
Medicine Exchange in Cuba

[GitHub](#)

Facultad de Matemática y Computación. Universidad de La Habana.

Paula Silva Lara
paula.silvalara030410@gmail.com

Ricardo Cápiro Colomar
rikikipiro02@gmail.com

Edián Broche Castro
edianbc@gmail.com

7 de febrero de 2025

Resumen

El acceso a medicamentos en Cuba enfrenta severas dificultades debido a restricciones económicas y problemas logísticos. En respuesta a esta crisis, ha surgido un sistema informal de intercambio de medicamentos basado en redes comunitarias. Este trabajo propone un modelo matemático para optimizar dicho intercambio, formulándolo como un problema de cobertura de ciclos en grafos dirigidos. Se demuestra la NP-completitud del problema y se presentan estrategias de resolución, incluyendo programación entera mixta (ILP) con CPLEX y una aproximación basada en la descomposición en subgrafos. Además, se aborda la distribución eficiente de medicamentos modelándola como una variante del Problema del Viajante (TSP), utilizando heurísticas como el Algoritmo de Colonia de Hormigas y Algoritmos Genéticos. Los resultados muestran que estas técnicas pueden mejorar la eficiencia del sistema de intercambio, reduciendo los tiempos de espera y optimizando el uso de recursos.

Abstract

Access to medicine in Cuba faces severe challenges due to economic restrictions and logistical issues. In response to this crisis, an informal medicine exchange system has emerged, relying on community networks. This study proposes a mathematical model to optimize this exchange by formulating it as a cycle-cover problem in directed graphs. The NP-completeness of the problem is demonstrated, and resolution strategies are presented, including Integer Linear Programming (ILP) using CPLEX and an approximation based on graph decomposition. Additionally, efficient medicine distribution is modeled as a variant of the Traveling Salesman Problem (TSP), using heuristics such as the Ant Colony Optimization algorithm and Genetic Algorithms. The results show that these techniques can improve the efficiency of the exchange system, reducing waiting times and optimizing resource utilization.

Palabras Clave: Optimización, Programación Entera Mixta, CPLEX, Intercambio de Medicamentos, Problema del Viajante (TSP), Complejidad Computacional, Algoritmo de Colonia de Hormigas, Algoritmo Genético.

ÍNDICE

1	Introducción	2
2	Problema del Intercambio de Medicamentos	2
2.1	Modelación del Problema	2
2.2	Restricciones en el Tamaño del Ciclo de Intercambio	2
2.3	Demostración de NP-Complejidad	2
2.4	Enfoque de solución basado en una formulación de ciclos	3
2.4.1	Formulación del Problema	3
2.4.2	Resolver el ILP con CPLEX	3
2.4.3	Complejidad computacional de la solución	4
2.5	Aproximación basada en la descomposición del grafo en subgrafos disjuntos	5
2.5.1	Estrategia de Descomposición	5
2.5.2	Aplicación de la Solución en los Subgrafos	5
2.5.3	Ventajas y Limitaciones	5
2.5.4	Complejidad computacional de la solución por descomposición en subgrafos	6
2.6	Análisis de la complejidad de aproximaciones	6
2.7	Aproximación mediante el clique de máximo coste	6
2.8	Adaptación del Algoritmo de Colonia de Hormigas para el Problema del Clique de Máximo Costo	7
2.8.1	Selección de Vértices	7
2.8.2	Construcción del Clique	8
2.8.3	Actualización de Feromonas	8
2.8.4	Algoritmo General	8
3	Distribución de los Medicamentos a los Clientes	8
3.1	Modelación del problema	8
3.2	Demostración de NP-Hard	8
3.3	Soluciones	10
3.3.1	Solución exacta	10
3.3.2	Algoritmo de Optimización por Colonias de Hormigas	11
3.3.3	Algoritmo Genético	12

3.4 Resultados experimentales	13
4 Conclusiones	13

1 INTRODUCCIÓN

En el actual contexto de crisis en Cuba, el acceso a medicamentos esenciales se ha visto gravemente afectado por múltiples factores, entre ellos: la escasez de suministros médicos debido a restricciones económicas, dificultades logísticas y problemas en la producción nacional. En este panorama, muchos cubanos recurren a formas informales de intercambio de medicamentos como una alternativa para cubrir sus necesidades de salud.

El mercado de intercambio de medicamentos en Cuba no sigue los principios tradicionales de un mercado regulado. Más bien, opera como una red comunitaria en la que los ciudadanos intercambian los medicamentos que poseen y no necesitan, por aquellos que sí son fundamentales para ellos o sus familiares. Este fenómeno ha emergido como un mecanismo de supervivencia para enfrentar la falta de acceso regular a medicamentos en farmacias y hospitales.

Este trabajo se centra en optimizar el proceso de intercambio de medicamentos mediante técnicas de modelado y optimización y también se propondrán técnicas de aproximación de la solución para reducir significativamente los tiempos de espera en los casos donde hayan grandes cantidades de personas. Además se desea realizar una distribución eficiente de los medicamentos, minimizando la cantidad de combustible gastado por el vehículo que transportará los mismos. Para eso se modela como una variante del problema del viajante. Este problema, reconocido por su complejidad *NP-Hard*, se resolverá utilizando algoritmos aproximados, tales como el Algoritmo de Colonia de Hormigas y Algoritmo Genético, que facilitan la aproximación a la solución óptima sin incurrir en tiempos de cómputo prohibitivos.

Para garantizar la solidez teórica del enfoque propuesto, se realizan demostraciones rigurosas relativas a la NP-completitud, la correctitud y el análisis de la complejidad de los algoritmos implementados. Complementariamente, se desarrollan códigos que integran los algoritmos utilizados.

2 PROBLEMA DEL INTERCAMBIO DE MEDICAMENTOS

2.1 MODELACIÓN DEL PROBLEMA

Podemos representar un mercado de trueque como un **grafo dirigido** $G = (V, E)$ de la siguiente manera: se construye un **vértice** para cada agente. Se

añade una **arista dirigida** e desde un agente v_i hacia otro agente v_j si v_i desea el objeto de v_j . El **peso** w_e de la arista e representa la utilidad que obtiene v_i al recibir el objeto de v_j .

Un **ciclo** c en este grafo representa un **intercambio posible**, donde cada agente en el ciclo recibe el objeto del siguiente agente. El **peso** w_c de un ciclo c es la suma de los pesos de sus aristas.

Un **intercambio válido** es un conjunto de **ciclos disjuntos**. El **peso total del intercambio** es la suma de los pesos de los ciclos que lo conforman. Un **intercambio que maximiza el bienestar social** es aquel con el **peso máximo**.

2.2 RESTRICCIONES EN EL TAMAÑO DEL CICLO DE INTERCAMBIO

El recorrido diario de un vehículo está sujeto a restricciones prácticas significativas. Un ciclo que involucre un número excesivo de participantes implicaría la necesidad de visitar una gran cantidad de domicilios en un solo día. Esto conlleva los siguientes desafíos:

- **Desgaste operativo:** La persona encargada del transporte de la mercancía enfrentaría un alto nivel de desgaste físico y mental al tener que interactuar con múltiples clientes en un período de tiempo reducido.
- **Desconfianza del cliente:** Para ciclos de tamaño grande no existe forma de garantizar que todas las entregas se realicen en un mismo día. Si un cliente entrega su mercancía pero no recibe la correspondiente al intercambio en el mismo día, podría generar desconfianza en el proceso. Esto afectaría negativamente la experiencia del usuario y la credibilidad del servicio.

Para garantizar la viabilidad operativa del sistema de intercambio, es fundamental establecer límites en el número de participantes dentro de cada ciclo. En este sentido, se determinó que el tamaño máximo de un ciclo de intercambio será de 20 personas, lo cual garantiza que la eficiencia en la entrega y el desgaste del trabajador se mantenga dentro de parámetros operativos aceptables.

2.3 DEMOSTRACIÓN DE NP-COMPLETITUD

En esta sección, demostramos que la versión de decisión del problema de equilibrio de mercado con ciclos cortos (de longitud menor que un cierto L) es NP-completa.

