

# **DECOMPOSIÇÃO QR**

## **Relatório da Aula Prática 5**

**Nome:** Felipe Marques Esteves Lamarca  
**Matrícula:** 211708306

# Sumário

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Método de Gram-Schmidt Clássico</b>	<b>1</b>
2.1	Desenvolvimento do algoritmo . . . . .	1
2.2	Aplicação em matrizes e teste de precisão . . . . .	1
<b>3</b>	<b>Método de Gram-Schmidt Modificado</b>	<b>3</b>
3.1	Desenvolvimento do Algoritmo . . . . .	3
3.2	Aplicação em matrizes e teste de precisão . . . . .	4
<b>4</b>	<b>Método de Householder</b>	<b>6</b>
4.1	Desenvolvimento do Algoritmo . . . . .	6
4.2	Aplicação em matrizes e teste de precisão . . . . .	6
4.2.1	Aplicação com as matrizes de teste anteriores . . . . .	6
4.2.2	Teste das funções com a matriz $\begin{bmatrix} 0,70000 & 0,70711 \\ 0,70001 & 0,70711 \end{bmatrix}$ . . . . .	8
4.2.3	Teste das funções com a matriz $\begin{bmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 4 & 5 & 6 \\ 7 & 8 & 7 \\ 4 & 2 & 3 \\ 4 & 2 & 2 \end{bmatrix}$ . . . . .	9
<b>5</b>	<b>Algoritmo QR para Autovalores</b>	<b>11</b>
5.1	Desenvolvimento do Algoritmo . . . . .	11
5.2	Aplicação em matrizes . . . . .	11

# 1 Introdução

Este relatório inicia com a implementação no Scilab de duas versões do Método de Gram-Schmidt para Decomposição QR. Além disso, apresentamos uma implementação do Método de Householder e outra que utiliza a implementação da Decomposição QR para o cálculo de autovalores.

## 2 Método de Gram-Schmidt Clássico

### 2.1 Desenvolvimento do algoritmo

A função que implementa o Método de Gram-Schmidt Clássico para encontrar a decomposição QR de uma determinada matriz com colunas linearmente independentes é a seguinte:

```
1 function [Q, R] = qr_GS(A)
2     [m, n] = size(A); // le as dimensoes de A
3     Q = zeros(m, n); // inicializa Q e R com zeros e as dimensoes
4     R = zeros(n, n);
5
6     for j = 1:n
7
8         v = A(:, j); // v = a_j
9
10        for i = 1:j-1
11            R(i, j) = Q(:, i)' * A(:, j); // r_ij = q_i^T * a_j
12            v = v - R(i, j) * Q(:, i); // v = v - v_ij * q_i
13        end
14
15        R(j, j) = norm(v, 2); // r_jj = norma 2 de v
16        Q(:, j) = v/R(j, j); // q_j = v/r_jj
17    end
18 endfunction
```

### 2.2 Aplicação em matrizes e teste de precisão

Nosso objetivo é utilizar essa implementação em uma série de testes com matrizes de ordens diferentes e verificar a precisão do método. Vejamos uma primeira matriz simples,  $2 \times 2$ :

$$\begin{bmatrix} 1 & 4 \\ 7 & 12 \end{bmatrix}$$

Não é uma matriz trivial e que normalmente saberíamos a decomposição de forma rápida. As matrizes Q e R resultantes do algoritmo implementado estão apresentadas abaixo e os valores das entradas condizem com os testes realizados na *internet*:

```
1 -->[Q, R] = qr_GS(A)
2
3 Q =
4     0.1414214    0.9899495
5     0.9899495   -0.1414214
```

```

6
7 R =
8 7.0710678 12.445079
9 0. 2.2627417

```

Podemos testar a precisão do método pelo cálculo de  $Q^T Q$ . Isso faz sentido na medida em que uma das propriedades fundamentais das matrizes ortogonais (ou, nesse caso, “ortonormais”) é a de que sua transposta coincide com a sua inversa. Mais precisamente, devemos ter que  $Q^T Q = I$ , ou pelo menos uma matriz cujas entradas abaixo e acima da diagonal se aproximam muito de zero. Vejamos se isso ocorre nesse caso:

```

1 -->Q' * Q
2
3 ans =
4 1. -1.110D-16
5 -1.110D-16 1.

