聚类

1. 模型的一些通用方法：
   - `get_params([deep])`：返回模型的参数。
     - `deep`： 如果为`True`，则可以返回模型参数的子对象。
   - `set_params(**params)`：设置模型的参数。
     - `params`：待设置的关键字参数。
   - `fit(X[, y, sample_weight])` ：训练模型。
     - `X` ：样本集合。通常是一个`numpy array`，每行代表一个样本，每列代表一个特征。
     - `y` ：样本的标签集合。它与`X` 的每一行相对应。
     - `sample_weight`：样本的权重。其形状为`[n_samples,]`，每个元素代表一个样本的权重。
   - `predict(X, sample_weight)`：返回每个样本所属的簇标记。
     - `X` ：样本集合。通常是一个`numpy array`，每行代表一个样本，每列代表一个特征。
     - `sample_weight`：样本的权重。其形状为`[n_samples,]`，每个元素代表一个样本的权重。
   - `fit_predict(X[, y, sample_weight])` ：训练模型并执行聚类，返回每个样本所属的簇标记。
     - `X` ：样本集合。通常是一个`numpy array`，每行代表一个样本，每列代表一个特征。
     - `y` ：样本的标签集合。它与`X` 的每一行相对应。
     - `sample_weight`：样本的权重。其形状为`[n_samples,]`，每个元素代表一个样本的权重。
   - `transform(X)`：将数据集`X` 转换到`cluster center space` 。

     在`cluster center space` 中，样本的维度就是它距离各个聚类中心的距离。
     - `X` ：样本集合。通常是一个`numpy array`，每行代表一个样本，每列代表一个特征。
   - `fit_transform(X[, y, sample_weight])`：训练模型并执行聚类，将数据集`X` 转换到`cluster center space` 。
     - `X` ：样本集合。通常是一个`numpy array`，每行代表一个样本，每列代表一个特征。
     - `y` ：样本的标签集合。它与`X` 的每一行相对应。
     - `sample_weight`：样本的权重。其形状为`[n_samples,]`，每个元素代表一个样本的权重。
2. 模型的一些通用参数：
   - `n_jobs`：一个正数，指定任务并形时指定的`CPU`数量。

     如果为`-1` 则使用所有可用的`CPU`。
   - `verbose`：一个正数。用于开启/关闭迭代中间输出日志功能。
     - 数值越大，则日志越详细。
     - 数值为0或者`None`，表示关闭日志输出。
   - `max_iter` ：一个整数，指定最大迭代次数。

     如果为`None`则为默认值（不同`solver`的默认值不同）。
   - `tol`：一个浮点数，指定了算法收敛的阈值。
   - `random_state`：一个整数或者一个`RandomState`实例，或者`None`。
     - 如果为整数，则它指定了随机数生成器的种子。
     - 如果为`RandomState`实例，则指定了随机数生成器。

- 如果为`None`，则使用默认的随机数生成器。

一、KMeans

1.1 KMeans

1. `KMeans`是`scikit-learn`提供的`k`均值算法模型，其原型为：

```
class sklearn.cluster.KMeans(n_clusters=8, init='k-means++', n_init=10,
max_iter=300,tol=0.0001, precompute_distances='auto', verbose=0,
random_state=None, copy_x=True, n_jobs=1,algorithm='auto')
```

   - `n_clusters`：一个整数，指定分类簇的数量。
   - `init`：一个字符串，指定初始均值向量的策略。可以为：
     - `'k-means++'`：该初始化策略选择的初始均值向量相互之间都距离较远，它的效果较好。
     - `'random'`：从数据集中随机选择 K 个样本作为初始均值向量。
     - 或者提供一个数组，数组的形状为`(n_clusters,n_features)`，该数组作为初始均值向量。

     > `K`均值算法总能够收敛，但是其收敛情况高度依赖于初始化的均值。有可能收敛到局部极小值。因此通常都是用多组初始均值向量来计算若干次，选择其中最优的那一次。而`k-means++`策略选择的初始均值向量可以一定程度上的解决这个问题。
   - `n_init`：一个整数，指定了`k`均值算法运行的次数。

