

UNIVERSIDADE FEDERAL DE JUIZ DE FORA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS EXATAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MATEMÁTICA

Daniel Moraes Barbosa

Decomposição em modos dinâmicos e a dinâmica da dengue no Brasil

Juiz de Fora

2021

Daniel Moraes Barbosa

Decomposição em modos dinâmicos e a dinâmica da dengue no Brasil

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Matemática da Universidade Federal de Juiz de Fora como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Matemática. Área de concentração: Matemática Aplicada

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Lucy Tiemi Takahashi

Coorientador: Prof. Dr. Luis Alberto D'Afonseca

Juiz de Fora

2021

Ficha catalográfica elaborada através do Modelo Latex do CDC da UFJF
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

Barbosa, Daniel Moraes.

Decomposição em modos dinâmicos e a dinâmica da dengue no Brasil /
Daniel Moraes Barbosa. – 2021.

83 f. : il.

Orientadora: Lucy Tiemi Takahashi

Coorientador: Luis Alberto D’Afonseca

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Juiz de Fora, Instituto
de Ciências Exatas. Programa de Pós-Graduação em Matemática, 2021.

1. Dengue. 2. Modelagem. 3. Ciência de Dados. I. Tiemi Takahashi,
Lucy, orient. II. Alberto D’Afonseca, Luis, coorient. III. Título.

Daniel Moraes Barbosa

Decomposição em modos dinâmicos e a dinâmica da dengue no Brasil

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Matemática da Universidade Federal de Juiz de Fora como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Matemática. Área de concentração: Matemática Aplicada

Daniel Moraes Barbosa

Decomposição em modos dinâmicos e a dinâmica da dengue no Brasil

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Matemática da Universidade Federal de Juiz de Fora como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Matemática. Área de concentração: Matemática Aplicada

Aprovada em 4 de março de 2021

BANCA EXAMINADORA



Prof.^a. Dr.^a. Lucy Tiemi Takahashi - Orientadora
Universidade Federal de Juiz de Fora



Prof. Dr. Luis Alberto D'Afonseca - Coorientador
Centro Federal de Educação Tecnológica de
Minas Gerais



Prof. Dr. Rodrigo Tomás Nogueira Cardoso
Centro Federal de Educação Tecnológica de
Minas Gerais



Prof. Dr. Carlos Magno Martins Cosme
Centro Federal de Educação Tecnológica de
Minas Gerais

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus pelo gosto de descobrir e aprender sempre mais.

À minha família por todo o apoio e incentivo nos meus estudos.

Aos meus queridos amigos que sempre me incentivaram e me foram companhia, em especial aos colegas de mestrado, com os quais sempre dividi os estudos e as risadas.

Aos meus orientadores, Lucy e Luis, sempre dispostos a me corrigir e ensinar um pouco mais.

Aos membros da banca por me ajudarem a melhorar esse trabalho.

Aos professores que me acompanharam até esse momento, me introduzindo a esse mundo encantador da matemática.

A UFJF e ao Departamento de Matemática que se tornaram um lar nesse período.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento (CNPq) pelo apoio financeiro no Programa de Iniciação Científica e Mestrado (PICME).

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior-Brasil (CAPES) pelo fundamental apoio no mestrado (Código de Financiamento 001).

“Pensava que nós seguíamos caminhos já feitos, mas parece que não os há. O nosso ir faz o caminho.”

C.S.Lewis.

RESUMO

Devido ao crescente volume de dados armazenados e acessíveis aos pesquisadores, técnicas de modelagem baseadas em dados vêm surgindo. Seguindo essa tendência, neste trabalho é realizado um estudo de uma técnica de decomposição de matrizes de dados, a Decomposição em Modos Dinâmicos. A decomposição é aplicada em matrizes estruturadas, em *snapshots*, para se obter os modos, que são vetores que descrevem a distribuição espacial de fase e amplitude associados a uma única frequência. Por meio desses modos recupera-se e extrai-se informações da dinâmica que gerou os dados. São apresentadas ferramentas necessárias para construir a decomposição, e de como se obter e extrair informações relevantes dos modos, assim como são exibidas algumas limitações do método. Por fim a decomposição em modos dinâmicos é aplicada nos dados da dengue no Brasil, disponibilizados pelo Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde, do período de 2014 a 2019.

Palavras-chave: Dengue, Modelagem, Ciência de Dados.

ABSTRACT

Due to the rising volume of accessible stored data, data based modelling techniques, has been appearing. Following this trend in this work a study on a data matrix decomposition technique, the Dynamic Mode Decomposition, is performed. By taking matrices structured in snapshots the decomposition is applied to obtain the modes, vectors that describe a spacial phase and amplitude distribution associated to a single frequency. Through these modes information from the original dynamic is recovered and extracted. The necessary tools to construct this decomposition, and extract most relevant information from the modes, are presented, some limitations of the method are also shown. Lastly the dynamic mode decomposition is applied in Brazil's dengue data, gathered by the Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde, in the period of 2014 to 2019.

Keywords: Dengue, Modelling, Data Science.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Diferentes amostragens da função Cosseno com uma frequência de 60 Hz.	35
Figura 2 – Diagrama da decomposição SVD da matriz X_1	39
Figura 3 – Diagrama das relações entre os operadores definidos até a obtenção dos Modos Dinâmicos.	42
Figura 4 – Variações de comportamento da exponencial complexa.	44
Figura 5 – Mapa de intensidade das partes real e imaginária da função $f(x, t) = \text{sech}(x + 3)e^{i\pi t}$	51
Figura 6 – Energia associada a cada um dos 100 valores singulares obtidos na decomposição SVD da matriz de dados.	52
Figura 7 – As parte reais da reconstrução via DMD utilizando apenas um modo, e o gráfico da reconstrução em $x = -4,14$	53
Figura 8 – Distribuição espacial da função adotada e parte real do modo sobrepostos.	54
Figura 9 – Distribuição espacial de fase associado ao modo ϕ	54
Figura 10 – Reconstrução das partes real e imaginária da soma de exponenciais complexas (4.2).	55
Figura 11 – Partes real e imaginária e respectiva reconstruções da função $f(x, t) = \text{sech}(x + 3)(e^{i\pi t} + e^{4i\pi t})$	56
Figura 12 – Partes real e complexa e respectiva reconstruções da soma de exponenciais modificada	56
Figura 13 – Partes real, em azul, e imaginária, em vermelho, da exponencial complexa (4.5)	57
Figura 14 – Em pontilhado a reconstrução via DMD da exponencial complexa (4.5) sobreposta a função original.	58
Figura 15 – Em pontilhado a reconstrução via DMD da função cosseno, (4.6), em linha contínua.	58
Figura 16 – Em pontilhado a reconstrução via DMD com <i>Data-shifting</i> da função cosseno, (4.6), em linha contínua.	60
Figura 17 – Em pontilhado a reconstrução via DMD com <i>Data-Shifting</i> e maior amostragem da função cosseno, em linha contínua.	61
Figura 18 – Espectros exibindo amplitude e frequências, à esquerda do dado usado e à direita o espectro utilizado na transformada inversa.	62
Figura 19 – Reconstrução via DMD do dado complexificado e dado original.	63
Figura 20 – Reconstrução via DMD do dado complexificado e dado original com maior amostragem.	63

Figura 21 – Espectro e reconstrução da complexificação do cosseno com frequência mais baixa.	64
Figura 22 – Número de casos totais (em milhares) da dengue no Brasil no período de 2014 a 2019. Dados obtidos no DATASUS (1).	67
Figura 23 – Número de casos (em milhares) em alguns municípios no período de 2014 a 2019.	68
Figura 24 – Mapa de intensidade do número de casos da dengue em cada município brasileiro.	68
Figura 25 – Valores singulares e erro máximo obtido.	69
Figura 26 – Reconstrução via DMD utilizando os dados dos 5570 municípios nas 313 semanas epidemiológicas tomando 157 valores singulares.	70
Figura 27 – Dado original, em linha contínua, e a reconstrução via DMD, em linha pontilhada, dos municípios da Tabela 2, com a utilização de 157 valores singulares.	71
Figura 28 – Relevância normalizada por período associado a cada modo obtido.	72
Figura 29 – Distribuição espacial de fase, em anos, dos municípios brasileiros com mais de 50 mil habitantes.	73
Figura 30 – Distribuição espacial das fases, em anos, dos municípios brasileiros com mais de 50 mil habitantes, separados em 4 faixas de fase, iniciando em agosto e terminando em julho.	74

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Características e restrições da DMD apresentadas no Capítulo 4.	65
Tabela 2 – Formato dos dados de casos por município a cada semana epidemiológica, no período d ano de 2014, obtidos pelo DATASUS.	67

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	14
2.1	MATRIZES	14
2.2	PSEUDOINVERSA DE MOORE-PENROSE	17
2.3	QUADRADOS MÍNIMOS E A PSEUDOINVERSA	23
2.4	DECOMPOSIÇÃO EM VALORES SINGULARES	26
2.5	TRANSFORMADA DE FOURIER	29
3	DECOMPOSIÇÃO EM MODOS DINÂMICOS	36
3.1	RECURSÃO ENTRE <i>SNAPSHOTS</i>	37
3.2	REDUÇÃO DE DIMENSÃO DOS DADOS	38
3.3	OS MODOS DINÂMICOS	40
3.4	RECONSTRUÇÃO POR MEIO DE MODOS DINÂMICOS	42
3.5	FORMULAÇÃO CONTÍNUA DO DMD	43
3.6	DETERMINAÇÃO DOS COEFICIENTES	46
4	EXPLORANDO A DMD	51
4.1	MODOS COM UMA ÚNICA FREQUÊNCIA	51
4.2	MODOS COM MULTIFREQUÊNCIAS	54
4.3	DMD COM DADO DE ENTRADA REAL	57
4.4	DATA-SHIFTING	58
4.5	COMPLEXIFICAÇÃO DE ENTRADAS REAIS	61
5	ESTUDO DE CASO: DENGUE NO BRASIL	66
5.1	A DENGUE NO BRASIL	66
5.2	OBTENÇÃO E TRATAMENTO DOS DADOS	66
5.3	APLICAÇÃO DA DMD	69
5.4	PRINCIPAIS MODOS DINÂMICOS	71
6	CONCLUSÃO	75
	REFERÊNCIAS	77
	APÊNDICE A – Códigos Utilizados	80
A.1	Cálculo dos modos dinâmicos	80
A.2	Matriz de reconstrução e de erros obtidos	82

1 INTRODUÇÃO

A contínua e crescente capacidade de armazenamento de dados deu lugar, em tecnologia da informação, ao que chamamos de Big Data (2), que é um grande conjunto de dados que podem ser gerados, ou capturados, por fontes como transações (ex. compras pela internet), comunicações e mensagens (ex. celulares), imagens, buscas, etc. O Big Data se caracteriza por ter um grande volume, uma grande variedade e uma grande velocidade. Estes dados, em geral, não são planejados, nem estruturados e, portanto, são chamados de orgânicos.

Tendo isso em vista surge o conceito de Modelagem Baseada em Dados, conhecida também como Data-Driven Modelling, (3), por meio da qual busca-se extrair informações de um fenômeno com base nos dados disponíveis, ao contrário do que fazemos na modelagem tradicional onde estabelecemos uma dinâmica para produzir dados e compará-los com os dados disponíveis. Este é um método que necessita de um grande volume de dados e, portanto, é dependente da qualidade desses dados.

Pesquisadores têm apresentado trabalhos utilizando informações extraídas do Big Data. Wesolowski *et al.*, (4), comparam dados de telefones móveis com o fluxo da rubéola no Kênia e Yang *et al.*, (5), utilizam um modelo de autoregressão, para rastrear a gripe através das pesquisas feitas no Google, (6), sobre a gripe.

Já Proctor e Eckhoff, (7), também utilizam o Big Data para estudar a dinâmica da gripe nos Estados Unidos utilizando dados do *Google Flu Trends*, (6), e para as dinâmicas do sarampo no Reino Unido e da poliomelite na Nigéria utilizam dados da pré-vacinação, mas esses autores utilizam o método matemático chamado Decomposição em Modos Dinâmicos (DMD) para analisar esses dados.

A DMD é um procedimento para a redução de dimensão do espaço de estado de um fenômeno, mantendo suas características principais. Desenvolvida por Peter J. Schmid em 2008, para estudar campos de fluxo na hidrodinâmica, ele apresenta a DMD como sendo um método capaz de extrair informações dinâmicas do fluxo (8). A DMD determina um conjunto formado por modos dinâmicos espaciais que estão associados a frequências de oscilação fixas e a taxas de crescimento/decaimento. Diferentemente da Análise de Componentes Principais (*Principal Component Analysis* - PCA), (9), que é um outro método também baseado na Decomposição em Valores Singulares (*Singular Value Decomposition* - SVD), a DMD determina modos não ortogonais, o que pode ser mais trabalhoso de se interpretar, mas que associa cada modo a uma frequência fixa.

Proctor, (7), e Kutz, (10), ressaltam que a DMD é adequada para modelar fenômenos dinâmicos temporais e complexos, com uma distribuição baseada em uma grande quantidade de dados, e que o método é caracterizado por usar um conhecimento analítico que visa descobrir um modelo dinâmico a partir de um conjunto de dados de alta dimensão,

por meio de uma projeção em espaços de baixa dimensão que mantém apenas informações significativas.

Trabalhos recentes têm utilizado algumas variações da DMD para produzir modelos e estudar dinâmicas epidemiológicas, destacamos o trabalho de Bistrian *et al.*, (11), que utilizam um modelo preditivo baseado na DMD para identificação da dinâmica da COVID-19 ao redor do mundo.

Nesse trabalho apresentamos um estudo sobre a DMD e uma aplicação em dados empíricos. Para tanto no segundo capítulo trazemos conceitos e definições da teoria de Álgebra Linear, e apresentamos a Transformada de Fourier, pois compõem a base necessária para a construção e utilização do método.

Ao longo do terceiro capítulo descrevemos a DMD, definindo os modos dinâmicos, como podem ser obtidos e suas principais características.

No quarto capítulo, aplicamos a DMD em dados sintéticos explorando suas características, ilustrando seu potencial e identificando limitações. Oferecemos, também, estratégias para contornar algumas dessas limitações.

No quinto capítulo em um conjunto de dados da dengue, extraídos do Sistema Único de Saúde (SUS) brasileiro, explicamos como os dados foram tratados, e aplicamos o método e a reconstrução, e exibimos as principais informações obtidas por meio deste procedimento.

Finalmente, no Capítulo 6, apresentamos uma discussão sobre o método, suas características e nossas conclusões sobre sua aplicação.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

As matrizes e a Transformada de Fourier são as ferramentas principais utilizadas nesse trabalho. Assim, esse capítulo consiste em apresentar algumas definições e alguns resultados dessas duas teorias. O capítulo é então dividido em dois grupos de seções, nas quatro primeiras, versamos sobre matrizes (Álgebra Linear), baseados nos trabalhos de Barata & Hussein (12), Hoffman & Kunze (13), Million (14) e Strang, (15), e no segundo grupo, Seção 2.5, apresentamos uma introdução à Transformada de Fourier e o critério de Nyquist baseados no trabalho de Oliveira (16). Mais detalhes e demonstrações complementares dessas teorias também podem ser encontradas em (12, 13, 14, 15, 16).

2.1 MATRIZES

Adotamos a notação $M(K, m, n)$ para representar o espaço das matrizes com entradas no corpo K , onde $K \in \{\mathbb{R}, \mathbb{C}\}$, de m linhas e n colunas. Quando $m = n$ usamos a notação $M(K, m)$.

Dada uma matriz $A \in M(K, m)$ denotamos por $\det(A)$ o seu determinante, por $\text{tr}(A)$ o seu traço, por A^t a sua transposta, e por A^* a sua adjunta. Além disso para o núcleo de A adotamos a notação $\text{Ker}(A)$, para sua imagem $\text{Im}(A)$ e para o seu posto $\text{rank}(A)$. Essas definições podem ser vistas em Strang (15), além de suas propriedades. Além disso adotamos a notação de $\mathcal{R}(x)$ e $\mathcal{I}(x)$ para denotar, respectivamente, a parte real e a parte imaginária de $x \in \mathbb{C}$.

A seguir apresentamos a definição da norma de Frobenius, que é utilizada, nesse trabalho para comparar matrizes.

Definição 2.1.1. *A norma de Frobenius da matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$ é dada por*

$$\|A\|_F = \sqrt{\sum_{j=1}^m \sum_{k=1}^n |a_{jk}|^2}$$

ou, analogamente,

$$\|A\|_F = \text{tr}(AA^*)^{1/2}.$$

Destacaremos agora uma matriz que será utilizada na próxima seção.

Definição 2.1.2. *(Matriz de Vandermonde) Dado um vetor $a = (a_1, \dots, a_n) \in \mathbb{C}^n$, definimos a matriz de Vandermonde de a , de grau k , a matriz cujas entradas em cada linha estão em progressão geométrica de uma das coordenadas do vetor a , isto é*

$$\mathcal{V}_k(a) = \begin{pmatrix} 1 & a_1 & \dots & a_1^{k-1} \\ 1 & a_2 & \dots & a_2^{k-1} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & a_n & \dots & a_n^{k-1} \end{pmatrix}. \quad (2.1)$$

Definimos agora uma notação para indicar a construção de matrizes diagonais a partir de um vetor $b \in \mathbb{C}^n$. Dado

$$b = \begin{pmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_n \end{pmatrix} \in \mathbb{C}^n$$

seja

$$D_b = \begin{pmatrix} b_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & b_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & 0 & b_n \end{pmatrix},$$

a matriz diagonal associada ao vetor b , que denotamos por $D_b = (d_{b_{ij}})$.

Definimos também uma operação entre matrizes, onde os elementos são multiplicados entrada a entrada, além de aparecer em alguns resultados à frente tal forma de operação também é utilizada para reduzir o número de repetições ao longo de um código computacional, processo conhecido como Vetorização.

Definição 2.1.3. *Dadas as matrizes $A, B \in M(\mathbb{C}, m, n)$, tais que $A = (a_{jk})$ e $B = (b_{jk})$. O produto de Hadamard de A e B é dado por*

$$A \otimes B = (a_{jk}b_{jk}),$$

ou seja, é o produto entrada a entrada de duas matrizes.

A partir dessa definição enunciamos o Teorema do Produto de Schur (14).

Teorema 2.1.1. *(Teorema do Produto de Schur) Dadas as matrizes $A, B \in M(\mathbb{C}, m, n)$ positivas semi-definidas, isto é, $z^*Az \geq 0$ para todo $z \in \mathbb{C}^n$ não nulos, analogamente para B , então o produto de Hadamard, $A \otimes B$, é positivo semi-definido.*

Apresentamos agora algumas propriedades do traço de matrizes.

Proposição 2.1.1. *Sejam as matrizes $P \in M(\mathbb{C}, n, m)$, e $Q \in M(\mathbb{C}, m, n)$, e os escalares $\alpha \in \mathbb{C}^n$ e $\beta \in \mathbb{C}^m$ então*

1. $\text{tr}(PQ) = \text{tr}(QP)$;
2. $\text{tr}(Q \otimes D_\beta) = \text{diag}(Q)^t \beta = \left(\overline{\text{diag}(Q)} \right)^* \beta$;
3. $\text{tr}(D_\beta^* Q D_\alpha P) = \beta^* (Q \otimes P^t) \alpha$.

Demonstração.

Sejam $P = (p_{kj}) \in M(\mathbb{C}, n, m)$ e $Q = (q_{kj}) \in M(\mathbb{C}, m, n)$.

1. Como, $\text{tr}(PQ) = \sum_{k=1}^m \sum_{j=1}^n p_{kj}q_{jk} = \sum_{j=1}^n \sum_{k=1}^m q_{jk}p_{kj} = \text{tr}(QP)$, segue o resultado.
2. Como D_β é uma matriz diagonal, com $D_\beta = (d_{\beta_{jk}})$

$$(QD_\beta)_{kk} = \sum_{j=1}^n b_{kj}d_{\beta_{jk}} = q_{kk}d_{\beta_{kk}} = q_{kk}\beta_k,$$

portanto,

$$\text{tr}(QD_\beta) = \sum_{k=1}^m q_{kk}\beta_k = \text{diag}(Q)^t \beta = \left(\overline{\text{diag}(Q)}\right)^* \beta.$$

3. Temos que

$$D_\beta^* Q = \begin{pmatrix} \bar{\beta}_1 q_{11} & \bar{\beta}_1 q_{12} & \cdots & \bar{\beta}_1 q_{1n} \\ \bar{\beta}_2 q_{21} & \bar{\beta}_2 q_{22} & & \bar{\beta}_2 q_{2n} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ \bar{\beta}_m q_{m1} & \bar{\beta}_m q_{m2} & \cdots & \bar{\beta}_m q_{mn} \end{pmatrix},$$

analogamente,

$$D_\alpha P = \begin{pmatrix} \alpha_1 p_{11} & \alpha_1 p_{12} & \cdots & \alpha_1 p_{1m} \\ \alpha_2 p_{21} & \alpha_2 p_{22} & & \alpha_2 p_{2m} \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ \alpha_n p_{n1} & \alpha_n p_{n2} & \cdots & \alpha_n p_{nm} \end{pmatrix},$$

de forma que

$$(D_\beta^* Q D_\alpha P)_{kk} = \sum_{j=1}^n \bar{\beta}_k \alpha_j q_{kj} p_{jk},$$

$$\begin{aligned} \text{tr}(D_\beta^* B D_\alpha A) &= \sum_{k=1}^m \sum_{j=1}^n \bar{\beta}_k \alpha_j q_{kj} p_{jk} = \sum_{k=1}^m \bar{\beta}_k \sum_{j=1}^n \alpha_j q_{kj} p_{jk} \\ &= \sum_{k=1}^m \bar{\beta}_k \sum_{j=1}^n \alpha_j (Q \otimes P^t)_{kj} \\ &= \sum_{i=1}^m \bar{\beta}_k (Q \otimes P^t \alpha)_k \\ &= \beta^* (Q \otimes P^t) \alpha. \end{aligned}$$

Assim concluímos que as propriedades são válidas. □

Um polinômio importante das matrizes surge a partir do determinante, como definimos a seguir.

Definição 2.1.4. *O polinômio característico de uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, m)$ é dado por*

$$p_A(\lambda) = \det(A - \lambda I).$$

As raízes da equação $p_A(\lambda) = 0$ com relação a λ são chamadas de autovalores da matriz A . Os vetores v , não nulos, que satisfazem a equação $Av = \lambda v$, são chamados de autovetores de A associados ao autovalor λ . Os autovalores complexos que não são reais aparecem aos pares, no sentido que o conjugado do autovalor também é autovalor.

2.2 PSEUDOINVERSA DE MOORE-PENROSE

Trabalhando no contexto de Matrizes de Dados é de se esperar que nossas matrizes não sejam quadradas, com isso surge a necessidade de definir algo próximo de uma inversa num contexto mais geral. Os resultados desta e das duas próximas seções seguem o caminho definido por Barata & Hussein (2011) (12).

Definição 2.2.1. (Inversa Generalizada) Seja a matriz $A \in M(\mathbb{C}, n, m)$, dizemos que a matriz $G \in M(\mathbb{C}, m, n)$ é a inversa generalizada de A se

$$AGA = A.$$

Definição 2.2.2. (Inversa Generalizada Reflexiva) Seja a matriz $A \in M(\mathbb{C}, n, m)$, dizemos que a matriz $G \in M(\mathbb{C}, m, n)$ é a inversa generalizada reflexiva de A se

$$GAG = G.$$

Tais definições surgem da propriedade $AG = I_d = GA$, e estendem o conceito da inversa para matrizes que não possuem inversa.

Definição 2.2.3. (Inversa de Moore-Penrose) Seja a matriz $A \in M(\mathbb{C}, n, m)$, dizemos que a matriz $A^\dagger \in M(\mathbb{C}, m, n)$ é a pseudoinversa de A se

- (i) A^\dagger é inversa generalizada de A ;
- (ii) A^\dagger é inversa generalizada reflexiva de A ;
- (iii) $(AA^\dagger)^* = AA^\dagger$;
- (iv) $(A^\dagger A)^* = A^\dagger A$.