```

Trata-se de um resultado bastante razoável. Vejamos se o mesmo ocorre para a seguinte matriz:

$$\begin{bmatrix} 7 & 8 \\ 5 & 9 \\ 3 & 10 \\ 11 & 12 \end{bmatrix}$$

Mais uma vez, o resultado foi testado previamente *online* e obtemos o mesmo *output* com o algoritmo implementado:

```

1 -->[Q, R] = qr_GS(A)
2
3 Q =
4 0.490098 -0.14498
5 0.35007 0.3614094
6 0.210042 0.8677989
7 0.770154 -0.3086894
8
9 R =
10 14.282857 18.413683 0. 0.
11 0. 7.0665603 0. 0.

```

Testemos mais uma vez se o resultado é razoável calculando  $Q^T Q$ :

```

1 -->Q' * Q
2
3 ans =
4 1. 2.776D-17
5 2.776D-17 1.

```

Façamos um último teste, dessa vez utilizando uma matriz um pouco maior, dessa vez  $5 \times 5$ :

$$\begin{bmatrix} 3 & 2 & 11 & 1 & 15 \\ 13 & 15 & 6 & 10 & 5 \\ 15 & 6 & 1 & 5 & 9 \\ 6 & 4 & 7 & 8 & 5 \\ 5 & 14 & 15 & 2 & 7 \end{bmatrix}$$

```

1 -->[Q, R] = qr_GS(A)
2
3 Q =
4 0.1392715 -0.0389762 0.7997826 -0.1242654 0.5692015
5 0.6035098 0.3356759 -0.3984768 0.3278384 0.5067896
6 0.6963575 -0.5135584 -0.0435445 -0.4380099 -0.23999
7 0.278543 -0.0779524 0.388781 0.7459307 -0.4569179
8 0.2321192 0.7848463 0.2202664 -0.3589078 -0.3909026
9
10 R =
11 21.540659 17.873176 11.280992 12.34874 14.391389
12 0. 12.551875 12.298788 1.6960648 1.5758739
13 0. 0. 12.388666 0.1480729 13.098224
14 0. 0. 0. 6.2136993 -2.9495784
15 0. 0. 0. 0. 3.8911528

```

O resultado foi testado *online* e, de fato, os resultados correspondem à decomposição correta. O último passo antes de passarmos para a próxima seção é conferir se  $Q^T Q$  retorna uma matriz próxima da identidade:

```

1 -->Q' * Q
2
3 ans =
4 1. 3.886D-16 -2.914D-16 8.327D-17 1.721D-15
5 3.886D-16 1. -5.551D-17 -7.216D-16 -1.776D-15
6 -2.914D-16 -5.551D-17 1. 5.829D-16 1.846D-15
7 8.327D-17 -7.216D-16 5.829D-16 1. -1.749D-15
8 1.721D-15 -1.776D-15 1.846D-15 -1.749D-15 1.

```

De fato, um resultado razoável mais uma vez. Sigamos para uma adaptação do Método de Gram-Schmidt.

## 3 Método de Gram-Schmidt Modificado

### 3.1 Desenvolvimento do Algoritmo

Esta função é bastante semelhante à anterior, a menos do fato de que a matriz R é calculada de forma um pouco diferente. Nesse caso, calculamos  $r_{ij} = q_i^T v$  ao invés de  $r_{ij} = q_i^T a_j$ :

```

1 function [Q, R] = qr_GSM(A)
2 [m, n] = size(A) // le as dimensoes de A
3 Q = zeros(m, n); // inicializa Q e R com zeros e as dimensoes
  de A
4 R = zeros(n, n);
5
6 for j = 1:n
7     v = A(:, j); // v = a_j
8
9     for i = 1:j-1
10        R(i, j) = Q(:, i)' * v; // r_ij = q_i^T * v
11        v = v - R(i, j) * Q(:, i); // v = v - v_ij * q_i
12    end
13
14    R(j, j) = norm(v, 2); // r_jj = norma 2 de v

```

```

15     Q(:, j) = v/R(j, j); // q_j = v/r_jj
16     end
17 endfunction

```

### 3.2 Aplicação em matrizes e teste de precisão

Vamos testar se a implementação se comporta de forma correta e, mais do que isso, vamos verificar qual é mais eficiente (ou mais precisa) do ponto de vista dos cálculos. Na prática, será melhor aquele que aproximar o máximo possível de 0 as entradas fora da diagonal. Vejamos para a primeira matriz que utilizamos na seção anterior, isto é:

$$\begin{bmatrix} 1 & 4 \\ 7 & 12 \end{bmatrix}$$

```

1 -->[Q, R] = qr_GSM(A)
2
3 Q =
4     0.1414214    0.9899495
5     0.9899495   -0.1414214
6
7 R =
8     7.0710678    12.445079
9     0.          2.2627417

