

降维

1. 降维的一些通用方法：

- `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])`：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。
- `transform(X)`：执行降维，返回降维后的样本集。
 - `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。
- `inverse_transform(X)`：执行降维的逆运算，返回降维之前的样本集合。
 - `X`：降维之后的样本集合。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])`：训练模型并执行降维，返回降维后的样本集。
 - `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。

2. 降维的一些通用参数：

- `copy`：一个布尔值，指定是否拷贝原始数据。

如果为 `False` 则执行原地修改。此时节省空间，但修改了原始数据。
- `n_jobs`：一个正数，指定任务并行时指定的 `CPU` 数量。

如果为 `-1` 则使用所有可用的 `CPU`。
- `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。
- `n_components`：一个整数，指定降维后的维数。

一、PCA

1.1 PCA

1. `scikit-learn` 中的 `PCA` 类实现了 `PCA` 模型，其原型为：

```
class sklearn.decomposition.PCA(n_components=None, copy=True, whiten=False)
```

- `n_components`：一个整数，指定降维后的维数。
 - 如果为 `None`，则选择它的值为 `min(n_samples, n_features)`。
 - 如果为字符串 `'mle'`，则使用 `Minka's MLE` 算法来猜测降维后的维数。

- 如果为大于0，小于1的浮点数，则指定的是降维后的维数占原始维数的百分比。
- `copy`：一个布尔值，指定是否拷贝原始数据。
- `whiten`：一个布尔值，指定是否执行白化操作。

如果为 `True`，则会将特征向量除以 `n_samples` 倍的特征值，从而保证非相关的输出的方差为1。

白化操作可能会丢弃部分信息，但是它有时候在接下来的学习器学习阶段能获得更佳的性能。

2. 属性：

- `components_`：一个数组，给出主成分。
- `explained_variance_`：一个数组，元素是每个成分对应的 `explained variance`。
- `explained_variance_ratio_`：一个数组，元素是每个主成分的 `explained variance` 的比例。
- `mean_`：一个数组，元素是每个特征的统计均值。
- `n_components_`：一个整数，指示主成分有多少个元素。

3. 方法：

- `fit(X[, y])`：训练模型，获取降维需要的参数。
- `transform(X)`：执行降维，返回降维后的样本集。
- `fit_transform(X[, y])`：训练模型并执行降维，返回降维后的样本集。
- `inverse_transform(X)`：执行降维的逆运算，返回降维之前的样本集合。

4. 注意：

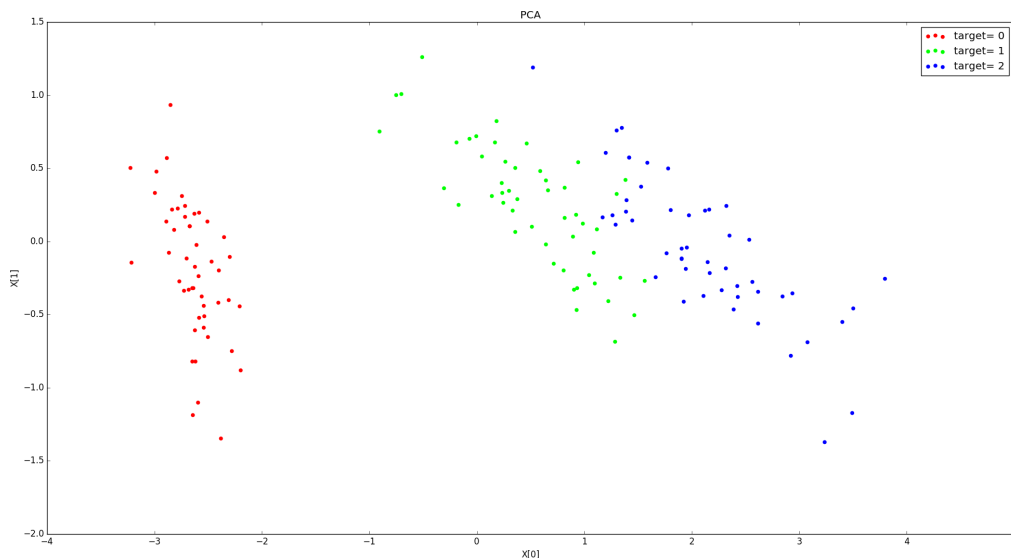
`decomposition.PCA` 基于 `scipy.linalg` 来实现 SVD 分解，因此有两个限制：

- 不能应用于稀疏矩阵。
- 无法适用于超大规模数据，因为它要求所有的数据一次加载进内存。

5. 示例：

鸢尾花数据集中，`n_components=4`；`explained_variance_ratio_=[0.92461621 0.05301557 0.01718514 0.00518309]`。

降到2维的结果为：



1.2 IncrementalPCA

1. `scikit-learn` 中的 `IncrementalPCA` 类也实现了 `PCA` 模型。它适用于超大规模数据，可以将数据分批加载进内存。

其原型为：

```
class sklearn.decomposition.IncrementalPCA(n_components=None, whiten=False,
copy=True, batch_size=None)
```

- `batch_size`：一个整数或者 `None`，指定每个批次训练时，使用的样本数量。
 - 只有当调用 `fit()/partial_fit()` 方法时，才会用到该参数。
 - 如果为 `None`，则由算法自动推断。
- 其它参数参考 `decomposition.PCA`。