A matriz A^\dagger é unicamente definida, como mostra o seguinte resultado.

Teorema 2.2.1. Se uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, n, m)$ possui pseudoinversa A^\dagger então esta é única.

Demonstração.

Sejam $A \in M(\mathbb{C}, n, m)$ e duas matrizes $X, Y \in M(\mathbb{C}, m, n)$ satisfazendo as propriedades (i)-(iv), temos

$$X \stackrel{(ii)}{=} XAX \stackrel{(iv)}{=} X(AX)^* = XX^*A^*$$

$$\begin{aligned}
&\stackrel{(i)}{=} XX^*(AYA)^* = XX^*A^*(AY)^* = X(AX)^*(AY)^* \\
&\stackrel{(iii)}{=} XAXAY \stackrel{(i)}{=} XAY \stackrel{(ii)}{=} XAYAY \\
&\stackrel{(iv)}{=} (XA)^*(YA)^*Y = (XA)^*A^*Y^*Y = (AXA)^*Y^*Y \\
&\stackrel{(i)}{=} A^*Y^*Y = (YA)^*Y \stackrel{(iv)}{=} YAY \stackrel{(ii)}{=} Y,
\end{aligned}$$

isto é, $X = Y$. □

Logo a pseudoinversa de uma matriz inversível é a sua própria inversa, de fato, a inversa atende todas as propriedades de pseudoinversa.

A existência de tal matriz A^\dagger é sempre garantida, para isso basta caracterizar a Definição 2.2.3 via limites. Apresentamos agora 5 lemas que são necessários para demonstrar a existência de tal inversa.

Lema 2.2.1. *Sejam as matrizes $A, B \in M(\mathbb{C}, n)$ com B não singular, então existem $M_2 \geq M_1 > 0$, tais que $A + \mu B$ é invertível para todo $\mu \in \mathbb{C}$ tais que $0 < |\mu| < M_1$ e $|\mu| > M_2$.*

Demonstração.

Como B é não singular e quadrada ela possui inversa, B^{-1} , temos então que $A + \mu B = (AB^{-1} + \mu I)B$. Logo $A + \mu B$ tem inversa se, e somente se, $AB^{-1} + \mu I$ é não singular.

Sejam $C = -AB^{-1}$ e $\{\lambda_1, \dots, \lambda_n\} \subset \mathbb{C}$ as n raízes do polinômio característico de C , $p_C(\lambda)$.

Se $\lambda_j = 0$ para $j = 1, \dots, n$, tome quaisquer $M_1 = M_2 > 0$.

Caso contrário, tome $M_1 = \min_{\lambda_j \neq 0} \{|\lambda_j|\}$ e $M_2 = \max_{j=1, \dots, n} \{|\lambda_j|\}$.

Então não existem raízes de $p_C(\lambda)$ nos conjuntos $\{\mu \in \mathbb{C}, 0 < |\mu| < M_1\}$ e $\{\mu \in \mathbb{C}, |\mu| > M_2\}$, isto é, $\mu I - C = AB^{-1} + \mu I$ é não singular. □

Lema 2.2.2. *Sejam as matrizes $A, B \in M(\mathbb{C}, n)$, então os polinômios característicos dos seus produtos são iguais, isto é, $p_{AB}(\lambda) = p_{BA}(\lambda)$.*

Demonstração.

Sejam $A, B \in M(\mathbb{C}, n)$, sem perda de generalidade tome A não-singular, então A é inversível e $AB = A(BA)A^{-1}$ o que implica que AB e BA são semelhantes então, segundo Hoffman & Kunze (13) p.183, $p_{AB}(\lambda) = p_{BA}(\lambda)$.

Caso ambas as matrizes sejam singulares, existe $M > 0$, tal que $A + \mu I$ é não-singular para todo $\mu \in \mathbb{C}$ com $0 < |\mu| < M$ e, portanto, $p_{(A+\mu I)B}(\lambda) = p_{B(A+\mu I)}(\lambda)$.

Agora como os coeficientes de $p_{(A+\mu I)B}(\lambda)$, e também de $p_{B(A+\mu I)}(\lambda)$, são polinômios em μ , então

$$p_{AB}(\lambda) = \lim_{\mu \rightarrow 0} p_{(A+\mu I)B}(\lambda) = \lim_{\mu \rightarrow 0} p_{B(A+\mu I)}(\lambda) = p_{BA}(\lambda). \quad \square$$

Lema 2.2.3. *Sejam as matrizes $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$ e $B \in M(\mathbb{C}, n, m)$ então $\lambda^n p_{AB}(\lambda) = \lambda^m p_{BA}(\lambda)$.*

Demonstração.

Sejam $A, B \in M(\mathbb{C}, n)$, note que $AB \in M(\mathbb{C}, m)$ e $BA \in M(\mathbb{C}, n)$. Consideramos

$$A' = \begin{pmatrix} A & 0_{m,m} \\ 0_{n,n} & 0_{n,m} \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad B' = \begin{pmatrix} B & 0_{n,n} \\ 0_{m,m} & 0_{m,n} \end{pmatrix},$$

de forma que A' e $B' \in M(\mathbb{C}, m+n)$. Além disso, temos

$$A'B' = \begin{pmatrix} AB & 0_{m,n} \\ 0_{n,m} & 0_{n,n} \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad B'A' = \begin{pmatrix} BA & 0_{n,m} \\ 0_{m,n} & 0_{m,m} \end{pmatrix}.$$

Portanto, $p_{A'B'}(\lambda) = \lambda^n p_{AB}(\lambda)$ e $p_{B'A'}(\lambda) = \lambda^m p_{BA}(\lambda)$. Segue do Lema 2.2.2 que $p_{A'B'}(\lambda) = p_{B'A'}(\lambda)$ e, portanto, $\lambda^n p_{AB}(\lambda) = \lambda^m p_{BA}(\lambda)$. \square

Lema 2.2.4. *Sejam a matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$ e o escalar $\mu \in \mathbb{C}$ tais que $AA^* + \mu I_m$ e $A^*A + \mu I_n$ são não singulares. Então $A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = (A^*A + \mu I_n)^{-1}A^*$.*

Demonstração.

Note que a existência de tal μ se dá pelo Lema 2.2.1. Pelo Lema 2.2.3 os autovalores de AA^* e A^*A coincidem. Tome

$$B_\mu = A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1}.$$

Assim,

$$\begin{aligned} A^*AB_\mu &= A^*(AA^*)(AA^* + \mu I_m)^{-1} \\ &= A^*(AA^* + \mu I_m - \mu I_m)(AA^* + \mu I_m)^{-1} \\ &= A^*(AA^* + \mu I_m)(AA^* + \mu I_m)^{-1} - \mu A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} \\ &= A^*I_m - \mu A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = A^* - \mu B_\mu, \end{aligned}$$

logo

$$(A^*A + \mu I_n)B_\mu = A^*.$$

Portanto,

$$B_\mu = (A^*A + \mu I_n)^{-1}A^*. \quad \square$$

Lema 2.2.5. *Dada uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$, não nula, existe*

$$L = \lim_{\mu \rightarrow 0} A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = \lim_{\mu \rightarrow 0} (A^*A + \mu I_n)^{-1}A^* \in M(\mathbb{C}, n, m).$$

Demonstração.

Seja $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$ não nula. Então AA^* e A^*A são não nulos, caso contrário teríamos, por exemplo,

$$0 = \langle x, A^*Ax \rangle = \langle Ax, Ax \rangle = \|A\|^2,$$

e A seria uma matriz nula.

Temos que $AA^* \in M(\mathbb{C}, m)$ é autoadjunta, isto é, $(AA^*)^* = AA^*$, vale então o teorema espectral, que afirma que as matrizes autoadjuntas são semelhantes a uma matriz diagonal, vide Hoffman & Kunze (13) pg 335, e sejam $\{\alpha_1, \dots, \alpha_r\}$ seus autovalores distintos. Vale a seguinte caracterização,

$$AA^* = \sum_{j=1}^r \alpha_j E_j,$$

onde E_j é a projeção no autoespaço gerado por α_j . Para E_j valem também as seguintes propriedades, $E_j E_k = \delta_{kj} E_k$, $E_j^* = E_j$ e $\sum_{j=1}^r E_j = I_m$. Daí,

$$AA^* + \mu I_m = \sum_{j=1}^r (\alpha_j + \mu) E_j.$$

Se zero não é um autovalor podemos tomar, para $\mu < |\alpha_j|$,

$$(AA^* + \mu I_m)^{-1} = \sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j + \mu} E_j,$$

e assim

$$\lim_{\mu \rightarrow 0} A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = \sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j.$$

Se zero é um autovalor, sem perda de generalidade, tome $\alpha_1 = 0$, então E_1 é a projeção no núcleo de AA^* . Agora se $x \in \ker(AA^*)$, temos $A^*x = 0$, pois

$$0 = \langle x, AA^*x \rangle = \langle A^*x, A^*x \rangle = \|A^*x\|^2,$$

então $A^*E_1 = 0$, e

$$A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j + \mu} A^* E_j,$$

logo

$$\lim_{\mu \rightarrow 0} A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j.$$

A segunda igualdade segue do Lema 2.2.4. E, assim, fica provado o resultado. \square

Tendo apresentado a definição da pseudoinversa e os lemas necessários para demonstrar sua existência, provamos agora a existência de pseudoinversa para qualquer matriz.

Teorema 2.2.2. *Dada uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, n)$, existe pseudoinversa A^\dagger dada por*

$$A^\dagger = \lim_{\mu \rightarrow 0} A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = \lim_{\mu \rightarrow 0} (A^*A + \mu I_n)^{-1} A^*. \quad (2.2)$$

Demonstração.

Se A é identicamente nula, assim também é A^\dagger , de forma que a afirmação acima é direta. Se A é não nula, então AA^* e A^*A também não são.

A partir do Lema 2.2.4 temos garantida a existência e a igualdade entre os limites, em (2.2), de forma que resta apenas verificar a primeira igualdade.

Assim como no Lema 2.2.5, separaremos a demonstração em dois casos.

1. Zero não é autovalor de AA^* .

Definimos a candidata a pseudoinversa de A como sendo a matriz

$$B = \lim_{\mu \rightarrow 0} A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = \sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j,$$

Segue então que o produto entre A e B é uma identidade. De fato,

$$\begin{aligned} AB &= \sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j} AA^* E_j = \sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j} \left(\sum_{k=1}^r \alpha_k E_k \right) E_j \\ &= \sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^r E_j \delta_{kj} \frac{\alpha_k}{\alpha_j} = \sum_{j=1}^r E_j = I_m. \end{aligned}$$

Logo AB é autoadjunta e $ABA = A$. Ainda

$$BA = \sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j A,$$

e como

$$(A^* E_j A)^* = A^* E_j^* A = A^* E_j A,$$

temos que BA também é autoadjunto. Sendo

$$\begin{aligned} BAB &= \left(\sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j A \right) \left(\sum_{k=1}^r \frac{1}{\alpha_k} A^* E_k \right) \\ &= \sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^r \frac{1}{\alpha_j \alpha_k} A^* E_j (AA^*) E_k \\ &= \sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^r \frac{1}{\alpha_j \alpha_k} A^* E_j \left(\sum_{j=1}^r \alpha_j E_j \right) E_k \\ &= \sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^r \frac{1}{\alpha_j \alpha_k} A^* E_j \alpha_k E_k \\ &= \sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j E_k \end{aligned}$$

$$= \sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j \sum_{k=1}^r E_k = \sum_{j=1}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j I_m = B,$$

ou seja, $BAB = B$. O que completa a demonstração no primeiro caso, onde $B = A^\dagger$ se zero não é um autovalor.

2. Zero é autovalor de AA^* , ou seja, $\alpha_1 = 0$.

Nesse caso, definimos a candidata a pseudoinversa como sendo

$$B = \lim_{\mu \rightarrow 0} A^*(AA^* + \mu I_m)^{-1} = \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j.$$

Como $AA^*E_j = \alpha_j E_j$, então

$$\begin{aligned} AB &= \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} AA^*E_j = \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} \alpha_j E_j \\ &= \sum_{j=2}^r E_j = I_m - E_1, \end{aligned}$$

portanto,

$$(AB)^* = (I_m - E_1)^* = I_m^* - E_1^* = I_m - E_1 = AB.$$

A matriz AB é autoadjunta e, além disso, $ABA = A - E_1A$, porém

$$(E_1A)^* = A^*E_1 = 0,$$

e daí

$$\langle E_1Ax, y \rangle = \langle x, A^*E_1y \rangle = 0, \quad \forall x, y$$

portanto, $E_1A = 0$ e segue que $ABA = A$. Agora

$$BA = \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j A,$$

e então

$$\begin{aligned} (BA)^* &= \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} (A^* E_j A)^* \\ &= \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j A = BA. \end{aligned}$$

BA é portanto autoadjunta e resta verificar que $BAB = B$. Mas, de fato

$$\begin{aligned} BAB &= \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j A \sum_{k=2}^r \frac{1}{\alpha_k} A^* E_k \\ &= \sum_{j=2}^r \sum_{k=2}^r \frac{1}{\alpha_j \alpha_k} A^* E_j AA^* E_k \\ &= \sum_{j=2}^r \sum_{k=2}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j E_k \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j \sum_{k=2}^r E_k \\
&= B(I_m - E_1) = B - \sum_{j=2}^r \frac{1}{\alpha_j} A^* E_j E_1 = B.
\end{aligned}$$

Pois, $E_j E_1 = 0$ se $j \neq 1$. Concluimos então que $B = A^\dagger$ quando zero é autovalor. \square

É interessante notar que durante a preparação e demonstração do resultado anterior utilizamos a noção de perturbação. Quando AA^* é inversível, temos que $A^\dagger = A^*(AA^*)^{-1}$, mas para os casos onde AA^* é singular basta introduzir uma perturbação μI de forma que esse novo operador seja inversível. Percebemos então que é a partir da perturbação conseguimos chegar a pseudoinversa mesmo para os casos onde AA^* é singular.

Vamos apresentar agora algumas propriedades da pseudoinversa.

Proposição 2.2.1. *A pseudoinversa de uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$ satisfaz as seguintes propriedades:*

- (i) $A^\dagger = A^\dagger(A^\dagger)^* A^*$;
- (ii) $A = AA^*(A^\dagger)^*$;
- (iii) $A^* = A^*AA^\dagger$.

Demonstração.

Da definição de pseudoinversa temos as seguintes igualdades:

$$(i) \quad A^\dagger = A^\dagger AA^\dagger = A^\dagger(AA^\dagger)^* = A^\dagger(A^\dagger)^* A^*.$$

(ii) Se aplicarmos (i) em A^\dagger temos,

$$A = (A^\dagger)^\dagger = (A^\dagger)^\dagger ((A^\dagger)^\dagger)^* (A^\dagger)^* = AA^*(A^\dagger)^*.$$

(iii) Se aplicarmos (ii) em A^* temos,

$$A^* = A^*(A^*)^* ((A^*)^*)^\dagger = A^* A ((A^*)^*)^\dagger = A^* AA^\dagger. \quad \square$$

Na próxima seção, vamos apresentar a relação entre a pseudoinversa e a solução do problema de quadrados mínimos.

2.3 QUADRADOS MÍNIMOS E A PSEUDOINVERSA

Dado uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$ e um vetor $y \in \mathbb{C}^m$, determinar $x \in \mathbb{C}^n$ tal que

$$Ax = y,$$

é um problema usual. Quando A é invertível a solução teórica é obtida de forma direta pela inversa de A , isto é, $x = A^{-1}y$. Porém, se A não é quadrada ou não é invertível a solução pode não existir ou não ser única.

Existem algumas abordagens para se determinar uma melhor solução quando a solução não existe, uma delas é analisar o chamado conjunto minimizador.

Definição 2.3.1. *O conjunto*

$$M = \left\{ x \in \mathbb{C}^m; |Ax - y| = \min_{x \in \mathbb{C}^m} |Ax - y| \right\}$$

é chamado conjunto minimizador do problema $Ax = y$.

Veremos agora que é possível obter esse conjunto a partir da pseudoinversa.

Estamos buscando um vetor x , tal que Ax está na menor distância possível de y . Nesse sentido de minimizar distâncias, uma forma natural de se olhar para a menor distância é pensar em projeções no espaço imagem, em particular as ortogonais, que tem a propriedade de minimizar a distância entre o vetor original e o vetor projetado, Hoffman & Kunze (13) pg. 283. Uma projeção ortogonal, quando existe, projeta perpendicularmente ao espaço projetado.

Dado um conjunto B , denotamos também por B^\perp o seu complemento ortogonal, isto é, todos os vetores do espaço que são ortogonais a todos os vetores desse conjunto.

Proposição 2.3.1. *Seja a matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$, definindo $P_1 = I_n - A^\dagger A$ e $P_2 = I_m - AA^\dagger$, onde I_n é matriz identidade em $M(\mathbb{C}, n)$, valem então as seguintes propriedades.*

- (i) P_1 e P_2 são projeções ortogonais em $\text{Im}(A)$;
- (ii) $\text{Ker}(A) = \text{Im}(P_1)$, $\text{Im}(A) = \text{Ker}(P_2)$, $\text{Ker}(A^\dagger) = \text{Im}(P_2)$ e $\text{Im}(A^\dagger) = \text{Ker}(P_1)$;
- (iii) $\text{Im}(A) = \text{Ker}(A^\dagger)^\perp$ e $\text{Im}(A^\dagger) = \text{Ker}(A)^\perp$.

Demonstração.

- (i) Verificaremos que $P_j^2 = P_j$ e que $P_j^* = P_j$. De fato,

$$P_1^2 = (I_n - A^\dagger A)^2 = I_n - 2A^\dagger A + A^\dagger A A^\dagger A = I_n - 2A^\dagger A + A^\dagger A = I_n - A^\dagger A = P_1,$$

analogamente,

$$P_2^2 = (I_m - AA^\dagger)^2 = I_m - 2AA^\dagger + AA^\dagger AA^\dagger = I_m - 2AA^\dagger + AA^\dagger = I_m - AA^\dagger = P_2.$$

Como AA^\dagger e $A^\dagger A$ são autoadjuntos, P_1 e P_2 também o são.

- (ii) Para provar a primeira igualdade tomamos $x \in \text{Ker}(A)$, temos que $\text{Im}(P_1)$ é subespaço fechado de \mathbb{C}^n , portanto existe um único $z_0 \in \text{Im}(P_1)$, tal que

$$\|x - z_0\| = \min \{ \|x - z\|; z \in \text{Im}(P_1) \},$$

e $(x - z_0) \in \text{Im}(P_1)^\perp$.

Logo, existe $y_0 \in \mathbb{C}^m$ tal que $x - P_1 y_0$ é ortogonal a $P_1 y$ para todo y , de onde

$$0 = \langle x - P_1 y_0, P_1 y \rangle = \langle P_1(x - P_1 y_0), y \rangle,$$

daí,

$$P_1(x - P_1 y_0) = 0 \quad \Rightarrow \quad P_1 x = P_1^2 y_0 = P_1 y_0.$$

Agora, como $x \in \text{Ker}(A)$, $P_1 x = x$, pois $P_1 = I_n - A^\dagger A$, então $\text{Ker}(A) \subset \text{Im}(P_1)$.

A outra inclusão vem do fato que

$$AP_1 = A(I_n - A^\dagger A) = A - A = 0,$$

e, portanto, $\text{Im}(P_1) \subset \text{Ker}(A)$. Concluindo que $\text{Im}(P_1) = \text{Ker}(A)$.

Para o segundo caso seja $x \in \text{Ker}(P_1)$, como $0 = x - A^\dagger Ax$, então $x = A^\dagger Ax$ e $x \in \text{Im}(A^\dagger)$, portanto $\text{Ker}(P_1) \subset \text{Im}(A^\dagger)$. Tomando agora $u \in \text{Im}(A^\dagger)$, existe $v \in \mathbb{C}^m$, $u = A^\dagger v$. Daí

$$P_1 u = (I_n - A^\dagger A)A^\dagger v = (A^\dagger - A^\dagger AA^\dagger)v = 0,$$

ou seja, $u \in \text{Ker}(P_1)$ e $\text{Im}(A^\dagger) \subset \text{Ker}(P_1)$. Portanto,

$$\text{Im}(A^\dagger) = \text{Ker}(P_1).$$

As demonstrações para os casos seguintes são análogas trocando-se A por A^\dagger , e concluímos então que

$$\text{Im}(P_2) = \text{Ker}(A^\dagger) \quad \text{e} \quad \text{Ker}(P_2) = \text{Im}(A).$$

- (iii) Como P_1 e P_2 são autoadjuntos,

$$\text{Ker}(P_j) = \text{Im}(P_j)^\perp, \quad j = 1, 2.$$

Então,

$$\text{Im}(A) = \text{Ker}(P_2) = \text{Im}(P_2)^\perp = \text{Ker}(A^\dagger)^\perp,$$

$$\text{Im}(A^\dagger) = \text{Ker}(P_1) = \text{Im}(P_1)^\perp = \text{Ker}(A)^\perp. \quad \square$$

Vimos assim importantes propriedades da pseudoinversa, e que esta tem a capacidade de dividir os espaços tanto de saída, quanto de chegada da matriz. Veremos agora que nosso conjunto minimizante pode ser obtido via pseudoinversa.

Teorema 2.3.1. *Seja $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$ e $y \in \mathbb{C}^m$. O conjunto minimizante de A é dado por*

$$A^\dagger y + \text{Ker}(A) = \{ A^\dagger y + (I_n - A^\dagger A)z, z \in \mathbb{C}^n \}.$$

Demonstração.

Da Proposição 2.3.1 temos que $\text{Ker}(A) = \text{Im}(A^\dagger)^\perp$.

Como $\text{Im}(A)$ é subespaço fechado de \mathbb{C}^m , então existe um único $y_0 \in \text{Im}(A)$ tal que $\|y_0 - y\|$ é mínimo e ainda $y_0 - y \in \text{Im}(A)^\perp$.

Assim, existe $x_0 \in \mathbb{C}^n$ tal que $\|Ax_0 - y\|$ é o mínimo, não necessariamente único, porém se x_0 e x_1 são tais que $Ax_0 = Ax_1 = y_0$, então $x_1 - x_0 \in \text{Ker}(A)$.

$Ax_0 - y \in \text{Im}(A)^\perp$, isto é, $\langle Ax_0 - y, Au \rangle = 0, \forall u \in \mathbb{C}^n$, portanto

$$\langle A^* Ax_0 - A^* y, u \rangle = 0, \quad \forall u \in \mathbb{C}^n,$$

logo

$$A^* Ax_0 = A^* y = A^* AA^\dagger y,$$

onde a última igualdade segue da Proposição 2.2.1, e portanto, $x_0 = A^\dagger y$.

Concluimos assim que o conjunto minimizante é da forma $A^\dagger y + x_1$ com $x_1 \in \text{Ker}(A)$.

Pela Proposição 2.3.1 $\text{Ker}(A) = \text{Im}(P_1)$, logo

$$A^\dagger y + \text{Ker}(A) = \{ A^\dagger y + (I_n - A^\dagger A)z; z \in \mathbb{C}^n \}. \quad \square$$

A partir desse resultado concluimos que a pseudoinversa pode ser utilizada para obter uma melhor aproximação em termos da norma 2, dada por, $\|x\|_2 = \sqrt{\sum_{j=1}^n x_j^2}$, onde $x = (x_1, \dots, x_n) \in \mathbb{C}^n$, isto é, como $0 \in \text{Ker}(A)$ podemos sempre tomar $A^\dagger y$ como uma melhor aproximação em termos da norma para a solução do problema $Ax = y$.

2.4 DECOMPOSIÇÃO EM VALORES SINGULARES

A pseudoinversa de uma matriz já nos permite manipular e resolver problemas que não podiam ser resolvidos, combinaremos essa técnica com a Decomposição em Valores Singulares (Singular Value Decomposition - SVD) no próximo capítulo. Desta forma, nessa seção apresentamos a definição formal e as propriedades a serem utilizadas da SVD.

