

Decomposizione a valori singolari ed applicazioni

Elena Guardo

Catania, 19 Maggio, 2016

Decomposizione ai valori singolari (SVD) di una matrice

- ▶ Un ruolo centrale in algebra lineare (teorica o numerica) è giocato dalle decomposizioni, o fattorizzazioni, delle matrici, che rappresentano uno strumento potente per l'analisi dei problemi e per la progettazione di algoritmi risolutivi.
- ▶ la Decomposizione ai valori singolari (SVD) di una matrice è uno strumento molto usato in algebra lineare numerica e generalizza il Teorema Spettrale dalle matrici simmetriche $n \times n$ alle matrici qualsiasi $m \times n$

Storia

- ▶ La nascita della SVD viene fatta risalire al 1873, ad opera di E. Beltrami, per matrici quadrate non singolari;
- ▶ l'estensione a matrici complesse è dovuta a L. Autonne [1] nel 1913,
- ▶ per le matrici rettangolari e la generalizzazione delle principali proprietà della decomposizione risalgono al 1936 – 39, ad opera di C. Eckart e G. Young([3, 4]).
Qui useremo soltanto matrici reali.

Applicazioni

Una delle applicazioni più note della SVD è quella della Principal Component Analysis o Analisi delle Componenti Principali, nota come PCA che si basa sulla approssimazione a basso rango ottenuta dalla SVD. In particolare, qui illustreremo

- ▶ Studio delle varietà filogenetiche (definite con gli strumenti della Geometria Algebrica e Geometria Combinatoria), ovvero ricostruzione della storia evolutiva di n specie viventi a partire da un allineamento di stringhe del loro DNA (ref Biondi, ed Ottaviani-Paoletti [2, 9]).
- ▶ Riconoscimento di volti mediante Eigenface (ref. [8], Montefusco) e compressioni di immagini.

Definizione

Data una matrice $A \in \mathbb{R}^{m \times n}$ e posto $p = \min(m, n)$, **una decomposizione ai valori singolari (SVD) di A** è una fattorizzazione della forma

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

dove $U = (u_1 \cdots u_m) \in \mathbb{R}^{m \times m}$ e $V = (v_1 \cdots v_n) \in \mathbb{R}^{n \times n}$ sono ortogonali e $\Sigma \in \mathbb{R}^{m \times n}$ è (pseudo)diagonale con elementi diagonali $\sigma_1 \geq \cdots \geq \sigma_p \geq 0$.

Definizione

Data una matrice $A \in \mathbb{R}^{m \times n}$ e posto $p = \min(m, n)$, **una decomposizione ai valori singolari (SVD) di A** è una fattorizzazione della forma

$$A = U \Sigma {}^t V,$$

dove $U = (u_1 \cdots u_m) \in \mathbb{R}^{m \times m}$ e $V = (v_1 \cdots v_n) \in \mathbb{R}^{n \times n}$ sono ortogonali e $\Sigma \in \mathbb{R}^{m \times n}$ è (pseudo)diagonale con elementi diagonali $\sigma_1 \geq \cdots \geq \sigma_p \geq 0$.

Se $m \neq n$, posto $\tilde{\Sigma} = \text{diag}(\sigma_1, \dots, \sigma_p)$, la matrice Σ ha la forma a blocchi $\begin{pmatrix} 0 \\ \tilde{\Sigma} \end{pmatrix}$ se $m > n$ e $\begin{pmatrix} 0 & \tilde{\Sigma} \end{pmatrix}$ se $m < n$. Gli elementi $\sigma_1, \dots, \sigma_p$ sono chiamati **valori singolari** di A , le colonne di U sono i **vettori singolari sinistri** e quelle di V sono i **vettori singolari destri**.

Esistenza della SVD

Supponiamo $m \geq n$; il caso opposto, $m \leq n$, può essere trattato come il primo operando con la matrice trasposta.

Theorem

Sia $A \in \mathbb{R}^{m \times n}$, con $m \geq n$. Allora esistono due matrici ortogonali $U \in \mathbb{R}^{m \times m}$ e $V \in \mathbb{R}^{n \times n}$ tali che

$${}^tUAV = \begin{pmatrix} 0 \\ \tilde{\Sigma} \end{pmatrix}$$

con $\tilde{\Sigma} = \text{diag}(\sigma_1, \dots, \sigma_p)$ e $\sigma_1 \geq \dots \geq \sigma_p \geq 0$.