2. 属性：

- `components_`：一个数组，给出主成分。
- `explained_variance_`：一个数组，元素是每个成分对应的 `explained variance`。
- `explained_variance_ratio_`：一个数组，元素是每个主成分的 `explained variance` 的比例。
- `mean_`：一个数组，元素是每个特征的统计平均值。
每调用一次 `partial_fit()` 方法就会更新一次该属性。
- `var_`：一个数组，元素是每个特征的经验方差。
每调用一次 `partial_fit()` 方法就会更新一次该属性。
- `n_components_`：一个整数，指示主成分有多少个元素。
- `n_samples_seen_`：一个整数，指示目前已经处理了多少个样本。
 - 每调用一次 `partial_fit()` 方法就会更新一次该属性。
 - 每调用一次 `fit()` 方法就会清零该属性。

3. 方法：参考 `decomposition.PCA`。

1.3 KernelPCA

1. KernelPCA 是 `scikit-learn` 实现的核化 PCA 模型，其原型为：

```
class sklearn.decomposition.KernelPCA(n_components=None, kernel='linear',
gamma=None, degree=3, coef0=1, kernel_params=None, alpha=1.0,
fit_inverse_transform=False, eigen_solver='auto', tol=0, max_iter=None,
remove_zero_eig=False)
```

- `n_components`：一个整数，指定降维后的维数。
- `kernel`：一个字符串或者可调用对象，指定核函数。
 - `'linear'`：线性核： $K(\vec{x}, \vec{z}) = \vec{x} \cdot \vec{z}$ 。
 - `'poly'`：多项式核： $K(\vec{x}, \vec{z}) = (\gamma(\vec{x} \cdot \vec{z} + 1) + r)^p$ ，其中 p 由 `degree` 参数决定， γ 由 `gamma` 参数决定， r 由 `coef0` 参数决定。
 - `'rbf'`（默认值）：高斯核函数： $K(\vec{x}, \vec{z}) = \exp(-\gamma \|\vec{x} - \vec{z}\|^2)$ ，其中 γ 由 `gamma` 参数决定。
 - `'sigmoid'`：sigmoid 核函数： $K(\vec{x}, \vec{z}) = \tanh(\gamma(\vec{x} \cdot \vec{z}) + r)$ 。其中 γ 由 `gamma` 参数决定， r 由 `coef0` 参数指定。
 - `'precomputed'`：表示提供了 `kernel matrix`。
 - 一个可调用对象，该对象用于计算 `kernel matrix`。
- `degree`：一个整数，当核函数是多项式核函数时，指定多项式的系数。

对于其他核函数，该参数无效。

- `gamma`：一个浮点数，当核函数是 `'rbf'`，`'poly'`，`'sigmoid'` 时，指定核函数的系数。
如果 `'auto'`，则表示系数为 `1/n_features`
- `coef0`：浮点数，用于指定核函数中的自由项。
只有当核函数是 `'poly'` 和 `'sigmoid'` 是有效。
- `kernel_params`：当核函数是个可调用对象时才使用它，用于为该可调用对象传递参数。
如果核函数是上述指定的字符串，则该参数不起作用。
- `alpha`：一个整数，岭回归的超参数，用于计算逆转换矩阵（当 `fit_inverse_transform=True` 时）。
- `fit_inverse_transform`：一个布尔值，指定是否需要计算逆转换矩阵。当为 `True` 时，需要计算逆转换矩阵。
- `eigen_solver`：一个字符串，指定求解特征值的算法：
 - `'auto'`：自动选择。
 - `'dense'`：`dense` 特征值求解器。
 - `'arpack'`：`arpack` 特征值求解器，用于当特征数量远小于样本数量的情形。
- `tol`：一个浮点数，指定 `arpack` 特征值求解器的收敛阈值（如果为0，则自动选择阈值）。
- `max_iter`：一个整数，指定 `arpack` 特征值求解器的最大迭代次数（如果为 `None`，则自动选择）。
- `remove_zero_eig`：一个布尔值。如果为 `True`，则移除所有为零的特征值。如果 `n_components=None`，则也会移除所有为零的特征值。

