

```

{-# LANGUAGE UndecidableInstances, FlexibleInstances #-}
module Partial2.Labyrinth where

import Control.Exception
import Control.Arrow -- (first, second, ())
import Control.Monad.Fix
import Data.Tuple (swap)
import Data.List (elemIndex, sort, nub)
import Data.Maybe (isJust, fromJust, fromMaybe, maybeToList)
import Data.Function (on)
import Data.Set (Set, member, elemAt)
import qualified Data.Set as Set
import Data.Map (Map)
import qualified Data.Map as Map
import GHC.Real (infinity)

import Partial2.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

```

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 $ \l 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

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) coords)
        (get i)
        (get t)

```

2.2. 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 (\exists 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. 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* = *val x* 'compare' *val y where*

val POINone = 0

val (POISome _) = 1

val POIBoth = 2

data *RouteFitness* =

CompleteRoute { *routeLength* :: *Double* }

| *PartialRoute* { *partialValidess* :: *Double*
 , *partialPOI* :: *POIs*
 , *partialLength* :: *Double*
 }

deriving (*Eq*, *Show*)

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

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

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

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

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

3. Dos *rutas parciales* se comparan por sus tres componentes en orden lexicográfico, que quiere decir que primero se comparan los primeros elementos, si son igual, se comparan los segundos, etc., hasta que la comparación de un resultado diferente de igualdad o se termine la lista.

El orden de comparación se cambia al opuesto.

$$\begin{array}{l} \forall x \in \text{ruta parcial} \\ x \sim \langle v_x, i_x, l_x \rangle \\ \forall y \in \text{ruta parcial} \\ y \sim \langle v_y, i_y, l_y \rangle \end{array} \implies \begin{cases} x < y & \text{si } \langle v_x, i_x, l_x \rangle > \langle v_y, i_y, l_y \rangle \\ x > y & \text{si } \langle v_x, i_x, l_x \rangle < \langle v_y, i_y, l_y \rangle \\ x = y & \text{en otro caso} \end{cases}$$

instance *Ord RouteFitness* **where**

```
compare (CompleteRoute x) (CompleteRoute y) = compare x y
compare (PartialRoute v1 i1 l1) (PartialRoute v2 i2 l2) =
  compare (v2, i2, l2) (v1, i1, l1)
compare (CompleteRoute _) PartialRoute {} = LT
compare PartialRoute {} (CompleteRoute _) = GT
```

No se usa

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
```

Las pruebas del contenedor *Route* se encuentran en test/Parcial2/Route.hs.

2.3. 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 cromosoma. Se implementa así porque las cromosomas cambian durante operaciones geneticas, afectando las sub-rutas.

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

1. Número de puntos de interes que tiene el donor pero no el recipiente.
2. Diferencia absoluta de las longitudes de la ruta en primer y segunda cromosoma.
3. No igualdad de las dos sub-rutas.

```

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 _ _ donor _) = case donor of Left x → x
                                              Right x → x

  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, same)
  where donor  = fst $ subRouteDonor sr
        receiver = fst $ subRouteReceiver sr
        countPois = length ∘ filter ('isPOI' l)
        pois = countPois donor - countPois receiver -- to maximize
        len = abs (length receiver - length donor)
        same = receiver ≠ donor -- False < True
instance Ord SubRoutes where compare = compare 'on' subRoutesValue

```

2.4. Algoritmo genético

```

data GAParams = GAParams { gaChromGenMaxChainLen :: Int
                           , gaChromGenMaxChains   :: Int
                           , gaPopulationSize      :: Int
                           }
data GACache = GACache {
  cacheNeighbours :: Map Point2D [Point2D]
}
neighboursOf cache point = fromMaybe []
  $ Map.lookup point (cacheNeighbours cache)
data GA = GA { gaLabyri    :: Labyrinth2D
               , gaParams   :: GAParams
               , gaCache    :: GACache
               }

```

| |
|--|
| |
|--|

Se define la metrica sobre los puntos del grafo:

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

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.

```
type InputData GA = Labyrinth2D
```

- (5) El resultado es el mejor cromosoma obtenido.