Proof.

Vedere Teorema 2.2.1 in [7] Gasparo. □

Unicità

La matrice Σ è unicamente determinata, cioè i valori singolari di una matrice sono unicamente determinati, mentre le matrici U e V possono essere scelte in diversi modi e quindi la SVD di una matrice non è unica.

A causa dell'unicità dei valori singolari, e a dispetto della non unicità dei vettori singolari si è soliti parlare della SVD di una matrice, e non di una SVD.

Se $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$ è una matrice quadrata simmetrica allora i valori singolari coincidono con il valore assoluto (modulo nel caso complesso) degli autovalori.

Infatti, essendo A reale e simmetrica, i suoi autovalori λ_i per $i = 1, \dots, n$ sono reali e possiamo scrivere

$$Av_i = \lambda_i v_i \Leftrightarrow {}^t A Av_i = \lambda_i {}^t A v_i \Leftrightarrow ({}^t A A)v_i = \lambda_i^2 v_i$$

Cioè, i valori singolari di A sono proprio $\sqrt{\lambda_i^2} = |\lambda_i|$, per $i = 1, \dots, n$. Inoltre A è diagonalizzabile quindi ammette la scomposizione $A = QD {}^t Q$, con $D = (\lambda_1 \cdots \lambda_n)$

In altri termini i valori singolari sono i valori assoluti degli autovalori e i vettori singolari sono autovettori.

Se $A \in \mathbb{R}^{m \times n}$, $m \geq n$, non è simmetrica i valori singolari e i vettori singolari non hanno legami diretti con i suoi autovalori e autovettori, ma sono invece strettamente collegati a quelli delle due matrici simmetriche ${}^tAA \in \mathbb{R}^{n \times n}$ e $A {}^tA \in \mathbb{R}^{m \times m}$. Infatti da $A = U\Sigma {}^tV$ si deduce che

$${}^tAA = V\tilde{\Sigma}^2 {}^tV \text{ e } A {}^tA = U \begin{pmatrix} \tilde{\Sigma}^2 & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} {}^tU \quad (2)$$

e quindi entrambe le matrici ammettono $\sigma_1^2, \dots, \sigma_n^2$ fra i loro autovalori; inoltre $A {}^tA$ ha altri $m - n$ autovalori nulli.

Da (2) si deduce anche che le colonne di V sono autovettori di tAA e quelle di U lo sono per $A {}^tA$; in particolare, i vettori singolari "non essenziali" u_{n+1}, \dots, u_m sono autovettori corrispondenti all'autovalore nullo.

Interpretazione geometrica

La SVD ha un'interpretazione geometrica molto semplice e interessante.

- ▶ Indichiamo con e_i^n ed e_i^m , l' i -esimo vettore della base canonica di \mathbb{R}^n e \mathbb{R}^m rispettivamente, e osserviamo che $Av_i = U\Sigma^tVv_i = U\Sigma e_i^n = \sigma_i u_i$ (1) per ogni $i = 1, \dots, n$.
- ▶ Osserviamo anche che le colonne di U e quelle di V costituiscono una base ortonormale di \mathbb{R}^m e di \mathbb{R}^n rispettivamente. La relazione (1) ci dice allora che per ogni trasformazione lineare da \mathbb{R}^n in \mathbb{R}^m è possibile individuare delle basi ortonormali dei due spazi tali che l' i -esimo vettore della base di \mathbb{R}^n viene trasformato in un multiplo dell' i -esimo vettore della base di \mathbb{R}^m . Rispetto a queste basi, la trasformazione è identificata dalla matrice $\tilde{\Sigma}$.