     每次都会选择一组不同的初始化均值向量，最终算法会选择最佳的分类簇来作为最终的结果。
   - `max_iter`：一个整数，指定了单轮`k`均值算法中，最大的迭代次数。

     算法总的最大迭代次数为`max_iter * n_init`。
   - `precompute_distances`：指定是否提前计算距离。如果提前计算距离，则需要更多的内存，但是算法会运行的更快。

     可以为布尔值或者字符串`'auto'`：
     - `'auto'`：如果`n_samples*n_clusters > 12 million`，则不提前计算。
     - `True`：总是提前计算。
     - `False`：总是不提前计算。
   - `tol`：指定收敛阈值。
   - `n_jobs`：指定并行度。
   - `verbose`：指定开启/关闭迭代中间输出日志功能。
   - `random_state`：指定随机数种子。
   - `copy_x`：布尔值，主要用于`precompute_distances=True`的情况。
     - 如果为`True`，则预计算距离的时候，并不修改原始数据。
     - 如果为`False`，则预计算距离的时候，会修改原始数据用以节省内存；然后当算法结束的时候，会将原始数据还原。但是可能会因为浮点数的表示，会有一些精度误差。
   - `algorithm`：一个字符串，指定采用的算法。可以为：
     - `'full'`：使用经典的`EM`风格的算法。

    - `'elkan'`：使用`'elkan'`变种算法。它通过使用三角不等式来优化算法，但是不支持稀疏数据。
    - `'auto'`：自动选择算法。对于稀疏数据，使用`'full'`；对于密集数据，使用`'elkan'`。

2. 属性：

    - `cluster_centers_`：一个形状为`[n_clusters,n_features]`的数组，给出分类簇的均值向量。
    - `labels_`：一个形状为`[n_samples,]`的数组，给出了每个样本所属的簇的标记。
    - `inertia_`：一个浮点数，聚类平方误差 $err=\sum_{k=1}^{K}\sum_{\vec{\mathbf{x}}_i\in\mathbb{C}_k}||\vec{\mathbf{x}}_i-\vec{\mu}_k||_2^2$。
    - `n_iter_`：一个整数，指定运行的迭代次数。

3. 方法：

    - `fit(X[,y ,sample_weight])`：训练模型。
    - `fit_predict(X[, y, sample_weight])`：训练模型并执行聚类，返回每个样本所属的簇标记。
    - `predict(X, sample_weight)`：返回每个样本所属的簇标记。
    - `transform(X)`：将数据集`X`转换到`cluster center space`。
    - `fit_transform(X[, y, sample_weight])`：训练模型并执行聚类，将数据集`X`转换到`cluster center space`。
    - `score(X[, y, sample_weight])`：一个浮点数，给出了聚类平方误差的相反数：$-\sum_{k=1}^{K}\sum_{\vec{\mathbf{x}}_i\in\mathbb{C}_k}||\vec{\mathbf{x}}_i-\vec{\mu}_k||_2^2$。

1.2 MiniBatchKMeans

1. `MiniBatchKMeans`是`scikit-learn`提供的 批量`k`均值算法模型，其原型为：

```
class sklearn.cluster.MiniBatchKMeans(n_clusters=8, init='k-means++',max_iter=300,
batch_size=100, verbose=0, compute_labels=True,random_state=None,tol=0.0,
max_no_improvement=10, init_size=None, n_init=3, reassignment_ratio=0.01)
```

    - `batch_size`：一个整数，指定`batch`大小。
    - `compute_labels`：一个布尔值，指定当算法收敛时，是否对全量数据集重新计算其完整的簇标记。
    - `tol`：一个浮点数，指定收敛阈值。它可以用于早停。

      当迭代前后聚类中心的变化小于它时，执行早停。如果为`0.0`，则不开启这种早停。
    - `max_no_improvement`：一个整数，用于控制早停的轮数。如果优化目标在连续`max_no_improvement`个`batch`内没有改善时，执行早停。

