0	3.07	
75%	71.000000	1.060000	0.99990	19.0	3.32	
max	233.000000	2.000000	1.00369	93.0	4.01	

	volatile acidity	quality
min	0.170000	3.0
25%	0.412244	5.0
50%	0.540000	5.0
75%	0.660000	6.0
max	1.580000	8.0

De la tabla anterior vemos que la mayoría de los valores se encuentran en el rango normal de cada variable, los que si están fuera de lo normal son los valores negativos de las variables residual sugar, total sulfur dioxide, citric acid. Además como ya veíamos los valores arriba de 0.346 de la variable chlorides.

```
[45]: new_n_outliers = df_outliers[(df_outliers['chlorides'] > 0.346) |
    ↳ (df_outliers['citric acid'] < 0) | (df_outliers['residual sugar'] < 0.6) |
    ↳ (df_outliers['total sulfur dioxide'] < 6) | (df_outliers['density'] < 0.99)].
    ↳ shape[0]
```

```
[46]: #Eliminamos esos valores (0.4% de la muestra)
df_clean = imputed_df.drop(df_outliers.index)
```

```
[47]: # Quitando valores atípicos que salen por el método Isolation Forest
print("Dimensión anterior:", N, ", nueva dimensión:", df_clean.shape[0])
```

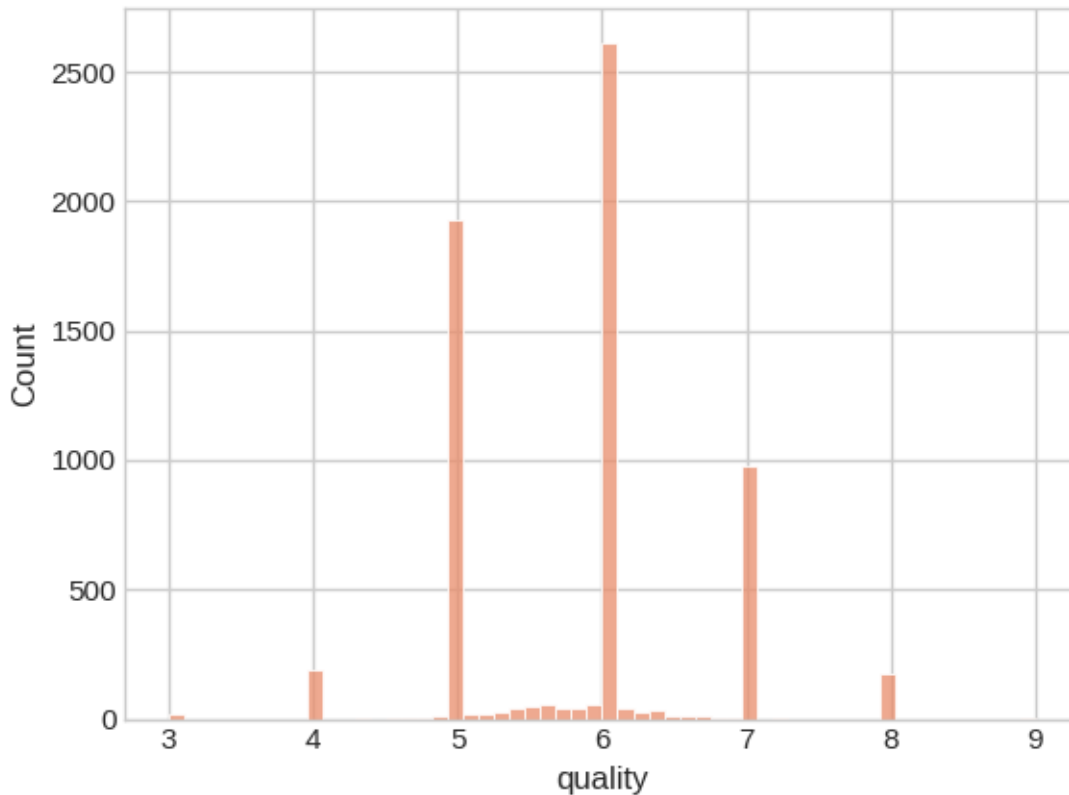
Dimensión anterior: 6497 , nueva dimensión: 6432

```
[48]: # Si quitáramos valores atípicos de la variable density y de los valores
    ↳ atípicos que vemos con el método Isolation Forest
print("Dimensión anterior:", N, ", nueva dimensión:",
    ↳ N-imputed_df[(imputed_df['chlorides'] > 0.346) | (imputed_df['citric acid'] <
    ↳ 0) | (imputed_df['residual sugar'] < 0.6) | (imputed_df['total sulfur
    ↳ dioxide'] < 6) | (imputed_df['density'] < 0.99)].shape[0])
```

Dimensión anterior: 6497 , nueva dimensión: 6113

Variable Quality

```
[49]: sns.histplot(df_clean['quality'])
plt.show()
```



```
[50]: decimales_num = (df_clean['quality'].astype(str).str.split('.', expand=True)[1]
      ↪ .astype(int) != 0).sum()

      print('Valores con decimales:', decimales_num)
      print('Proporción con decimales:', '{0:.2%}'.format(decimales_num/N))
```

Valores con decimales: 586
 Proporción con decimales: 9.02%

```
[51]: df_clean['quality'] = df_clean['quality'].astype(int)
```

```
[52]: df_clean['quality'].value_counts(normalize=True).sort_index().apply(lambda x:
      ↪ '{0:.2%}'.format(x))
```

```
[52]: quality
3      0.34%
4      3.36%
5     35.42%
6     42.96%
7     15.19%
8      2.67%
```



```
9      0.06%
Name: proportion, dtype: object
```

Los valores decimales de **quality** fueron ajustados a enteros con el fin de mantener consistencia con la definición original de la variable y facilitar el análisis estadístico.