A SVD é um método que decompõe uma matriz $A \in M(K, m, n)$ no produto de três matrizes,

$$A = U\Sigma V^*,$$

onde $U \in M(K, m, m)$ e $V \in M(K, n, n)$ são ortonormais, ou seja, são matrizes cujo produto pela adjunta é a identidade, e $\Sigma \in M(K, m, n)$ é diagonal, sua existência é garantida pelo Teorema (2.4.1). Na SVD determinamos uma base para K^m (imagem),

cujos elementos são as colunas de U , e uma outra base para K^n (domínio), cujos elementos são as linhas de V . A construção dessas bases, nesse trabalho, terá uma ordenação de acordo com a ordenação dos Valores Singulares que são dispostos na diagonal de Σ . A ordem dos Valores Singulares será decrescente o que corresponde a ordenar as informações mais relevantes primeiro. As colunas de U são chamadas de Vetores Singulares à Esquerda, enquanto as de V são chamadas de Vetores Singulares à Direita. Apresentamos primeiro dois resultados utilizados na demonstração de tal decomposição.

Proposição 2.4.1. *Dada uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$, A e A^*A têm o mesmo posto.*

Demonstração.

Seja $A \in M(K, m, n)$. Para isso é suficiente mostrar que $\text{Ker}(A) = \text{Ker}(A^*A)$.

De fato, se $x \in \text{Ker}(A)$, então $A^*Ax = A^*0 = 0$.

Agora, se $x \in \text{Ker}(A^*A)$, então

$$\begin{aligned} A^*Ax &= 0, \\ x^*A^*Ax &= 0, \\ (Ax)^*Ax &= 0. \end{aligned}$$

Usando o fato de que se $y^*y = 0$, então $y = 0$, concluímos que $Ax = 0$. □

Proposição 2.4.2. *Se uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, m)$ é semidefinida positiva, isto é, uma matriz $A \in M(K, m)$ tal que para todo $x \in \mathbb{K}^m$, $x^*Ax \geq 0$, então todos os seus autovalores são reais não negativos.*

Demonstração.

Seja $A \in M(\mathbb{C}, m)$ semidefinida positiva Dado um autovetor v_j de A vale que

$$v_j^*Av_j = v_j^*\lambda_jv_j = \lambda_jv_j^*v_j \geq 0,$$

pois A é semidefinida positiva. Como $v_j^*v_j \geq 0$, segue que $\lambda_j \geq 0$. □

Conseguimos assim demonstrar a existência da SVD para uma matriz genérica.

Teorema 2.4.1. *(Decomposição em Valores Singulares) Dada uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$, existem matrizes ortogonais unitárias U e V , de dimensões $m \times m$ e $n \times n$, respectivamente, e Σ uma matriz retangular diagonal, de dimensão $m \times n$, com entradas reais não negativas, tais que*

$$A = U\Sigma V^*.$$

Demonstração.

Seja $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$. Independentemente da matriz A , temos que A^*A é hermitiana, ou

seja, é igual a transposta de sua conjugada, e positiva semi-definida. Assim pelo teorema espectral para matrizes hermitianas, temos

$$A^*A = V\Lambda V^*,$$

onde V é ortonormal cujas colunas são os autovetores de AA^* e Λ a matriz diagonal cujas entradas são os autovalores de AA^* . Como Λ é diagonal vale que

$$A^*A = \sum_{j=1}^n \lambda_j v_j v_j^* = \sum_{j=1}^n (\sigma_j)^2 v_j v_j^*,$$

tendo v_j como os vetores das colunas de V e σ_j são nossos valores singulares, todos não negativos, e pela Proposição 2.4.1, temos $r = \text{rank}(A) = \text{rank}(A^*A) \leq n$.

Os valores σ_j são bem definidos como raízes de λ_j pois pela Proposição 2.4.2 os autovalores λ_j são todos não negativos.

Pela definição de autodecomposição, para o i -ésimo autovetor v_j temos

$$A^*Av_j = (\sigma_j)^2 v_j.$$

Dividimos o restante da demonstração em dois casos.

No caso onde $r = n$, temos uma matriz de posto cheio, podemos dizer que $\sigma_j > 0$ para todos os i . Nesse caso definimos

$$u_j = \frac{Av_j}{\sigma_j}.$$

Temos que u_j é autovetor unitário de AA^* . De fato,

$$\begin{aligned} AA^*u_j &= AA^* \frac{Av_j}{\sigma_j}, \\ &= AA^*Av_j \frac{1}{\sigma_j}, \\ &= A(\sigma_j)^2 v_j \frac{1}{\sigma_j}, \\ &= (\sigma_j)^2 u_j, \end{aligned}$$

logo

$$\begin{aligned} u_j^*u_j &= \left(\frac{Av_j}{\sigma_j} \right)^* \frac{Av_j}{\sigma_j}, \\ &= \frac{v_j^* A^* Av_j}{\sigma_j \sigma_j}, \\ &= \frac{v_j^* A^* Av_j}{\sigma_j^2}, \\ &= \frac{v_j^* \sigma_j^2 v_j}{\sigma_j^2} = v_j^* v_j = 1. \end{aligned}$$

Dessa forma, tomando $U = [u_1, \dots, u_n]$, podemos escrevê-lo, em termos matriciais,

$$\begin{aligned} U &= AV\Sigma^{-1}, \\ U\Sigma &= AV, \\ A &= U\Sigma V^*, \end{aligned}$$

pelo fato de que $VV^* = I_n$.

No caso onde $r < n$, algum $\sigma_j = 0$, assumindo que estes sejam ordenados de forma decrescente, podemos calcular os primeiros u_j de forma exatamente igual ao caso anterior.

As r primeiras colunas de U são uma base ortonormal para o espaço das colunas de A , completamos as $n - r$ colunas restantes com vetores unitários e ortogonais que terminem de gerar o espaço \mathbb{C}^m e assim conseguimos o mesmo resultado. \square

É interessante notar que os valores singulares estão diretamente relacionados com os autovalores e que os autovalores carregam as principais informações da matriz. Existem diversas aplicações e ferramentas que fazem uso dessa decomposição, em parte por esse potencial de ordenar informações mais relevantes, tanto de ferramentas estatísticas como o PCA, que relaciona os valores singulares com coeficientes de correlação entre informações, quanto em algoritmos de compressão, que utilizam a ordenação dos valores singulares como critério de escolha de dados a serem preservados.

Outra importante propriedade que fazemos uso é o fato de que a pseudoinversa de uma matriz pode ser obtida a partir das matrizes construídas pela SVD.

Corolário 2.4.1. *A pseudoinversa de uma matriz $A \in M(\mathbb{C}, m, n)$ é dada por*

$$A^\dagger = V^*\Sigma^{-1}U,$$

onde U, V e Σ são os obtidos da SVD de A .

Esse resultado fornece um método computacional para calcularmos a pseudoinversa.

2.5 TRANSFORMADA DE FOURIER

Apresentamos nessa seção a definição da Transformada de Fourier e o Critério de Nyquist, que serão úteis para definir com clareza o conceito de frequência e sua relação com a amostragem dos dados. Nos limitaremos a mostrar de Fourier os principais resultados e propriedades utilizados nesse trabalho, todas as definições e demonstrações podem ser encontradas em Oliveira (16).

Trabalharemos com $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$ e os conceitos usuais da integral de Riemman.

Definição 2.5.1. *Uma função $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$ é absolutamente integrável sobre um intervalo real $[a, b]$ se*

$$\int_a^b |f(t)| dt \quad \text{é finita.}$$

Da mesma forma podemos definir uma função $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$ como sendo absolutamente integrável sobre a reta \mathbb{R} se

$$\int_{-\infty}^{+\infty} |f(t)| dt \quad \text{é finita.}$$

Definição 2.5.2. A transformada de Fourier de uma função $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$ absolutamente integrável, sobre a reta, é

$$\mathcal{F}[f](\xi) = \widehat{f}(\xi) = \int_{-\infty}^{+\infty} f(t)e^{-2\pi i \xi t} dt, \quad \text{para todo } \xi \in \mathbb{C}.$$

Assim, segue diretamente das propriedades da integral que a transformada de Fourier tem propriedades de linearidade.

Proposição 2.5.1. (*Linearidade da Transformada de Fourier*). Consideremos $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$ e $g : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$ absolutamente integráveis. Sejam α e β arbitrários em \mathbb{C} . Então, as funções αf , βg e $\alpha f + \beta g$ são absolutamente integráveis e temos,

$$\mathcal{F}[\alpha f + \beta g] = \alpha \mathcal{F}[f] + \beta \mathcal{F}[g].$$

Definimos também uma transformada inversa que nos permite retornar ao domínio original.

Definição 2.5.3. (*Fórmula de Inversão de Fourier*). Seja f absolutamente integrável e com \widehat{f} absolutamente integrável. Então temos

$$f(t) = \mathcal{F}^{-1}[\widehat{f}](t) = \int_{-\infty}^{+\infty} \widehat{f}(\xi)e^{2\pi i t \xi} d\xi,$$

nos pontos de continuidade de f .

Enunciaremos algumas propriedades para ilustrar dois exemplos úteis no contexto desse trabalho. Apesar de não definido aqui, está presente a definição formal de espaço de Schwarz na referência apresentada, mas entendemos aqui como o espaço de funções, suficientemente, suaves com rápido decrescimento, tanto da função quanto de suas derivadas (16).

Definição 2.5.4. Seja $f \in S(\mathbb{R})$ (Espaço de Schwarz), t a variável no domínio de f e ω a variável no domínio de \widehat{f} , então valem

(i) Translação no tempo

$$\mathcal{F}[f(t - a)](\omega) = \widehat{f}(\omega)e^{2\pi - i a \omega}.$$

(ii) Translação na frequência

$$\widehat{f}(\omega - a) = \mathcal{F}[f(t)e^{2\pi i a t}](\omega).$$

(iii) Simetria

$$\mathcal{F}[\mathcal{F}[f(t)]](\omega) = f(-\omega).$$

Definição 2.5.5. (Delta de Dirac) O Delta de Dirac, $\delta(t - a)$, é o impulso unitário instantâneo em $t = a$ e é definido pela relação

$$\int_{-\infty}^{\infty} \delta(t - a) f(t) dt = f(a).$$

O delta não é uma função, seu significado fora da integral é impreciso. Uma interpretação da definição do Delta de Dirac pode ser construída definindo as funções

$$d_h(t) = \begin{cases} \frac{1}{2h}, & -h \leq t \leq h; \\ 0, & \text{caso contrário.} \end{cases}$$

para h um número real positivo. Agora calculamos a integral definida,

$$I_h = \int_{-\infty}^{\infty} d_h(t) f(t) dt = \int_{-h}^h \frac{f(t)}{2h} dt = \frac{F(h) - F(-h)}{2h},$$

onde $F(t)$ é uma primitiva de $f(t)$. Calculamos agora o limite de I_h quando $h \rightarrow 0^+$

$$I = \lim_{h \rightarrow 0^+} I_h = \lim_{h \rightarrow 0^+} \frac{F(h) - F(-h)}{2h}.$$

Note que essa expressão é uma variação da definição da derivada de F em zero, portanto,

$$I = \left. \frac{dF}{dt} \right|_{t=0} = f(0).$$

Porém, o limite de $d_h(t)$ quando h tende a zero não existe no conjunto das funções reais, pois,

$$\lim_{h \rightarrow 0^+} d_h(0) = \lim_{h \rightarrow 0^+} \frac{1}{2h} = \infty \notin \mathbb{R}.$$

É comum escrevermos informalmente que

$$\delta(t) = \lim_{h \rightarrow 0^+} d_h(t) = \begin{cases} 0, & t \neq 0; \\ \infty, & t = 0. \end{cases}$$

A transformada de Fourier de Delta é

$$\begin{aligned} \mathcal{F}[\delta(t - a)] &= \int_{-\infty}^{\infty} \delta(t - a) e^{-2\pi i \omega t} dt \\ &= e^{-2\pi i \omega a}. \end{aligned}$$

No caso particular onde $a = 0$ temos

$$\mathcal{F}[\delta(t)] = 1.$$

Utilizando a transformada inversa obtemos uma fórmula alternativa para o Delta

$$\delta(t) = \mathcal{F}^{-1}[1] = \int_{-\infty}^{\infty} e^{2\pi i \xi t} d\xi.$$

O Delta de Dirac aparece como ferramenta em termos operacionais para a transformada de Fourier. Usaremos ela agora para demonstrar a principal propriedade que estamos interessados no escopo desse texto sobre a transformada.

Compararemos as transformadas das funções cosseno e exponencial complexa. Essas duas têm relação via Fórmula de Euler

$$e^{ix} = \cos(x) + i \operatorname{sen}(x).$$

Dessa forma, podemos dizer que

$$\cos(x) = \mathcal{R}(e^{ix}).$$

Ao olharmos para a exponencial complexa temos que

$$\delta(t) = \int_{-\infty}^{\infty} e^{2\pi i \xi t} dt,$$

permutando ξ e t , depois transformando t em $-t$

$$\delta(\xi) = \int_{-\infty}^{\infty} e^{2\pi i \xi t} d\xi = \int_{-\infty}^{\infty} e^{2\pi i \xi t} d\xi = \mathcal{F}[1](\xi).$$

Usando a translação na frequência temos

$$\mathcal{F}[1](\xi - a) = \mathcal{F}[e^{2\pi i a t}](\xi),$$

portanto

$$\mathcal{F}[e^{2\pi i a t}](\xi) = \delta(\xi - a). \quad (2.3)$$

Enquanto que no caso do cosseno, como

$$\cos(x) = \frac{e^{ix} + e^{-ix}}{2},$$

então

$$\begin{aligned} \mathcal{F}[\cos(2\pi a t)] &= \mathcal{F}\left[\frac{e^{2\pi i a t} + e^{-2\pi i a t}}{2}\right] \\ &= \frac{1}{2}(\mathcal{F}[e^{2\pi i a t}] + \mathcal{F}[e^{-2\pi i a t}]) \\ &= \frac{1}{2}[\delta(\xi - a) - \delta(\xi + a)]. \end{aligned} \quad (2.4)$$

Note que no caso da função real há uma simetria nas frequências, isto é, existem dois deltas um associado a frequência a e outro associado a frequência $-a$, vide (2.4),

enquanto que no caso complexo há somente um delta, vide (2.3), o que indica que seria possível reconstruir o primeiro caso eliminando as frequências negativas do segundo. Esse processo será abordado novamente na Seção 4.5, onde faremos uso dessa técnica.

Analisamos agora o caso prático da forma que é computada a transformada em termos computacionais. Primeiro consideramos uma função avaliada em \mathbb{Z} , isto é, que assume apenas valores nos inteiros, $f : \mathbb{Z} \rightarrow \mathbb{C}$. Podemos estender tal função para a reta, preservando seus valores nas entradas inteiras, da seguinte forma

$$\tilde{f}(t) = \sum_{n=-\infty}^{\infty} f(n)\delta(t - n),$$

assim

$$\hat{f}(\omega) = \sum_{n=-\infty}^{\infty} f(n)\mathcal{F}[\delta(t - n)] = \sum_{n=-\infty}^{\infty} f(n)e^{-in\omega}.$$

Para um caso computacional porém, assumimos que existem finitos pontos somente, digamos N , assim $n = 0, 1, \dots, N - 1$, assumindo ainda que esses N pontos compreendem um período, retomamos a notação adotada na transformada contínua, e calculamos então as N frequências equivalentes possíveis, estas dadas por

$$\xi = \frac{k}{N}, \quad \text{tais que } k = 0, 1, \dots, N - 1.$$

Dessa forma, a transformada discreta é calculada como

$$\hat{f}(\xi) = \sum_{n=0}^{N-1} f(n) \exp\left(-i2\pi \frac{k}{N}\right).$$

O critério de Nyquist é utilizado na teoria de sinais. Apresentamos esse critério para exibir que existem limitadores de amostragem, isto é, é necessário definir tanto o tamanho do intervalo de tempo de amostragem, quanto o número mínimo de amostras, em um dado período.

Apesar de, na prática, haver a possibilidade de eventos com quaisquer valores de frequência, usualmente estamos interessados em uma faixa de frequências, a essa faixa podemos denotar de banda, com isso um sinal é dito de banda limitada se não há eventos ocorrendo acima de algum valor de frequência. Com isso podemos enunciar o teorema da amostragem de Nyquist-Shannon na versão descrita por Shannon (17).

Teorema 2.5.1. *(Teorema da Amostragem de Nyquist-Shannon) Se uma função $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$, com domínio no tempo, não contém frequência maior do que w Hertz (Hz), então ela é completamente determinada tomando seus valores em pontos com $1/(2w)$ segundos de distância*

Em outras palavras a menor taxa de amostragem para reconstruir um sinal com frequência máxima w é $2w$ amostras por segundo. Em termos de amostragem podemos

dizer também que para uma taxa de amostragem ω_s temos uma banda limitada por $2\omega_s$ Hz. A prova é dada em Shannon (17), onde a ideia é que com esse número de amostras é possível encontrar todos os coeficientes da Série de Fourier da função f , assim ela fica completamente determinada com uma quantidade maior ou igual de pontos.

Um dos efeitos provocados por uma amostragem inferior a adequada é a leitura incorreta dos dados, onde um mesmo número de amostras pode representar dois sinais distintos, na Figura 1a vemos como esse fato pode ocorrer, nela consideramos um cosseno com frequência de 60 Hz, isto é, a função dada por $f(t) = \cos(2\pi 60t)$, assim sabemos pelo teorema de Nyquist-Shannon que precisamos de ao menos 120 amostras por segundo, mas utilizamos apenas 70. Consideramos a comparação entre uma subamostragem, 1a, uma amostragem de 120 Hz, 1b, e uma amostragem superior ao valor necessário, 1c. Vemos então que é possível encontrar problemas utilizando taxas de amostragens inadequadas, Figura 1a. Com o valor mínimo estabelecido, da forma que foram tomadas as amostras, só conseguimos observar os picos da função, Figura 1b. Por mais que pudéssemos reconstruí-la vemos que é ideal preservar uma taxa ainda um pouco superior, como no terceiro caso, Figura 1c, onde a amostragem exhibe o comportamento da função da qual foi tomada.

A partir do teorema e tendo em vista o impacto que ele possui, fica estabelecido o Critério de Nyquist,

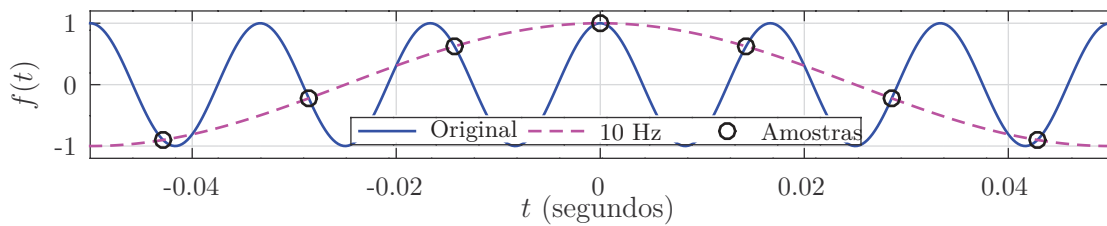
$$\omega_m = 2\omega_s, \quad (2.5)$$

isto é, a frequência máxima observável é dada pela metade da frequência de amostragem.

Tendo então as noções necessárias para o estudo da DMD, no próximo capítulo apresentamos sua definição, propriedades e características.

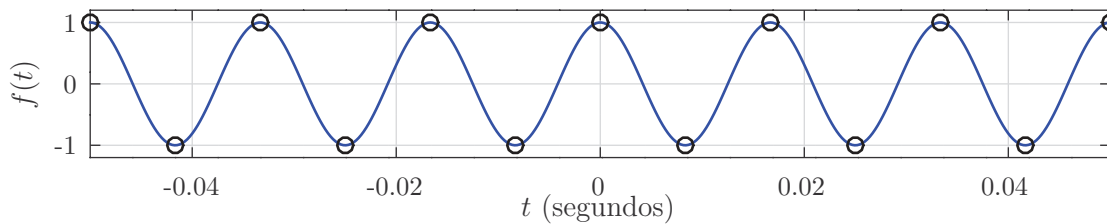
Figura 1 – Diferentes amostragens da função Cosseno com uma frequência de 60 Hz.

- (a) A função cosseno com uma frequência de 60 Hz, em linha contínua, e uma taxa de amostragem de 70 Hz.



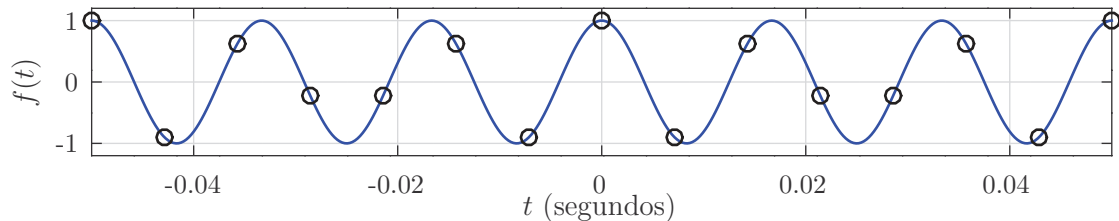
Vemos que quando uma função é amostrada com uma taxa de amostragem baixa esta pode ser confundida com outra função, possuindo uma diferente taxa de amostragem. Em nosso caso podemos confundir a função original com um cosseno de 10 Hz, em pontilhado.

- (b) A mesma função com uma taxa de amostragem igual a 120 Hz, valor mínimo que estabelece o teorema.



Vemos que com a menor taxa estabelecida é capaz de detectar os picos da função, porém não captamos qualquer informação no meio.

- (c) A mesma função com uma taxa de amostragem igual a 140 Hz, valor superior ao estabelecido pelo teorema.



Com uma taxa de amostragem superior somos capazes de obter mais informações da função a partir da amostragem.

Fonte Elaborado pelo autor (2021).

3 DECOMPOSIÇÃO EM MODOS DINÂMICOS

Esse capítulo é destinado a apresentar a Decomposição em Modos Dinâmicos (DMD) que é um método utilizado para analisar grandes conjuntos de dados que estejam distribuídos espacialmente e obedeçam a uma evolução temporal, armazenados em *snapshots*. Logo, não há necessidade de um conhecimento prévio do fenômeno envolvido sendo, dessa forma, considerado um método sem equação (*Equation-free Modeling* (18)).

Trabalhamos com *snapshots* discretos com tempos igualmente espaçados e organizados espacialmente, com a ideia de que esses dados discretos são amostragens de uma função contínua na forma $f(x, t)$ e desejamos obter uma aproximação para essa função f composta por elementos que possam ser analisados individualmente e nos fornecer informações da dinâmica do fenômeno.

Para introduzir a DMD vamos compará-la a Separação de Variáveis que é uma técnica conhecida para se obter soluções de Equações Diferenciais Parciais lineares, com o emprego da Série de Fourier (19). Buscamos então uma solução para o problema com a forma

$$f(x, t) = \sum_{k=0}^{\infty} a_k X_k(x) T_k(t).$$

Tomando como exemplo a equação do calor, cada função $X_k(x)$ é uma senoide com uma frequência ajustada adequadamente ao problema, enquanto cada função $T_k(t)$ é uma exponencial determinando a taxa de decaimento correspondente àquela componente. Enquanto que os coeficientes a_k são determinados pela condição inicial.

A decomposição produzida pela DMD é muito similar produzindo uma reconstrução dos dados na forma

$$\tilde{f}(x, t) = \sum_{k=1}^r b_k \phi_k(x) e^{\alpha_k t},$$

onde as funções ϕ_k são os modos dinâmicos, α_k são valores obtidos por meio dos autovalores da matriz de reconstrução \tilde{A} , vide (3.14), e os coeficientes b_k são definidos pelo ajuste da reconstrução aos dados. Além disso, os modos ϕ_k , os autovalores e os coeficientes são, em geral, complexos e r é o número de modos utilizados para a reconstrução.

