```
{-# LANGUAGE UndecidableInstances, FlexibleInstances #-}
module Parcial2.Labyrinth where
  import Control.Exception
  import Control.Arrow (first, second, (&&&))
  import Control.Monad (replicateM)
  import Control.Monad.Fix
  import Data.IORef
  import Data.Tuple (swap)
  import Data.List (elemIndex, sort, nub, minimumBy, maximumBy)
  import Data.Maybe (isJust, fromJust, fromMaybe, maybeToList)
  import Data.Bits (xor)
  import Data.Either (isLeft, isRight, Either (..))
  import Data.Function (on)
  import Data.Ratio
  import Data.Set (Set, member, elemAt)
  import qualified Data.Set as Set
  import Data.Map (Map)
  import qualified Data.Map as Map
  import GHC.Exts (Down (..), sortWith)
  import Parcial2.ReadLabyrinth
  import GeneticAlgorithm
  import System.Random
```

1. Introducción

El mapa (laberinto), descrito en la tarea, se define como un grafo: nodos — un conjunto de puntos (con posiciones correspondientes); aristas — la existencia de rutas directas.

```
data Labyrinth point = Labyrinth { nodes :: Set point
                                 , edges  :: Set (point, point)
                                 , initial :: point
                                 , target :: point
                                 }
  deriving (Show, Eq)
edgeOf p l = any (`member` edges l) [p, swap p]
mapPoints f (Labyrinth ns es i t) = Labyrinth {
  nodes = Set.map f ns,
  edges = Set.map (first f ∘ second f) es,
  initial = f i,
  target = f t
  }
isPOI p l = p ≡ initial l ∨ p ≡ target l
```

```
labyrinthPOIs l = map ($l) [initial, target]
```

Se define la *distancia directa* entre los nodos que están conectados por una arista.

```
data DirectDistance point dist = DirectDistance {
  labyrinthDist :: Labyrinth point → point → point → Maybe dist
  }
mkDirectDistance f = DirectDistance $ λl v1 v2 →
  if (v1, v2) `edgeOf` l then Just (f v1 v2) else Nothing
```

El algoritmo genético abstracto está definido en src/GeneticAlgorithm.hs. Su implementación se presentará a continuación.

2. Implementación I

Misceláneo.

2.1. Lectura de mapas

Se utiliza un mapa 2D:

```
newtype Point2D = Point2D (Int, Int) deriving (Eq, Ord)
instance Show Point2D where
  show (Point2D (x, y)) = show x ++ "-" ++ show y


type Labyrinth2D = Labyrinth Point2D
```

La lectura del archivo del mapa se encuentra en src/Parcial2/ReadLabyrinth.hs. Aquí se presenta la construcción del grafo a partir del mapa leído.

```
readLabyrinth2D :: FilePath → IO (Either [String] Labyrinth2D)
readLabyrinth2D file = build <$> try (readFile file)
  where
    build (Left err) = Left [displayException (err :: SomeException)]
    build (Right s) = case parseLabyrinth s of
                        Left errS → Left errS
                        Right l → Right (build' l)
    build' (LabyrinthDescription n conn (i, t) coords) =
      let get = Point2D ∘ (coords!!)
      in Labyrinth (Set.fromList $ map Point2D coords)
                   (Set.fromList $ map (first get ∘ second get) conn)
                   (get i)
                   (get t)
```

3. Implementación II

Se definan las operaciones *atómicas* – sobre genes y cromosomas, y los conceptos relacionados.

3.1. Adaptación

El valor de *aptitud de adaptación* se llamará *ruta* y se define para permitir distinguir fácilmente los dos tipos de rutas (encodificadas en los cromosomas) posibles:

- **Ruta completa**: es una ruta valida (∃ una conexión entre cada par de genes adjuntos) que contiene en punto inicial y el punto meta.

  Se caracteriza por la *longitud de la ruta*.

  El resultado, esperado del algoritmo genético es la más corta de estas rutas.

- **Ruta parcial**: es una ruta que 1) contiene pares de genes adjuntos, los cuales no están conectados, o 2) no contiene ambos puntos: inicio y meta.

  Se caracteriza por tres valores:

  1. $validez = \frac{\text{número de aristas existentes}}{\text{número de aristas total}}$;
     aristas existentes — aristas que existen entre los pares de genes adjuntos;
  2. los *puntos de interés* que contiene la ruta;
  3. el número de genes;
  4. la longitud sumatoria de las sub-rutas en el cromosoma.

```
data POI = POIInit | POITarget deriving (Eq, Ord, Enum, Show)
data POIs = POINone | POISome POI | POIBoth deriving (Eq, Show)
instance Ord POIs where
  x `compare` y = poisIntVal x `compare` poisIntVal y
poisIntVal POINone = 0
poisIntVal (POISome _) = 1
poisIntVal POIBoth = 2
data RouteFitness =
  CompleteRoute {routeLength :: Double}
  | PartialRoute {partialValidess :: Double
                 , partialPOI    :: POIs
                 , partialPaths  :: Int
                 , partialLength :: Double
                 }
  deriving (Eq, Show)
```

Para la busqueda de la ruta mas corta, se define el orden sobre las rutas de tal manera, que una lista de *rutas*, ordenada ascendentemente, tendrá los mejores elementos en el principio.

1. Cualquiera *ruta completa* es menor que cualquier *ruta parcial*.

$$\forall x \in \textit{ruta completa}, y \in \textit{ruta parcial} \implies x < y$$

2. Dos *rutas completas* se comparan por su longitud sin cambios en el orden.

$$\begin{array}{l} \forall x \in \textit{ruta completa}, x \sim r_1 \\ \forall y \in \textit{ruta completa}, y \sim r_2 \end{array} \implies \begin{cases} x < y & \text{si } r_1 < r_2 \\ x > y & \text{si } r_1 > r_2 \\ x = y & \text{en otro caso} \end{cases}$$

3. Dos *rutas parciales* se comparan por los valores, producidos desde sus 4 componentes. $\langle v, i, p, l \rangle \Rightarrow p \times v \times (\texttt{int}\ \ i + 1) - l$

```
instance Ord RouteFitness where
  compare (CompleteRoute x) (CompleteRoute y) = compare x y
  compare (PartialRoute v1 i1 p1 l1) (PartialRoute v2 i2 p2 l2) =
    compare (fromIntegral p1 * v1 * (poisIntVal i2 + 1) - l1)
      (fromIntegral p2 * v2 * (poisIntVal i2 + 1) - l2)
  compare (CompleteRoute _) PartialRoute { }     = LT
  compare PartialRoute { }     (CompleteRoute _) = GT
```

Función de utilidad: separación de las sub-rutas que se encuentran dentro de un cromosoma. Separa los puntos de interes como sub-rutas.

```
splitRoutes :: Labyrinth2D → Chromosome GA → [[Gene GA]]
splitRoutes l = reverse ∘ map reverse ∘ splitRoutes' [] [] l

splitRoutes' accSplit [] _ [] = accSplit
splitRoutes' accSplit accRoute _ [] = accRoute : accSplit
splitRoutes' accSplit accRoute l (h : t) =
  case accRoute of
    _ | h `isPOI` l           → splitRoutes' (addR accRoute accSplit) [h] l t
    prev: _ | prev `isPOI` l → splitRoutes' (addR accRoute accSplit) [h] l t
    prev: _ | (prev, h) `edgeOf` l → splitRoutes' accSplit (h : accRoute) l t
    _                         → splitRoutes' (addR accRoute accSplit) [h] l t
  where addR [] s = s
        addR r s = r : s
```

La función misma se definirá en subsección 3.6.