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

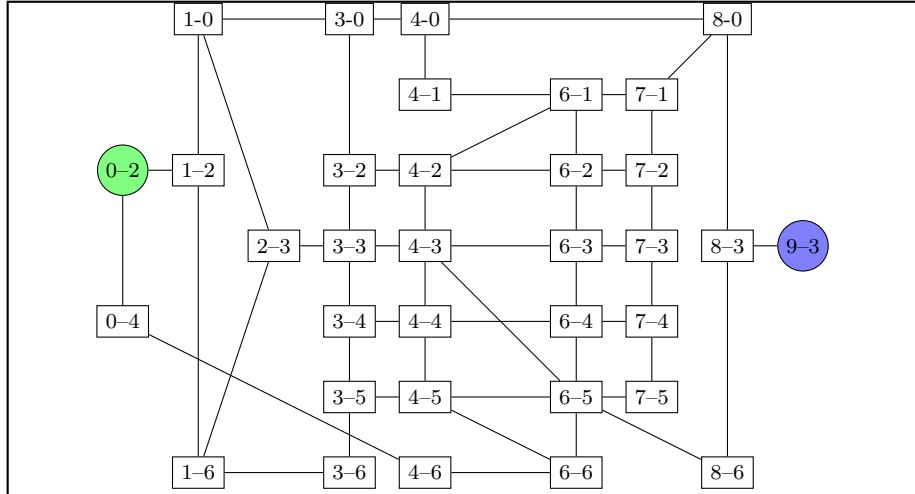


Figura 1: Ejemplo de mapa, inicio: 0-2, meta: 9-3.

(6) La **aptitud de adaptación** fue descrita en subsección 2.2.

```
-- fitness :: ga → Chromosome ga → Fitness ga
fitness (GA l _) genes =
  let dists = map (uncurry $ eDist l) (lPairs genes)
  in if isJust 'all' dists
    then -- is a valid route
      CompleteRoute ∘ sum $ map fromJust dists
    else -- is incomplete
      let valid = filter isJust dists
          v = fromIntegral (length valid)
              / fromIntegral (length dists)
          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
      in PartialRoute v poi len
```

(7) Generación de cromosomas aleatorios.

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

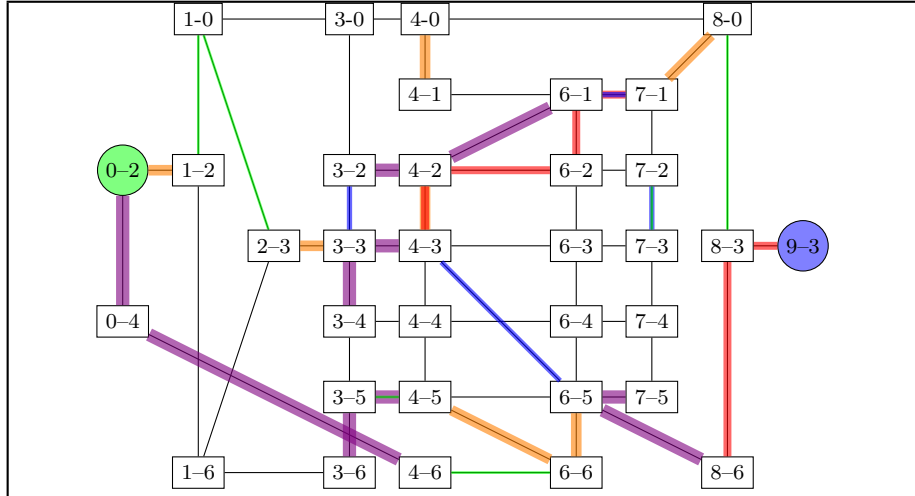


Figura 2: Se presentan algunos cromosomas en el mapa. Los cromosomas ● ● ● están compuestas de pares de genes, conectados por aristas; mientras que los cromosomas ● ● están compuestos de cadenas de genes, conectados por aristas, de longitud 3. (Son de diferente grosor para que se ven mejor las conexiones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

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

```
-- randomChromosome :: ga → IO (Chromosome ga)
randomChromosome (GA l params cache) = do
  let
```

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 = first ('elemAt' nodes l)
             ◦ randomR (0, length (nodes l) - 1)
rand prev = fix $
  λf g →
    let (r, g') = randPoint g
    in if r ∈ prev then f g' else (r, g')
```

Se empieza con la generación del primer punto