Como o método é destinado a aplicações com grande volume de dados o custo computacional é um fator importante a ser considerado. Dessa forma, é desejável que r seja o menor possível para um determinado nível de tolerância aos erros. Na Seção 3.2 apresentamos como reduzir o valor de r por meio da redução de ordem.

A evolução temporal associada a cada modo é sempre uma exponencial complexa, que dependendo do valor de α_k pode representar uma oscilação senoidal associada ou não a um crescimento ou a um decrescimento exponenciais. Na Seção 3.5 discute-se as características dessa função e como determinar a taxa de crescimento ou de decrescimento, a frequência de oscilação e sua fase.

Uma característica desse método é que os modos não têm uma forma predefinida. Eles são construídos com a distribuição espacial que melhor representa o conjunto de dados. Dessa forma, eles perdem algumas características comumente impostas como a ortogonalidade, mas ganham potencial para representar mais características intrínsecas aos dados.

3.1 RECURSÃO ENTRE *SNAPSHOTS*

Consideramos dados na forma de série histórica, e tomamos $x \in \mathbb{R}^n$ e $k = 1, \dots, m$, tais que x_{k+1} representa os dados espaço-temporais de uma ocorrência em um cenário seguinte a um estado anterior x_k . Aqui

$$x_k = (x_k^1, x_k^2, \dots, x_k^n) \quad (3.1)$$

é chamado de *snapshot*, onde x_k^i representa o valor de ocorrência do evento na i -ésima localização no intervalo de tempo k , com $i = 1, \dots, n$, $k = 1, \dots, m$ e $n < m$. Dessa forma, temos um dado de entrada da forma

$$X = \begin{bmatrix} | & | & \cdots & | \\ x_1 & x_2 & \cdots & x_m \\ | & | & & | \end{bmatrix}_{n \times m} \quad (3.2)$$

Uma matriz cujas colunas são *snapshots* e cada linha é a sequência de dados em uma posição espacial.

Definidos os *snapshots*, equação (3.1), buscamos a seguinte recursão linear entre os *snapshots*

$$x_{k+1} \approx Ax_k, \quad (3.3)$$

sendo $A \in M(\mathbb{R}, n)$ é o melhor ajuste (no sentido de quadrados mínimos, Definição 2.3.1 quando consideramos todos os pares de *snapshots*, ou seja, para $k = 1, \dots, m-1$). Podemos descrever essa expressão para todos x_k e x_{k+1} utilizando a expressão matricial

$$X_2 \approx A X_1. \quad (3.4)$$

Sendo A a matriz cujos coeficientes precisamos determinar enquanto que

$$X_2 = \begin{bmatrix} | & | & \cdots & | \\ x_2 & x_3 & \cdots & x_m \\ | & | & & | \end{bmatrix}_{n \times m-1} \quad \text{e} \quad X_1 = \begin{bmatrix} | & | & \cdots & | \\ x_1 & x_2 & \cdots & x_{m-1} \\ | & | & & | \end{bmatrix}_{n \times m-1}$$

são as matrizes construídas com os *snapshots*. A solução por mínimos quadrados é obtida por meio da pseudoinversa de X_1 , vide Seção 2.3, logo

$$A = X_2 X_1^\dagger, \quad (3.5)$$

é única e minimiza o erro

$$\|X_2 - AX_1\|_F.$$

Pela decomposição SVD de X_1 , dada por

$$X_1 = U\Sigma V^*, \quad (3.6)$$

onde $U \in M(\mathbb{C}, n)$, $\Sigma \in M(\mathbb{C}, n, m-1)$ e $V \in M(\mathbb{C}, m-1)$, e pelo Corolário 2.4.1 temos que a pseudoinversa de X_1 é dada por

$$X_1^\dagger = V\Sigma^{-1}U^*. \quad (3.7)$$

Daí, substituindo a pseudoinversa (3.7) na equação (3.5) obtemos uma forma computacionalmente viável para a matriz A .

$$A = X_2V\Sigma^{-1}U^*. \quad (3.8)$$

Nesse trabalho estamos trabalhando com o software *Octave* v.6.1.0, o qual computa a SVD via sua rotina *gesvd* baseada na decomposição QR, (20), utilizando a implementação da biblioteca *LAPAC* (Linear Algebra Package), tal rotina tem ordem de complexidade $O(km^2n + k'n^3)$, em números de operações para o cálculo completo, onde k e k' são constantes que variam com as variações do algoritmo utilizado (20). Dessa forma a SVD é um algoritmo que pode ser considerado caro computacionalmente.

3.2 REDUÇÃO DE DIMENSÃO DOS DADOS

As matrizes obtidas pela SVD são ordenadas de forma que a j -ésima entrada da diagonal de Σ seja o j -ésimo maior valor, e damos uma maior relevância aos vetores singulares associados aos maiores valores singulares. A partir daí podemos definir uma forma de realizar uma redução de dimensão.

Definição 3.2.1. *Definimos o valor de energia associado aos r primeiros valores singulares de X_1 como sendo*

$$E_r = \sum_{j=1}^r \sigma_j, \quad (3.9)$$

sendo σ_j a j -ésima entrada da diagonal de Σ .

Se Σ possui m entradas não nulas, na diagonal, então o valor de energia proporcional para $r \leq m$ valores é dado por

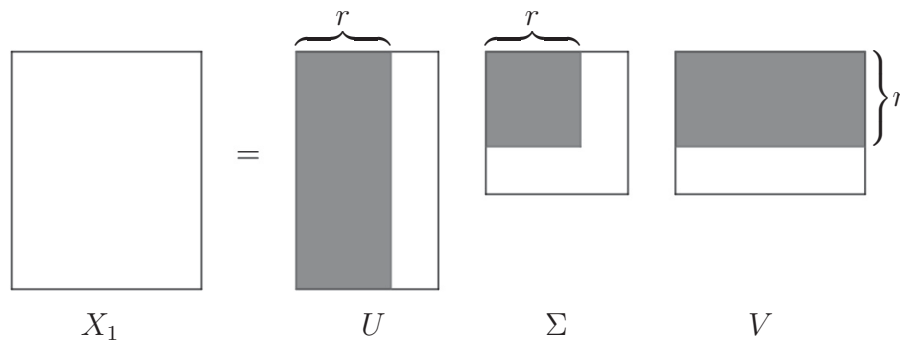
$$E_p = \frac{\sum_{j=1}^r \sigma_j}{\sum_{j=1}^m \sigma_j}. \quad (3.10)$$

Uma vez definido o valor r , retomamos a equação (3.6) e consideramos a forma reduzida para X_1 como sendo

$$X_1 \approx \tilde{U}\tilde{\Sigma}\tilde{V}^*, \quad (3.11)$$

de forma que $\tilde{U} \in M_{n \times r}(\mathbb{R})$, $\tilde{\Sigma} \in M_{r \times r}(\mathbb{R})$ e $\tilde{V} \in M_{m-1 \times r}(\mathbb{R})$ são os truncamentos de U , Σ e V , respectivamente, como ilustrado no diagrama da Figura 2.

Figura 2 – Diagrama da decomposição SVD da matriz X_1 .



Fonte: Adaptado de Pires *et al.*, 2020 (21)

Pela SVD de X_1 obtemos as matrizes $U \in M(C, m)$, $\Sigma \in M(C, m, n)$ e $V \in M(C, n)$. Se escolhermos utilizar apenas os r primeiros valores singulares a matriz Σ se torna uma matriz $r \times r$ e as matrizes U e V são reduzidas adequadamente como indicado em cinza nesse diagrama.

Tal truncamento define mais uma aproximação, porém, como mencionado, a SVD tem a característica de preservar as informações mais relevantes nos maiores valores singulares. Tendo isso em mente definimos um novo operador que aproxime nosso operador A a partir de um espaço de dados projetado, definido pelos valores singulares da decomposição.

Definição 3.2.2. Definimos o operador $\bar{A} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$, dado por

$$\bar{A} = X_2 \tilde{V} \tilde{\Sigma}^{-1} \tilde{U}^*, \quad (3.12)$$

onde $\bar{A} \in M(\mathbb{R}, n, n)$.

Logo

$$A = X_2 X_1^\dagger = X_2 V \Sigma^{-1} U^* \approx X_2 \tilde{V} \tilde{\Sigma}^{-1} \tilde{U}^* = \bar{A},$$

ou seja, \bar{A} é uma aproximação do operador original A a partir da forma reduzida da SVD de X_1 .

Estamos realizando, aproximações (via mínimos quadrados), decomposições (SVD) e truncamento. Dessas operações obtemos

$$\begin{aligned}
X_2 &= \bar{A}X_1 + R_0 \\
&= \bar{A} [\tilde{U}\tilde{\Sigma}\tilde{V}^*] + R_1. \\
\Rightarrow \tilde{U}^*X_2 &= \tilde{U}^*\bar{A}\tilde{U}\tilde{\Sigma}\tilde{V}^* + \tilde{U}^*R_1. \\
\Rightarrow \tilde{U}^*X_2\tilde{V} &= \tilde{U}^*\bar{A}\tilde{U}\tilde{\Sigma} + \tilde{U}^*R_1\tilde{V}. \\
\Rightarrow \underbrace{\tilde{U}^*X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}}_{\tilde{A}} &= \tilde{U}^*\bar{A}\tilde{U} + \underbrace{\tilde{U}^*R_1\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}}_{\text{Erro}}, \tag{3.13}
\end{aligned}$$

aonde R_0 e R_1 são os erros obtidos após os respectivos passos.

Tomando

$$\tilde{A} = \tilde{U}^*X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}, \tag{3.14}$$

segue da equação (3.13), que

$$\tilde{A}_{r \times r} \approx \tilde{U}^*\bar{A}\tilde{U}. \tag{3.15}$$

Aqui U aparece como um operador de projeção entre os espaços original e o espaço de dimensão r . Mostraremos no Teorema 3.3.1 que os autovalores de \tilde{A} são os autovalores de \bar{A} . Tomamos a seguinte autodecomposição

$$\tilde{A}W = W\Lambda, \tag{3.16}$$

onde W é a matriz cujas colunas são os autovetores relacionados aos autovalores da matriz diagonal Λ .

A princípio calculamos apenas r autovetores e autovalores, porém poderíamos calcular até m , computacionalmente calculamos apenas aqueles de interesse. Esses r autovetores vêm da redução de ordem, definida após fixarmos o valor de energia E_p desejado, isto é, a partir da matriz X_1 definimos, pelos valores singulares, uma quantidade de informação a ser armazenada, a partir disso estamos também definindo quantos autovalores da matriz \bar{A} tomaremos. Apesar de não necessariamente haver uma conexão entre valor singular e autovalor tomados, há uma relação na ordem escolhida, limitamos ambos a mesma quantidade. Por último destacamos que o algoritmo para o cálculo de autovalores e autovetores é caro computacionalmente, o *software* Octave 6.1.0 através da biblioteca LAPAC, utiliza um algoritmo, baseado em QR, com complexidade da ordem $O(n^3)$, isto é, o número de operações escala de forma rápida com a dimensão da matriz.

3.3 OS MODOS DINÂMICOS

A partir da autodecomposição (3.16) podemos obter os modos dinâmicos. Existem duas formas para defini-los, a primeira, Definição 3.3.1, é utilizada para calcular uma melhor forma de se obter os coeficientes da reconstrução, já a segunda, Definição 3.3.2, traz mais informação com os modos obtidos. Utilizamos a primeira forma para obter os

coeficientes da reconstrução, e a segunda forma para determinar os modos que são de fato utilizados na reconstrução.

Definição 3.3.1. *Modos dinâmicos (Forma Projetada).* A relação entre as dinâmicas no espaço com dimensão r (baixa), \tilde{A} , e com o de dimensão n (alta), \bar{A} , pode ser dada pelos modos dinâmicos,

$$\phi = \tilde{U}W, \quad (3.17)$$

A segunda forma de se definir os modos surge da relação (3.13) e é dada da seguinte forma.

Definição 3.3.2. *Modos dinâmicos (Forma Exata).* A relação entre as dinâmicas no espaço com dimensão r (baixa), \tilde{A} , e com o de dimensão n (alta), \bar{A} , pode ser dada pelos modos dinâmicos,

$$\phi = X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}W. \quad (3.18)$$

Note que em (3.13) temos $\tilde{U}\tilde{A} = X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}$ e em (3.15) $\tilde{U}\tilde{A} \approx \bar{A}\tilde{U}$, logo os modos na forma (3.18) de preservam os autovalores.

Teorema 3.3.1. *Seja ϕ_j o j -ésimo modo dinâmico definido pelo autovetor w_j , correspondente ao autovalor λ_j de \tilde{A} , $\lambda_j \neq \lambda_k$, se $j \neq k$. Então, para $j = 1, \dots, r$, vale que*

$$\bar{A}\phi_j = \lambda_j\phi_j \quad \Leftrightarrow \quad \tilde{A}w_j = \lambda_jw_j.$$

Demonstração. Das equações (3.12), (3.14) e (3.18), temos

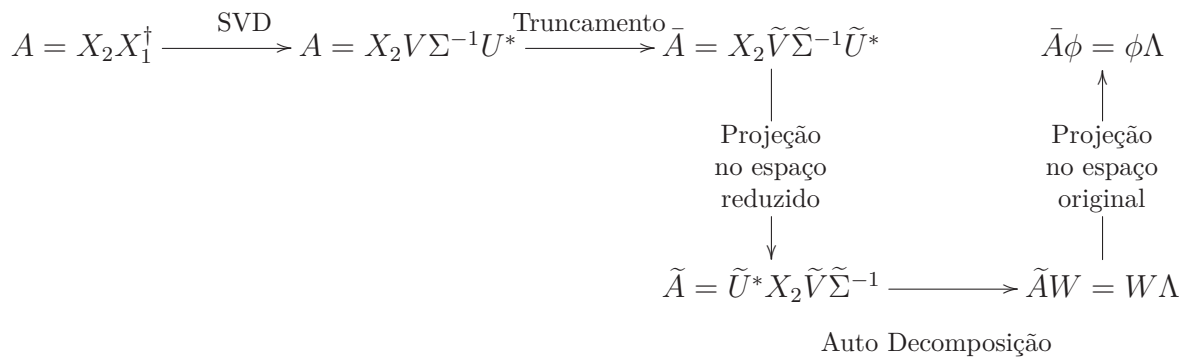
$$\begin{aligned} \bar{A}\phi_j &= \bar{A}(X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}w_j) &= X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}\tilde{U}^*(X'\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}w_j) \\ &= X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}(\tilde{U}^*X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1})w_j &= X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}(\tilde{A}w_j) \\ &= X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}(\lambda_jw_j) &= \lambda_j(X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1}w_j) \\ &= \lambda_j\phi_j, \end{aligned} \quad (3.19)$$

e também

$$\begin{aligned} \tilde{A}w_j &= \tilde{A}(X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1})^{-1}\phi_j &= (\tilde{U}^*X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1})(X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1})^{-1}\phi_j \\ &= \tilde{U}^*\phi_j &= (X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1})^{-1}\bar{A}\phi_j \\ &= (X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1})^{-1}\lambda_j\phi_j &= \lambda_j(X_2\tilde{V}\tilde{\Sigma}^{-1})^{-1}\phi_j \\ &= \lambda_jw_j, \end{aligned} \quad (3.20)$$

e assim segue o resultado. □

Figura 3 – Diagrama das relações entre os operadores definidos até a obtenção dos Modos Dinâmicos.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Na Figura 3, por meio de um diagrama, exibimos a relação entre os operadores A , \tilde{A} e \bar{A} , os modos dinâmicos e os autovetores de \tilde{A} e \bar{A} .

Os modos agora são vetores do espaço original da dinâmica que, assim como os autovetores no espaço reduzido, carregam consigo informações e apontam uma direção no espaço relativa ao autovetor associado. Mostraremos que os autovalores obtidos carregam consigo uma informação de frequência, com um modo associado, o qual aponta no espaço onde está atuando a dinâmica com tal frequência.

Assim, ficam definidos os Modos Dinâmicos, e veremos agora como são utilizados na reconstrução de um dado X .

3.4 RECONSTRUÇÃO POR MEIO DE MODOS DINÂMICOS

Apresentamos nessa seção que podemos definir a partir dos modos dinâmicos uma forma de reconstruir os *snapshots* iniciais. Os resultados dessa seção seguem as hipóteses do Teorema 3.3.1. Para tanto, considere de x_1 o primeiro *snapshot*, consideremos sua projeção no espaço menor, onde está \tilde{A} , como sendo

$$\tilde{x}_1 = U^* x_1.$$

Logo pelo Teorema 3.3.1 existem b_j , $j = 1, \dots, r$ escalares tais que

$$\tilde{x}_1 = \sum_{j=1}^r b_j w_j, \quad (3.21)$$

onde w_i são os autovetores de \tilde{A} . Assim, retornamos ao espaço original via modos, pela Definição 3.3.1, da seguinte forma

$$x_1 = U \tilde{x}_1 \approx \tilde{U} \tilde{x}_1 = \sum_{j=1}^r \tilde{U} b_j w_j = \sum_{j=1}^r b_j \phi_j, \quad (3.22)$$

onde ϕ_i é o modo associado ao autovetor w_i . Logo vale o seguinte resultado.

Proposição 3.4.1. *Definimos a reconstrução do primeiro snapshot, x_1 , a partir dos modos dinâmicos, ϕ_i , como sendo*

$$x_1 = \sum_{j=1}^r b_j \phi_j. \quad (3.23)$$

Assim para um *snapshot* qualquer, x_k , como definimos

$$x_k \approx \bar{A}x_{k-1} \approx \dots \approx \bar{A}^{k-1}x_1,$$

e pelo Teorema 3.3.1, existem escalares b_j , $j = 1, \dots, r$, tais que

$$x_k \approx \bar{A}^{k-1}x_1 = \sum_{j=1}^r \bar{A}^{k-1}b_j\phi_j = \sum_{j=1}^r b_j\lambda_j^{k-1}\phi_j,$$

onde ϕ_j é o modo associado ao autovetor w_j . Segue então o seguinte resultado

Corolário 3.4.1. *A reconstrução de um snapshot, x_k , a partir dos modos dinâmicos, ϕ_j , é dada por*

$$x_k = \sum_{j=1}^r b_j\lambda_j^{k-1}\phi_j. \quad (3.24)$$

A determinação dos coeficientes, b_j , será abordada na Seção 3.6, antes estendemos a aproximação dos tempos dos *snapshots* para o tempo contínuo.

Ressaltamos que os modos não são necessariamente linearmente independentes no espaço original, apesar de os usarmos para reconstruir os *snapshots* no espaço original da dinâmica.

3.5 FORMULAÇÃO CONTÍNUA DO DMD

Os *snapshots* são retratos de momentos de uma dinâmica contínua, ou seja, são a avaliação de $x(t)$ em intervalos de tempo regulares, onde $x(t)$ pode ser visto como a solução de um Problema de Valor Inicial (PVI) de um sistema de Equações Diferenciais Ordinárias (EDO) com condição inicial (CI), dado por

$$\begin{aligned} \frac{dx(t)}{dt} &= f(x(t)), \\ x(0) &= x_1. \end{aligned} \quad (3.25)$$

O sistema (3.25) pode ser aproximado localmente por uma dinâmica linear do tipo

$$\begin{aligned} \frac{d\tilde{x}(t)}{dt} &= \mathcal{A}\tilde{x}(t), \\ \tilde{x}(0) &= \tilde{x}_1, \end{aligned} \quad (3.26)$$

sendo \mathcal{A} uma matriz. No caso em que \mathcal{A} é diagonalizável, a solução do PVI (3.26) é da forma

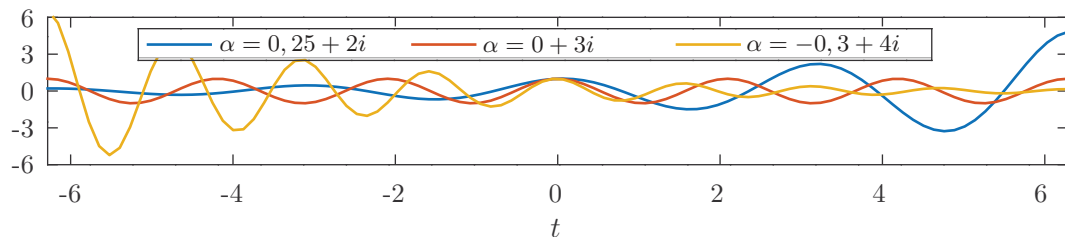
$$\tilde{x}(t) = \sum_{l=1}^p c_l v_l e^{\alpha_l t}, \quad (3.27)$$

onde c_l são constantes, α_l são os autovalores de \mathcal{A} e v_l os seus respectivos autovetores (22). Tomando $\alpha_l = \kappa_l + i2\pi\omega_l$, $\kappa_l, \omega_l \in \mathbb{R}$, reescrevemos (3.27) como

$$\tilde{x}(t) = \sum_{l=1}^p c_l v_l e^{\kappa_l t} e^{i2\pi\omega_l t} = \sum_{l=1}^p c_l v_l e^{\kappa_l t} [\cos(2\pi\omega_l t) + i \operatorname{sen}(2\pi\omega_l t)].$$

Note que em \tilde{x} , $e^{\kappa_l t}$ determina um comportamento exponencial, de crescimento, se κ_l for positivo, ou de decrescimento, se κ_l for negativo, enquanto que $e^{i2\pi\omega_l t}$ determina um comportamento oscilatório, com um valor de frequência ω_l . Podemos ver esse comportamento na Figura 4, aonde tomamos $p = 1$, $c = 1$ e $v = 1$, e variamos os valores de α para verificar sua influência.

Figura 4 – Variações de comportamento da exponencial complexa.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Vemos que se α tem parte real positiva o valor de amplitude cresce rapidamente, analogamente se α tem parte real negativa há um decrescimento na amplitude. A parte imaginária de α determina a frequência da oscilação.

Agora comparando a solução (3.27) com a fórmula de reconstrução obtida em (3.24), obtemos

$$x_{k+1} = \sum_{j=1}^r b_j \lambda_j^k \phi_j \approx \tilde{x}(t_{k+1}) = \sum_{l=1}^p c_l w_l e^{\alpha_l t_{k+1}}, \quad (3.28)$$

sendo $t_{k+1} = k\Delta t$ e $k = t_{k+1}/\Delta t$. Considerando $\lambda_l^k = e^{\alpha_l t_{k+1}}$, com t_k uma amostragem do tempo contínuo t , temos

$$\lambda_l^k = \lambda_l^{\frac{t_{k+1}}{\Delta t}} = e^{\ln(\lambda_l) \frac{t_{k+1}}{\Delta t}} = e^{\frac{\ln(\lambda_l)}{\Delta t} t_{k+1}}. \quad (3.29)$$

Comparando os termos das exponenciais de (3.28) e (3.29) vemos que

$$\alpha_l = \frac{\ln(\lambda_l)}{\Delta t}, \quad (3.30)$$

e assumindo que α_l é composto por uma frequência, ω , e por uma fase, κ , isto é, $\alpha_l = \kappa + i2\pi\omega$, temos as relações

$$\omega = \frac{\mathcal{I}(\ln(\lambda_l))}{2\pi\Delta t},$$

$$\kappa = \frac{\mathcal{R}(\ln(\lambda_l))}{\Delta t}.$$

Daí segue a definição.

Definição 3.5.1. *Dado um modo dinâmico, dizemos que ω e κ , dados por*

$$\omega = \frac{\mathcal{I}(\ln(\lambda_l))}{2\pi\Delta t},$$

$$\kappa = \frac{\mathcal{R}(\ln(\lambda_l))}{\Delta t},$$

são, respectivamente, a sua frequência e a sua fase.