Teorema 1. *Dado un grafo $G = (V, E)$ y un entero $L \geq 3$, el problema de determinar si G admite una cobertura de ciclos perfecta que contenga únicamente ciclos de longitud a lo sumo L es NP-completo.*

Proof. Es evidente que este problema pertenece a NP. Para demostrar su NP-dificultad, realizamos una reducción desde el problema de *3D-Matching* [6].

Definición 1 (3D Matching). Sean X, Y y Z conjuntos finitos, y sea $T \subseteq X \times Y \times Z$. Es decir, T consiste en tripletas (x, y, z) tales que $x \in X, y \in Y$ y $z \in Z$. Un subconjunto $M \subseteq T$ es un 3-dimensional matching si para cualesquiera dos tripletas distintas $(x_1, y_1, z_1) \in M$ y $(x_2, y_2, z_2) \in M$, se cumple que:

$$x_1 \neq x_2, \quad y_1 \neq y_2, \quad \text{y} \quad z_1 \neq z_2.$$

El problema consiste en determinar si existe un 3D Matching de tamaño q .

Para una instancia de *3D-Matching*, se crea un vértice para cada elemento en X, Y y Z . Luego, para cada trío $t_i = \{x_a, y_b, z_c\}$, se construye una estructura auxiliar la cual se muestra en la Figura 1. Es importante notar que estas estructuras solo se intersectan en los vértices de $X \cup Y \cup Z$. Además, la construcción puede realizarse en tiempo polinomial.

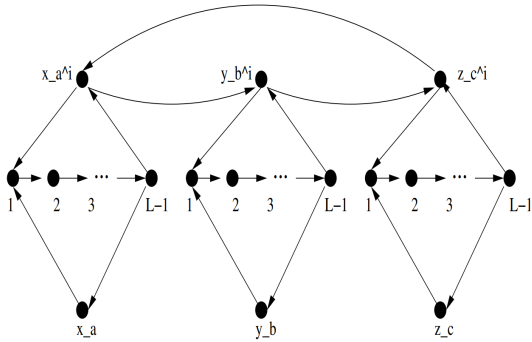


Figure 1: Estructura auxiliar para la reducción de NP-completitud

Dado un conjunto M que forma un *3D-Matching* perfecto, podemos garantizar la existencia de una cobertura de ciclos utilizando ciclos de longitud corta. Si $t_i = \{x_a, y_b, z_c\} \in M$, entonces en la estructura de t_i se incluyen tres ciclos de longitud L que contienen x_a, y_b y z_c , respectivamente. Además, se añade el ciclo (x_a^i, y_b^i, z_c^i) . En caso contrario, si $t_i \notin M$, los ciclos de longitud L incluirán x_a^i, y_b^i y z_c^i de manera separada. Dado que M forma una partición de $X \times Y \times Z$, se garantiza que todos los vértices están cubiertos.

De manera inversa, si existe una cobertura perfecta de ciclos cortos en la construcción, se observa que solo existen ciclos de longitud 3 y L , y que ningún ciclo involucra vértices de dos estructuras auxiliares distintas. Por lo tanto, en una cobertura perfecta, cada estructura de t_i contribuye con ciclos de acuerdo con los casos mencionados: $t_i \in M$ o $t_i \notin M$. De este modo, se concluye que en la instancia original existe un *3D-Matching* perfecto. \square

2.4 ENFOQUE DE SOLUCIÓN BASADO EN UNA FORMULACIÓN DE CICLOS

En esta sección, formulamos el problema como un ILP (Problema de Programación Lineal en Enteros) donde cada variable representa un ciclo. Esta estrategia se basa en un enfoque clásico para resolver el problema de cobertura de ciclos dirigidos cuando los ciclos tienen longitud 2.

2.4.1 FORMULACIÓN DEL PROBLEMA

Dado un mercado representado como un grafo dirigido $G = (V, E)$, construimos un nuevo grafo sobre el conjunto de nodos V , donde cada arista representa un ciclo de longitud 2 en G y tiene un peso asociado w_c . En este caso, el problema se reduce a encontrar un *matching de peso máximo*, lo que puede resolverse en tiempo polinómico mediante algoritmos de emparejamiento.

Para un L arbitrario definimos $C(L)$ como el conjunto de todos los ciclos en G con longitud máxima L . Entonces, el siguiente ILP encuentra la cobertura óptima de ciclos de hasta longitud L , maximizando la suma de los pesos de los ciclos seleccionados:

$$\max \sum_{c \in C(L)} w_c c \quad (1)$$

sujeto a la restricción:

$$\sum_{c: v_i \in c} c \leq 1, \quad \forall v_i \in V \quad (2)$$

donde cada variable c es binaria, es decir,

$$c \in \{0, 1\}, \quad \forall c \in C(L) \quad (3)$$

Esta formulación garantiza que cada nodo pertenezca a lo sumo a un ciclo dentro de la solución, asegurando una asignación válida en el mercado.

2.4.2 RESOLVER EL ILP CON CPLEX

Para resolver el ILP planteado, utilizamos el solver *IBM ILOG CPLEX* a través de su API en Python (*DOCplex*), que resulta eficiente para abordar problemas de optimización entera mixta. Es importante notar que, debido a la complejidad de enumerar todos los ciclos de un grafo (lo cual es exponencial en el peor caso), en la implementación se emplea el algoritmo de Johnson (incorporado en la función `nx.simple_cycles` de la librería *NetworkX*) para obtener los ciclos simples, restringiéndolos a aquellos de longitud menor o igual a L . De esta forma, se trabaja con un subconjunto representativo de ciclos, lo que hace factible la generación de variables y restricciones para el modelo ILP.

La implementación se estructura en los siguientes pasos:

1. **Generación de ciclos:** Se enumeran los ciclos simples de longitud $\leq L$ en el grafo G utilizando la función `nx.simple_cycles` de `NetworkX`. Debido a la dificultad de enumerar la totalidad de ciclos en un grafo grande, esta enumeración se limita a ciclos con una longitud acotada.
2. **Definición de variables:** Para cada ciclo identificado se crea una variable binaria, que indicará si el ciclo se incluye en la solución.
3. **Definición de la función objetivo:** Se maximiza la suma de los pesos de los ciclos seleccionados. El peso de cada ciclo se calcula como la suma de los pesos de las aristas que lo conforman.
4. **Restricciones:** Se imponen restricciones de cobertura, de manera que cada nodo del grafo G pueda pertenecer a lo sumo a un ciclo seleccionado.
5. **Optimización:** Se ejecuta el modelo en CPLEX, empleando técnicas como *branch-and-bound* y *cutting planes* para obtener la solución óptima.

A continuación se muestra el código en Python correspondiente a esta implementación:

Listing 1: Ejemplo de construcción del grafo dirigido

```
import networkx as nx
from docplex.mp.model import Model

def enumerate_cycles(graph, L):
    cycles = []
    for cycle in nx.simple_cycles(
        graph):
        if len(cycle) <= L:
            cycles.append(cycle)
    return cycles

# Ejemplo de construccion del grafo
# dirigido
G = nx.DiGraph()
G.add_edge('A', 'B', weight=10)
G.add_edge('B', 'C', weight=5)
G.add_edge('C', 'A', weight=7)
G.add_edge('B', 'D', weight=3)
G.add_edge('D', 'B', weight=4)

L = 20 # Longitud maxima permitida
# para un ciclo
cycles = enumerate_cycles(G, L)

# Creacion del modelo CPLEX mediante
# DOCplex
mdl = Model("CycleCover")
```

```
cycle_vars = {}
cycle_weights = {}
for i, cycle in enumerate(cycles):
    # Calcular el peso del ciclo:
    # suma de los pesos de las
    # aristas del ciclo
    weight = sum(G[u][v]['weight']
        for u, v in zip(cycle, cycle
            [1:] + [cycle[0]]))
    cycle_vars[i] = mdl.binary_var(
        name=f"cycle_{i}")
    cycle_weights[i] = weight

# Funcion objetivo: maximizar la
# suma de pesos de los ciclos
# seleccionados
mdl.maximize(mdl.sum(cycle_weights[i]
    ] * cycle_vars[i] for i in
    cycle_vars))

# Restriccion: cada nodo puede
# pertenecer a lo sumo a un ciclo
# seleccionado
for node in G.nodes():
    mdl.add_constraint(
        mdl.sum(cycle_vars[i] for i,
            cycle in enumerate(
                cycles) if node in cycle)
            <= 1,
        ctype=f"node_{node}")

solution = mdl.solve(log_output=True)
if solution:
    print(solution)
    for i, cycle in enumerate(cycles):
        if cycle_vars[i].
            solution_value > 0.5:
            print("Selected cycle:",
                cycle, "with weight",
                cycle_weights[i])
```

Con esta implementación se obtiene una solución al problema de cobertura de ciclos en el grafo, considerando únicamente aquellos ciclos de longitud acotada, lo que es esencial para que la enumeración y la resolución del ILP sean computacionalmente viables.

