

Nota de Aceptación:

Proyecto de Diseño Aprobado, en cumplimiento de los requisitos exigidos por la Pontificia Universidad Javeriana Cali para optar el título de Ingeniero Industrial.

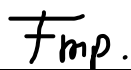

HERNÁN CAMILO ROCHA NIÑO
Decano de la Facultad de Ingeniería y Ciencias



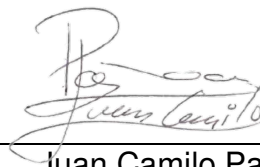
JORGE ENRIQUE ÁLVAREZ PATIÑO
Director Carrera Ingeniería Industrial



Daniel Morillo Torres
Director Proyecto de Diseño



Francisco Muñoz Prado
Jurado 1



Juan Camilo Paz
Jurado 2

Santiago de Cali, noviembre 22 de 2021

Ingeniero

Jorge Enrique Álvarez Patiño

Director Carrera de Ingeniería Industrial

Pontificia Universidad Javeriana

Cali

Asunto: Carta de aval para entrega final Proyecto de Diseño # 20232106

Por medio de la presente doy aval para la entrega final a la carrera, del documento que soporta el Proyecto de diseño # 20232106, bajo mi dirección, desarrollado por los estudiantes Juan Felipe Ortega Bedoya, Juan Felipe Otero Villamarin, Alejandro Patiño Espinosa, José David Solano Ossa titulado “*Diseño de una metaheurística basada en el algoritmo genético para la solución del problema de intercambio de riñones en Estados Unidos*”.

Cordialmente.



Daniel Morillo Torres
Phd.



Juan Felipe Ortega
Bedoya



Alejandro **Patiño**
Espinosa



Juan Felipe Otero
Villamarin



José **David** **Solano**
Ossa



Diseño de una metaheurística basada en el algoritmo genético para la solución del problema de intercambio de riñones en Estados Unidos.

Juan Felipe Ortega Bedoya 1^{a,c} . Juan Felipe Otero Villamarin 2^{a,c} . Alejandro Patiño Espinosa 3^{a,c} . Jose David Solano Ossa 4^{a,c}

Daniel Morillo Torres^{b,c}.

^aEstudiante de Ingeniería Industrial

^bProfesor. Director del Proyecto de Grado. Departamento de Ingeniería Civil e Industrial

^cPontificia Universidad Javeriana. Cali. Colombia

^dEntidad y área donde realizó el estudio

Resumen – En los Estados Unidos, las complicaciones renales ocupan la octava posición como causa de muerte más frecuente, generando listas de espera que se acercan a las 100,000 personas, con solo alrededor de 25,000 accediendo a trasplantes renales. Ante la dificultad de suplir la demanda total de riñones necesarios, han surgido programas de intercambio renal que involucran donantes, receptores y altruistas, buscando establecer intercambios con cadenas o ciclos de longitud reducida por consideraciones logísticas. Frente al aumento de estos intercambios y programas tanto en Estados Unidos como en Europa, se ha desarrollado una metaheurística basada en el algoritmo genético. Esta estrategia ha sido concebida para abordar casos de prueba de mayor envergadura, superando las limitaciones de los modelos matemáticos convencionales. La aplicación de esta metaheurística proporciona una solución eficaz y escalable, mejorando la asignación de riñones en un contexto de alta demanda y limitaciones logísticas, ofreciendo respuestas a desafíos previamente considerados inabordable.

Abstract - In the United States, renal complications rank eighth as the most frequent cause of death, leading to waiting lists approaching 100,000 individuals, with only around 25,000 gaining access to kidney transplants. Faced with the challenge of meeting the total demand for necessary kidneys, renal exchange programs involving donors, recipients, and altruists have emerged, aiming to establish exchanges with chains or cycles of reduced length due to logistical considerations. With the growing prevalence of these exchanges and programs in both the United States and Europe, a metaheuristic based on the genetic algorithm has been developed. This strategy is designed to address larger-scale test cases, surpassing the limitations of conventional mathematical models. The application of this metaheuristic provides an effective and scalable solution, enhancing the allocation of kidneys in a context of high demand and logistical constraints, offering answers to challenges previously deemed insurmountable.

Palabras claves – Metaheurística, Algoritmo genético, donador, receptor, altruista, riñon, intercambio.

Key Words - Metaheuristic, Genetic algorithm, Donor, Recipient, Altruist, Kidney, Exchange.

Tabla de contenido

I.	DEFINIR.....	8
A.	Contexto y Justificación.....	8
B.	Grupos de interés (¿Quiénes son los actores interesados?)	11
C.	Requerimientos	12
II.	MEDIR.....	14
A.	Aplicabilidad de la problemática.....	14

B.	Casos de prueba	16
C.	Key Performance Indicator	17
III.	ANALIZAR	21
A.	Análisis de oportunidad	21
B.	Revisión de literatura	22
C.	Exploración de ideas y selección de alternativa	24
D.	Objetivo general.....	25
E.	Plan de trabajo (PdT)	25
IV.	DISEÑO.....	27
A.	Desarrollo de la solución.....	27
B.	Algoritmo.....	38
C.	Validación.....	40
V.	VERIFICAR.....	41
A.	Medición de impactos y resultados.	41
B.	Experimentación Método Taguchi	45
C.	Análisis financiero	49
D.	Impacto social	50
E.	Estandarización de la solución.	50
F.	Conclusiones	51
G.	Recomendaciones	52
VI.	GLOSARIO	53
VII.	REFERENCIAS.....	53
VIII.	ANEXOS	56