```

Ainda que tenhamos atingido o mesmo *output*, considere que desejamos verificar o quão próxima da identidade está a matriz identidade. Para isso, devemos simplesmente calcular a norma entre  $Q^T Q$  e  $I$ , verificando se há alguma diferença entre a norma calculada para o Q resultante do Método Clássico e para o Q resultante do Método Modificado. No caso dessa matriz, temos o seguinte:

```

1 -->norm(Q' * Q - eye()) // Metodo Classico
2 ans =
3     2.220D-16
4
5 -->norm(Q' * Q - eye()) // Metodo Modificado
6 ans =
7     2.220D-16

```

Nesse caso, não obtivemos qualquer indicação de que um método é mais preciso do que o outro. Vamos testar para a segunda matriz que utilizamos anteriormente, mais especificamente:

$$\begin{bmatrix} 7 & 8 \\ 5 & 9 \\ 3 & 10 \\ 11 & 12 \end{bmatrix}$$

Também nesse caso, os *outputs* são exatamente os mesmos:

```

1 -->[Q, R] = qr_GSM(A)
2
3 Q =
4     0.490098    -0.14498

```

```

5      0.35007      0.3614094
6      0.210042     0.8677989
7      0.770154     -0.3086894
8
9      R =
10     14.282857     18.413683     0.      0.
11     0.           7.0665603     0.      0.

```

Para a precisão, também não há qualquer diferença no cálculo da norma.

```

1 --> norm(Q' * Q - eye()) // Metodo Classico
2 ans =
3      1.176D-16
4
5 --> norm(Q' * Q - eye()) // Metodo Modificado
6 ans =
7      1.176D-16

```

Vejam se isso também ocorre na matriz  $5 \times 5$  que elegemos anteriormente:

$$\begin{bmatrix} 3 & 2 & 11 & 1 & 15 \\ 13 & 15 & 6 & 10 & 5 \\ 15 & 6 & 1 & 5 & 9 \\ 6 & 4 & 7 & 8 & 5 \\ 5 & 14 & 15 & 2 & 7 \end{bmatrix}$$

```

1 --> [Q, R] = qr_GSM(A)
2 Q =
3      0.1392715     -0.0389762     0.7997826     -0.1242654     0.5692015
4      0.6035098     0.3356759     -0.3984768     0.3278384     0.5067896
5      0.6963575     -0.5135584     -0.0435445     -0.4380099     -0.23999
6      0.278543      -0.0779524     0.388781      0.7459307     -0.4569179
7      0.2321192     0.7848463     0.2202664     -0.3589078     -0.3909026
8
9      R =
10     21.540659     17.873176     11.280992     12.34874     14.391389
11     0.           12.551875     12.298788     1.6960648     1.5758739
12     0.           0.           12.388666     0.1480729     13.098224
13     0.           0.           0.           6.2136993     -2.9495784
14     0.           0.           0.           0.           3.8911528

```

Quanto à precisão, testemos:

```

1 --> norm(Q' * Q - eye()) // Metodo Classico
2 ans =
3      4.184D-15
4
5 --> norm(Q' * Q - eye()) // Metodo Modificado
6 ans =
7      2.196D-15

```

Nesse caso houve uma diferença considerável: a distância entre a matriz  $Q^T Q$  calculada utilizando o Q do Método Modificado é quase duas vezes mais próxima da matriz identidade que a matriz  $Q^T Q$  calculada utilizando o Q do Método Clássico.