2.4.3 COMPLEJIDAD COMPUTACIONAL DE LA SOLUCIÓN

La complejidad de la solución basada en Programación Lineal Entera (ILP) y resuelta con CPLEX depende principalmente de dos factores:

1. El número de ciclos en el grafo de entrada.
2. La dificultad intrínseca de resolver el ILP.

NÚMERO DE CICLOS El conjunto de ciclos $C(L)$ está formado por todos los ciclos de longitud menor o igual a L en el grafo G . En el peor caso, el número de ciclos puede ser del orden de

$$\mathcal{O}(n^L),$$

donde n es el número de nodos en G . Esta cantidad crece de forma exponencial respecto a L , lo que representa un desafío computacional importante.

COMPLEJIDAD DEL ILP Resolver un ILP es, en general, un problema NP-duro. En el modelo planteado, se tienen:

- $\mathcal{O}(n^L)$ variables binarias, una por cada ciclo de longitud menor o igual a L .
- $\mathcal{O}(n)$ restricciones, ya que se impone que cada nodo participe en, a lo sumo, un ciclo.

Por tanto, la complejidad en el peor caso para resolver este ILP es exponencial en el número de variables, lo que se puede expresar, en términos muy generales, como

$$\mathcal{O}(2^{n^L}).$$

Esta cota, aunque muy conservadora, refleja la dificultad intrínseca del problema cuando $L > 2$.

Cuando $L > 2$, la solución se vuelve computacionalmente inviable para grafos grandes, debido al crecimiento exponencial en la cantidad de ciclos a considerar y, en consecuencia, en el número de variables del ILP. En la práctica, para mitigar este problema se pueden aplicar técnicas de reducción del conjunto de ciclos, particionamiento del grafo o métodos aproximados que permitan obtener soluciones de alta calidad en tiempos razonables.

2.5 APROXIMACIÓN BASADA EN LA DESCOMPOSICIÓN DEL GRAFO EN SUBGRAFOS DISJUNTOS

Dado que la formulación basada en ciclos presenta desafíos computacionales cuando el tamaño del grafo es grande, exploramos una estrategia alternativa basada en la descomposición del grafo en subgrafos disjuntos. Esta aproximación divide el grafo $G = (V, E)$ en k subgrafos G_1, G_2, \dots, G_k de manera que cada subgrafo pueda resolverse de forma independiente mediante la formulación basada en ciclos presentada en la Sección anterior.

2.5.1 ESTRATEGIA DE DESCOMPOSICIÓN

Para dividir el grafo G en k subgrafos disjuntos G_1, \dots, G_k , consideramos varias estrategias:

- **Descomposición basada en componentes conexos:** Se identifican las componentes conexas del grafo y cada componente se trata como un subgrafo independiente. Esta estrategia es eficiente si el grafo original presenta una estructura naturalmente fragmentada.
- **Particionamiento aleatorio:** Se asignan los nodos de G a k subgrafos de manera aleatoria, asegurando que cada subgrafo tenga aproximadamente el mismo número de nodos.
- **Descomposición basada en clusters:** Se aplica un algoritmo de clustering (por ejemplo, k -means sobre las representaciones de los nodos) para agrupar nodos con alta interconexión dentro del mismo subgrafo, minimizando las interacciones entre subgrafos distintos.
- **Descomposición mediante eliminación de aristas de baja prioridad:** Se eliminan aristas con pesos bajos o baja centralidad, dividiendo así el grafo en múltiples componentes separadas.

2.5.2 APLICACIÓN DE LA SOLUCIÓN EN LOS SUBGRAFOS

Una vez obtenida la descomposición G_1, G_2, \dots, G_k , aplicamos a cada subgrafo la formulación de ciclos presentada en la Sección anterior. La solución óptima de cada subgrafo contribuye a la solución global. Dado que los subgrafos son disjuntos, la combinación de sus soluciones locales forma una solución válida para el problema original.

2.5.3 VENTAJAS Y LIMITACIONES

Esta aproximación presenta varias ventajas:

- **Reducción del tiempo de cómputo:** Al resolver el problema en subgrafos más pequeños, se reduce el tamaño de las instancias de ILP, mejorando la escalabilidad.
- **Posibilidad de paralelización:** Cada subgrafo se puede resolver de manera independiente, lo que permite aprovechar arquitecturas paralelas y distribuidas.
- **Mayor control sobre la estructura de la solución:** Dependiendo del método de particionamiento, se pueden preservar propiedades estructurales del grafo original.

Sin embargo, también presenta ciertas limitaciones:

- **Posible pérdida de optimalidad:** Al dividir el grafo, se restringen las posibles combinaciones de ciclos, lo que puede llevar a soluciones subóptimas en comparación con la resolución del problema sobre el grafo completo.
- **Sensibilidad a la estrategia de particionamiento:** La calidad de la solución depende en gran medida de cómo se dividen los nodos entre los subgrafos. Una partición inadecuada puede fragmentar ciclos importantes, reduciendo la calidad de la solución.

2.5.4 COMPLEJIDAD COMPUTACIONAL DE LA SOLUCIÓN POR DESCOMPOSICIÓN EN SUBGRAFOS

La aproximación basada en la descomposición del grafo en subgrafos disjuntos presenta una complejidad que depende tanto del proceso de particionamiento como de la resolución del ILP en cada subgrafo.

En primer lugar, el proceso de particionamiento se puede realizar en tiempo polinomial mediante técnicas como el particionamiento aleatorio o el clustering. Supongamos que el grafo original $G = (V, E)$ contiene n nodos y se divide en k subgrafos G_1, G_2, \dots, G_k , de modo que cada subgrafo contenga aproximadamente $\frac{n}{k}$ nodos.

En cada subgrafo se aplica la formulación basada en ciclos. Para ciclos de longitud a lo sumo L , el número de ciclos en el peor caso es del orden de

$$\mathcal{O}\left(\left(\frac{n}{k}\right)^L\right).$$

Dado que resolver un ILP es, en general, un problema NP-duro, el tiempo de cómputo para resolver el ILP de un subgrafo puede ser exponencial respecto al número de variables, lo que se puede expresar de manera aproximada como

$$\mathcal{O}\left(2^{\left(\frac{n}{k}\right)^L}\right).$$

La solución global se obtiene combinando las soluciones de los k subproblemas, por lo que la complejidad total en el peor caso es

$$\mathcal{O}\left(k \cdot 2^{\left(\frac{n}{k}\right)^L}\right).$$

No obstante, es importante destacar que esta cota teórica es muy conservadora. En la práctica, la reducción del tamaño de cada subgrafo y la posibilidad de resolver los subproblemas en paralelo contribuyen a una mejora significativa en el tiempo de cómputo. En resumen, aunque la descomposición en subgrafos no elimina la complejidad NP-dura del problema, permite abordar instancias de mayor tamaño de forma más eficiente y escalable.

2.6 ANÁLISIS DE LA COMPLEJIDAD DE APROXIMACIONES

El problema de encontrar una cobertura de ciclos de tamaño L (denotado como L -UCC) es APX-hard.