Índice de Tablas

TABLA I	CLASIFICACIÓN DE GRUPOS DE INTERÉS.	11
TABLA II	REQUERIMIENTOS DE GRUPOS DE INTERES	13
TABLA III	NATIONAL KEY FEATURES	14
TABLA IV	RESUMEN DE CASOS APLICADOS.....	15
TABLA V	PLANTEAMIENTO DE KPI'S.....	17
TABLA VI	SITUACIONES DE CASOS ACTUALES	19
TABLA VII	COMPARACIÓN DE RESULTADOS MANUALES CON EL MODELO PICEF.....	21
TABLA VIII	REVISIÓN DE LITERATURA.....	23
TABLA IX	PDT.	25
TABLA X	COMPARACIÓN DE RESULTADOS DE PICEF Y GA	40
TABLA XI	ESPECIFICACIONES DEL COMPUTADOR UTILIZADO.....	41
TABLA XII	COMPARACIÓN RESULTADOS OBTENIDOS GA - PICEF	42
TABLA XIII	VARIACIÓN PORCENTUAL DE LOS TRASPLANTES REALIZADOS Y EL TIEMPO DE SOLUCIÓN.	43
TABLA XIV	EXPERIMENTOS Y PARÁMETROS A USAR	46
TABLA XV	ANÁLISIS FINANCIERO DEL PROYECTO.....	49
TABLA XVI	TABLA DE ANEXOS	56

Índice de Fig.

Fig. 1. Cantidad total de pacientes que recibieron un trasplante de riñón [6].	8
Fig. 2. Cantidad de pacientes que recibieron un riñón por tipo de donante [6].	9
Fig. 3. Cantidad de trasplantes realizados por intercambio de riñón [7].	9
Fig. 4. Demostración de la compatibilidad por tipo de sangre [5].	10
Fig. 5. Simulación de programa de trasplante de riñón.	10
Fig. 6. Ponderación de los grupos de interés.	12
Fig. 7. Resultados con diferente cardinalidad.	16
Fig. 8. Leyenda de grafos.	19
Fig. 9. Grafo de instancia 30.	19
Fig. 10. Grafo de instancia 70.	20
Fig. 11. Grafo de instancia 110.	20
Fig. 12. Grafo instancia 150.	21
Fig. 13. Solución manual 1 para instancia 30.	22
Fig. 14. Solución manual 2 para instancia 30.	22
Fig. 15. Resultados del modelo Ant Lion.	23
Fig. 16. Resultados del modelo.	23
Fig. 17 Resultado del modelo Swarm.	23
Fig. 18. Resultado del tiempo tomado.	24
Fig. 19. Ejemplo de la representación de cromosoma para el KEP.	29
Fig. 20. Esquema de un cromosoma en el que se ha seleccionado el primer nodo para buscar los intercambios.	29
Fig. 21. Esquema que representa la ramificación de los posibles intercambios desde el nodo 5.	30
Fig. 22. Primer intercambio candidato del cromosoma ejemplo.	30
Fig. 23. Ejemplo de la ramificación de un cromosoma que inicia con una pareja.	30
Fig. 24. Ejemplo completo de un ciclo factible mediante metodología propuesta.	31
Fig. 25. Solución obtenida.	31
Fig. 26. Ejemplificación selección por ruleta.	33
Fig. 27. Pseudocódigo de selección de padres.	33
Fig. 28. a) Ejemplo de cruce de un punto; b) Demostración operador de cruce.	34
Fig. 29. Pseudocódigo operador de cruce.	35
Fig. 30. Demostración de mutación por intercambio.	35
Fig. 31. Demostración de mutación por inserción.	36
Fig. 32. Demostración de mutación por inversión.	36
Fig. 33. Pseudocódigo operador mutación.	37
Fig. 34. Metodología de selección por superviviente.	38
Fig. 35. Pseudocódigo selección de superviviente.	38
Fig. 36. Diagrama de flujo del algoritmo.	39
Fig. 37. Pseudocódigo algoritmo genético.	40
Fig. 38. a) Grafo solución Picef; b) Grafo solución GA.	40
Fig. 39. a) Grafo solución Picef; b) Grafo solución GA.	41
Fig. 40. Comportamiento entre generaciones caso de prueba 190.	45
Fig. 41. a) Nivel de ajuste para casos de prueba de 256 parejas, b) Nivel de ajuste para casos de prueba de 512 parejas.	46
Fig. 42. a) Coeficiente de relación para 256 parejas, b) Coeficiente de relación para 512 parejas.	47
Fig. 43. a) Análisis de varianza para casos de 256 parejas, b) Análisis de varianza para casos de 512 parejas.	48
Fig. 44. a) Clasificación factores de ruido para casos de prueba de 256 parejas, b) Clasificación factores de ruido para casos de prueba de 512 parejas.	48
Fig. 45. a) Gráfica efectos principales 256 parejas, b) Gráfica efectos principales casos de prueba 512 parejas.	49

