Chat 1 kNN:

https://chatgpt.com/share/67f2e4c0-8f4c-8007-874a-9be7f6fff09d

chat 2 kNN

'uci id': 186, 'name': 'Wine Quality', 'repository url': 'https://archive.ics.uci.edu/dataset/186/wine+quality', 'data_url': 'https://archive.ics.uci.edu/static/public/186/data.csv', 'abstract': 'Two datasets are included, related to red and white vinho verde wine samples, from the north of Portugal. The goal is to model wine quality based on physicochemical tests (see [Cortez et al., 2009], http://www3.dsi.uminho.pt/pcortez/wine/).', 'area': 'Business', 'tasks': ['Classification', 'Regression'], 'characteristics': ['Multivariate'], 'num instances': 4898, 'num features': 11, 'feature_types': ['Real'], 'demographics': [], 'target_col': ['quality'], 'index_col': None, 'has_missing_values': 'no', 'missing_values_symbol': None, 'year_of_dataset_creation': 2009, 'last updated': 'Wed Nov 15 2023', 'dataset doi': '10.24432/C56S3T', 'creators': ['Paulo Cortez', 'A. Cerdeira', 'F. Almeida', 'T. Matos', 'J. Reis'], 'intro paper': {'ID': 252, 'type': 'NATIVE', 'title': 'Modeling wine preferences by data mining from physicochemical properties', 'authors': 'P. Cortez, A. Cerdeira, Fernando Almeida, Telmo Matos, J. Reis', 'venue': 'Decision Support Systems', 'year': 2009, 'journal': None, 'DOI': None, 'URL': 'https://www.semanticscholar.org/paper/Modeling-wine-preferences-by-data-mining-from-Cor tez-Cerdeira/bf15a0ccc14ac1deb5cea570c870389c16be019c', 'sha': None, 'corpus': None, 'arxiv': None, 'mag': None, 'acl': None, 'pmid': None, 'pmcid': None}, 'additional info': ('summary': 'The two datasets are related to red and white variants of the Portuguese "Vinho" Verde" wine. For more details, consult: http://www.vinhoverde.pt/en/ or the reference [Cortez et al., 2009]. Due to privacy and logistic issues, only physicochemical (inputs) and sensory (the output) variables are available (e.g. there is no data about grape types, wine brand, wine selling price, etc.).\n\nThese datasets can be viewed as classification or regression tasks. The classes are ordered and not balanced (e.g. there are many more normal wines than excellent or poor ones). Outlier detection algorithms could be used to detect the few excellent or poor wines. Also, we are not sure if all input variables are relevant. So it could be interesting to test feature selection methods.\n', 'purpose': None, 'funded by': None, 'instances_represent': None, 'recommended_data_splits': None, 'sensitive_data': None, 'preprocessing_description': None, 'variable_info': 'For more information, read [Cortez et al., 2009].\r\nInput variables (based on physicochemical tests):\r\n 1 - fixed acidity\r\n 2 - volatile acidity\r\n 3 - citric acid\r\n 4 - residual sugar\r\n 5 - chlorides\r\n 6 - free sulfur dioxide\r\n 7 total sulfur dioxide\r\n 8 - density\r\n 9 - pH\r\n 10 - sulphates\r\n 11 - alcohol\r\nOutput variable (based on sensory data): \r\n 12 - quality (score between 0 and 10)', 'citation': None}} name role type demographic 0 fixed acidity Feature Continuous None 1 volatile acidity Feature Continuous None

- 2 citric acid Feature Continuous None
- 3 residual_sugar Feature Continuous None
- 4 chlorides Feature Continuous None
- 5 free sulfur dioxide Feature Continuous None
- 6 total_sulfur_dioxide Feature Continuous None
- 7 density Feature Continuous None
- 8 pH Feature Continuous None
- 9 sulphates Feature Continuous None

10 alcohol Feature Continuous None

11 quality Target Integer None

12 color Other Categorical None

Unset

description units missing_values

0 None None no

- 1 None None no
- 2 None None no
- 3 None None no
- 4 None None no
- 5 None None no
- 6 None None no
- 7 None None no
- 8 None None no
- o None None no
- 9 None None no
- 10 None None no
- 11 score between 0 and 10 None no
- 12 red or white None no

Click to add a cell. "esto es lo que he obtenido al ejecutar el siguiente codigo de python" :from ucimlrepo import fetch_ucirepo

fetch dataset

wine_quality = fetch_ucirepo(id=186)

data (as pandas dataframes)

X = wine_quality.data.features y = wine_quality.data.targets

metadata

print(wine_quality.metadata)

variable information

print(wine_quality.variables), "como puedo obtener un dataframe con el cual trabajar comodamente a partir de lo que ves?"