Definición 2 (Clase APX). La clase **APX** es el conjunto de problemas de optimización para los cuales existe un algoritmo de aproximación en tiempo polinomial con una **razón de aproximación constante**.

Definición 3 (APX-hard). Un problema de optimización Π es **APX-hard** si todo problema en la clase APX puede ser reducido a Π mediante una **reducción de aproximación** que preserva la razón de aproximación.

Para demostrar que un problema es APX-hard, se utiliza una **reducción L** desde un problema ya conocido como APX-hard al problema en cuestión. Una reducción L debe cumplir las siguientes condiciones:

1. **Preservación de la optimalidad:**

$$\text{opt}(I') \leq c \cdot \text{opt}(I),$$

donde c es una constante y $\text{opt}(I)$ es el valor óptimo de la instancia original.

2. **Preservación de la aproximación:** Si existe una solución aproximada para el problema reducido con una razón de aproximación α , entonces se puede obtener una solución aproximada para el problema original con una razón de aproximación β , donde β es una función de α .

Una demostración de que el problema de Cobertura de ciclos es APX-hard es mediante una reducción desde el problema de cubrimiento de vértices (Min-Vertex-Cover), que es conocido por ser APX-completo.^[7]

Por lo tanto, el problema de Cobertura de Ciclos representa un desafío significativo, ya que no solo es un problema NP-duro, sino que también carece de un esquema de aproximación eficiente. En particular, se ha demostrado que no admite un esquema de aproximación en tiempo polinomial (PTAS) a menos que $P = NP$, lo que implica que no es posible encontrar aproximaciones arbitrariamente cercanas al óptimo en tiempo polinomial.

2.7 APROXIMACIÓN MEDIANTE EL CLIQUE DE MÁXIMO COSTE

Dado que no siempre es posible garantizar la existencia de una cobertura de ciclos donde todos los ciclos tengan tamaño t , con $t \leq l$ y $l \geq 2$, se propone una aproximación al problema de **Ciclos**

Disjuntos en Vértices que maximice la cantidad de vértices cubiertos. Formalmente, el problema puede describirse de la siguiente manera:

Definición 4 (Problema de Ciclos Disjuntos en Vértices). Dado un grafo $G = (V, E)$, donde:

- V es el conjunto de vértices,
- E es el conjunto de aristas,
- $l \geq 2$ es un entero que representa la longitud máxima permitida para los ciclos,

el objetivo es encontrar un conjunto de ciclos disjuntos en vértices $\mathcal{C} = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}$ tal que:

1. Cada ciclo $C_i \in \mathcal{C}$ tiene una longitud $t \leq l$.
2. Se maximice el número total de vértices cubiertos:

$$\text{Maximizar } \sum_{C_i \in \mathcal{C}} |C_i|,$$

donde $|C_i|$ denota el número de vértices en el ciclo C_i .

Esta aproximación implica que, en el contexto de aplicaciones prácticas (como el intercambio de medicamentos), algunas personas (vértices) no podrán ser asignadas a un ciclo y, por lo tanto, no recibirán el medicamento que necesitan. Sin embargo, el objetivo es garantizar que la mayor cantidad posible de personas puedan participar en intercambios satisfactorios.

Una posible aproximación para resolver el problema de **Ciclos Disjuntos en Vértices** es transformarlo en un problema de **Clique de Máximo Coste**. A continuación, se describe formalmente esta transformación:

Definición 5 (Transformación a Clique de Máximo Coste). Se construye un nuevo grafo $G' = (V', E')$, donde:

- Cada vértice $v' \in V'$ representa un ciclo C_i en G de longitud $t \leq l$.
- El peso $w(v')$ de cada vértice $v' \in V'$ es igual al número de vértices en el ciclo C_i , es decir, $w(v') = |C_i|$.
- Existe una arista $(u', v') \in E'$ entre dos vértices u' y v' en G' si y solo si los ciclos correspondientes C_i y C_j en G no comparten ningún vértice (es decir, $C_i \cap C_j = \emptyset$).

El objetivo es encontrar una clique en G' que maximice la suma de los pesos de los vértices en la clique:

$$\text{Maximizar } \sum_{v' \in C} w(v'),$$

donde $C \subseteq V'$ es una clique en G' .

Encontrar un clique de costo máximo en G' equivale a encontrar un conjunto de ciclos disjuntos en G que cubran la mayor cantidad de vértices.

Definición 6 (Problema de Clique de Máximo Coste). Dado un grafo no dirigido $G = (V, E)$, donde:

- V es el conjunto de vértices,
- E es el conjunto de aristas,
- Cada vértice $v \in V$ tiene un peso (o coste) asociado $w(v)$,

el objetivo es encontrar un subconjunto $C \subseteq V$ tal que:

1. C sea una **clique**: para todo par de vértices $u, v \in C$, existe una arista $(u, v) \in E$.
2. La suma de los pesos de los vértices en C sea máxima:

$$\text{Maximizar } \sum_{v \in C} w(v).$$

2.8 ADAPTACIÓN DEL ALGORITMO DE COLONIA DE HORMIGAS PARA EL PROBLEMA DEL CLIQUE DE MÁXIMO COSTO

En esta sección, se describe la adaptación del algoritmo de colonia de hormigas (ACO) presentado en [8] para resolver el problema del clique de máximo costo. La principal diferencia con el algoritmo original radica en la incorporación de los costos asociados a los nodos, lo que permite encontrar no solo el clique de mayor tamaño, sino aquel que maximice la suma de los costos de sus nodos.

2.8.1 SELECCIÓN DE VÉRTICES

En el algoritmo original, la selección de un vértice para ser añadido al clique se basa en la feromona depositada en las aristas y el grado de los vértices candidatos. En nuestra adaptación, se introduce un nuevo factor: el costo asociado a cada nodo. La probabilidad de selección de un vértice v_i se calcula como:

$$P(v_i) = \frac{[\tau(v_i)]^\alpha \cdot [c(v_i)]^\beta \cdot [g(v_i)]^\gamma}{\sum_{v_j \in \text{candidatos}} [\tau(v_j)]^\alpha \cdot [c(v_j)]^\beta \cdot [g(v_j)]^\gamma}$$

donde:

- $\tau(v_i)$ es la cantidad de feromona asociada al vértice v_i ,
- $c(v_i)$ es el costo del vértice v_i ,
- $g(v_i)$ es el grado del vértice v_i dentro del conjunto de candidatos,
- α , β , y γ son parámetros que controlan la influencia de la feromona, el costo y el grado, respectivamente.

2.8.2 CONSTRUCCIÓN DEL CLIQUE

El proceso de construcción del clique comienza con la selección aleatoria de un vértice inicial. A continuación, se seleccionan iterativamente vértices candidatos que estén conectados a todos los vértices del clique actual. La selección se realiza utilizando la probabilidad definida anteriormente, lo que permite priorizar vértices con mayor feromona, mayor costo y mayor grado.

2.8.3 ACTUALIZACIÓN DE FEROMONAS

La actualización de feromonas se realiza considerando el costo total del clique encontrado. La feromona se evapora en todos los vértices según un factor ρ , y se deposita feromona adicional en los vértices que forman parte de los cliques encontrados. La cantidad de feromona depositada en un vértice v_i es proporcional al costo total del clique al que pertenece:

$$\tau(v_i) = \tau(v_i) \cdot \rho + \frac{\text{costo_clique}}{|\text{clique}|}$$

donde costo_clique es la suma de los costos de los nodos en el clique.