Descripción (<i>Business case</i>)	Planteamiento del problema (<i>Problem statement</i>)		
<p>Existen centros que ofrecen la oportunidad de realizar intercambios de riñón. Para participar en estos programas, es requisito que el paciente entre con un donante que sea incompatible. De esta manera, se forman grupos de pacientes y donantes para asignar parejas que sean compatibles entre sí. Por lo anterior, es necesario el diseño de una metaheurística para la solución del problema de intercambio de riñones la cual permita realizar la mayor cantidad de trasplantes en el menor tiempo posible.</p>	<p>Asignar correctamente las parejas con el fin de maximizar la cantidad de trasplantes realizados en el menor tiempo posible.</p>		
Impacto de los actores (<i>Stakeholder's business needs</i>)	Restricciones	Especificaciones	Marco legal
<p>Pacientes con insuficiencia renal</p>	<p>Si no existe compatibilidad de tipo de sangre entre el paciente y el donador, no se puede realizar el trasplante.</p>	<p>El grupo sanguíneo del donante debe ser compatible con el grupo sanguíneo del receptor.</p>	<p>Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU).</p>
	<p>Si no existe compatibilidad por tipo de tejido entre paciente y donador, no se podrá realizar el trasplante.</p>	<p>El antígeno leucocitario humano debe ser compatible (HLA) con el del receptor. Para que sea compatible el paciente no puede tener anticuerpos contra los HLA del donador.</p>	

Donantes	Los tiempos de espera para encontrar un ciclo o cadena de intercambios adecuados pueden durar de 3 a 5 años.	El donante no debe ser compatible con su pareja receptora que ingresa. Para que su riñón sea asignado a un receptor distinto.	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) .
Donantes altruistas	El donante altruista debe de ser apto para donar el órgano, de lo contrario no se puede realizar el trasplante.	El donador altruista ingresa al programa sin pareja y por voluntad propia.	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) .
Comunidad médica	La toma de decisiones en la asignación de las parejas influye en la selección adecuada para salvar vidas.	El sistema se caracteriza por ciclos y cadenas pequeñas de mínimo 2 y máximos 4 parejas.	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) .
Gobierno de Estados Unidos y entes reguladores	N.A	El modelo se regirá bajo la NOTA, la cual establece que es ilegal comprar o vender órganos en estados unidos, los centros de trasplantes deben estar acreditados por la OPTN, para seguir sus regulaciones, además de que es este ultima es quien maneja el registro nacional y asigna los trasplantes.	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) .
Equipo del proyecto	Múltiples decisiones y soluciones.	Encontrar aquella solución en la cual se completen el mayor número de trasplantes cumpliendo con todas las restricciones de capacidad y compatibilidad.	N.A

Indicadores de Desempeño (KPI's)

Variable	Actualidad		Meta
	Instancia	Tiempo (segundos)	Tiempo (segundos) a reducir al menos un 30%
Tiempo requerido		30	0.066
		70	0.102
		110	0.390
Trasplantes realizados	Instancia	Porcentaje de trasplantes realizados	Porcentaje de trasplantes realizados: Que no se reduzca más del 10%
		30	75%
		70	50%
		110	73.40%

Objetivo general (Goal statement)

Diseñar una metaheurística mediante el algoritmo genético usando programación, para la solución del problema de intercambio de riñón.

Objetivos específicos (Project scope)

- I. Realizar una revisión de literatura en bases de datos científicas para identificar los principales operadores, reglas de movimiento poblacional de la metaheurística y realizar una codificación para el problema del intercambio de riñón.

II. Diseñar los elementos básicos del algoritmo genético para mejorar la eficiencia de la asignación de parejas de intercambio de riñón.

III. Validar e implementar el algoritmo propuesto mediante el uso de librerías de casos de prueba realistas encontradas en literatura.

Plan de Trabajo (Project Plan)

Actividad

1.1. Identificar que es un trasplante de riñón.				Equipo de trabajo (Team members)	
1.2. Identificar las problemáticas de los trasplantes de riñón.	Fecha Inicio	Fecha Fin	Área IISE	Nombre	Rol
1.3. Investigar sobre las organizaciones que tratan el intercambio de riñón.	1/02/2023	21/02/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.	Alejandro Patiño	Dominator
1.4. Realizar búsquedas en bases de datos de artículos científicos que tengan soluciones relacionadas al problema del intercambio de riñón.	22/02/2023	22/03/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.	Juan Ortega	Compromiser
1.5. Seleccionar los artículos científicos enfocados en el desarrollo de metaheurísticas del problema de intercambio de riñón.	23/03/2023	11/04/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.	José Solano	Initiator
2.1. Plantear método de codificación	24/03/2023	4/04/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.	Juan Otero	Coordinator
2.2. Establecer la codificación del problema	2/05/2023	17/05/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.	Juan Ortega	Compromiser
2.3. Realizar la decodificación.	7/06/2023	18/07/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.	Juan Otero	Coordinator