      这里的优化目标不是聚类中心的变化，而是平方误差 $err=\sum_{k=1}^{K}\sum_{\vec{\mathbf{x}}_i\in\mathbb{C}_k}||\vec{\mathbf{x}}_i-\vec{\mu}_k||_2^2$。
    - `init_size`：一个整数，为加速初始化而随机采样的样本数。通常是 3 倍的`batch_size`。

      它必须大于`n_clusters`。
    - `n_init`：一个整数，指定了初始化的尝试次数。

      与`KMeans`不同，`MiniBatchKMeans`只会运行一轮（而不是多轮）。
    - `reassignment_ratio`：一个浮点数，控制每次迭代中最多有多少个簇中心被重新赋值。

      如果该值较大，则模型可能收敛可能时间更长，但是聚类效果也会更好。
    - 其他参数参考`sklearn.cluster.KMeans`。

2. 属性：参考`sklearn.cluster.KMeans`。

3. 方法：

- `partial_fit(X, y=None, sample_weight=None)`：训练`k means`一个批次。
- 其它方法参考`sklearn.cluster.KMeans`。

二、DBSCAN

1. `DBSCAN`是`scikit-learn`提供的一种密度聚类模型。其原型为：

```
class sklearn.cluster.DBSCAN(eps=0.5, min_samples=5, metric='euclidean',
metric_params=None, algorithm='auto', leaf_size=30, p=None, n_jobs=None)
```

   - `eps`：ϵ参数，用于确定邻域大小。
   - `min_samples`：$MinPts$参数，用于判断核心对象。
   - `metric`：一个字符串或者可调用对象，用于计算距离。

     如果是字符串，则必须是`metrics.pairwise.calculate_distance`中指定的。
   - `metric_params`：一个字典，当`metric`为可调用对象时，为`metric`提供关键字参数。
   - `algorithm`：一个字符串，用于计算两点间距离并找出最近邻的点。可以为：
     - `'auto'`：由算法自动选取合适的算法。
     - `'ball_tree'`：用`ball`树来搜索。
     - `'kd_tree'`：用`kd`树来搜索。
     - `'brute'`：暴力搜索。
   - `leaf_size`：一个整数，用于指定当`algorithm=ball_tree`或者`kd_tree`时，树的叶结点大小。

     该参数会影响构建树、搜索最近邻的速度，同时影响存储树的内存。
   - `p`：一个浮点数，指定闵可夫斯基距离的p值。
   - `n_jobs`：指定并行度。

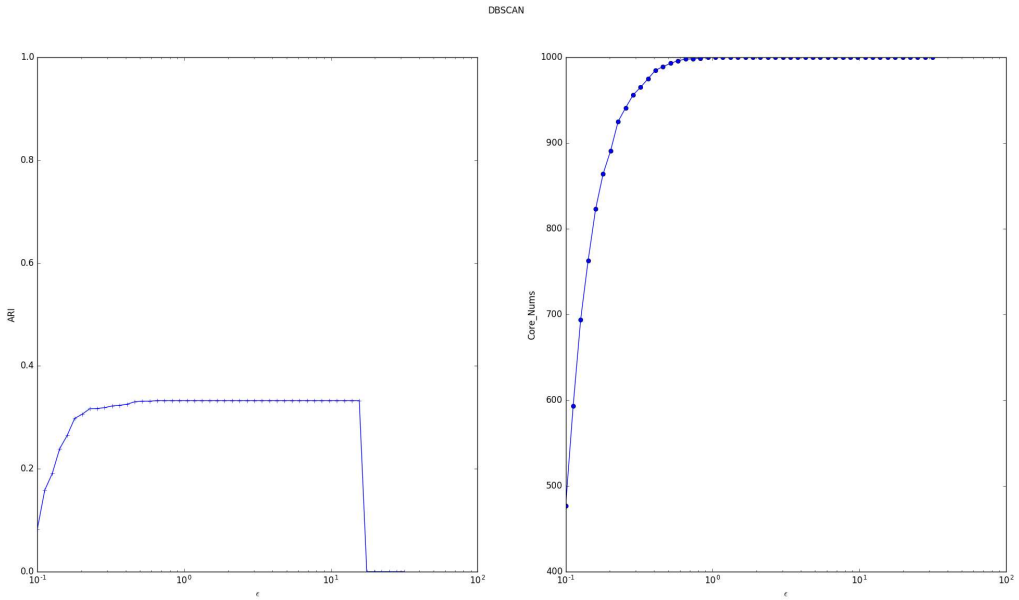
2. 属性：
   - `core_sample_indices_`：一个形状为`[n_core_samples,]`的数组，给出了核心样本在原始训练集中的位置。
   - `components_`：一个形状为`[n_core_samples,n_features]`的数组，给出了核心样本的一份拷贝
   - `labels_`：一个形状为`[n_samples,]`的数组，给出了每个样本所属的簇标记。