2.8.4 ALGORITMO GENERAL

El algoritmo general sigue el mismo esquema que el propuesto en [8], pero con las modificaciones mencionadas para incorporar los costos de los nodos. El pseudocódigo del algoritmo adaptado es el siguiente:

Algorithm 1 Algoritmo ACO para el Clique de Máximo Costo

Require: Grafo G , costos de los nodos c , número de hormigas, α , β , γ , ρ , número de ciclos

Ensure: Clique de máximo costo

```

1: Inicializar feromonas  $\tau(v_i) = 1.0$  para todo  $v_i \in V$ 
2: Inicializar mejor_clique  $\leftarrow \emptyset$ 
3: Inicializar mejor_costo  $\leftarrow 0$ 
4: for ciclo = 1 to número de ciclos do
5:   for hormiga = 1 to número de hormigas do
6:     Construir clique  $C$  utilizando la selección
       de vértices basada en feromonas, costos y
       grados
7:     Calcular costo_clique  $\leftarrow \sum_{v_i \in C} c(v_i)$ 
8:     if costo_clique > mejor_costo then
9:       mejor_clique  $\leftarrow C$ 
10:      mejor_costo  $\leftarrow$  costo_clique
11:     end if
12:   end for
13:   Actualizar feromonas basado en los cliques
     encontrados y sus costos
14: end for
15: return mejor_clique, mejor_costo
```

Esta adaptación permite encontrar cliques maximizando su costo, por lo que además es útil para encontrar los ciclos disjuntos que maximizan la cantidad de vértices cubierto.

3 DISTRIBUCIÓN DE LOS MEDICAMENTOS A LOS CLIENTES

El problema consiste en un conjunto de lugares donde se desean entregar y recoger productos, ya que en un posible intercambio ningún usuario se queda sin recibir o sin entregar su producto. En cada lugar se recoge y se entrega un único producto. El producto que se encuentra en un lugar es recogido siempre la primera vez que se visita ese lugar. Además, existe un punto de partida al que denominaremos origen, de donde sale el vehículo, en este caso un camión, encargado de hacer la recogida y entregas. Al final del recorrido, este debe retornar al origen. Dado que se conocen los costos de los viajes entre todo par de lugares, y de cada lugar al origen, se desea minimizar el costo de la entrega de los productos.

3.1 MODELACIÓN DEL PROBLEMA

- El origen es denominado como lugar 0. En este no se recoge ni se entrega ningún producto. Toda ruta válida comienza y termina en el origen.
- Matriz de costos: Tiene el costo de viajar de un lugar a otro. Es simétrica. El costo de ir de un lugar a él mismo es 0.
- Las relaciones de recogida y entrega entre los lugares pueden ser vistas como un ciclo $c_1, c_2, \dots, c_{n-1}, c_n, c_1$, donde el producto que se entrega en c_{k+1} es recogido en c_k , $\forall k : 1 \leq k \leq n$, ya que en cada c_k se recoge y se entrega un único producto.

3.2 DEMOSTRACIÓN DE NP-HARD

Para proceder a la demostración, modificaremos el problema de recogida y entrega de productos, extendiéndolo a decidir si existe una ruta de costo k que satisfaga la entrega de productos en todos los lugares, dado el coste de viajar entre todo par de lugares y las relaciones de dependencia entre lugares, a cada lugar i se le asigna una máscara de bits que representa los lugares que tienen el producto necesario. A su vez, toda ruta debe cumplir que el producto recogido en un lugar se entregue en un único lugar diferente de él.

Reducir Ciclo hamiltoniano a Problema de Recogida y Entrega de Productos Extendido :

Definición 7 (Ciclo Hamiltoniano). Sea $G = (V, E)$ un grafo no dirigido, donde V es el conjunto de vértices y E el conjunto de aristas.

Un **ciclo hamiltoniano** es un ciclo en G que visita cada vértice exactamente una vez, excepto el vértice inicial, que se repite al final para cerrar el ciclo. Es decir, es una secuencia de vértices $v_1, v_2, \dots, v_n, v_1$ tal que:

- $v_i \neq v_j$ para todo $i \neq j$, excepto cuando $v_1 = v_n$.
- $(v_i, v_{i+1}) \in E$ para $i = 1, \dots, n-1$.
- $(v_n, v_1) \in E$, cerrando el ciclo.

El problema de determinar si un grafo tiene un Ciclo Hamiltoniano es NP-Completo, y por ende NP-Hard. [4]

La entrada al problema del **Ciclo Hamiltoniano** es un grafo dirigido $G = (V, E)$, donde V es el conjunto de vértices y $E \subseteq V \times V$ es el conjunto de aristas. A partir de ello, se define lo siguiente:

1. **Matriz de adyacencia con costes:** Sea $n = |V|$, se define una matriz C de tamaño $n \times n$, donde cada entrada $C_{i,j}$ representa la existencia o ausencia de una arista entre los vértices i y j . Esta matriz se define como:

$$C_{i,j} = \begin{cases} 1 & \text{si } (i,j) \in E, \\ \infty & \text{si } (i,j) \notin E, \end{cases}$$

$\forall i, j \in V$. Además, para el vértice que representa el origen 0, se cumple que:

$$C_{0,i} = C_{i,0} = 1 \quad \forall i \in V.$$

2. **Función de predecesores binarios:** Se define una función $f : V \rightarrow \mathbb{N}$, donde para cada vértice $j \in V$, el valor $f(j)$ se calcula como:

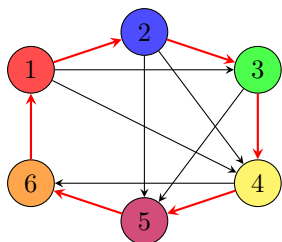
$$f(j) = \sum_{(i,j) \in E} 2^i,$$

es decir, la suma de 2^i para todos los vértices i que son predecesores de j en el grafo. Para el origen, se cumple que:

$$f(0) = 2^{n+1} - 2$$

, ya que desde cualquier lugar se puede ir al origen.

Esta es la entrada al problema de Recogida y entrega de Productos. A continuación se muestra un ejemplo de ambas entradas.



Matriz de Costes C

$$C = \begin{bmatrix} \infty & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & \infty & 1 & 1 & 1 & \infty & \infty \\ 1 & \infty & \infty & 1 & 1 & 1 & \infty \\ 1 & \infty & \infty & \infty & 1 & 1 & \infty \\ 1 & \infty & \infty & \infty & \infty & 1 & 1 \\ 1 & \infty & \infty & \infty & \infty & \infty & 1 \\ 1 & 1 & \infty & \infty & \infty & \infty & \infty \end{bmatrix}$$

Función f para cada uno de los vértices

$$f = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 \\ 62 & 1 & 2 & 6 & 46 & 60 & 48 \end{bmatrix}$$

Correctitud

Existe un ciclo Hamiltoniano en $G \iff$ existe una ruta de costo $n+2$ con las entradas C y f .

- \Leftarrow Sea r una posible ruta de recogida y entrega de productos de costo $n+2$, entonces $r = [x_0, x_1, \dots, x_n, x_{n+1}, x_{n+2}]$, ya que para que el costo de una ruta sea m esta debe tener $m+1$ lugares, pues los únicos posibles costos de viajar entre dos lugares son 1 y ∞ , y de existir x_k , con $0 \leq k \leq n+1$ tal que $C_{x_k, x_{k+1}} = \infty$ el costo de la ruta sería ∞ . Además, se cumple que $x_0 = x_{n+2} = 0$, ya que la ruta debe iniciar en el origen y terminar en este. Todos los lugares deben ser visitados al menos una vez para que se les pueda entregar los productos, y existen n lugares diferentes sin contar el origen. Como en $[x_1, \dots, x_{n+1}, x_{n+1}]$ hay $n+1$ lugares, entonces hay exactamente un lugar que es visitado dos veces, por *Principio del Palomar* [3]. Si existiera más de un lugar que fue visitado más de una vez, entonces $\sum_{k=0}^{n+1} \sum C_{x_k, x_{k+1}} > n+2$. El lugar que es visitado dos veces es x_1 , ya que al visitar x_1 no se le puede entregar su producto, ya que este no ha sido recogido, pues el único lugar que se visitó antes fue el origen, que no contiene ningún producto. Si $x_1 = x_i$, con $i < n+1$, entonces $x_{n+1} \neq x_2$, por lo que x_{n+1} solo aparece una vez, entonces el producto recogido en x_{n+1} no puede ser entregado en ningún lugar, ya que el único lugar que es visitado después, es el origen. Por tanto, se cumple que $x_2 = x_{n+1}$. Dado r , es posible obtener un ciclo c en G que contenga todos los vértices una sola vez, $c = [x_1, \dots, x_n, x_1]$, pues a cada par $x_k, x_{k+1} \in r$, le corresponde un arco $(x_k, x_{k+1}) \in E$, pues en caso contrario $C_{k,k+1} \neq 1$. Por tanto, por cada ruta válida con costo $n+2$, existe un ciclo hamiltoniano en G .