Apesar de denotarmos por fase do modo, o termo κ na verdade é uma taxa de crescimento ou decrescimento, como vimos na Figura 4. Obtemos a fase real de cada coordenada espacial de um modo. Do ponto de vista prático isso seria equivalente a buscar o atraso entre o começo de um fenômeno entre duas localizações. De fato, considerando um único modo ϕ , a reconstrução (3.24) tem

$$x_k^j = by_j e^{\alpha t_k},$$

em cada uma de suas entradas, onde y_j , $j = 1, \dots, n$, é o valor que o modo ϕ assume na j -ésima entrada e α é valor obtido em (3.30). Sendo y_j e b valores complexos, denotamos $by_j = z_j$

$$x_k^j = e^{\ln(z_j)} e^{\alpha t} = e^{\ln(z_j) + \alpha t_k}.$$

E como

$$\ln(z_j) = \ln|z_j| + i \arg(z_j),$$

fazendo $\alpha = \kappa + i2\pi\omega$, onde κ é a fase e ω a frequência associados ao modo na posição j , temos

$$x_k^j = e^{\ln|z_j| + \kappa t_k + i(\arg(z_j) + 2\pi\omega t_k)},$$

isto é,

$$x_k^j = |z_j| e^{\kappa t_k} e^{i(\arg(z_j) + 2\pi\omega t_k)} = |z_j| e^{\kappa t_k} \left[\cos(\arg(z_j) + 2\pi\omega t_k) + i \sin(\arg(z_j) + 2\pi\omega t_k) \right]$$

ou seja, para cada posição espacial fixa j , o valor de fase associado é dado por $\arg(z_j) = \mathcal{I}(\ln(z_j))$ e os dispomos no vetor $\arg(b\phi)$.

Definição 3.5.2. Para cada modo dinâmico ϕ denotamos por

$$\varphi_\phi = \arg(b\phi)$$

o vetor da sua distribuição espacial da fase.

Como veremos nos exemplos do Capítulo 4, tais formulações são precisas e permitem recuperar as frequências e fases das funções estudadas. Isso vem do fato de estarmos trabalhando com uma recursão que busca resultados da mesma forma que a solução geral de uma EDO linear.

3.6 DETERMINAÇÃO DOS COEFICIENTES

Tendo determinado os r modos dinâmicos da Definição 3.3.2,

$$\phi = (\phi_1, \dots, \phi_r),$$

precisamos determinar os coeficientes, b_i , que aparecem em (3.24), necessários para representar os dados. Para isso projetamos o primeiro *snapshot* no espaço gerado pelos modos, de (3.23)

$$x_1 = \phi b,$$

onde $b = (b_1, \dots, b_r)$ são os coeficientes da reconstrução. Então uma forma natural de determinar os coeficientes é por meio da pseudoinversa dos modos

$$b = \phi^\dagger x_1. \quad (3.31)$$

Essa é uma primeira tentativa de obter um valor adequado dos coeficientes, porém, devido as aproximações realizadas essa forma pode ser muito suscetível a erros. Vemos, entretanto, que este depende somente da primeira leitura dos dados, isto é, do primeiro *snapshot*, podemos então, para qualquer *snapshot*, realizar o mesmo processo, por (3.24) temos

$$x_k = \phi D_b \Lambda_{k-1}, \quad (3.32)$$

onde

$$\Lambda_k = \begin{pmatrix} \lambda_1^k \\ \vdots \\ \lambda_r^k \end{pmatrix},$$

e por um raciocínio análogo ao usado anteriormente podemos tomar

$$D_b = \phi^\dagger x_k (\Lambda_{k-1})^\dagger, \quad (3.33)$$

onde basta avaliar as entradas da diagonal de D_b .

Ao invés de olhar somente para um *snapshot* na determinação dos coeficientes, podemos olhar para vários, ou até para todos. De fato, se ao invés de tomar algum Λ_k tomarmos a matriz de Vandermonde de λ , como definido em (2.1.2),

$$\mathcal{V}_k = \begin{pmatrix} 1 & \lambda_1 & \dots & \lambda_1^{k-1} \\ 1 & \lambda_2 & \dots & \lambda_2^{k-1} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & \lambda_r & \dots & \lambda_r^{k-1} \end{pmatrix}, \quad (3.34)$$

a partir dela temos uma relação com os k primeiros *snapshots*, então dado $0 \leq k \leq m$

$$[x_1, \dots, x_k] = \Phi D_b \mathcal{V}_k. \quad (3.35)$$

Assim, obtemos uma forma de usar vários *snapshots* simultaneamente na determinação do vetor de coeficientes. Porém, quando consideramos o uso de muitos *snapshots* para a determinação dos coeficientes a equação (3.35) é computacionalmente cara, devido ao uso de um grande volume de dados.

É possível obter um vetor de coeficientes, dependente somente dos dados obtidos nos cálculos da DMD. Definimos primeiramente uma medida de erro de tal forma a saber se o vetor escolhido é bom, para isso definimos a função $E : \mathbb{C}^n \rightarrow \mathbb{R}$, que opera em b , da seguinte forma

$$E(b) = \|X - \Phi D_b \mathcal{V}_m\|_F^2. \quad (3.36)$$

Adotando agora que $\Phi = UW$ e relembrando que $X = U\Sigma V^*$ reescrevemos a equação anterior como

$$E(b) = \|U\Sigma V^* - UW D_b \mathcal{V}_m\|_F^2. \quad (3.37)$$

Ainda, como $U^*U = I_d$, então para qualquer matriz B vale

$$\|UB\|_F^2 = \text{tr}((UB)^*UB) = \text{tr}(B^*U^*UB) = \text{tr}(B^*B) = \|B\|_F^2, \quad (3.38)$$

e assim chegamos a forma que adotaremos

$$E(b) = \|\Sigma V^* - W D_b \mathcal{V}_m\|_F^2. \quad (3.39)$$

Vale notar também que todas as contas permanecem se quisermos adotar um número $p < m$ de *snapshots*, alterando-se somente o número de linhas de U e de colunas de V^* .

Para escolher os coeficientes definimos um problema de minimização de E , onde buscamos b que satisfaça

$$\min_b E(b) = \min_b \|\Sigma V^* - W D_b \mathcal{V}_m\|_F^2. \quad (3.40)$$

Mostraremos a seguir que E assim definida é uma função convexa e, portanto, atinge um mínimo global e apresentamos também uma fórmula para tal mínimo. Para isso sejam $G = \Sigma V^*$, $K = W D_b \mathcal{V}_k$ e $Q = \mathcal{V}_k V \Sigma^* W$. Reescrevemos $E(B)$, como

$$\begin{aligned} E(b) &= \|G - K\|_F^2 \\ &= \text{tr} \left((G - K)^*(G - K) \right) \\ &= \text{tr}(G^*G - G^*K - K^*G + K^*K) \\ &= \text{tr}(G^*G) - \text{tr}(G^*K) - \text{tr}(K^*G) + \text{tr}(K^*K). \end{aligned}$$

A partir da Proposição 2.1.1 temos,

$$\begin{aligned} \text{tr}(G^*G) &= \text{tr} \left((\Sigma V^*)^*(\Sigma V^*) \right) \\ &= \text{tr}(V \Sigma^* \Sigma V^*) \\ &= \text{tr}(V^* V \Sigma^* \Sigma) \\ &= \text{tr}(\Sigma^* \Sigma). \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{tr}(G^*K) &= \text{tr} \left((\Sigma V^*)^*(W D_b \mathcal{V}_k) \right) \\ &= \text{tr}(V \Sigma^* W D_b \mathcal{V}_k) \\ &= \text{tr}(\mathcal{V}_k V \Sigma^* W D_b) \\ &= \text{tr}(Q D_b) = \overline{\text{diag}(Q)}^* b. \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{tr}(K^*G) &= \text{tr} \left((W D_b \mathcal{V}_k)^*(\Sigma V^*) \right) \\ &= \text{tr}(\mathcal{V}_k^* D_b^* W^* \Sigma V^*) \\ &= \text{tr}(W^* \Sigma V^* \mathcal{V}_k^* D_b^*) \\ &= \text{tr}(Q^* D_b^*) \\ &= \overline{\text{diag}(Q) b} = b^* \overline{\text{diag}(Q)}. \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{tr}(K^*K) &= \text{tr} \left((W D_b \mathcal{V}_k)^* W D_b \mathcal{V}_k \right) \\ &= \text{tr} \left(\mathcal{V}_k^* D_b^* W^* W D_b \mathcal{V}_k \right) \\ &= \text{tr} \left(D_b^* (W^* W) D_b (\mathcal{V}_k \mathcal{V}_k^*) \right) \\ &= b^* \left((W^* W) \otimes (\mathcal{V}_k \mathcal{V}_k^*)^t \right) b \\ &= b^* \left((W^* W) \otimes \overline{(\mathcal{V}_k \mathcal{V}_k^*)} \right) b. \end{aligned}$$

Considerando $q = \overline{\text{diag}(Q)}$, $s = \text{tr}(\Sigma^* \Sigma)$ e $P = (W^* W) \otimes \overline{(\mathcal{V}_k \mathcal{V}_k^*)}$, temos

$$E(b) = b^* P b - q^* b - b^* q + s. \quad (3.41)$$

Note que P é positiva definida, segundo o Teorema 2.1.1. Provamos agora que E é convexa, isto é, atinge mínimo global.

Proposição 3.6.1. *A função E definida em (3.41) é convexa e possui mínimo em*

$$b = P^{-1}q.$$

Demonstração. Sejam $w, z \in \mathbb{C}^n$, temos que mostrar que

$$E\left(\frac{w+z}{2}\right) \leq \frac{E(w) + E(z)}{2}. \quad (3.42)$$

De fato

$$\begin{aligned} 2E\left(\frac{w+z}{2}\right) &= \frac{1}{2}(w+z)^*P(w+z) - q^*(w+z) - (w+z)^*q + 2s \\ &= \frac{1}{2}\left[w^*Pw + w^*Pz + z^*Pw + z^*Pz\right] - q^*w - q^*z - w^*q - z^*q + 2s \\ &= \frac{1}{2}\left[-w^*Pw + w^*Pz + z^*Pw - z^*Pz\right] + (H(w) + H(z)). \end{aligned}$$

Assim, para verificar a condição (3.42) basta que o termo entre colchetes seja não positivo, ou seja,

$$-w^*Pw + w^*Pz + z^*Pw - z^*Pz \leq 0.$$

Para verificar esse fato podemos reescrever esse termo da seguinte forma

$$\begin{aligned} -w^*Pw + w^*Pz + z^*Pw - z^*Pz &= (z-w)^*Pw - (w-z)^*Pz \\ &= (z-w)^*P(w-z) \\ &= -(z-w)^*P(z-w), \end{aligned}$$

como P é positiva definida concluímos que $-(z-w)^*P(z-w) \leq 0$. Basta agora ver que o mínimo é atingido em $b = P^{-1}q$, para isso buscamos a e c , tais que

$$\begin{aligned} E(b) &= b^*Pb - q^*b - b^*q + s \\ &= (b^* - a^*)P(b - a) + c = b^*Pb - a^*Pb - b^*Pa - a^*Pa + c. \end{aligned} \quad (3.43)$$

Assim, $b^*Pa = b^*q$ e $a^*Pb = q^*b$, de forma que podemos tomar

$$a = P^{-1}q,$$

pois $(P^{-1}q)^* = q^*P^{-1}$, substituindo em (3.43) temos

$$\begin{aligned} E(b) &= b^*Pb - q^*P^{-1}Pb - b^*PP^{-1}q - q^*P^{-1}PP^{-1}q + c \\ &= b^*Pb - q^*b - b^*q - q^*P^{-1}q + c. \end{aligned}$$

Tomando $c = s + q^*P^{-1}q$, obtemos

$$E(b) = (b^* - q^*P^{-1})P(b - P^{-1}q) + s + q^*P^{-1}q. \quad (3.44)$$

Como P é positiva definida o mínimo de E é atingido quando $b - P^{-1}q = 0$. Portanto, temos o mínimo em $b = P^{-1}q$. \square

Retomando a notação original, vemos que uma forma de calcular os coeficientes, depende da escolha de *snapshots* e dos termos usados no cálculo dos modos, e é dada por

$$b = \left((W^*W) \otimes \overline{(\mathcal{V}_k \mathcal{V}_k^*)} \right)^{-1} \overline{\text{diag}(\mathcal{V}_k V \Sigma^* W)}, \quad (3.45)$$

onde k é o número de *snapshots* tomados.

Apesar da expressão, há um ganho de precisão na tomada dos coeficientes, e estes são determinados somente com uso de matrizes já calculadas e em suas formas reduzidas. Tal técnica de obtenção dos coeficientes foi apresentada por Jovanovic et al. (23), no mesmo texto são exibidas ainda algumas técnicas de otimização para uma computação mais eficiente destes.

Com isso concluímos a construção dos modos dinâmicos, e a forma de reconstruir um dado a partir destes, com isso no próximo capítulo exploraremos o uso dessas técnicas, limitações e outras ferramentas.

4 EXPLORANDO A DMD

Nesse capítulo por meio da construção da DMD queremos explorar alguns aspectos dos modos dinâmicos e a eficácia do método proposto como forma de reconstrução e análise dos dados. Para isso nos baseamos na forma que esperamos que a reconstrução tenha, isto é, consideramos uma função f no formato

$$f(t) = \sum_{k=1}^{\infty} b_k e^{i\alpha_k t},$$

onde conseguimos explorar alguns aspectos do método, como vemos a seguir. Adotamos por padrão o tempo em segundos (s) e a frequência em Hertz (Hz).

4.1 MODOS COM UMA ÚNICA FREQUÊNCIA

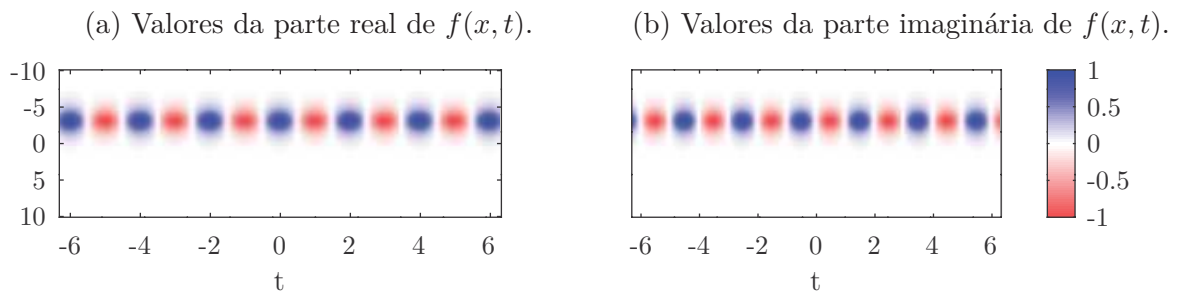
Seja $f : \mathbb{R} \times \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$ dada por

$$f(x, t) = \operatorname{sech}(x + 3)e^{i\pi t}. \quad (4.1)$$

O comportamento dessa função pode ser visto na Figura 5, através de um mapa de intensidade, onde no eixo x temos a evolução temporal, no eixo y a posição espacial e a coloração indica o valor obtido pela função. Vemos senoides com relação ao tempo com diferentes amplitudes e fases dependendo da posição espacial, mas com uma frequência de 0,5 Hz. A partir desse dado aplicamos o método.

Figura 5 – Mapa de intensidade das partes real e imaginária da função

$$f(x, t) = \operatorname{sech}(x + 3)e^{i\pi t}.$$



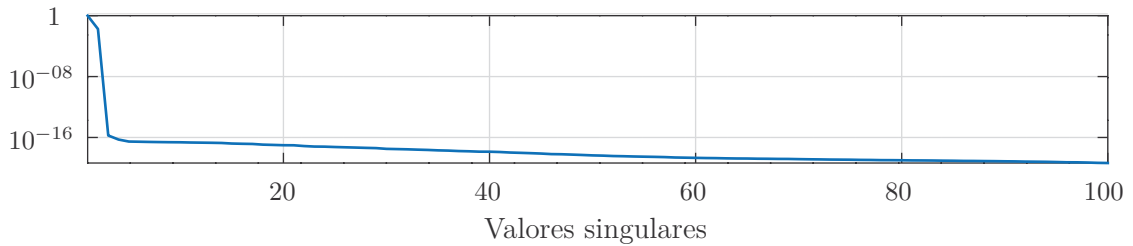
Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

O eixo x determina a evolução temporal, e o eixo y determina a posição espacial, é possível perceber o comportamento senoidal com relação ao tempo, enquanto que, nesse caso, a parte espacial determina a amplitude das oscilações.

Construímos 200 snapshots, considerando 200 instantes de tempo igualmente espaçados no intervalo de tempo $[-2\pi, 2\pi]$, obtendo um $\Delta t = 0,063$ s e tomando o primeiro instante de tempo $t = -2\pi$, que determina o *snapshot* x_1 . Cada *snapshot* possui 100

componentes, correspondente a uma posição espacial no intervalo $[-10, 10]$, dada por $\xi_j = -10 + (j - 1)\Delta x$, $j = 1, \dots, 100$, com $\Delta x = 0,2$, resultando numa malha de dimensão 100×200 . Dessa forma, teremos até 100 valores singulares ao decompor a matriz de dados X_1 .

Figura 6 – Energia associada a cada um dos 100 valores singulares obtidos na decomposição SVD da matriz de dados.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Vemos que a energia dos valores singulares fica concentrada nos primeiros valores.

Escolhemos arbitrariamente o valor de energia $E_p = 0,96$ (3.10) no método DMD e para obter esse valor foi necessário somente um valor singular e, portanto, somente um λ , sendo o posto de \tilde{A} também igual a um. A porcentagem de energia associada a cada valor singular é apresentado na Figura 6. Ao calcularmos a frequência associada a esse modo obtemos,

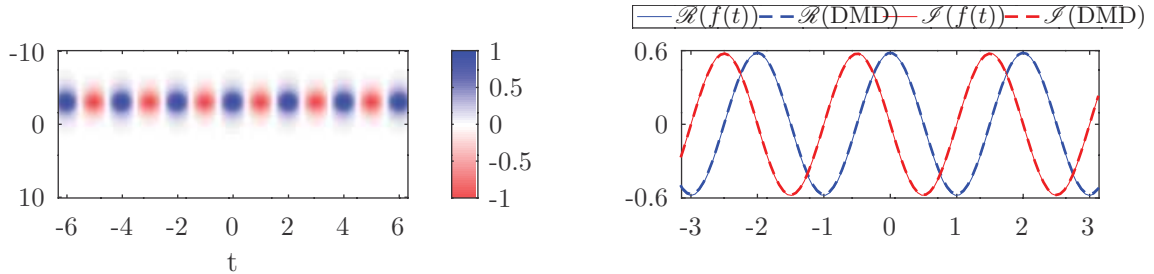
$$\omega_1 = \frac{\log(\lambda)}{2\pi\Delta t} = 0,50014 \text{ Hz}$$

isto é, pela DMD recuperamos com uma pequena margem de erro, o valor da frequência adotada inicialmente, de 0,5 Hz, vide Figura 5.

Ao calcularmos a reconstrução, da forma exibida no Corolário 3.4.1, o método mostra-se eficaz em identificar e reconstruir o sinal gerado vide Figuras 5a e 7a. Para exemplificação, tomamos a posição espacial, $x = -4, 14$, nela vemos que a reconstrução é próxima à realidade, Figura 7b, pois o valor de erro máximo obtido é 0,012.

Figura 7 – As parte reais da reconstrução via DMD utilizando apenas um modo, e o gráfico da reconstrução em $x = -4,14$.

- (a) Reconstrução via DMD da parte real da função $f(x, t)$. (b) Reconstrução em $x = -4,14$ da função $f(x, t)$.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Na reconstrução em $x = -4,14$ temos o dado original em linha contínua e o dado reconstruído em linha pontilhada. Obtemos pela reconstrução um erro máximo de 0,016.

Na Figura 8 é apresentado a relação da parte real do modo obtido com a parte real da distribuição espacial original, dada por $\text{sech}(x + 3)$ em (4.1). Ao confrontar os gráficos observamos que são proporcionais pois ao avaliar a função f no primeiro instante de tempo, $t = -2\pi$, temos

$$f(x, -2\pi) = \text{sech}(x + 3)e^{-2\pi^2 i},$$

e pela reconstrução,

$$f_\xi(-2\pi) \approx b\phi\lambda^0 = b\phi,$$

onde $f_\xi(t)$ é o vetor cujas componentes são a avaliação de f , no tempo t em cada uma das posições ξ_j , $j = 1, \dots, 100$. Assim comparando cada componente de $f_\xi(-2\pi)$ com as componentes de $b\phi$ temos

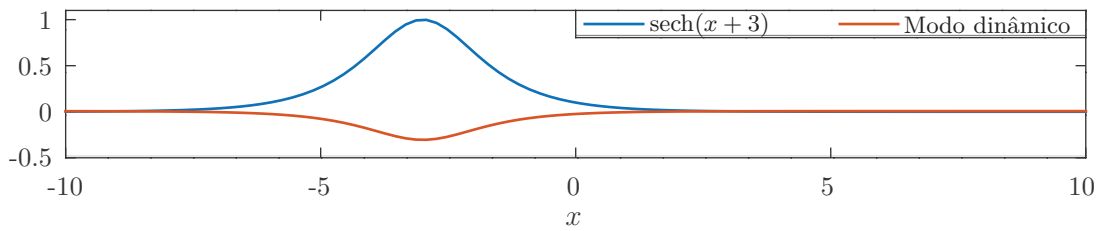
$$\mathcal{R}(\phi^j) = \mathcal{R}(e^{-2\pi^2 i}/b) \text{sech}(\xi_j + 3),$$

onde ϕ^j é a j -ésima componente do modo ϕ , e assim apresentam o mesmo comportamento espacial.

De uma forma geral, porém, a parte real de um modo contem a informação espacial associada a dinâmica de uma determinada frequência, apontando quais são os pontos da malha que sofrem maior influência da dinâmica.

Nesse exemplo não há um atraso de fase espacial entre as posições, portanto essa é a informação que devemos obter do vetor de distribuição de fase espacial φ_ϕ , vide Definição 3.5.2. Na Figura 9 é exposto que a parte onde ocorre a dinâmica apresenta uma fase similar, isto é, não há atraso de fase, e a parte onde não ocorre a dinâmica apresenta outra fase, que também permanece constante. Vemos assim que os modos possuem informações

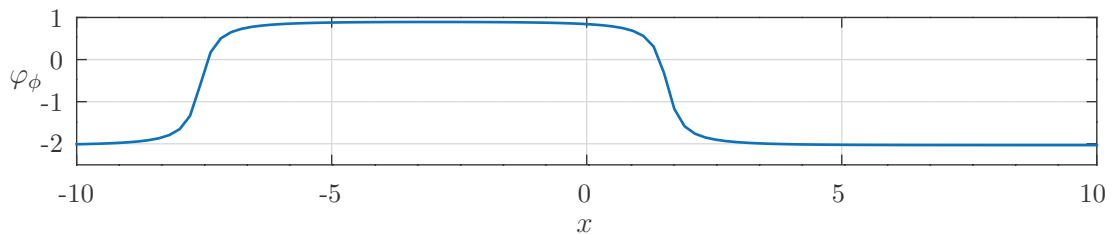
Figura 8 – Distribuição espacial da função adotada e parte real do modo sobrepostos.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

É possível notar que a menos de escala ambos transmitem a mesma informação.

Figura 9 – Distribuição espacial de fase associado ao modo ϕ .



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Toda a dinâmica ocorre com uma fase constante, o modo captura essa informação, separando a parte espacial onde há oscilação e a parte espacial que é constante na evolução temporal.

de correlação espacial entre eventos, isto é, podemos utilizar dos modos não somente para a reconstrução do dado, mas também para extrair informações espaciais.

Ressaltamos que a escolha de energia considera 1 dos 2 valores singulares relevantes, porém esse acumula a maior parte de energia, e como vimos armazena toda a informação necessária nesse caso. Nos casos a seguir veremos também uso de poucos valores singulares devido a natureza dos dados escolhidos, porém no Capítulo 5 fazemos uma análise de sensibilidade nessa escolha em dados empíricos utilizados.

Mostramos assim um caso onde a DMD é capaz de reproduzir adequadamente os dados, porém, devido as características da DMD, em alguns casos a reconstrução não é bem sucedida. Dessa forma, o objetivo do restante desse capítulo é explorar alguns desses casos, buscando formas de contornar os problemas, e, ou, explicitar limitações do método.

