

#### Knapsack:

Variáveis: número de peças, peso das peças, capacidade da mochila

#### Representações:

Binária: representar em um vetor se as peças estão na mochila (1), ou não (0), o cenário seria então este vetor com zeros e uns. Um segundo vetor com os pesos das peças e a variável de tamanho da mochila.

#### Traveling salesman:

Variáveis: Matriz de adjacência representando as distancias entre cidades

Domínio: cada elemento na matriz que representa as distancias entre as cidades por exemplo se tivermos 15 cidades teremos uma matriz de 15x15 com as distancias entre cada uma.

#### N-rainhas:

Variável: uma matriz 8x8, onde cada célula representa uma posição no tabuleiro.

Domínio: cada elemento tem um valor de 0 ou 1, representando a presença ou ausência de rainhas  
deve então verificar se existem rainhas na mesma coluna/linha e diagonal.

#### Labirinto:

Variável: uma matriz que representa uma posição no labirinto

Domínio: Cada célula da matriz pode conter: 0 -> nada, 1 -> um obstáculo ou parede, 2 -> um item que pode ser coletado pelo robô, 3 -> o robô  
um cenário então que representa um labirinto 8x8 teria uma matriz 8x8 onde as células poderiam ter os valores acima

#### Otimização matemática:

variável: Um vetor onde cada elemento representa o valor de uma das 5 variáveis da função.

Domínio: Cada elemento no vetor pode assumir qualquer valor real dentro do domínio das variáveis da função.

#### Treinamento da rede neural:

variável: Uma matriz de pesos que representa a conexão entre as diferentes camadas da rede neural.

Domínio: Cada elemento na matriz de pesos pode assumir qualquer valor real dentro do domínio permitido para os pesos da rede neural.

Exemplo: Se estivermos lidando com uma rede neural com 3 inputs, 5 neurônios na hidden layer e 2 outputs, teríamos uma matriz de pesos com dimensões 3x5 para os pesos entre a camada de entrada e a hidden layer, e uma matriz de pesos com dimensões 5x2 para os pesos entre a hidden layer e a camada de output.

#### Predição off-lattice:

variável: Um vetor que representa os ângulos de torção entre os aminoácidos na proteína.

Domínio: Cada elemento no vetor pode assumir valores dentro de um intervalo permitido para os ângulos de torção.

Se tivermos um polipeptídeo com 10 aminoácidos, teríamos um vetor de 9 ângulos de torção que definem as ligações entre os aminoácidos.