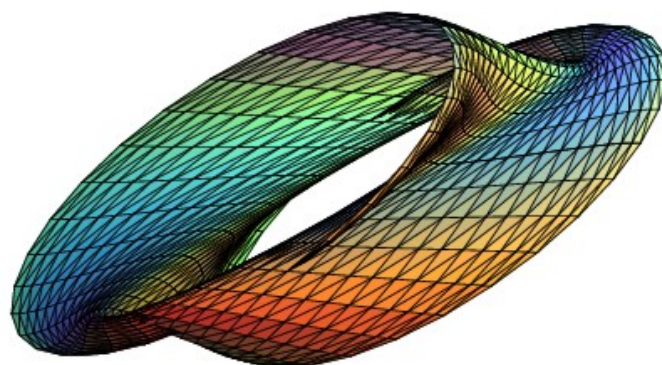

BOLETIM DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA EM
MATEMÁTICA · BICMAT



VOLUME XIX
OUTUBRO DE 2022
DEPARTAMENTO DE MATEMÁTICA
IGCE · RIO CLARO

BOLETIM DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA EM
MATEMÁTICA · BICMAT

Comissão editorial

Elíris Cristina Rizzioli
Renata Zotin Gomes de Oliveira
Nativi Viana Pereira Bertolo
Thiago de Melo

Editoração gráfica

Thiago de Melo

Realização

Conselho de Curso de Graduação em Matemática
Departamento de Matemática
IGCE · Unesp Rio Claro

EDITORIAL

O Boletim de Iniciação Científica em Matemática · BICMat é uma publicação que se destina a difundir prioritariamente trabalhos de Iniciação Científica em Matemática que fazem parte de projetos desenvolvidos por alunos do Curso de Graduação em Matemática do IGCE, Unesp Rio Claro. Eventualmente trabalhos de Iniciação Científica realizados em outras instituições poderão também ser publicados neste Boletim.

O BICMat foi criado em 1998 e nessa época foram publicados dois volumes; o primeiro no ano de criação e o segundo em 2000.

Considerando a importância da Iniciação Científica para o graduando, e o sempre crescente número de projetos desta natureza desenvolvidos em nossa instituição, resolvemos reativar a publicação do BICMat em 2006, com ISSN 1980-024X.

Destacamos que a autoria dos trabalhos apresentados no BICMat é dos alunos. O orientador figura apenas como responsável científico.

Este Boletim também está aberto à divulgação de trabalhos que não sejam frutos de projetos de Iniciação Científica, mas que sejam de interesse dos alunos do curso de graduação em Matemática. Estes trabalhos serão selecionados pelos Editores.

Este volume está disponibilizado eletronicamente na página do Departamento de Matemática no endereço

www.rc.unesp.br/igce/matematica/bicmat/

ou através do código QR



SUMÁRIO

<i>Um Estudo Sobre a Concentração da Droga Cocaína no Sangue</i> Arthur Medeiros Barros	5
<i>Tópicos Introdutórios em Topologia Algébrica e uma Aplicação em Biologia Molecular</i> Bruno Aparecido Pim	17
<i>Sistemas Iterados de Funções e Fractais</i> Lorena Salvi Stringheta	26
<i>Uma introdução ao modelo epidemiológico SECIAR para a pandemia de COVID-19</i> Maitê Borges Fiorini dos Anjos	36
<i>A Métrica Tensorial da Geometria Diferencial</i> Maria Júlia Fassis	43
<i>Uma Introdução à Teoria de Homologia Persistente</i> Marina Maria de Miguel	50

Um Estudo Sobre a Concentração da Droga Cocaína no Sangue

Arthur Medeiros Barros[†]

Orientador(a): Prof. Dra. Marta Cilene Gadotti

Resumo: O estudo de Equações Diferenciais Ordinárias vem tomando proporção na Matemática com o passar do tempo, pois a presença em várias áreas do conhecimento, em específico na Química e na Farmacologia, foco de estudo neste texto. Dessa maneira, por meio da teoria das Equações Diferenciais Ordinárias é possível descrever um modelo matemático que visa obter no decorrer do tempo a concentração da droga Cocaína (*Erythroxylon coca*) na corrente sanguínea de um ser-humano.

Palavras-chave: Equações Diferenciais; Cocaína; Concentração da Droga Cocaína

1 Cocaína: Breve Passagem Histórica

A cocaína faz parte da história há mais de 2.500 anos, a própria é considerada um alcaloide, composto químico de origem vegetal, com altos níveis de dependências físicas e psicológica. A planta geradora do tóxico é oriunda de um arbusto sendo encontrado no leste dos Andes e o mesmo denominado de *Erythroxylon coca* (BAHLS; BAHLS, 2002).

Ademais, com o passar do tempo a folha da coca que era utilizada para diminuir a fome e a fadiga se transformou no tóxico cocaína (droga sintética), de início, a mesma era utilizada na medicina para tratar pacientes com depressão e nervosismos, sendo estudada e administrada pelo cientista e psicanalista Sigmund Freud (BAHLS; BAHLS, 2002). Diante dessa abertura para o consumo da droga, foi notado uma série de internações por distúrbios mentais e dependência e, logo após, sendo testada em animais e comprovado os riscos à saúde humana. Pode-se enfatizar que a dependência está atrelada a perda de controle entre a droga e o usuário (LEPSCH, 2008).

1.1 Complicações ao usuário

A cocaína é uma droga que age diretamente no sistema nervoso do indivíduo e, por conta disso, acaba gerando sérios problemas em relação à saúde física e psicológica. Segundo Nnadi et al. (2004, p. 1506) “A cocaína pode induzir sintomas psicóticos que incluíram delírios, alucinações ou ambos [...] exaustão física, agitação comportamental e alterações do sono” o autor frisa que dependendo da situação emocional que o usuário esteja pode gerar comportamentos suicida e comentou sobre um estudo o qual cerca de 33% dos usuários já tentaram se suicidar. Logo cabe evidenciar, que o indivíduo que esteja sob controle da cocaína é considerado um perigo para a sociedade e para o próprio.

Por conseguinte, além dos problemas citados, após estudos clínicos, o tóxico pode gerar convulsões, dores de cabeça, acidentes vasculares cerebrais, desmaios e até a morte. Dessa maneira, a pessoa dependente quando inicia um tratamento em que o uso da droga é abandonado abruptamente desencadeia a Síndrome de abstinência, definida por Llacer (2001, p. 154)

[†]Agência de fomento: FAPESP: 2022/07899-8.

“síndrome de abstinência, nos referimos ao conjunto de sinais e sintomas, ambos físicos e também psíquicos, que aparecem quando o consumo de uma droga é abandonado”. Por ser uma droga que estimula o Sistema Nervoso Central gera sintomas característicos vindo da abstinência, como: depressão, ideação suicida, fadiga, inquietação, entre outras, porém é um caso tratável.

2 Conhecimentos Prévios

2.1 Teorema Fundamental do Cálculo

Para garantir a existência de solução de um problema que envolve uma equação diferencial ordinária, faz-se necessário o Teorema Fundamental do Cálculo, cuja demonstração será dada.

Mas antes é preciso enunciar o **Teorema do Valor Intermediário**. Suponha que f seja uma função contínua no intervalo fechado $[a, b]$. Se y_0 é um valor entre $f(a)$ e $f(b)$, então existe pelo menos um $x_0 \in [a, b]$ tal que $f(x_0) = y_0$.

Teorema. Se $a < b$ e $f : [a, b] \rightarrow \mathbb{R}$ contínua em $[a, b]$. Então, F é derivável em $[a, b]$ e $F'(x) = f(x)$, para todo $x \in [a, b]$, onde $F(x) = \int_a^x f(t)dt$.

Vejamos a seguir a ideia geométrica da função F , que no caso de $f(t) \geq 0$, ela indica a área abaixo do gráfico de $y = f(t)$, com $t \in [a, b]$.

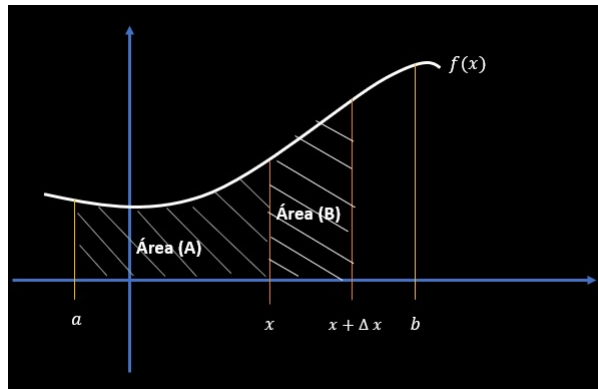


Figura 1.1: Elaborado pelos autores (2022).

Prova: Considere:

$$F(x) = \int_a^x f(t)dt, \forall x \in [a, b].$$

Utilizando a definição de derivada, temos:

$$F'(x) = \lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{F(x + \Delta x) - F(x)}{\Delta x} = \lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{\int_a^{x+\Delta x} f(t)dt - \int_a^x f(t)dt}{\Delta x}.$$

Analisando graficamente, com o auxílio da figura acima, caso em que $f(t) \geq 0$ temos:

$$\int_a^x f(t)dt = \text{Área}(A), \quad \int_a^{x+\Delta x} f(t)dt = \text{Área}(A + B).$$

Logo,

$$F'(x) = \lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{\int_x^{x+\Delta x} f(t)dt}{\Delta x}.$$

Ainda, nesse caso temos uma indeterminação, portanto vamos utilizar o Teorema do Valor Intermediário, assumindo um ponto c e também pelo fato da função F ser contínua em $[a, b]$, segue que

$$\int_x^{x+\Delta x} f(t)dt = f(c)(x + \Delta x - x) = f(c)\Delta x,$$

com $\Delta x > 0$ e para algum $c \in [x, x + \Delta x]$. Agora consegue-se resolver o limite

$$\lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{\int_x^{x+\Delta x} f(t)dt}{\Delta x} = \lim_{\Delta x \rightarrow 0} f(c) = \lim_{c \rightarrow x} f(c) = f(x).$$

Podemos afirmar isso, pois:

$$x \leq c \leq x + \Delta x$$

como

$$\lim_{\Delta x \rightarrow 0} x = x$$

e

$$\lim_{\Delta x \rightarrow 0} (x + \Delta x) = x,$$

segue que c tende para o x . Segue de forma análoga para $\Delta x < 0$.

Desse modo, conclui-se que $F'(x) = f(x)$. ■

2.2 Equação Diferencial Ordinária

A fim de descrever algum modelo para auxílio nos tratamentos para um usuário da cocaína, tem-se a Equação Diferencial Ordinária a qual o estudo vem tomando proporção na Matemática, trazendo para a sociedade aplicações em diversas áreas, como: Física, Química, Biologia, Engenharias e etc. Como exemplifica Boyce e DiPrima:

A importância das equações diferenciais está no fato de que mesmo as equações mais simples correspondem a modelos físicos úteis, como por exemplo, o decaimento de substâncias radioativas, o comportamento de sistemas de massas e molas e o comportamento de circuitos elétricos. (BOYCE; DIPRIMA, 1999, prefácio)

Neste texto, definimos as Equações Diferenciais Ordinárias (EDO), com base em livros e artigos. Uma EDO geral é dada pela expressão

$$f(x, y(x), y'(x), y''(x), \dots, y^{(n)}(x)) = 0,$$

onde x é uma variável independente, enquanto, y é dependente, $y^{(n)}$ denota a derivada de ordem n da própria função. Vale ressaltar que as EDO's são equações que possuem apenas derivadas em relação a uma única variável. Desse modo, para o modelo que será apresentada, usaremos apenas a EDO de primeira ordem, isto é, quando $n = 1$.

2.3 Problema de Valor Inicial (PVI)

Como já pontuado, as equações diferenciais são expressões que dependem da derivada de uma função. Entretanto, como, por definição, derivada de uma constante é igual a zero, logo, se integrarmos uma função derivada, encontra-se uma constante, por exemplo:

- $y'(t) = 2t$.

Logo, se integrarmos essa função, tem-se: $y(t) = t^2 + C$.

Segundo Silva (2017, p. 1): Isso está ligado ao Teorema Fundamental do Cálculo, como já visto, em que sabemos que a primitiva de uma função não está completamente determinada já que sempre podemos somar uma constante na resposta. Assim, para definir completamente uma única resposta é necessário oferecer mais informações para a derivada da função incógnita e um o valor da função em um ponto, conhecido como ponto inicial.

O problema de valor inicial constitui de uma equação diferencial e um valor da função solução em um ponto denotado por t_0 . Abaixo a definição matematicamente:

$$\begin{cases} y'(t) = f(t, y(t)), & \text{com } t > t_0 \\ y(t_0) = y_0 \end{cases}$$

onde $f : D \subset \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$ é uma função contínua.

Usando o Teorema Fundamental do Cálculo, percebe-se que resolver o PVI acima é equivalente a resolver a equação integral:

$$y(t) = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, y(s)) ds. \quad (2.1)$$

Assim, provar a existência da solução do PVI é mostrar que a equação acima tem solução. Enunciamos o Teorema de Existência e Unicidade

2.4 Teorema de Existência e Unicidade

A prova que apresentamos a seguir é baseada na referência [3].

Considere o problema de valor inicial:

$$\begin{cases} \frac{dy}{dt} = f(t, y) \\ y(t_0) = y_0 \end{cases} \quad (2.2)$$

Para elaborar a construção vamos seguir os tópicos.

1. Construção de uma sequência de funções $y_n(t)$ que se aproximam cada vez mais
2. Prova de que a sequência de funções $y_n(t)$ tem um limite $y(t)$ em um adequado intervalo $[t_0, t_0 + \alpha]$.
3. Prova de que $y(t)$ é uma solução da equação neste intervalo.

De modo a ficar organizado e detalhado, os tópicos serão desenvolvidos separadamente, como em [3].

1) Construção de uma sequência de funções $y_n(t)$ que se aproximam cada vez mais.

Dado PVI (2.2), onde a função f é contínua, basta colocar na forma especial, utilizando do Teorema Fundamental.

$$y(t) = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, y(s)) ds. \quad (2.3)$$

Usando as aproximações sucessivas, vamos construir uma sequência de funções da seguinte forma:

- $y_0(t) = y_0 \rightarrow 1^\circ$ Aproximação inicial à solução

- $y_1(t) = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, y_0(s))ds \rightarrow 2^\circ$ Aproximação
- $y_2(t) = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, y_1(s))ds \rightarrow 3^\circ$ Aproximação
- \vdots
- $y_{n+1}(t) = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, y_n(s))ds \rightarrow$ Aproximação geral

Em complemento, nessas aproximações cria-se um ambiente sequencial, para cada $n \in \mathbb{N}$ tendo uma função $y_{n+1}(t)$ que decorre de $y_n(t)$.

Por fim, essas funções $y_n(t)$ são chamadas de Aproximações Sucessivas, ou Iteradas de Picard, pois foram desenvolvidas pelo matemático **Charles Émile Picard**. Vale pontuar que essas iterações de Picard sempre convergem, em um intervalo adequado, para uma solução $y(t)$ de (2.3), vamos à prova deste fato.

2) Convergência das iteradas de Picard.

Inicialmente, iremos encontrar um retângulo, onde as soluções estarão definidas.

Lema 2.1. Escolha quaisquer dois números positivos a e b , e R será um retângulo: $|t - t_0| \leq a, |y - y_0| \leq b$. Considere

$$M = \max\{|f(t, y)|, \text{ com } (t, y) \text{ em } R\} \text{ e } h = \min\left(a, \frac{b}{M}\right).$$

Então,

$$|y_n(t) - y_0| \leq M(t - t_0) \text{ para } t_0 \leq t \leq t_0 + h, \forall n \in \mathbb{N}.$$

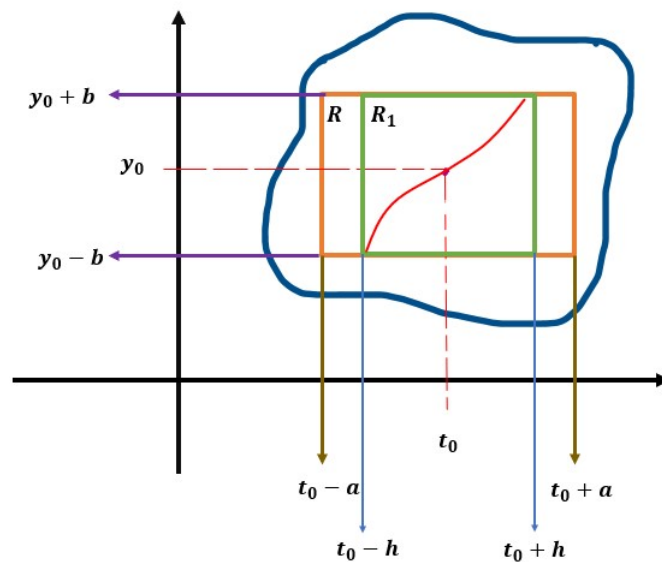


Figura 1.2: Elaborado pelos autores (2022).

Prova: Provamos o lema em questão a partir da indução matemática, onde vale para $n = 0$, restrito a $y_0(t) = y_0$, vamos admitir, por hipótese de indução, que para y_{n-1} é válida, ou seja, satisfaz $|y_{n-1}(t) - y_0| \leq b$ implicando que o ponto $(t, y_{n-1}(t)) \in R$ e que também, $f(t, y_{n-1}(t))$ está definida e é contínua em $[t_0, t_0 + h]$. Logo, temos $|f(t; y_{n-1}(t))| \leq M$, por hipótese.

Considerando a n -ésima iterada de Picard:

$$y_n(t) = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, y_{n-1}(s)) ds,$$

temos:

$$|y_n(t) - y_0| = \left| \int_{t_0}^t f(s, y_{n-1}(s)) ds \right| \leq \int_{t_0}^t |f(s, y_{n-1}(s))| ds \leq \int_{t_0}^t M ds = M(t - t_0) \leq Mh \leq b.$$

Isso implica que $(t, y_n(t))$ encontra-se dentro do retângulo R e $f(t, y_n(t))$ está definido e é contínua em $[t_0, t_0 + h]$. ■

Suponhamos agora que $\frac{\partial f}{\partial y}$ seja contínua no retângulo R .

Note que:

$$y_n(t) = y_0(t) + [y_n(t) - y_0(t)] + \cdots + [y_n(t) - y_{n-1}(t)].$$

Mostremos que

$$\sum_{n=1}^{\infty} |y_n(t) - y_{n-1}(t)| < \infty.$$

De fato, note que

$$\begin{aligned} |y_n(t) - y_{n-1}(t)| &+ \left| \int_{t_0}^t f(s, y_{n-1}(s)) - \int_{t_0}^t f(s, y_{n-2}(s)) ds \right| \\ &\leq \int_{t_0}^t \left| f(s, y_{n-1}(s)) - f(s, y_{n-2}(s)) \right| ds \\ &= \int_{t_0}^t \left| \frac{\partial f(s, \psi(s))}{\partial y} \right| |y_{n-1}(s) - y_{n-2}(s)| ds. \end{aligned}$$

A última igualdade segue do Teorema do Valor Médio aplicado à função $z = f(s, y(s))$. Além de $\psi(s)$ pertencente ao retângulo para $s < t_0 + h$, onde $\psi(s)$ está entre $y_{n-1}(s)$ e $y_{n-2}(s)$.