3.2. Cromosomas aleatorios

Un gen aleatorio se selecciona entre todos los nodos del mapa, y se re-genera en caso de que este gen ya hubiera sido generado previamente.

```
randPoint l = first (`elemAt` nodes l)
              ∘ randomR (0, length (nodes l) − 1)
randUnique l prev = fix $
  λf g →
            let (r, g′) = randPoint l g
            in if r ∈ prev then f g′ else (r, g′)
```

Se empieza con la generación del primer punto

```
randChain :: GA → StdGen → Int → [Point2D] → [Point2D]
randChain ga g′ len prev = nextRand ga [first′] g″
  where (first′, g″) = randUnique (gaLabyri ga) prev g′
```

Los demás genes se seleccionan desde los vecinos (los nodos directamente conectados) del gen previo.

Durante la generación de cadenas se consideran las cadenas, generadas previamente, para no permitir repeticiones de genes.

Si se encontró una repetición, se intenta 1) buscar otro vecino, que no se repita; 2) cambiar la dirección de generación; 3) buscar a otro vecino, con la nueva dirección. En caso que todas las opciones fallen, la cadena se queda de tamaño incompleto.

```
oneOf xs = first (xs!!) ∘ randomR (0, length xs − 1)
nextRand ga = nextRand′ ga False 0
nextRand′ ga rev c chain@(h : t) g =
  let neighbours = gaCache ga `neighboursOf` h
    (r, g′) = oneOf neighbours (g :: StdGen)
    moreTries = c < 5 ∗ length neighbours
  in if r ∈ prev ∨ r ∈ chain
    then    -- connected to some other chain
      if moreTries then nextRand′ ga rev (c + 1) chain g′   -- 1 / 3
        else if rev then chain   -- incomplete
          else nextRand′ ga True (c + 1) chain g′   -- 2
    else if length chain + 1 ≡ len
      then r : chain   -- return
      else nextRand′ ga rev c (r : chain) g′   -- next
```

La generación de cromosoma completa se presentará en subsección 3.6.

Para mejorar las poblaciones iniciales, las cromosomas se componen de *cadenas* – secuencias de genes, que son sub-rutas validas de tamaños diferentes.

En la figura 1 se presenta el ejemplo de un mapa y en la figura 2 se presenta un ejemplo de cromosomas generados.

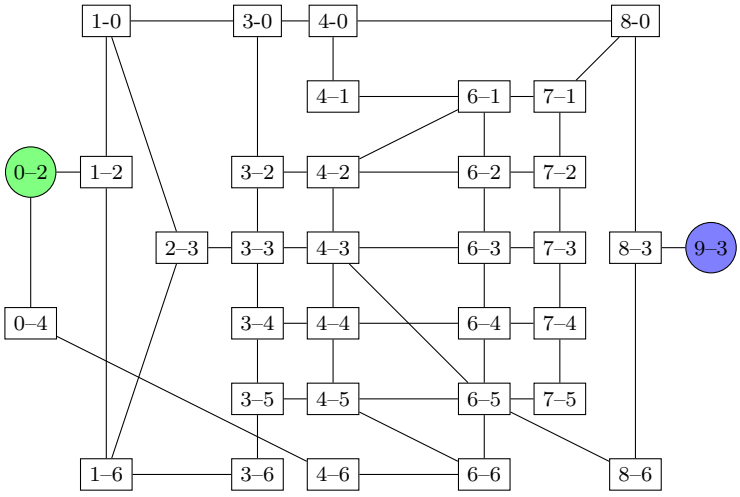


Figura 1: Ejemplo de mapa, inicio: 0–2, meta: 9–3.

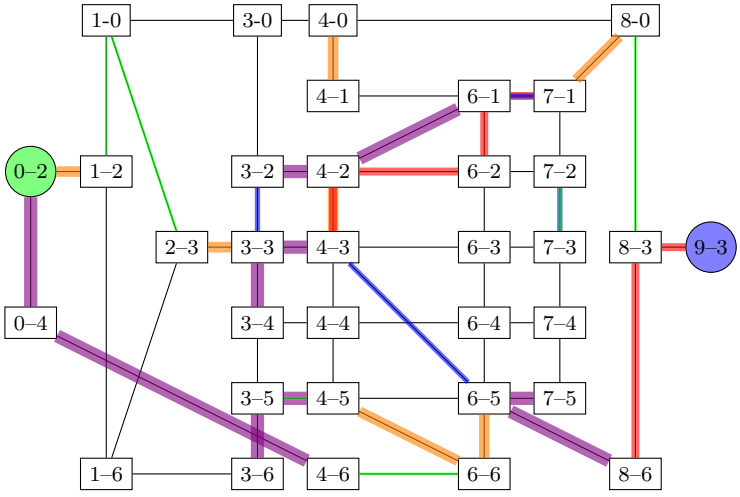


Figura 2: Se presentan algunos cromosomas en el mapa. Los cromosomas ● ● ● están compuestas de pares de genes, conectados por aristas; mientras que los cromosomas ● ● están compuestos de cadenas de genes, conectados por aristas, de longitud 3. *(Son de diferente grosor para que se ven mejor las conexiones que existen en varios cromosomas)*

3.3. Sub-Rutas

Se definen los contenedores de sub-rutas. Se guardan solamente los genes extremos de la ruta y se proveen funciones de búsqueda de sub-ruta en el cromosoma. Se implementa así porque los cromosomas cambian durante operaciones genéticas, afectando las sub-rutas.