Puedes obtener un DataFrame de Pandas con todas las características y la variable objetivo de la siguiente manera:

Código para obtener un DataFrame completo

```
import pandas as pd
from ucimlrepo import fetch_ucirepo

# Cargar el dataset
wine_quality = fetch_ucirepo(id=186)

# Crear un DataFrame con las características y la variable
objetivo
df = pd.concat([wine_quality.data.features,
wine_quality.data.targets], axis=1)

# Mostrar las primeras filas del DataFrame
print(df.head())
```

Explicación:

- wine_quality.data.features: Contiene las características del vino.
- wine_quality.data.targets: Contiene la columna objetivo (quality).
- pd.concat([...], axis=1): Une ambas partes en un solo DataFrame.

Ahora puedes trabajar con df como cualquier otro DataFrame de Pandas.

como se eejecura una celda en jupiter labs?

En **JupyterLab**, puedes ejecutar una celda de código de varias maneras:

1 Atajo de teclado (el más rápido)

- Shift + Enter → Ejecuta la celda y pasa a la siguiente.
- Ctrl + Enter → Ejecuta la celda y se queda en la misma.
- Alt + Enter → Ejecuta la celda y crea una nueva debajo.

2 Botón en la barra de herramientas

- Haz clic en la celda que quieres ejecutar.
- Pulsa el botón "▶ Run" (en la parte superior).

3 Menú

• Ve a "Run" en la barra superior y elige "Run Selected Cells".

Si tienes más preguntas sobre JupyterLab, dime. ¡A programar! 🚀

comprobar si en el dataframe hay NaN

Para comprobar si hay valores **NaN** (**faltantes**) en tu DataFrame en **JupyterLab**, puedes usar los siguientes métodos:

1 Ver si hay algún NaN en todo el DataFrame

```
Python

df.isnull().sum()
```

Esto mostrará cuántos valores NaN hay en cada columna.

2 Ver si hay algún NaN en todo el DataFrame

```
Python
df.isnull().values.any()
```

Devuelve True si hay al menos un NaN, False si no hay ninguno.

3 Mostrar solo las filas con NaN

```
Python
df[df.isnull().any(axis=1)]
```

Muestra solo las filas que contienen valores faltantes.

Según la descripción del dataset que me pasaste, **no debería haber valores NaN**, pero siempre es bueno verificar. \mathscr{A}

Aquí tienes un script en **Python** que aplica **PCA** (**Análisis de Componentes Principales**) a un DataFrame para reducir la dimensionalidad antes de realizar una **regresión**:

genera un script que genere un PCA a partir de un dataframe. Dicho PCA es para hacer una regresion

Qué hace el script:

- 1. Carga un DataFrame (df) con características y una variable objetivo.
- 2. Escala las características con StandardScaler (PCA es sensible a la escala).
- 3. **Aplica PCA** para reducir la dimensionalidad.
- 4. Divide los datos en entrenamiento y prueba.
- 5. Entrena un modelo de regresión (Regresión Lineal).
- 6. Evalúa el modelo con R2 y el error cuadrático medio (MSE).