Assim,

$$|y_n(t) - y_{n-1}(t)| \leq \alpha \int_{t_0}^t |y_{n-1}(s) - y_{n-2}(s)| ds, \quad t_0 \leq t \leq t_0 + h,$$

com

$$\alpha = \max \left\{ \left| \frac{\partial f(t, y)}{\partial y} \right|, \text{ com } (t, y) \text{ em } R \right\}.$$

Para $|y_2(t) - y_1(t)|$:

$$|y_2(t) - y_1(t)| \leq \alpha \int_{t_0}^t |y_2(s) - y_1(s)| ds \leq \alpha \int_{t_0}^t M(s - t_0) ds = \alpha \frac{M(t - t_0)^2}{2!}$$

Para $|y_3(t) - y_2(t)|$:

$$|y_3(t) - y_2(t)| \leq \alpha \int_{t_0}^t |y_3(s) - y_2(s)| ds \leq \alpha M^2 \int_{t_0}^t \frac{(s - t_0)^2}{2} ds = \alpha \frac{M^2(t - t_0)^3}{3!}.$$

Pode-se escrever de uma forma genérica:

$$|y_n(t) - y_{n-1}(t)| \leq \alpha \frac{M^{n-1}(t - t_0)^n}{n!}.$$

Por fim,

$$\begin{aligned} |y_1(t) - y_0(t)| + |y_2(t) - y_1(t)| + \dots &\leq M(t - t_0) + \alpha \frac{M(t - t_0)^2}{2!} + \alpha \frac{M^2(t - t_0)^3}{3!} + \dots \\ &= \frac{M}{\alpha} \left[(t - t_0)\alpha + \frac{((t - t_0)\alpha)^2}{2!} \dots \right] \\ &= \frac{M}{\alpha} (e^{(t-t_0)\alpha} - 1). \end{aligned}$$

Consequentemente, a iterada de Picard converge para uma função em um intervalo proposto. Vale mencionar que a última passagem segue da série de Mac-Laurin da exponencial.

3) Provando que a função $y(t)$ satisfaz o problema de valor inicial. Estudo da unicidade.

Primeiramente, veremos que para $n \rightarrow \infty$ a sequência y_n converge uniformemente para uma função contínua no intervalo de $[t_0, t_0 + h]$.

Antes de iniciarmos, enunciamos um método que estabelece a convergência uniforme de uma série, ao compará-la com série numérica.

Teorema 2.2 (Teste M de Weierstrass). *Seja $\{f_n\}$ uma sequência de funções reais ou complexas definidas em um conjunto A , M_n uma sequência de reais não-negativos, tais que:*

- $|f_n(x)| \leq M_n$ para todo $n > 1$ e todo $x \in A$;
- $\sum_{n=1}^{\infty} M_n < \infty$.

Então:

$$\sum_{n=1}^{\infty} f_n(x) \text{ converge uniformemente em } A.$$

Relembrando do que já foi tratado acima, temos a desigualdade:

$$|y_n(t) - y_{n-1}(t)| \leq \frac{M (\alpha h)^n}{\alpha n!}.$$

E essa série de constantes positivas,

$$\sum_{n=1}^{\infty} \frac{M (\alpha h)^n}{\alpha h n!} = \frac{M}{\alpha h} \left(1 + \frac{\alpha h}{1!} + \frac{(\alpha h)^2}{2!} + \dots \right),$$

converge para

$$\frac{M}{\alpha h} (e^{\alpha h} - 1).$$

Desse modo, considerando a série infinita:

$$\sum_{n=1}^{\infty} |y_n(t) - y_{n-1}(t)|,$$

com

$$|y_n(t) - y_{n-1}(t)| \leq \frac{M (\alpha h)^n}{\alpha n!},$$

a sequência de somas parciais da série:

$$S_n(t) = y_0 + \sum_{i=1}^n |y_i(t) - y_{i-1}(t)| = y_n(t),$$

logo, $\{S_n\} = \{y_n\}$, converge uniformemente para uma função y no intervalo $[t_0, t_0 + h]$

Implica que a sequência de funções y_n está definida pelo método das iteradas de Picard, e converge para y . Podemos afirmar que y e y_n são contínuas no intervalo $[t_0, t_0 + h]$.

Por fim, o limite da função y satisfaz o PVI dado, obedecendo o intervalo proposto.

Para isso, note que para cada $y_n(t)$ que satisfaz $|y_n(t) - y_0| \leq b$ no intervalo $[t_0, t_0 + h]$ temos que, $|y(t) - y_0| \leq b$ e $n \rightarrow \infty$ uniformemente nesse intervalo. Provaremos, então que $f(t, y_n(t)) \rightarrow f(t, y(t))$ uniformemente.

Prova: Sabe-se que

$$|f(t, y_n(t)) - f(t, y(t))| \leq \alpha |y_n(t) - y(t)|.$$

Temos que $y_n(t)$ tende a $y(t)$, isto é $\forall \epsilon > 0, \exists n_0 \in \mathbb{N}$, de tal modo que: $|y_n(t) - y(t)| < \frac{\epsilon}{\alpha}, \forall n > n_0$,

$$\begin{aligned} |f(t, y_n(t)) - f(t, y(t))| &< \alpha |y_n(t) - y(t)| \\ &< \alpha \frac{\epsilon}{\alpha} = \epsilon, \forall n > n_0 \end{aligned}$$

Logo, $f(t, y_n(t)) \rightarrow f(t, y(t))$ uniformemente no intervalo $[t_0, t_0 + h]$. Portanto, $f(t, y_n(t))$ é contínua para qualquer t no intervalo e o limite da função $f(t, y(t))$ também é contínua. Logo,

$$\begin{aligned} y(t) &= \lim_{n \rightarrow \infty} y_n(t) = y_0 + \lim_{n \rightarrow \infty} \int_{t_0}^t f(s, y_{n-1}(s)) ds \\ &= y_0 + \int_{t_0}^t \lim_{n \rightarrow \infty} f(s, y_{n-1}(s)) ds = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, y(s)) ds. \quad \blacksquare \end{aligned}$$

Vamos usar o lema abaixo para garantir a unicidade de solução.

Lema 2.3. *Seja $w(t)$ uma função não negativa, com*

$$w(t) \leq \alpha \int_{t_0}^t w(s) ds.$$

Então, $w(t)$ é igual a zero.

De fato, defina

$$U(t) = \int_{t_0}^t w(s) ds.$$

Então,

$$\frac{dU}{dt} = w(t) \leq \alpha \int_{t_0}^t w(s) ds = \alpha U(t).$$

Consequentemente,

$$e^{-\alpha(t-t_0)} U(t) \leq U(t_0) = 0, \text{ para } t \geq t_0 \text{ e } U(t) = 0.$$

Isso implica que $w(t) = 0$, desde que

$$0 \leq w(t) \leq \alpha \int_{t_0}^t w(s) ds = \alpha U(t) = 0.$$

Teorema 2.4. *Sejam f e $\frac{\partial f}{\partial y}$ funções contínuas no retângulo R : $t_0 \leq t \leq t_0 + h$, $|y - y_0| \leq b$. Temos:*

$$M = \max |f(t, y)|, \text{ com } (t, y) \text{ em } R \text{ e } h = \min(a, \frac{b}{M}).$$

O PVI

$$y' = f(t, y), \quad y(t_0) = y_0$$

tem uma única solução $y(t)$ em $[t_0, t_0 + h]$.

Prova: Por conseguinte, o teorema anterior garante a existência da solução $y(t)$. Vamos supor que $z(t)$ é a segunda solução desse PVI, então:

$$y(t) = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, y(s)) ds \text{ e } z(t) = y_0 + \int_{t_0}^t f(s, z(s)) ds.$$

Notemos

$$\begin{aligned} |y(t) - z(t)| &= \left| \int_{t_0}^t f(s, y(s)) - f(s, z(s)) ds \right| \\ &\leq \int_{t_0}^t |f(s, y(s)) - f(s, z(s))| ds \\ &\leq \alpha \int_{t_0}^t |y(s) - z(s)| ds, \end{aligned}$$

onde α é o valor máximo de $\frac{\partial f}{\partial y}$ para $(t, y) \in R$.

Portanto, segue do lema (2.3) que $|y(t) - z(t)| = 0$, ou seja, $y(t) = z(t)$. ■

3 Modelo Matemático para Concentração da Cocaína no Sangue

A partir de uma aplicação das Equações Diferenciais Ordinárias foi possível o cálculo da concentração da droga cocaína a corrente sanguínea. Com isso, essa droga sintética possui uma meia-vida equivalente a uma hora e trinta minutos, sendo o tempo necessário para que a quantidade inicial se reduza a metade, vale pontuar que essa ação é normal, pois uma vez dentro do corpo é comum que haja um padrão de eliminação e, desse modo, utilizaremos esse dado para o cálculo desse tal padrão.

Denotemos por Q a quantidade de droga, em miligramas, no sangue no instante "t". com o passar do tempo a droga é eliminada obedecendo a uma Equação Diferencial Ordinária. Iniciemos determinando a função $Q(t)$, solução dessa equação diferencial:

$$\frac{dQ}{dt} = -kQ.$$

A seguir, vamos calcular o valor da constante $k > 0$. A partir dessa EDO, pelo método de separação de variável, veja [2]:

$$\frac{1}{Q} \frac{dQ}{dt} = -k.$$

Integrando em ambos os lados:

$$\int \frac{1}{Q} dQ = \int -k dt.$$

Resultando em:

$$\ln |Q| = -kt + C_1.$$

Aplicando a exponencial:

$$e^{\ln|Q|} = e^{-kt+C_1}.$$

Portanto, temos a solução geral dessa EDO:

$$Q(t) = e^{-kt}C_2.$$

A fim de descobrir a solução particular. Tomemos, como condição inicial: $t = 0$ e $Q = Q_0$.

$$Q_0 = C_2e^{-kt} \implies C_2 = Q_0.$$

Por fim, para saber sobre a constante de eliminação k , utilizamos a meia-vida da cocaína:

$$Q(1,5) = \frac{Q_0}{2} \implies \frac{Q_0}{2} = Q_0e^{-k1,5} \implies \frac{1}{2} = e^{-k1,5}.$$

Aplicando o logaritmo natural:

$$\ln \frac{1}{2} = -k1,5 \implies k \approx 0,4620980, \text{ sendo esse um número não negativo.}$$

Logo, temos a função que permite saber a concentração, em miligramas por litro, da droga cocaína, presente no sangue em um determinado tempo:

$$Q(t) = Q_0e^{-0,4620980t},$$

t em horas.

4 Um Olhar Geométrico

Com a solução da EDO é possível esboçar o gráfico solução, para que haja uma melhor visualização. Para isso, utilizaremos um gráfico: concentração por tempo e a partir disso, usaremos duas informações obtidas pela Universidade Federal de Minas Gerais:

Após uma pesquisa em laboratório no departamento de Química da Universidade Federal de Minas Gerais em alicerce com o Instituto de Criminalística observou que em 70% das amostras de drogas apreendidas, cerca de 20% é de cocaína pura, vendida em recipiente convencional que contém 1 grama, sendo o restante podendo ter até pó de mármore. Ademais, se baseando nos dados oferecidos, um indivíduo que consumir cerca de 3,8 gramas de cocaína pura pode estar sujeito a uma overdose. Assim, com esses dados, podemos plotar duas funções para analisar a concentração conforme o tempo aumenta:

(espaço em branco intencional)

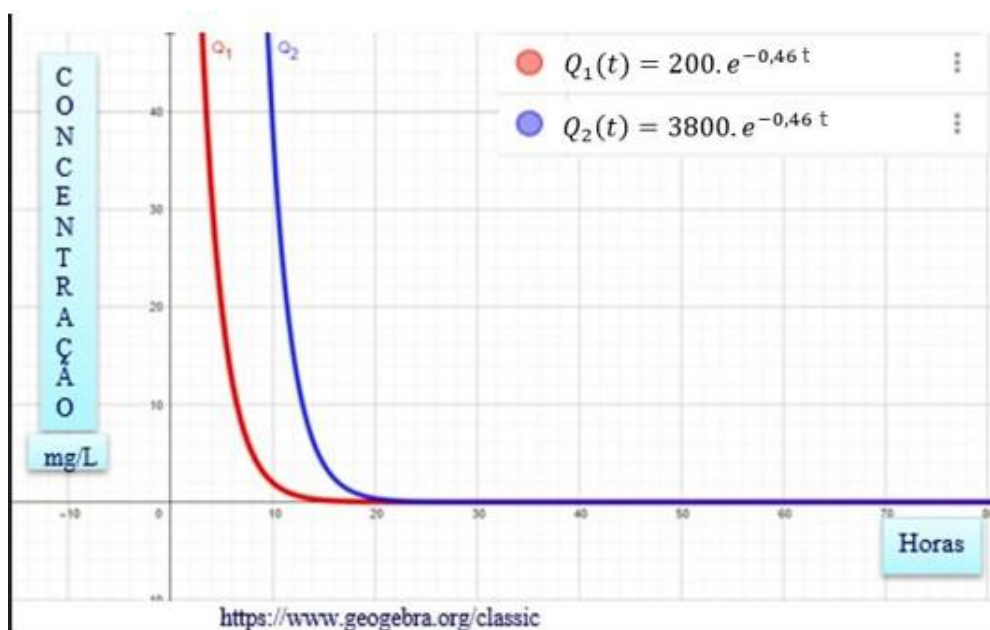


Figura 1.3: GeoGebra.Classic

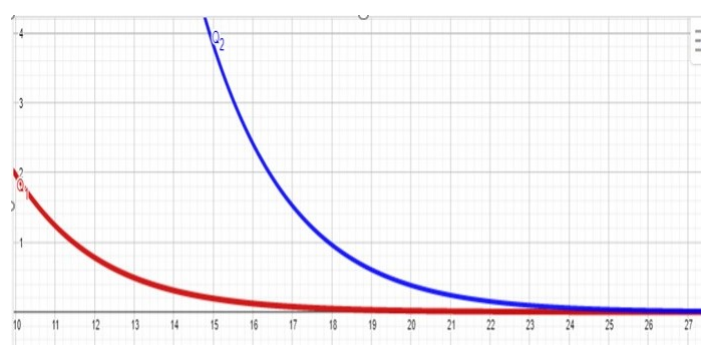


Figura 1.4: GeoGebra.Classic

Dado os gráficos foi notado que a função Q_1 assintota no eixo x depois de aproximadamente 18 horas, enquanto Q_2 demora cerca de 25 horas. Pode-se notar, também, que a função Q_1 é mais rápida do que a Q_2 (tende a zero mais rapidamente).

5 Considerações Finais

Conclui-se que, dado um problema sobre o cálculo da concentração de uma tal droga, a partir de uma equação diferencial ordinal foi possível calcular a solução do problema em questão. É notório que utilizamos a droga ilegal, cocaína, para ser nosso objeto de estudo. Porém, vale ressaltar que a mesma se trata de um tóxico dependente capaz de gerar uma série de risco à saúde do usuário, como: aumento da pressão arterial, arritmias, ataques cardíacos, perdas temporárias de consciência, convulsões, além de causar alucinações e delírios. Enfatizamos que, o intuito foi de trazer uma aplicabilidade das EDO e que, essa aplicação possa ser utilizada no tratamento de um usuário.

Agradecimentos: Agradeço o apoio de meus familiares, inclusive ao meu pai. Agradeço, também, minha professora Marta Cilene pela paciência e conhecimentos passados e, por fim a FAPESP pelo grande apoio financeiro.

Abstract: The study of Ordinary Differential Equations has been taking proportions in Mathematics over time, as it has been present in several areas of knowledge, specifically in Chemistry and Pharmacology, the focus of study in this text. In this way, through the theories of Ordinary Differential Equations it is possible to locate a mathematical model that aims to obtain, over time, the concentration of the drug Cocaine in the bloodstream of a human.

Keywords: Differential Equations; Cocaine; Concentration of the drug Cocaine

Referências Bibliográficas

- [1] Bahls, F. C; Bahls, S. *Cocaína: origens, passado e presente*. Interação em Psicologia, Curitiba, dez. 2002. ISSN 1981-8076.
- [2] Boyce, W. E; Diprima, R. C, *Equações Diferenciais Elementares e Problemas de Valores de Contorno*, 11ª Edição. Ano 2020.
- [3] Braun, M.; *Differential Equations and Their Applications*, Springer, New York, 2013.
- [4] Lepsch, B. L. *Toxicidade Causada Pela Cocaína In Vitro: Participação da Via Dopaminérgica e do Fator de Transcrição NF-KB*. Tese de doutorado apresentado ao Departamento de Farmacologia do Instituto de Ciência Biomédicas da Universidade de São Paulo. Ano 2008. 11ª Edição. Ano 2020.
- [5] Llopis Llácer JJ. *Dependencia, intoxicación aguda y síndrome de abstinencia por cocaína*. Ano 2001; Pg.147-166.
- [6] Nnadi, C. U; Mimiko, O. A; McCurtis, H. L; Cadet, J. L.; *Neuropsychiatric Effects of Cocaine Use Disorders*. Journal of the National Medical Association; Washington Vol. 97, Ed. 11, (Nov 2005): 1504-15.
- [7] Orsi, M. M; Da Silva Oliveira, M. *Avaliando a motivação para mudança em dependentes de cocaína*. Estudos de Psicologia, 23(1), pg.3-12. Ano 2006.
- [8] Scheffer, M; Pasa, G. G; de Almeida, R. M. M. *Dependência de álcool, cocaína e crack e transtornos psiquiátricos*. Psicologia: Teoria e Pesquisa, 26(3), pg. 533-541. Ano 2010.
- [9] Zill, Dennis G; Cullen, M. R. *Equações Diferenciais*, Volume 1; tradução de Antônio Zumpano, revisão técnica, Antônio Pertence Jr. São Paulo. Person Makron Books, ano 2011.

Tópicos Introdutórios em Topologia Algébrica e uma Aplicação em Biologia Molecular

Bruno Aparecido Pim[†]

Orientador(a): Profa. Dra. Thaís Fernanda Mendes Monis

Resumo: O presente artigo possui tópicos de introdução aos estudos em Topologia Algébrica, uma área cujo seu principal objetivo é estudar Espaços Topológicos através de ferramentas da Álgebra Abstrata. São introduzidas noções de Homotopia (deformações) e Complexos Celulares (espaços construídos através de espaços menores). Ao final, é apresentado de forma breve uma aplicação em Biologia Molecular sobre classificação de estruturas de RNA (ácido ribonucleico), molécula responsável pela síntese de proteínas das células do corpo.

Palavras-chave: topologia algébrica; homotopia; complexos cw; biologia; RNA

1 Introdução

A Topologia Algébrica é um campo vivo de pesquisa em Matemática cuja característica identitária é o emprego de ferramentas da Álgebra Abstrata no estudo de Espaços Topológicos. O objetivo básico é determinar invariantes algébricos que possam ser utilizados tanto no estudo de classificação de espaços topológicos, seja na classificação por homeomorfismo ou por tipo de homotopia, como no estudo da existência de extensão de funções contínuas.

Embora seja essencialmente uma área da matemática pura, a Topologia Algébrica possui aplicações em outros campos do conhecimento. Neste artigo veremos algumas noções geométricas com papel importante na Teoria de Homotopia - como as noções de complexo celular e tipo de homotopia de um espaço - e uma breve abordagem sobre uma forma de classificação topológica de estruturas de RNA [3], uma aplicação da teoria em biologia molecular.

2 Homotopia e Tipos de Homotopia

Uma das principais ideias da Topologia Algébrica é considerar que dois espaços são equivalentes se eles possuem o “*mesmo formato*”, em um sentido muito mais amplo que um homeomorfismo. Nessa direção, introduziremos uma relação entre funções contínuas entre espaços topológicos: a noção de homotopia.

De forma visual e resumida, pode-se entender a homotopia como uma “deformação” de espaços. No exemplo abaixo, temos três letras desenhadas; cada uma possui uma versão mais “fina” contornada por uma borda mais grossa, formando a mesma letra. Neste sentido, podemos observar a letra mais fina como um subespaço da letra mais grossa. De forma contínua (ilustrado pelas linhas que ligam as bordas da letra grossa com a fina) é possível deformar o espaço maior até ele se transformar no menor.