## 4 Método de Householder

### 4.1 Desenvolvimento do Algoritmo

Considere as seguintes funções, documentadas, que executam o algoritmo de Householder para encontrar uma matriz  $U$ , primeiro, e construir a matriz  $Q$  em seguida:

```
1 function [U, R] = qr_House(A)
2     [m, n] = size(A) // le as dimensoes de A
3     k = min(m-1, n) // obtem o numero k de vetores necessarios
4     U = zeros(m, k) // inicializa U com zeros
5
6     for j = 1:k
7         x = A(j:m, j);
8
9         if x(1) > 0
10             x(1) = x(1) + norm(x, 2) // calcula x - Hx
11         else
12             x(1) = x(1) - norm(x, 2)
13         end
14
15         u = x / norm(x, 2) // u = (x-Hx) / norma 2 de (x - Hx)
16         U(j:m, j) = u // guarda o vetor u em U
17         A(j:m, j:n) = A(j:m, j:n) - 2 * u * (u' * A(j:m, j:n))
18     end
19
20     R = triu(A);
21 endfunction
22
23
24 function [Q] = constroi_Q_House(U)
25     [m, k] = size(U) // le as dimensoes de U
26     Q = eye(m, m) // inicializa Q como uma identidade mxm
27
28     for j = 1:k
29         u = U(j:m, j)
30         Q = Q - 2 * (Q * u) * u'
31     end
32 endfunction
```

### 4.2 Aplicação em matrizes e teste de precisão

#### 4.2.1 Aplicação com as matrizes de teste anteriores

Façamos o teste para a primeira matriz definida neste relatório:

```
1 -->A = [1 4; 7 12]
2 A =
3     1.    4.
4     7.   12.
5
6 -->[U, R] = qr_House(A)
7 U =
8     0.755454
9     0.6552017
10
```



```

11 R =
12 -7.0710678 -12.445079
13 0. -2.2627417
14
15 -->[Q] = constroi_Q_House(U)
16 Q =
17 -0.1414214 -0.9899495
18 -0.9899495 0.1414214

```

Calculemos a norma:

```

1 -->norm(Q' * Q - eye())
2 ans =
3 2.220D-16

```

Para este caso, não houve qualquer diferença no valor da norma. Passemos para o teste da segunda função:

```

1 -->A = [7 8; 5 9; 3 10; 11 12]
2 A =
3
4 7. 8.
5 5. 9.
6 3. 10.
7 11. 12.
8
9 -->[U, R] = qr_House(A)
10 U =
11
12 0.8631622 0.
13 0.2027834 0.8353052
14 0.1216701 0.5316829
15 0.4461236 -0.139923
16 R =
17
18 -14.282857 -18.413683
19 0. -7.0665603
20 0. 0.
21 0. 0.
22
23 -->[Q] = constroi_Q_House(U)
24 Q =
25
26 -0.490098 0.14498 0.1050639 -0.8530805
27 -0.35007 -0.3614094 -0.8635523 0.0333419
28 -0.210042 -0.8677989 0.4494363 0.0285404
29 -0.770154 0.3086894 0.2030914 0.5199302

```

Calculada a norma, notamos que o resultado foi desvantajoso em relação às versões do método de Gram-Schmidt:

```

1 -->norm(Q' * Q - eye())
2 ans =
3 3.028D-16

```

Vejamos a terceira matriz:

```

1 -->[U, R] = qr_House(A)
2 U =

```

```

3      0.7547422      0.      0.      0.
4      0.3998119      0.8235056      0.      0.
5      0.4613215     -0.2973477     -0.9563612      0.
6      0.1845286     -0.0415437      0.0793451      0.9428486
7      0.1537738      0.4813492      0.2812074     -0.3332215
8
9      R =
10     -21.540659     -17.873176     -11.280992     -12.34874     -14.391389
11      0.      -12.551875     -12.298788     -1.6960648     -1.5758739
12      0.      0.      12.388666      0.1480729      13.098224
13      0.      0.      0.      -6.2136993      2.9495784
14      0.      0.      0.      0.      -3.8911528
15
16     -->[Q] = constroi_Q_House(U)
17     Q =
18     -0.1392715      0.0389762      0.7997826      0.1242654     -0.5692015
19     -0.6035098     -0.3356759     -0.3984768     -0.3278384     -0.5067896
20     -0.6963575      0.5135584     -0.0435445      0.4380099      0.23999
21     -0.278543      0.0779524      0.388781      -0.7459307      0.4569179
22     -0.2321192     -0.7848463      0.2202664      0.3589078      0.3909026

```

Para a norma:

```

1     -->norm(Q' * Q - eye())
2     ans =
3     1.289D-15

```

Obtivemos um resultado excelente. Se a norma obtida pelo calculo da norma entre  $Q^T Q$  e a identidade, para  $Q$  do Método de Gram-Schmidt Modificado, já era baixa, agora ela é ainda menor — isto é, estamos ainda mais próximos da matriz Identidade.