- \Rightarrow Dado un ciclo hamiltoniano h en G , con $h = [x_1, x_2, \dots, x_n, x_1]$, es posible construir una ruta válida de costo $n+2$ para el problema de recogida y entrega de productos. Sea

$r = [0, x_1, x_2, \dots, x_n, x_1, 0]$, esta ruta satisface las dependencias expresadas por la función f , pues $f(x_{k+1}) \& 2^{x_k} \neq 0$, ya que $(x_k, x_{k+1}) \in E$. Además, el costo de r es $n + 2$, pues $\sum_{k=0}^{N+1} \sum C_{x_k, x_{k+1}}$ y contiene todos los lugares porque h es un ciclo hamiltoniano. Por tanto, se cumple que por cada ciclo hamiltoniano en G , existe una ruta válida de recogida y entrega de productos con entradas C y f .

Extensión al problema de Optimización

Sea OPT el problema de hallar la ruta de menor costo que satisface el **Problema de Recogida y Entrega Extendido**. Sea DEC el problema de decisión: decidir si existe una ruta con costo $\leq n + 2$.

Supongamos que existe un algoritmo A que resuelve OPT en tiempo polinomial. Sea c^* el menor costo que se obtiene al ejecutar A .

- Si $c^* \leq n + 2$, entonces existe una ruta con costo $\leq n + 2$.
- Si $c^* > n + 2$, como c^* es la ruta de menor costo, entonces no existe una ruta con costo $\leq n + 2$.

Dado que DEC es NP-Hard, esto implicaría que $P = NP$. Por tanto, queda demostrado que DEC pertenece al conjunto de problemas NP-Duros.

El **Problema de Recogida y Entrega de Productos** es una especialización del **Problema de Recogida y Entrega de Productos Extendido**, donde la matriz de costes es simétrica y el coste de viajar de un lugar a él mismo es 0. Además, la máscara de bits solo tiene un bit activo, por lo que es posible simplificar la función f como una función que devuelva el número del vértice que precede a cada vértice en el ciclo de recogidas y entregas. O sea, dado el ciclo de relaciones de recogidas y entregas $c_1, c_2, \dots, c_{n-1}, c_n, c_{n+1}$, donde $c_{n+1} = c_1$, se cumple que:

$$f(c_{k+1}) = c_k \forall k : 1 \leq k \leq n$$

Por tanto, el **Problema de Recogida y Entrega de Productos** también es NP-Hard.

3.3 SOLUCIONES

Dado que el **Problema de Recogida y Entrega de Productos** pertenece a la clase de problemas NP-difíciles, es decir, para los cuales no se conoce un algoritmo que los resuelva en tiempo polinomial en el peor caso, en esta sección se presenta una solución exacta para el problema formulado, así como algoritmos metaheurísticos que permiten obtener soluciones aproximadas cercanas al óptimo.

3.3.1 SOLUCIÓN EXACTA

El problema planteado es muy similar al **Problema del Viajante (TSP)**[2], pues consiste en hallar la ruta de menor costo.

Definición 8 (Problema del Viajante). Sea un conjunto de n ciudades $C = \{c_1, c_2, \dots, c_n\}$ y una función de costo $d : C \times C \rightarrow \mathbb{R}^+$ que asigna un costo $d(c_i, c_j)$ a viajar entre cada par de ciudades c_i y c_j .

El **Problema del Viajante** consiste en encontrar un ciclo hamiltoniano de costo mínimo, es decir, un recorrido cerrado que visite exactamente una vez cada ciudad y minimice la suma total de los costos de viaje. Matemáticamente, buscamos un ordenamiento π de las ciudades que minimice la siguiente expresión:

$$\sum_{i=1}^{n-1} d(c_{\pi(i)}, c_{\pi(i+1)}) + d(c_{\pi(n)}, c_{\pi(1)})$$

donde $\pi(i)$ representa la i -ésima ciudad visitada en la ruta.

A diferencia de TSP, el problema de Recogida y Entrega presenta restricciones que limitan el orden en que son visitados los lugares. Por ende, la entrada de este problema puede ser modificada para ser resuelto con un algoritmo que resuelva TSP, donde no se tengan en cuenta las permutaciones inválidas. Dado que se tienen $1, 2, \dots, n - 1, n$ lugares, en una ruta óptima, se cumple que cada lugar $l \in 1, \dots, n$ es visitado como máximo dos veces, pues solo existen dos propósitos para visitar un lugar: recoger el producto que se encuentra ahí o entregar el producto correspondiente, cualquier otra visita aumentaría el costo total sin necesidad. El origen, a su vez, es visitado solo al principio y al final de la ruta. Si un lugar l es visitado para recoger un producto lo denominaremos l' y si es visitado para entregar un producto lo denominaremos l'' . Sea p una permutación que representa una posible ruta de vistas a lugares para recoger y entregar productos:

$$p = [0, p_1, p_2, \dots, p_{2n-1}, p_{2n}, 0]$$

, donde p está formado por todos los l', l'' , ya que por cada lugar cada producto debe ser recogido y entregado.

Una permutación p es inválida si y solo si:

- l'' aparece antes que l' .

Un producto no es entregado en un lugar si antes no se ha sido recogido el producto del lugar de entrega.

- l'_i aparece antes que l'_j , donde l_j es el lugar donde se recoge el producto que debe entregarse en l_i , o sea, $f(l_i) = l_j$.

Un producto no puede ser entregado si no se ha recogido con anterioridad.

Por tanto, una ciudad solo debe visitarse si no invalida la ruta que se tiene hasta el momento.

Es creada una nueva matriz de costos C' , de forma tal que $C'_{l'_i, l'_i} = C'_{l'_i, l'_i} = 0$, ya que visitar un lugar para entregar un producto después de que fue visitado para recoger su producto, es equivalente a visitar ese lugar una única vez. Además $C'_{l'_i, l'_j} = C'_{l'_i, l'_j} = C'_{l'_i, l'_j} = C'_{l'_i, l'_j} = C'_{l'_i, l'_j}$. Esta es la entrada al algoritmo que resuelve TSP, junto con el ciclo de dependencias, donde se añaden verificaciones para no formar permutaciones inválidas.

Complejidad La solución propuesta es una modificación de la implementación del algoritmo que resuelve el Problema del Viajante con un enfoque de programación dinámica [5], cuya complejidad temporal es $\mathcal{O}(n^2 * 2^n)$. Las verificaciones añadidas funcionan en tiempo constante, por tanto, la complejidad temporal del algoritmo propuesto no varía, y es $\mathcal{O}(n^2 * 2^n)$.

3.3.2 ALGORITMO DE OPTIMIZACIÓN POR COLONIAS DE HORMIGAS

En la naturaleza, las hormigas encuentran caminos óptimos entre su nido y las fuentes de alimento depositando feromonas sobre el suelo. Cuando muchas hormigas transitan por un mismo camino, la concentración de feromonas se refuerza, haciendo que otras hormigas sean más propensas a seguir esa ruta. Con el tiempo, la ruta más corta (o de mayor eficiencia) tiende a recibir más refuerzo, ya que las hormigas que la utilizan depositan feromonas más frecuentemente debido a que la recorren en menos tiempo.