📝 Código Completo:

```
Python
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.linear_model import LinearRegression
from sklearn.metrics import mean_squared_error, r2_score
# [1] Simulación de un DataFrame (sustituir con tus datos)
np.random.seed(42)
df = pd.DataFrame(np.random.rand(100, 6), columns=['X1', 'X2',
'X3', 'X4', 'X5', 'Target'])
# 2 Separar características (X) y variable objetivo (y)
X = df.drop(columns=['Target'])
y = df['Target']
# 3 Escalar las características (PCA es sensible a la escala)
scaler = StandardScaler()
```

```
X_scaled = scaler.fit_transform(X)
# 4 Aplicar PCA (reducir a 2 componentes como ejemplo)
pca = PCA(n_{components=2})
X_pca = pca.fit_transform(X_scaled)
# 5 Dividir en entrenamiento y prueba
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X_pca, y,
test_size=0.2, random_state=42)
# 6 Entrenar un modelo de regresión
model = LinearRegression()
model.fit(X_train, y_train)
# 7 Hacer predicciones
y_pred = model.predict(X_test)
# 8 Evaluar el modelo
r2 = r2_score(y_test, y_pred)
mse = mean_squared_error(y_test, y_pred)
print(f'R2 Score: {r2:.4f}')
print(f'Mean Squared Error: {mse:.4f}')
# 9 Visualizar los datos transformados con PCA
plt.scatter(X_pca[:, 0], X_pca[:, 1], c=y, cmap='coolwarm',
edgecolors='k')
plt.xlabel('Componente Principal 1')
plt.ylabel('Componente Principal 2')
plt.title('Datos transformados con PCA')
plt.colorbar(label='Valor objetivo')
plt.show()
```

Explicación de los pasos:

- ✓ Escalado: PCA requiere que los datos estén normalizados.
- Reducción de dimensionalidad: Se usa PCA(n_components=2), pero puedes cambiarlo.
- **Regresión**: Se usa LinearRegression, pero puedes probar con otros modelos.

- **Evaluación**: Se mide el rendimiento con R² y MSE.
- Visualización: Se grafican los datos después del PCA.
- Puedes ajustar n_components en PCA(n_components=X) según lo que necesites.



la regresion la quier hacer con kNN

Aquí tienes un script en **Python** que aplica **PCA** y luego usa **K-Nearest Neighbors Regression** (**kNN**) para hacer la regresión.

Pasos del Script:

- 1 Carga los datos en un DataFrame.
- 2 Separa las características (X) y la variable objetivo (y).
- 3 Escala las características con StandardScaler (PCA es sensible a la escala).
- 4 Aplica PCA para reducir la dimensionalidad.
- 5 Divide los datos en entrenamiento y prueba.
- 6 Entrena un modelo de regresión con KNeighborsRegressor.
- 7 Evalúa el modelo con R2 y el error cuadrático medio (MSE).
- 8 Grafica los datos transformados con PCA.

Código Completo:

```
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.neighbors import KNeighborsRegressor
from sklearn.metrics import mean_squared_error, r2_score

# ① Simulación de un DataFrame (sustituir con tus datos)
np.random.seed(42)
df = pd.DataFrame(np.random.rand(100, 6), columns=['X1', 'X2', 'X3', 'X4', 'X5', 'Target'])
```

```
# 2 Separar características (X) y variable objetivo (y)
X = df.drop(columns=['Target'])
y = df['Target']
# 3 Escalar las características (PCA es sensible a la escala)
scaler = StandardScaler()
X_scaled = scaler.fit_transform(X)
# 4 Aplicar PCA (reducir a 2 componentes como ejemplo)
pca = PCA(n_{components=2})
X_pca = pca.fit_transform(X_scaled)
# 5 Dividir en entrenamiento y prueba
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X_pca, y,
test_size=0.2, random_state=42)
# 6 Entrenar un modelo de kNN regresión
k = 5 # Número de vecinos
knn = KNeighborsRegressor(n_neighbors=k)
knn.fit(X_train, y_train)
# 7 Hacer predicciones
y_pred = knn.predict(X_test)
# 8 Evaluar el modelo
r2 = r2_score(y_test, y_pred)
mse = mean_squared_error(y_test, y_pred)
print(f'R2 Score: {r2:.4f}')
print(f'Mean Squared Error: {mse:.4f}')
# 9 Visualizar los datos transformados con PCA
plt.scatter(X_pca[:, 0], X_pca[:, 1], c=y, cmap='coolwarm',
edgecolors='k')
plt.xlabel('Componente Principal 1')
plt.ylabel('Componente Principal 2')
plt.title('Datos transformados con PCA')
plt.colorbar(label='Valor objetivo')
```

```
plt.show()
```

Explicación de los pasos:

- PCA reduce la dimensionalidad para mejorar la eficiencia de kNN.
- Se usa KNeighborsRegressor con n_neighbors=5, pero puedes cambiarlo.
- Se mide la calidad del modelo con R2 y MSE.
- Visualización: Gráfica de los datos en el espacio reducido con PCA.
- Puedes ajustar n_neighbors en KNeighborsRegressor(n_neighbors=k) para mejorar el modelo. **