Calcolo SVD

1. Calcolare $C = {}^tAA$;
2. Diagonalizzare C , ovvero calcolare la fattorizzazione $C = V\Lambda {}^tV$, con V ortogonale e $\Lambda = \text{diag}(\lambda_1, \dots, \lambda_n)$ con $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_n$;
3. Calcolare $\Sigma = \Lambda^{\frac{1}{2}}$;
4. Calcolare le colonne di U dalla relazione $AV = U\Sigma$, ovvero $u_i = \frac{Av_i}{\sigma_i}$ per $i = 1, \dots, r$ e poi u_{r+1}, \dots, u_m come completamento della base ortogonale di \mathbb{R}^m .

Questa strada, a cui Stewart in [10] dà il nome di algoritmo *cross-product*, ha grosse limitazioni dal punto di vista dell'accuratezza (la vicinanza del valore trovato a quello reale).

Esempio con $m < n$

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 0 \\ 2 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Calcoliamo ${}^tAA = \begin{pmatrix} 5 & 4 & 0 \\ 4 & 5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$

Essa ha autovalori $\lambda_1 = 9$, $\lambda_2 = 1$ e $\lambda_3 = 0$ con rispettivamente autovettori ortonormali $v_1 = 1/\sqrt{2} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$, $v_2 = 1/\sqrt{2} \begin{bmatrix} -1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$ e $v_3 = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$. Pertanto i valori singolari sono $\sigma_1 = 3$, $\sigma_2 = 1$ e $\sigma_3 = 0$. Allora per l'uguaglianza $u_i = \frac{1}{\sigma_i} Av_i$ si ha $u_1 = \frac{1}{\sqrt{2}} \begin{bmatrix} 1 & 1 \end{bmatrix}$ e $u_2 = \frac{1}{\sqrt{2}} \begin{bmatrix} 1 & -1 \end{bmatrix}$. Quindi

$$U = (u_1 \ u_2) = \frac{1}{\sqrt{2}} \begin{pmatrix} 1 & -1 \\ 1 & 1 \end{pmatrix} \quad \Sigma = \begin{pmatrix} 3 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

e

$$V = \frac{1}{\sqrt{2}} \begin{pmatrix} 1 & -1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & \sqrt{2} \end{pmatrix}$$

SVD e approssimazioni di rango basso

La SVD è

1. uno strumento teorico molto potente per lo studio delle trasformazioni lineari e in particolare dei sottospazi fondamentali associati a una matrice A .
2. una decomposizione *rank revealing*, nel senso che da essa si deduce quale è il rango di A .
3. **Teorema.** Sia $A \in \mathbb{R}^{m \times n}$ con $m \geq n$ e $A = U \Sigma^t V$ la sua SVD. Sia inoltre $r \leq n$ il numero di valori singolari positivi, ossia $\sigma_1 \geq \dots \geq \sigma_r > \sigma_{r+1} = \dots = \sigma_n = 0$. (2.8)
Allora: i) Posto $U_r = (u_1 \dots u_r)$, $V_r = (v_1 \dots v_r)$ e $\Sigma_r = \text{diag}(\sigma_1, \dots, \sigma_r)$, si ha $A = U_r \Sigma_r^t V_r = \sum_{i=1}^r \sigma_i u_i^t v_i$. (2.9)
ii) $N(A) = \text{span}\{v_{r+1}, \dots, v_n\}$ (spazio nullo o Nucleo).
iii) $R(A) = \text{span}\{u_1, \dots, u_r\}$ (spazio Colonne o Immagine o Range) e pertanto il rango di A è esattamente uguale a r .

Applicazione: Ricostruzione di alberi filogenetici

La statistica algebrica, disciplina che coniuga la statistica, il calcolo delle probabilità e la geometria algebrica, studia le varietà algebriche definite dai modelli statistici, associando a vincoli (come l'indipendenza e l'indipendenza condizionata) degli ideali.

Applicazione: Ricostruzione di alberi filogenetici

La statistica algebrica, disciplina che coniuga la statistica, il calcolo delle probabilità e la geometria algebrica, studia le varietà algebriche definite dai modelli statistici, associando a vincoli (come l'indipendenza e l'indipendenza condizionata) degli ideali.

Nella sua tesi di laurea specialistica, Biondi [2] traduce nel linguaggio della geometria algebrica delle proprietà delle distribuzioni di probabilità: trova nei prodotti tensoriali uno strumento per rappresentare le distribuzioni congiunte, grazie alla possibilità di trasformare l'indipendenza in una condizione sul rango di alcune particolari matrici dette *flattening*.