4.2 MODOS COM MULTIFREQUÊNCIAS

Da Definição 3.5.1, temos que os modos são limitados a um valor de frequência fixo. Vejamos o que acontece quando temos, por exemplo, uma soma de duas exponenciais

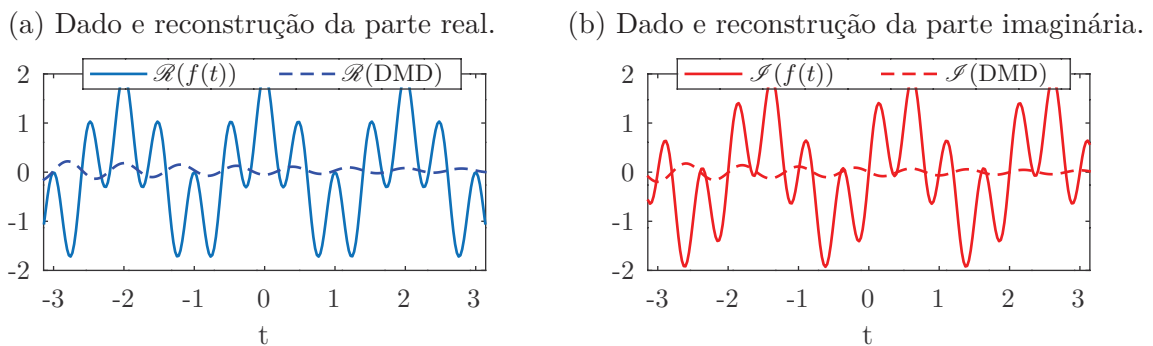
complexas. Assim, propomos que se considere

$$f(t) = e^{i\pi t} + e^{4i\pi t}, \quad (4.2)$$

onde temos duas frequências na dinâmica e consideramos apenas uma única posição espacial.

Calculando a DMD dessa entrada, com 500 pontos na malha temporal, sua reconstrução, com valor de energia $E_p = 0,96$, obtemos o resultado apresentado na Figura 10, logo pela DMD não fomos capazes de reconstruir o dado.

Figura 10 – Reconstrução das partes real e imaginária da soma de exponenciais complexas (4.2).



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

No exemplo anterior com duas frequências gerado por (4.2), tínhamos utilizado um dado unidimensional, porém, mesmo considerando um dado com distribuição espacial, como no caso (4.1), ou seja,

$$f(x, t) = \operatorname{sech}(x + 3)(e^{i\pi t} + e^{4i\pi t}), \quad (4.3)$$

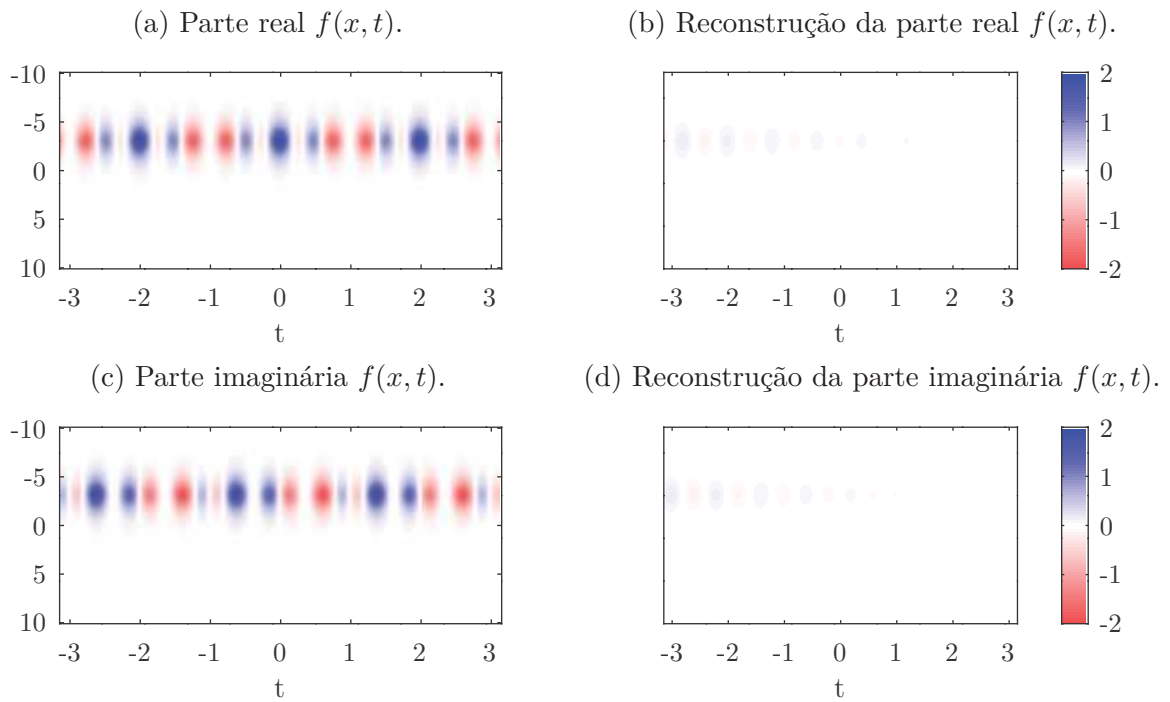
ainda não é possível reproduzir o dado, vide Figura 11, mesmo utilizando $E_p = 0,96$. Isto se deve ao fato de que cada modo está associado a uma única frequência, pois, da Definição 3.5.1, temos que os modos são limitados a um valor de frequência fixo. Logo o modo nos retorna, além das informações espaciais, algo como uma média das frequências. Seriam necessários dois modos distintos para poder descrever a dinâmica de forma precisa.

Considere agora a seguinte função

$$f(x, t) = \operatorname{sech}(x + 3)e^{i\pi t} + \operatorname{sech}(x + 1)e^{4i\pi t}, \quad (4.4)$$

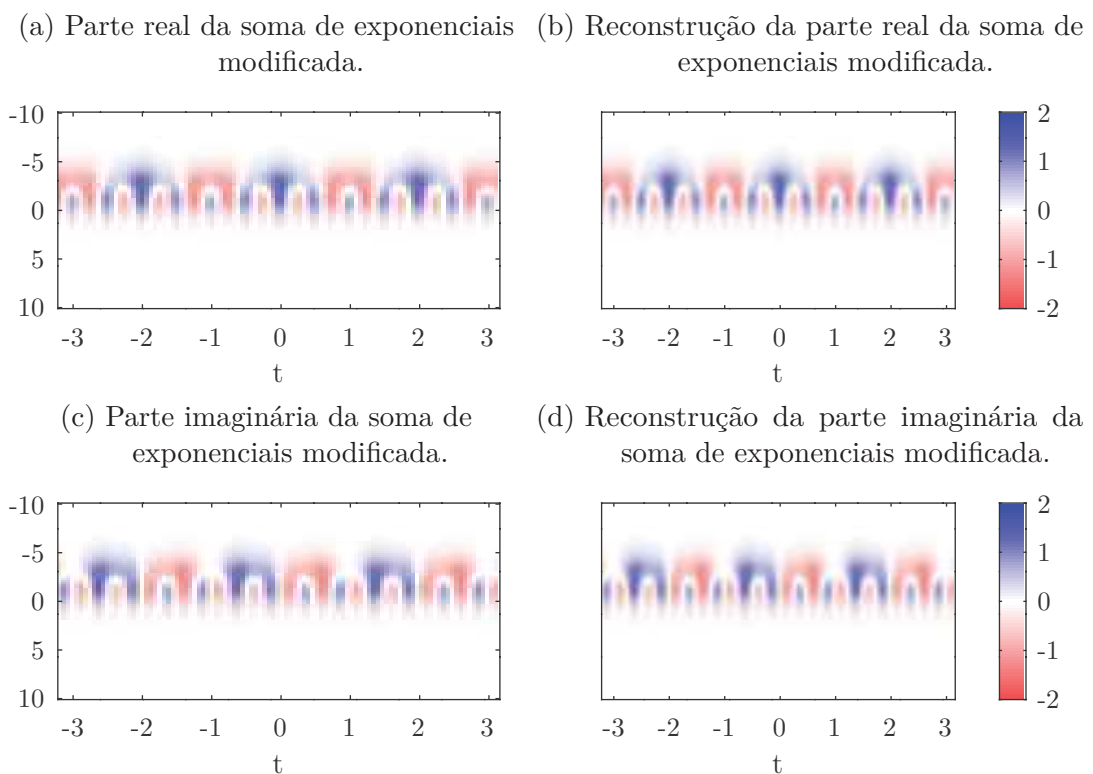
que diferentemente ao exemplo (4.3), temos duas distribuições espaciais ao invés de uma, e associadas a frequências distintas. Aplicando a DMD, com $E_p = 0,96$, obtemos dois modos distintos associados, cada um, a uma frequência das frequências 0,5 Hz e 2 Hz de (4.4), que reproduzem de forma satisfatória os dados, vide Figura 12.

Figura 11 – Partes real e imaginária e respectiva reconstruções da função $f(x, t) = \text{sech}(x + 3)(e^{i\pi t} + e^{4i\pi t})$



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Figura 12 – Partes real e complexa e respectiva reconstruções da soma de exponenciais modificada



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Portanto, concluímos a DMD é eficiente quando o dado possui para cada fonte espacial uma frequência associada. Para esta limitação, Kutz *et al.* (10) apresenta uma técnica de separação de eventos com frequências, distintas o suficiente, através do que chama de *Multi-Resolution DMD*. Vale ainda lembrar que o método também pode confundir frequências muito próximas, tomando um valor intermediário entre as duas, e que a relação de proximidade está relacionada com o espectro de frequências da Transformada de Fourier, isto é, o intervalo e o tempo total de amostragem podem influenciar nestes fatores.

4.3 DMD COM DADO DE ENTRADA REAL

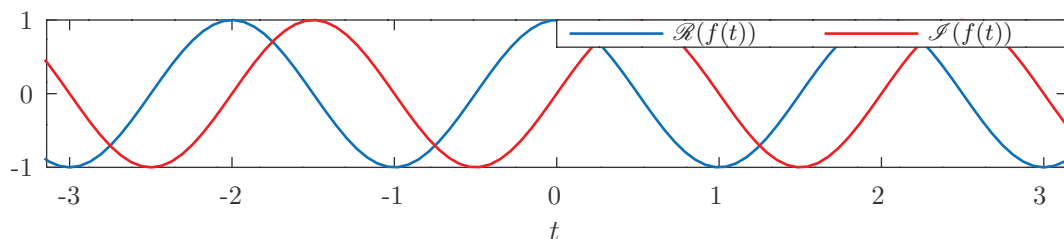
Nas Seções 4.1 e 4.2 e os dados eram compostos por valores complexos, e que além disso possuíam 2 dimensões, uma espacial e outra temporal, porém dados empíricos normalmente são valores reais. Assim, para aplicarmos a DMD em problemas práticos precisamos utilizá-lo com dados com valores reais. Entretanto, como ilustrado nos próximos exemplos, verificamos que a DMD apresenta limitações quando os dados de entrada não são complexos.

Propomos que se considere primeiro a mesma função de (4.1), mas sem sua distribuição espacial, isto é, consideramos a função exponencial complexa, $f(t) : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$ dada por

$$f(t) = e^{i\pi t}, \quad (4.5)$$

que apresenta o comportamento descrito na Figura 13. Nesse caso, como vemos na Figura 14, mesmo sendo um dado somente temporal, a DMD é capaz de reconstruir a informação de forma adequada.

Figura 13 – Partes real, em azul, e imaginária, em vermelho, da exponencial complexa (4.5)

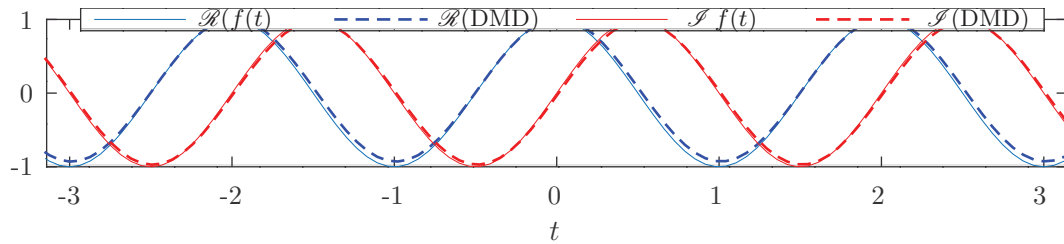


Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Observamos então que a DMD não apresenta problemas com essa ausência da distribuição espacial, no dado, veja que, o comportamento oscilatório é dado por um termo complexo. Mas os dados coletados empiricamente são reais. Consideremos então a função real cosseno, com a mesma frequência adotada anteriormente, e também sem distribuição espacial, isto é,

$$f(t) = \cos(\pi t). \quad (4.6)$$

Figura 14 – Em pontilhado a reconstrução via DMD da exponencial complexa (4.5) sobreposta a função original.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Construímos os dados com 200 pontos na malha temporal, porém, agora o método falha em reconstruir o dado. De fato, para o dado gerado por meio de (4.6) temos somente um autovalor, logo real, dado por $\lambda = 0,9812$, e, assim, tomando

$$a = \frac{\log(\lambda)}{2\pi\Delta t} = -0,0476,$$

é real, e assim a frequência é dada por

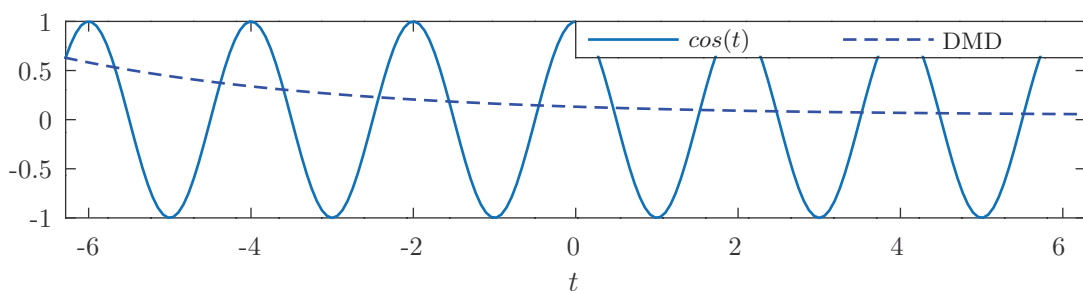
$$\omega = \mathcal{I}(a) = 0.$$

Logo da fórmula de reconstrução, temos

$$y(t) = be^{wt},$$

uma exponencial. Vemos que o resultado que obtemos não condiz com o da função original, como vemos na Figura 15, porém é possível explicar tal limitação, e nesse caso resolvê-la.

Figura 15 – Em pontilhado a reconstrução via DMD da função cosseno, (4.6), em linha contínua.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Aqui outra limitação do método devido ao dado ser real.

4.4 DATA-SHIFTING

Algumas abordagens podem ser adotadas para resolver o problema anterior, Seção 4.3, essa é uma limitação conhecida, sendo discutida por Tu *et al.* (24). Ele também

apresenta uma forma de resolução que, nesse caso, é eficaz, conhecida como *Data-Shifting*, que consiste em empilhar dados com um atraso, um *shift*. Com essa simples alteração o método capta ambos os autovalores conjugados.

O *Data-Shifting* consiste em tomar a matriz de dados original X e dividi-la, em duas matrizes

$$X_1 = \begin{bmatrix} | & | & \cdots & | \\ x_1 & x_2 & \cdots & x_{m-1} \\ | & | & & | \end{bmatrix}_{n \times m-1} \quad \text{e} \quad X_2 = \begin{bmatrix} | & | & \cdots & | \\ x_2 & x_3 & \cdots & x_m \\ | & | & & | \end{bmatrix}_{n \times m-1},$$

e a partir dessas construir uma nova matriz de entrada para a DMD, a matriz X_s , dada por

$$X_s = \begin{bmatrix} x_1 & x_2 & \cdots & x_{m-1} \\ x_2 & x_3 & \cdots & x_m \end{bmatrix}_{2n \times m-1},$$

isto é, estamos empilhando as matrizes X_1 e X_2 .

Olhando para a analogia com o caso contínuo, se antes estávamos tomando $dx/dt = \mathcal{A}x(t)$, agora buscamos também a próxima derivada, isto é, aumentamos a ordem da EDO, tomando um problema da forma

$$\frac{d^2x}{dt^2} = \mathcal{A}x(t)$$

e realizando um processo de redução de ordem, obtemos

$$\begin{cases} \frac{dy}{dt} = \mathcal{A}x(t) \\ \frac{dx}{dt} = y(t) \end{cases}.$$

Nesse caso, cada equação corresponde a dinâmica de uma linha da matriz X_s .

Dessa forma, se antes tínhamos uma solução geral como uma exponencial, com autovalores reais, no caso da matriz \mathcal{A} ser real, agora temos a possibilidade de tomar autovalores conjugados, de fato, as funções seno e cosseno são descritas por EDO's de segunda ordem.

Olhando ainda para a nossa definição por recursão, temos que soluções oscilatórias, assim como no caso das EDO, são obtidas em recursões de segunda ordem (25), isto é, recursões do tipo

$$x_i = Bx_{i-1} + Cx_{i-2}.$$

Podemos reescrever essa relação de recorrência com um tratamento de redução de ordem, obtendo

$$\begin{bmatrix} x_i \\ x_{i-1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} B & 0 \\ 0 & C \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_{i-1} \\ x_{i-2} \end{bmatrix} = A \begin{bmatrix} x_{i-1} \\ x_{i-2} \end{bmatrix},$$

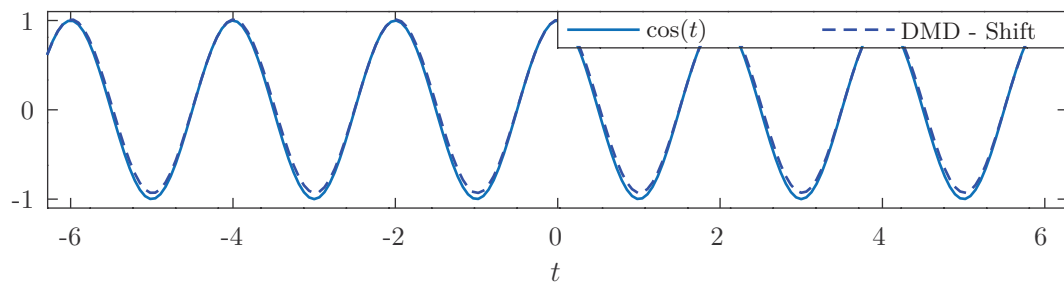
que tem uma estrutura semelhante a que encontramos no DMD, porém no nosso caso não podemos afirmar quem são os blocos da matriz A , mas temos ainda assim a relação

$$X_{s_i} = AX_{s_{i-1}},$$

onde X_{s_i} é a i -ésima coluna de X_s .

Quando realizamos esse procedimento no caso (4.6), obtemos a reconstrução exibida pela Figura 16, que agora captura o comportamento da função cosseno, essa reconstrução obteve um erro médio de 0,0384, isto é, ao somar o módulo dos valores das diferenças e dividir pelo número de *snapshots*, obtemos esse valor médio de erro, visualmente vemos uma discrepância maior próximo aos picos da função original.

Figura 16 – Em pontilhado a reconstrução via DMD com *Data-shifting* da função cosseno, (4.6), em linha contínua.

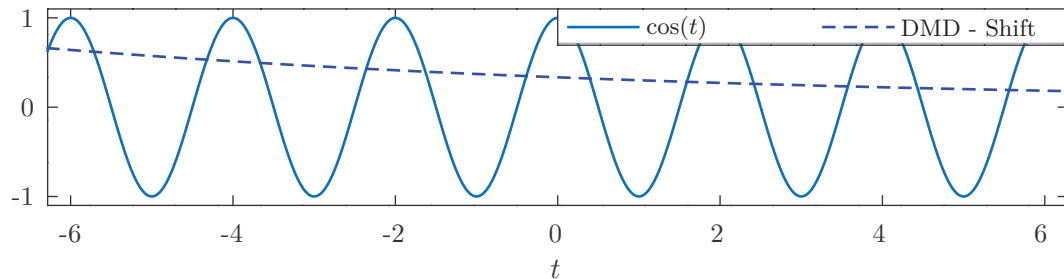


Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Tal processo de *shift* pode ser repetido mais vezes, dessa forma aumentando a ordem na qual o dado vai ser descrito, porém não há garantias que um número maior de *shifts* no dado produz um melhor resultado.

Há também uma limitação desse método no que diz respeito ao tamanho do passo, Δt . Quando para o mesmo dado, mas agora amostrado em 500 pontos, ao invés de 200 pontos, ou com um $\Delta t = 0,025$ s, ao invés de $\Delta t = 0,063$ s, o método não é capaz de recuperar a dinâmica, vide Figura 17.

Figura 17 – Em pontilhado a reconstrução via DMD com *Data-Shifting* e maior amostragem da função cosseno, em linha contínua.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Devido então a limitação desse método, de não podermos dizer quantos *shifts* são necessários, e nem qual o tamanho mínimo do passo Δt , propomos uma forma alternativa, que também soluciona o problema da função cosseno real, mas que traz diferentes limitações.

Uma forma de obter autovalores complexos é transformar os dados de entrada em valores complexos, assim na próxima seção discutimos a complexificação de dados reais e retomamos o caso (4.6).

4.5 COMPLEXIFICAÇÃO DE ENTRADAS REAIS

Com base nos casos observados na seção 4.4 vemos que uma limitação do método se dá quando temos dados com entradas reais. Nessa seção propomos abordar tal problema por meio da Transformada Rápida de Fourier (*Fast Fourier Transform* - FFT), uma implementação eficiente da Transformada Discreta de Fourier, com base na relação entre a função cosseno e a exponencial complexa, em termos de frequência, quando olhamos para a transformada de Fourier, que se resume a presença de frequências simétricas, no caso do cosseno, e uma frequência somente na exponencial complexa (2.3,2.4).

Assim, por meio da FFT aplicada em dados reais, obtemos valores de amplitudes associadas a frequências simétricas, em torno de zero, e mantendo apenas um dos valores simétricos obtemos pela transformada inversa um dado que é complexo e que tem a sua parte real preservada. Isto é, somos capazes de gerar dados complexos a partir de dados reais, que preservem integralmente sua parte real.

Exibimos agora o potencial que esta técnica apresenta na função cosseno. Tome

$$f(t) = \cos(2\pi t). \quad (4.7)$$

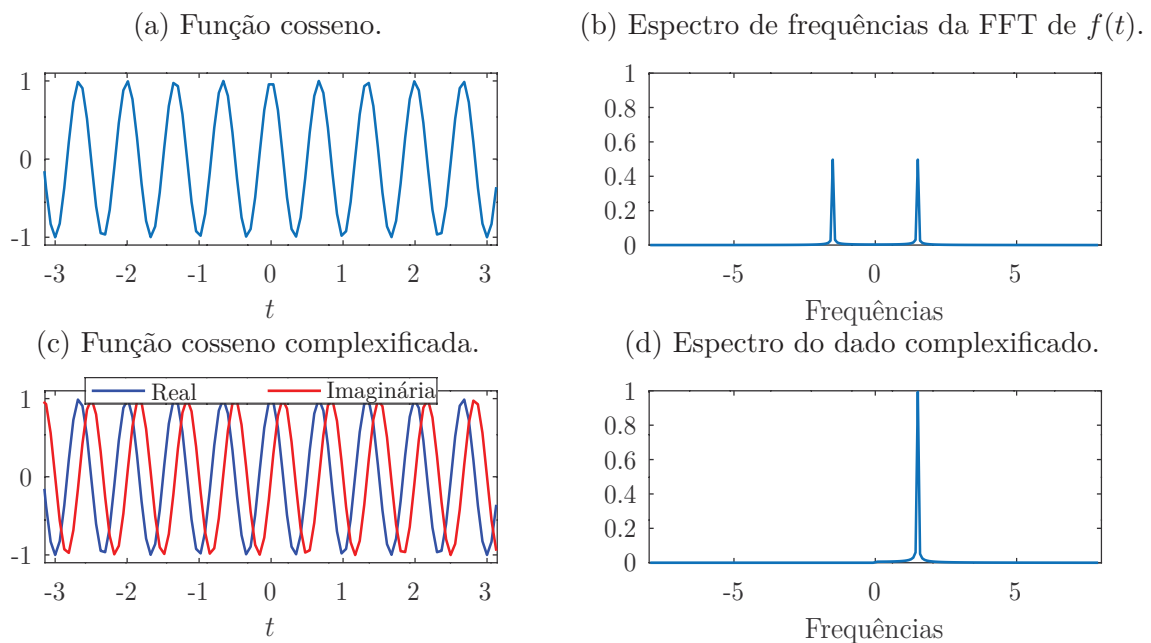
A partir da $f(t)$ e do intervalo de 200 pontos entre -2π e 2π , Figura 18a, que apesar de produzir alguma distorção na exibição da função possui um espectro adequado, temos

uma frequência de amostragem,

$$f_s = \frac{200}{4\pi} = 15,91 \text{ Hz.}$$

Aplicando a FFT nos dados obtemos o espectro de frequências exibido na Figura 18b, e zeramos metade do espectro obtendo o novo espectro exibido na Figura 18d. Quando utilizamos o novo espectro para retomar ao domínio original do tempo obtemos o nosso novo conjunto de dados, $Y(t) : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$, tal que $\mathcal{R}(Y) = f(t)$, conforme a Figura 18c. Notamos que o conjunto de dados gerado se aproxima da função exponencial complexa (4.5), assim como esperado pelo comportamento exibido em (2.3) e (2.4), que nos mostra a relação entre frequências via transformada de Fourier.