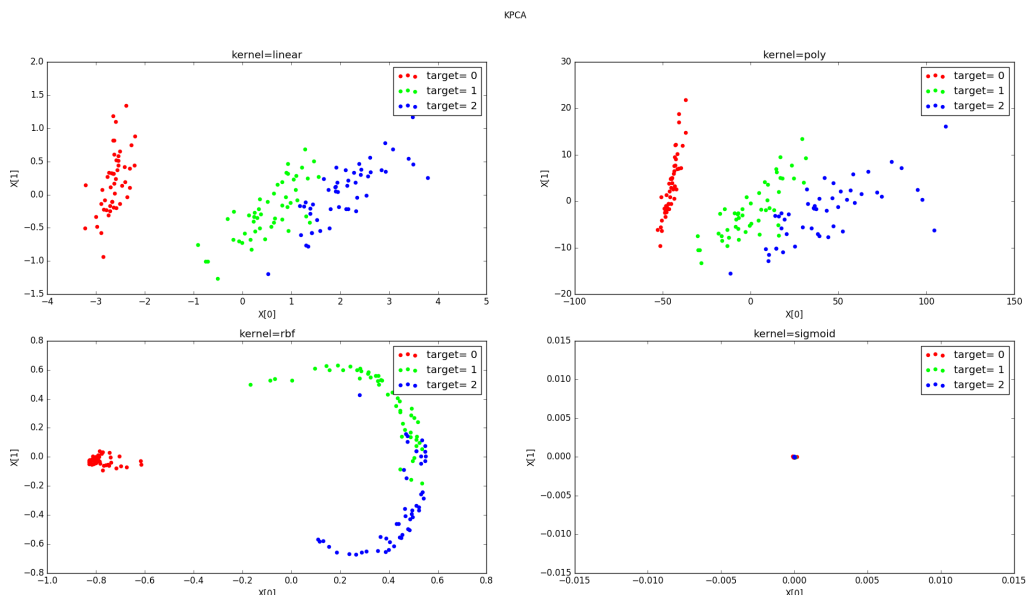
2. 属性：

- `lambdas_`：核化矩阵的特征值。
- `alphas_`：核化矩阵的特征向量。
- `dual_coef_`：逆转换矩阵。

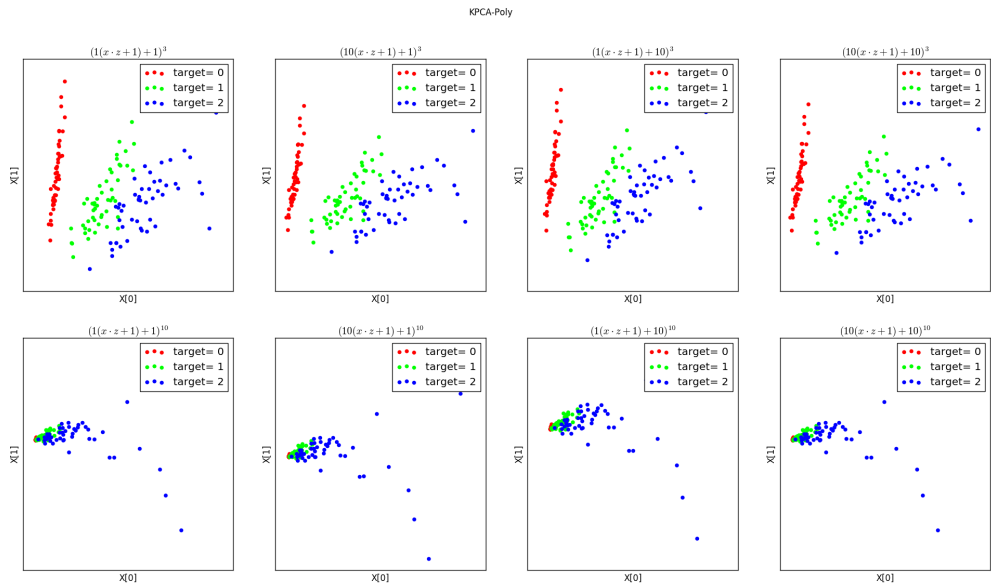
3. 方法：参考 `decomposition.PCA`。

4. 示例：

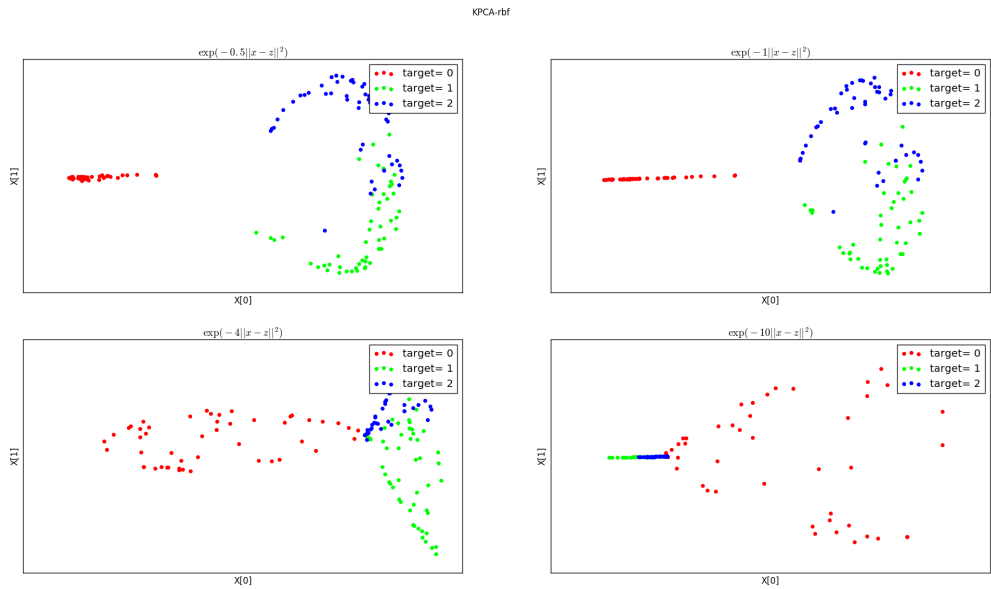
不同的核函数降维后的数据分布：



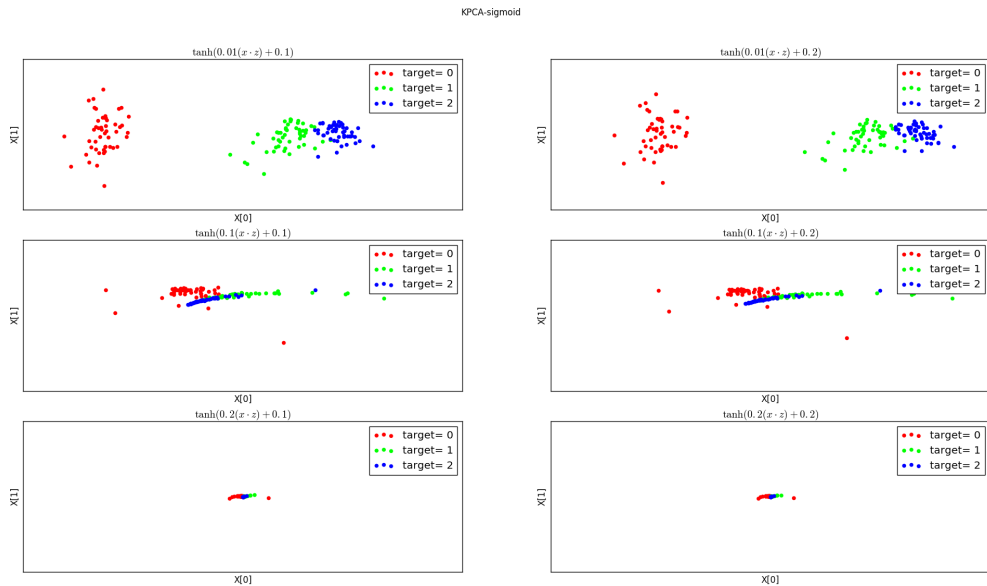
不同参数的多项式核函数降维后的数据分布：



不同参数的高斯核函数降维后的数据分布：



不同参数的 `sigmoid` 核函数降维后的数据分布：



二、MDS

1. MDS 是 `scikit-learn` 实现的多维缩放模型，其原型为：

```
class sklearn.manifold.MDS(n_components=2, metric=True, n_init=4, max_iter=300,
    verbose=0, eps=0.001, n_jobs=1, random_state=None, dissimilarity='euclidean')
```

- `metric`：一个布尔值，指定度量类型。

如果为 `True`，则使用距离度量；否则使用非距离度量 `SMACOF`。

- `n_components`：一个整数，指定降维后的维数。
- `n_init`：一个整数，指定初始化的次数。

在使用 `SMACOF` 算法时，会选择 `n_init` 次不同的初始值，然后选择这些结果中最好的那个作为最终结果。

- `max_iter`：一个整数，指定在使用 `SMACOF` 算法时得到一轮结果需要的最大迭代次数。
- `eps`：一个浮点数，用于指定收敛阈值。
- `n_jobs`：一个整数，指定并行性。
- `random_state`：一个整数或者一个 `RandomState` 实例，或者 `None`，指定随机数种子。
- `dissimilarity`：一个字符串值，用于定义如何计算不相似度。可以为：
 - `'euclidean'`：使用欧氏距离。
 - `'precomputed'`：由使用者提供距离矩阵。

2. 属性：