2.4. Seleccionar un lenguaje de programación que sea eficiente para el desarrollo de la metaheurística propuesta.	7/06/2023	18/07/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.		
2.5. Adaptar el método seleccionado de asignación para el problema del intercambio de riñón a través del lenguaje de programación.	7/06/2023	18/07/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.		
3.1. Obtener resultados	7/06/2023	28/08/2023	2. Investigación y análisis de operaciones.		
3.2. Analizar los resultados	7/06/2023	28/08/2023	14. Diseño e ingeniería de sistemas.	José Solano	Initiator
3.3. Validar la eficiencia de la asignación propuesta del método heurístico.	29/08/2023	20/11/2023	1. Diseño y medición del trabajo.	Alejandro Patiño	Dominator
3.4. Comparar los resultados de la metaheurística propuesta con modelos matemáticos investigados.	29/08/2023	20/11/2023	1. Diseño y medición del trabajo.	Juan Ortega	Compromiser

I.DEFINIR

A. Contexto y Justificación

A través del tiempo los trasplantes de órganos han sido protagonistas como tratamiento para diferentes tipos de enfermedades. Un trasplante de órgano es un procedimiento médico en el cual se implanta algún tejido u órgano procedente de un donante a un receptor, por lo que, al ser de diferentes tejidos y órganos, existen distintos tipos de trasplante, pero los más desarrollados son: cardiaco, cardiopulmonar, hepáticos, pancreáticos y renal. Este último es en el cual se enfocará el presente proyecto [1].

En 2019, las enfermedades crónicas de riñón ocuparon el octavo lugar entre las causas más frecuentes de muerte en Estados Unidos con 51 517 personas fallecidas, y en el año 2020 se registraron 48 141 muertes relacionadas con estas enfermedades. [2] No solo preocupa la cantidad elevada de muertes, sino también que uno de cada siete adultos estadounidenses padece problemas crónicos de riñón, y nueve de cada diez personas desconocen que tienen esta enfermedad [3]. A pesar de que existen tratamientos como la diálisis, el más efectivo es realizar un trasplante de riñón, sin embargo, este presenta varios desafíos como: cobertura de la demanda de este órgano, correcta priorización del trasplante según el estado del paciente y cumplimiento de los criterios de compatibilidad entre paciente y donador para que el trasplante sea posible; por estas razones, se genera una larga lista de espera [4].

Para el 2021 el número de pacientes en lista de espera por un riñón en Estados Unidos era de 90 483 de los cuales solo 24 670 recibieron un trasplante, es decir, que solamente 27.3% de esas personas pudieron acceder a este tratamiento [4]. Es importante mencionar que en promedio esta lista de espera crece en 3 000 pacientes cada mes y que una persona puede estar entre 3 a 5 años en ella, tiempo en el cual, algunos pacientes empeoran su estado de salud dificultando su posibilidad de trasplante o hasta llegar a perder la vida. Se conoce que diariamente en promedio mueren 13 personas esperando un riñón que salve sus vidas; en el año 2014 en Estados Unidos 4 761 pacientes en lista de espera murieron y 3 668 se enfermaron tanto que dejaron de ser considerados candidatos al tratamiento, ya que como se mencionaba anteriormente uno de los desafíos a la hora de realizar trasplantes es hacer la correcta priorización según el estado de salud del paciente debido que no es viable darle un órgano sano a una persona en estado crítico [5].

Afortunadamente la lista de espera mencionada anteriormente no es la única que aumenta, la cantidad de trasplantes realizados también ha tenido una tendencia creciente en los últimos años como se puede ver en la *Fig. 1*, cabe mencionar que estos pueden ser clasificados según el tipo de donante en dos: fallecidos o vivos, en los cuales el primero de ellos es el más común como se muestra en la *Fig.2* [6]. Para el año 2017 se realizaron un poco más de 5 000 trasplantes de donantes vivos, de los cuales una fracción inferior a los 1 000 corresponde a los que se hicieron mediante el intercambio de riñón, las cifras del comportamiento creciente que ha tenido esta modalidad de trasplante se muestran en la *Fig.3* [4], [7]. Estos intercambios son posibles en centros que deben estar acreditados por la Red de Trasplantes de Órganos (OPTN, por sus siglas en inglés) y deben seguir sus políticas y regulaciones. La OPTN mantiene un registro nacional de donantes y receptores de órganos y coordina la asignación equitativa de órganos para trasplantes en los Estados Unidos.

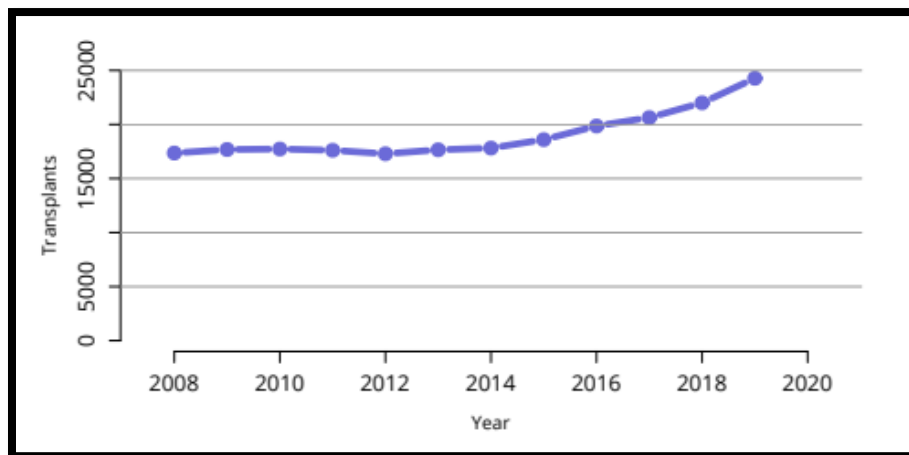


Fig. 1. Cantidad total de pacientes que recibieron un trasplante de riñón [6].