3.3 3.- Describe estadísticamente cada variable del conjunto de datos y anota las observaciones relevantes con respecto a la tendencia central y dispersión.

```
[53]: df_clean.describe().loc[['count', 'mean', 'std', 'min', '25%', '50%', '75%', 'max'],:].T
```

```
[53]:
```

	count	mean	std	min	25%	\
fixed acidity	6432.0	7.197885	1.227256	3.800000	6.4000	
volatile acidity	6432.0	0.337778	0.155747	-0.261265	0.2300	
citric acid	6432.0	0.317302	0.138762	0.000000	0.2500	
residual sugar	6432.0	5.452255	4.751851	-3.297837	1.8000	
chlorides	6432.0	0.054715	0.028541	0.009000	0.0380	
free sulfur dioxide	6432.0	30.665088	17.597988	-0.813248	17.0000	
total sulfur dioxide	6432.0	115.940528	55.295073	-2.687222	79.0000	
density	6432.0	0.994668	0.002978	0.987110	0.9923	
pH	6432.0	3.218681	0.157997	2.720000	3.1100	
sulphates	6432.0	0.528178	0.138621	0.220000	0.4400	
alcohol	6432.0	10.493253	1.182546	8.000000	9.5000	
quality	6432.0	5.775653	0.856458	3.000000	5.0000	

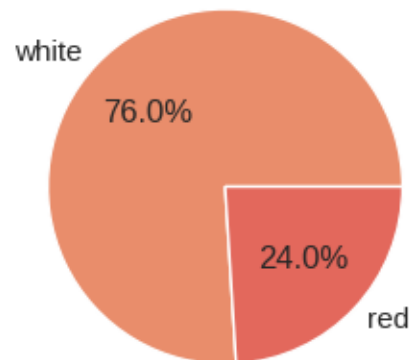
	50%	75%	max
fixed acidity	7.000000	7.70000	15.00000
volatile acidity	0.290221	0.40000	1.33000
citric acid	0.310000	0.39000	1.66000
residual sugar	3.100000	8.10000	65.80000
chlorides	0.047000	0.06400	0.40100
free sulfur dioxide	29.000000	41.00000	289.00000
total sulfur dioxide	119.000000	155.00000	440.00000
density	0.994835	0.99692	1.03898
pH	3.210000	3.32000	3.90000
sulphates	0.502864	0.60000	1.98000
alcohol	10.300000	11.30000	14.20000
quality	6.000000	6.00000	9.00000

- El 76% de la muestra corresponden a vinos blancos.

```
[54]: df_clean['type'].value_counts().plot.pie(
    autopct='%1.1f%%',
    figsize=(3,3),
    #colors=sns.color_palette("Set2"),
    title="Distribución de alcohol por categorías"
)
```

```
plt.ylabel("") # quita la etiqueta del eje y
plt.show()
```

Distribución de alcohol por categorías



- El porcentaje de alcohol de los vinos se concentra en 10% y el 15% (media del 10%).

```
[55]: # Definir los bordes de los intervalos
bins = [8, 9, 10, 15]
labels = ['8-9', '9-10', '10-15']

# Crear variable categórica ordenada
df_clean['alcohol_cat'] = pd.cut(
    df_clean['alcohol'],
    bins=bins,
    labels=labels,
    include_lowest=True,
    ordered=True
)

# Calculamos porcentajes
counts = df_clean['alcohol_cat'].value_counts(normalize=True).reset_index()
counts.columns = ['categoria', 'porcentaje']

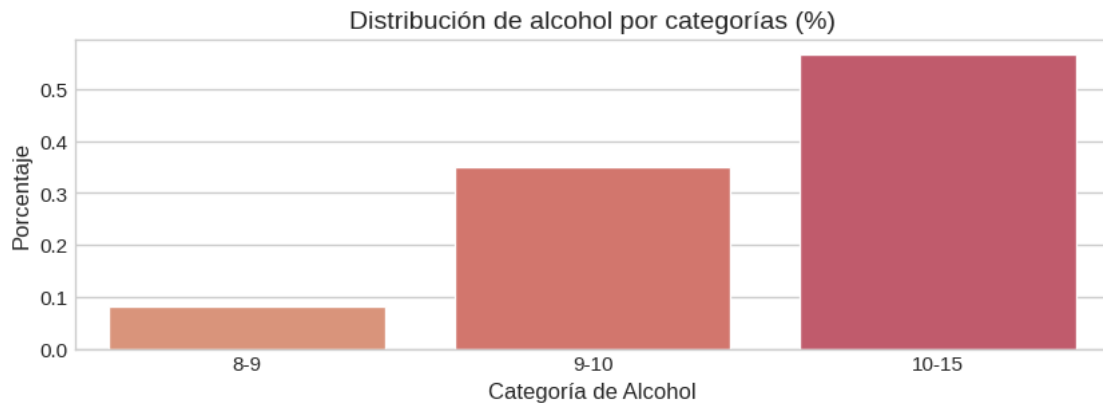
plt.figure(figsize=(10,3))
sns.barplot(
    x="categoria",
    y="porcentaje",
    hue="categoria",          # aquí usamos hue
    data=counts,
    #palette="Set2",
```

```

    legend=False          # quitamos la leyenda duplicada
)

plt.title("Distribución de alcohol por categorías (%)", fontsize=14)
plt.xlabel("Categoría de Alcohol")
plt.ylabel("Porcentaje")
plt.show()