#### 4.2.2 Teste das funções com a matriz $\begin{bmatrix} 0,70000 & 0,70711 \\ 0,70001 & 0,70711 \end{bmatrix}$

Testemos os métodos para a matriz enunciada acima:

```

1     -->[Q, R] = qr_GS(A)
2     Q =
3
4     0.7071017      0.7071118
5     0.7071118     -0.7071017
6     R =
7
8     0.9899566      1.0000046
9     0.      0.0000071
10
11     -->Q'*Q
12     ans =
13
14     1.      2.301D-11
15     2.301D-11      1.

```

```

1     -->[Q, R] = qr_GSM(A)
2     Q =
3
4     0.7071017      0.7071118
5     0.7071118     -0.7071017

```

```

6  R =
7
8      0.9899566    1.0000046
9      0.          0.0000071
10
11 -->Q'*Q
12 ans =
13
14      1.          2.301D-11
15      2.301D-11    1.

1 -->[U, R] = qr_House(A)
2  U =
3
4      0.9238782
5      0.3826867
6  R =
7
8      -0.9899566   -1.0000046
9      0.          -0.0000071
10
11 -->[Q] = constroi_Q_House(U)
12 Q =
13
14      -0.7071017   -0.7071118
15      -0.7071118    0.7071017
16
17 -->Q'*Q
18 ans =
19
20      1.    0.
21      0.    1.

```

Os resultados são extremamente interessantes, em especial para o caso do Método de Householder. Se as duas versões do Método de Gram-Schmidt são efetivas em encontrar uma matriz cujos valores são próximos daqueles esperados para uma matriz identidade, o Método de Householder é extremamente preciso e retorna **exatamente** a identidade.

**4.2.3 Teste das funções com a matriz**

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 4 & 5 & 6 \\ 7 & 8 & 7 \\ 4 & 2 & 3 \\ 4 & 2 & 2 \end{bmatrix}$$

```

1 -->[Q, R] = qr_GS(A)
2  Q =
3
4      0.1010153    0.3161731    0.5419969
5      0.404061     0.3533699    0.5161875
6      0.7071068     0.3905667   -0.5247906
7      0.404061    -0.5579525    0.3871406
8      0.404061    -0.5579525   -0.1204438
9
10 R =

```

```

10      9.8994949    9.4954339    9.6974644
11      0.          3.2919196    3.0129434
12      0.          0.          1.9701157

1  -->[Q, R] = qr_GSM(A)
2  Q  =
3      0.1010153    0.3161731    0.5419969
4      0.404061    0.3533699    0.5161875
5      0.7071068    0.3905667   -0.5247906
6      0.404061   -0.5579525    0.3871406
7      0.404061   -0.5579525   -0.1204438
8
9  R  =
10     9.8994949    9.4954339    9.6974644
11     0.          3.2919196    3.0129434
12     0.          0.          1.9701157

1  -->[U, R] = qr_House(A)
2  U  =
3      0.741962    0.          0.
4      0.2722923    0.7865551    0.
5      0.4765114    0.1191972   -0.9800408
6      0.2722923   -0.4284409    0.1842055
7      0.2722923   -0.4284409   -0.0747553
8
9  R  =
10    -9.8994949   -9.4954339   -9.6974644
11     0.          -3.2919196   -3.0129434
12     0.          0.          1.9701157
13     0.          0.          0.
14     0.          0.          0.
15
16 -->[Q] = constroi_Q_House(U)
17 Q  =
18    -0.1010153   -0.3161731    0.5419969   -0.6842085   -0.3576711
19    -0.404061   -0.3533699    0.5161875    0.3280084    0.5812274
20    -0.7071068   -0.3905667   -0.5247906    0.0093972   -0.2682612
21    -0.404061    0.5579525    0.3871406    0.3655973   -0.4918175
22    -0.404061    0.5579525   -0.1204438   -0.5389987    0.4694651

1  -->[Q, R] = qr(A)
2  Q  =
3    -0.1010153   -0.3161731    0.5419969   -0.6842085   -0.3576711
4    -0.404061   -0.3533699    0.5161875    0.3280084    0.5812274
5    -0.7071068   -0.3905667   -0.5247906    0.0093972   -0.2682612
6    -0.404061    0.5579525    0.3871406    0.3655973   -0.4918175
7    -0.404061    0.5579525   -0.1204438   -0.5389987    0.4694651
8
9  R  =
10   -9.8994949   -9.4954339   -9.6974644
11    0.          -3.2919196   -3.0129434
12    0.          0.          1.9701157
13    0.          0.          0.
14    0.          0.          0.