ValueError Traceback (most recent call last) File ~\anaconda3\Lib\site-packages\matplotlib\axes_axes.py:4618, in Axes._parse_scatter_color_args(c, edgecolors, kwargs, xsize, get_next_color_func) 4617 try: # Is 'c' acceptable as PathCollection facecolors? -> 4618 colors = mcolors.to_rgba_array(c) 4619 except (TypeError, ValueError) as err:

File ~\anaconda3\Lib\site-packages\matplotlib\colors.py:512, in to_rgba_array(c, alpha) 511 else: --> 512 rgba = np.array([to_rgba(cc) for cc in c]) 514 if alpha is not None:

File ~\anaconda3\Lib\site-packages\matplotlib\colors.py:314, in to_rgba(c, alpha) 313 if rgba is None: # Suppress exception chaining of cache lookup failure. --> 314 rgba = _to_rgba_no_colorcycle(c, alpha) 315 try:

El error se debe a que c=y en plt.scatter() espera un array numérico, pero si y es una serie de pandas, a veces puede tener problemas de formato.

Nolución:

Asegúrate de convertir y en un array NumPy antes de pasarlo a plt.scatter():

```
Python
plt.scatter(X_pca[:, 0], X_pca[:, 1], c=np.array(y),
cmap='coolwarm', edgecolors='k')
```

* Explicación:

 np.array(y): Convierte y en un array NumPy, evitando problemas con estructuras de Pandas.

- cmap='coolwarm': Especifica un mapa de colores adecuado.
- edgecolors='k': Evita advertencias en matplotlib.

Prueba esta solución y dime si sigue el error. 🚀

porque usas X pca para entrenar la regresion con kNN?

Uso X_pca para entrenar la regresión con kNN porque estamos aplicando PCA (Análisis de Componentes Principales) como un paso previo para reducir la dimensionalidad del dataset antes de entrenar el modelo.



★ ¿Por qué aplicar PCA antes de kNN?

- Reducción de dimensionalidad: Si el dataset tiene muchas variables, PCA ayuda a reducir la cantidad de características, manteniendo la información más relevante.
- 2 Evita el "curse of dimensionality": kNN es muy sensible a la cantidad de dimensiones. Demasiadas características pueden hacer que las distancias entre puntos sean menos significativas.
- 3 Mejora la eficiencia: kNN busca vecinos más rápido en un espacio con menos
- A Reduce el ruido: Si hay características poco informativas o redundantes, PCA las elimina automáticamente.



★ ¿Se debe usar PCA siempre antes de kNN?

No siempre. PCA solo es útil si el dataset tiene muchas características o si hay colinealidad entre variables. Si el dataset es pequeño y ya está optimizado, puede ser mejor entrenar kNN sin PCA.

Si quieres probar kNN sin PCA, cambia esta línea:

```
Python
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X_scaled,
y, test_size=0.2, random_state=42)
```

Así estarías usando los datos originales escalados en lugar de la versión reducida con PCA.

¿Quieres comparar los resultados con y sin PCA? 🚀

para una regresion de ciertas caracteristicas de vino en la matriz X y su calidad en Y, lo ves necesario?

Para el dataset de Wine Quality, no veo estrictamente necesario aplicar PCA antes de entrenar un modelo de kNN Regression.

♣ ¿Por qué PCA no es necesario en este caso?

- **1** Pocas características (11 en total) → El dataset no es demasiado grande en dimensiones, por lo que kNN no sufre del "curse of dimensionality".
- 2 No hay características altamente redundantes \rightarrow Si bien algunas variables pueden estar correlacionadas (por ejemplo, total sulfur dioxide y free sulfur dioxide), la regresión kNN puede manejarlas sin problemas.
- $\boxed{3}$ PCA puede hacer que pierdas interpretabilidad \rightarrow Las componentes principales no tienen un significado físico claro (como acidity o alcohol), lo que dificulta la interpretación de los resultados.
- ☐kNN ya es un método basado en distancia → PCA transforma los datos en una nueva. base, lo que puede cambiar la manera en que kNN mide las distancias entre puntos.