- `embedding_`：给出了原始数据集在低维空间中的嵌入矩阵。
- `stress_`：一个浮点数，给出了不一致的距离的总和。

3. 方法：

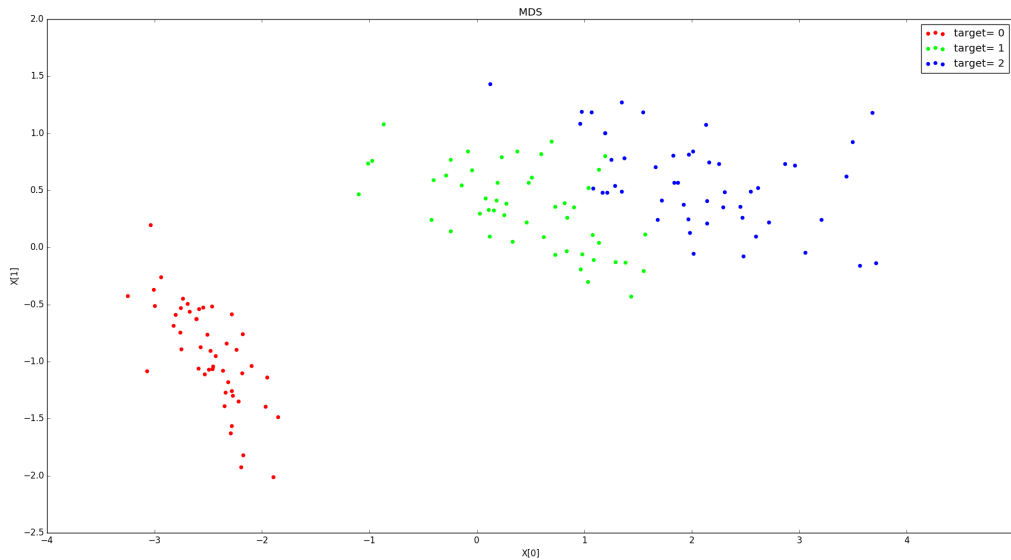
- `fit(X[, y, init])`：训练模型。
- `fit_transform(X[, y, init])`：训练模型并执行降维，返回降维后的样本集。

4. 示例：鸢尾花数据集分别降低到4、3、2、1 维时，距离的误差之和分别为：

```
stress(n_components=4) : 12.0577408711
stress(n_components=3) : 17.8262808779
stress(n_components=2) : 234.395807108
stress(n_components=1) : 23691.9560412
```

该指标并不能用于判定降维的效果的好坏，它只是一个中性指标。

降到2维的样本分布图：



三、Isomap

1. `Isomap` 类是 `scikit-learn` 提供的 `Isomap` 模型，其原型为：

```
class sklearn.manifold.Isomap(n_neighbors=5, n_components=2, eigen_solver='auto',
tol=0, max_iter=None, path_method='auto', neighbors_algorithm='auto')
```

- `n_neighbors`：一个整数，指定近邻参数 k 。
- `n_components`：一个整数，指定降维后的维数。
- `eigen_solver`：一个字符串，指定求解特征值的算法，可以为：
 - `'auto'`：由算法自动选取。
 - `'arpack'`：使用 `Arnoldi` 分解算法。
 - `'dense'`：使用一个直接求解特征值的算法（如 `LAPACK`）。
- `tol`：一个浮点数，指定求解特征值算法的收敛阈值（当 `eigen_solver='dense'` 时，该参数无用）。
- `max_iter`：一个浮点数，指定求解特征值算法的最大迭代次数（当 `eigen_solver='dense'` 时，该参数无用）。
- `path_method`：一个字符串，指定寻找最短路径算法。可以为：
 - `'auto'`：由算法自动选取。