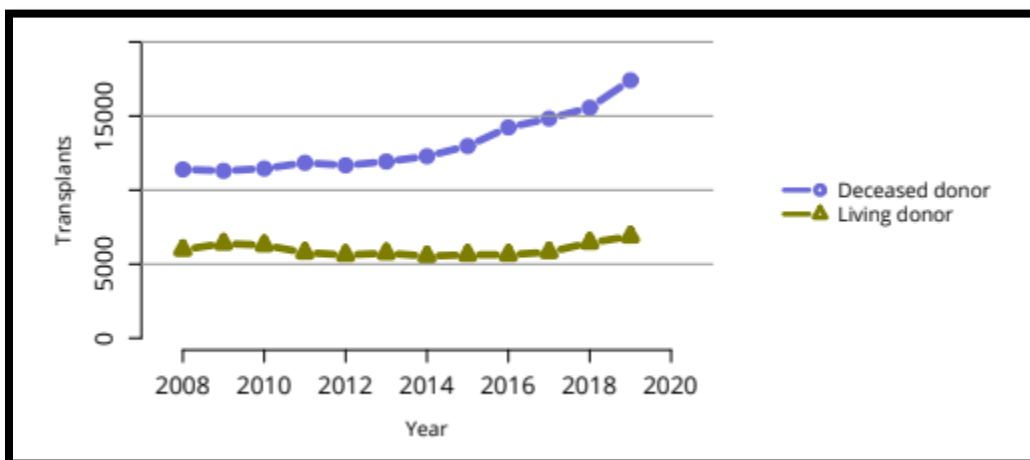


Fig. 2. Cantidad de pacientes que recibieron un riñón por tipo de donante [6].

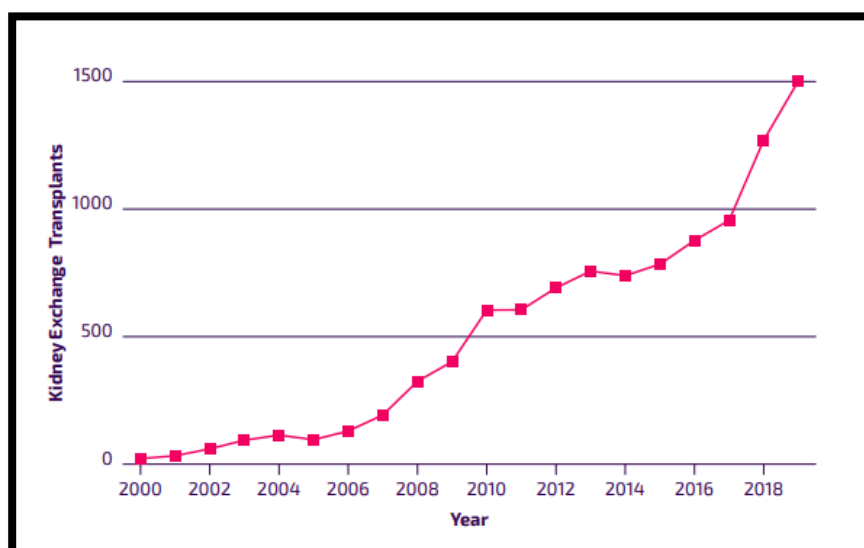


Fig. 3. Cantidad de trasplantes realizados por intercambio de riñón [7].

Para hacer parte de los intercambios de riñón en estos centros de trasplante es necesario que cada paciente ingrese con un acompañante al cual es incompatible, pero está dispuesto a donar un riñón, estas parejas (Paciente – Donador) pueden hacer parte del programa de dos formas. La primera son los ciclos, donde se juntan cierta cantidad de parejas en donde el donador le dará su riñón al paciente de otra pareja a la cual, si es compatible, estos intercambios deben realizarse de manera simultánea para evitar inconvenientes en los que un donador se arrepienta y deje a alguno de los pacientes sin recibir un riñón. Esta condición de simultaneidad y necesitar el mismo número de quirófanos disponibles a la cantidad de parejas, limita a 4 la cantidad máxima de parejas que conforman un ciclo. La otra forma son las cadenas que consideran la existencia de un donador altruista como punto de partida, este donante se caracteriza por ingresar al programa sin ningún acompañante y de manera desinteresada, brindando su riñón a la primera pareja de la cadena y esta se lo dará a la segunda, cancelando la limitación que tenían los ciclos en cuanto a simultaneidad [8].

