

Ana Cláudia Martins Ciconelle



Aluna de Graduação do Curso de Ciências Moleculares da USP (CCM-USP). Atualmente faz Iniciação Científica em Mapeamento Genético no Instituto de Matemática e Estatística da USP (IME) com parceria com o Laboratório de Genética do Instituto do Coração - InCor/FMUSP. Orientadora: Júlia Maria Pavan Soler(IME-USP) e Alexandre Pereira(InCor-FMUSP).

Exercícios

[Exercício 1](#)

[Exercício 4](#)

[Exercício 5](#)

[Exercício 6](#)

[Exercício 7](#)

[Exercício 8](#)

Minha Proposta

Plano A

Algoritmos genéticos são algoritmos de otimização baseados em conceitos genéticos.

A função será composta por 3 operações:

Seleção: Um operador que seleciona os cromossomos para reprodução. Assim, quanto maior é o fitness do cromossomo, mais vezes ele será selecionado para reprodução.

Crossover: Operador que escolhe aleatoriamente um locus e muda a subsequencia antes e depois do locus entre dois cromossomos para criar dois outros cromossomos.

Mutação: O operador muda aleatoriamente uma das unidades do cromossomo.

O objetivo desse plano será implementar um algoritmo genético com seleção proporcional ao fitness, assim, dada uma população (que pode ser gerada aleatoriamente), frequência de crossover (pCross) e frequência de mutação (pMut), obterá uma saída com uma “solução ótima”.

Plano B

O estado de uma população com 3 estratégias, A, B e C, pode ser representada por um simplex. A

dinâmica pode então ser representada pelas trajetórias no simplex. Assim, tentaria escrever uma função que recebe como entrada a matriz de payoff 3×3 e as frequências iniciais de A, B e C e plotar as dinâmicas no gráfico simplex.

Comentários

Ana, os dois planos são muito interessantes se você implementar os métodos “na mão”. Se a sua função só chamar um pacote que faz o trabalho pesado, não vale 😊

Independente do plano que vc escolher, explique um pouco melhor o contexto matemático do que a sua função faz! — [Andre Chalom](#) 2013/03/18 19:36

Trabalho Final

Plano A - Concluído

[Página de Ajuda / Help](#)

[Código](#)

Arquivos:

[Arquivos!](#)

Próximos Passos

Utilizar a função em meu projeto de mapeamento genético, o qual, em poucas palavras, busca encontrar um subconjunto ótimo de SNPs no genoma que possa representar certas condições cardíacas.

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - ecoR

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2013:alunos:trabalho_final:ana.ciconelle:start 

Last update: 2020/08/12 06:04