- ▶ trova un modo di associare ai concetti basilari del calcolo delle probabilità degli ideali di un anello di polinomi,

- ▶ trova un modo di associare ai concetti basilari del calcolo delle probabilità degli ideali di un anello di polinomi,
- ▶ descrive in termini geometrici lo spazio delle distribuzioni che soddisfano le condizioni poste da modelli statistici, con particolare riferimento ai modelli grafici

- ▶ trova un modo di associare ai concetti basilari del calcolo delle probabilità degli ideali di un anello di polinomi,
- ▶ descrive in termini geometrici lo spazio delle distribuzioni che soddisfano le condizioni poste da modelli statistici, con particolare riferimento ai modelli grafici
- ▶ Ottiene una corrispondenza fra modelli statistici e varietà algebriche, ritrovando in molti casi varietà già note, come le varietà di Segre e le varietà secanti.

Alcuni richiami di teoria di grafi

Obiettivo: ottenere una struttura grafica (albero filogenetico) in cui le specie siano tanto più vicine fra di loro quanto lo sono evolutivamente.

Alcuni richiami di teoria di grafi

Obiettivo: ottenere una struttura grafica (albero filogenetico) in cui le specie siano tanto più vicine fra di loro quanto lo sono evolutivamente.

- ▶ In teoria dei grafi un albero T è un grafo non orientato nel quale due vertici qualsiasi sono connessi da uno e un solo *cammino* o *arco*.

Alcuni richiami di teoria di grafi

Obiettivo: ottenere una struttura grafica (albero filogenetico) in cui le specie siano tanto più vicine fra di loro quanto lo sono evolutivamente.

- ▶ In teoria dei grafi un albero T è un grafo non orientato nel quale due vertici qualsiasi sono connessi da uno e un solo *cammino* o *arco*.
- ▶ Se un vertice v di T ha valenza 1 è detto *foglia*, altrimenti è un vertice *interno*.

Alcuni richiami di teoria di grafi

Obiettivo: ottenere una struttura grafica (albero filogenetico) in cui le specie siano tanto più vicine fra di loro quanto lo sono evolutivamente.

- ▶ In teoria dei grafi un albero T è un grafo non orientato nel quale due vertici qualsiasi sono connessi da uno e un solo *cammino* o *arco*.
- ▶ Se un vertice v di T ha valenza 1 è detto *foglia*, altrimenti è un vertice *interno*.
- ▶ Un albero con *radice* o *radicato* è una coppia $\langle T, r \rangle$ dove T è un albero e r un suo vertice prefissato che viene detto radice.

Alcuni richiami di teoria di grafi

Obiettivo: ottenere una struttura grafica (albero filogenetico) in cui le specie siano tanto più vicine fra di loro quanto lo sono evolutivamente.

- ▶ In teoria dei grafi un albero T è un grafo non orientato nel quale due vertici qualsiasi sono connessi da uno e un solo *cammino* o *arco*.
- ▶ Se un vertice v di T ha valenza 1 è detto *foglia*, altrimenti è un vertice *interno*.
- ▶ Un albero con *radice* o *radicato* è una coppia $\langle T, r \rangle$ dove T è un albero e r un suo vertice prefissato che viene detto radice.
- ▶ Dato un albero T , otteniamo un grafo orientato scegliendo una radice e orientando gli archi in direzione uscente da esso

Alcuni richiami di teoria di grafi

Obiettivo: ottenere una struttura grafica (albero filogenetico) in cui le specie siano tanto più vicine fra di loro quanto lo sono evolutivamente.

- ▶ In teoria dei grafi un albero T è un grafo non orientato nel quale due vertici qualsiasi sono connessi da uno e un solo *cammino* o *arco*.
- ▶ Se un vertice v di T ha valenza 1 è detto *foglia*, altrimenti è un vertice *interno*.
- ▶ Un albero con *radice* o *radicato* è una coppia $\langle T, r \rangle$ dove T è un albero e r un suo vertice prefissato che viene detto radice.
- ▶ Dato un albero T , otteniamo un grafo orientato scegliendo una radice e orientando gli archi in direzione uscente da esso
- ▶ Un albero *binario* (o biforcato) è un albero radicato ed ogni vertice interno ha valenza tre.