(espaço em branco intencional)

[†]FAPESP - 2022/05625-8

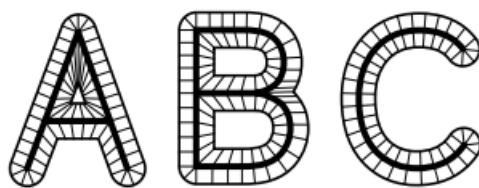


Figura 2.1: Deformação nas letras [1]

Definição 2.1 (Homotopia). Duas funções contínuas $f_0, f_1 : X \rightarrow Y$ são ditas **homotópicas** se existe uma função contínua $F : X \times I \rightarrow Y$, $I = [0, 1]$, tal que $F(x, 0) = f_0(x)$ e $F(x, 1) = f_1(x)$, para todo $x \in X$.

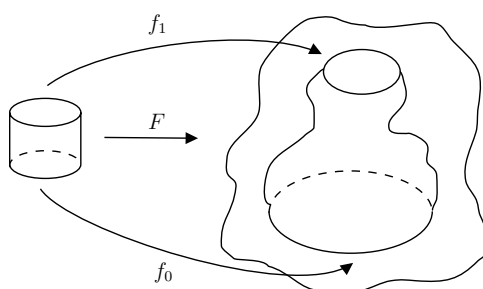


Figura 2.2: Homotopia entre f_0 e f_1 [2]

A função F é chamada de **homotopia** entre f_0 e f_1 , e denotamos $f_0 \simeq f_1$ ou $F : f_0 \simeq f_1$. Para cada $t \in [0, 1]$, denotamos $F(x, t)$ por $f_t(x)$, onde, então, $f_t : X \rightarrow Y$ é uma função contínua. Existe ainda uma forma mais geral de definir homotopia, em que é exigido que nenhum ponto de A seja movido.

Definição 2.2 (Homotopia Relativa). Supomos $A \subset X$ e $f_0, f_1 : X \rightarrow Y$ funções contínuas. Dizemos que f_0 e f_1 são **homotópicas relativamente** à A se existe uma homotopia $F : X \times I \rightarrow Y$ entre f_0 e f_1 tal que $F(a, t)$ não dependa de t , para $a \in A$; em outras palavras $F(a, t) = f_0(a)$, $\forall a \in A$ e $\forall t \in I$.

Note que $f_0(a) = f_1(a)$, $\forall a \in A$. Então a homotopia F é chamada *homotopia relativa* à A e denotamos $f_0 \simeq f_1(\text{rel } A)$ ou $f_0 \simeq_{\text{rel } A} f_1$.

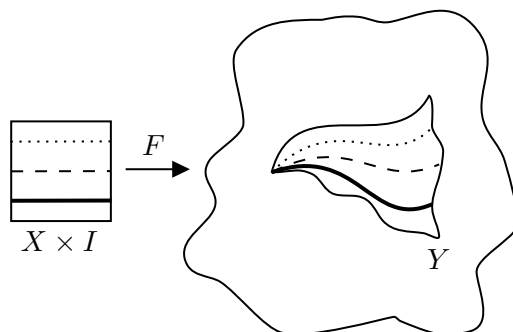


Figura 2.3: Homotopia relativa a A . [2]
 $X = I$, $A = \{0\}$

Lema 2.3. *A relação $\simeq_{\text{rel } A}$ no conjunto das funções contínuas de X para Y é uma relação de equivalência.*

Prova: Para que \simeq_{rel} seja uma relação de equivalência, precisamos checar as condições:

- Reflexiva: $f \simeq_{\text{rel } A} f$

Tomando $F(x, t) = f(x)$, temos que a relação é reflexiva de forma trivial.

- Simétrica: $f \simeq_{\text{rel } A} g \Rightarrow g \simeq_{\text{rel } A} f$

Temos que $F: f \simeq_{\text{rel } A} g$, isto é,

$$F(x, 0) = f(x) \quad , \quad F(x, 1) = g(x), \quad \forall x \in X$$

e

$$F(a, t) = f(a) = g(a) \quad \forall a \in A, \forall t \in I$$

Assim, tomando $G(x, t) = F(x, 1 - t)$ temos

$$G(x, 0) = F(x, 1) = g(x)$$

$$G(x, 1) = F(x, 0) = f(x)$$

e

$$G(a, t) = F(a, 1 - t) = f(a) = g(a) \quad \forall a \in A, \forall t \in I$$

Temos então que $G: g \simeq_{\text{rel } A} f$, portanto a relação é simétrica.

- Transitiva: $f \simeq_{\text{rel } A} g$ e $g \simeq_{\text{rel } A} h \Rightarrow f \simeq_{\text{rel } A} h$

Temos, por hipótese, a existência de $F: f \simeq_{\text{rel } A} g$ e de $G: g \simeq_{\text{rel } A} h$. Assim, tomando

$$H(x, t) = \begin{cases} F(x, 2t), & 0 \leq t \leq 1/2 \\ G(x, 2t - 1), & 1/2 \leq t \leq 1 \end{cases}$$

temos que:

$$H(x, 0) = F(x, 0) = f(x), \quad \forall x \in X$$

$$H(x, 1) = G(x, 1) = h(x), \quad \forall x \in X$$

Ainda, dado $a \in A$, temos

$$H(a, t) = F(a, 2t) = f(a) = g(a) \quad \text{se } t \in [0, 1/2]$$

e

$$H(a, t) = G(a, 2t - 1) = g(a) = h(a) \quad \text{se } t \in [1/2, 1]$$

Portanto, temos que $H: f \simeq_{\text{rel } A} h$, e assim a relação é transitiva.

Portanto, $\simeq_{\text{rel } A}$ é uma relação de equivalência. ■

Agora, com as definições já postas, podemos introduzir através do conceito de homotopia uma relação de equivalência entre espaços topológicos.

Definição 2.4 (Tipo de Homotopia). Dois espaços X e Y possuem o mesmo **tipo de homotopia** se existem funções contínuas $f: X \rightarrow Y$, $g: Y \rightarrow X$ tal que

$$g \circ f \simeq \text{id}_X: X \rightarrow X$$

$$f \circ g \simeq \text{id}_Y: Y \rightarrow Y.$$

Observação 2.5. Espaços homeomorfos possuem o mesmo tipo de homotopia, mas espaços com o mesmo tipo de homotopia não necessariamente são homeomorfos.

Se tomarmos $n > 0$, teremos então que o disco $D^n \subseteq \mathbb{R}^n$ não é homeomorfo à um único ponto $\{p_1\}$, mas possui o mesmo tipo de homotopia do ponto. De fato, consideremos as funções

$$\begin{array}{ll} f: \{p_1\} \rightarrow D^n & g: D^n \rightarrow \{p_1\} \\ p_1 \mapsto p_1 & x \mapsto p_1 \end{array}$$

em que $p_1 \in D^n$.

- $f \circ g(x) = f(g(x)) = f(p_1) = p_1$, para todo $x \in D^n$. Tomando a função

$$\begin{array}{l} F: D^n \times I \rightarrow D^n \\ (x, t) \mapsto tx + (1-t)p_1 \end{array}$$

temos

$$\begin{array}{l} F(x, 0) = p_1 = f \circ g(x), \quad \forall x \in D^n \\ F(x, 1) = x, \quad \forall x \in D^n \end{array}$$

Então, $f \circ g \simeq \text{id}_{D^n}: D^n \rightarrow D^n$.

- $g \circ f(p_1) = g(f(p_1)) = g(p_1) = p_1$, ou seja, $g \circ f: \{p_1\} \rightarrow \{p_1\}$ é a própria função identidade. Portanto, da reflexividade, $g \circ f \simeq \text{id}_{\{p_1\}}$.

Vemos que, neste exemplo, o disco se deforma em um único ponto. Esse tipo de espaço então possui um nome especial.

Definição 2.6 (Espaço Contrátil). Um espaço X é dito **contrátil** se é homotópicamente equivalente a um ponto.

Assim, concluímos que D^n é um espaço contrátil. Ainda de forma mais geral (observando as funções de homotopia da observação acima), inferimos que todo subconjunto convexo de \mathbb{R}^n é contrátil.

Para concluirmos os resultados básicos de homotopia, enunciemos:

Definição 2.7 (Retrato). Um subconjunto A de um espaço topológico X é dito um **retrato** de X se existe uma função contínua $r: X \rightarrow A$ tal que $r \circ i = \text{id}_A: A \rightarrow A$, onde $i: A \rightarrow X$ é a função inclusão. A função r é chamada **retração**.

Definição 2.8 (Retrato por Deformação). Um subconjunto A de X é dito um **retrato por deformação** de X se existe uma retração $r: X \rightarrow A$ tal que $i \circ r \simeq \text{id}_X: X \rightarrow X$, onde $i: A \rightarrow X$ é a função inclusão.

Podemos observar dessa definição que o exemplo introdutório ilustrado na figura 2.1 trata-se de um retrato por deformação; a letra mais fina pode ser vista como o subespaço A , enquanto a letra mais grossa representa o espaço X .

3 Complexos Celulares

Outro conceito a ser explorado são os Complexos Celulares. De forma intuitiva, um *CW complexo* é um espaço construído por espaços menores, de forma iterativa por um processo chamado *colagem de células*. Uma n -célula e_α^n é homeomorfa a um disco aberto de dimensão n ,

$$D^n - \partial D^n = \{x \in \mathbb{R}^n : |x| < 1\}.$$

Então, *colar* uma n -célula à um espaço X significa, de forma intuitiva, realizar a união de X e D^n onde colamos as bordas de D^n em X .

De forma geral, a construção do espaço segue o procedimento:

1. Começamos com um conjunto discreto X^0 (0-células).
2. Formamos o **n-esqueleto** X^n a partir de X^{n-1} colando as n -células e_α^n através de funções $\phi_\alpha: S^{n-1} \rightarrow X^{n-1}$. Isso significa que X^n é o espaço quociente da união disjunta $X^{n-1} \sqcup_\alpha D_\alpha^n$ de X^{n-1} com a coleção dos n -discos D_α^n sobre a relação de equivalência $x \sim \phi_\alpha(x)$, para $x \in \partial D_\alpha^n$. Portanto $X^n = X^{n-1} \sqcup_\alpha e_\alpha^n / \sim$.
3. O processo pode continuar de forma finita ($X = X^n$) ou infinita ($X = \bigcup_n X^n$). Nesse último caso, X recebe a *topologia fraca*: Um conjunto $A \subset X$ é aberto (ou fechado) $\iff A \cap X^n$ é aberto (ou fechado) em $X^n, \forall n$.

Um **sub-complexo celular** de X é um subespaço $A \subset X$ formado pela união de células de X . O par (X, A) é chamado então de um **par CW**.

Exemplo 3.1. A esfera S^2 possui a estrutura de um complexo celular com apenas duas células, e^0 e e^2 , em que as células são coladas através da função constante $S^1 \rightarrow e^0$. Isso equivale a observarmos S^2 como o espaço quociente $D^2/\partial D^2$. Podemos imaginar que o disco é uma bolsa e sua borda possuiu um zíper; ao fechar o zíper, forma-se a esfera.

Se tomarmos a função $f: D^2 \rightarrow S^2$ dada por

$$f(r \cos \theta, r \sin \theta) = (\sin(\pi(1-r)) \cos \theta, \sin(\pi(1-r)) \sin \theta, \cos(\pi(1-r))),$$

com $0 \leq r \leq 1$ e $0 \leq \theta \leq 2\pi$ podemos ver de forma explícita este homeomorfismo. De fato, teremos que

$$\begin{aligned} f(0,0) &= (0,0,-1) \\ f(\cos \theta, \sin \theta) &= (0,0,1), \quad r = 1 \end{aligned}$$

Ou seja: quando o ponto pertence à borda do disco (∂D^2), ele é levado ao ponto $(0,0,1)$. Enquanto isso, o centro $(0,0)$ do disco é levado ao ponto $(0,0,-1)$. Desse modo, temos que f induz uma função $\bar{f}: D^2/\partial D^2 \rightarrow S^2$, a qual pode ser verificada tratar-se de um homeomorfismo.

(espaço em branco intencional)

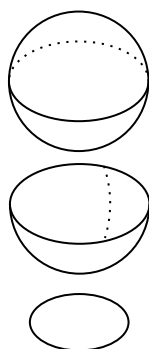


Figura 2.4: Homeomorfismo entre $D^2/\partial D^2$ e S^2

Exemplo 3.2. Um outro exemplo são as superfícies M_g de **genus** g geradas pelo Toro. Em topologia, podemos entender genus como uma forma elegante de se dizer “buracos” ou “alças”. Na figura que segue, vemos em ordem M_1 , M_2 e M_3 , respectivamente. De forma geral, uma superfície M_g pode ser construída com um polígono de $4g$ lados identificando suas arestas como na figura abaixo. Os $4g$ lados do polígono se tornam a união de $2g$ círculos, cuja interseção será um ponto. Podemos ver o interior do polígono como uma 2 -célula colada a $2g$ círculos.

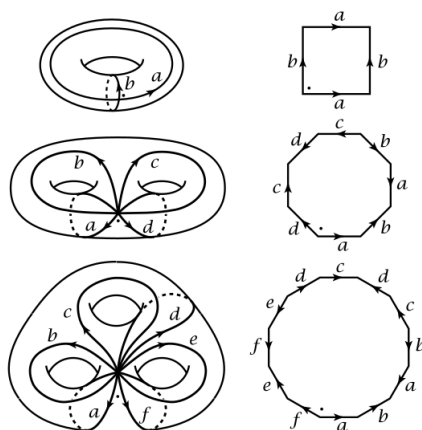


Figura 2.5: Construção de Superfícies M_g [1]

4 Classificação Topológica das Estruturas de RNA

O conceito de genus mencionado e ilustrado no exemplo 3.2 possuirá uma grande importância para esta aplicação. No artigo [3], esta noção é utilizada para classificar a estrutura de células de RNA. Cada estrutura de RNA será representada por um diagrama, e serão chamados de *diagramas de linha dupla*.

Define-se então o genus do diagrama de linha dupla como

$$g = \frac{P - L}{2} \tag{4.1}$$

em que L representa o número de laços formados por linhas únicas, enquanto P caracteriza a quantidade de linhas duplas do diagrama. Então, caso o genus da estrutura seja 0, significa

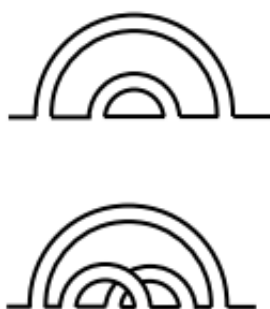


Figura 2.6: Diagramas de RNA [3]

que ele pode ser desenhado em uma esfera e, caso seja 1, em um toro, assim como na imagem 2.5. Segue abaixo um exemplo de um diagrama de RNA, tal como sua representação de acordo com seu genus atribuído.

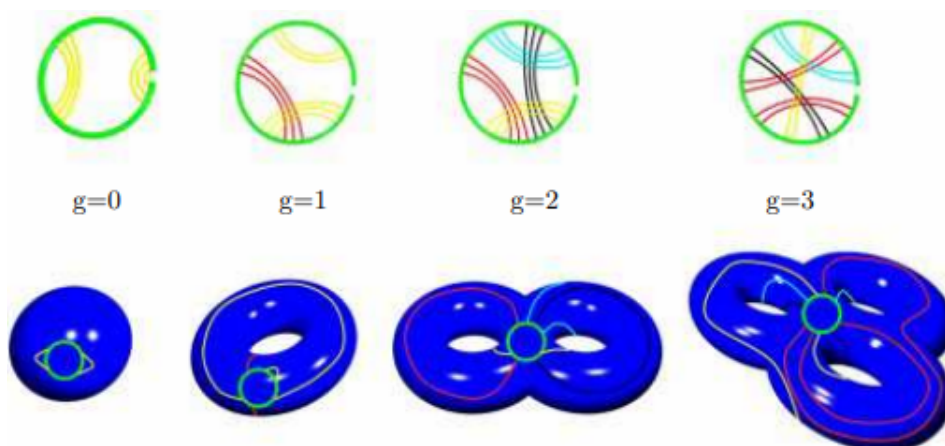


Figura 2.7: Diagramas de RNA representados nas superfícies. O círculo em verde representa a espinha dorsal da célula [3]

Também foram utilizados dois outros conceitos para classificar as estruturas:

Definição 4.1 (Irreduzibilidade). Um diagrama é dito **irreduzível** se ele não pode ser quebrado em dois pedaços desconexos ao cortar uma linha única.

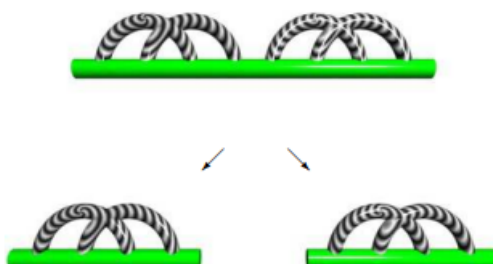


Figura 2.8: Um diagrama redutível, em que é possível separar a estrutura em duas [3]



Figura 2.9: Um diagrama irredutível [3]

Definição 4.2 (Aninhamento). Diz-se que um diagrama está **aninhado** em outro se sua espinha dorsal puder ser cortada em dois pedaços enquanto o restante se mantém conectado.

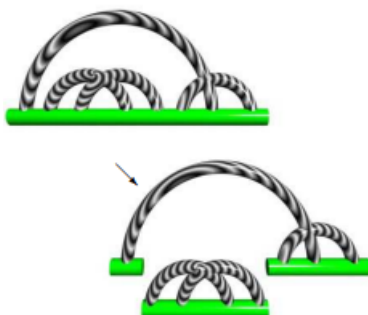


Figura 2.10: Diagrama aninhado [3]



Figura 2.11: Diagrama não aninhado [3]

Com estes conceitos definidos, os autores de [3] classificaram dois grandes bancos de dados: os de *pseudoknots* (RNA) e o *PDB* (*Protein Data Bank*); na classificação dos pseudonós pode-se observar que 96.7% possuem genus 1 com a mesma topologia. Já na classificação das proteínas, pôde-se notar que o genus de uma estrutura de RNA é muito menor, comparado ao seu comprimento, do que se esperaria de uma sequência aleatória. Esta observação sugere que existe algum “desenho” na estrutura do RNA e que alguma informação é carregada por sua forma específica.

Agradecimentos: Agradecemos à FAPESP pelo apoio financeiro.

Abstract: This article has topics of introduction in Algebraic Topology, an area whose main goal is to study Topological Spaces through Abstract Algebra tools. Notions of Homotopy (deformations) and Cell Complexes (spaces built through smaller spaces) are introduced. At the end, an application in Molecular Biology about the classification of RNA (ribonucleic acid) structures - the molecule responsible for the synthesis of proteins in body cells - is briefly presented.

Keywords: algebraic topology; homotopy; cw complexes; biology; RNA

Referências Bibliográficas

- [1] Hatcher, A., *Algebraic topology*. Cambridge University Press, 2005.
- [2] Kosniowski, C., *A first course in algebraic topology*. Cambridge University Press, 1980.

- [3] Bon, M., Vernizzi, G., Orland, H., Zee, A., *Topological classification of RNA structures*. *Journal of molecular biology*, 379(4), 900–911. 2008
- [4] Bartoszek, K., Signerska, J., *The Fundamental Group, Covering Spaces and Topology in Biology*. Conference Materials 9th International Workshop for Young Mathematicians “Topology,” 19–29. 2006

Sistemas Iterados de Funções e Fractais

Lorena Salvi Stringheta

Orientador(a): Profa. Dra. Marta Cilene Gadotti

Resumo: Um exemplo da aplicação da compressão de imagens são os fractais. O termo Fractal foi criado pelo matemático Benoit Mandelbrot, a partir do adjetivo *fractus* do verbo *frangere*, que significa quebrar em latim. Fractais são figuras autossimilares, o que significa que qualquer parte da figura tem aparência igual a da figura toda.