- 'FW': 使用 Floyd_Warshall 算法。
- 'D': 使用 Dijkstra 算法。
- neighbors_algorithm: 一字符串, 指定计算最近邻的算法。可以为:
 - 'ball_tree': 使用 BallTree 算法。
 - 'kd_tree': 使用 KDTree 算法。
 - 'brute': 使用暴力搜索法。
 - 'auto': 自动决定最合适的算法。

2. 属性:

- embedding_: 给出了原始数据集在低维空间中的嵌入矩阵。
- training_data_: 存储了原始训练数据。
- dist_matrix_: 存储了原始训练数据的距离矩阵。

3. 方法:

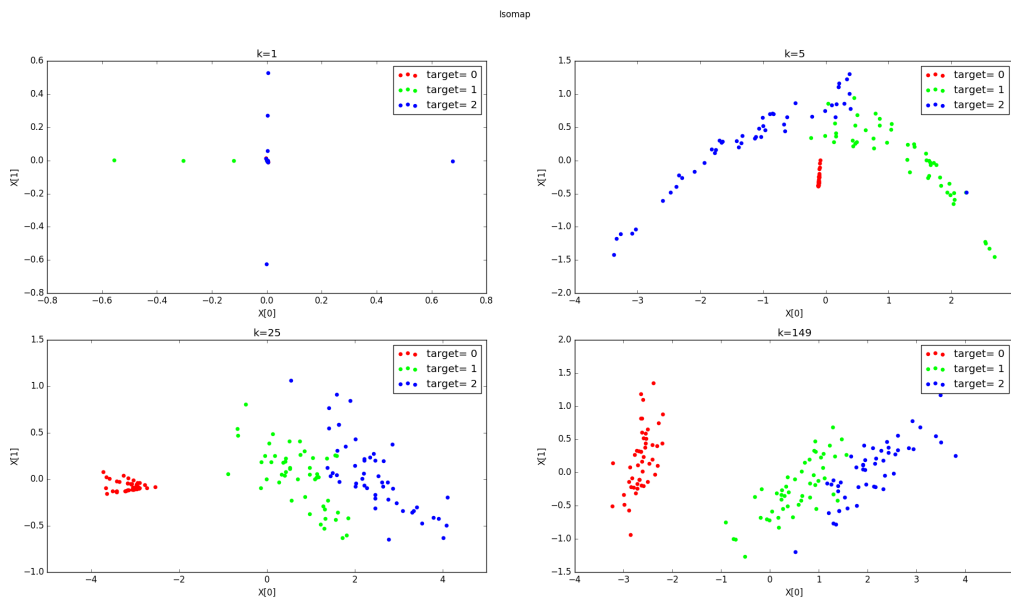
- fit(X[, y]): 训练模型。
- transform(X): 执行降维, 返回降维后的样本集。
- fit_transform(X[, y]): 训练模型并执行降维, 返回降维后的样本集。
- reconstruction_error(): 计算重构误差。

4. 示例: 鸢尾花数据集分别降低到4、3、2、1 维时, 重构误差分别为:

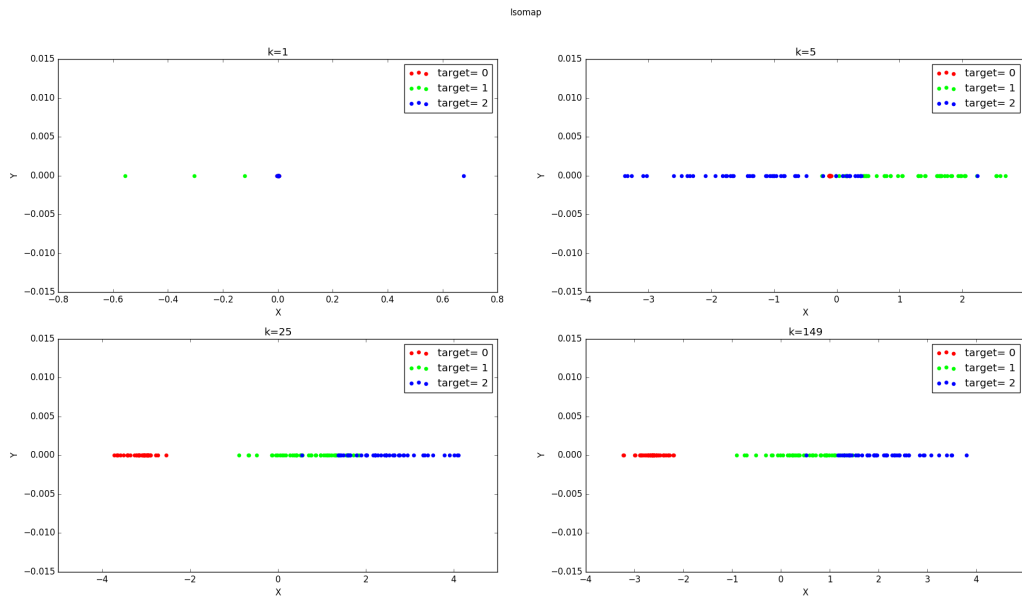
```
reconstruction_error(n_components=4) : 1.00971800681
reconstruction_error(n_components=3) : 1.01828451463
reconstruction_error(n_components=2) : 1.02769837643
reconstruction_error(n_components=1) : 1.07166427632
```