```



- La mediana del pH se asimila con la media (3.22) y tiene una distribución casi simétrica. El valor de la media bajo hace sentido con los vinos, ya que tienen pH bajos (baja acidez).

```

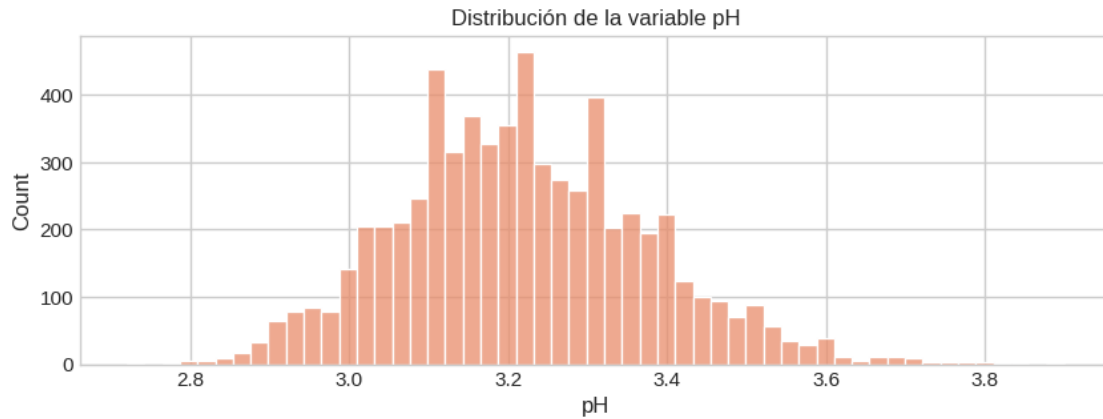
[56]: pH = df_clean['pH']

print('a) Media:', '{0:.4f}'.format(pH.mean()),
      '\n'+ 'b) Desviación Estándar:', '{0:.4f}'.format(pH.std()),
      '\n'+ 'c) Mediana:', '{0:.4f}'.format(pH.quantile(0.5)), '\n')

plt.figure(figsize=(10,3.2))
sns.histplot(pH)
plt.title('Distribución de la variable pH')
plt.show()

```

a) Media: 3.2187
 b) Desviación Estándar: 0.1580
 c) Mediana: 3.2100



- La calidad de los vinos se concentra en el rango de 5 a 7, lo cual hace sentido con la media de 5.7.

```
[57]: # Definir los bordes de los intervalos
bins = [3, 5, 7, 9]
labels = ['Mala (3-5)', 'Media (5-7)', 'Buena (7-9)']

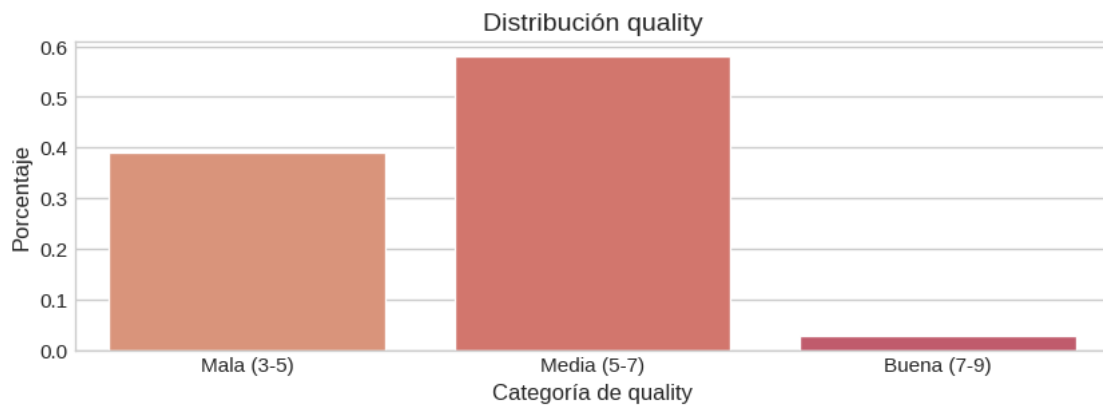
# Crear variable categórica ordenada
df_clean['quality_cat'] = pd.cut(
    df_clean['quality'],
    bins=bins,
    labels=labels,
    include_lowest=True,
    ordered=True
)

# Calculamos porcentajes
counts = df_clean['quality_cat'].value_counts(normalize=True).reset_index()
counts.columns = ['categoria', 'porcentaje']

plt.figure(figsize=(10,3))
sns.barplot(
    x="categoria",
    y="porcentaje",
    hue="categoria",          # aquí usamos hue
    data=counts,
    #palette="Set2",
    legend=False             # quitamos la leyenda duplicada
)

plt.title("Distribución quality", fontsize=14)
plt.xlabel("Categoría de quality")
```

```
plt.ylabel("Porcentaje")
plt.show()
```



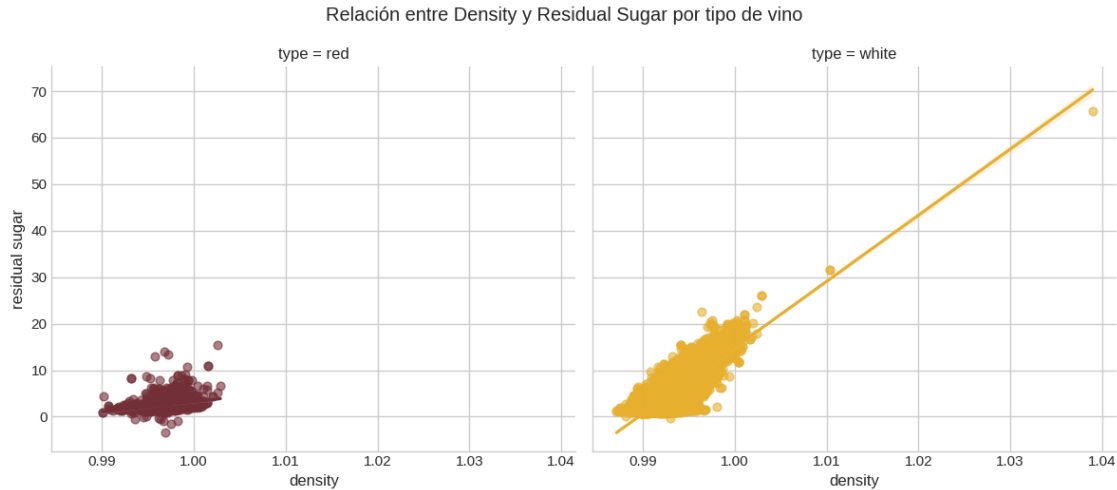
3.4 4.- Realiza una comparativa de variables con respecto al tipo de vinos de tu interés. Por ejemplo, ¿Los vinos tintos tienen más acidez fija que los blancos?