Definizione di albero filogenetico

Un *albero filogenetico* è un albero tale che esiste un etichettamento del suo insieme di foglie tramite un insieme X . Se ogni vertice interno all'albero ha valenza tre, allora l'albero è un *albero filogenetico binario*.

Definizione di albero filogenetico

Un *albero filogenetico* è un albero tale che esiste un etichettamento del suo insieme di foglie tramite un insieme X . Se ogni vertice interno all'albero ha valenza tre, allora l'albero è un *albero filogenetico binario*.

Per prima cosa sarà quindi necessario studiare i possibili modelli "candidati":

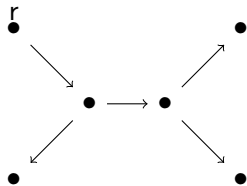
Definizione di albero filogenetico

Un *albero filogenetico* è un albero tale che esiste un etichettamento del suo insieme di foglie tramite un insieme X . Se ogni vertice interno all'albero ha valenza tre, allora l'albero è un *albero filogenetico binario*.

Per prima cosa sarà quindi necessario studiare i possibili modelli "candidati":

ogni albero binario definisce un insieme di relazioni di indipendenza e indipendenza condizionata fra le variabili aleatorie X_i associate ai suoi vertici v_i , quindi anche una varietà algebrica che chiameremo *Varietà Filogenetica*.

Esempio di albero filogenetico



Esempio di albero binario con 4 foglie

In [5, 6], Eriksson presenta un algoritmo alternativo per la ricostruzione filogenetica, ovvero ricostruzione della storia evolutiva di n specie viventi a partire da un allineamento di stringhe del loro DNA.

In [5, 6], Eriksson presenta un algoritmo alternativo per la ricostruzione filogenetica, ovvero ricostruzione della storia evolutiva di n specie viventi a partire da un allineamento di stringhe del loro DNA.

Descrive l'insieme che genera questa varietà: ad ogni arco dell'albero associa una matrice (detta di *transizione*) i cui elementi sono le probabilità di passaggio fra gli stati delle variabili associate ai suoi estremi.

In [5, 6], Eriksson presenta un algoritmo alternativo per la ricostruzione filogenetica, ovvero ricostruzione della storia evolutiva di n specie viventi a partire da un allineamento di stringhe del loro DNA.

Descrive l'insieme che genera questa varietà: ad ogni arco dell'albero associa una matrice (detta di *transizione*) i cui elementi sono le probabilità di passaggio fra gli stati delle variabili associate ai suoi estremi.

Al variare delle matrici di transizione e della probabilità sul vertice iniziale, otteniamo tutte le possibili distribuzioni definite dall'albero, secondo un modello chiamato *Modello generale di Markov*.

Il passaggio successivo sarà quello di trovare delle equazioni che caratterizzino la varietà filogenetica, dette *invarianti filogenetici*.

Il passaggio successivo sarà quello di trovare delle equazioni che caratterizzino la varietà filogenetica, dette *invarianti filogenetici*. Si costruisce un algoritmo semplificato per la ricostruzione degli *split* dell'albero, ovvero delle partizioni dell'insieme delle variabili ottenuti dalla cancellazione di un arco.

Il passaggio successivo sarà quello di trovare delle equazioni che caratterizzino la varietà filogenetica, dette *invarianti filogenetici*. Si costruisce un algoritmo semplificato per la ricostruzione degli *split* dell'albero, ovvero delle partizioni dell'insieme delle variabili ottenuti dalla cancellazione di un arco.

Obiettivo Stabilire quando certi flattening (ovvero certe matrici) hanno rango piccolo

Il passaggio successivo sarà quello di trovare delle equazioni che caratterizzino la varietà filogenetica, dette *invarianti filogenetici*. Si costruisce un algoritmo semplificato per la ricostruzione degli *split* dell'albero, ovvero delle partizioni dell'insieme delle variabili ottenuti dalla cancellazione di un arco.