该指标并不能用于判定降维的效果的好坏, 它只是一个中性指标。

不同的 k 降维到2维后的样本的分布图如下所示。可以看到 $k=1$ 时, 近邻范围过小, 此时发生断路现象。本应该相连的区域限制被认定为不相连。



不同的 k 降维到1维后的样本的分布图如下所示。



四、LocallyLinearEmbedding

1. `LocallyLinearEmbedding` 是 `scikit-learn` 提供的 LLE 模型，其原型为：

```
class sklearn.manifold.LocallyLinearEmbedding(n_neighbors=5, n_components=2,
reg=0.001, eigen_solver='auto', tol=1e-06, max_iter=100, method='standard',
hessian_tol=0.0001, modified_tol=1e-12, neighbors_algorithm='auto',
random_state=None)
```

- `n_neighbors`：一个整数，指定近邻参数 k 。
- `n_components`：一个整数，指定降维后的维数。
- `reg`：一个浮点数，指定正则化项的系数。
- `eigen_solver`：一个字符串，指定求解特征值的算法，可以为：
 - `'auto'`：由算法自动选取。
 - `'arnpack'`：使用 `Arnoldi` 分解算法。
 - `'dense'`：使用一个直接求解特征值的算法（如 `LAPACK`）。
- `tol`：一个浮点数，指定求解特征值算法的收敛阈值（当 `eigen_solver='dense'` 时，该参数无用）。
- `max_iter`：一个浮点数，指定求解特征值算法的最大迭代次数（当 `eigen_solver='dense'` 时，该参数无用）。
- `method`：一个字符串，用于指定 LLE 算法的形式。可以为：
 - `'standard'`：使用标准的 LLE 算法。
 - `'hessian'`：使用 Hessian eigenmap 算法。
 - `'modified'`：使用 modified LLE 算法。
 - `'ltsa'`：使用 local tangent space alignment 算法。
- `hessian_tol`：一个浮点数，用于 `method='hessian'` 时收敛的阈值。
- `modified_tol`：一个浮点数，用于 `method='modified'` 时收敛的阈值。
- `neighbors_algorithm`：一字符串，指定计算最近邻的算法。可以为：

- 'ball_tree': 使用 BallTree 算法。
 - 'kd_tree': 使用 KDTree 算法。
 - 'brute': 使用暴力搜索法。
 - 'auto': 自动决定最合适的算法。
 - random_state: 一个整数或者一个 RandomState 实例, 或者 None, 指定随机数种子。
- 它用于 eigen_solver='arpack' 。

2. 属性:

- embedding_vectors_: 给出了原始数据在低维空间的嵌入矩阵。
- reconstruction_error_: 给出了重构误差。

3. 方法:

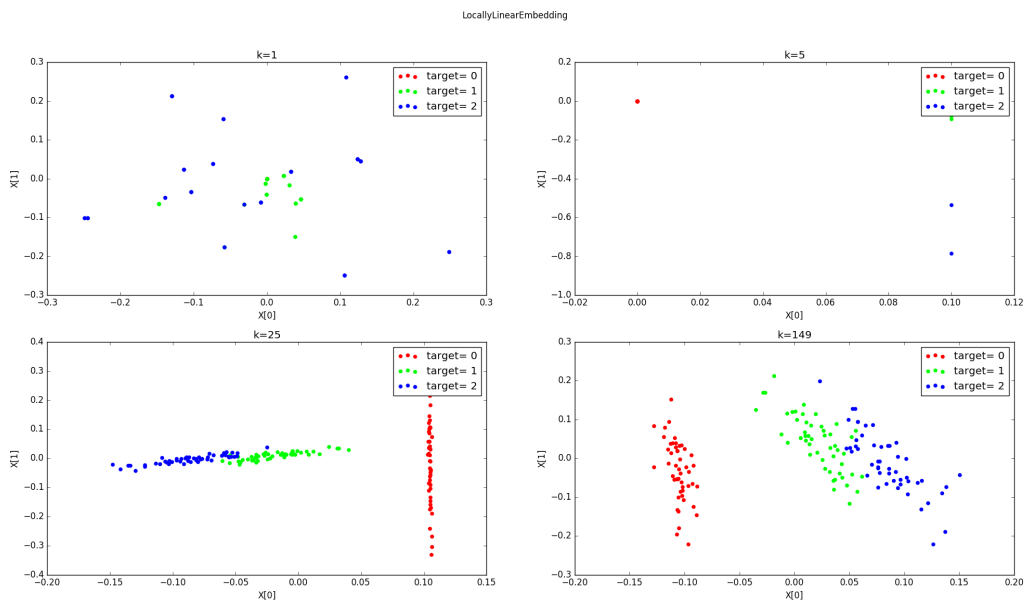
- fit(X[, y]): 训练模型。
- transform(X): 执行降维, 返回降维后的样本集。
- fit_transform(X[, y]): 训练模型并执行降维, 返回降维后的样本集。

4. 示例: 鸢尾花数据集分别降低到4、3、2、1 维时, 重构误差分别为:

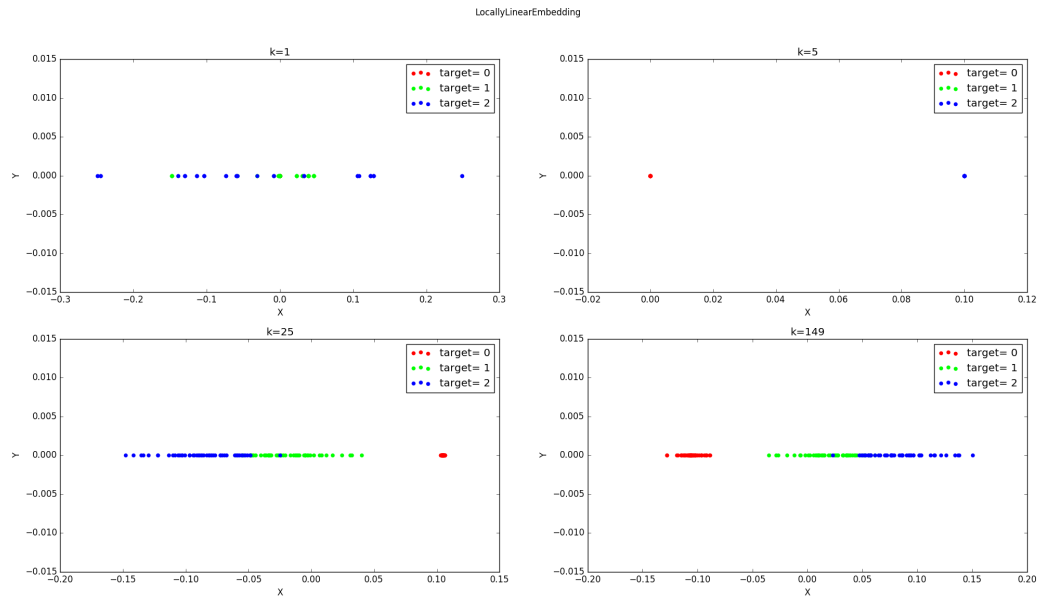
```
reconstruction_error(n_components=4) : 7.19936880176e-07
reconstruction_error(n_components=3) : 3.8706050149e-07
reconstruction_error(n_components=2) : 6.64141991211e-08
reconstruction_error(n_components=1) : -1.74047846991e-15
```

该指标并不能用于判定降维的效果的好坏, 它只是一个中性指标。

不同的 `k` 降维到2维后的样本的分布图如下所示。可以看到 `k=1, 5` 时, 近邻范围过小, 同样发生了断路现象。



不同的 `k` 降维到1维后的样本的分布图如下所示。



五、FA

1. `FactorAnalysis` 类是 `scikit-learn` 提供的 FA 模型，其原型为：

```
class sklearn.decomposition.FactorAnalysis(n_components=None, tol=0.01, copy=True,
max_iter=1000, noise_variance_init=None, svd_method='randomized', iterated_power=3,
random_state=0)
```

- `n_components`：一个整数或者 `None`，指定隐空间的维度。
如果为 `None`，则隐空间的维度为数据的特征维度。
- `tol`：一个浮点数，指定 EM 算法的收敛阈值。
- `copy`：一个布尔值，指定是否拷贝原始数据。
- `max_iter`：一个整数，指定最大的迭代次数。
- `noise_variance_init`：一个形状为 `(n_features,)` 的数组，或者为 `None`，指定噪音的协方差矩阵 Ψ （它是一个对角矩阵，该数组指定了对角矩阵的元素）的初始值。
如果为 `None`，则它等于全 1 的数据。等价于 $\Psi = \mathbf{I}$ 。
- `svd_method`：一个字符串，指定求解 SVD 的算法。可以为：
 - `'lapack'`：使用 `scipy.linalg` 的标准 SVD 求解算法。
 - `'randomized'`：使用更快的 `randomized_svd` 求解算法。
 对于大多数场景，该算法的精度已经能够满足需求。
- `iterated_power`：一个整数，指定 `power method` 的迭代次数。仅仅用于 `svd_method='randomized'`。
- `random_state`：一个整数或者一个 `RandomState` 实例，或者 `None`。指定随机数种子。

2. 属性：

- `components_`：一个形状为 `[n_components, n_features]` 的数组，给出了矩阵 \mathbf{W} 。

- `loglike_`: 一个形状为 `[n_iterations,]` 的列表, 给出了每次迭代的对数似然函数值。
- `noise_variance_`: 一个形状为 `[n_features,]` 的数组, 给出了噪音的协方差矩阵 Ψ 。
- `n_iter_`: 一个整数, 给出了迭代次数。

3. 方法:

- `fit(X[, y])`: 使用 EM 算法训练模型。
- `transform(X)`: 执行因子分析, 返回因子分析后的样本集。
- `fit_transform(X[, y])`: 训练模型并执行因子分析, 返回因子分析后的样本集。
- `get_covariance()`: 在因子分析中, 计算 $p(\vec{x})$ 的协方差矩阵, 即 \mathbf{C} 。
- `score(X[, y])`: 计算数据集的平均对数似然函数值, 返回一个浮点数。
- `score_samples(X)`: 计算每个样本的对数似然函数值, 返回一个长度为 N 的序列, N 为样本的数量。

六、FastICA

1. `FastICA` 类是 `scikit-learn` 提供的 `FastICA` 模型, 其原型为:

```
class sklearn.decomposition.FastICA(n_components=None, algorithm='parallel',
whiten=True, fun='logcosh', fun_args=None, max_iter=200, tol=0.0001, w_init=None,
random_state=None)[source]
```