3.4.1 ¿La relación entre el azúcar residual y la densidad es diferente entre vinos tintos y blancos?

En los vinos blancos se observa una mayor cantidad de azúcar residual, lo que incrementa su densidad y favorece su perfil como vinos más dulces. En contraste, los vinos tintos suelen presentar un contenido mucho menor de azúcar residual, lo que los caracteriza como vinos más secos.

```
[58]: palette = {"red": "#722F37", "white": "#E6AF2E"} # burdeos y dorado

sns.lmplot(
    data=df_clean,
    x="density", y="residual sugar",
    col="type", hue="type", # <-- clave
    palette=palette, legend=False,
    height=5, aspect=1.2,
    scatter_kws={"alpha":0.6, "s":40},
)
plt.suptitle("Relación entre Density y Residual Sugar por tipo de vino", y=1.05)
plt.show()
```

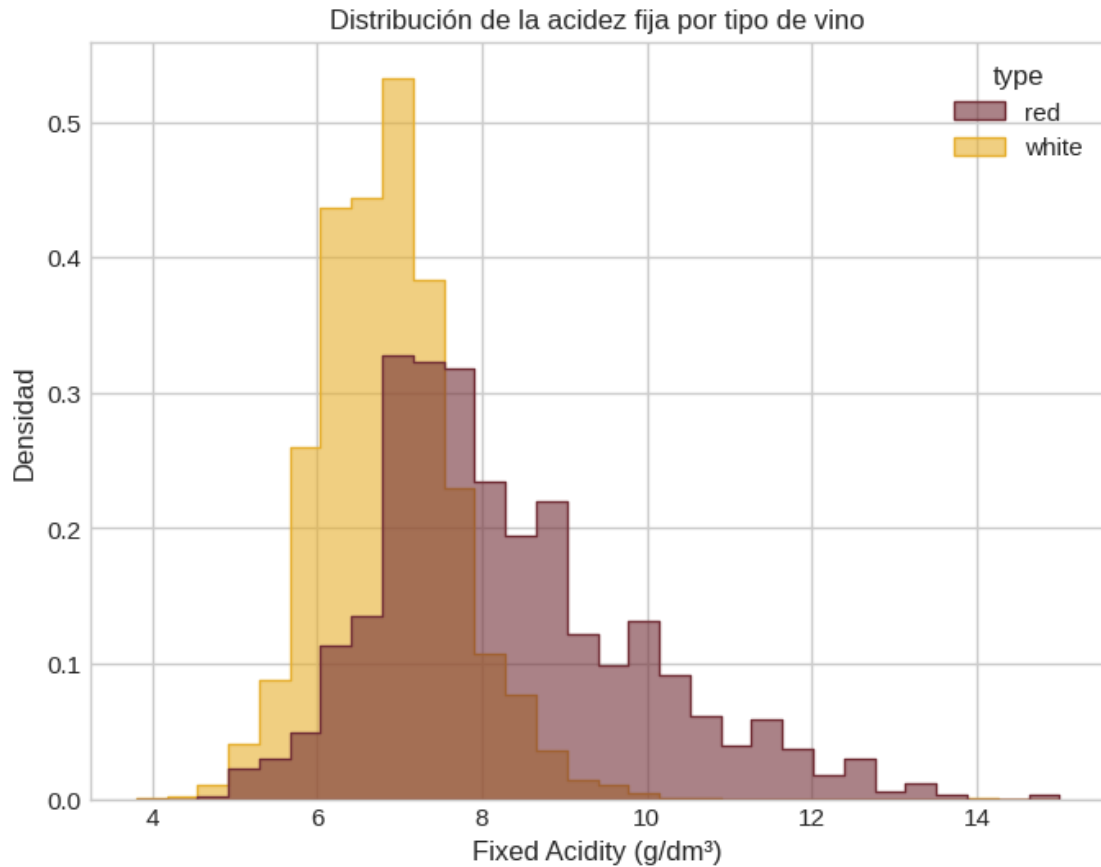


3.4.2 ¿Los vinos tintos tienen más acidez fija que los blancos?

Los resultados muestran que los vinos tintos presentan en promedio una mayor acidez fija que los blancos, lo que se traduce en sabores más intensos, estructura y mayor potencial de guarda. En contraste, los vinos blancos, al tener una acidez fija más baja, tienden a ser más frescos, ligeros y fáciles de beber.

```
[59]: plt.figure(figsize=(8,6))
sns.histplot(
    data=df_clean,
    x="fixed acidity",      # o "volatile acidity"
    hue="type",            # separa por tipo de vino
    palette={"red": "#722F37", "white": "#E6AF2E"},
    element="step",        # estilo de línea, más claro para comparar
    stat="density",        # normaliza para comparar distribuciones
    common_norm=False,     # cada grupo con su propia escala
    bins=30,              # número de intervalos
    alpha=0.6
)

plt.title("Distribución de la acidez fija por tipo de vino")
plt.xlabel("Fixed Acidity (g/dm³)")
plt.ylabel("Densidad")
plt.show()
```