Para obter um fractal, o mesmo procedimento é repetido infinitas vezes em cada uma das partes da figura, ou seja, são obtidos através de processos iterativos infinitos, que podem ser sistemas iterados de funções. Os fractais são o resultado de transformações que contêm todas as imagens de todas as transformações anteriores.

Palavras-chave: iteração; função; transformação; fractais; dimensão; Cantor; Sierpinski; Koch

1 Introdução

Pretende-se neste trabalho, fornecer uma definição de fractal que seja distinta da clássica “objeto geométrico que pode ser dividido em partes, cada uma das quais semelhantes ao objeto original”, mas que leve em conta as funções (ou ações) para descrever a construção do fractal. Para isto, vamos introduzir as definições abaixo. Exemplos de cada elemento definido nesta seção serão dados nas seções seguintes.

Definição 1.1. Uma transformação afim $T : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^2$ é a composição de uma transformação linear com uma translação e é dada por $T(x, y) = (ax + by + e, cx + dy + f)$, com $a, b, c, d, e, f \in \mathbb{R}$. Matricialmente:

$$T \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a & b \\ c & d \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e \\ f \end{pmatrix}$$

Definição 1.2. Uma transformação afim é uma contração afim se a distância euclidiana entre a imagem de dois pontos quaisquer do plano pela transformação é estritamente menor do que a distância euclidiana original entre esses pontos, ou seja, $d(T(x, y), T(a, b)) < d((x, y), (a, b)) \forall (x, y), (a, b) \in \mathbb{R}^2$.

Definição 1.3. Um sistema iterado de funções é um conjunto de contrações afins $\{T_1, \dots, T_n\}$.

Definição 1.4. O atrator de um sistema iterado de funções $\{T_1, \dots, T_n\}$ será o único objeto geométrico $A \subset \mathbb{R}^2$ tal que $A = T_1(A) \cup \dots \cup T_n(A)$.

2 Fractais

Um fractal é o atrator de um sistema iterado de funções. Algumas características fundamentais dos fractais são: a autossimilaridade, a estrutura fina e a simplicidade na lei de formação. Ser autossimilar significa que uma parte qualquer do fractal se assemelha a uma

parte maior (ou ao fractal inteiro); ter estrutura fina significa que o grau de detalhamento não diminui mesmo em uma parte arbitrariamente pequena da figura. A lei de formação de um fractal, embora simples, depende muito do uso do computador, uma vez que os processos são repetitivos e infinitos.

Um Sistema Dinâmico consiste de uma função que produz iterativamente (repetidamente) um novo valor a partir do valor precedente. O processo parte de um valor inicial do qual se obtém o segundo valor, a partir deste se obtém o terceiro valor e assim por diante, em outras palavras, seja x_0 o ponto inicial, $x_1 = f(x_0)$; $x_2 = f(x_1)$; \dots ; $x_k = f(x_{k-1})$. Assim, para se obter um fractal, partimos de um conjunto inicial (um segmento ou um triângulo, por exemplo) e aplicamos o sistema iterado de funções em todos os conjuntos obtidos a partir do conjunto inicial.

2.1 Exemplos de fractais geométricos

1. Conjunto de Cantor

O Conjunto de Cantor é obtido a partir de um segmento unitário, que é dividido em 3 partes iguais e a parte central é retirada, e assim sucessivamente para todos os segmentos obtidos.



Figura 3.1: Representação Geométrica do Conjunto de Cantor - construção feita no Geogebra.

2. Triângulo de Sierpinski

O Triângulo de Sierpinski é obtido a partir de um triângulo equilátero, no qual elimina-se o triângulo formado pela união dos pontos médios de cada um dos lados, e assim sucessivamente para todos os triângulos obtidos.

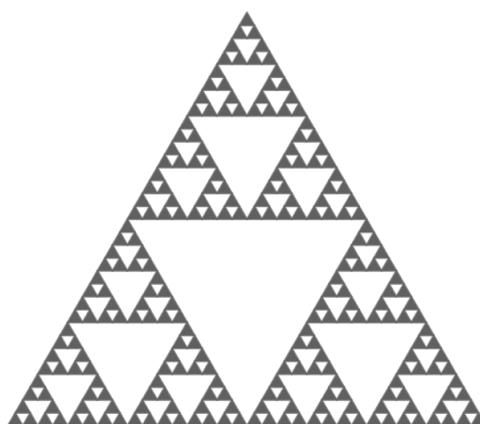


Figura 3.2: Representação Geométrica do Triângulo de Sierpinski - construção feita no Geogebra.

3. Curva de Koch

A Curva de Koch é obtida a partir de um segmento unitário, que é dividido em 3 partes iguais e a parte central é substituída por dois segmentos congruentes, que formam um ângulo de $\frac{\pi}{3}rad$ entre si, e assim sucessivamente para todos os segmentos obtidos.

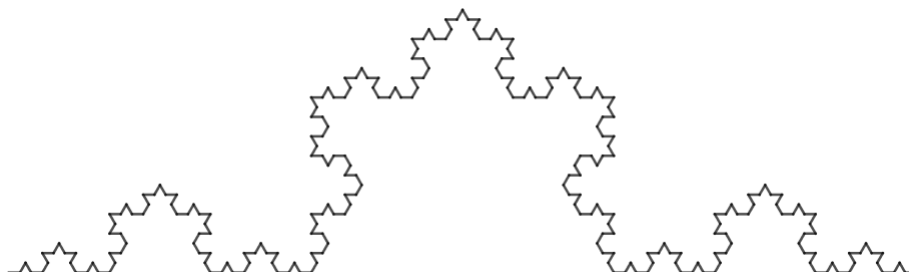


Figura 3.3: Representação Geométrica da Curva de Koch - construção feita no Geogebra.

3 Sistema Iterado de Funções

Nesta seção, vamos obter os sistemas iterados de funções que geram cada um dos fractais citados anteriormente.

Uma transformação linear $T : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^2$ é uma transformação que preserva retas. Seja $r(t) = (1-t)a+tb$. Então, $T(r(t)) = T((1-t)a+tb) = T((1-t)a)+T(tb) = (1-t)T(a)+tT(b)$, ou seja, a imagem da reta $r(t)$ que passa por a e b é a reta que passa por $T(a)$ e $T(b)$.

Como já vimos, uma transformação afim é a composição de uma transformação linear com uma translação, portanto também preserva retas, assim basta aplicarmos as funções nos pontos da extremidade dos segmentos de reta.

Conjunto de Cantor. Partindo do segmento unitário de extremos $(0,0)$ e $(1,0)$ obtemos outros dois segmentos a cada nova iteração. Assim, o sistema iterado de funções do Conjunto de Cantor será composto por duas funções $\{C_1, C_2\}$.

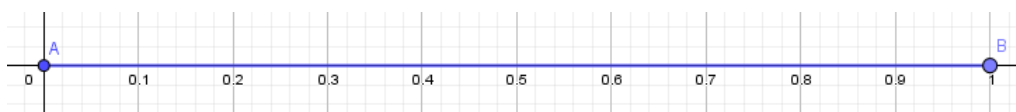


Figura 3.4: Segmento unitário inicial.

O primeiro segmento é uma contração de $1/3$ do tamanho original:

$$C_1(x, y) = \left(\frac{x}{3}, 0\right)$$

Temos que

$$\begin{cases} C_1(0, 0) = \left(\frac{0}{3}, 0\right) = (0, 0) \\ C_1(1, 0) = \left(\frac{1}{3}, 0\right) = \left(\frac{1}{3}, 0\right) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do segmento que passa por $(0,0)$ e $(1,0)$, quando aplicamos C_1 , é o segmento que passa por $(0,0)$ e $\left(\frac{1}{3}, 0\right)$.

O segundo segmento é uma contração de $1/3$ do tamanho original e uma translação por um vetor $\left(\frac{2}{3}, 0\right)$:

$$C_2(x, y) = \left(\frac{x}{3}, 0\right) + \left(\frac{2}{3}, 0\right) = \left(\frac{x}{3} + \frac{2}{3}, 0\right)$$

Temos que

$$\begin{cases} C_2(0, 0) = \left(\frac{0}{3} + \frac{2}{3}, 0\right) = \left(\frac{2}{3}, 0\right) \\ C_2(1, 0) = \left(\frac{1}{3} + \frac{2}{3}, 0\right) = (1, 0) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do segmento que passa por $(0, 0)$ e $(1, 0)$, quando aplicamos C_2 , é o segmento que passa por $\left(\frac{2}{3}, 0\right)$ e $(1, 0)$.

Após a primeira iteração, obtemos dois novos segmentos de tamanho $1/3$. Na segunda iteração, aplicaremos o sistema iterado de funções $\{C_1, C_2\}$ nesses dois novos segmentos, obtendo assim quatro segmentos de tamanho $1/9$, e então, na terceira iteração aplicaremos $\{C_1, C_2\}$ novamente, obtendo oito segmentos de tamanho $1/27$, e assim sucessivamente.

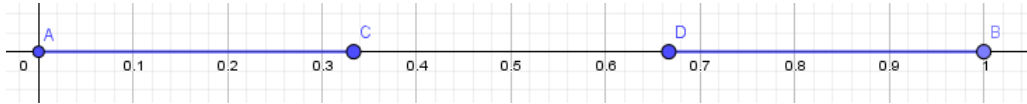


Figura 3.5: Primeira iteração: O segmento AC é a imagem de AB pela C_1 e o segmento DB é a imagem de AB pela C_2 .

Triângulo de Sierpinski. A partir do triângulo equilátero ABC , onde $A = (0, 0)$, $B = (1, 0)$ e $C = \left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{2}\right)$ obtemos outros três triângulos a cada nova iteração. Assim, o sistema iterado de funções do Triângulo de Sierpinski será composto por três funções $\{S_1, S_2, S_3\}$.

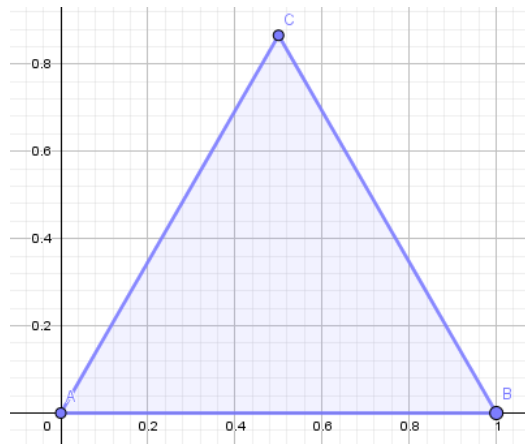


Figura 3.6: Triângulo equilátero inicial.

O lado do primeiro triângulo é uma contração de $1/2$ do lado do triângulo original:

$$S_1(x, y) = \left(\frac{x}{2}, \frac{y}{2}\right)$$

Temos que

$$\begin{cases} S_1(0,0) = \left(\frac{0}{2}, \frac{0}{2}\right) = (0,0) \\ S_1(1,0) = \left(\frac{1}{2}, \frac{0}{2}\right) = \left(\frac{1}{2}, 0\right) \\ S_1\left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{2}\right) = \left(\frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2}, \frac{1}{2} \cdot \frac{\sqrt{3}}{2}\right) = \left(\frac{1}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do triângulo ABC , quando aplicamos S_1 , é o triângulo $A'B'C'$, onde $A' = (0,0)$, $B' = \left(\frac{1}{2}, 0\right)$, $C' = \left(\frac{1}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right)$.

O lado do segundo triângulo é uma contração de $1/2$ do lado do triângulo original; além disso, o triângulo é transladado por um vetor $\left(\frac{1}{2}, 0\right)$:

$$S_2(x,y) = \left(\frac{x}{2} + \frac{1}{2}, \frac{y}{2}\right)$$

Temos que

$$\begin{cases} S_2(0,0) = \left(\frac{0}{2} + \frac{1}{2}, \frac{0}{2}\right) = \left(\frac{1}{2}, 0\right) \\ S_2(1,0) = \left(\frac{1}{2} + \frac{1}{2}, \frac{0}{2}\right) = (1,0) \\ S_2\left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{2}\right) = \left(\frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} + \frac{1}{2}, \frac{1}{2} \cdot \frac{\sqrt{3}}{2}\right) = \left(\frac{3}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do triângulo ABC , quando aplicamos S_2 , é o triângulo $A''B''C''$, onde $A'' = \left(\frac{1}{2}, 0\right)$, $B'' = (1,0)$, $C'' = \left(\frac{3}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right)$.

O lado do terceiro triângulo é uma contração de $1/2$ do lado do triângulo original; além disso, o triângulo é transladado por um vetor $\left(\frac{1}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right)$:

$$S_3(x,y) = \left(\frac{x}{2} + \frac{1}{4}, \frac{y}{2} + \frac{\sqrt{3}}{4}\right)$$

Temos que

$$\begin{cases} S_3(0,0) = \left(\frac{0}{2} + \frac{1}{4}, \frac{0}{2} + \frac{\sqrt{3}}{4}\right) = \left(\frac{1}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right) \\ S_3(1,0) = \left(\frac{1}{2} + \frac{1}{4}, \frac{0}{2} + \frac{\sqrt{3}}{4}\right) = \left(\frac{3}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right) \\ S_3\left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{2}\right) = \left(\frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} + \frac{1}{4}, \frac{1}{2} \cdot \frac{\sqrt{3}}{2} + \frac{\sqrt{3}}{4}\right) = \left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{2}\right) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do triângulo ABC , quando aplicamos S_3 , é o triângulo $A'''B'''C'''$, onde $A''' = \left(\frac{1}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right)$, $B''' = \left(\frac{3}{4}, \frac{\sqrt{3}}{4}\right)$, $C''' = \left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{2}\right)$.

Após a primeira iteração, obtemos três novos triângulos de lado medindo $1/2$ do lado do triângulo original. Na segunda iteração, aplicaremos o sistema iterado de funções $\{S_1, S_2, S_3\}$ nesses três novos triângulos, obtendo assim nove triângulos de lado de tamanho $1/4$, e então, na terceira iteração aplicaremos $\{S_1, S_2, S_3\}$ novamente, obtendo 27 triângulos de tamanho $1/8$, e assim sucessivamente.

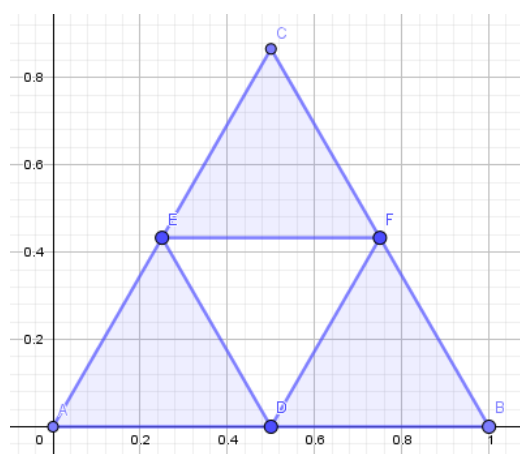


Figura 3.7: Primeira iteração: $\triangle ADE$ é a imagem do $\triangle ABC$ pela S_1 , $\triangle DBF$ é a imagem do $\triangle ABC$ pela S_2 , $\triangle EFC$ é a imagem do $\triangle ABC$ pela S_3 .

Curva de Koch. Partindo do segmento unitário de extremos $(0, 0)$ e $(1, 0)$ obtemos outros quatro segmentos a cada nova iteração. Assim, o sistema iterado de funções da Curva de Koch será composto por quatro funções $\{K_1, K_2, K_3, K_4\}$.

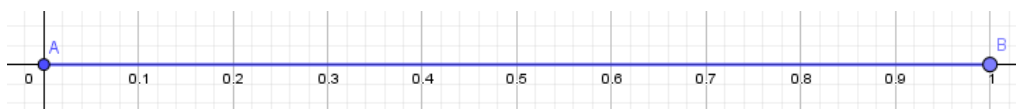


Figura 3.8: Segmento unitário inicial.

O primeiro segmento é uma contração de $1/3$ do tamanho original:

$$K_1(x, y) = \left(\frac{x}{3}, 0\right)$$

Temos que

$$\begin{cases} K_1(0, 0) = \left(\frac{0}{3}, 0\right) = (0, 0) \\ K_1(1, 0) = \left(\frac{1}{3}, 0\right) = \left(\frac{1}{3}, 0\right) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do segmento que passa por $(0, 0)$ e $(1, 0)$, quando aplicamos K_1 , é o segmento que passa por $(0, 0)$ e $\left(\frac{1}{3}, 0\right)$.

O segundo segmento consiste de uma contração de $1/3$ do tamanho original, uma translação por um vetor $\left(\frac{1}{3}, 0\right)$ e uma rotação de $\frac{\pi}{3} rad$ no sentido anti-horário:

$$K_2(x, y) = \left(\frac{x}{3} \cos \frac{\pi}{3} - y \sin \frac{\pi}{3}, y \cos \frac{\pi}{3} + \frac{x}{3} \sin \frac{\pi}{3}\right) + \left(\frac{1}{3}, 0\right) = \left(\frac{x}{6} - \frac{\sqrt{3}y}{2} + \frac{1}{3}, \frac{y}{2} + \frac{\sqrt{3}x}{6}\right)$$

Temos que

$$\begin{cases} K_2(0, 0) = \left(\frac{0}{6} - \frac{\sqrt{3} \cdot 0}{2} + \frac{1}{3}, \frac{0}{2} + \frac{\sqrt{3} \cdot 0}{6}\right) = \left(\frac{1}{3}, 0\right) \\ K_2(1, 0) = \left(\frac{1}{6} - \frac{\sqrt{3} \cdot 0}{2} + \frac{1}{3}, \frac{0}{2} + \frac{\sqrt{3} \cdot 1}{6}\right) = \left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{6}\right) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do segmento que passa por $(0,0)$ e $(1,0)$, quando aplicamos K_2 , é o segmento que passa por $\left(\frac{1}{3}, 0\right)$ e $\left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{6}\right)$.

O terceiro segmento consiste de uma contração de $1/3$ do tamanho original, uma translação por um vetor $\left(\frac{2}{3}, 0\right)$ e uma rotação de $\frac{2\pi}{3}$ no sentido anti-horário:

$$\begin{aligned} K_3(x, y) &= \left(\frac{x}{3} \cos \frac{2\pi}{3} - y \sin \frac{2\pi}{3}, y \cos \frac{2\pi}{3} + \frac{x}{3} \sin \frac{2\pi}{3} \right) + \left(\frac{2}{3}, 0 \right) \\ &= \left(\frac{-x}{6} - \frac{\sqrt{3}y}{2} + \frac{2}{3}, \frac{-y}{2} + \frac{\sqrt{3}x}{6} \right) \end{aligned}$$

Temos que

$$\begin{cases} K_3(0, 0) = \left(\frac{0}{6} - \frac{\sqrt{3} \cdot 0}{2} + \frac{2}{3}, \frac{0}{2} + \frac{\sqrt{3} \cdot 0}{6} \right) = \left(\frac{2}{3}, 0 \right) \\ K_3(1, 0) = \left(\frac{-1}{6} - \frac{\sqrt{3} \cdot 0}{2} + \frac{2}{3}, \frac{0}{2} + \frac{\sqrt{3} \cdot 1}{6} \right) = \left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{6} \right) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do segmento que passa por $(0,0)$ e $(1,0)$, quando aplicamos K_3 , é o segmento que passa por $\left(\frac{2}{3}, 0\right)$ e $\left(\frac{1}{2}, \frac{\sqrt{3}}{6}\right)$.