     对于噪音样本，其簇标记为 -1。
3. 方法：
   - `fit(X[, y, sample_weight])`：训练模型。
   - `fit_predict(X[, y, sample_weight])`：训练模型并执行聚类，返回每个样本所属的簇标记。
4. 考察ϵ参数的影响：
   - `ARI`指数随着ϵ的增长，先上升后保持平稳最后断崖下降。

     断崖下降是因为产生的训练样本的间距比较小，最远的两个样本点之间的距离不超过 30。当ϵ过大时，所有的点都在一个邻域中。
   - 核心样本数量随着ϵ的增长而上升。

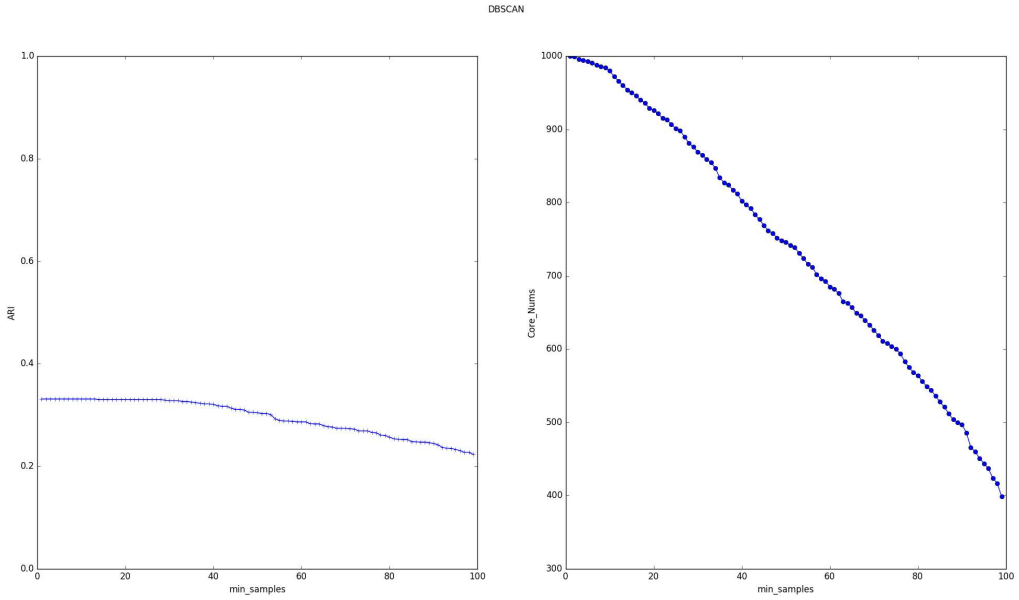
这是因为随着 ϵ 的增长，样本点的邻域在扩展，则样本点邻域内的样本会更多，这就产生了更多满足条件的核心样本点。