- `n_components`: 一个整数或者 `None`, 指定独立成分的数量。
如果为 `None`, 则独立成分的数量为 n (观测样本的特征数)。
- `algorithm`: 一个字符串, 指定求解 `FastICA` 的算法。可以为:
 - `'parallel'`
 - `'delfation'`
- `whiten`: 一个布尔值, 指定是否执行白化预处理。
如果为 `false`, 则 `scikit-learn` 并不会对数据进行白化预处理。这要求输入数据已经被白化了。
- `fun`: 一个字符串或者可调用对象, 指定非线性函数 F , 它是 G 的原函数。可以为:
 - `'logcosh'`: 表示 $F(s) = \frac{1}{a} \log \cosh(as)$, 此时 $G(s) = \tanh(as)$ 。
 - `exp`: 表示 $F(s) = -\exp(-s^2/2)$, 此时 $G(s) = s \exp(-s^2/2)$ 。
 - `cube`: 表示 $F(s) = \frac{1}{4}s^4$, 此时 $G(s) = s^3$ 。
 - 一个可调用对象, 参数为 s , 返回值为元组: (函数值, 梯度值)。
- `fun_args`: 一个字典, 用于为 `fun` 提供关键字参数。
如果 `fun='logcosh'` 且 `fun_args` 为空, 则其默认值为 `{'alpha':1.0}`。
- `max_iter`: 一个整数, 指定最大迭代次数。
- `tol`: 一个浮点数, 指定迭代时的收敛阈值。
- `w_init`: 一个 `(n_components, n_components)` 形状的数组或者 `None`, 指定了混合矩阵 \mathbf{A} 的初始值。
- `random_state`: 一个整数或者一个 `RandomState` 实例, 或者 `None`。指定随机数种子。

2. 属性:

- `components_`: 一个形状为 `(n_components, n_features)` 的矩阵, 给出了分离矩阵 \mathbf{W} 。

- `mixing_`：一个形状为 `(n_features, n_components)` 的矩阵，给出了混合矩阵 **A**。
- `n_iter_`：一个整数，给出了迭代次数。
 - 如果算法是 `'deflation'`，则它是每个分量上迭代次数的最大值。
 - 否则它是算法收敛时的总迭代次数。

3. 方法：

- `fit(X[, y])`：训练模型。
- `transform(X)`：执行独立成分分离，返回独立因子数据集。
- `fit_transform(X[, y])`：训练模型并执行独立成分分离，返回独立因子数据集。
- `inverse_transform(X)`：执行独立成分分离的逆运算，返回混合之后的观测数据集。

七、t-SNE

1. TSNE 类是 `scikit-learn` 提供的 `t-SNE` 模型，其原型为：

```
class sklearn.manifold.TSNE(n_components=2, perplexity=30.0,
    early_exaggeration=12.0, learning_rate=200.0, n_iter=1000,
    n_iter_without_progress=300, min_grad_norm=1e-07, metric='euclidean', init='random',
    verbose=0, random_state=None, method='barnes_hut', angle=0.5)
```

- `n_components`：一个整数，指定低维空间的维度。
- `perplexity`：一个浮点数，指定了困惑度。该参数影响的是：对每个点，考虑其周围多少个邻居点。
 - 其取值范围通常在 `5~50` 之间。
 - 对于较大的数据集，该参数通常较大。
 - `t-SNE` 对于该参数不是特别敏感，因此该参数不是特别重要。
- `early_exaggeration`：一个浮点数，指定了早期对 $q_{i,j}$ 放大的倍数。
 - 如果该数值较大，则相当于将高维空间中的点执行压缩。
 - `t-SNE` 对于该参数不是特别敏感，因此该参数不是特别重要。
- `learning_rate`：一个浮点数，指定学习率。通常范围是在 `[10.0, 1000.0]`。
 - 如果学习率过高，则降维之后的数据就像一个球体，每个点与它最近邻点的距离都几乎相等。
 - 如果学习率过低，则降维之后的数据看起来像是一个密集的压缩云，以及云外少量的异常点。
 - 如果代价函数陷入了局部极小值，则增加学习率会有帮助。
- `n_iter`：一个整数，指定最大的迭代次数。
- `n_iter_without_progress`：一个整数，在结束优化之前的、不在进度之内的最大迭代次数。主要用于初始化时的 `early_exaggeration`。
- `min_grad_norm`：一个浮点数，指定梯度的阈值。如果梯度小于该阈值，则优化过程停止。
- `metric`：一个字符串或者可调用对象，指定距离的度量函数。
 - 如果是字符串，则它必须匹配 `scipy.spatial.distance.pdist` 的 `metric` 参数。
 - 如果是字符串 `'precomputed'`，则 `X` 必须是一个距离矩阵。
 - 如果是可调用对象，则它传入一对样本点返回一个距离值。
- `init`：一个字符串或者 `numpy array`，指定初始化策略。
 - `'random'`：使用随机初始化。
 - `'pca'`：使用 PCA 初始化。它通常会更健壮。

- 或者是一个形状为 `(n_samples, n_components)` 的 `array`：直接初始化。
- `verbose`：一个整数，指定日志输出的级别。
- `random_state`：一个整数或者一个 `RandomState` 实例，或者 `None`。指定随机数种子。
- `method`：一个字符串，指定梯度计算策略。
 - `'barnes_ht'`：使用 `Barnes-Hut` 近似算法，它计算梯度的近似值，计算复杂度为 $O(N \log N)$ 。
 - `'exact'`：计算梯度的精确值，计算复杂度为 $O(N^2)$ 。
- `angle`：一个浮点数，用于 `method='barnes_ht'`，用于平衡速度和准确率。

该参数在 `0.2-0.8` 之间变化时，`t-SNE` 的结果不会发生太大的变化。

- 如果该参数小于 `0.2`，则计算时间会迅速增长。
- 如果该参数大于 `0.8`，则计算误差会迅速增长。

2. 属性：

- `embedding_`：一个形状为 `(n_samples, n_components)` 的数组，给出了数据集在低维空间的表示。
- `kl_divergence_`：一个浮点数，给出了优化后的 `KL` 散度。
- `n_iter_`：一个整数，给出了执行的迭代次数。

3. 方法：

- `fit(X[, y])`：训练模型。
- `fit_transform(X[, y])`：训练模型，并返回训练数据集在低维空间中的表示。