O quarto segmento é uma contração de $1/3$ do tamanho original e uma translação por um vetor $\left(\frac{2}{3}, 0\right)$:

$$K_4(x, y) = \left(\frac{x}{3}, 0 \right) + \left(\frac{2}{3}, 0 \right) = \left(\frac{x}{3} + \frac{2}{3}, 0 \right)$$

Temos que

$$\begin{cases} K_4(0, 0) = \left(\frac{0}{3} + \frac{2}{3}, 0 \right) = \left(\frac{2}{3}, 0 \right) \\ K_4(1, 0) = \left(\frac{1}{3} + \frac{2}{3}, 0 \right) = (1, 0) \end{cases}$$

Portanto, a imagem do segmento que passa por $(0,0)$ e $(1,0)$, quando aplicamos K_4 , é o segmento que passa por $\left(\frac{2}{3}, 0\right)$ e $(1,0)$.

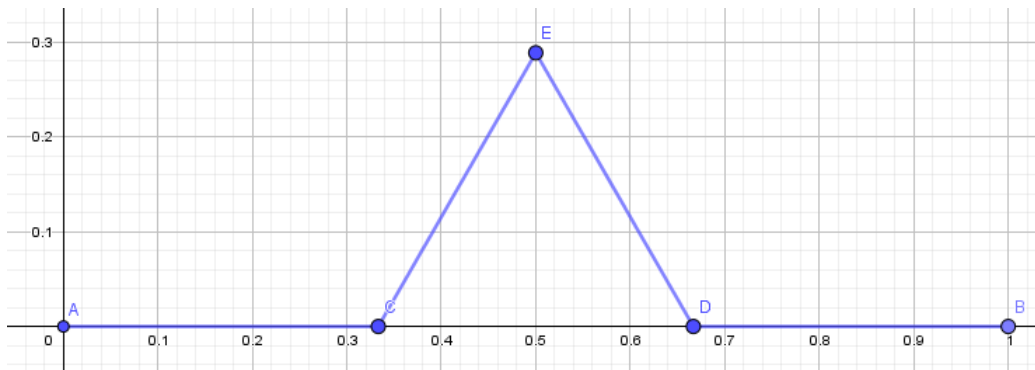


Figura 3.9: Primeira iteração: O segmento AC é a imagem de AB pela K_1 , o segmento CE é a imagem de AB pela K_2 , o segmento ED é a imagem de AB pela K_3 e o segmento DB é a imagem de AB pela K_4 .

Após a primeira iteração, obtemos quatro novos segmentos de tamanho $1/3$. Na segunda iteração, aplicaremos o sistema iterado de funções $\{K_1, K_2, K_3, K_4\}$ nesses quatro novos segmentos, obtendo assim 16 segmentos de tamanho $1/9$, e então, na terceira iteração aplicaremos $\{K_1, K_2, K_3, K_4\}$ novamente, obtendo 64 segmentos de tamanho $1/27$, e assim sucessivamente.

4 Dimensão Fractal

Definição 4.1. Um subconjunto fechado limitado do plano euclidiano é dito autossimilar se puder ser escrito da forma $S = S_1 \cup S_2 \cup \dots \cup S_k$, em que S_1, \dots, S_k são conjuntos não sobrepostos, cada um dos quais é congruente à contração de S de mesmo fator s com $0 < s < 1$.

Definição 4.2. A dimensão de Hausdorff (ou dimensão fractal) de um conjunto autossimilar S é dada por

$$d_H = \lim_{s \rightarrow 0} \frac{\ln k}{\ln(1/s)}.$$

onde k é a quantidade de conjuntos não sobrepostos e s é o fator de contração.

Definição 4.3. Um fractal é um subconjunto de um espaço euclidiano cujas dimensões de Hausdorff e topológica não são iguais.

A dimensão fractal de um conjunto é um valor que diz o quão densamente o conjunto ocupa o espaço métrico em que ele existe. Os fractais podem ter dimensões menores ou maiores do que a dimensão da figura que os gerou, pois podem não ocupar todo o espaço original ou ultrapassá-lo. Além disso, a dimensão de um fractal pode não ser um número inteiro.

Calcularemos as dimensões de Hausdorff de cada um dos fractais apresentados neste trabalho, com base nos dados apresentados na tabela:

Cantor			Sierpinski			Koch		
Iterações	k	s	Iterações	k	s	Iterações	k	s
0	1	1	0	1	1	0	1	1
1	2	$\frac{1}{3}$	1	3	$\frac{1}{2}$	1	4	$\frac{1}{3}$
2	4	$\frac{1}{9}$	2	9	$\frac{1}{4}$	2	16	$\frac{1}{9}$
3	8	$\frac{1}{27}$	3	27	$\frac{1}{8}$	3	64	$\frac{1}{27}$
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots
n	2^n	$\frac{1}{3^n}$	n	3^n	$\frac{1}{2^n}$	n	4^n	$\frac{1}{3^n}$

Tabela 3.1: Valores de k e s em cada uma das iterações.

1. Conjunto de Cantor: $d_H(C) = \lim_{s \rightarrow 0} \frac{\ln 2^n}{\ln 3^n} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\ln 2^n}{\ln 3^n} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\ln 2}{\ln 3} = 0,630929753$
2. Triângulo de Sierpinski: $d_H(T) = \lim_{s \rightarrow 0} \frac{\ln 3^n}{\ln 2^n} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\ln 3^n}{\ln 2^n} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\ln 3}{\ln 2} = 1,584962501$
3. Curva de Koch: $d_H(K) = \lim_{s \rightarrow 0} \frac{\ln 4^n}{\ln 3^n} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\ln 4^n}{\ln 3^n} = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\ln 4}{\ln 3} = 1,261859507$

O conjunto de Cantor e a Curva de Koch são gerados a partir de uma reta, cuja dimensão é 1. No entanto, o conjunto de Cantor não ocupa todo o espaço original, enquanto a Curva de Koch ultrapassa este espaço. Assim, observamos que o Conjunto de Cantor tem dimensão fractal menor que 1 e a curva de Koch, maior que 1 e menor que 2. Seguindo o mesmo raciocínio o Triângulo de Sierpinski tem dimensão fractal menor que 2 e maior que 1, já que é gerado por um triângulo equilátero, cuja dimensão é 2, mas não ocupa o espaço todo.

Agora, mostraremos que tanto a dimensão topológica quanto a dimensão de Hausdorff de um segmento de reta (dimensão 1), de um quadrado (dimensão 2) e de um cubo (dimensão 3) são iguais, e portanto, essas figuras não são fractais.

A partir da definição de conjuntos autossimilares, um segmento de reta pode ser representado como a união de dois segmentos de reta congruentes e não sobrepostos cujo tamanho corresponde a $1/2$ do tamanho do segmento de reta original, assim um segmento de reta é um conjunto autossimilar com $k = 2$ e $s = 1/2$.



Figura 3.10: Segmento de reta: $k = 2$ e $s = 1/2$.

Um quadrado é um conjunto autossimilar com $k = 4$ e $s = 1/2$, uma vez que podemos representá-lo como a união de quatro quadrados congruentes e não sobrepostos cujo lado mede $1/2$ do lado do quadrado original.

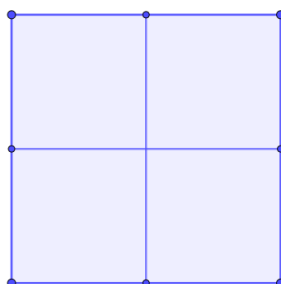


Figura 3.11: Quadrado: $k = 4$ e $s = 1/2$.

E um cubo é um conjunto autossimilar com $k = 8$ e $s = 1/2$, pois podemos representá-lo como a união de oito cubos congruentes e não sobrepostos cuja aresta mede $1/2$ da aresta do cubo original.

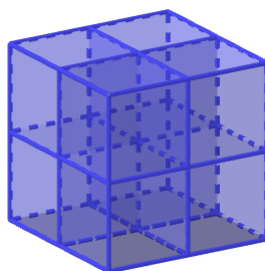


Figura 3.12: Cubo: $k = 8$ e $s = 1/2$.

Desse modo, as dimensões de Hausdorff do segmento de reta, do quadrado e do cubo, são dadas respectivamente, por d'_H, d''_H, d'''_H :

- segmento de reta: $d'_H = \frac{\ln 2}{\ln 2} = 1$
- quadrado: $d''_H = \frac{\ln 4}{\ln 2} = 2$
- cubo: $d'''_H = \frac{\ln 8}{\ln 2} = 3$

Conjunto S	k	s	D_H	D_T
Segmento de reta	2	1/2	1	1
Quadrado	4	1/2	2	2
Cubo	8	1/2	3	3
Cantor	2	1/3	0,630929753	1
Sierpinski	3	1/2	1,584962501	2
Koch	4	1/3	1,261859507	1

Tabela 3.2: Dimensão Fractal e Topológica.

Agradecimentos: À minha orientadora Marta Cilene Gadotti por toda dedicação e apoio e à minha família por sempre estarem comigo.

Abstract: An example of the application of image compression are fractals. The term Fractal was created by mathematician Benoit Mandelbrot, from the adjective fractus from the verb frangere, which means to break in Latin. Fractals are self-similar figures, which means that any part of the figure looks like the whole figure. To get a fractal, the same process is repeated infinitely in each parts of the figure, that is, they are got through infinities iterative processes, which can be iterated functions systems. Fractals are the result of transformations that contain all images of all previous transformations. .

Keywords: iteration; function; transformation; fractals; dimension; Cantor; Sierpinski; Koch

Referências Bibliográficas

- [1] ROUSSEAU, Christiane; SAINT-AUBIN, Yvan. Matemática e atualidade: volume 2. Rio de Janeiro: Sbm, 2015
- [2] ANTON, Howard; RORRES, Chris. Álgebra Linear com aplicações. 10. ed. Porto Alegre: Bookman, 2012.
- [3] SERRA, Celso Pentead; KARAS, Elizabeth Wegner. Fractais gerados por sistemas dinâmicos complexos. 20. ed. Curitiba: Editora Universitária Champagnat, 1997.
- [4] SALOMON, David. Data Compression: the complete reference. 4. ed. London: Springer, 2007.

Uma introdução ao modelo epidemiológico SECIAR para a pandemia de COVID-19

Maitê Borges Fiorini dos Anjos[†]

Orientador(a): Profa. Dra. Suzete Maria Silva Afonso

Resumo: O objetivo deste trabalho é apresentar o modelo epidemiológico SECIAR no contexto da pandemia da Covid-19 e calcular o R_0 dessa doença infecciosa associado ao referido modelo, isto é, o número médio de indivíduos infectados por cada indivíduo infectado quando a Covid-19 é introduzida na população.

Palavras-chave: equações diferenciais ordinárias; epidemiologia; modelo SECIAR; matriz da próxima geração; Covid-19

1 Introdução

A pandemia de Covid-19 evidenciou a importância da modelagem matemática como ferramenta para antecipar o curso da doença e avaliar possíveis ações para combatê-la.

Uns dos modelos mais utilizados em epidemiologia matemática são modelos descritos por EDOs (Equações Diferenciais Ordinárias). As EDOs são muito usadas para descrever situações do mundo real, pois elas estabelecem relações entre certa quantidade e a taxa de variação da mesma. O leitor interessado em outras aplicações das EDOs poderá consultar as referências [1, 2, 4]. O foco deste trabalho é a aplicação em epidemiologia, cuja principal referência é [5].

Modelos epidemiológicos descritos por EDOs dividem a população em compartimentos e descrevem as mudanças na fração da população de cada compartimento em função do tempo. Um dos modelos mais conhecidos é o SIR, que divide a população em suscetíveis, infectados e recuperados. Neste trabalho estudaremos o modelo SECIAR, que contempla mais três letras, ele divide a população em seis compartimentos: S – Suscetível, E – Exposto, C – Contagioso, I – Infectado, A – Assintomático e R – Removido. Vamos calcular o número básico de reprodução da Covid-19, R_0 , associado ao modelo SECIAR. A obtenção desse número possibilitará a compreensão da dinâmica da propagação da Covid-19 e a definição de estratégias para o controle dessa doença. Esse número R_0 é determinado por meio da matriz da próxima geração, conceito introduzido em 1990 por Diekmann, Heesterbeek e Metz [3], que associaram o número R_0 ao raio espectral da matriz próxima geração (máximo dentre os módulos dos autovalores da matriz da próxima geração).

Antes de introduzir o modelo, apresentaremos algumas noções básicas sobre EDOs e matrizes. Se o leitor estiver seguro de seu conhecimento sobre esses tópicos, poderá ir direto para a Seção 3, mas recomendamos a leitura da Seção 2, pois o domínio dos conceitos ali expostos será necessário para uma boa compreensão do trabalho.

2 Preliminares

Esta seção é dedicada a conceitos preliminares da teoria das EDOs.

[†]CNPq - PICME

Definição 2.1. Sejam $D \subset \mathbb{R}^n$ e $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$ uma função. Uma equação da forma

$$\dot{x} = \frac{dx}{dt} = f(x),$$

onde $\dot{x} = \frac{dx}{dt}$ denota a derivada de x com relação a t , é dita *equação diferencial ordinária autônoma de primeira ordem*.

- O termo “primeira ordem” se refere ao fato de só existirem primeiras derivadas e não existirem derivadas mais altas.
- O termo “autônoma” significa que a derivada depende apenas do estado do sistema x e não depende do tempo t .
- O termo “ordinária” especifica que só existem derivadas ordinárias na equação e não existem derivadas parciais.

Uma equação diferencial $\dot{x} = f(x)$ em \mathbb{R}^n , com $n > 1$, escrita na forma

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = f_1(x_1, \dots, x_n) \\ \vdots \\ \dot{x}_n = f_n(x_1, \dots, x_n) \end{cases}$$

é denominada *sistema de equações diferenciais*.

Definição 2.2. Um *sistema de equações diferenciais lineares de primeira ordem autônomo* é um sistema de equações diferenciais que pode ser escrito na forma

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \dots + a_{1n}x_n \\ \dot{x}_2 = a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \dots + a_{2n}x_n \\ \vdots \\ \dot{x}_n = a_{n1}x_1 + a_{n2}x_2 + \dots + a_{nn}x_n \end{cases} \quad (2.1)$$

onde os coeficientes a_{ij} 's são constantes.

Observação 2.3. Denotando por

$$x = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{pmatrix}, \quad \dot{x} = \begin{pmatrix} \dot{x}_1 \\ \dot{x}_2 \\ \vdots \\ \dot{x}_n \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nn} \end{pmatrix}, \quad (2.2)$$

podemos reescrever o sistema (2.1) na forma matricial $\dot{x} = Ax$.

Definição 2.4. Seja A a matriz dada em (2.2). Os números $\lambda \in \mathbb{C}$ tais que $\det(A - \lambda I) = 0$ são chamados *autovalores* de A .

Definição 2.5. Sejam $D \subset \mathbb{R}^n$, $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$ e considere a EDO autônoma $\dot{x} = f(x)$. Um ponto x_0 no qual $\dot{x} = 0$, ou seja, $f(x_0) = 0$, é dito um *equilíbrio* da referida equação.

Definição 2.6. Sejam $D \subset \mathbb{R}^n$ um aberto, $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$ uma função de classe C^1 e considere a EDO autônoma $\dot{x} = f(x)$. A *linearização* de $\dot{x} = f(x)$ no equilíbrio x_0 é a equação diferencial linear $\dot{y} = Df(x_0)y$, onde $Df(x_0)$ é a matriz $n \times n$ cuja ij -ésima entrada é a derivada parcial $\frac{\partial f_i}{\partial x_j}$ avaliada no ponto x_0 .

3 O modelo SECIAR

Conforme apresentado na Introdução, o modelo SECIAR divide a população em seis compartimentos:

- *S* - Suscetível: sem a doença e sem imunidade;
- *E* - Exposto: infectado, mas ainda não contagioso ou sintomático;
- *C* - Contagioso: infectado e contagioso, mas sem sintomas;
- *I* - Infectado: infectado, contagioso e com sintomas;
- *A* - Assintomático: infectado, contagioso e assintomático;
- *R* - Removido: recuperado imune ou falecido.

Para fins de modelagem, supõe-se que todos os indivíduos dos compartimentos *A* e *I* entram no compartimento *R* quando deixam de ser contagiosos. Também supõe-se que os indivíduos no compartimento *R* têm imunidade permanente ou faleceram. Vale informar que a duração média real da imunidade para Covid-19 ainda não é conhecida nesta data (setembro/2022).

O sistema de equações diferenciais correspondentes ao modelo SECIAR é dado por

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta_C SC - \beta_I SI - \beta_A SA, \\ \dot{E} = \beta_C SC + \beta_I SI + \beta_A SA - \gamma_E E, \\ \dot{C} = \gamma_E E - \gamma_C C, \\ \dot{I} = p\gamma_C C - \gamma_I I, \\ \dot{A} = (1-p)\gamma_C C - \gamma_A A, \\ \dot{R} = \gamma_I I + \gamma_A A. \end{cases} \tag{3.1}$$

Podemos esquematizar o fluxo entre os compartimentos conforme a Figura 4.1.

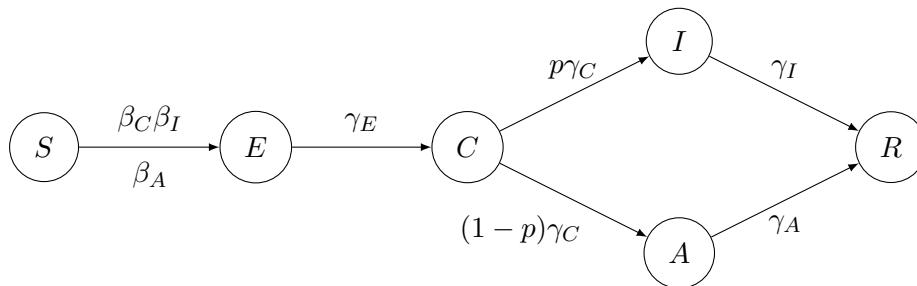


Figura 4.1: Fluxograma do modelo SECIAR.

Note que além das letras que representam os compartimentos, o modelo faz uso de certas constantes, que são obtidas pela análise do comportamento da doença na população. É importante destacar que elas são positivas; forneceremos o significado de cada uma delas a seguir.

- β_C : taxa de novas infecções potenciais causadas diretamente por indivíduos no compartimento *C*;

- β_I : taxa de novas infecções potenciais causadas diretamente por indivíduos no compartimento I ;
- β_A : taxa de novas infecções potenciais causadas diretamente por indivíduos no compartimento A ;
- γ_E : taxa na qual o indivíduo se move para fora do compartimento E ;
- γ_C : taxa na qual o indivíduo se move para fora do compartimento C ;
- γ_I : taxa na qual o indivíduo se move para fora do compartimento I ;
- γ_A : taxa na qual o indivíduo se move para fora do compartimento A ;
- p : probabilidade de um indivíduo no compartimento C desenvolver sintomas.

No caso da Covid-19, sabe-se que β_C é a maior das três constantes. Por outro lado, β_I é menor do que se poderia esperar, uma vez que, devido aos sintomas, os indivíduos no compartimento I , tendo consciência de que estão doentes, poderão manter-se em estado de isolamento. A constante p , por se tratar de um valor de probabilidade, pertence ao intervalo $(0, 1)$.

De (3.1) segue que

$$\dot{S} + \dot{E} + \dot{C} + \dot{I} + \dot{A} + \dot{R} = 0.$$

Portanto, se $S + E + C + I + A + R = 1$ inicialmente, então $S + E + C + I + A + R$ permanecerá igual a 1.