El orden sobre las sub-rutas se define en contexto de dos cromosomas: donador y receptor. Se comparan lexográficamente los siguientes valores:

1. Número de puntos de interés que tiene el donador pero no el receptor.
2. Diferencia entre las longitudes de donador y receptor.

```
newtype SubRoute = SubRoute (Point2D, Point2D)
    deriving Show
instance Eq SubRoute where
  (SubRoute p1) ≡ (SubRoute p2) = p1 ≡ p2 ∨ swap p1 ≡ p2
type Reversed = Bool
type SubRoutePoints = ([Point2D], Reversed)
subseq from to = take (to − from + 1) ∘ drop from
findSubRoute :: SubRoute → [Point2D] → Maybe SubRoutePoints
findSubRoute (SubRoute (x, y)) route =
    case (elemIndex x &&& elemIndex y) route of
        (Just xi, Just yi) → let rev  = xi > yi
                                 ids′ = (xi, yi)
                                 ids  = if rev then swap ids′
                                               else ids′
                             in Just (uncurry subseq ids route, rev)
        _                  → Nothing
  -- Sub-routes, found in 2 points sequences.
data SubRoutes = SubRoutes Labyrinth2D
                           SubRoute
                           (Either SubRoutePoints SubRoutePoints)
                           (Either SubRoutePoints SubRoutePoints)
    deriving Show
instance Eq SubRoutes where
  (SubRoutes _ _ (Left _) _) ≡ (SubRoutes _ _ (Right _) _) = False
  l@(SubRoutes l1 sr1 _ _)  ≡ r@(SubRoutes l2 sr2 _ _)   =
          l1 ≡ l2
        ∧ sr1 ≡ sr2
        ∧ same subRouteDonor
        ∧ same subRouteReceiver
    where same f = ((≡) `on` (fst ∘ f)) l r
subRouteDonor (SubRoutes _ _ donor _) = case donor of Left x  → x
                                                      Right x → x
```

```
subRouteReceiver (SubRoutes _ _ _ recei) = case recei of   Left x   → x
                                                           Right x → x
subRoutesBoth = subRouteDonor &&& subRouteReceiver
subRoutesLabyrinth (SubRoutes l _ _ _) = l
subRoutesPts (SubRoutes _ pts _ _) = pts
lPairs (f : s : t) = (f, s) : lPairs (s : t)
lPairs _           = [ ]
subRoutesIn :: Labyrinth2D → SubRoute
               → [Point2D] → [Point2D] → [SubRoutes]
subRoutesIn l subRoute pts1 pts2 = do
    route1 ← maybeToList $ findSubRoute subRoute pts1
    route2 ← maybeToList $ findSubRoute subRoute pts2
    let valid = all (`edgeOf` l) ∘ lPairs ∘ fst
        sRoutes = SubRoutes l subRoute
        r1 = Left route1
        r2 = Right route2
        sRoutesLeft = sRoutes r1 r2
        sRoutesRight = sRoutes r2 r1
    case (valid route1, valid route2) of
        (True, True)       → [sRoutesLeft, sRoutesRight]
        (True, _)          → return sRoutesLeft
        (_, True)          → return sRoutesRight
        _                  → [ ]
subRoutesValue sr@(SubRoutes l _ _ _) = (pois, len)
  where donor    = fst $ subRouteDonor sr
        receiver = fst $ subRouteReceiver sr
        countPois = length ∘ filter (`isPOI` l)
        pois = countPois donor − countPois receiver
        len = length receiver − length donor
instance Ord SubRoutes where compare = compare `on` subRoutesValue
```

3.4. Recombinación de cromosomas

Aquí solamente se define la recombinación de dos cromosomas, su selección será descrita en la subsección 4.1.

3.4.1. Remplazamiento

Se remplazan los "hoyos" de la siguiente manera:

1. Se seleccionan los genes $\{c\}$, miembros de ambos cromosomas.

2. Para ambos cromosomas se encuentran *sub-rutas intercambiables*:

$$\begin{array}{l} \forall\ x \in \{c\} \\ \quad y \in \{c\} \quad \Longrightarrow \\ \quad \begin{cases} \text{secuencia } \{r_i\}_{i=1}^{N_r} & \text{si } \begin{array}{l} \forall\ r_{j-1}, r_j \in \{r_i\}_{i=1}^{N_r} \\ \exists \text{ arista entre } r_{j-1} \text{ y } r_j \end{array} \\ \{\} & \text{en otro caso} \end{cases} \end{array}$$

   Se guarda también la dirección de las sub-rutas para ambos cromosomas.

3. Se aplica el remplazamiento para todas las rutas intercambiables ordenadas (fue descrito en la subsección 3.3). Se remplazan las sub-rutas no existentes por las existentes; y se remplazan las existentes por otras mas cortas.

   El remplazamiento se aplica solamente si 1) los genes en cuestión no fueron eliminados con los remplazamientos previos; 2) remplazamiento no creará genes duplicados; 3) no disminuye el número de puntos de interés.

4. Se devuelve el par de cromosomas remplazados.

3.4.2. Extensión de extremos

Se extienden los extremos del receptor con los del donador:

1. Se encuentran los extremos mas cortos del donador: entre todos los puntos c se seleccionan los de menor y mayor índices en el cromosoma donador. Si las sub-rutas entre los puntos extremos y los índices correspondientes son *validas* – se guardan.

2. Se encuentran los extremos, correspondientes a los puntos, seleccionados en el punto previo. Se guardan si son *invalidas*.