Figura 18 – Espectros exibindo amplitude e frequências, à esquerda do dado usado e à direita o espectro utilizado na transformada inversa.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

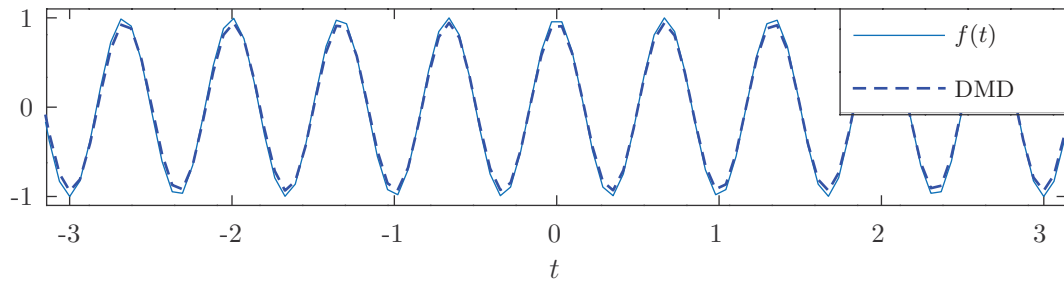
Aplicando a DMD agora no dado complexificado, e tomando somente a parte real do dado reconstruído vemos na Figura 19 que agora o método se mostra capaz de reproduzir melhor o dado apresentado, temos um erro médio da reconstrução de 0,051 76, o que nos dá um erro médio maior do que o obtido via *Data-Shifting* nesse caso particular.

Retornamos agora ao caso da Figura 17, aumentando nossa amostragem no tempo, o que causou a falha do *Data-Shifting*, olhamos para a Figura 20, que exhibe a reconstrução, fazendo uso da complexificação dos dados. Vemos que apesar de uma perda de precisão, tendo um erro médio de 0,106 47, o método ainda capta o comportamento original.

Uma limitação dessa técnica porém aparece quando consideramos frequências mais baixas. Se adotamos agora a função

$$f(t) = \cos(\pi t), \quad (4.8)$$

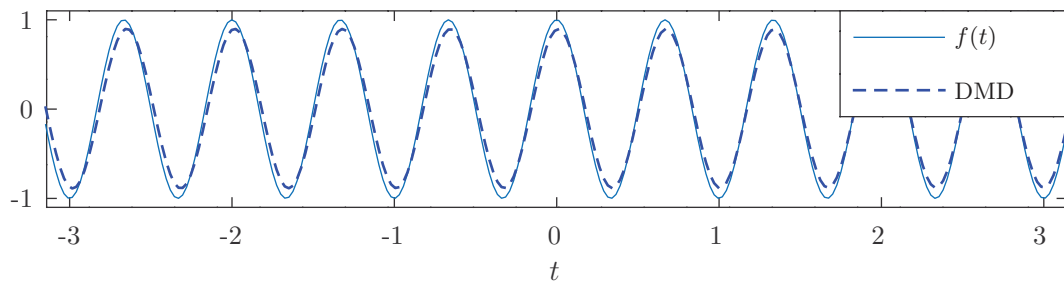
Figura 19 – Reconstrução via DMD do dado complexificado e dado original.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Vemos que a parte real da reconstrução se torna mais próxima do dado original.

Figura 20 – Reconstrução via DMD do dado complexificado e dado original com maior amostragem.



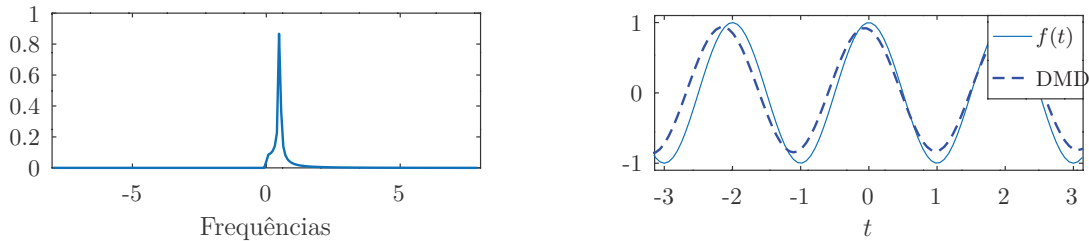
Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Apesar de não ser preciso como no caso da Figura 19, comparando com o resultado obtido na Figura 17 vemos que essa técnica capta melhor a dinâmica do que o Data-Shifting.

vemos na Figura 21 que uma parte do espectro da função é perdido ao zerarmos a parte negativa, há um salto no valor de frequências para zero. Vemos ainda na Figura 21b que isso leva a geração de artefatos e problemas maiores na reconstrução, no caso abordado encontramos um erro médio de 0,2591.

Figura 21 – Espectro e reconstrução da complexificação do cosseno com frequência mais baixa.

- (a) Espectro de frequências do dado complexificado. (b) Reconstrução do cosseno complexificado.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Uma parte do espectro de frequência é perdido na complexificação de dados com frequências mais baixas, isto resulta numa reconstrução pior.

Assim, exibimos uma forma de lidar com ondas estacionárias via DMD. Por último ressaltamos que a DMD também é altamente sensível a *outliers*, um dado que se diferencia muito dos demais, como se tratando de qualquer método que se baseie na SVD, e não se comporta bem com qualquer entrada de dados. Kutz (26) mostra que o método tem também limitações com comportamentos transientes e invariâncias rotacionais/translacionais.

Resumimos os comportamentos apresentados na Tabela 1, apontando as principais características e restrições vistas aqui.

Para outras características Bistran (27) cita algumas variações da DMD aqui apresentada. Além do *shift* são mencionados a *sparsity promoting* DMD, o *multi-resolution* DMD, a *extended* DMD, além de mais variações. Com isto destacamos que há variações na literatura, contornando características específicas, e contribuindo para o desenvolvimento desta técnica.

No capítulo a seguir apresentamos os resultados do uso da DMD após a complexificação do dado empírico, o número de infectados da dengue no Brasil.

Tabela 1 – Características e restrições da DMD apresentadas no Capítulo 4.

Dado	Característica(s)	Restrição	Reconstrução Adequada
(4.1)	Complexo	Não	Sim
(4.2)	Complexo duas frequências e uma distribuição espacial	Uma frequência por modo	Não
(4.3)	Complexo duas frequências e uma distribuição espacial	Uma frequência por modo	Não
(4.4)	Complexo duas frequências e duas distribuições espaciais	Não	Sim
(4.5)	Complexo	Não	Sim
(4.6)	Real oscilatório	Entrada real oscilatória	Não
(4.6)	Real oscilatório e <i>Data Shifting</i>	Não	Sim
(4.6)	Real oscilatório e <i>Data Shifting</i>	Δt pequeno	Não
(4.7)	Real oscilatório complexificado	Não	Sim
(4.7)	Real oscilatório complexificado	Não	Sim
(4.8)	Real oscilatório complexificado	Frequência baixa	Não

Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

5 ESTUDO DE CASO: DENGUE NO BRASIL

Nesse capítulo aplicamos a DMD em dados que representam o número de pessoas que tiveram a dengue no período de 2014 a 2019, no Brasil, disponíveis no Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde (DATASUS). Exploramos assim as propriedades e métodos abordados nos Capítulos 3 e 4, para verificarmos a aplicabilidade da DMD.

5.1 A DENGUE NO BRASIL

A dengue é uma doença viral, transmitida principalmente pelo mosquito *Aedes aegypti*, e atualmente está presente em todos os estados brasileiros, o Brasil tem registro de casos há tempos, com relatos desde o final do século 19. Foram estimados cerca de 1,5 milhões de casos de dengue no ano de 2019, e registradas quase 800 mortes em território nacional, conforme o boletim epidemiológico Volume 51, Nº 02 do Ministério da Saúde (28), isto é, apesar de ser uma doença conhecida ela ainda afeta seriamente a população brasileira, justamente devido a isso há uma preocupação na geração de dados referentes a quadros de dengue, por conta de sua relevância, e disponibilidade de dados, a escolhemos como um estudo de caso. Ressaltamos que a variação climática no Brasil afeta a população de mosquitos e, conseqüentemente, a dengue e, assim, apresentam uma sazonalidade, isto é, períodos em que há picos da doença, no verão, e períodos onde há poucos casos registrados, no inverno, Viana & Ignotti (29).

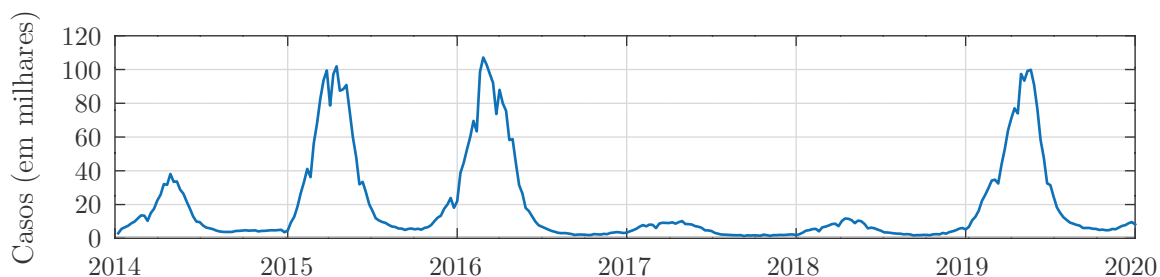
5.2 OBTENÇÃO E TRATAMENTO DOS DADOS

O Sistema Único de Saúde (SUS), programa de saúde público brasileiro disponibiliza seus dados de número de casos da dengue, seus agravamentos, entre outros, com data e municípios de notificação, por meio do DATASUS, pelo programa de informações à saúde (TABNET) (1), ou seja, temos disponibilizados dados oficiais dos hospitais públicos brasileiros, que nos dão um bom diagnóstico da dengue no Brasil. O DATASUS em seu sistema recebe atualizações das unidades de saúde do SUS, sobre os casos de dengue durante uma semana epidemiológica, que é um período de tempo padrão em eventos epidemiológicos, onde o ano é dividido em 52 ou 53 semanas. Tais dados são relatados semanalmente de forma compulsória (30).

O DATASUS disponibiliza dados desde 2001, porém a metodologia de notificação foi alterada em 2014, dessa forma coletamos os dados disponíveis, a partir do ano de 2014, e os dados se tornaram uniformes. Com isso temos um ciclo de amostragem de 5 anos, considerando que os dados disponíveis são do período de 2014 a 2019, em semanas epidemiológicas. Na Figura 22 é apresentado o total de casos de dengue por semana epidemiológica no Brasil, os dados de 2020 até o momento não foram disponibilizados. A

partir da presença de picos anuais e do período no ano em que ocorrem tais picos, vide Figura 22, fica nítido o comportamento sazonal da dengue, descrito acima.

Figura 22 – Número de casos totais (em milhares) da dengue no Brasil no período de 2014 a 2019. Dados obtidos no DATASUS (1).



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Os dados obtidos podem ser dispostos conforme é apresentado na Tabela 2, onde temos um município por linha, com seu código, nome, população e depois o número de casos registrados em cada semana epidemiológica, durante um ano. Cada cidade pode ter seu comportamento estudado isoladamente, vide Figura 22, porém é de nosso interesse identificar um panorama geral.

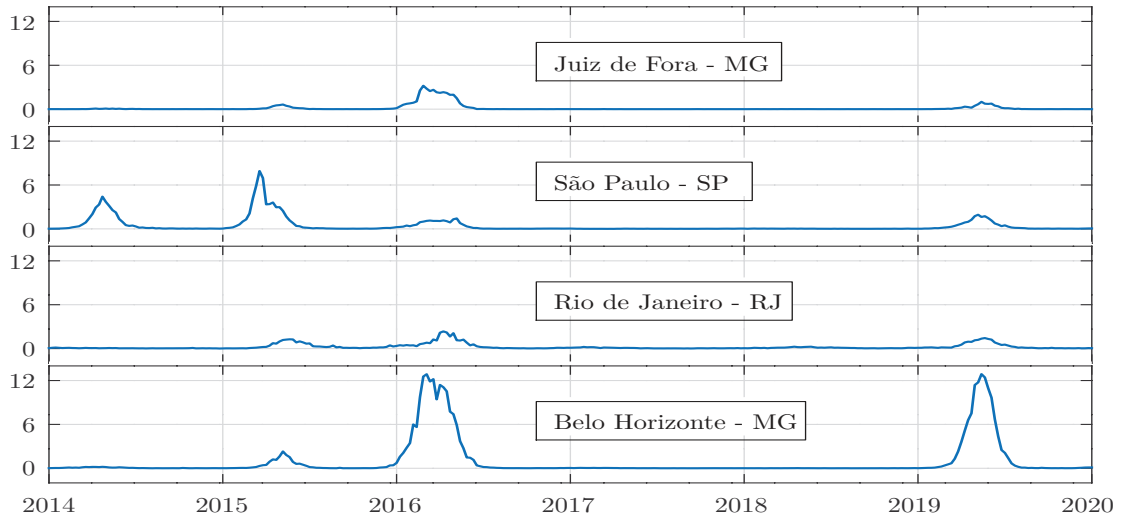
Tabela 2 – Formato dos dados de casos por município a cada semana epidemiológica, no período d ano de 2014, obtidos pelo DATASUS.

Código	Cidade	População	Semana 1	...	Semana 53
313670	Juiz de Fora	555288	2	...	4
355030	São Paulo	11967824	23	...	39
330455	Rio de Janeiro	6476629	62	...	20
310620	Belo Horizonte	2502554	18	...	16

Fonte: Elaborado pelo autor (2021) a partir de dados do DATASUS (1).

Para analisar todas as cidades de uma só vez os gráficos da Figura 23 se tornam inviáveis, devido ao grande número de municípios brasileiros, 5570, por isso apresentamos um mapa de intensidade, Figura 24, onde o eixo x continua descrevendo a evolução temporal, em anos, o eixo y descreve os municípios, ordenados conforme número de casos totais ao longo do período e a intensidade da cor descreve o número de casos, tendo uma escala de cor, entre o branco e o vermelho, para descrever os números, baixo a alto de casos, respectivamente, em dado local em dado momento. O número máximo de casos em uma cidade em uma semana é de 12879 casos, porém como essas quantidades são incomuns, limitamos a escala para uma melhor visualização do comportamento geral.

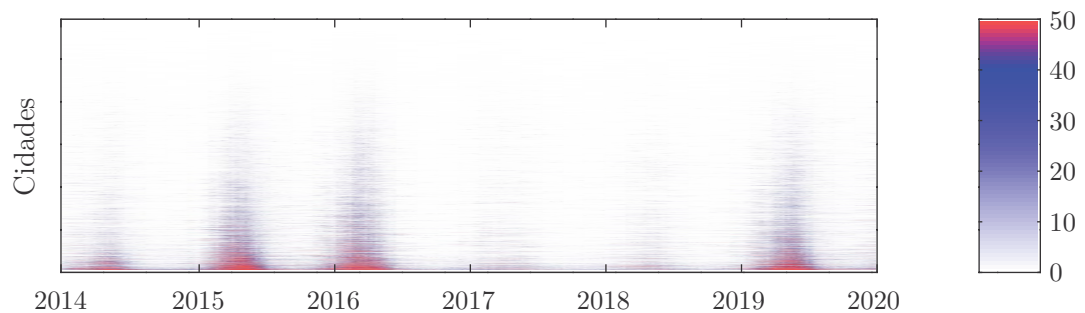
Figura 23 – Número de casos (em milhares) em alguns municípios no período de 2014 a 2019.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

O comportamento reassegura a questão da sazonalidade vista no comportamento da Figura 22.

Figura 24 – Mapa de intensidade do número de casos da dengue em cada município brasileiro.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Temos a intensidade de casos pela cor, vide barra de cor à direita, em cada município brasileiro, eixo y , ao longo das semanas epidemiológicas no período de 2014 a 2019, eixo x . É possível notar os picos ao início de cada ano, indicando uma ocorrência mais forte da dengue no verão, uma sequência de anos com muitos casos, 2014 a 2016, e uma queda do número de casos até uma retomada em 2019. Até o momento da elaboração deste trabalho os dados de 2020 ainda não se encontram disponíveis.

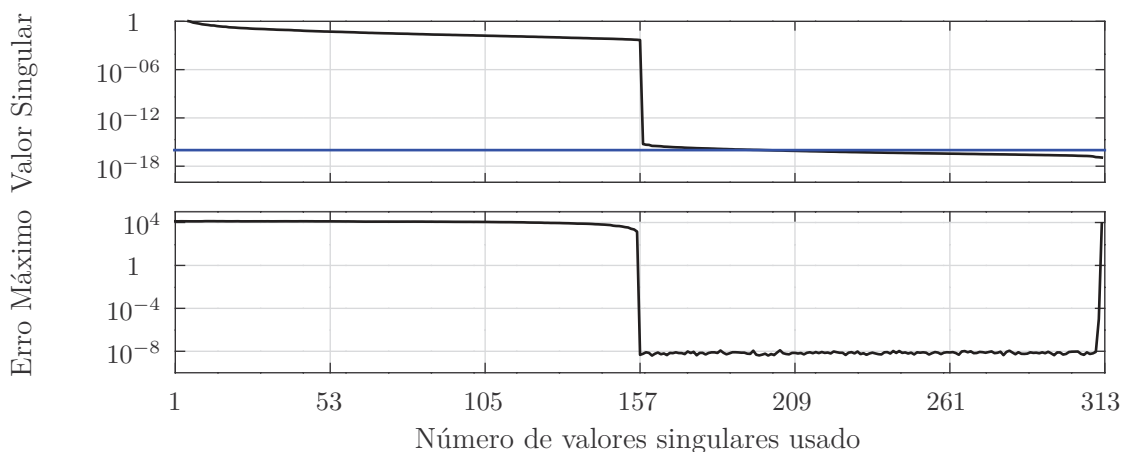
5.3 APLICAÇÃO DA DMD

Para aplicação da DMD primeiro complexificamos o dado da dengue que, conforme verificado na Seção 4.5, preserva a parte real dos dados e gera um dado imaginário sintético equivalente, depois escolhemos um valor de energia, de onde obtemos a forma de realizar a redução de dimensão a ser adotada. Para fins de análise realizamos o truncamento das matrizes oriundas da SVD em todos os valores possíveis, ou seja, energias, e comparamos os valores de erro máximo obtido para cada valor de energia, Figura 25, ao comparar, em norma, a diferença do dado reconstruído para o dado real, e guardando o maior valor obtido.

O dado utilizado possui 5570 cidades e 313 semanas epidemiológicas, isto é, trabalhamos com uma matriz de dimensão 5570×313 , que possui 313 valores singulares. Fica evidente, na Figura 25, utilizando 157 valores singulares que o erro máximo obtido é satisfatório. De fato, esse é o valor onde há uma queda significativa no valor numérico do erro obtido. Tal comportamento pode ser explicado a partir dos valores singulares, ainda na mesma figura temos a energia de cada valor singular.

Não há acúmulo de energia nos valores singulares principais, sendo que os 157 primeiros têm energias similares. Notamos que nesse caso a redução de ordem foi pouco eficiente exigindo que aproximadamente metade dos valores singulares fossem usados. Isso pode indicar que a dinâmica tem características locais significativas e que se olharmos apenas para informações sintetizadas perdemos fatores importantes do fenômeno.

Figura 25 – Valores singulares e erro máximo obtido.



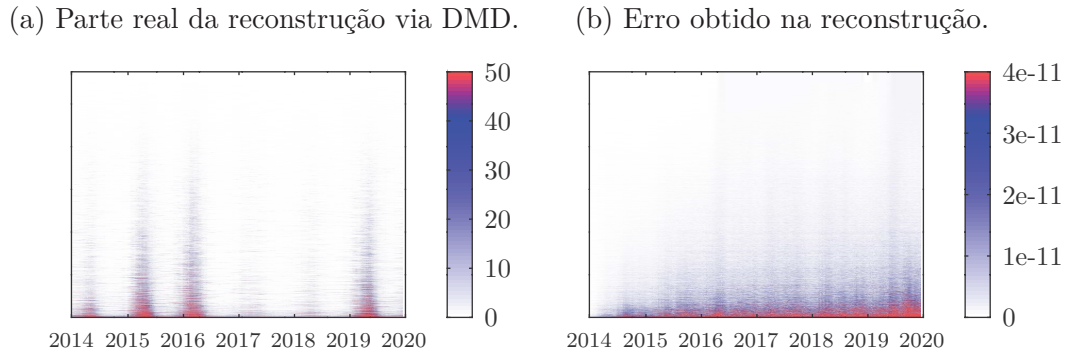
Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Vemos uma grande redução na ordem do erro quando tomamos todos os 157 valores singulares significativos. A linha azul representa o valor de épsilon de maquina, 10^{-16} , a partir de onde os valores podem ser lidos como zero.

Tomando então 157 valores singulares, realizamos a reconstrução do dado original,

com os 5570 municípios e 313 semanas epidemiológicas obtendo os resultados apresentados na Figura 26 aonde temos algo próximo do dado original, como podemos constatar pelo erro obtido em escala de cor.

Figura 26 – Reconstrução via DMD utilizando os dados dos 5570 municípios nas 313 semanas epidemiológicas tomando 157 valores singulares.

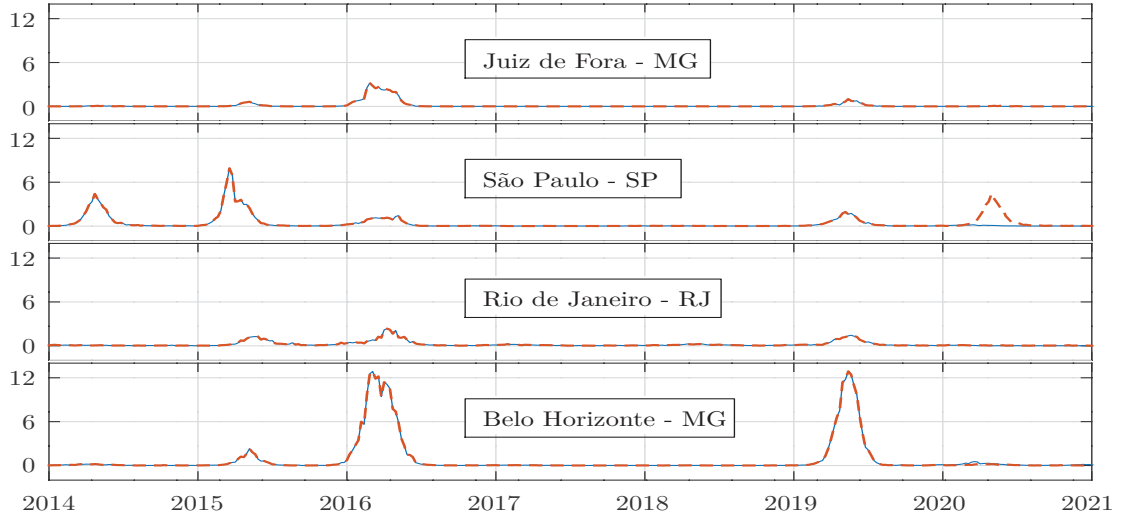


Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Visualmente obtemos um bom resultado, isto pode ser confirmado por meio do erro obtido na reconstrução.