但是样本集中的样本数量有限，因此核心样本点数量的增长到一定数目后稳定。



5. 考察 $MinPts$ 参数的影响：
   - `ARI` 指数随着 $MinPts$ 的增长，平稳的下降。
   - 核心样本数量随着 $MinPts$ 的增长基本上线性下降。

     这是因为随着 $MinPts$ 的增长，样本点的邻域中必须包含更多的样本才能使它成为一个核心样本点。因此产生的核心样本点越来越少。



三、MeanShift

1. `MeanShift` 是 `scikit-learn` 提供的一种密度聚类模型。其原型为：

```
class sklearn.cluster.MeanShift(bandwidth=None, seeds=None, bin_seeding=False,
min_bin_freq=1, cluster_all=True, n_jobs=None)
```

- `bandwidth`：一个浮点数，指定带宽参数。

  如果未指定，则通过`sklearn.cluster.estimate_bandwith()`函数来自动计算。
- `seeds`：一个形状为`[n_samples,n_features]`的数组，用于初始化核函数。

  如果未指定，则通过`sklearn.cluster.get_bin_seeds()`函数来自动计算。
- `bin_seeding`：一个布尔值。
  - 如果为`True`，则并不会使用所有的点来计算核函数，而是使用网格边界上的点（网格宽度为带宽）来计算。这会加速算法的执行，因为核函数的初始化需要的点大大降低。
  - 如果为`False`，则使用所有的点来计算核函数。
- `min_bin_freq`：一个整数值，指定有效网格包含的数据点的最少数量。

  当`bin_seeding=True`时，仅仅接收那些网格内包含超过`min_bin_freq`个数据点的网格。
- `cluster_all`：一个布尔值，指定是否对所有数据点进行聚类。
  - 如果为`False`，则对离群点不聚类，将离群点的簇标记设置为`-1`。
  - 如果为`True`，则对离群点也聚类，将离群点划分到离它最近的簇中。
- `n_jobs`：一个整数，指定并行度。

2. 属性：
   - `claster_centers_`：一个形状为`[n_clusters,n_features]`的数组，给出了每个簇中心的坐标。
   - `labels_`：一个形状为`[n_samples,]`的数组，给出了每个样本所属的簇标记。

     如果`cluster_all=False`，则对于离群样本，其簇标记为 -1。
3. 方法：
   - `fit(X[, y])`：训练模型。
   - `fit_predict(X[, y])`：训练模型并执行聚类，返回每个样本所属的簇标记。
   - `predict(X)`：对每个样本预测其簇标记。

     每个样本距离最近的簇就是该样本所属的簇。

四、AgglomerativeClustering

1. `AgglomerativeClustering`是`scikit-learn`提供的一种层次聚类模型。其原型为：

```
class sklearn.cluster.AgglomerativeClustering(n_clusters=2, affinity='euclidean',
memory=Memory(cachedir=None), connectivity=None, n_components=None,
compute_full_tree='auto', linkage='ward', pooling_func=<function mean>)
```

- `n_clusters`：一个整数，指定簇的数量。
- `connectivity`：一个数组或者可调用对象或者为`None`，用于指定连接矩阵。它给出了每个样本的可连接样本。

- `affinity`：一个字符串或者可调用对象，用于计算距离。可以为：`'euclidean', 'l1', 'l2', 'manhattan', 'cosine', 'precomputed'` 。

  如果`linkage='ward'`，则`'affinity`必须是`'euclidean'`
- `memory`：用于缓存输出的结果，默认为不缓存。如果给定一个字符串，则表示缓存目录的路径。
- `n_components`：将在`scikit-learn v 0.18`中移除
- `compute_full_tree`：通常当已经训练了`n_clusters`之后，训练过程就停止。

  但是如果`compute_full_tree=True`，则会继续训练从而生成一颗完整的树。
- `linkage`：一个字符串，用于指定链接算法。
  - `'ward'`：采用方差恶化距离`variance incress distance` 。
  - `'complete'`：全链接`complete-linkage`算法，采用 d_{max} 。
  - `'average'`：均链接`average-linkage`算法,采用 d_{avg} 。
  - `'single'`：单链接`single-linkage`算法，采用 d_{min} 。
- `pooling_func`：即将被废弃的接口。