3.5 P5.- Realiza un análisis de las variables con respecto a la calidad del vino. ¿Los vinos de mejor calidad tienen más alcohol, más acidez fija, menor azúcar residual, etc.? (Hint. Puedes cortar y agrupar la calidad del vino en buena o mala o en mala, media, buena si crees que te ayudaría al análisis).

```
[60]: df_clean["quality_cat_word"] = df_clean["quality_cat"].str.split(' ',
    ↪expand=True)[0] # categoría

df_clean["quality_cat_word"] = pd.Categorical(
    df_clean["quality_cat_word"],
    categories=["Mala", "Media", "Buena"],
    ordered=True
)

# 'count' en columna quality y en las demás los promedios
calidad = df_clean.groupby(["type", "quality_cat_word"], observed=True).agg(
    {col: "mean" for col in var_num} | {"quality": ["count", "mean"]}
)
```

```
# Renombrar columnas
calidad.columns = [f"{c[0]}_{c[1]}" if c[1] != "" else c[0] for c in calidad.
↳columns]

calidad = calidad.loc[:, ['quality_count', 'quality_mean'] + list(set(calidad.
↳columns)-set(['quality_count', 'quality_mean']))]

display(calidad)
```

		quality_count	quality_mean	sulphates_mean \
type	quality_cat_word			
red	Mala	759	4.905138	0.610624
	Media	773	6.218629	0.689872
	Buena	12	8.000000	0.782036
white	Mala	1757	4.892999	0.481221
	Media	2967	6.272329	0.494382
	Buena	164	8.024390	0.480381

		total sulfur dioxide_mean	pH_mean \
type	quality_cat_word		
red	Mala	54.059367	3.315298
	Media	38.938495	3.314269
	Buena	26.364308	3.286669
white	Mala	148.206549	3.172978
	Media	132.487787	3.195600
	Buena	126.783039	3.223220

		fixed acidity_mean	free sulfur dioxide_mean \
type	quality_cat_word		
red	Mala	8.106596	16.553452
	Media	8.469396	15.404405
	Buena	8.203763	14.750000
white	Mala	6.964783	35.440551
	Media	6.799338	35.133968
	Buena	6.633184	37.058756

		volatile acidity_mean	alcohol_mean \
type	quality_cat_word		
red	Mala	0.582049	9.935129
	Media	0.473979	10.865275
	Buena	0.391306	12.069157
white	Mala	0.305705	9.845229
	Media	0.262276	10.852952
	Buena	0.270938	11.642531

		residual sugar_mean	citric acid_mean	density_mean \
type	quality_cat_word			

red	Mala	2.497604	0.230115	0.997030
	Media	2.506404	0.297327	0.996430
	Buena	2.550000	0.374896	0.994893
white	Mala	7.042288	0.334097	0.995162
	Media	6.032496	0.334050	0.993445
	Buena	5.691817	0.327813	0.992260

		chlorides_mean
type	quality_cat_word	
red	Mala	0.086229
	Media	0.080860
	Buena	0.070417
white	Mala	0.050675
	Media	0.043078
	Buena	0.038317

```
[61]: calidad_copy = calidad.copy()
calidad_copy = calidad_copy.loc[:, list(set(calidad.
→columns)-set(['quality_count']))].map(lambda x: f"{x:.4f}")
calidad_copy.to_csv('~Downloads/wine_agg_table.csv')
```

```
[69]: from pandas.api.types import CategoricalDtype

class analyze_by_cat:
    def __init__(self, df, num_vars, cat_vars):
        self.df = df
        self.num_vars = num_vars
        self.cat_vars = cat_vars

    def plot_box_hist_by_cat(self, var, category_col="quality_cat_word",
→hue_col="type"):
        # paleta "vinícola"
        palette = {"red": "#722F37", "white": "#E6AF2E"} # burdeos y dorado

        # respetar el orden de las categorías si existe
        if isinstance(self.df[category_col].dtype, CategoricalDtype):
            cats = list(self.df[category_col].cat.categories)
        else:
            cats = list(pd.unique(self.df[category_col]))

        fig = make_subplots(
            rows=1, cols=2,
            column_widths=[0.55, 0.45],
            subplot_titles=(f"{var} - Boxplot por {category_col}", f"{var} -
→Histograma por {hue_col}")
        )
```

```

# ----- Columna 1: BOX PLOT (x = categoría, color = tipo) -----
for t, color in palette.items():
    df_t = self.df[self.df[hue_col] == t]
    fig.add_trace(
        go.Box(
            x=pd.Categorical(df_t[category_col], categories=cats,
→ordered=True),
            y=df_t[var],
            name=t,
            marker_color=color,
            boxmean='sd',
            legendgroup=t,
            showlegend=True # mostramos leyenda aquí
        ),
        row=1, col=1
    )

# ----- Columna 2: HISTOGRAMAS superpuestos (por tipo) -----
for t, color in palette.items():
    df_t = self.df[self.df[hue_col] == t]
    fig.add_trace(
        go.Histogram(
            x=df_t[var],
            name=t,
            marker_color=color,
            opacity=0.55,
            nbinsx=40,
            histnorm='probability density',
            legendgroup=t,
            showlegend=False # ya aparece en col 1
        ),
        row=1, col=2
    )

# layout
fig.update_layout(
    title_text=f"Variable numérica: {var}",
    height=420, width=900,
    boxmode='group', # agrupa cajas por categoría
    barmode='overlay', # superpone histogramas
    margin=dict(t=60)
)

fig.update_xaxes(title_text=category_col, row=1, col=1)
fig.update_yaxes(title_text=var, row=1, col=1)
fig.update_xaxes(title_text=var, row=1, col=2)
fig.update_yaxes(title_text="densidad", row=1, col=2)