Para se ter uma melhor visualização de como a reconstrução representa bem o dado original consideremos os municípios indicados na Tabela 2, e na Figura 27, apresentamos a reconstrução de seus dados. Logo utilizando os 157 valores singulares obtemos uma reconstrução fidedigna ao dado real no período de obtenção dos dados, posteriormente foram obtido os dados relativos ao ano de 2020, e projetando para esse período o modelo vemos que o comportamento é adequado com exceção da cidade de São Paulo, o modelo prevê um pico no ano de 2020, que não ocorre na pratica, entendemos que esse pico pode ser impulsionado devido aos picos sucessivos (2014 - 2016), e que o ano de 2015 foi um ano com comportamento atípico, devido a presença de uma crise hídrica.

Figura 27 – Dado original, em linha contínua, e a reconstrução via DMD, em linha pontilhada, dos municípios da Tabela 2, com a utilização de 157 valores singulares.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Vemos que a reconstrução representa fielmente o dado no período usado para se obter os modos, mas devido ao comportamento em São Paulo o modelo prevê um pico que não ocorre, notamos que o ano de 2015, que pode ter impulsionado esse fenômeno, foi um ano atípico com histórico de crise hídrica.

Tendo então uma reconstrução confiável, em questão do comportamento dos dados, partimos para a análise dos modos obtidos, um dos principais interesses do uso do método.

5.4 PRINCIPAIS MODOS DINÂMICOS

A primeira coisa que argumentamos a respeito da dengue, e que pode ser vista na Figura 22, é a sazonalidade anual da doença, portanto é de se esperar que um modo, com alguma medida de relevância alta, esteja associada a um período anual. Nesse sentido calculamos as frequências, e associamos a cada modo uma medida de relevância.

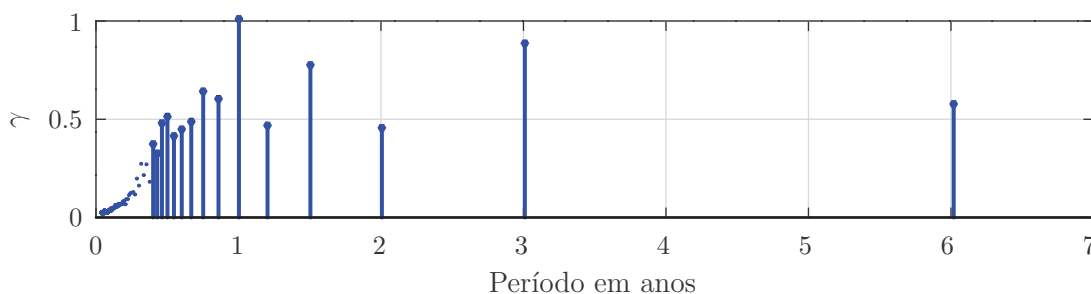
Para definir uma medida de relevância coerente, notamos que como os modos são aproximadamente unitários, a participação de cada um na dinâmica depende inteiramente do termo temporal. Para estimarmos essa participação calculamos a relevância γ para cada modo ϕ_j , $j = 1, \dots, 157$, da seguinte forma

$$\gamma(\phi_j) = \max_{k=1, \dots, 313} |b_j \mathcal{R}(\lambda_j^k)|, \quad (5.1)$$

e dispomos esses valores sobre o eixo temporal obtendo a Figura (28). Ao analisarmos os períodos, ou o inverso das frequências, em anos e compararmos os valores de γ obtemos picos em 1 e 3 anos. A partir dos modos temos uma informação de quando podem ocorrer

esses picos, o caso onde há o encontro de todas as frequências seria o maior ápice possível, enquanto o encontro de alguns picos já representaria um pico da doença. Ressaltamos ainda, que por um raciocínio análogo ao apresentado no Critério de Nyquist, que os valores de período obtidos acima de algo em torno de 3 anos em nossos dados não são inteiramente confiáveis, devido ao curto período de amostragem.

Figura 28 – Relevância normalizada por período associado a cada modo obtido.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

Os valores obtidos a esquerda de 0,4 ano são baixos, e assim são considerados menos relevantes na dinâmica, por isso destacamos com barras as 15 mais relevantes frequências. São nítidos os picos obtidos em torno de 1 e 3 anos.

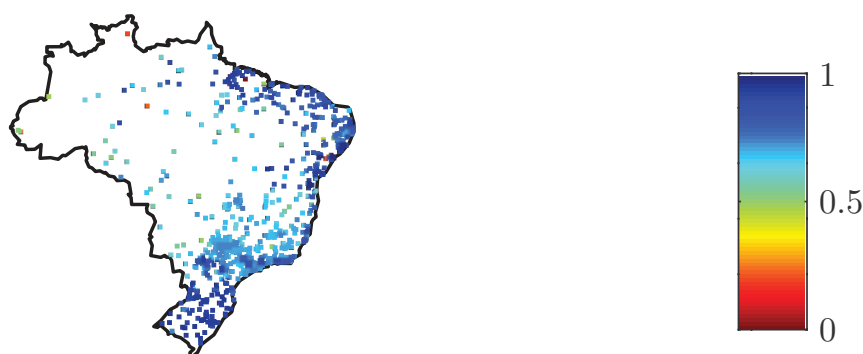
Porém podemos ser mais específicos, e utilizar da espacialidade dos modos, para uma previsão de quando e onde tais picos podem ocorrer. Dessa forma também estamos interessados em uma visualização da distribuição de fase espacial dos modos, sobrepostos em um mapa das cidades.

Nesse intuito uma forma de se representar tal dado é dispor sobre um mapa do Brasil as cidades, representadas por círculos, com uma coloração respectiva aos valores de fase em cada localidade. Tendo em vista o pico dominante de 1 ano, prosseguimos para a análise do modo associado ao período de 1 ano. Podemos fazer algumas conjecturas, tendo conhecimento que o comportamento da dengue está associado a mudanças climáticas em cada região.

Nas simulações apresentadas na Figura 29 a distribuição espacial das cidades, com mais de 50 mil habitantes, que estão na mesma faixa de fase em relação a dengue num período de um ano. Nas regiões norte e nordeste cerca de 84% e 90,8%, respectivamente, dos municípios não chegam a ter 50 mil habitantes, logo as cidades que aparecem nessa simulação podemos dizer que são centros: comerciais, educacionais e, ou, de saúde. Logo viabilizam o espalhamento da dengue para o interior. Na Figura 30a é apresentado as cidades que possuem casos da dengue, no período de agosto a outubro, período do pós inverno no Brasil que não possui condições favoráveis ao mosquito transmissor, com exceção das regiões norte e litoral nordestino. Por meio da Figura 30b, que representa o período

de novembro a janeiro, verifica-se que as cidades do entorno das da Figura 30a passam a ter casos de dengue, evidenciando um importante papel das cidades da Figura 30a para a manutenção da dengue e da sua dispersão. Com o calor e as chuvas no período de fevereiro a abril, há uma explosão de casos de dengue no país, vide Figura 30c. E com a chegada do inverno, período de maio a julho, a dengue desaparece novamente da região centro sul e com o retorno das chuvas nas regiões norte e nordeste verificamos a interiorização da dengue nessas regiões, vide Figura 30d. Destacamos que as cidades da região sul que aparecem na Figura 30d, na verdade estão com aproximadamente zero casos de dengue. Pelas fases apresentadas, outro destaque é que devido a diferença de clima entre as regiões do país ao longo do ano é um fator que favorece a permanência da dengue no país, pois quando uma região não tem condições favoráveis à doença outra tem e, assim, se mantém o vírus circulando.

Figura 29 – Distribuição espacial de fase, em anos, dos municípios brasileiros com mais de 50 mil habitantes.



Fonte: Elaborado pelo autor (2021).

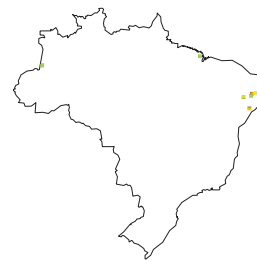
Concluimos assim a aplicação do método, contornando os possíveis problemas vistos no Capítulo 4 e obtendo uma reconstrução adequada. Mas, ressaltamos que o uso de um número de modos, ou energia, arbitrário pode ser inadequado ou extremamente ineficiente. Kutz (26), aborda como se obter uma faixa de valores adequada, aqui focamos em mostrar que com o uso adequado do método é possível obter informações relevantes.

Figura 30 – Distribuição espacial das fases, em anos, dos municípios brasileiros com mais de 50 mil habitantes, separados em 4 faixas de fase, iniciando em agosto e terminando em julho.

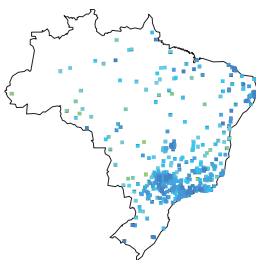
(a) Distribuição espacial de fase, em anos, de 0 a 0,25 ano (ago/set/out), dos municípios brasileiros com mais de 50 mil habitantes.



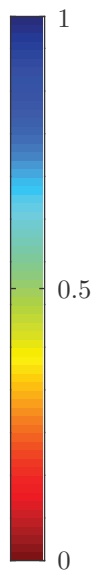
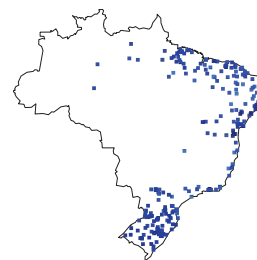
(b) Distribuição espacial de fase, em anos, de 0,25 a 0,5 ano (nov/dez/jan), dos municípios brasileiros com mais de 50 mil habitantes.



(c) Distribuição espacial de fase, em anos, de 0,5 a 0,75 ano (fev/mar/abr), dos municípios brasileiros com mais de 50 mil habitantes.



(d) Distribuição espacial de fase, em anos, de 0,75 a 1 ano (mai/jun/jul), dos municípios brasileiros com mais de 50 mil habitantes.



6 CONCLUSÃO

Nesse trabalho apresentamos o método de Decomposição em Modos Dinâmicos (DMD) iniciamos explicitando a base teórica necessária para a construção do método, desenvolvemos o método e exibimos suas principais propriedades, além de explorar algumas de suas características, mediante diferentes tipos de dados de entrada. Com isso aplicamos o método em um dado empírico.

Entendendo este trabalho como uma análise da técnica do método, abordamos possíveis problemas encontrados e formas de contorná-los e, assim, pudemos observar alguns aspectos relevantes.

O modo apresenta uma forma simples, porém efetiva de obter um conjunto de vetores, os modos dinâmicos, que atuam como uma “base”, não propriamente de um espaço vetorial, mas para a dinâmica e representa o fenômeno com precisão adequada, isto é, tomamos fenômenos com dinâmicas complexas e projetamos essas dinâmicas, em um espaço gerado pelos modos, onde os modos gerados contém as principais informações da dinâmica tanto de noção espacial, intensidade, quanto temporal, fase e frequência.

Diferentemente da série de Fourier, que também decompõe o dado em frequências a DMD não utiliza funções espaciais predefinidas, obtemos os modos, que são construídos para se ajustarem aos dados, e não precisam ser ortogonais ou possuir qualquer outra propriedade.

No caso da dengue fomos capazes de observar isto, tanto as principais frequências de ocorrência da doença, quanto suas características espaciais aparecem nitidamente quando observados os modos e frequências associadas. Podemos conjecturar também rotas de propagação através da distribuição de fase espacial dos modos associados as principais frequências.

Apesar de funcional, e ter apresentado bons resultados, o método traz consigo sérias limitações, como *outliers* e invariâncias.

A confiabilidade é sujeita ao número de autovalores necessários para um dado adequado de saída, o que nem sempre é possível de se testar quando se espera que o volume de dados de entrada seja grande. No nosso caso foi possível avaliar o erro associado a cada valor de energia adotado, e utilizando todos os valores singulares não nulos, computacionalmente, o erro máximo apresentado é de ordem de grandeza desejável. Além disso, valores muito altos de energia também podem desencadear erros numéricos principalmente com a evolução temporal dos modos encontrados, devido ao comportamento exponencial obtido, como vemos no gráfico de erro apresentado no caso da dengue, Figura 25.

O último ponto sensível que destacamos, é o fato do método não suportar, ao menos da forma apresentada, dados com entradas reais. Devido a necessidade da obtenção

de autovalores conjugados para uma representação de comportamento oscilatório, um dado com entrada real não é bem representado. Aqui abordamos uma possível técnica, que funciona para o nosso dado de entrada.

Algumas informações relevantes ainda podem ser extraídas no caso da dengue, como a identificação de cidades chave que atuam na permanência da dengue no Brasil, destacamos que dos mais de 5000 municípios, identificamos cerca de 200 apenas que possuem alta atividade da doença em cerca de metade do ano. Seria possível também identificar melhor a propagação em uma região menor, conhecendo as principais vias de transporte da doença. E finalmente com o acréscimo de dados referentes aos anos seguintes a identificação de frequências relevantes, e suas devidas distribuições associadas.

REFERÊNCIAS

- 1 BRASIL, Ministério da Saúde. *Banco de dados do Sistema Único de Saúde - DATASUS*. Disponível em: <https://tabnet.datasus.gov.br/cgi/sim/obtmap.htm#>.
- 2 CHEN, M.; MAO, S.; LIU, Y. Big data: A survey. *Mobile Networks and Applications*, Springer Science and Business Media LLC, v. 19, n. 2, p. 171–209, jan 2014.
- 3 KUTZ, J. N. *Data-Driven Modeling and Scientific Computation*. Oxford University Press, 2013. ISBN 0199660344. Disponível em: https://www.ebook.de/de/product/21241491/j_nathan_professor_of_applied_mathematics_university_of_washington_kutz_data_driven_modeling_scientific_computation.html.
- 4 WESOLOWSKI, A. et al. Quantifying seasonal population fluxes driving rubella transmission dynamics using mobile phone data. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 112, n. 35, p. 11114–11119, aug 2015.
- 5 YANG, S.; SANTILLANA, M.; KOU, S. C. Accurate estimation of influenza epidemics using google search data via ARGO. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 112, n. 47, p. 14473–14478, nov 2015.
- 6 GOOGLE. *Google Trends*. Disponível em: <https://trends.google.com.br>.
- 7 PROCTOR, J. L.; ECKHOFF, P. A. Discovering dynamic patterns from infectious disease data using dynamic mode decomposition. *International Health*, Oxford University Press (OUP), v. 7, n. 2, p. 139–145, feb 2015.
- 8 SCHMID, P. J. Dynamic mode decomposition of numerical and experimental data. *Journal of Fluid Mechanics*, Cambridge University Press (CUP), v. 656, p. 5–28, jul 2010.
- 9 JOLLIFFE, I. T. *Principal Component Analysis*. Springer-Verlag GmbH, 2002. ISBN 0387954422. Disponível em: https://www.ebook.de/de/product/2047838/i_t_jolliffe_principal_component_analysis.html.
- 10 KUTZ, J. N.; FU, X.; BRUNTON, S. L. Multi-resolution dynamic mode decomposition. jun. 2015.
- 11 BISTRIAN, D. A.; DIMITRIU, G.; NAVON, I. M. Modeling dynamic patterns from COVID-19 data using randomized dynamic mode decomposition in predictive mode and ARIMA. In: *APPLICATION OF MATHEMATICS IN TECHNICAL AND NATURAL SCIENCES: 12th International On-line Conference for Promoting the Application of Mathematics in Technical and Natural Sciences - AMiTaNS'20*. [S.l.]: AIP Publishing, 2020.
- 12 BARATA, J. C. A.; HUSSEIN, M. S. The moore–penrose pseudoinverse: A tutorial review of the theory. *Brazilian Journal of Physics*, Springer Science and Business Media LLC, v. 42, n. 1-2, p. 146–165, dec 2011.
- 13 HOFFMAN, K. *Linear algebra*. Englewood Cliffs, NJ: Prentice-Hall, 1971. ISBN 0135367972.
- 14 MILLION, E. *The Hadamard Product*. 2007.

- 15 STRANG, G. *Linear algebra and its applications*. San Diego: Harcourt, Brace, Jovanovich, Publishers, 1988. ISBN 0155510053.
- 16 OLIVEIRA, O. R. B. de. *TRANSFORMADA DE FOURIER*. 2015.
- 17 SHANNON, C. Communication in the presence of noise. *Proceedings of the IEEE*, Institute of Electrical and Electronics Engineers (IEEE), v. 86, n. 2, p. 447–457, feb 1998.
- 18 KEVREKIDIS, I. G.; SAMAEY, G. Equation-free multiscale computation: algorithms and applications. *Annual Review of Physical Chemistry*, v. 60, n. 1, p. 321—344, 2009.
- 19 FIGUEIREDO, D. *Análise de fourier e equações diferenciais parciais*. Rio de Janeiro: Instituto de Matemática Pura e Aplicada, CNPq, 1987. ISBN 8524400269.
- 20 GOLUB, G. *Matrix computations*. Baltimore: Johns Hopkins University Press, 1996. ISBN 9780801854149.
- 21 PIRES, W. C. d. S.; BARBOSA, D. M.; TAKAHASHI, L. T. COMPRESSÃO DE IMAGENS VIA MEDIDA DE ENERGIA. In: *Encontro Regional de Matemática Aplicada e Computacional do Rio Grande do Sul – ERMAC-RS*. ediPUCRS, 2020. v. 10. ISBN 978-65-5623-103-7. Disponível em: <https://editora.pucrs.br/edipucrs/acessolivre/anais/1501/assets/edicoes/2020/arquivos/94.pdf>.
- 22 PERKO, L. *Differential Equations and Dynamical Systems*. Springer New York, 2008. ISBN 0387951164. Disponível em: https://www.ebook.de/de/product/1410390/lawrence_perko_differential_equations_and_dynamical_systems.html.
- 23 JOVANOVIĆ, M. R.; SCHMID, P. J.; NICHOLS, J. W. Sparsity-promoting dynamic mode decomposition. *Physics of Fluids*, AIP Publishing, v. 26, n. 2, p. 024103, feb 2014.
- 24 TU, J. H. et al. On dynamic mode decomposition: Theory and applications. *Journal of Computational Dynamics*, American Institute of Mathematical Sciences (AIMS), v. 1, n. 2, p. 391–421, 2014.
- 25 CHIANG, A. *Fundamental methods of mathematical economics*. Boston, Mass: McGraw-Hill/Irwin, 2005. ISBN 0071238239.
- 26 KUTZ, J. *Dynamic mode decomposition : data-driven modeling of complex systems*. Philadelphia: Society for Industrial and Applied Mathematics, 2016. ISBN 9781611974492.
- 27 BISTRIAN, D. A.; DIMITRIU, G.; NAVON, I. M. Processing epidemiological data using dynamic mode decomposition method. In: *APPLICATION OF MATHEMATICS IN TECHNICAL AND NATURAL SCIENCES: 11th International Conference for Promoting the Application of Mathematics in Technical and Natural Sciences - AMiTaNS'19*. [S.l.]: AIP Publishing, 2019.
- 28 BRASIL, Ministério da Saúde. *Monitoramento dos casos de arboviroses urbanas transmitidas pelo Aedes (dengue, chikungunya e Zika), Semanas Epidemiológicas 01 a 52*. 2020. <https://portalarquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2020/janeiro/20/Boletim-epidemiologico-SVS-02-1-.pdf>.
- 29 VIANA, D. V.; IGNOTTI, E. A ocorrência da dengue e variações meteorológicas no brasil: revisão sistemática. *Revista Brasileira de Epidemiologia*, FapUNIFESP (SciELO), v. 16, n. 2, p. 240–256, jun 2013.

30 BRASIL, Ministério da Saúde. Gabinete do Ministro. *PORTARIA NO - 204, DE 17 DE FEVEREIRO DE 2016*. 2016. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/gm/2016/prt0204_17_02_2016.html.

APÊNDICE A – Códigos Utilizados

Apresentamos aqui os códigos de base, escritos em linguagem de octave.

A.1 Cálculo dos modos dinâmicos

```

function [ modes lambdas sigmas r ] = compute_dmd( X, pc )

% Function to compute the DMD from data X
%
% usage:
% [ modes lambdas sigmas r ] = compute_dmd( X, pc )
%
% X      - Data matrix
% pc     - Percentage of singular values to preserve
%
% modes  - Dynamic Modes
% lambdas - Eigenvalues
% sigmas - Singular values of X1
% r      - Reduced rank

% Normalization of dataset - This operation will be undone on the modes
%-----%

X_mean = mean(X(:));    X = X - X_mean;
X_max  = max(abs(X(:))); X = X / X_max;

%-----%

Ns = size( X, 2 );

X1 = X( :, 1:end-1 );
X2 = X( :, 2:end   );

% Decomposing X1, building A and At
%-----%

[ U S V ] = svd( X1, 'econ' );

sigmas = diag(S);
r = length(sigmas);

if( pc < 1 )

    ss = cumsum( sigmas );
    ss = ss / ss(end);

% Number of singular values to be preserved
r = max( 1, find( ss > pc, 1 ) );

U = U( 1:end, 1:r );
S = S( 1:r, 1:r );
V = V( 1:end, 1:r );

```

```
end

InvS = diag( 1./diag(S) );

A = X2 * V * InvS * U';

At = U' * X2 * V * InvS;

% Computing eigenvalues and dynamic modes
%-----%

[ W L ] = eig( At );

L = diag( L );
aa = abs( L );

[ ll ii ] = sort( aa, 'descend' );

lambdas = L(ii);

modes = X2 * V * InvS * W(:,ii);
modes = ( modes * X_max ) + X_mean;

end
```

A.2 Matriz de reconstrução e de erros obtidos

```

function [ X_dmd E_dmd ] = compute_dmd_reconstruction( X, modes, lambdas )

% Reconstruct X as a sobreposition of modes
%
% usage:
% [ X_dmd E_dmd ] = compute_dmd_reconstruction( X, modes, lambdas )
%
% X          - Data
% modes      - Dynamic Modes
% lambdas    - Eigenvalues
%
% X_dmd      - Reconstructions third index represents the number of modes used
% E_dmd      - Error
%
% Normalization of dataset and modes
% This operation will be undone reconstructed dataset
%-----%

X_mean = mean(X(:));    X = X - X_mean; modes = modes - X_mean;
X_max  = max(abs(X(:))); X = X / X_max;  modes = modes / X_max;

%-----%

x1 = X(:,1);

% Number of positions, snapshots and modes
[ np ns ] = size( X );
r = size( modes, 2 );

X_dmd = zeros( np, ns, r );
E_dmd = zeros( np, ns, r );
Y      = zeros( np, ns );

% Projecting x1 on space generated by the dynamic modes
A = modes \ x1;

% Reconstruction with the first mode
ii = 1;

Y(:,1) = A(ii) * modes(:,ii);

for jj = 2:ns
    Y(:,jj) = lambdas(ii) * Y(:,jj-1);
end

X_dmd(:,:,ii) = Y;
E_dmd(:,:,ii) = X - squeeze( X_dmd(:,:,ii) );

% Adding remaining modes
for ii = 2:r

    Y(:,1) = A(ii) * modes(:,ii);

```

```
for jj = 2:ns
    Y(:,jj) = lambdas(ii) * Y(:,jj-1);
end

X_dmd(:, :, ii) = Y + squeeze( X_dmd(:, :, ii-1) );
E_dmd(:, :, ii) = X - squeeze( X_dmd(:, :, ii ) );

end

X_dmd = ( real( X_dmd ) * X_max ) + X_mean;
E_dmd = ( real( E_dmd ) * X_max );

end

%-----%
```