Obiettivo Stabilire quando certi flattening (ovvero certe matrici) hanno rango piccolo

Strumenti Proprietà della fattorizzazione SVD.

Algoritmo: Costruzione degli alberi tramite SVD

Input: Un allineamento di dati genomici da n specie da un alfabeto Σ con q stati.

Output: Un albero binario con n foglie.

Passo 1: Calcolare le probabilità $p_{i_1 \dots i_n}$ e scriverle in un tensore P .

Passo 2: Per $k = n : -1 : 4$ effettuare le seguenti operazioni:

- ▶ Per ognuna delle $\binom{k}{2}$ coppie di specie (i, j) scrivere $\text{Flat}_{\{i,j\}, [n] \setminus \{i,j\}}(P)$ e trovarne la decomposizione SVD. -
- ▶ Scegliere la coppia rispetto alla quale il $\sqrt{\sum_{i \geq k+1} \sigma_i^2}$ sia minimo e unirla ad un unico vertice dell'albero.
- ▶ Considerare nei successivi passi queste due variabili come un'unica a valori in $[m_i] \times [m_j]$ con m_i e m_j stati rispettivamente di X_i e X_j (variabili aleatorie discrete associate ai vertici v_i e v_j)

Grazie a questo algoritmo possiamo ricavare un albero filogenetico senza dover necessariamente confrontare tutti i possibili alberi con n foglie

Applicazione: Compressione di immagini e Riconoscimento volti

Comprimere l'immagine significa ridurre il numero di informazioni necessarie per ottenere una buona ricostruzione dell'immagine stessa.

Applicazione: Compressione di immagini e Riconoscimento volti

Comprimere l'immagine significa ridurre il numero di informazioni necessarie per ottenere una buona ricostruzione dell'immagine stessa.

Per memorizzare un'immagine su un supporto digitale, la si deve scomporre in piccoli quadratini e associare ad ogni quadratino un certo numero di informazioni utili a ricostruire la parte di figura contenuta nel quadratino stesso.

Applicazione: Compressione di immagini e Riconoscimento volti

Comprimere l'immagine significa ridurre il numero di informazioni necessarie per ottenere una buona ricostruzione dell'immagine stessa.

Per memorizzare un'immagine su un supporto digitale, la si deve scomporre in piccoli quadratini e associare ad ogni quadratino un certo numero di informazioni utili a ricostruire la parte di figura contenuta nel quadratino stesso.

Queste informazioni sono valori numerici in genere ottenuti come media di informazioni relative a tutto il quadratino e sono memorizzate in un cosiddetto "pixel" (acronimo di "picture element").

- ▶ Per immagini **in bianco e nero** ogni pixel è un numero che rappresenta la sfumatura di grigio media del quadratino corrispondente, andando da 0 (nero) a 1 (bianco).

- ▶ Per immagini **in bianco e nero** ogni pixel è un numero che rappresenta la sfumatura di grigio media del quadratino corrispondente, andando da 0 (nero) a 1 (bianco).
- ▶ Per immagini a **colori**, tipicamente ad ogni pixel corrispondono tre numeri che indicano l'intensità (media) dei tre colori primari: rosso, verde e blu.

- ▶ Per immagini **in bianco e nero** ogni pixel è un numero che rappresenta la sfumatura di grigio media del quadratino corrispondente, andando da 0 (nero) a 1 (bianco).
- ▶ Per immagini a **colori**, tipicamente ad ogni pixel corrispondono tre numeri che indicano l'intensità (media) dei tre colori primari: rosso, verde e blu.
- ▶ Pertanto un'immagine in bianco e nero può essere memorizzata in una **matrice $m \times n$** , dove mn è il numero complessivo di quadratini;

- ▶ Per immagini **in bianco e nero** ogni pixel è un numero che rappresenta la sfumatura di grigio media del quadratino corrispondente, andando da 0 (nero) a 1 (bianco).
- ▶ Per immagini a **colori**, tipicamente ad ogni pixel corrispondono tre numeri che indicano l'intensità (media) dei tre colori primari: rosso, verde e blu.
- ▶ Pertanto un'immagine in bianco e nero può essere memorizzata in una **matrice $m \times n$** , dove mn è il numero complessivo di quadratini;
- ▶ per un'immagine a colori occorrono invece $3mn$ valori. Più grandi sono m e n , migliore è la qualità della ricostruzione dell'immagine nel momento della visualizzazione, ovvero la sua fedeltà all'immagine originale.