Ahora bien, para poder efectuar un trasplante se debe dar cumplimiento de los criterios de compatibilidad entre el donador y el receptor, para que, de esta forma, el sistema inmunológico del paciente no rechace el órgano nuevo. Uno de los criterios de compatibilidad es el grupo sanguíneo, en el que es necesario que el paciente tenga el mismo antígeno en sangre del donador, es decir, los pacientes que tienen el antígeno A no serán compatibles con los donadores del grupo B ya que no cuentan con este antígeno, los donadores del grupo O al no tener antígenos A ni B, son compatibles con todos los pacientes (ABO compatibles),

mientras que los pacientes de este grupo sanguíneo sólo podrán recibir de otro O, De forma más resumida se puede observar en la Fig. 4. El siguiente criterio es el de tipo de tejido, las personas tienen antígenos leucocitarios humanos (HLA) y para que sea compatible con el paciente no puede tener anticuerpos contra los HLA del donador. A pesar de que un paciente cumpla uno de los criterios no lo hace compatible con el donador, por esta razón existe el panel de anticuerpos reactivos (PRA) el cual ayuda a identificar la compatibilidad de tejido entre pacientes que ya han resultado compatibles por ABO [8].

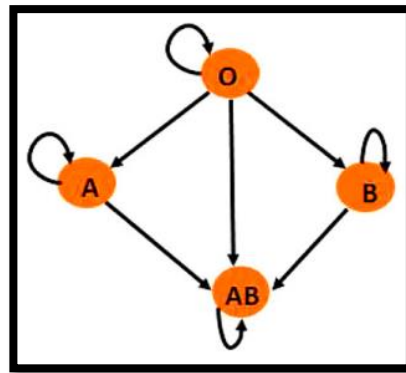


Fig. 4. Demostración de la compatibilidad por tipo de sangre [5].

Uno de los problemas que presentan los centros de trasplante es la toma de decisiones sobre la asignación de las parejas que conformarán los ciclos y cadenas. Una correcta asignación permitiría disminuir la lista de espera obteniendo mayor cantidad de trasplantes realizados, sin embargo, a medida que la cantidad de parejas aumenta en el sistema, la cantidad de incompatibilidades lo hace de igual forma, generando así una asignación con un grado de complejidad más alto. A cada pareja de incompatibles se les asigna un vértice y a cada pareja de compatibles se les asigna un arco, de esta manera cada conexión entre vértices en el problema tiene un peso que indica su valor en términos de compatibilidad, posibilidad de éxito o urgencia [9]. La longitud de los ciclos es una restricción para este problema, la cual está acotada a valores pequeños y en este caso se usará $2 \leq K \leq 4$. La mayoría de los programas de intercambio de donantes realizan los procedimientos de manera simultánea para prevenir la posibilidad de que un donante retire su compromiso después de que el otro donante haya sido sometido al intercambio. Las cirugías simultáneas múltiples pueden sobrecargar las capacidades de muchos centros y requerir una gran coordinación cuidadosa, pero los intercambios de tres vías (que requieren seis cirugías) han demostrado ser una opción viable, por esto se decide acotar la cardinalidad a los valores anteriormente mencionados, a esta circunstancia se le conoce como el problema de restricciones de cardinalidad de ciclos y cadenas [9].

La Fig. 5 muestra cómo se vería una posible asignación, dichos emparejamientos se hicieron de manera manual, las conexiones grises claras indican todas las opciones de conexión posibles y los enlaces oscuros son las asignaciones. Resumiendo, las parejas 15 y 3 realizaron un ciclo de 2 parejas, el donante altruista (nodo 17) y las parejas 4 y 8 realizaron una cadena de 3, finalmente. Hubo un ciclo de 4 conformado por las parejas 2, 10, 13 y 16 dejando afuera así a 8 personas sin recibir un riñón lo cual representa el 50% de las personas que ingresaron, dejando en duda si con una mejor asignación ese porcentaje podría ser menor.

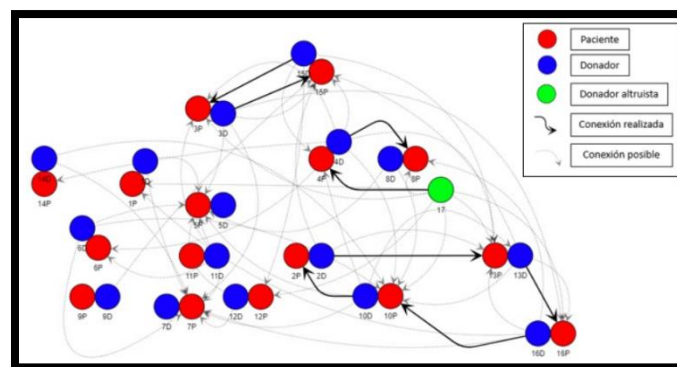


Fig. 5. Simulación de programa de trasplante de riñón.

Por este motivo, se propone desarrollar un modelo metaheurístico cuyo objetivo sea maximizar la cantidad de trasplantes realizados por donantes voluntarios vivos en el menor tiempo posible. La importancia de este proyecto recae en la gran cantidad de vidas que se pueden salvar. Además, la reducción de la lista de espera sería un beneficio tanto para el paciente como para su familia, por otra parte, en términos económicos, los costos médicos de las donaciones son menores que los de los tratamientos, como la diálisis. Así, mejoraría la toma de decisiones tanto para los centros de trasplantes de riñón y para el gobierno en temas de efectividad y eficiencia médica [5]. Esta maximización mejorará la imagen que tienen las personas sobre estos centros de intercambio de riñón haciéndolos más llamativos. Al tener mayor éxito se verán más confiables e impulsará que cada vez más personas se sumen a ser donantes dentro de este programa, ampliando las posibilidades de conformar intercambios.