Cuándo podría ser útil PCA para Wine Quality

- \bigvee Si el dataset tuviera muchas más variables \rightarrow Si en vez de 11 variables hubiera 50 o 100, PCA podría ayudar a reducir la dimensionalidad.
- ✓ Si hubiera alta correlación entre muchas características → En ese caso, PCA ayudaría a evitar que el modelo se "distraiga" con información redundante.
- Si se quiere hacer una comparación de modelos → Puedes probar con y sin PCA y comparar el rendimiento.

📌 Conclusión: ¿Usar PCA o no?

- Lo más recomendable es usar directamente kNN sin PCA en este dataset.
- Prueba con y sin PCA y compara los resultados para verificar si realmente mejora el modelo.

Si quieres, te puedo ayudar a comparar ambos enfoques. 🚀

dame un ejemplo de características que puedan tener correlacion

Un exemple de característiques que poden tenir alta correlació en el dataset de Wine Quality són:

- Diòxid de sofre total (total_sulfur_dioxide) i Diòxid de sofre lliure (free_sulfur_dioxide) → Com que el diòxid de sofre lliure forma part del diòxid de sofre total, és molt probable que estiguin fortament correlacionats.
- Densitat (density) i Sucre residual (residual_sugar) → A mesura que augmenta la quantitat de sucre residual en el vi, també pot augmentar la seva densitat.
- Acidesa fixa (fixed_acidity) i Acidesa cítrica (citric_acid) → Alguns tipus de vins amb més acidesa fixa també poden tenir nivells més alts d'àcid cítric, cosa que pot generar una correlació entre aquestes dues variables.
- Sulfats (sulphates) i Diòxid de sofre total (total_sulfur_dioxide) → Ambdós són utilitzats com a conservants en el vi i poden estar relacionats.

Si vols, podem calcular la **matriu de correlació** del dataset i veure exactament quines variables estan més relacionades! $\sqrt[4]{}$

```
Aixo ja ho hem hagut de arribar a fer en altres projectes, pero per 11 dimensions que te el dataset no ho veiem necessa
   [110]: #Dividir
            X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X_scaled,y, test_size=0.2, random_state=42)
  [116]: def regression(clf, tuning=False):
              if tuning:
    print('best pars:', clf.best_params_)
    preds = pd.Series(clf.predict(X_test),name='preds')
    reals = pd.Series(y_test.to_list(), name='target')
    reals = pd.Series(y_test.to_list(), name='target')
              print('mse:', mean_absolute_error(reals,preds))
print('R2:', r2_score(reals,preds))
[118]: XXtime pars = ('n_neighbors': [1, 3, 5, 7, 11], 'weights': ['uniform', 'distance'])
                                                                                                                                                                               ★ @ 个 ↓ 告 〒 🛚
            regression(GridSearchCV(KNeighborsRegressor(), pars), True)
              best pars: {'n_neighbors': 11, 'weights': 'distance'}
                                                                  Traceback (most recent call last)
             File <timed exec>:2
            cell In[116], line 5, in regression(clf, tuning)
    3 if tuning:
    4 print('best pars:', clf.best_params_)
    4 print('best pars:', clf.best_params_)
    6 reals = of.Series(clf.predict(X_test),name='preds')
    6 reals = of.Series(y_test.to_list(), name='target')
    7 print('mse:', mean_absolute_error(reals,preds))
             File ~\anaconda3\Lib\site-packages\pandas\core\construction.py:659, in sanitize_array(data, index, dtype, copy, allow_2d)
656 subarr = cast(np.ndarray, subarr)
657 subarr = maybe_infer_to_datetimelike(subarr)
--> 659 subarr = _sanitize_ndim(subarr, data, dtype, index, allow_2d=allow_2d)
                  661 if isinstance(subarr, np.ndarray):
                                                                  ve dtype be None or subarr.dtype == dtype
                  # at this point we should have
dtype = cast(np.dtype, dtype)
             File ~\anaconda3\Lib\site-packages\pandas\core\construction.py:718, in _sanitize_ndim(result, data, dtype, index, allow_2d)
                                  return result
              --> 718 raise ValueError(
719 f"Oata must be 1-dimensional, got ndarray of shape (data.shape) instead"
                   721 if is_object_dtype(dtype) and isinstance(dtype, ExtensionDtype):
                   724 result = com.asarray_tuplesafe(data, dtype=np.dtype("object"))
              ValueError: Data must be 1-dimensional, got ndarray of shape (1300, 1) instead
```

El error que aparece en tu código es:

"ValueError: Data must be 1-dimensional, got ndarray of shape (1300, 1) instead"

Qué está pasando?