O espaço de fase para o modelo (3.1) é

$$\{(S, E, C, I, A, R): S \geq 0, E \geq 0, C \geq 0, I \geq 0, A \geq 0, R \geq 0, S + E + C + I + A + R = 1\}.$$

Com o modelo em mãos, começaremos procurando os equilíbrios do sistema (3.1). Para isso, igualaremos as quatro últimas equações de (3.1) a zero. Obteremos um sistema de quatro equações lineares nas quatro incógnitas E, C, I, A . Na forma matricial, tal sistema de equações lineares equivale a:

$$\begin{pmatrix} \dot{C} \\ \dot{I} \\ \dot{A} \\ \dot{R} \end{pmatrix} = \underbrace{\begin{pmatrix} \gamma_E & -\gamma_C & 0 & 0 \\ 0 & p\gamma_C & -\gamma_I & 0 \\ 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A \\ 0 & 0 & \gamma_I & \gamma_A \end{pmatrix}}_M \begin{pmatrix} E \\ C \\ I \\ A \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}.$$

Usando o Teorema da Laplace, podemos calcular o determinante da matriz M acima, obtendo:

$$\gamma_E \begin{vmatrix} p\gamma_C & -\gamma_I & 0 \\ (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A \\ 0 & \gamma_I & \gamma_A \end{vmatrix} = \gamma_E [p\gamma_C\gamma_A\gamma_I + (1-p)\gamma_C\gamma_I\gamma_A] = \gamma_E\gamma_C\gamma_I\gamma_A > 0.$$

Portanto, a única solução é $E = C = I = A = 0$. Assim, todos os equilíbrios têm $E = C = I = A = 0$. Esses valores também tornam as duas primeiras equações de (3.1) iguais a zero. O conjunto de equilíbrios do sistema hexadimensional (3.1) é, por conseguinte,

$$\{(S, E, C, I, A, R): E = C = I = A = 0\}.$$

Observe que podemos reescrever as equações para os compartimentos infectados como:

$$\begin{pmatrix} \dot{E} \\ \dot{C} \\ \dot{I} \\ \dot{A} \end{pmatrix} = \mathcal{F} - \mathcal{V} = \begin{pmatrix} \beta_C SC + \beta_I SI + \beta_A SA \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \gamma_E E \\ -\gamma_E E + \gamma_C C \\ -p\gamma_C C + \gamma_I I \\ -(1-p)\gamma_C C + \gamma_A A \end{pmatrix},$$

onde \mathcal{F} inclui todas as transferências de compartimentos não infectados para compartimentos infectados e \mathcal{V} inclui todas as transferências de compartimentos infectados para qualquer outro compartimento.

Antes de prosseguirmos, cabe-nos fazer uma observação.

Observação 3.1. O principal parâmetro para avaliar a intensidade de transmissão de uma doença infecciosa é o *número básico de reprodução da doença*, usualmente denotado por R_0 na literatura. A determinação desse número R_0 permite a compreensão da dinâmica da propagação da doença e a definição de estratégias para o controle dela. Um método algébrico utilizado para calcular o número R_0 faz uso de uma matriz, chamada *matriz da próxima geração*, conceito introduzido em 1990, por Diekmann, Heesterbeek e Metz (veja [3]). A matriz da próxima geração está diretamente relacionada ao modelo matemático da doença. A descrição desse método algébrico pode ser encontrada, com detalhes, em [6].

Agora, partiremos para o cálculo da matriz da próxima geração. Para tanto, primeiro calculamos a matriz K , obtida pela linearização de $\mathcal{F} - \mathcal{V}$ no equilíbrio $(S, 0, 0, 0, R)$. Então, K tem uma linha e uma coluna para cada um dos compartimentos infectados E, C, I e A . Em seguida, escrevemos K como $F - V$:

$$K = F - V = \begin{pmatrix} 0 & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \gamma_E & 0 & 0 & 0 \\ -\gamma_E & \gamma_C & 0 & 0 \\ 0 & -p\gamma_C & \gamma_I & 0 \\ 0 & -(1-p)\gamma_C & 0 & \gamma_A \end{pmatrix},$$

onde F_{ij} é a derivada parcial de \mathcal{F}_i em ordem ao j -ésimo estado infectado. De forma análoga, V_{ij} é a derivada parcial de \mathcal{V}_i em ordem ao j -ésimo estado infectado.

Se multiplicarmos F por um vetor de frações da população nos compartimentos infectados, obteremos a aproximação linear da taxa total de transferência de compartimentos não infectados para cada um dos compartimentos infectados, como podemos observar no cálculo a seguir:

$$F \begin{pmatrix} E \\ C \\ I \\ A \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} E \\ C \\ I \\ A \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \beta_C SC + \beta_I SI + \beta_A SA \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}.$$

O cálculo acima mostra que só há transferências vindas do compartimento S , e as transferências ocorrem apenas para o compartimento E . Os outros compartimentos infectados, C, I e A , não recebem transferências vindas de compartimentos de não infectados. A taxa de transferência para o compartimento E depende da coordenada S do equilíbrio para o qual se fez a linearização, além de depender das frações da população nos compartimentos infectados.

Por outro lado, se multiplicarmos V pelo vetor das frações da população dos compartimentos de infectados, obteremos as transferências de saída representadas em V . Para mais detalhes, o leitor interessado pode consultar [5, p. 61–62].

A matriz da próxima geração faz uso de V^{-1} , a inversa da matriz V , que é dada por

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{\gamma_E} & 0 & 0 & 0 \\ \frac{1}{\gamma_C} & \frac{1}{\gamma_C} & 0 & 0 \\ \frac{p}{\gamma_I} & \frac{p}{\gamma_I} & \frac{1}{\gamma_I} & 0 \\ \frac{1-p}{\gamma_A} & \frac{1-p}{\gamma_A} & 0 & \frac{1}{\gamma_A} \end{pmatrix}.$$

A matriz da próxima geração é, por definição, FV^{-1} :

$$\begin{pmatrix} 0 & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{\gamma_E} & 0 & 0 & 0 \\ \frac{1}{\gamma_C} & \frac{1}{\gamma_C} & 0 & 0 \\ \frac{p}{\gamma_I} & \frac{p}{\gamma_I} & \frac{1}{\gamma_I} & 0 \\ \frac{1-p}{\gamma_A} & \frac{1-p}{\gamma_A} & 0 & \frac{1}{\gamma_A} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\beta_C S}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I S}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A S}{\gamma_A} & * & * & * \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix},$$

onde os asteriscos representam entradas ‘sem importância’, pois não serão úteis no cálculo de R_0 , que é definido como o *maior autovalor de FV^{-1} no equilíbrio $S = 1$* . Logo,

$$R_0 = \frac{\beta_C}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A}{\gamma_A}.$$

Para o estudo desse modelo da Covid-19, foram utilizados os dados da pesquisa de Ngonghala, Iboi e Gumel, [7], na qual observou-se que:

- (i) um indivíduo passa em média 2,5 dias no compartimento C ;
- (ii) um indivíduo passa em média 5 dias no compartimento A ;
- (iii) um indivíduo passa em média 10 dias no compartimento I ;
- (iv) $\frac{2}{3}$ dos indivíduos expostos se movem para o compartimento contagioso sintomático;
- (v) os indivíduos são mais infectantes no compartimento C e são igualmente contagiantes nos compartimentos I e A .

Tendo como base essas considerações, parâmetros plausíveis que podem ser utilizados (veja [5]) são

$$\gamma_C = 0,4, \gamma_A = 0,2, \gamma_I = 0,1, \beta_C = 0,5, \beta_A = \beta_I = 0,3 \text{ e } p = 2/3.$$

Dessa forma,

$$R_0 = \frac{0,5}{0,4} + \frac{(2/3)0,3}{0,1} + \frac{(1-2/3)0,3}{0,4} = 3,75.$$

Portanto, o número médio de indivíduos infectados por cada indivíduo infectado no início da pandemia de acordo com o modelo SECIAR é aproximadamente 4.

4 Considerações Finais

A análise da expressão de R_0 nos mostra que uma mudança em algum dos parâmetros gera uma mudança em R_0 . Isso representa o efeito das medidas de controle para a Covid-19, que podem aumentar ou reduzir os valores dos parâmetros. Medidas como o lockdown e o uso de máscaras colaboram para a redução de cada β , conseqüentemente reduzindo R_0 .

Por fim, vale salientar que esse modelo e outros mais simples não consideram alterações no comportamento humano para a modelagem, basta notar que os parâmetros β e γ que usamos são constantes. O leitor interessado em conhecer um modelo que leva em conta essas mudanças pode consultar o Capítulo 5 de [5].

Agradecimentos: Agradeço à minha orientadora, Profa. Dra. Suzete Maria Silva Afonso, pelo incentivo e paciência durante a realização deste trabalho e ao PICME/CNPq pelo apoio financeiro.

Abstract: The purpose of this work is to present the SECIAR epidemiological model in the context of the Covid-19 pandemic and calculate R_0 of this infectious disease associated with that model, that is, the average number of infected individuals for each infected individual when Covid-19 is introduced into the population.

Keywords: ordinary differential equations; epidemiology; SECIAR model; next generation matrix; Covid-19

Referências Bibliográficas

- [1] Bassanezi, R. C., *Modelagem matemática: teoria e prática*, São Paulo: Editora Contexto, 1ª edição, 2015.
- [2] Boyce, W. E.; Diprima, R. C.; Maede, D. B., *Equações Diferenciais Elementares e Problemas de Valores de Contorno*, Livros Técnicos e Científicos, Rio de Janeiro: Editora S.A., 11ª edição, 2020.
- [3] Diekmann, O.; Heesterbeek, J. A. P.; Metz, J. A. J., On the definition and the computation of the basic reproduction ratio r_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of Mathematical Biology*, v. 4, 365–382, 1990.
- [4] Figueiredo, D. G., *Equações diferenciais aplicadas*, Rio de Janeiro: IMPA, 1979.
- [5] López-Flores, M. M.; Marchesin, D.; Matos, V.; Schechter, S., *Equações diferenciais e modelos epidemiológicos*, Rio de Janeiro: IMPA, 2021.
- [6] Mello, P. L.; Rômulo, M. H. S., O número básico de reprodução de uma doença e a matriz próxima geração, *Cadernos do IME - Série Matemática*, v. 13, 27–41, 2019.
- [7] Ngonghala, C. N.; Iboi, E. A.; Gumel, A. B., Could masks curtail the post-lockdown resurgence of COVID-19 in the US? *Mathematical Biosciences*, v. 329, pp. 108452, 2020.

A Métrica Tensorial da Geometria Diferencial

Maria Júlia Fassis[†]

Orientador(a): Profa. Dra. Marta Cilene Gadotti

Resumo: A Matemática se divide em diversas áreas, dentre elas a geometria. Por sua vez, a geometria também possui diversas vertentes. Nesse trabalho, comentamos um pouco sobre a Geometria Diferencial, mais especificamente sobre vetores, tensores e a métrica tensorial que a compõe.

Palavras-chave: geometria diferencial; Gauss; tensor; vetor; métrica

1 Introdução

Segundo [1], Gauss não gostava tanto de geometria, porém pensou sobre esse tema o suficiente para deixar dois marcos nesse campo da matemática:

1. Em 1824, chegou em uma importante conclusão sobre o postulado das paralelas, a qual decidiu não publicar. Ainda, enquanto estudava em Göttingen, Gauss e seu amigo Bolyai tentaram provar esse postulado, porém não obtiveram sucesso e, assim, Gauss estava convencido de que essa demonstração era impossível. Além disso, ele percebeu que poderia ser desenvolvida uma geometria totalmente diferente da de Euclides. Gauss apenas não foi nomeado como inventor das geometrias não-euclidianas, pois não publicou seus estudos sobre o assunto.
2. Em 1827, publicou um clássico tratado que é considerado a *pedra angular* de um novo ramo da geometria, chamado de *Geometria Diferencial*, a qual pode ser talvez relacionada mais à análise do que à geometria em si.

Desde os resultados matemáticos de Newton e Leibniz, o cálculo vinha sendo aplicado ao estudo de curvas bidimensionais, o que, em certo modo, podemos entender como um protótipo da geometria diferencial. Com o tratado clássico de Gauss *Disquisitiones circa superficies curvas*, a geometria diferencial realmente ganhou espaço dentro da matemática.

Ainda, Gauss expandiu os trabalhos de Huygens e Clairaut sobre curvatura de curvas planas ou reversas, definindo a curvatura de uma superfície em um ponto, o que recebeu o nome de *Curvatura Gaussiana* ou *Curvatura Total*.

Basicamente, enquanto a geometria usual estuda um diagrama ou figura em sua totalidade, a geometria diferencial se preocupa em focar nas propriedades de uma curva ou superfície em uma vizinhança imediata de seus pontos.

2 Tensores, Vetores e a Métrica Tensorial

Vamos, agora, utilizar as referências [2] e [3] para entender um pouco sobre *Vetores, Tensores e Métrica Tensorial*.

[†]Bolsista FAPESP, processo nº 2021/02517-7

Podemos inicialmente citar um exemplo de vetor bem conhecido: o vetor velocidade instantânea, o qual é definido como o vetor tangente à curva em cada um dos pontos da trajetória de certo objeto, isto é, a derivada com relação ao parâmetro da curva.

Assim, considere as seguintes definições retiradas da referência [4].

Definição 2.1. Sejam C um espaço topológico e $\tau \subset P(C)$, onde $P(C)$ é o conjunto das partes de C . Dizemos que C é **Hausdorff** (T_2) se, para todo $p, q \in C$, com $p \neq q$, existe U_p e U_q em τ tal que $p \in U_p, q \in U_q \Rightarrow U_p \cap U_q = \emptyset$.

Definição 2.2. C é **localmente euclidiano** se, para $p \in C$, existe $U \in \tau$, onde $p \in U$ e existe uma função $\phi : U \rightarrow \phi(U) \subset \mathbb{R}^n$ tal que $\phi(U)$ é um subconjunto aberto de \mathbb{R}^n e $\phi : U \rightarrow \phi(U)$ é um homeomorfismo.

Definição 2.3. Uma **variedade topológica** M é um espaço topológico C tal que: M é Hausdorff, possui uma base enumerável e é localmente euclidiano.

Considere uma curva $\gamma : \mathbb{R} \rightarrow M$ com parâmetro λ e uma função f definida em uma região da variedade M que contém a curva $\gamma(\lambda)$. Assim, $f(x^\alpha)$ tal que $x^\alpha = x^\alpha(\lambda) \Rightarrow f(x^\alpha(\lambda)) = f(\lambda)$.

Sendo $\gamma(\lambda)$ uma curva contínua, podemos calcular sua variação através de derivada: $\frac{df}{d\lambda} = \frac{dx^\alpha}{d\lambda} \frac{df}{dx^\alpha}$. Esse mesmo raciocínio pode ser aplicado a qualquer outra função, logo, podemos generalizar e definir o operador:

$$\frac{d}{d\lambda} = \frac{dx^\alpha}{d\lambda} \frac{d}{dx^\alpha},$$

o qual define a *derivada direcional* ao longo da curva $\gamma(\lambda)$.

Considere agora outra curva $\Gamma(\mu)$ que intersecta a curva $\gamma(\lambda)$ em certo ponto P , dessa maneira, também podemos definir uma derivada direcional para $\Gamma(\mu)$ por

$$\frac{d}{d\mu} = \frac{dx^\alpha}{d\mu} \frac{d}{dx^\alpha}.$$

Nesse dado ponto P , o conjunto de todas as derivadas direcionais associadas a todas as curvas que passam por esse ponto formam um espaço vetorial. Esse espaço vetorial em P é denominado de T_P e é chamado de *espaço tangente a P* .

Além disso, a combinação de duas derivadas direcionais forma uma nova derivada direcional. De fato, existe em P uma correspondência 1-1 entre todos os vetores tangentes e todas as derivadas direcionais. Dessa forma, é natural que a dimensão do espaço tangente seja igual à dimensão da própria variedade, isto é, $\dim(T_P) = \dim(M)$.

Devemos entender a derivada direcional como um operador que em um dado ponto fixo nos fornece um número real ao atuar em funções.

Nesse contexto, sendo \mathbb{F} o espaço das funções e $\vec{V} \equiv \frac{d}{d\lambda}$ um vetor tal que $\vec{V} : \mathbb{F} \rightarrow \mathbb{R}$. Sua aplicação sobre uma função $f \in \mathbb{F}$ é $\vec{V}(f) \equiv \frac{df}{d\lambda} = \frac{dx^\alpha}{d\lambda} \frac{df}{dx^\alpha}$.

Note que as derivadas parciais $d_\alpha \equiv \frac{d}{dx^\alpha}$ também são vetores que definem as direções ao longo das curvas do sistema de coordenadas $\{x^\alpha\}$.

Ainda, pelas derivadas direcionais $\frac{d}{d\lambda} = \frac{dx^\alpha}{d\lambda} \frac{d}{dx^\alpha}$ e $\frac{d}{d\mu} = \frac{dx^\alpha}{d\mu} \frac{d}{dx^\alpha}$, segue que podemos utilizar uma base vetorial formada pelos vetores $\vec{e}_\alpha \equiv d_\alpha$ para expressar qualquer outro vetor.

Em conclusão, temos que um vetor $\vec{V} \equiv \frac{d}{d\lambda}$ pode ser expresso por

$$\vec{V} = V^\alpha \vec{e}_\alpha$$

onde $V^\alpha = \frac{dx^\alpha}{d\lambda}$ e $\vec{e}_\alpha = d_\alpha \equiv \frac{d}{dx^\alpha}$.

Definição 2.4. **Tensores** são quantidades que não dependem do sistema de coordenadas que se está trabalhando, isto é, quantidades que são invariantes sob transformação de coordenadas.

Por exemplo, um *escalar* é um tensor que possui uma única componente e que quando sofre transformação de coordenada $x \mapsto x'$ continua invariante. Um escalar pode ser definido em um único ponto ou em cada ponto de uma região, nesse último caso é chamado de *campo escalar*.

Para entender esse conceito de *invariância*, podemos pensar também no seguinte exemplo: Trabalhando em uma mesmo espaço tridimensional, como o cômodo de uma casa, com dois diferentes sistemas de coordenadas, (x, y) e (x', y') , temos em cada ponto desse espaço um valor de temperatura $T(x, y)$. Transformando esse escalar (temperatura) sob $x \mapsto x'$, as temperaturas naqueles mesmos pontos permanecem as mesmas, só muda a notação que usamos para marcar tais pontos, isto é, $T(x', y') = T(x, y)$.

Voltando aos vetores, podemos definir em um espaço de dimensão n uma base com n vetores. Ainda, a partir de um sistema de coordenadas x^μ , é possível definir para cada ponto P do espaço uma *base coordenada* com esses n vetores:

$$\vec{e}_\mu(x) = \frac{d\vec{r}}{dx^\mu} \Big|_P \text{ com } \mu = 1, 2, \dots, n$$

onde \vec{e}_μ é o *vetor tangente* a curva coordenada x^μ no ponto P . É importante observar que \vec{e}_μ nem sempre está normalizado.

Exemplo 2.5. Considere o sistema de coordenadas polares com parâmetros ρ, φ , onde ρ representa a distância radial até a origem e φ é a coordenada angular.