B. Grupos de interés (¿Quiénes son los actores interesados?)

Los grupos de interés son los grupos involucrados que pueden afectar o ser afectados por los objetivos y todo lo que abarca el proyecto [10]. Estos son los que tendrán un impacto en el desarrollo del proyecto, de esta forma, determinar si la solución propuesta por el equipo de trabajo genera beneficios o no. Para esto se usó la metodología de priorización denominada “Matriz Interés vs Poder” que agrupa a los interesados según su nivel de autoridad (poder) y nivel conveniencia acerca de los resultados del proyecto (interés).

De esta forma se plantean las cuatro estrategias claves para poder cumplir los requerimientos necesarios que podrían presentar cada grupo de interés. Las estrategias son las siguientes:

- Estrategia de Esfuerzo Mínimo: Poder e interés bajo en las decisiones
- Estrategia de Mantener Informados: Interés alto y un poder bajo en las decisiones
- Estrategia de Mantener Satisfecho: Interés bajo y poder alto en las decisiones
- Actores Clave: Interés y un poder alto en las decisiones

En la *TABLA I* se muestra la clasificación de los distintos grupos de interés a tener en cuenta a la hora de desarrollar el proyecto. Es necesario tener en cuenta que esta metodología se basa en una escala de 1 a 10 donde uno es aquel *stakeholders* que tiene un muy bajo poder o interés en el proyecto mientras que 10 es aquel *stakeholders* que tiene el poder o interés máximo.

TABLA I
CLASIFICACIÓN DE GRUPOS DE INTERÉS.

GRUPO DE INTERÉS	DEFINICIÓN Y/O EXPLICACIÓN	ESCALA DE CALIFICACIÓN DE PODER	ESCALA DE CALIFICACIÓN DE INTERÉS	ESTRATEGIA A UTILIZAR
1. Pacientes con insuficiencia renal	Individuos que padecen de algún fallo renal que desee ingresar al programa.	1	10	Mantener Informados
2. Donante	Individuo que ingresa al programa como donante acompañante de la persona que padece de insuficiencia renal, pero no son compatibles.	7	9	Actores Clave
3. Donantes altruistas	Individuo que realiza una donación de riñón desde una perspectiva promovedora de esperanza, sin esperar ni recibir nada a cambio.	9	9	Actores Clave
4. Comunidad médica	Todo el personal encargado de desarrollar los trasplantes de manera exitosa	8	10	Actores Clave

5. Gobierno y reguladores	Entidades que verifican que el programa esté funcionando correctamente dentro del marco legal.	8	8	Actores Clave
6. Equipo del proyecto	Estudiantes de pregrado de ingeniería industrial que colaborarán organizadamente con un objetivo en común, culminar un proyecto ingenieril.	2	10	Mantener Informados

Por consiguiente, en la Fig. 6 se muestra la ponderación de los grupos de interés.

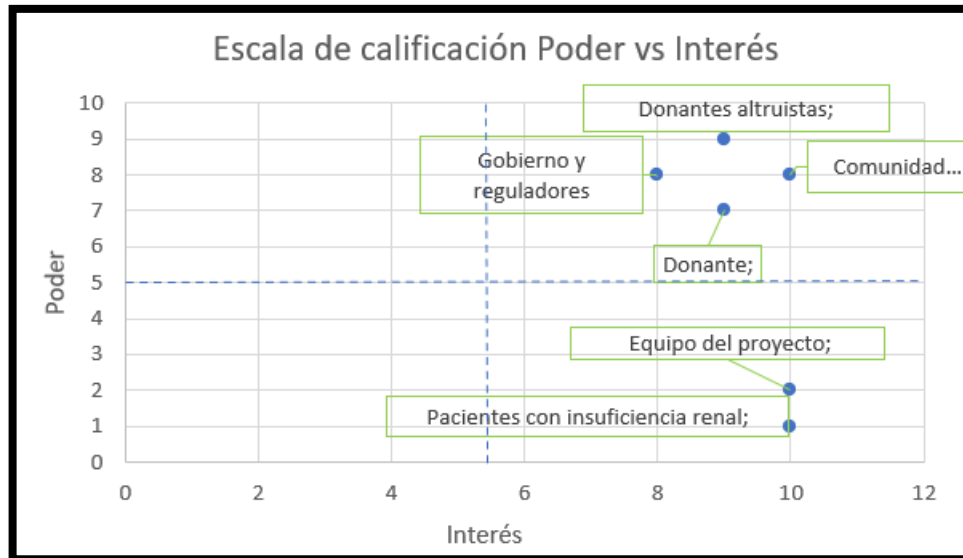


Fig. 6. Ponderación de los grupos de interés.

C. Requerimientos

Para poder establecer requerimientos se debe identificar un grupo de interés (*stakeholders*) a quienes se analizan en búsqueda de las posibles problemáticas que tengan y buscar las características del entorno en el que se desenvuelven. En consecuencia, se deben de crear requerimientos con el objetivo de satisfacer primordialmente las necesidades, expectativas y percepciones que tiene el grupo de interés.

Para este proyecto de investigación aplicada se analizará el trasfondo de la problemática a investigar, así mismo determinar cuáles son los grupos de interés y realizar cada requerimiento, independientemente del *stakeholder*. Los requerimientos son fundamentales en el grupo investigativo para identificar el contenido y funcionamiento que debe de garantizar el proyecto para que los usuarios o *stakeholders* puedan relacionarse con él y tener una buena efectividad cuando sea ejecutado.