3. Se remplazan los extremos correspondientes del receptor por los del donador (si fueron guardados ambos).

Se definen algunas funciones de utilidad; la definición de ''crossover" se encuentra en la subsección 3.6.

```
replaceList :: (Eq a) ⇒ [a] → [a] → [a] → Maybe [a]
replaceList what with l =
  let ids = ((head what`elemIndex`) &&&
             (last what`elemIndex`)) l
  in case ids of
    (Just il, Just ir) →
      let (left, _)   = splitAt il l
```

```
        (_, right) = splitAt (ir + 1) l
    in Just $ left ++ with ++ right
  _ → Nothing


replaceSafe :: Labyrinth2D → [Point2D] → [Point2D] → [Point2D]
            → Maybe [Point2D]
replaceSafe lab what with l =
  let candidate = replaceList what with l
      poisTarget = length $ filter (`isPOI` lab) what
      poisSrc = length $ filter (`isPOI` lab) with
  in do c ← candidate
        if poisSrc < poisTarget ∨ c ≢ nub c
        then Nothing else Just c


type ReplaceDebug = [(SubRoutes, Maybe [Point2D])]
tryReplace :: [Point2D]
           → (Either SubRoutePoints SubRoutePoints → Bool)
           → (Either SubRoutePoints SubRoutePoints → SubRoutePoints)
           → [SubRoutes]
           → ReplaceDebug
           → ([Point2D], ReplaceDebug)
tryReplace chrom _ _ [] debugAcc = (chrom, debugAcc)
tryReplace chrom thisSide getThatSide (sr : srs) debugAcc =
  tryReplace res thisSide getThatSide srs acc′
  where acc′ = if mbRes ≡ Just chrom then debugAcc
               else (debug, mbRes) : debugAcc
        (mbRes, debug) = fromMaybe (Just chrom, sr) res′
        res = fromMaybe chrom mbRes
        res′ = case sr of
          SubRoutes l pts src′ target′ | thisSide target′ →
            do target ← findSubRoute pts chrom
               let src = getThatSide src′
                   rev = snd src `xor` snd target
                   debug = SubRoutes l pts
                     (fmap (const src) src′)
                     (fmap (const target) target′)
               return (replaceSafe l (fst target)
                                     (fst src)
                                     chrom
                       , debug)
          _ → Nothing


samePoints x y = let set1 = Set.fromList x
                     set2 = Set.fromList y
```

```
                in Set.toList $ Set.intersection set1 set2
type ExtendDebug' = (Maybe [Point2D], Maybe [Point2D])
type ExtendDebug = (ExtendDebug', ExtendDebug')
tryExtend :: Labyrinth2D → [Point2D] → [Point2D]
          → ([Point2D], ExtendDebug')
tryExtend l donor receiver = (res, deb)
  where cmp x = compare `on` (`elemIndex` x)
        valid = all (`edgeOf` l) ∘ lPairs
        inCase x c = if c x then Just x else Nothing

        cs = samePoints donor receiver

        left  = minimumBy (cmp donor) cs
        right = maximumBy (cmp donor) cs

        Just diLeft  = left `elemIndex` donor
        Just diRight = right `elemIndex` donor

        drLeft  = subseq 0 diLeft donor
        drRight = subseq diRight (length donor − 1) donor

        mbdRLeft  = drLeft `inCase` valid
        mbdRRight = drRight `inCase` valid

        Just riLeft  = left `elemIndex` receiver
        Just riRight = right `elemIndex` receiver

        rrLeft  = subseq 0 riLeft receiver
        rrRight = subseq riRight (length receiver − 1) receiver

        mbrRLeft  = rrLeft `inCase` (¬ ∘ valid)
        mbrRRight = rrRight `inCase` (¬ ∘ valid)

        extend (Just src) (Just target) chrom =
          replaceSafe l target src chrom
        extend _ _ _ = Nothing

        extLeft  = extend mbdRLeft mbrRLeft receiver
        extRight = extend mbdRLeft mbrRLeft
                   $ fromMaybe receiver extLeft

        debug = (extLeft, extRight)
        result = (receiver `fromMaybe` extLeft)
                 `fromMaybe` extRight

        res = if null cs then receiver else result
        deb = if null cs then (Nothing, Nothing) else debug
```

3.5. Mutación de cromosomas

La mutación de cromosomas consiste de varias operaciones, que se dividen en las que cambian un gen o una sub-ruta.

```
type MutateSubRoute = [Point2D] → IO [Point2D]
type MutateGene     = [Point2D] → Point2D → IO Point2D
```

Figura 3: Recombinación de cromosomas, marcados • y • en la figura 2.

0–2 + 0–4 + 4–6 - 3–6 + 3–5 + 4–5 - 3–4 + 3–3 + 4–3 - 3–2 + 4–2 + 6–1 - 7–5 + 6–5 + 8–6

0–2 + 1–2 - 2–3 + 3–3 - 4-0 + 4–1 - 4–2 + 4–3 - 4–5 + 6–6 + 6–5 - 7–1 + 8-0

(a) Los remplazamientos.

0–2 + 0–4 + 4–6 - 3–6 + 3–5 + 4–5 - 3–4 + 3–3 + 4–3 - 3–2 + 4–2 + 6–1 - 7–5 + 6–5 + 8–6

0–2 + 1–2 - 2–3 + 3–3 - 4-0 + 4–1 - 4–2 + 4–3 - 4–5 + 6–6 + 6–5 - 7–1 + 8-0

(b) Remplazamiento • → • #1.

0–2 + 0–4 + 4–6 - 3–6 + 3–5 + 4–5 - 3–4 + 3–3 + 4–3 - 3–2 + 4–2 + 6–1 - 7–5 + 6–5 + 8–6

0–2 + 1–2 - 2–3 + 3–3 - 4-0 + 4–1 - 4–2 + 4–3 - 4–5 + 6–6 + 6–5 - 7–1 + 8-0

(c) Remplazamiento • → •.

0–2 + 0–4 + 4–6 - 3–6 + 3–5 + 4–5 - 3–4 + 3–3 + 4–3 - 3–2 + 4–2 + 6–1 - 7–5 + 6–5 + 8–6

0–2 + 1–2 - 2–3 + 3–3 - 4-0 + 4–1 - 4–2 + 4–3 - 4–5 + 6–6 + 6–5 - 7–1 + 8-0

(d) Remplazamiento • → • #2.

Donado:	4–5 + 6–6 + 6–5
Remplazado:	4–5 - 3–4 + 3–3 + 4–3 - 3–2 + 4–2 + 6–1 - 7–5 + 6–5
Hijo:	0–2 + 0–4 + 4–6 - 3–6 + 3–5 + 4–5 + 6–6 + 6–5 + 8–6

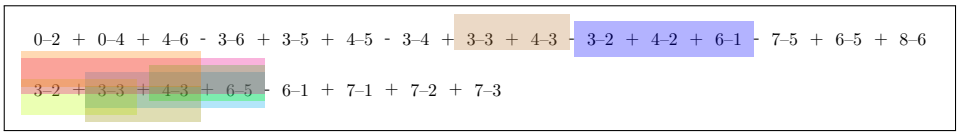
(a) Resultados de recombinación de sub-rutas en cromosoma • desde •.

Donado:	3–3 + 4–3
Remplazado:	3–3 - 4-0 + 4–1 - 4–2 + 4–3
Hijo:	0–2 + 1–2 - 2–3 + 3–3 + 4–3 - 4–5 + 6–6 + 6–5 - 7–1 + 8-0

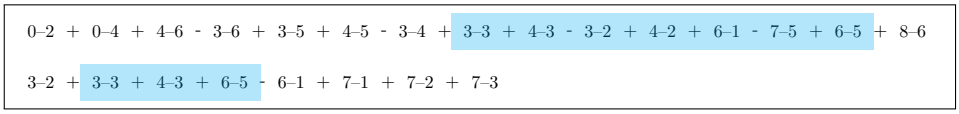
(b) Resultados de recombinación de sub-rutas en cromosoma • desde •.

Figura 4

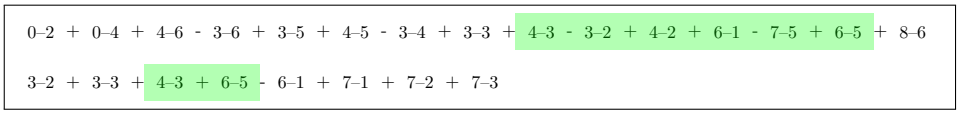
Figura 5: Recombinación de cromosomas, marcados • y • en la figura 2.