```

```

def plot_box_hist_by_cat(self, var, category_col="quality_cat_word",
↪hue_col="type"):
    # paleta "vinícola"
    palette = {"red": "#722F37", "white": "#E6AF2E"} # burdeos y dorado

    # respetar el orden de las categorías si existe
    if isinstance(self.df[category_col].dtype, CategoricalDtype):
        cats = list(self.df[category_col].cat.categories)
    else:
        cats = list(pd.unique(self.df[category_col]))

    fig = make_subplots(
        rows=1, cols=2,
        column_widths=[0.55, 0.45],
        subplot_titles=(f"{var} - Boxplot por {category_col}", f"{var} -
↪Histograma por {hue_col}")
    )

    # ----- Columna 1: BOX PLOT (x = categoría, color = tipo) -----
    for t, color in palette.items():
        df_t = self.df[self.df[hue_col] == t]
        fig.add_trace(
            go.Box(
                x=pd.Categorical(df_t[category_col], categories=cats,
↪ordered=True),
                y=df_t[var],
                name=t,
                marker_color=color,
                boxmean='sd',
                legendgroup=t,
                showlegend=True # mostramos leyenda aquí
            ),
            row=1, col=1
        )

    # ----- Columna 2: HISTOGRAMAS superpuestos (por tipo) -----
    for t, color in palette.items():
        df_t = self.df[self.df[hue_col] == t]
        fig.add_trace(
            go.Histogram(
                x=df_t[var],
                name=t,
                marker_color=color,
                opacity=0.55,
                nbinsx=40,
                histnorm='probability density',

```

```

        legendgroup=t,
        showlegend=False # ya aparece en col 1
    ),
    row=1, col=2
)

# layout
fig.update_layout(
    title_text=f"Variable numérica: {var}",
    height=420, width=900,
    boxmode='group',          # agrupa cajas por categoría
    barmode='overlay',        # superpone histogramas
    margin=dict(t=60)
)
fig.update_xaxes(title_text=category_col, row=1, col=1)
fig.update_yaxes(title_text=var, row=1, col=1)
fig.update_xaxes(title_text=var, row=1, col=2)
fig.update_yaxes(title_text="densidad", row=1, col=2)

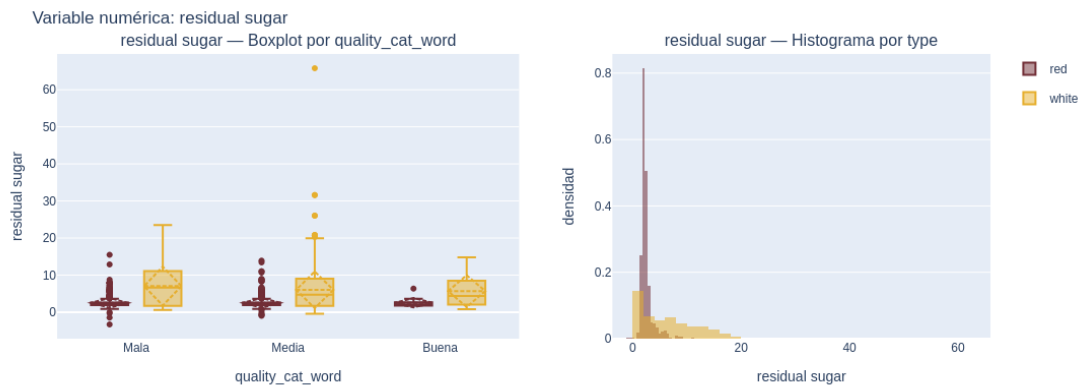
fig.show()

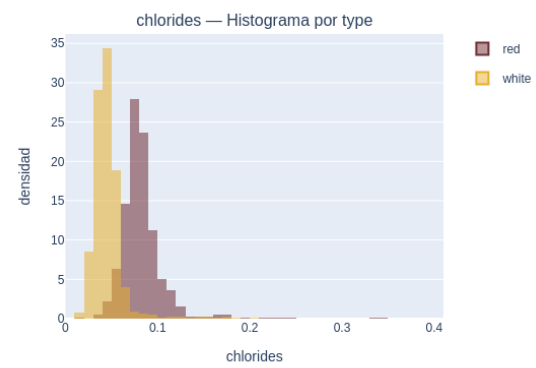
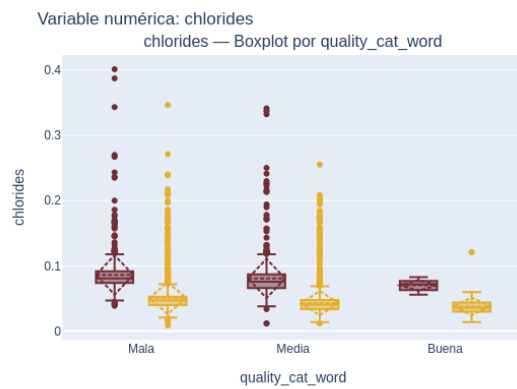
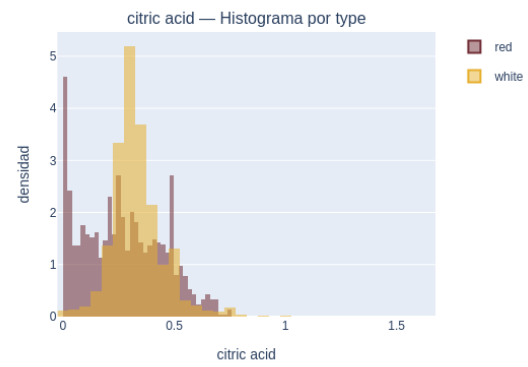
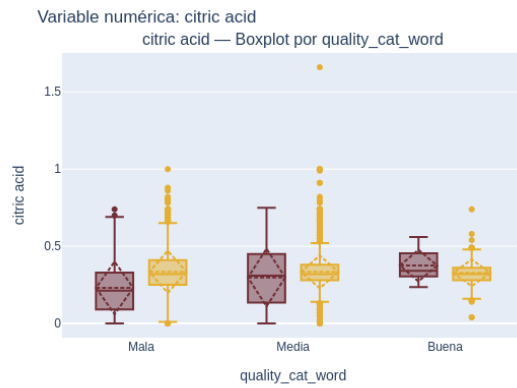
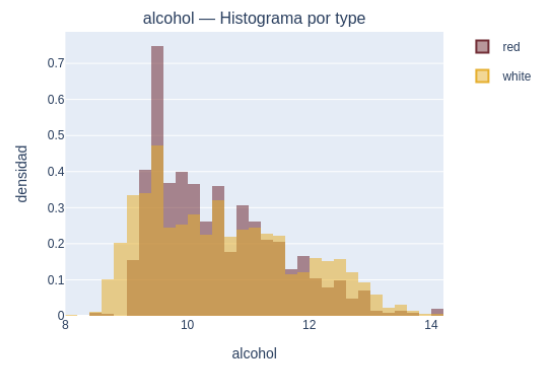
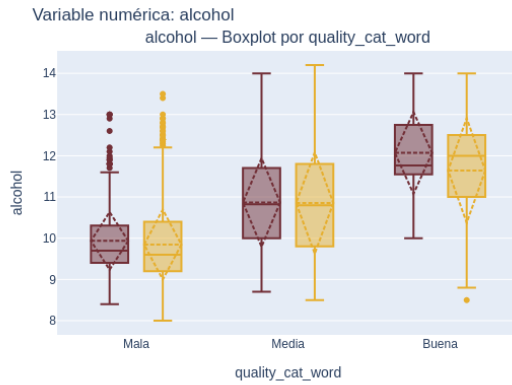
```