Se tomamos um ponto P nessas coordenadas, podemos escrever vetores de base que variam junto com o ponto escolhido:

$$\begin{aligned} \vec{e}_\rho &= \frac{d\vec{r}}{d\rho} \Big|_P \text{ é um vetor em } P \text{ com direção radial;} \\ \vec{e}_\varphi &= \frac{d\vec{r}}{d\varphi} \Big|_P \text{ é um vetor em } P \text{ tangente a linha coordenada.} \end{aligned}$$

Além disso, se tomamos um vetor qualquer \vec{v} nesse sistema de coordenadas, podemos escrevê-lo como uma combinação dos vetores de base:

$$\vec{v}(x) = \sum_\nu v^\nu(x) \vec{e}_\nu(x)$$

onde v^ν , com $\nu = 1, \dots, n$, são chamados de **componentes contravariantes de \vec{v}** . Note que esses componentes possuem índice em cima.

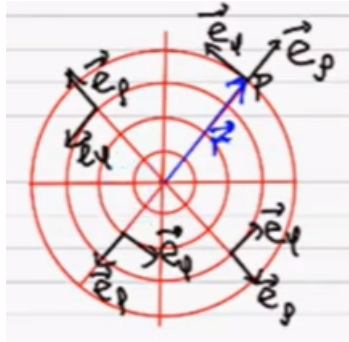


Figura 5.1: Exemplo 2.5
[Fonte: Referência [3]]

Além disso, dada uma base $\vec{e}_\mu(x)$ chamada *base de 1-formas*, podemos sempre definir uma *base dual de vetores* $\vec{e}^\nu(x)$ com $\mu = 1, \dots, n$ tal que $\vec{e}_\mu(x) \cdot \vec{e}^\nu(x) = \delta_\mu^\nu$ com $\nu, \mu = 1, \dots, n$ onde δ_μ^ν é uma constante chamada *Delta de Kronecker* a qual assume o valor 1 quando $\mu = \nu$ e 0 quando $\mu \neq \nu$.

Ainda, podemos expandir o vetor \vec{v} na base dual $\vec{e}_\mu(x)$ e escrevê-lo da seguinte forma:

$$\vec{v}(x) = \sum_{\mu} v_{\mu}(x) \vec{e}^{\mu}(x)$$

onde v_{μ} , com $\mu = 1, \dots, n$, são chamados de **componentes covariantes de \vec{v}** . Note que esses componentes possuem índice embaixo.

Em geral, $\vec{v}_{\mu} \neq v^{\mu}$.

Note que usando $\vec{e}^{\mu}(x) \cdot \vec{e}_{\nu}(x) = \delta_{\nu}^{\mu}$ e $\vec{v} = \sum_{\nu} v^{\nu} \vec{e}_{\nu}$, chegamos em duas relações:

$$\vec{v} \cdot \vec{e}^{\mu} = \left(\sum_{\nu} v^{\nu} \vec{e}_{\nu} \right) \cdot \vec{e}^{\mu} = \sum_{\nu} v^{\nu} \cdot \delta_{\nu}^{\mu} = v^{\mu} \Rightarrow \vec{v} \cdot \vec{e}^{\mu} = v^{\mu}$$

$$\vec{v} \cdot \vec{e}_{\mu} = \left(\sum_{\nu} v_{\nu} \vec{e}^{\nu} \right) \cdot \vec{e}_{\mu} = \sum_{\nu} v_{\nu} \cdot \delta_{\mu}^{\nu} = v_{\mu} \Rightarrow \vec{v} \cdot \vec{e}_{\mu} = v_{\mu}$$

Façamos, então, uma *interpretação geométrica*:

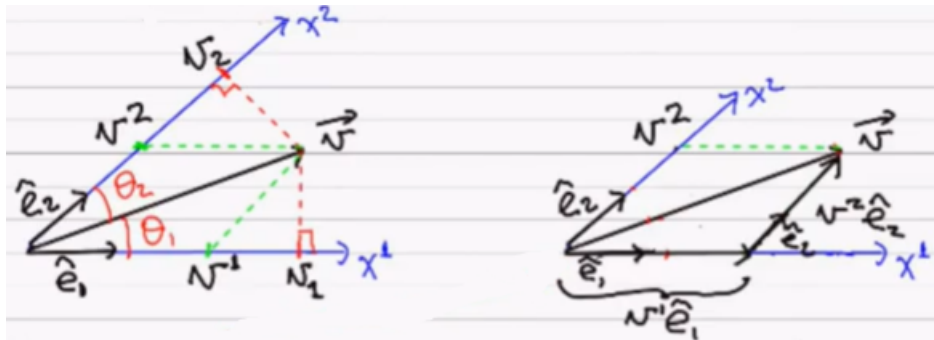


Figura 5.2: Interpretação Geométrica
[Fonte: Referência [3]]

Vamos considerar o vetor \vec{v} e os vetores da base vetorial normalizados \hat{e}_1 e \hat{e}_2 representados por um sistema de coordenadas (x^1, x^2) ; assim como na Figura 5.2.

Note ainda na Figura 5.2, que podemos escrever $\vec{v} = v^1 \hat{e}_1 + v^2 \hat{e}_2$ considerando as projeções de \vec{v} em x^1 e x^2 pelas paralelas aos eixos Ox^2 e Ox^1 , respectivamente, e a regra para soma de vetores.

Por outro lado, temos, pela regra do produto escalar entre vetores, que $v_1 = \vec{v} \cdot \hat{e}_1 = |\hat{e}_1| \cdot |\vec{v}| \cdot \cos(\theta_1) = 1 \cdot |\vec{v}| \cdot \cos(\theta_1) = |\vec{v}| \cdot \cos(\theta_1)$, onde θ_1 é a medida do ângulo entre os vetores \vec{v} e \hat{e}_1 . Logo, podemos interpretar v_1 como a projeção ortogonal de \vec{v} no eixo Ox^1 .

Analogamente, temos, também pela regra do produto escalar entre vetores, que $v_2 = \vec{v} \cdot \hat{e}_2 = |\hat{e}_2| \cdot |\vec{v}| \cdot \cos(\theta_2) = 1 \cdot |\vec{v}| \cdot \cos(\theta_2) = |\vec{v}| \cdot \cos(\theta_2)$, onde θ_2 é a medida do ângulo entre os vetores \vec{v} e \hat{e}_2 . Logo, podemos interpretar v_2 como a projeção ortogonal de \vec{v} no eixo Ox^2 .

Vale observar que no caso do *sistema cartesiano* com base ortonormal, $v^1 = v_1$ e $v^2 = v_2$, não existe diferença entre as componentes covariantes e contravariantes. Note que isso ocorre pois no sistema cartesiano com os eixos x e y usuais, as projeções de qualquer vetor \vec{v} em x e y pelas paralelas aos eixos y e x geram os mesmos pontos que a projeção ortogonal de \vec{v} nos eixos x e y .

Agora, voltando novamente aos *vetores*, podemos também visualizá-los como aplicações lineares com apenas uma entrada e cujas imagens são os números reais. Já os *tensores*, podemos visualizar como generalizações dos vetores, isto é, são aplicações com maior número de entradas.

Definimos um *tensor* T do tipo $\binom{p}{q}$ como uma aplicação linear que possui p componentes contravariantes e q componentes covariantes.

Assim, vetores são tensores do tipo $\binom{1}{0}$ e campos escalares são tensores do tipo $\binom{0}{0}$, aliás esses são os casos mais simples de tensores.

As componentes de um tensor do tipo $\binom{p}{q}$ se transformam segundo a lei linear e homogênea

$$T^{\mu\nu\dots\sigma}_{\alpha\beta\dots\gamma} = \frac{dx'^{\alpha}}{dx^{\rho}} \frac{dx'^{\beta}}{dx^{\epsilon}} \dots \frac{dx'^{\gamma}}{dx^{\delta}} \frac{dx'^{\tau}}{dx^{\mu}} \frac{dx'^{\theta}}{dx^{\nu}} \dots \frac{dx'^{\psi}}{dx^{\sigma}} T^{\rho\epsilon\dots\delta}_{\tau\theta\dots\psi}.$$

Vamos agora estudar o *tensor métrico*. É importante sabermos que é a partir desse tensor métrico, ou simplesmente *métrica*, denotada por $g(\cdot, \cdot)$, que definimos corretamente as noções de distâncias espacial e temporal, isto é, somente com a métrica é possível medir distâncias e intervalos de tempo.

Note que se tomarmos dois vetores \vec{a} e \vec{b} no espaço euclidiano (usando o sistema de coordenadas cartesiano usual), o produto escalar entre eles é definido por $\vec{a} \cdot \vec{b} = \sum_i a^i b^i = \sum_{i,j} \delta_{ij} a^i b^j$ onde δ_{ij} é a constante Delta de Kronecker. Ainda, distância espacial entre dois pontos infinitesimalmente próximos é definida por $ds^2 = \vec{ds} \cdot \vec{ds} = dx^2 + dy^2 + dz^2 = \sum_{ij} \delta_{ij} dx^i dx^j$.

Em ambos os casos, a matriz δ_{ij} é caracterizada como a *métrica do espaço plano*, isto é, a métrica $g(\cdot, \cdot)$ do espaço euclidiano é a matriz identidade gerada por

$$\delta_{ij} = g_{ij} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}.$$

Entretanto, isso só é verdade para o sistema cartesiano. De fato, considere o espaço euclidiano com o sistema de coordenadas esféricas. Nesse caso, um elemento de linha assume a seguinte forma: $ds^2 = dr^2 + r^2 \text{sen}^2 \theta d\varphi^2 = \sum_{ij} g_{ij} dx^i dx^j$. Logo, podemos notar que a métrica não é mais a Delta de Kronecker, mas sim a matriz

$$g(\cdot, \cdot) = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & r^2 & 0 \\ 0 & 0 & r^2 \text{sen}^2 \theta \end{pmatrix}.$$

Agora, considere dois pontos quaisquer A, B no espaço tal que A e B são infinitesimalmente próximos. Definimos, então, $d\vec{s} = \sum_{\mu} \frac{d\vec{s}}{dx^{\mu}} dx^{\mu} = \sum_{\mu} dx^{\mu} \vec{e}_{\mu}(x)$ com $\vec{e}_{\mu}(x) = \frac{d\vec{s}}{dx^{\mu}}$.

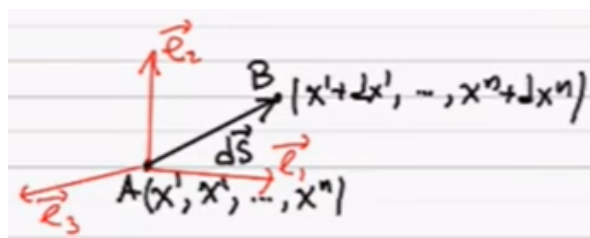


Figura 5.3: Tensor Métrico
[Fonte: Referência [3]]

Além disso, definimos a distância quadrática entre A e B por

$$\begin{aligned} ds^2 &= d\vec{s} \cdot d\vec{s} = \left(\sum_{\mu} dx^{\mu} \vec{e}_{\mu}(x) \right) \cdot \left(\sum_{\nu} dx^{\nu} \vec{e}_{\nu}(x) \right) \\ &= \sum_{\mu, \nu} \vec{e}_{\mu}(x) \cdot \vec{e}_{\nu}(x) dx^{\mu} dx^{\nu} = \sum_{\mu, \nu} g_{\mu\nu}(x) dx^{\mu} dx^{\nu} \end{aligned}$$

onde $g_{\mu\nu}(x) = \vec{e}_{\mu}(x) \cdot \vec{e}_{\nu}(x)$ é o *tensor métrico*.

Note que $g_{\mu\nu}(x) = g_{\nu\mu}(x)$. Além disso, definimos $g^{\mu\nu}(x) = \vec{e}^{\mu}(x) \cdot \vec{e}^{\nu}(x)$.

Podemos encontrar algumas relações entre as componentes covariantes e contravariantes:

$$1. v_{\mu} = \vec{v} \cdot \vec{e}_{\mu} = \left(\sum_{\nu} v^{\nu} \vec{e}_{\nu} \right) \cdot \vec{e}_{\mu} = \sum_{\nu} v^{\nu} \vec{e}_{\nu} \cdot \vec{e}_{\mu} = \sum_{\nu} g_{\nu\mu} v^{\nu} \Rightarrow v_{\mu} = \sum_{\nu} g_{\nu\mu} v^{\nu}.$$

(a) Em particular, no sistema cartesiano $g_{\mu\nu} = \hat{e}_{\mu} \cdot \hat{e}_{\nu} = [I]_{\mu\nu} \Rightarrow v_{\mu} = v^{\mu}$, onde $[I]$ é a matriz identidade.

$$2. v^{\mu} = \vec{v} \cdot \vec{e}^{\mu} = \left(\sum_{\nu} v_{\nu} \vec{e}^{\nu} \right) \cdot \vec{e}^{\mu} = \sum_{\nu} v_{\nu} g^{\nu\mu} \Rightarrow v^{\mu} = \sum_{\nu} g^{\mu\nu} v_{\nu}.$$

Dessas duas relações, $v_{\mu} = \sum_{\nu} g_{\nu\mu} v^{\nu} \Leftrightarrow v_{\nu} = \sum_{\alpha} g_{\alpha\nu} v^{\alpha}$ e $v^{\mu} = \sum_{\nu} g^{\mu\nu} v_{\nu}$, segue que

$$v^{\mu} = \sum_{\nu} g^{\mu\nu} v_{\nu} = \sum_{\nu, \alpha} g^{\mu\nu} g_{\alpha\nu} v^{\alpha} = \sum_{\alpha} \delta_{\alpha}^{\mu} v^{\alpha},$$

pois $\delta_{\alpha}^{\mu} = \sum_{\nu} g^{\mu\nu} g_{\alpha\nu}$. Então, obtemos $v^{\mu} = \sum_{\alpha} \delta_{\alpha}^{\mu} v^{\alpha}$.

Como em $\delta_{\alpha}^{\mu} = \sum_{\nu} g^{\mu\nu} g_{\alpha\nu}$, temos um componente μ, α da matriz identidade sendo igual ao produto entre duas matrizes. Portanto, podemos concluir que a matriz com componentes $g^{\mu\nu}$ é inversa da matriz com componentes $g_{\mu\nu}$, isto é, $[g^{\mu\nu}]$ é inversa de $[g_{\mu\nu}]$.

Ainda, de $\vec{v} = \sum_{\mu} v_{\mu} \vec{e}^{\mu} = \sum_{\mu, \nu} g_{\mu\nu} v^{\nu} \vec{e}^{\mu}$ e de $\vec{v} = \sum_{\nu} v^{\nu} \vec{e}_{\nu}$, segue que

$$\sum_{\mu, \nu} g_{\mu\nu} v^{\nu} \vec{e}^{\mu} = \vec{v} = \sum_{\nu} v^{\nu} \vec{e}_{\nu} \Rightarrow \sum_{\mu, \nu} g_{\mu\nu} v^{\nu} \vec{e}^{\mu} = \sum_{\nu} v^{\nu} \vec{e}_{\nu} \Rightarrow \sum_{\mu} g_{\mu\nu} \vec{e}^{\mu} = \vec{e}_{\nu}.$$

Após todo esse estudo, podemos definir **métrica** como um campo tensorial $g(,)$ do tipo $\binom{0}{2}$ simétrico, linear e não-degenerado.

Dessa forma, sejam \vec{A} e \vec{B} dois vetores em um mesmo ponto, a métrica entre eles será $g(\vec{A}, \vec{B}) = a \in \mathbb{R}$.

Como a métrica é linear, vale que $g(\lambda \vec{A}, \vec{B}) = \lambda g(\vec{A}, \vec{B})$ com $\lambda \in \mathbb{R}$. Além disso, como a métrica é simétrica, vale que $g(\vec{A}, \vec{B}) = g(\vec{B}, \vec{A})$. Por fim, como a métrica é não-degenerada, vale que o determinante de $g_{\mu\nu}$ é não-nulo em todo ponto da variedade, isto é, $g \equiv \det(g_{\mu\nu}) \neq 0$.

Ainda, podemos definir $g^{-1}(,)$ a inversa da métrica, um tensor do tipo $\binom{2}{0}$ que tem os componentes $g^{\mu\nu}$ tais que $g^{\mu\lambda} g_{\lambda\nu} = \delta_{\nu}^{\mu}$ por definição.

Agradecimentos: Gostaria de agradecer à FAPESP pelo financiamento de minha pesquisa em nível de iniciação científica, à minha orientadora Profa. Dra. Marta Cilene Gadotti por toda ajuda e suporte e aos responsáveis por esse Boletim pelo espaço.

Abstract: Mathematics is divided into several areas, including geometry. In turn, geometry also has several aspects. In this work, we comment a little about Differential Geometry, more specifically about vectors, tensors and the tensor metric that compose it.

Keywords: differential geometry; Gauss; tensor; vector; metric

Referências Bibliográficas

- [1] BOYER, C. B.; MERZBACH, U. C., *História da matemática*, 3.ed, Editora Blucher, 2012.
- [2] FALCIANO, F. T., *Geometria Diferencial*, 2018. Disponível em: http://www.cbpf.br/~ftovar/images/MiniGR_DiffGeom.pdf. Acesso em: 06 Fev. 2022.
- [3] KNEIPP, M., *Relatividade: Aula 8 - Vetores: Componentes Covariante e Contravariante e Tensor Métrico*, 2021. Disponível em: <https://www.youtube.com/watch?v=FNU48sCREqU>. Acesso em: 06 Fev. 2022.
- [4] SILVA, G. H., *Sobre a topologia no efeito Hall quântico: um passeio através da geometria diferencial e topologia*, Instituto de Física, Universidade Federal de Uberlândia. Uberlândia, 2019.

Uma Introdução à Teoria de Homologia Persistente

Marina Maria de Miguel[†]

Orientador(a): Profa. Dra. Thaís Fernanda Mendes Monis

Resumo: Nesse artigo, faremos um estudo inicial sobre a homologia persistente e sua inserção na área de análise topológica de dados (TDA) - uma área de pesquisa relativamente nova que abrange muitas disciplinas, incluindo topologia, estatística, aprendizado de máquina e geometria computacional.

Palavras-chave: homologia persistente; homologia; análise topológica de dados

1 Introdução

Uma ideia central em Análise Topológica de Dados (Topological Data Analysis - TDA) é que conjuntos de dados possuem “forma” e que descrever essa “forma” pode ajudar a explicar os processos que geram esses dados. Nessa direção, um dos objetivos centrais da análise topológica de dados é empregar métodos da topologia algébrica para extrair informações topológicas sobre a forma do conjunto de dados. Por exemplo, se o conjunto de dados são pontos de uma amostragem extraída de uma variedade, um objetivo seria recuperar a homologia da variedade. Mais geralmente, deseja-se recuperar descritores qualitativos do conjunto de dados que sejam robustos à perturbações e ruídos. Bem, para aplicarmos os métodos da topologia algébrica a conjuntos discretos, precisamos, primeiramente, transformar esse conjunto (o conjunto de dados) em um espaço topológico mais rico topologicamente de modo a termos invariantes topológicos interessantes de se calcular. Fazemos isso por meio da construção de certos complexos simpliciais associados ao conjunto de dados como, por exemplo, o complexo de Čech e o complexo de Vietoris-Rips.

Neste artigo, após breve explicação sobre conceitos da álgebra homológica e métodos da homologia persistente, calcularemos a homologia persistente dada por uma filtração de um triângulo equilátero.

2 Álgebra Homológica

A seguir, traremos algumas definições necessárias da álgebra homológica para a compreensão do trabalho aqui apresentado.

Definição 2.1. **Complexo de cadeia** é uma sequência de grupos abelianos $(X_n)_{n \in \mathbb{Z}}$ e homomorfismos $(\partial_n : X_n \rightarrow X_{n-1})_{n \in \mathbb{Z}}$ tal que $Im(\partial_{n+1}) \subset Ker(\partial_n)$ para todo $n \in \mathbb{Z}$.

$$\cdots \rightarrow X_{n+1} \xrightarrow{\partial_{n+1}} X_n \xrightarrow{\partial_n} X_{n-1} \rightarrow \cdots$$

Definição 2.2. Seja C um complexo de cadeias. Define-se por n -ésima homologia do complexo de cadeia C :

$$H_n(C) = \frac{Ker(\partial_n)}{Im(\partial_{n+1})}$$

[†]Agência de fomento: FAPESP - Processo 2021/14222-1.