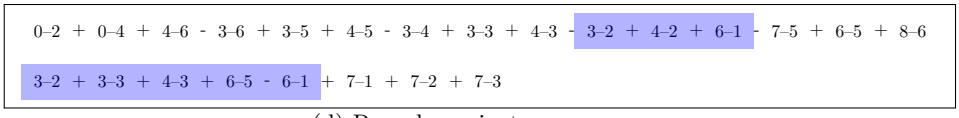
(a) Los remplazamientos.



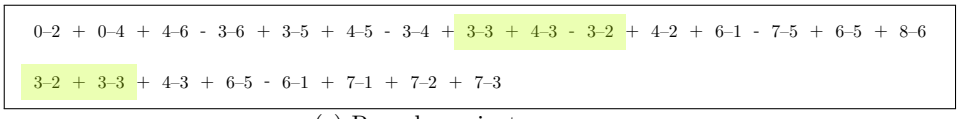
(b) Remplazamiento • → •.



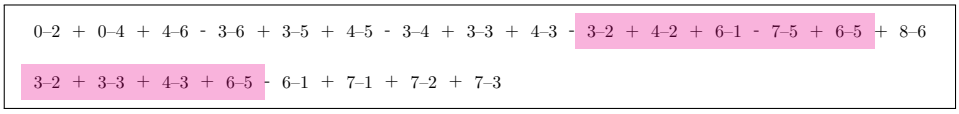
(c) Remplazamiento • → •.



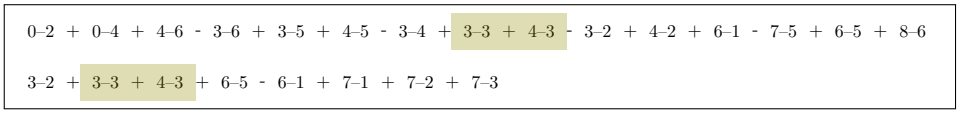
(d) Remplazamiento • → •.



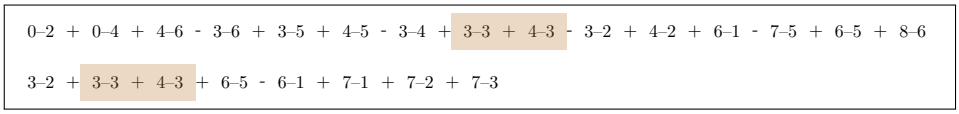
(e) Remplazamiento • → •.



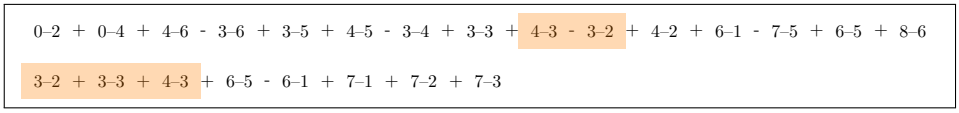
(f) Remplazamiento • → •.



(g) Remplazamiento • → •.



(h) Remplazamiento • → •.



(i) Remplazamiento • → •.

Donado:	3–3 + 4–3 + 6–5
Remplazado:	3–3 + 4–3 - 3–2 + 4–2 + 6–1 - 7–5 + 6–5
Hijo:	0–2 + 0–4 + 4–6 - 3–6 + 3–5 + 4–5 - 3–4 + 3–3 + 4–3 + 6–5 + 8–6

(a) Resultados de recombinación de sub-rutas en cromosoma • desde •.

Donado:	3–2 + 4–2 + 6–1
Remplazado:	3–2 + 3–3 + 4–3 + 6–5 - 6–1
Hijo:	3–2 + 4–2 + 6–1 + 7–1 + 7–2 + 7–3

(b) Resultados de recombinación de sub-rutas en cromosoma • desde •.

Figura 6

```
  -- Choose randomly an element from a list.
randChoice = fmap fst ∘ randChoice'
randChoice' xs = do ind ← randomRIO (0, length xs − 1)
  return $ (xs!!) &&& id $ ind

randChoiceSafe [] = return Nothing
randChoiceSafe xs = Just <$> randChoice xs

randRange xs = do
  (_, i1) ← randChoice' xs
  (_, i2) ← randChoice' xs
  return $ if i2 > i1 then (i1, i2) else (i2, i1)
```

Se definen las siguientes *operaciones sobre sub-rutas*: desactivadas

- Cambia una sub-ruta valida por otra aleatoria (valida), con misma longitud.

```
mutSubRouteSame :: GA → MutateSubRoute
mutSubRouteSame ga ch = do
  print "mutSubRouteSame"
  let srs = splitRoutes (gaLabyri ga) ch
  (sr, sri) ← randChoice' srs
  gen ← getStdGen
  let len = length sr
    rChain = randChain ga gen len []
  return ∘ concat $ subseq 0 (sri − 1) srs
```

```
                ++ rChain
                : subseq (sri + 1) len srs
```

- Cambia una sub-ruta, aleatoriamente seleccionada, por otra(s) aleatoria(s).

```
mutSubRouteAny :: GA → MutateSubRoute
mutSubRouteAny ga ch = do
  print "mutSubRouteAny"
  let maxGen = gaMutateMaxChainsGen $ gaParams ga
  let maxLen = gaMutateMaxChainLen $ gaParams ga
  n ← randomRIO (1, maxGen)
  cut ← flip (uncurry subseq) ch <$> randRange ch
  paste ← sequence $ do _ ← [1 .. n]
                        return $ do len ← randomRIO (1, maxLen)
                                    gen ← getStdGen
                                    return $ randChain ga gen len []
  return ∘ fromJust $ replaceList cut (concat paste) ch
```

Se definen las siguientes *operaciones sobre genes* con la probabilidad de aplicación:

$P = 0.01$ — Cambia un gen a un de los puntos de interés (inicio/meta), si todavía no existe en el cromosoma.

```
mutGenePOI = (0.01, mutGenePOI')
mutGenePOI' :: GA → MutateGene
mutGenePOI' ga ch gene = fromMaybe gene
                       <$> randChoiceSafe notFound
  where l = gaLabyri ga
        notFound = filter (¬ ∘ (∈ ch)) $ labyrinthPOIs l
```

$P = 0.005$ — Cambia un gen a un aleatorio.

```
mutGeneAny = (0.005, mutGeneAny')
mutGeneAny' :: GA → MutateGene
mutGeneAny' ga chrom gene = do
  gen ← getStdGen
  let (gene', _) = randUnique (gaLabyri ga) chrom gen
  return gene'
```

La aplicación de las mutaciones se encuentra en subsección 3.6.