El problema ocurre en esta línea:

```
Python
preds = pd.Series(clf.predict(X_test), name='preds')
```

0

```
Python
reals = pd.Series(y_test.to_list(), name='reals')
```

La razón es que clf.predict(X_test) probablemente devuelve un array bidimensional con forma (1300, 1), pero pd.Series() espera un array unidimensional (1300,).

% Solución

Convierte preds y reals en vectores 1D antes de crear las series de Pandas:

```
Python
preds = pd.Series(clf.predict(X_test).flatten(), name='preds')
reals = pd.Series(y_test.values.flatten(), name='reals')
```

O simplemente usa .ravel() en vez de .flatten():

```
Python
preds = pd.Series(clf.predict(X_test).ravel(), name='preds')
reals = pd.Series(y_test.values.ravel(), name='reals')
```

• Explicación: .flatten() y .ravel() transforman un array 2D en un array 1D, lo que evita el error.

Prueba esto y dime si sigue el problema 🚀

NameError Traceback (most recent call last) File :2

Cell In[124], line 5, in regression(clf, tuning) 3 if tuning: 4 print('best pars:', clf.best_params_) ----> 5 preds = pd.Series(clf.predict(X_test),flatten(),name='preds') 6 reals = pd.Series(y_test.to_list(), name='target') 7 print('mse:', mean_absolute_error(reals,preds))

NameError: name 'flatten' is not defined

Tienes un error de sintaxis en esta línea:

```
Python
preds = pd.Series(clf.predict(X_test), flatten(), name='preds')
```

Error: flatten() no es una función separada, sino un método de numpy arrays, y debe aplicarse al resultado de clf.predict(X_test).

Solución correcta

Debes escribirlo así:

```
Python
preds = pd.Series(clf.predict(X_test).flatten(), name='preds')
```

o usando .ravel(), que es más eficiente:

```
Python
preds = pd.Series(clf.predict(X_test).ravel(), name='preds')
```

Haz lo mismo con y_test:

```
Python
reals = pd.Series(y_test.values.ravel(), name='target')
```

Explicación:

- clf.predict(X_test) devuelve un array con forma (1300, 1), pero pd.Series() espera una estructura **1D** (1300,).
- .flatten() o .ravel() convierten un array 2D en 1D.

Prueba esto y dime si te funciona 🚀

AttributeError Traceback (most recent call last) in ?() 1 'Could not get source, probably due dynamically evaluated source code.'

```
~\AppData\Local\Temp\ipykernel_10032\3439217702.py in ?(clf, tuning) 2 clf.fit(X_train, y_train) 3 if tuning: 4 print('best pars:', clf.best_params_) 5 preds = pd.Series(clf.predict(X_test).flatten(),name='preds') ----> 6 reals = pd.Series(y_test.to_list(),
```

name='target') 7 print('mse:', mean_absolute_error(reals,preds)) 8 print('R2:', r2_score(reals,preds))

~\anaconda3\Lib\site-packages\pandas\core\generic.py in ?(self, name) 6295 and name not in self._accessors 6296 and self._info_axis._can_hold_identifiers_and_holds_name(name) 6297): 6298 return self[name] -> 6299 return object.**getattribute**(self, name)

AttributeError: 'DataFrame' object has no attribute 'to_list'

El error se debe a que y_test es un **DataFrame** en lugar de una **Serie de Pandas**.

Error:

```
Python
reals = pd.Series(y_test.to_list(), name='target')
```

📌 Problema: y_test.to_list() no es válido para un DataFrame (es para Series).

Solución correcta:

Si y_test es un **DataFrame** con una sola columna, conviértelo en una **Serie** antes de usar .ravel():

```
Python
reals = pd.Series(y_test.squeeze().ravel(), name='target')
```

Explicación:

- squeeze() convierte un DataFrame de una sola columna en una Serie.
- .ravel() transforma el array en 1D (por si acaso).

🏆 Solución alternativa (mejor enfoque)

Si y_test ya es una **Serie** y no un DataFrame, puedes simplemente hacer:

```
Python
reals = pd.Series(y_test.values.ravel(), name='target')
```

🔥 Prueba esto y dime si funciona! 🚀

SE ACABO CHATGPT GRATIS