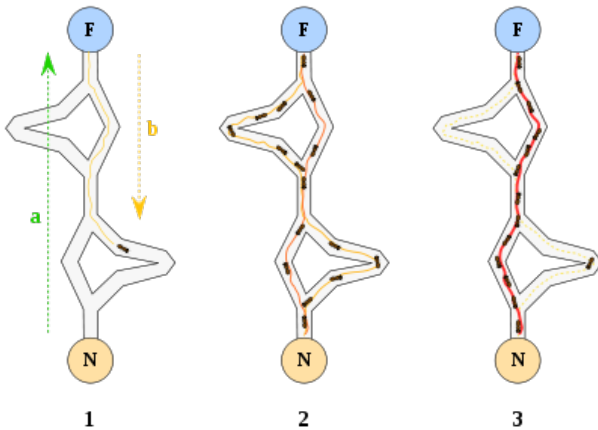


Figure 2: Rutas de las hormigas

En esta solución, las hormigas van construyendo recorridos (posibles soluciones al problema) moviéndose por el grafo de un punto a otro hasta que completan un ciclo. Para ello, primeramente se inicializa una matriz de feromonas con un valor pequeño y constante, como el total de clientes.

Luego, en cada iteración del algoritmo, cada hormiga construye su recorrido ejecutando una regla de transición probabilista que indica qué nodo debe añadir al ciclo que está construyendo. El número de iteraciones máximo que se deja correr al algoritmo depende de la decisión del usuario, ya que no hay un mecanismo a priori que diga si alguna hormiga ya ha encontrado la solución óptima. [1]

Para cada hormiga, la transición de la ciudad i a la ciudad j en una iteración del algoritmo depende de:

- **Si un cliente ha sido ya visitado o no, en el ciclo que está construyendo:** Cada hormiga mantiene en memoria los clientes que ya han visitado en el recorrido actual, y únicamente considera en cada paso los clientes que no han visitado todavía, que denotaremos por J_i^k (clientes no visitados por la hormiga k en esta iteración). De esta forma, aseguramos que al final la hormiga ha construido un recorrido válido.
- **La inversa de la distancia a dicho cliente, $\nu_{ij} = 1/d_{ij}$, que es lo que se llama visibilidad:** Esta medida informa acerca de la bondad de escoger C_j estando en C_i , y puede ser usada por las hormigas para que la distancia entre los clientes consecutivos sea una característica que intervenga en la selección del recorrido que se está construyendo.
- **La cantidad de feromona que hay depositada en la arista que une ambos nodos, que denotaremos por $\tau_{ij}(t)$:** Esta cantidad se actualiza en cada paso, dependiendo de la cantidad de hormigas que han pasado por ella y de que el recorrido final de las hormigas que han usado esta conexión haya sido bueno (en relación con los demás caminos explorados). De alguna forma, mide la inteligencia colectiva del hormiguero, ya que es información que depende del conjunto de hormigas que están realizando la búsqueda.

A partir de las anteriores consideraciones, la probabilidad de que la hormiga k vaya de C_i a C_j en la construcción del recorrido actual, viene dada por una expresión del tipo siguiente:

$$p_{ij}^k(t) = \begin{cases} \frac{[\tau_{ij}(t)]^\alpha [\nu_{ij}]^\beta}{\sum_{l \in J_i^k} [\tau_{il}(t)]^\alpha [\nu_{il}]^\beta}, & \text{si } j \in J_i^k \\ 0, & \text{si } j \notin J_i^k \end{cases}$$

Donde α y β son dos parámetros ajustables que controlan el peso relativo de cada una de las medidas en la heurística resultante.

Con el fin de mejorar los recorridos más prometedores para el problema, y tras completar cada ciclo,

cada hormiga deposita una cantidad de feromona, $\Delta\tau_{ij}^k(t)$, en cada una de las aristas del ciclo que ha construido. Esta cantidad dependerá de lo bueno que ha sido ese recorrido en comparación con el del resto de las hormigas.

Por ejemplo, si la hormiga k ha realizado el recorrido $T^k(t)$, de longitud total $L^k(t)$, para cada par $(i, j) \in T^k(t)$, se puede hacer un depósito de feromona de $\Delta\tau_{ij}^k(t) = Q/L^k(t)$ donde Q es un parámetro del sistema (en la práctica, este parámetro se ajusta para que la influencia de ambas estrategias sea compensada). [1]

De esta forma, los recorridos más largos tendrán menos ganancia de feromona en sus aristas, lo que disminuirá su probabilidad relativa de ser seleccionados en etapas posteriores.

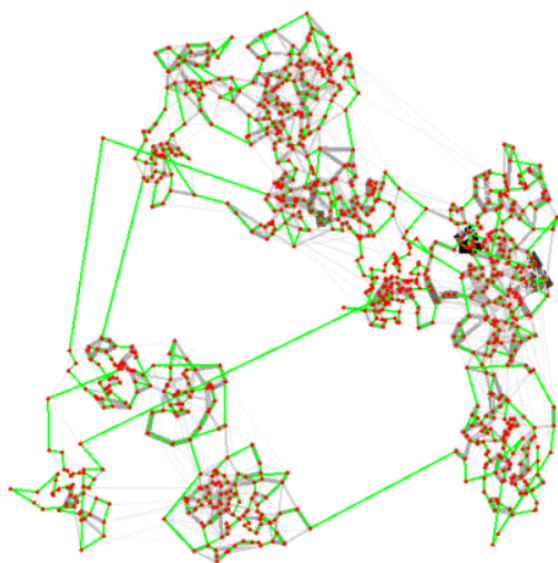


Figure 3: Distribución de feromonas en las rutas

Para que este método funcione correctamente es necesario, además, dejar que la feromona no permanezca indefinidamente, sino que su influencia decaiga en el tiempo. Así, aquellas aristas que no vuelvan a ser visitadas por las hormigas (y que, por tanto, no son reforzadas), tendrán cada vez menos influencia en la heurística de decisión de cada paso. Para conseguir este efecto, en los algoritmos de hormigas se introduce un nuevo parámetro, $0 \leq \rho \leq 1$, junto con una regla de actualización de feromona como sigue:

$$\tau_{ij}(t) \leftarrow (1 - \rho)\tau_{ij}(t) + \Delta\tau_{ij}^k(t)$$

y se supone que, inicialmente, en todas las aristas hay una cantidad pequeña de feromona, τ_0 .

El número total de hormigas que intervienen, que hemos denotado por M en la ecuación anterior, es otro parámetro importante a tener en cuenta:

- demasiadas hormigas tenderán rápidamente a reforzar recorridos que no son óptimos, por lo

que puede ser difícil que el grupo los olvide y encontrar mejores opciones,

- muy pocas hormigas no provocarán el proceso de sinergia esperado, ya que no pueden contrarrestar el efecto de la evaporación de feromona, por lo que, finalmente, la solución que proporcionen sería equivalente al del algoritmo voraz estocástico [1]

La complejidad de esta solución es $O(I \cdot A \cdot n^2)$ siendo I la cantidad de iteraciones, A la cantidad de hormigas y n el número de clientes (si se escoge $A = n$ entonces la complejidad quedaría $O(I \cdot n^3)$). Esta complejidad es debido a que por cada iteración del algoritmo, cada hormiga construye una ruta posible y calcula su distancia total. Realizar estas acciones serían en total $O(n^2)$. Por tanto, la complejidad es la dicha anteriormente.

3.3.3 ALGORITMO GENÉTICO

El Algoritmo Genético (AG) es una técnica de resolución de problemas que se inspira en la evolución biológica como estrategia para la resolución, englobándose en técnicas basadas en poblaciones. Dado un problema específico a resolver, la entrada del AG es un conjunto de soluciones potenciales a ese problema, codificadas de alguna manera, y una métrica llamada función de aptitud, o *fitness*, que permite evaluar cuantitativamente la bondad de cada solución candidata. En el problema de la distribución de los medicamentos, la entrada de AG es un conjunto de rutas posibles y la función de aptitud es la longitud de cada ruta, de manera que la mejor ruta es la que minimiza la distancia total.