2. 属性：

- `labels_`：一个形状为`[n_samples,]`的数组，给出了每个样本的簇标记。
- `n_leaves_`：一个整数，给出了分层树的叶结点数量。
- `n_components_`：一个整数，给除了连接图中的连通分量的估计值。
- `children_`：一个形状为`[n_samples-1,2]`数组，给出了每个非叶结点中的子节点数量。

3. 方法：

- `fit(X[, y])`：训练模型。
- `fit_predict(X[, y])`：训练模型并执行聚类，返回每个样本所属的簇标记。

五、BIRCH

1. `BIRCH`是`scikit-learn`提供的一种层次聚类模型。其原型为：

```
class sklearn.cluster.Birch(threshold=0.5, branching_factor=50, n_clusters=3,
compute_labels=True, copy=True)
```

- `threshold`：一个浮点数，指定空间阈值 τ 。
- `branching_facto`：一个整数，指定枝平衡因子 β 。叶平衡因子 λ 也等于该数值。
- `n_clusters`：一个整数或者`None`或者`sklearn.cluster`模型，指定最终聚类的数量。
  - 如果为`None`，则由算法自动给出。
  - 如果为一个整数，则使用`AgglomerativeClustering`算法来对`CF`本身执行聚类，并将聚类结果返回。这使得最终的聚类数量就是`n_clusters` 。
  - 如果为一个`sklearn.cluster`模型，则该模型对`CF`本身执行聚类，并将聚类结果返回。
- `compute_labels`：一个布尔值，指定是否需要计算簇标记。
- `copy`：一个布尔值，指定是否拷贝原始数据。

2. 属性：

- `root_`：一个`_CFNode`对象，表示`CF`树的根节点。

- `subcluster_centers_`：一个数组，表示所有子簇的中心点。

  它直接从所有叶结点中读取。
- `subcluster_labels_`：一个数组，表示所有子簇的簇标记。

  可能多个子簇会有同样的簇标记，因为子簇可能会被执行进一步的聚类。
- `labels_`：一个形状为 `[n_samples,]` 的数组，给出了每个样本的簇标记。

  如果执行分批训练，则它给出的是最近一批样本的簇标记。

3. 方法：
   - `fit(X[, y])`：训练模型。
   - `partial_fit(X[, y])`：分批训练模型（在线学习）。
   - `fit_predict(X[, y])`：训练模型并执行聚类，返回每个样本所属的簇标记。
   - `predict(X)`：对每个样本预测其簇标记。

     根据每个子簇的中心点来预测样本的簇标记。
   - `transform(X)`：将样本转换成子簇中心点的坐标：维度d代表样本距离第 d 个子簇中心的距离。
   - `fit_transform(X[, y])`：训练模型并将样本转换成子簇中心点的坐标。

六、GaussianMixture

1. `GaussianMixture` 是 `scikit-learn` 给出的混合高斯模型。其原型为

```
class sklearn.mixture.GaussianMixture(n_components=1, covariance_type='full',
tol=0.001, reg_covar=1e-06, max_iter=100, n_init=1, init_params='kmeans',
weights_init=None, means_init=None, precisions_init=None, random_state=None,
warm_start=False, verbose=0, verbose_interval=10)
```