Definição 2.3. Se $A \subseteq \mathbb{R}^n$, o **fecho convexo** de A é a interseção de todos os conjuntos convexos em \mathbb{R}^n que contém A .

Definição 2.4. Definimos por p -**simplexo** σ em \mathbb{R}^n o fecho convexo de uma coleção de $(p+1)$ pontos $\{x_0, x_1, \dots, x_p\} \subset \mathbb{R}^n$, $p \leq n$, tal que $x_1 - x_0, x_2 - x_0, \dots, x_p - x_0$ formem um conjunto linearmente independente.

Definição 2.5. Um **Complexo simplicial abstrato** \mathcal{K} é uma coleção finita de simplexos orientados em que a face de um simplexo $\sigma \in \mathcal{K}$ é um simplexo em \mathcal{K} .

Definição 2.6. Uma k -ésima **cadeia simplicial**, com coeficientes em um anel comutativo com unidade R , é uma soma formal nos k -simplexos

$$\sum_{i=1}^n r_i \sigma_i, \quad r_i \in R, \quad \sigma_i \in \mathcal{K}.$$

O conjunto das k -ésimas cadeias simpliciais com a adição formal sobre R é um R -módulo denotado por \mathcal{K}_k .

3 Homologia Persistente

Nesta seção trataremos definições e resultados introdutórios, mas de grande importância para a homologia persistente.

3.1 Filtração

Definição 3.1. Dado um complexo simplicial \mathcal{K} , uma **filtração** para \mathcal{K} é um conjunto totalmente ordenado de subcomplexos \mathcal{K}^i de \mathcal{K} , $i \in \mathbb{Z}_+$, tal que se $i \leq j$ então $\mathcal{K}^i \subset \mathcal{K}^j$. Tal ordenação se chama **filtro**.

Definição 3.2. O i -ésimo complexo simplicial \mathcal{K}^i em uma filtração dá origem ao seu próprio complexo de cadeia $(\mathcal{K}^i, \partial^i)$.

Conforme aumentamos os índices i , sucessivos complexos são vinculados à filtração por meio de inclusões, o que induz uma função entre as cadeias $f^i : \mathcal{K}^i \rightarrow \mathcal{K}^{i+1}$ nos complexos de cadeia e homomorfismos $\eta_k^i : H_k^i \rightarrow H_k^{i+1}$ no k -ésimo módulo de homologia.

Definição 3.3. A sequência de complexos de cadeia (\mathcal{K}_\circ^i) conectada pelas funções entre cadeias (f^i) é chamada de **complexo persistente K**.

O diagrama a seguir exemplifica uma parcela do complexo persistente:

(espaço em branco intencional)

$$\begin{array}{ccccccc}
 & & \downarrow & & \downarrow & & \downarrow \\
 \xrightarrow{f^{i-1}} & \mathcal{K}_k^i & \xrightarrow{f^i} & \mathcal{K}_k^{i+1} & \xrightarrow{f^{i+1}} & \mathcal{K}_k^{i+2} & \longrightarrow \\
 & \downarrow \partial_k^i & & \downarrow \partial_k^{i+1} & & \downarrow \partial_k^{i+2} & \\
 \xrightarrow{f^{i-1}} & \mathcal{K}_{k-1}^i & \xrightarrow{f^i} & \mathcal{K}_{k-1}^{i+1} & \xrightarrow{f^{i+1}} & \mathcal{K}_{k-1}^{i+2} & \longrightarrow \\
 & \downarrow \partial_{k-1}^i & & \downarrow \partial_{k-1}^{i+1} & & \downarrow \partial_{k-1}^{i+2} & \\
 \xrightarrow{f^{i-1}} & \mathcal{K}_{k-2}^i & \xrightarrow{f^i} & \mathcal{K}_{k-2}^{i+1} & \xrightarrow{f^{i+1}} & \mathcal{K}_{k-2}^{i+3} & \longrightarrow \\
 & \downarrow & & \downarrow & & \downarrow &
 \end{array}$$

Definição 3.4. O k -ésimo módulo persistente \mathbf{H}_k é a família das k -ésimas homologias H_k^i junto dos homomorfismos $\eta_k^i : H_k^i \rightarrow H_k^{i+1}$.

Exemplos de Filtrações:

Definição 3.5. Uma cobertura aberta para um espaço topológico X é uma coleção $\mathcal{U} = (U_i)_{i \in I}$ de conjuntos abertos $U_i \subset X$, $i \in I$ e I um conjunto, de modo que $X = \cup_{i \in I} U_i$. Da mesma forma define-se uma coleção fechada para X como sendo uma coleção de conjuntos fechados cuja união resulta em X .

Definição 3.6. Dada uma cobertura $\mathcal{U} = (U_i)_{i \in I}$ para um espaço topológico X , chamamos de nervo dessa cobertura o complexo simplicial abstrato $C(\mathcal{U})$ associado a ela cujo conjunto de vértices é \mathcal{U} e

$$\sigma = [U_{i_0}, U_{i_1}, \dots, U_{i_k}] \in C(\mathcal{U}) \iff \bigcap_{j=0}^k U_{i_j} \neq \emptyset.$$

Definição 3.7. Dado $\alpha > 0$, o complexo de Čech com vértices em P e parâmetro α é o nervo Čech (P, α) da união das bolas centradas em P de raio α . Os simplejos de Čech (P, α) são caracterizados por

$$[x_0, x_1, \dots, x_k] \in Cech(P, \alpha) \iff \bigcap_{i=0}^k B(x_i, \alpha) \neq \emptyset.$$

Conforme α varia de 0 a ∞ , a sequência de complexos de Čech (P, α) define uma filtração, chamada de filtração de Čech.

Definição 3.8. Dado $\alpha > 0$, o complexo de Vietoris-Rips $Rips(P, \alpha)$ de vértices P e parâmetro α é definido por

$$[x_0, x_1, \dots, x_k] \in Rips(P, \alpha) \iff \|x_i - x_j\| \leq \alpha, \forall i, j \in \{0, \dots, k\}.$$

Conforme α varia de 0 a ∞ , a sequência de complexos de Vietoris-Rips $Rips(P, \alpha)$ define uma filtração, chamada de filtração de Vietoris-Rips.

3.2 Módulo Graduado

Definição 3.9. Um **anel graduado** R é um anel com uma decomposição em soma direta de subgrupos abelianos

$$R = \bigoplus_{i \in \mathbb{Z}_+} R^i$$

tal que a multiplicação satisfaz “se $x \in R^i$ e $y \in R^j$ então $xy \in R^{i+j}$ ”. Escrevemos $R^i R^j \subset R^{i+j}$. Um elemento x que pertence a R^i é chamado homogêneo de grau i .

Um exemplo usual de anel graduado é o anel de polinômios $\mathbb{F}[x]$ sobre um corpo \mathbb{F} .

Definição 3.10. Um **ideal graduado** de um anel graduado R é um ideal $I \subset R$ com

$$I = \bigoplus_{i \in \mathbb{Z}_+} I^i,$$

sendo $I^i = I \cap R^i$.

Definição 3.11. Um **módulo graduado** à esquerda é um módulo M à esquerda sobre um anel graduado R tal que

$$M = \bigoplus_{i \in \mathbb{Z}_+} M_i$$

e $R^i M_j \subset M_{i+j}$.

O k -ésimo módulo de persistência recebe a estrutura de um módulo graduado sobre o anel polinomial $R[x]$ da seguinte forma:

$$\mathcal{H}_k = \bigoplus_{i=1}^{\infty} H_k^i$$

onde a multiplicação escalar por x é definida por

$$x \left(\sum_{i=0}^{\infty} m^i \right) = \sum_{i=0}^{\infty} \eta_k^i(m^i)$$

para cada $m^i \in H_k^i$.

Teorema 3.12. *Suponha \mathcal{H}_k sobre o anel polinomial $\mathbb{F}[x]$, sendo \mathbb{F} um corpo. Então*

$$\mathcal{H}_k = \left(\bigoplus_i (x^{a_i}) \right) \oplus \left(\bigoplus_j \frac{x^{b_j}}{x^{c_j}} \right)$$

em que $1 \leq i \leq M$ e $1 \leq j \leq N$ para $N, M \in \mathbb{Z}_+$ e a_i, b_j, c_j são potências inteiras não negativas de x .

Essas potências nos retornam o surgimento e morte das características topológicas ao longo das filtrações. As potências a_i e b_j indicam o índice na sequência dos complexos simpliciais na qual um novo buraco surge e c_j representa em qual índice o buraco que surgiu em b_j desaparece. Dessa forma, o componente livre $\bigoplus_i (x^{a_i})$ mostra os buracos que surgem e persistem (características persistentes), enquanto o componente de torção $\left(\bigoplus_j \frac{x^{b_j}}{x^{c_j}} \right)$ indica os buracos que surgem, mas que desaparecem posteriormente (características transitórias).

4 Aplicação

Exemplo 4.1. Estudar as homologias de persistência do triângulo equilátero de vértices $\sigma_0, \sigma_1, \sigma_2$, arestas $\sigma_3 = [\sigma_0\sigma_1], \sigma_4 = [\sigma_0\sigma_2], \sigma_5 = [\sigma_1\sigma_2]$ e face σ_6 , dadas as filtrações

$$\begin{aligned}\mathcal{K}^0 &= \{\sigma_0, \sigma_1, \sigma_2\} \\ \mathcal{K}^1 &= \{\sigma_0, \sigma_1, \sigma_2, \sigma_3, \sigma_4, \sigma_5\} \\ \mathcal{K}^2 &= \{\sigma_0, \sigma_1, \sigma_2, \sigma_3, \sigma_4, \sigma_5, \sigma_6\}\end{aligned}$$

Note que $\mathcal{K}^0 \subset \mathcal{K}^1 \subset \mathcal{K}^2$.

Calculemos primeiro as 0-ésimas homologias:

Com relação à \mathcal{K}^0 temos o seguinte complexo de cadeias,

$$0 \longrightarrow C_0(\mathcal{K}^0) \xrightarrow{\partial_0^0} 0,$$

logo,

$$H_0(\mathcal{K}^0) = H_0^0 = \frac{Ker(\partial_0^0)}{Im(\partial_1^0)} = \langle \sigma_0, \sigma_1, \sigma_2 \rangle = \langle \sigma_0, \sigma_1 - \sigma_0, \sigma_2 - \sigma_0 \rangle,$$

Com relação à \mathcal{K}^1 temos o seguinte complexo de cadeias,

$$0 \longrightarrow C_1(\mathcal{K}^1) \xrightarrow{\partial_1^1} C_0(\mathcal{K}^1) \xrightarrow{\partial_0^1} 0,$$

$$\begin{aligned}\partial_1^1 : \langle \sigma_3, \sigma_4, \sigma_5 \rangle &\rightarrow \langle \sigma_0, \sigma_1, \sigma_2 \rangle \\ \partial_1(\sigma_3) &= \sigma_1 - \sigma_0 \\ \partial_1(\sigma_4) &= \sigma_2 - \sigma_0 \\ \partial_1(\sigma_5) &= \sigma_2 - \sigma_1\end{aligned}$$

Veja que $\sigma_2 - \sigma_1 = (\sigma_2 - \sigma_0) - (\sigma_1 - \sigma_0)$, então

$$\begin{aligned}H_0(\mathcal{K}^1) = H_0^1 &= \frac{Ker(\partial_0^1)}{Im(\partial_1^1)} = \frac{\langle \sigma_0, \sigma_1, \sigma_2 \rangle}{\langle \sigma_1 - \sigma_0, \sigma_2 - \sigma_0, \sigma_2 - \sigma_1 \rangle} \\ &= \frac{\langle \sigma_0, \sigma_1 - \sigma_0, \sigma_2 - \sigma_0 \rangle}{\langle \sigma_1 - \sigma_0, \sigma_2 - \sigma_0 \rangle} \\ &= \langle \sigma_0 \rangle \\ &\simeq \mathbb{Z}\end{aligned}$$

Os cálculos para a filtração \mathcal{K}^3 coincidem com à anterior:

$$H_0(\mathcal{K}^2) = H_0^2 = \frac{Ker(\partial_0^2)}{Im(\partial_1^2)} = \langle \sigma_0 \rangle \simeq \mathbb{Z}$$

A partir disso, temos que o módulo persistente de grau 0 é:

$$H_0^0 \xrightarrow{\eta_0^0} H_0^1 \xrightarrow{\eta_0^1} H_0^2 \implies \langle \sigma_0, \sigma_1 - \sigma_0, \sigma_2 - \sigma_0 \rangle \xrightarrow{\eta_0^0} \langle \sigma_0 \rangle \xrightarrow{\eta_0^1} \langle \sigma_0 \rangle,$$

Note que em H_0^0 surgem três geradores, mas dois morrem logo em seguida em H_0^1 , persistindo apenas um. De acordo com o teorema (3.12) temos

$$\mathcal{H}_0 = \langle x^0 \rangle \oplus \frac{\langle x^0 \rangle}{\langle x^1 \rangle} \oplus \frac{\langle x^0 \rangle}{\langle x^1 \rangle}.$$

Agora, calculemos as primeiras homologias:

$$H_1(\mathcal{K}^0) = H_1^0 = \frac{Ker(\partial_1^0)}{Im(\partial_2^0)} = \frac{\{0\}}{\{0\}} = 0$$

Com respeito à \mathcal{K}^1 :

$$\begin{aligned} Ker(\partial_1^1) &= \{x \in C_1(\mathcal{K}^1), \partial_1^1(x) = 0\} \\ &= \{\alpha\sigma_3 + \beta\sigma_4 + \gamma\sigma_5 \in C_1(\mathcal{K}^1), \partial_1^1(\alpha\sigma_3 + \beta\sigma_4 + \gamma\sigma_5) = 0\} \\ &= \{\alpha\sigma_3 + \beta\sigma_4 + \gamma\sigma_5 \in C_1(\mathcal{K}^1), \alpha(\sigma_1 - \sigma_0) + \beta(\sigma_2 - \sigma_0) + \gamma(\sigma_2 - \sigma_1) = 0\} \\ &= \{\alpha\sigma_3 + \beta\sigma_4 + \gamma\sigma_5 \in C_1(\mathcal{K}^1), \sigma_1(\alpha - \gamma) + \sigma_0(-\alpha - \beta) + \sigma_2(\beta + \gamma) = 0\} \\ &= \{\alpha\sigma_3 + \beta\sigma_4 + \gamma\sigma_5 \in C_1(\mathcal{K}^1), \alpha - \gamma = 0, -\alpha - \beta = 0, \beta + \gamma = 0\} \\ &= \{\alpha\sigma_3 + \beta\sigma_4 + \gamma\sigma_5 \in C_1(\mathcal{K}^1), \alpha = \gamma, \beta = -\gamma\} \\ &= \{\gamma\sigma_3 - \gamma\sigma_4 + \gamma\sigma_5 \in C_1(\mathcal{K}^1)\} \\ &= \langle \sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5 \rangle \end{aligned}$$

Logo,

$$H_1^1 = \frac{Ker(\partial_1^1)}{Im(\partial_2^1)} = \frac{\langle \sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5 \rangle}{\{0\}} = \langle \sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5 \rangle$$

Em relação à partição \mathcal{K}^2 temos o seguinte complexo de cadeias:

$$0 \longrightarrow C_2(\mathcal{K}^2) \xrightarrow{\partial_2^2} C_1(\mathcal{K}^2) \xrightarrow{\partial_1^2} C_0(\mathcal{K}^2) \xrightarrow{\partial_0^2} 0,$$

sendo $C_2(\mathcal{K}^2) = \langle \sigma_6 \rangle$ e $\partial_2^2(\sigma_6) = \sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5$. Além disso, temos que $Ker(\partial_1^1) = Ker(\partial_2^2) = \langle \sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5 \rangle$, logo,

$$H_1^2 = \frac{Ker(\partial_1^2)}{Im(\partial_2^2)} = \frac{\langle \sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5 \rangle}{\langle \sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5 \rangle} = 0$$

Dessa forma, o primeiro módulo persistente é:

$$H_1^0 \xrightarrow{\eta_1^0} H_1^1 \xrightarrow{\eta_1^1} H_1^2 \implies 0 \xrightarrow{\eta_0^0} \langle \sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5 \rangle \xrightarrow{\eta_0^1} 0,$$

Note que em H_1^1 surge um gerador, mas morre em H_1^2 . Desse modo,

$$\mathcal{H}_1 = \frac{\langle x^1 \rangle}{\langle x^2 \rangle}.$$

Já com respeito às homologias de grau 2 temos que

$$H_2^0 = \frac{Ker(\partial_2^0)}{Im(\partial_3^0)} = \frac{\{0\}}{\{0\}} = 0,$$

$$H_2^1 = \frac{Ker(\partial_2^1)}{Im(\partial_3^1)} = \frac{\{0\}}{\{0\}},$$

$$H_2^2 = \frac{Ker(\partial_2^2)}{Im(\partial_3^2)} = \frac{\{0\}}{\{0\}} = 0$$

sendo $Ker(\partial_2^2) = 0$ pois $\partial_2^2(\alpha\sigma_6) = \alpha(\sigma_3 - \sigma_4 + \sigma_5) = 0$ se, e somente se, $\alpha = 0$.

Portanto, o segundo módulo de homologia persistente é

$$H_2^0 \xrightarrow{\eta_2^0} H_2^1 \xrightarrow{\eta_2^1} H_2^2 \implies 0 \xrightarrow{\eta_2^0} 0 \xrightarrow{\eta_2^1} 0 .$$

Logo,

$$\mathcal{H}_2 = 0.$$

Resumidamente, obtemos:

- $\mathcal{H}_0 = \langle x^0 \rangle \oplus \frac{\langle x^0 \rangle}{\langle x^1 \rangle} \oplus \frac{\langle x^0 \rangle}{\langle x^1 \rangle};$
- $\mathcal{H}_1 = \frac{\langle x^1 \rangle}{\langle x^2 \rangle};$
- $\mathcal{H}_2 = 0.$

Agradecimentos: Agradeço à FAPESP pela ajuda financeira em minha pesquisa.

Abstract: In this article, we will do an initial study on persistent homology and its insertion in the topological data analysis (TDA) area - a relatively new area of research that covers many disciplines, including topology, statistics, machine learning and computational geometry.

Keywords: persistent homology; homology; topological data analysis

Referências Bibliográficas

- [1] Kairui G. Wang. *The basic theory of persistent homology*, Department of Mathematics, The University of Chicago, 2012.
- [2] Robert Ghrist. *Elementary applied topology*, 1st. ed. [S. l.]. Createspace, 2014.
- [3] Sze-tsen Hu. *Introduction to homological algebra*, Holden-Day, Inc., San Francisco, Calif.-London-Amsterdam, 1968.

BOLETIM DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA EM MATEMÁTICA · BICMAT

Orientação aos autores

Ao redigir o material a ser divulgado o autor deve observar que o alvo principal é o aluno de graduação, devendo a redação ser clara e objetiva incentivando-o à leitura.

O trabalho deve ser enviado à Comissão Editorial, via e-mail, na linguagem \LaTeX , usando a classe `bicmat`. Mais informações sobre a formatação do trabalho podem ser encontradas em www.rc.unesp.br/igce/matematica/bicmat, assim como o endereço para o envio do trabalho.

A responsabilidade de cada artigo é exclusiva do autor e respectivo orientador.