3.6. Algoritmo genético

```
data GAParams = GAParams { gaChromGenMaxChainLen :: Int
                         , gaChromGenMaxChains   :: Int
                         , gaMutateMaxChainsGen  :: Int
                         , gaMutateMaxChainLen   :: Int
                         , gaMaxUnchangedIter    :: Int
                         , gaMaxIters            :: Int
                         , gaSelIntactFrac       :: Rational
                         , gaSelCrossoverFrac    :: Rational
                         , gaSelMutateFrac       :: Rational
  }
  deriving Show
data GACache = GACache {
  cacheNeighbours    :: Map Point2D [Point2D]
  , cacheBestRepeats :: IORef Int
  , cacheBestFitness :: IORef (Maybe RouteFitness)
  , cacheIter        :: IORef Int
  , cacheSelIndexGen :: IORef ([Int] → IO Int)
  }
cachedBestFit :: GACache → IO (Maybe RouteFitness)
cachedBestFit = readIORef ∘ cacheBestFitness
setCachedBestFit = writeIORef ∘ cacheBestFitness
cachedRepeat = readIORef ∘ cacheBestRepeats
affectCachedRepeat = modifyIORef ∘ cacheBestRepeats
cachedIter = readIORef ∘ cacheIter
affectCachedIter = modifyIORef ∘ cacheIter
cachedIdxGen = readIORef ∘ cacheSelIndexGen
setCachedIdxGen = writeIORef ∘ cacheSelIndexGen
neighboursOf cache point = fromMaybe []
                         $ Map.lookup point (cacheNeighbours cache)
data GA = GA { gaLabyri    :: Labyrinth2D
             , gaParams    :: GAParams
             , gaCache     :: GACache
             }
```

Se define la métrica sobre los puntos del grafo:

$$\text{dist}(p_1, p_2) = \begin{cases} \mathit{Just}\ d_E(p_1, p_2) & \text{si } \exists \text{ arista, conectando } p_1 \text{ y } p_2 \\ \mathit{Nothing} & \text{en otro caso} \end{cases}, \text{ donde}$$

d_E — es la distancia euclidiana entre dos puntos.

```
eDist' = mkDirectDistance $
  λ(Point2D (x1, x2)) (Point2D (y1, y2)) →
```

```
    sqrt (fromIntegral $ abs (x1 - x2) ↑ 2 + abs (y1 - y2) ↑ 2)
eDist = labyrinthDist eDist'
```

Se define la instancia de la clase *GeneticAlgorithm* para *GA* empezando con los tipos y siguiendo con los métodos.

```
instance GeneticAlgorithm GA where
```

(1) Un *gen* se define como nodo del laberinto y un *cromosoma* como una lista de genes.

Los cromosomas no deben de tener repeticiones.

```
type Gene GA = Point2D
type Chromosome GA = [Point2D]
  -- listGenes :: Chromosome ga → [Gene ga]
listGenes = id
```

(2) Los valores de aptitud ya fueron descritos previamente.

```
type Fitness GA = RouteFitness
```

(3) Dirección de búsqueda – minimización.

```
type Target GA = Min
```

(4) Información de entrada para generación de la población — el laberinto y los parámetros.

```
type InputData GA = (Labyrinth2D, GAParams)
```

(5) El resultado es el mejor cromosoma obtenido.

```
type ResultData GA = Chromosome GA
```

(6) La **aptitud de adaptación** fue descrita en subsección 3.1.

```
  -- fitness :: ga → Chromosome ga → Fitness ga
fitness (GA l _ _) genes =
  let dists = map (uncurry $ eDist l) (lPairs genes)
  in if isJust `all` dists ∧ initial l ∈ genes
                           ∧ target l ∈ genes
    then    -- is a valid route
```

```
    CompleteRoute ∘ sum $ map fromJust dists
  else    -- is incomplete
    let valid = filter isJust dists
        plen = length dists
        v = fromIntegral (length valid)
          / fromIntegral plen
        hasInit = elem (initial l) genes
        hasFin = elem (target l) genes
        poi = case (hasInit, hasFin) of
          (True, True) → POIBoth
          (True, False) → POISome POIInit
          (False, True) → POISome POITarget
          _             → POINone
        len = sum $ map fromJust valid
        v' = if isNaN v then 1 else v
        in PartialRoute v' poi plen len
```

(7) Generación de cromosomas aleatorios.

```
-- randomChromosome :: ga → IO (Chromosome ga)
randomChromosome ga@(GA _ params _) = do
```

Se selecciona aleatoriamente la longetud de *cadenas*.

```
chainLen ← randomRIO (1, gaChromGenMaxChainLen params)
```

Se selecciona aleatoriamente el número de *cadenas*.

```
chainCnt ← randomRIO (1, gaChromGenMaxChains params)
```

Se genera el cromosoma.

```
g ← getStdGen
let f _ = randChain ga g chainLen
return $ foldr f [] [1 .. chainCnt]
```

(8) La *recombinación* de cromosomas se enfoca en remplazar las malas subrutas o extender rutas existentes.

```
type CrossoverDebug GA = ([SubRoutes]
                          ,(ReplaceDebug, ExtendDebug)
                          )
  -- crossover' :: ga → Chromosome ga → Chromosome ga
  -- → ((Chromosome ga, Chromosome ga), CrossoverDebug ga)
crossover' (GA l _ _) ch1 ch2 = (extended, debugs)
  where debugs = (subRoutes, (debugAcc, extDebug))
```

```
cs = samePoints ch1 ch2
sRoutes' = do x ← cs
              y ← cs
              let sr = SubRoute (x, y)
              if x ≡ y then []
              else subRoutesIn l sr ch1 ch2
subRoutes = sortWith Down ∘ nub $ sRoutes'
(replaced1, debugAcc') = tryReplace ch1
                                    isLeft
                                    (λ(Right x) → x)
                                    subRoutes
                                    []
(replaced2, debugAcc) = tryReplace ch2
                                   isRight
                                   (λ(Left x) → x)
                                   subRoutes
                                   debugAcc'
(extended1, extDebug1) = tryExtend l replaced2 replaced1
(extended2, extDebug2) = tryExtend l replaced1 replaced2
extDebug = (extDebug1, extDebug2)
extended = (extended1, extended2)
```

(9) La *mutación* funciona de la siguiente manera:

a) Se escoge y se aplica una de las *operaciones sobre sub-rutas*.

b) Para cada gen del resultado del punto previo, se aplican (todas) las *operaciones sobre genes*, con su probabilidad asignada.

```
  -- mutate :: ga → Chromosome ga → IO (Chromosome ga)
mutate ga chrom = do
  mutateGenes chrom geneMuts
  where subRouteMuts = []   -- TODO: disabled
        geneMuts     = [mutGenePOI, mutGeneAny]
        mutateGenes ch = mutateGenes' ch []
        mutateGenes' [] mutated _ = return mutated
        mutateGenes' (gene : t) mutated muts =
          do g ← gene'
             mutateGenes' t (mutated ++ [g]) muts
          where    -- chrom g = mutated ++ g:t
                mutF (p, mut) g' = do
                  d ← randomIO :: IO Double
                  g ← g'
                  if p < d then mut ga mutated g else return g
                gene' = foldr mutF (return gene) muts
```

(10) *Criterio de parada* se selecciona, considerando que no se conoce la longitud de ruta aceptable. Esto no permite establecer un criterio exacto.