```
randChain :: StdGen → Int → [Point2D] → [Point2D]
randChain g' len prev = nextRand [first'] g''
  where (first', g'') = rand prev g'
```

Los demas 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 = nextRand' False 0
nextRand' rev c chain@(h : t) g =
  let neighbours = cache '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' rev (c + 1) chain g' -- 1 / 3
        else if rev then chain -- incomplete
        else nextRand' True (c + 1) chain g' -- 2
      else if length chain + 1 ≡ len
        then r : chain -- return
        else nextRand' rev c (r : chain) g' -- next

```

Se selecciona aleatoriamente la longitud 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 g chainLen
return $ foldr f [] [1..chainCnt]

```

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

Aquí solamente se define la recombinación de dos cromosomas, su selección será descrita en la subsección 2.5.

- a) Se separan las rutas con función *splitRoutes* (fue descrita en subsección 2.2) para ambos cromosomas.
- b) Se seleccionan los genes $\{c\}$, miembros de ambos cromosomas.

c) Para ambas cromosomas se encuentran *sub-rutas intercambiables*:

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

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

d) Las sub-rutas intercambiables se dividen dependiendo si se encuentran en ambas cromosomas o solamente en uno. El último caso tiene más prioridad.

Uno – se ordenan por su longitud.

Ambos – se ordenan por la diferencia absoluta en sus dos longitudes.

e) Se aplica el remplazamiento para todas las rutas intercambiables ordenadas. Se remplazan las sub-rutas no existentes por las existentes; y se remplazan las existentes por mas cortas.

El remplazamiento se aplica solamente si 1) los genes en cuestion no fueron eliminados con los remplazamientos previos; 2) remplazamiento no creará genes duplicados.

f) Se devuelve el par de cromosomas remplazados.

```
type CrossoverDebug GA = [SubRoutes]
-- crossover' :: ga -> Chromosome ga -> Chromosome ga
-- -> ((Chromosome ga, Chromosome ga), CrossoverDebug ga)
crossover' (GA l _ _) ch1 ch2 = (⊥, subRoutes)
where set1 = Set.fromList ch1
      set2 = Set.fromList ch2
      cs = Set.toList $ Set.intersection set1 set2
      sRoutes' = do x ← cs
                  y ← cs
                  let sr = SubRoute (x, y)
                  if x ≡ y then []
                  else subRoutesIn l sr ch1 ch2
      subRoutes = sort ∘ nub $ sRoutes'
```

(9) ?

```
-- mutate :: Chromosome ga -> Chromosome ga
```

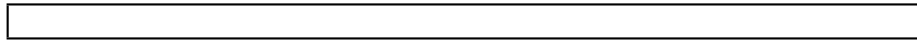


Figura 3: Recombinación de cromosomas, marcados \bullet y \circ en la figura 2.

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 $\circ \rightarrow \bullet$ #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 $\circ \rightarrow \bullet$ #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

(d) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \circ$.

(10) ?

-- stopCriteria :: [Fitness ga] → Bool

(11) ?

-- newGA :: InputData ga → ga

2.5. ??? gaRun ???

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

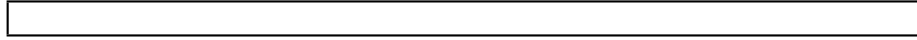


Figura 4: Recombinación de cromosomas, marcados \bullet y \bullet en la figura 2.

| | |
|--|--|
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (a) Los remplazamientos. | |
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (b) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \bullet$. | |
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (c) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \bullet$. | |
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (d) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \bullet$. | |
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (e) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \bullet$. | |
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (f) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \bullet$. | |
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (g) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \bullet$. | |
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (h) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \bullet$. | |
| $ \begin{array}{l} 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 \\ 3-2 + 3-3 + 4-3 + 6-5 - 6-1 + 7-1 + 7-2 + 7-3 \end{array} $ | |
| (i) Remplazamiento $\bullet \rightarrow \bullet$. | |

Esto es un reporte preliminar

Nota

La preferencia debe ser dada a las rutas que contienen un de los puntos de interes (inicio, meta).

La mutación debe extender/remplacar un gen al inicio/meta si \exists una ruta directa.