Consideriamo per semplicità immagini in bianco e nero. Se al posto della matrice $A \in \mathbb{R}^{m \times n}$ dei pixels si memorizza la sua migliore approssimazione A_k per un k fissato, l'occupazione di memoria passa da $m \times n$ locazioni a $(m + n) \times k$, corrispondenti ai k vettori u_1, \dots, u_k in \mathbb{R}^m e i k vettori $\sigma_1 v_1, \dots, \sigma_k v_k$ in \mathbb{R}^n : scegliendo opportunamente k si può avere un (notevole) risparmio di memoria.

Riconoscimento volti mediante Eigenface

Eigenface: algoritmo di riconoscimento di un volto. Si basa sulla decomposizione svd ridotta della matrice corrispondente all'immagine di un volto. La matrice viene convertita in un unico vettore che sarà confrontato con quelli ottenuti con procedimento analogo su un database di confronto, per scegliere tra questi quello di minima distanza, ovvero il volto più simile.

Algoritmo

```
I=rgb2gray(imread('Elena_Guardo.png'));  
% Mostra la foto originale  
subplot(2,2,1)  
imshow(I,gray(256))  
title('Originale')  
% Calcola la SVD  
I=double(I);  
[U,S,V] = svd(I);  
% SVD ridotta con k=2  
I2=U(:,1:2)*S(1:2,1:2)*(V(:,1:2))';  
subplot(2,2,2)  
imshow(I2,gray(256))  
title('k = 2')  
% k=10  
I10=U(:,1:10)*S(1:10,1:10)*(V(:,1:10))'; subplot(2,2,3)  
imshow(I10,gray(256))  
title('k = 10')  
% k=20  
I20=U(:,1:20)*S(1:20,1:20)*(V(:,1:20))'; subplot(2,2,4)  
imshow(I20,gray(256))  
title('k = 20')
```

Originale



$k = 2$







$k = 10$



$k = 20$



References I

-  [1] L. Autonne
Sur les matrices hypohermitiennes et les unitaires,
Comptes rendus de l'Academie Sciences, 156, 1913, pp
858–860.
-  [2] L. Biondi
Metodi di Geometria Algebrica per la ricostruzione statistica di
alberi filogenetici
Tesi di Laurea Specialistica, Università di Firenze, AA 2010-11
Relatori: Proff. G. Marchetti, G. Ottaviani
-  [3] C. Eckart, G. Young,
The approximation of one matrix by another of lower rank,
J. Psychometrika 1 (1936), 211–218.
-  [4] C. Eckart, G. Young,
A principal axis transformation for non-hermitian matrices,
Bull. Amer. Math. Soc. 45 (1939), 118–121.

References II



[5] N. Eriksson,

Tree construction using singular value decomposition,
in L. Pachter and B. Sturmfels (eds.), Algebraic Statistics for
Computational Biology , capitolo 19, pagg. 347-358.
Cambridge University Press, Cambridge, UK, 2005.



[6] N. Eriksson,

Using invariants for phylogenetic tree construction
in M. Putinar and S. Sullivant (eds.), Emerging Applications of
Algebraic Geometry, I.M.A. Volumes in Mathematics and its
Applications, Springer 2009






[7] M.G. Gasparo

Metodi numerici per il calcolo di autovalori e autovettori,
valori singolari e vettori singolari di matrici reali

<http://www2.de.unifi.it/anum/Papini/Laboratorio/autovalori-SVD.pdf>

References III

-  [8] L. Montefusco,
<http://www.dm.unibo.it/montelau/html/Esercitazione%20face%20recognition.pdf>
-  [9] G. Ottaviani, R. Paoletti
A Geometric Perspective on the Singular Value Decomposition
<http://arxiv.org/abs/1503.07054>
-  [10] G.W. Stewart
Matrix Algorithms Vol. II: Eigensystems, SIAM, 1998