Es porque el criterio se establece sobre el *cambio del mejor valor de adaptación en las últimas iteraciones.*

También se utiliza como criterio adicional el *número máximo de iteraciones.*

```
-- stopCriteria :: ga → [Fitness ga] → IO Bool
stopCriteria ga fitness = do
  let cache = gaCache ga
      raiseCount = cache `affectCachedRepeat` (+1)
      best   = head fitness
  best' ← cachedBestFit cache
  if Just best ≡ best' then raiseCount
  else cache `setCachedBestFit` Just best
  repCount ← cachedRepeat cache
  iter ← cachedIter cache
  return $ repCount ⩾ gaMaxUnchangedIter (gaParams ga)
         ∨ iter     ⩾ gaMaxIters (gaParams ga)
```

(11) Creación de instancia de *GA*. Se crea el cache.

```
-- newGA :: InputData ga → IO ga
newGA (labyrinth, params) = do
  let nodes' = Set.toList $ nodes labyrinth
      neighbours = Map.fromList $ do
        node ← nodes'
        let connected = filter ((`edgeOf` labyrinth) ∘ (,) node) nodes'
        return (node, connected)
  bestRepeats  ← newIORef 0
  bestFitness  ← newIORef Nothing
  iter         ← newIORef 0
  selIndexGen ← newIORef (const $ return (−1))
  let cache = GACache neighbours
                      bestRepeats
                      bestFitness
                      iter
                      selIndexGen
  return $ GA labyrinth params cache
```

4. Implementación III

El proyecto separa las operaciones genéticas *atómicas*, definidas en clase *GA*, de las *masivas*, definidas en clase *RunGA*.

Las operaciones *masivas* – son las que trabajan con entera población: 1) selección de cromosomas para operaciones genéticas, generación de población inicial; 2) generación de población inicial; 3) ejecución de las iteraciones.

Las últimas dos están definidas en src/GeneticAlgorithm, pero su código se presentara incluso en subsección 4.2.

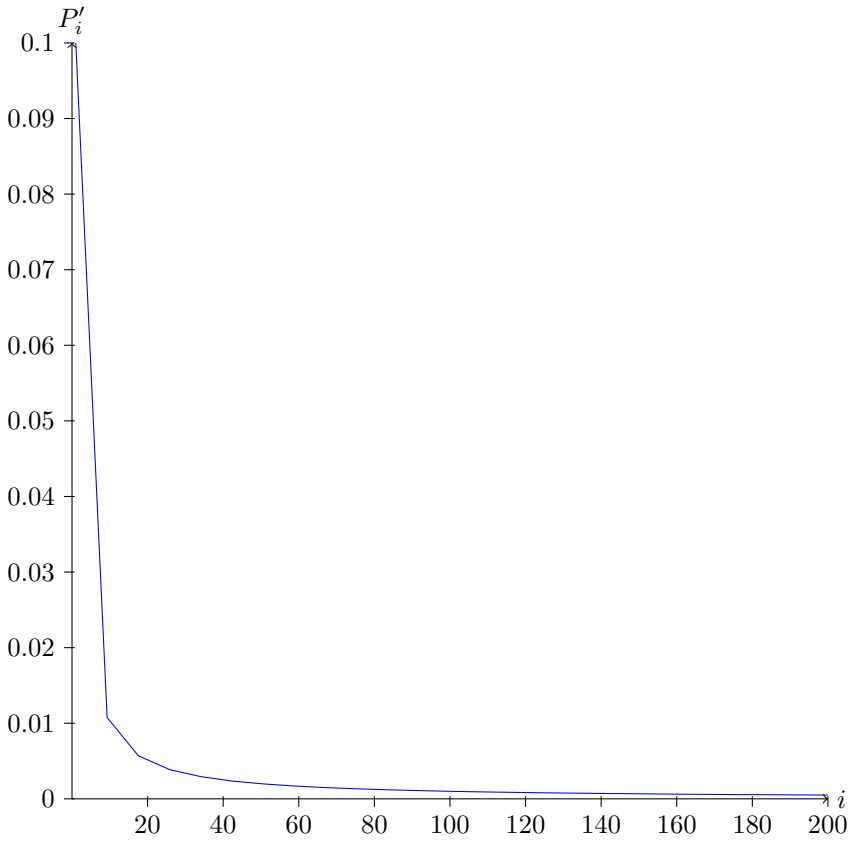
4.1. Operaciones de selección

Para preservar el tamaño de población, la unión de las tres siguientes selecciones debe siempre ser de mismo tamaño que la población, de la cual hubieron sidos seleccionados.

Se usa un concepto *Assessed*, el cual encapsula una lista de cromosomas con sus correspondientes valores de adaptación. Está siempre ordenada ascendentemente, para que los mejores cromosomas (con menor valor de adaptación) estén en el principio.

Se intentaba usar *RouteFitness* sin transformarlos en un valor numérico; para esto se define la función de densidad de probabilidad de selección de un cromosoma, dependiendo de su índice en la lista.

$$P'_i = \frac{0.1}{i}$$
$$P_i = \frac{P'_i}{\sum_j P'_j}$$




```
assessedProb' i  = 0.1 / fromInteger i

assessedProbs n = map (/isum) is
  where is = assessedProb' <$> [1..n]
        isum = sum is

assessedRandIndexGen :: Int       -- Population size.
                     -> [Int]     -- Previous indices.
                     -> IO Int    -- Random index.
assessedRandIndexGen n = randIdx
  where probs = assessedProbs $ toInteger n
          -- accumulated probabilities
        accProbs = snd $ foldr (λp (p', acc) -> (p' + p, p' + p : acc))
                               (0, []) probs
          -- select id, given a number in [0,1]
        selIdx :: Double -> Int
        selIdx d = let less = (<d) `filter` accProbs
                   in n - length less - 1
          -- Generate a random assessed index,
```

```
    -- without repeating elems of 'prev'.
  randIdx prev = do
    r ← selIdx <$> randomIO
    if r ∈ prev          then randIdx prev
                         else return r
replicateRandIndices prev' n igen = foldr f (return prev') [1 .. n]
  where f _ prev = do p ← prev
    i ← igen p
    return $ i : p
assessedRand selFrac ga assessed = do
  iGen ← cachedIdxGen $ gaCache ga
  let pSize = fromIntegral $ popSize assessed
    frac = selFrac (gaParams ga)
    count = round $ pSize * frac
  ids ← replicateRandIndices [] count iGen   -- replicateM count iGen
  let ua = map fst $ unwrapAssessed assessed
  return $ map (ua!!) ids
```

```
instance RunGA GA [Point2D] [Point2D] RouteFitness Min where
  type DebugData GA = Assessed [Point2D] RouteFitness
```

Se define selección de cromosomas:

(a) Que pasan a la siguiente generación intactos.