A partir de ahí, AG evalúa cada candidata de acuerdo con la función de aptitud. Por supuesto, se debe tener en cuenta que estas primeras candidatas mostrarán baja precisión con respecto a la resolución del problema, y la mayoría no funcionarán en absoluto. Sin embargo, por puro azar, unas pocas pueden ser prometedoras, pudiendo mostrar algunas características que muestren, aunque solo sea de una forma débil e imperfecta, cierta capacidad de solución del problema. Estas candidatas prometedoras son escogidas por un proceso de selección. Entre las técnicas de selección se encuentran los torneos, que eligen subgrupos de individuos de la población, y los miembros de cada subgrupo compiten entre ellos. Sólo se elige a un individuo de cada subgrupo para la reproducción.

Estas candidatas prometedoras se conservan y se les permite reproducirse. Las características individuales de las candidatas se combinan por medio de operaciones de cruzamiento para generar nuevos descendientes (simulando lo que sería la reproducción sexual). En el problema en cuestión se utiliza el *Order Crossover - OX*, que a diferencia del cruzamiento de un punto, dos puntos y el uniforme, en

este cruzamiento se respeta el principio de permutación y cada elemento aparece en un individuo una sola vez.

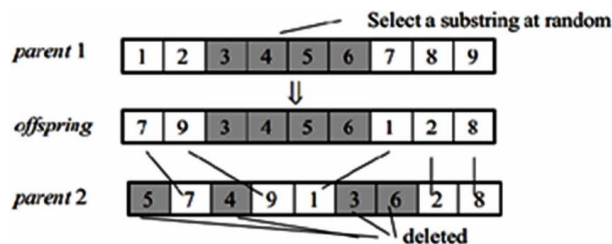


Figure 4: Diagrama del *Order Crossover*.

Luego, se generan múltiples copias de ellas, pero estas copias no son perfectas, ya que durante el proceso de duplicación se introducen algunos cambios aleatorios, similares a las mutaciones que pueden sufrir los descendientes de una población. Esta descendencia digital continúa en la siguiente generación, formando un nuevo conjunto de soluciones candidatas, las cuales son nuevamente sometidas a una ronda de evaluación de aptitud. Las candidatas que han empeorado o no han mejorado con las mutaciones son eliminadas; sin embargo, por puro azar, las variaciones aleatorias introducidas en la población pueden haber mejorado a algunos individuos, convirtiéndolos en soluciones del problema más completas o eficientes. El proceso se repite las iteraciones que sean necesarias hasta que se obtengan soluciones suficientemente buenas.

Podemos dar una primera formalización del proceso anterior por medio del siguiente pseudocódigo:

```

AG:
  Crea población inicial
  Evalúa los cromosomas de la población inicial
  Repite hasta que se cumpla la condición de parada
    Selección de los cromosomas más aptos en la nueva población
    Cruzamiento de los cromosomas de la población
    Mutación de los cromosomas de la población
  Evaluación de los cromosomas de la población
  Devuelve la mejor solución (la más apta) en la población

```

Aunque pueda parecer asombroso, anti-intuitivo, y quizás como algo de suerte y magia, los AG han demostrado ser una estrategia enormemente poderosa y exitosa para resolver problemas, mostrando de manera espectacular el poder de los principios evolutivos. Además, las soluciones que consiguen son a menudo más eficientes, más elegantes o más complejas que las que un humano produciría.

Este algoritmo de aproximación posee una complejidad $O(G \cdot P \cdot n)$, siendo G la cantidad de generaciones o iteraciones del algoritmo, P el tamaño de la población y n la cantidad de clientes.

3.4 RESULTADOS EXPERIMENTALES

Para realizar un análisis sobre la precisión de las respuestas de los algoritmos implementados se re-

alizaron 10 iteraciones a los algoritmos, es decir, con 10 valores de n distintos. Se comenzó con $n = 2$ hasta $n = 12$; en la práctica debido a la resolución del problema se calculan los algoritmos con las cantidades de clientes duplicadas, entonces sería desde $n = 4$ hasta $n = 24$, moviéndose de dos en dos. El análisis del algoritmo exacto para el problema de Recogida y Entrega, el cual es una especialización del *TSP*, en relación a los algoritmos aproximados *Algoritmo de Optimización de Colonia de Hormigas* y *Algoritmo Genético*, se visualiza a continuación:

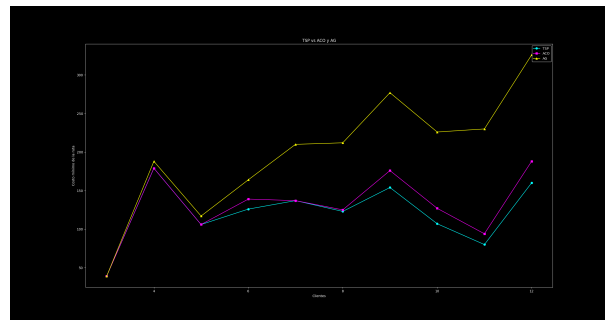


Figure 5: Comparación de los algoritmos para el problema de Recogida y Entrega.

Se puede apreciar que los algoritmos aproximados distan en una medida del algoritmo exacto. El *Algoritmo de Optimización de Colonia de Hormigas* en relación con el *Algoritmo Genético* presenta una mejor precisión del resultado, incluso a medida que aumenta el número de clientes. Sin embargo, en dependencia de los parámetros que se utilizan en ambos algoritmos de aproximación, el *Algoritmo Genético* suele ser más eficiente que el *Algoritmo de Optimización de Colonia de Hormigas* para valores grandes de n .

4 CONCLUSIONES

El estudio realizado demuestra que el problema del intercambio de medicamentos en Cuba puede modelarse de manera efectiva utilizando teoría de grafos y técnicas de optimización. La formulación del problema como un ILP permite encontrar soluciones óptimas, aunque su complejidad computacional es alta. La descomposición en subgrafos mejora la escalabilidad del método, permitiendo abordar instancias más grandes con menor costo computacional. En cuanto a la distribución de medicamentos, la modelación basada en TSP y la implementación de algoritmos metaheurísticos han mostrado ser enfoques viables para optimizar el proceso logístico. En particular, el Algoritmo de Colonia de Hormigas y los Algoritmos Genéticos ofrecen soluciones cercanas al óptimo en tiempos de cómputo razonables. Este trabajo sienta las bases para futuras mejoras en los métodos de distribución

y asignación de medicamentos en contextos de crisis.

REFERENCIAS

- [1] Sancho Caparrini, Fernando (2018). Hormigas y el Problema del Viajante. Noviembre, 2018.
- [2] Applegate, D. L., Bixby, R. E., Chvátal, V., Cook, W. J. (2006). The Traveling Salesman Problem: A Computational Study. Princeton University Press.
- [3] Graham, R. L., Knuth, D. E., Patashnik, O. (1994). Concrete Mathematics: A Foundation for Computer Science. Addison-Wesley, pp. 15–16.
- [4] GeeksforGeeks contributors, “Proof that Hamiltonian cycle is NP-complete,” Disponible en: <https://www.geeksforgeeks.org/proof-that-hamiltonian-cycle-is-np-complete/>. Consultado el 13 de febrero de 2025.
- [5] GeeksforGeeks. (n.d.). *Travelling Salesman Problem using Dynamic Programming*. Recuperado el 6 de febrero de 2025 de <https://www.geeksforgeeks.org/travelling-salesman-problem-using-dynamic-programming/>.
- [6] Wikipedia contributors, “3-dimensional matching,” *Wikipedia, The Free Encyclopedia*, Disponible en: https://en.wikipedia.org/wiki/3-dimensional_matching#CITEREFKarp1972. Consultado el 13 de febrero de 2025.
- [7] Schwartz, S. (2022). An overview of graph covering and partitioning. *Discrete Mathematics*, 345(8), 112884. Sección 2: The Hardness of Approximating L-Cycle Covers.
- [8] J. C. Ponce, E. E. Ponce de León, A. Padilla, F. Padilla, y A. O. O. Zezzatti. *Algoritmo de Colonia de Hormigas para el Problema del Clique Máximo con un Optimizador Local K-opt*. Hifen, Uruguaiana, V. 30, n^o 58, II semestre 2006.