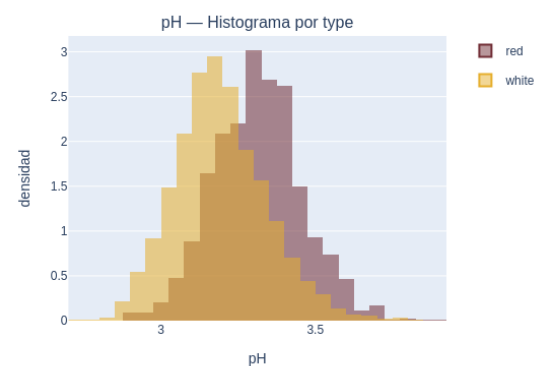
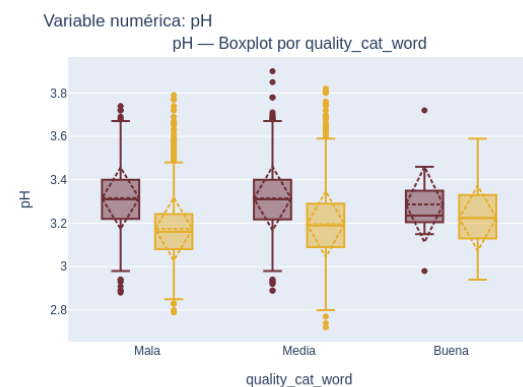
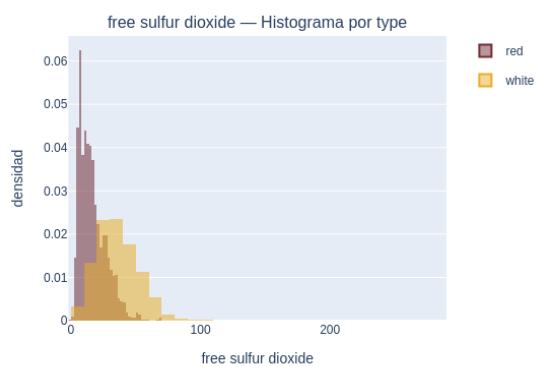
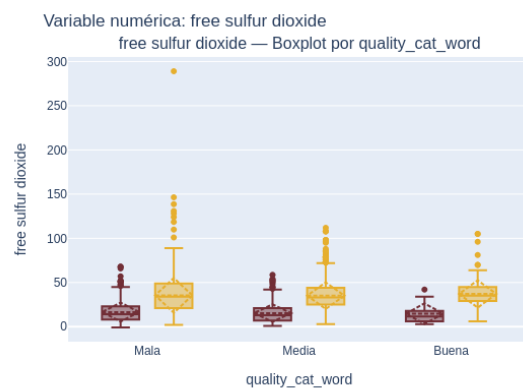
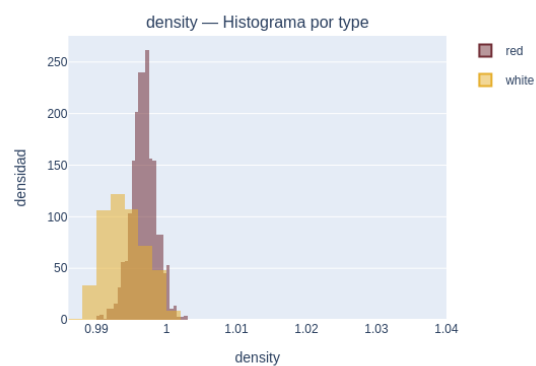
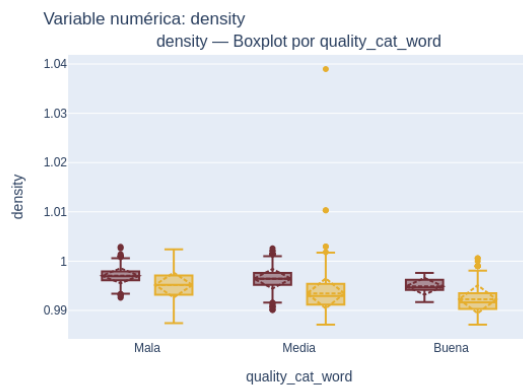
```
[70]: analisis = analyze_by_cat(df_clean, var_num, var_cat)
```