```

As versões do Método de Gram-Schmidt obtiveram exatamente o mesmo resultado, e o mesmo vale para os métodos de Householder e a função `qr()` do Scilab. Vamos

calcular as normas com relação à identidade para verificar como cada um dos modelos se comporta:

```
1 -->norm(Q' * Q - eye()) // GS Classico
2 ans =
3 8.057D-15
4
5 -->norm(Q' * Q - eye()) // GS Modificado
6 ans =
7 1.859D-15
8
9 -->norm(Q' * Q - eye()) // Householder
10 ans =
11 1.064D-15
12
13 -->norm(Q' * Q - eye()) // qr do Scilab
14 ans =
15 3.639D-16
```

Veja que a implementação de decomposição QR do próprio Scilab não é a mais precisa — na verdade, fica em terceiro lugar no ranking entre todos os métodos utilizados. O método “vencedor” é o de Householder, com a menor distância entre a matriz  $Q^T Q$  da identidade, seguida do Método de Gram-Schmidt modificado. Notamos, desse modo, que os desempenhos das funções implementadas são muito positivos.

## 5 Algoritmo QR para Autovalores

### 5.1 Desenvolvimento do Algoritmo

Utilizaremos a seguinte implementação para calcular os autovalores a partir da decomposição QR:

```
1 function[S] = espectro(A, tol)
2 [Q, R] = qr_GS(A) // decompoe A
3
4 current = 0
5
6 while current < tol // itera ate alcancar a tolerancia definida
7     d1 = diag(A)
8     A = Q' * A * Q
9     d2 = diag(A)
10    [Q, R] = qr_GS(A)
11    current = norm(d1 - d2, %inf)
12 end
13
14 S = diag(A)
15 endfunction
```

### 5.2 Aplicação em matrizes

Os testes serão realizados com algumas matrizes utilizadas em outro relatório, mais especificamente na Aula Prática 3. Na ocasião, geramos algumas matrizes aleatoria-

mente garantindo a simetria. Como já conhecemos os autovalores dessas matrizes, será simples determinar se nosso método está funcionando corretamente.

Vejamos a primeira matriz:

$$\begin{bmatrix} 149 & 91 & 31 \\ 91 & 89 & 10 \\ 32 & 10 & 17 \end{bmatrix}$$

Obtemos o seguinte resultado:

```
1 -->[S] = espectro(A, 10^(-5)) // funcao implementada
2 S =
3     218.64813
4     30.032559
5     6.3193109
6
7 -->spec(A) // funcao do Scilab
8 ans =
9     219.68933 + 0.i
10    29.278105 + 0.i
11    6.0325675 + 0.i
```

Os resultados são razoavelmente parecidos — ainda há, no entanto, uma diferença perceptível entre os valores calculados pela função *built-in* do Scilab e a minha implementação.

Vejamos esta outra matriz:

$$\begin{bmatrix} 144 & 66 & 48 \\ 66 & 59 & 65 \\ 48 & 65 & 89 \end{bmatrix}$$

```
1 -->[S] = espectro(A, 10^(-5)) // funcao implementada
2 S =
3     210.90539
4     78.509979
5     2.584633
6
7 -->spec(A) // funcao do Scilab
8 ans =
9     2.4003425
10    67.442678
11    222.15698
```

Dessa vez os erros são ainda mais claros. Para um dos autovalores, nosso modelo apresenta uma diferença de praticamente 12 unidades em relação a um dos autovalores e, em outro caso, de mais de 11 unidades. Vamos testar se os resultados são mais razoáveis com uma matriz e valores menores:

$$\begin{bmatrix} 2 & 7 \\ 7 & 9 \end{bmatrix}$$

```
1 -->[S] = espectro(A, 10^(-5))
2 S =
3     12.169811
4     -1.1698113
```

```
5  
6 -->spec(A)  
7 ans =  
8 -2.3262379  
9 13.326238
```

Essa mudança também não surtiu efeitos muito positivos. A diferença, no entanto, é menor entre os autovalores calculados. Na prática, o que verificamos é que o método implementado é funcional para calcular autovalores, mas não apresentou uma precisão tão alta, pelo menos nos exemplos aleatórios que foram apresentados neste relatório.