   - `n_components`：一个整数，指定分模型的数量，默认为1。
   - `covariance_type`：一个字符串，指定协方差的类型。必须为下列值之一：
     - `'spherical'` ：球型，每个分模型的协方差矩阵都是各自的标量值。
     - `'tied'`：结点型，所有的分模型都共享一个协方差矩阵。
     - `'diag'`：对角型，每个分模型的协方差矩阵都是各自的对角矩阵
     - `'full'`：全型，每个分模型都有自己的协方差矩阵。
   - `tol`：一个浮点数，用于指定收敛的阈值。 `EM` 迭代算法中，当对数似然函数平均增益低于此阈值时，迭代停止。
   - `reg_covar`：一个浮点数，添加到协方差矩阵对角线上元素，确保所有的协方差都是正数。
   - `max_iter`：一个整数，指定 `EM` 算法迭代的次数。
   - `n_init`：一个整数，用于指定初始化次数。即算法会运行多轮，只有表现最好的哪个结果作为最终的结果。
   - `init_params`:一个字符串，可以为 `'kmeans'/'random'`，用于指定初始化权重的策略。
     - `'kmeans'`：通过 `kmeans` 算法初始化。
     - `'random'`：随机初始化。

- `weights-init`：一个序列，形状为 `(n_components,)`，指定初始化的权重。

  如果提供该参数，则不会使用 `init_params` 来初始化权重。
- `means_init`：一个数组，形状为 `(n_components,n_features)`，指定了初始化的均值。

  如果为 `None`，则使用 `init_params` 来初始化均值。
- `precision_init`：用户提供的初始 `precisions`（协方差矩阵的逆矩阵）。如果为 `None`，则使用 `init_params` 来初始化。

  根据 `covariance_type` 的不同，该参数值的形状为不同。
  - `'spherical'` ：形状为 `[n_components,]`。
  - `'tied'`：形状为 `[n_features,n_features]`。
  - `'diag'`：形状为 `[n_components,n_features]`。
  - `'full'`：形状为 `[n_components,n_features,n_featuress]`。
- `random_state`：指定随机数种子。
- `warm_start`：一个布尔值。如果为 `True`，则上一次训练的结果将作为本次训练的开始条件。此时忽略 `n_init`，并且只有一次初始化过程发生。
- `verbose`：一个整数，指定日志打印级别。
- `verbose_interval`：一个整数，指定输出日志的间隔。

2. 属性：

- `weights_` ：一个形状为 `(n_components,)` 的数组，表示每个分模型的权重。
- `means_` ：一个形状为 `(n_components, n_features)` 的数组，表示每个分模型的均值 μ_k。
- `covariances_` ：一个数组，表示每个分模型的方差 σ_k^2。数组的形状根据方差类型有所不同。
  - `'spherical'` ：形状为 `[n_components,]`。
  - `'tied'`：形状为 `[n_features,n_features]`。
  - `'diag'`：形状为 `[n_components,n_features]`。
  - `'full'`：形状为 `[n_components,n_features,n_featuress]`。
- `precision_`：一个数组，表示精度矩阵（协方差矩阵的逆矩阵），与 `covariances_` 形状相同。
- `precisions_cholesky_`：一个数组，表示精度矩阵的 `Cholesky` 分解。

  > `Cholesky` 分解：如果 $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times n}$ 是对称正定矩阵，则存在一个对角元为正数的下三角矩阵 $\mathbf{L} \in \mathbb{R}^{n\times n}$，使得 $\mathbf{A} = \mathbf{L}\mathbf{L}^T$ 成立。
- `converged_` ：一个布尔值。当训练过程收敛时，该值为 `True`；不收敛时，为 `False` 。
- `n_iter_`：一个整数，给出 `EM` 算法收敛时的迭代步数。
- `lower_bound_`：一个浮点数，给出了训练集的对数似然函数的下界。

3. 方法：

- `fit(X[, y])`：训练模型。
- `predict(X)`：预测样本所属的簇标记。
- `fit_predict(X[, y])`：训练模型并执行聚类，返回每个样本所属的簇标记。
- `predict_proba(X)`：预测样本所属各个簇的后验概率。
- `sample([n_samples])`：根据模型来随机生成一组样本。`n_samples` 指定待生成样本的数量。
- `score(X[, y])`：计算模型在样本总体上的对数似然函数。
- `score_samples(X)`：给出每个样本的对数似然函数。