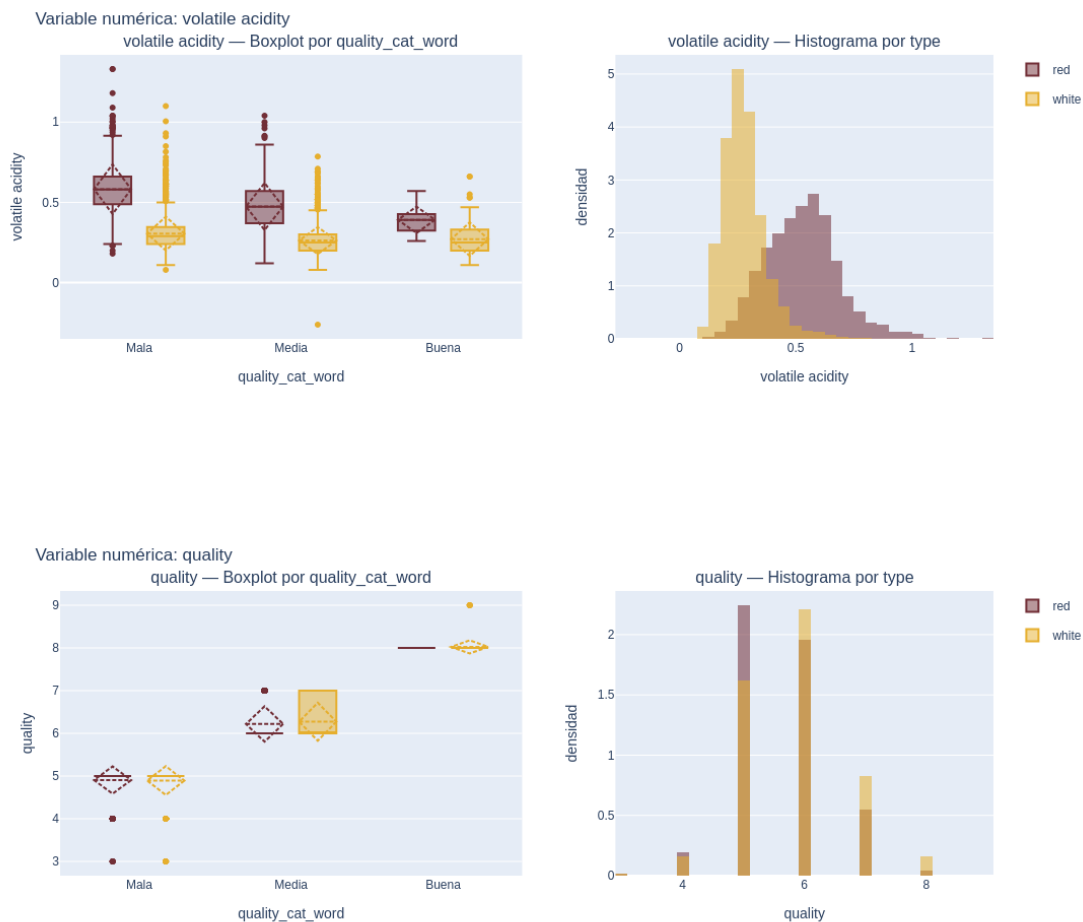
```
[72]: for v in analisis.num_vars:
        analisis.plot_box_hist_by_cat(v, "quality_cat_word", "type")

```







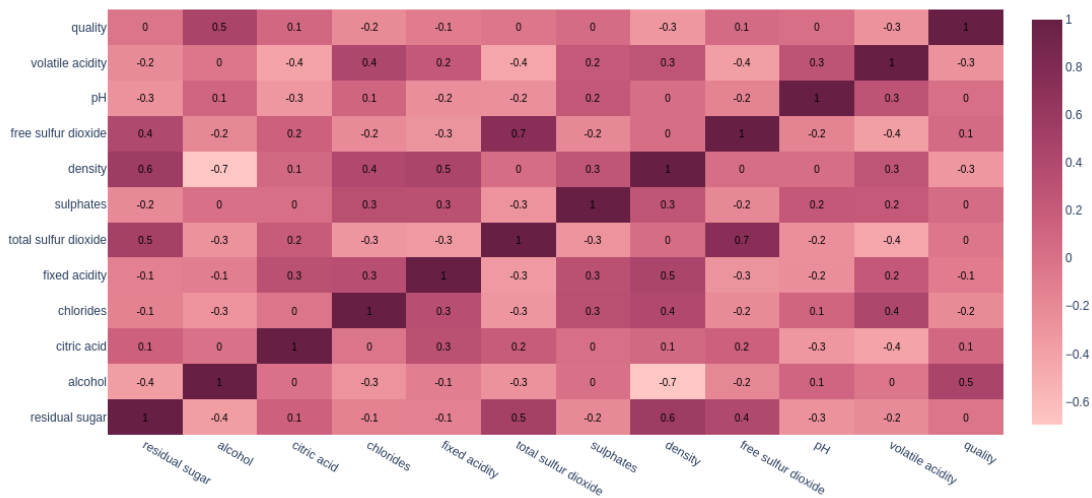


3.6 P6.- Obtén la correlación de las variables y grafica su matriz. ¿Tiene sentido la correlación entre las variables? Explica el porqué sí o porqué no.

```
[73]: last_analisis = analyze(df_clean, var_num, var_cat)
```

```
[74]: last_analisis.corr_matrix('burg')
```


Matriz de Correlación



```
[75]: sns.pairplot(df_clean.loc[:,['residual sugar', 'density', 'pH', 'quality',
↪ 'alcohol']], diag_kind="kde")
plt.show()
```