La fracción establecida de la población previa se escoge aleatoriamente (con repeticiones).

```
selectIntact = assessedRand gaSelIntactFrac
```

(b) Para la recombinación.

Se escoge aleatoriamente una fraccion establecida de la población previa y se divide en dos partes iguales.

```
selectCrossover ga assessed = zip <$> rand <*> rand
  where rand = assessedRand (flip (/) 2 ∘ gaSelCrossoverFrac)
                            ga assessed
```

(c) Para la mutación.

Se escoge aleatoriamente una fracción establecida de la población previa.

```
selectMutate = assessedRand gaSelMutateFrac
```

El resultado es el cromosoma con mejor valor de adaptación.

```
selectResult _ a@(Assessed (h: _)) = (fst h, a)
```

4.2. Ejecución de algoritmo genético

Se implementan las actualizaciones de cache.

```
initHook ga pop = setCachedIdxGen (gaCache ga)
                                  (assessedRandIndexGen pop)
iterationHook ga = do affectCachedIter (gaCache ga) (+1)
                      i ← cachedIter (gaCache ga)
                      putStrLn $ "iteration #" ++ show i
```

Se presenta aquí una parte del código desde src/GeneticAlgorithm.

- Generación de población inicial.

```
initialPopulation ga pop = sequence $ do _ ← [1 .. pop]
                                         return $ randomChromosome ga
```

- Ejecución de las iteraciones del algoritmo.

```
runGA' ga pop = do
  let fit = assessed $ map (id &&& fitness ga) pop
  iterationHook ga
  stop ← stopCriteria ga ∘ map snd $ unwrapAssessed fit
  intact ← selectIntact ga fit
  cross  ← selectCrossover ga fit
  mut    ← selectMutate ga fit
  mutated ← mapM (mutate ga) mut
  let pairToList (x, y) = [x, y]
      newPop = intact
               ++ concatMap (pairToList ∘ uncurry (crossover ga)) cross
               ++ mutated
  if stop then return $ selectResult ga fit
          else runGA' ga newPop
```

5. Ejecución y Pruebas

La aplicación está definida en src/Parcial2/App y la ejecutable actual en src/Parcial2/App.
El modo de uso se describe en Anexo I.

El proyecto también contiene aplicación de ejemplo `ga-labyrinth-example-1` y otras ejecutables que se usan para generación del documento.

5.1. Pruebas

> **Nota**
> El algoritmo considera todas las rutas que contienen inicio y meta, no solamente si son extremos.

5.1.1. Ejemplo de tarea

El ejemplo se lee desde archivo *laby.txt*.

```
dist/build/ga-labyrinth/ga-labyrinth\
    laby.txt 200\
    --gen-max-chain-len 5\
    --gen-max-chains 1\
    -I 100 -U 20
```

El resultado (sin debug):

```
[0-0,4-3,6-2,7-21]
```

5.1.2. Ejemplo de proyecto

El laberinto se presenta en figura 1;

```
dist/build/ga-labyrinth-example-1/ga-labyrinth-example-1\
    200\
    --gen-max-chain-len 10\
    --gen-max-chains 10\
    -I 100 -U 20

[9--3,8--3,8-0,4-0,3-0,1-0,1--2,0--2]
```

5.2. Cambios necesarios

1. Seleccionar al remplazamiento en la recombinación de cromosomas aleatoriamente. Al momento el proceso de “crossover” es *puro* – no causa efectos secundarios, a los cuales pertenece lo “aleatorio”. Eso también quiere decir que el resultado siempre es el mismo para los mismos padres. Se necesita introducir mas variedad.

2. Al momento están desactivadas las *mutaciones sobre rutas completas*, porque las implementaciones quiebran la política de no-repetición de genes. Deben ser reescritas.

6. Proyecto

El proyecto requiere GHC y `cabal` para construcción.

Hay una dependencia, que no está disponible públicamente, por esto se necesita instalarla a mano: CommandArgs.

El proyecto usa el paradigma de *programación literaria* y el reporte se genera desde el código.

Los ejemplos de laberinto y cromosomas se generan usando los mecanismos del proyecto; los de cromosomas usan función *crossover* de *GA*.
El reporte en pdf se genera con script *makeReport* proveído. Requiere instalación de `lhs2TeX` desde `cabal`.

Anexo I

```
Searches the shortest path in a labyrinth with Genetic Algorithm.

ga-labyrinth <Labyrinth File> <Population Size> [gen-max-chains]
                                                [gen-max-chain-len]
                                                [mut-max-chains]
                                                [mut-max-chain-len]
                                                [max-unchanged]
                                                [max-iter]
                                                [frac-intact]
                                                [frac-crossover]
                                                [frac-mutation]
                                                [fracs]
                                                [help]

Positional:
  Labyrinth File :: Text        --  path to labyrinth file
  Population Size :: Int        --

Optional:

  gen-max-chains <value>
     --gen-max-chains
     Chromosome Generation: maximum chain number.
        value :: Int    --

  gen-max-chain-len <value>
     --gen-max-chain-len
     Chromosome Generation: maximum chain length.
        value :: Int    --

  mut-max-chains <value>
     --mut-max-chains
     Chromosome Mutation: maximum chains to insert.
        value :: Int    --

  mut-max-chain-len <value>
     --mut-max-chain-len
     Chromosome Mutation: maximum insert chain length.
        value :: Int    --

  max-unchanged <value>
     -U --max-unchanged
     Maximum number of iterations without best fitness
     change before stopping.
```

```
      value :: Int    --

max-iter <value>
   -I --max-iter
   Maximum number of iterations.
      value :: Int    --

frac-intact <value>
   --frac-intact
   Fraction of population left intact.
      value :: Float  --

frac-crossover <value>
   --frac-crossover
   Fraction of population used for crossover.
      value :: Float  --

frac-mutation <value>
   --frac-mutation
   Fraction of population used for mutation.
      value :: Float  --

fracs <intact> <crossover> <mutation>
   -f --fracs
   Set all the fractions at once.
      intact :: Float         --  intact fraction
      crossover :: Float      --  crossover fraction
      mutation :: Float       --  mutation fraction

help <cmd...>
   -h --help
   Show help
      cmd... :: Text  --  Commands to show the help for
```