- `aic(X)`：给出样本集的 `AKaike` 信息准则。
- `bic(X)`：给出样本集的贝叶斯信息准则。

4. `AIC` 和 `BIC` 都是用于评估模型好坏的准则，用于衡量模型的复杂度和模型的精度。
   - `AIC: Akaike Information Criterion` 准则的目标是：选取 `AIC` 最小的模型。

     其中 `AIC` 定义为：$AIC=2k-2\log L$， k 为模型的参数个数， L 为模型的似然函数。
     - 当模型之间的预测能力存在较大差异时，似然函数占主导地位。
     - 当模型之间的预测能力差异不大时，模型复杂度占主导地位。
   - `BIC: Bayesian Information Criterion` 准则的目标是：选取 `BIC` 最小的模型。

     其中 `BIC` 定义为：$BIC=k\log N-2\log L$， k 为模型的参数个数， L 为模型的似然函数，N 为训练样本的数量。

     `BIC` 认为增加参数的数量也会增加模型复杂度。

     > k 并不是超参数的数量，而是训练参数的数量。

七、SpectralClustering

1. `SpectralClustering` 是 `scikit-learn` 给出的谱聚类模型。其原型为

```
class sklearn.cluster.SpectralClustering(n_clusters=8, eigen_solver=None,
random_state=None, n_init=10, gamma=1.0, affinity='rbf', n_neighbors=10,
eigen_tol=0.0, assign_labels='kmeans', degree=3, coef0=1, kernel_params=None,
n_jobs=None)
```

   - `n_clusters`：一个整数，指定降维的维数，即 k_1 。
   - `eigen_solver`：一个字符串或者 `None`，指定求解特征值的求解器。可以为：
     - `'arpack'`：使用 `arpack` 求解器。
     - `'lobpcg'`：使用 `lobpcg` 求解器。
     - `'amg'`：使用 `amg` 求解器。它要求安装 `pyamg` 。优点是计算速度快，支持大规模、稀疏数据，但是可能导致不稳定。
   - `random_state`：指定随机数种子。
   - `n_init`：一个整数，指定二次聚类时的 `k-means` 算法的 `n_init` 参数，它会重复执行 `k-means` 算法 `n_init` 轮，选择效果最好的那轮作为最终聚类的输出。
   - `affinity`：一个字符串、数组或者可调用对象，指定相似度矩阵的计算方式。
     - 如果是字符串，则必须是 `'nearest_neighbors'` 、 `'precomputed'` 、 `'rbf'` 、或者由 `sklearn.metrics.pairwise_kernels` 支持的其它核函数。
     - 如果是一个数组，则直接给出相似度矩阵。
     - 如果是可调用对象，则输入两个样本，输出其相似度。
   - `gamma`：一个浮点数，它给出了 `rbf,poly,sigmoid,laplacian,chi2` 核的系数。

     如果 `affinity='nearest_neighbors'` ，则忽略该参数。
   - `degree`：一个整数，当使用多项式核时，指定多项式的度。
   - `coef0`：一个整数，当使用多项式核和 `sigmoid` 核时，指定偏置。
   - `kernel_params`：一个字典，当 `affinity` 是可调用对象时，传给该可调用对象的关键词参数。

- `n_neighbors`：一个整数，指定当计算相似度矩阵时，考虑样本周围近邻的多少个样本。

  如果`affinity='rbf'`，则忽略该参数。
- `eigen_tol`：一个浮点数，当使用`arpack`求解器求解特征值时，指定收敛阈值。
- `assign_labels`：一个字符串，指定二次聚类的算法。
  - `'kmeans'`：使用`k-means`算法执行二次聚类。
  - `'discretize'`：使用`discretize`执行二次聚类。
- `n_jobs`：指定并行度。

2. 属性：

- `affinity_matrix`：一个形状为`(n_samples,n_samples)`的数组，给出了相似度矩阵。
- `labels_`：一个形状为`(n_samples,)`的数组，给出了每个样本的簇标记。

3. 方法：

- `fit(X[,y])`：训练模型。
- `fit_predict(X[, y])`：训练模型并执行聚类，返回每个样本所属的簇标记。