A continuación, en la TABLA II se describirá una matriz con los diferentes grupos de interés y sus respectivos requerimientos para poder identificarlos de una manera más adecuada. Obteniendo los requisitos se desplegará las especificaciones y restricciones de cada requerimiento teniendo presente la importancia de las leyes, normas y estándares para el desarrollo idóneo de cada uno.

TABLA II

REQUERIMIENTOS DE GRUPOS DE INTERES

Grupos De Interés	Requisitos Grupos De Interés	Restricciones De Diseño	Especificaciones De Diseño	Leyes, Normas Y Estándares	
				Legislación Y Requisitos Aplicables	Importancia O Efecto
Pacientes con insuficiencia renal	Un programa que permita encontrar un riñón compatible que le ayude a mejorar su calidad de vida.	Si no existe compatibilidad de tipo de sangre entre el paciente y el donador, no se puede realizar el trasplante.	El grupo sanguíneo del donante debe ser compatible con el grupo sanguíneo del receptor [5].	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) [8].	Prohíbe la venta y compra de órganos.
		Si no existe compatibilidad por tipo de tejido entre paciente y donador, no se podrá realizar el trasplante.	El antígeno leucocitario humano debe ser compatible (HLA) con el del receptor. Para que sea compatible el paciente no puede tener anticuerpos contra los HLA del donador [5].		
Donante	Requiere que su pareja (paciente) reciba un órgano compatible.	Los tiempos de espera para encontrar un ciclo o cadena de intercambios adecuados pueden durar de 3 a 5 años.	El donante no debe ser compatible con su pareja receptora que ingresa. Para que su riñón sea asignado a un receptor distinto [5].	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) [8].	Prohíbe la venta y compra de órganos.
Donantes altruistas	Busca que su órgano sea asignado a la persona correcta.	El donante altruista debe de ser apto para donar el órgano, de lo contrario no se puede realizar el trasplante.	El donador altruista ingresa al programa sin pareja y por voluntad propia [5].	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) [8].	Prohíbe la venta y compra de órganos.
Comunidad médica	El personal médico necesita salvar la mayor cantidad de vidas posible mediante trasplantes con alta capacidad de éxito.	La toma de decisiones en la asignación de las parejas influye en la selección adecuada para salvar vidas.	El sistema se caracteriza por ciclos y cadenas pequeñas de mínimo 2 y máximo 4 parejas [5].	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) [8].	Restringe beneficios por intereses económicos.
Gobierno estadounidense y sus entes reguladores	Que sea un programa transparente sin intereses de por medio.	N.A	El modelo se regirá bajo la NOTA, la cual establece que es ilegal comprar o vender órganos en estados unidos, los centros de trasplantes deben estar acreditados por la OPTN, para seguir sus regulaciones. además de que	Ley Nacional de Trasplantes de Órganos de 1984 (NOTA EEUU) [8].	Prohíbe la venta y compra de órganos. Restringe beneficios por intereses económicos.

			es este última es quien maneja el registro nacional y asigna los trasplantes [8].		
Equipo del proyecto	Mejorar la toma de decisiones para maximizar los intercambios de riñón.	Múltiples decisiones y soluciones.	Encontrar aquella solución en la cual se completen el mayor número de trasplantes cumpliendo con todas las restricciones de capacidad y compatibilidad.		

II.MEDIR

A. Aplicabilidad de la problemática

Cómo esta problemática está relacionada con el área de la salud y puede significar la reducción de la tasa de mortalidad por enfermedades renales, el intercambio de riñón toma fuerza y llama la atención de organizaciones de diferentes países incrementándose el estudio y aplicación que apoyen la generación de planes de intercambio eficientes. En la *TABLA III* se expone este fenómeno dando una breve lista de estudios en donde se han implementados modelos de este tipo y muestran algunas características claves de cómo lo han realizado, con base en esta tabla se puede inferir que los Estados Unidos es el lugar donde más han trabajado en esta área, implementando soluciones en diferentes zonas del país.

TABLA III

NATIONAL KEY FEATURES

País	Autores y año	Características clave sobre el problema de intercambio de riñón
Australia	Cantwell L. Woodroffe C. Holdsworth R. Ferrari P. 2015 Ferrari P. Weimar W. Johnson RJ. Lim WH. Tinckam KJ. 2015	Alta tasa de trasplante para parejas HLA incompatibles altamente sensibilizadas debido a la aceptación de compatibilidad de donantes ABO incompatibles con ABO ≤ 1:64, HLA de alta compatibilidad [9].
Canadá	Cole EH. Nickerson P. Campbell P. Yetzer K. Lahaie N. Zaltzman J. Gill JS. 2015	No cuenta con donantes anónimos, esto facilita los trasplantes un 62% [9].
Corea del sur	Kute VB. Prasad N. Shah PR. Modi PR. 2018	Menos donantes anónimos [9].
Reino Unido	Johnson RJ. Allen JE. Fuggle SV. Bradley JA. Rudge C; Kidney Advisory Group. UK Transplant NHSBT. 2008	Debido a la baja tasa de donadores altruistas, las cadenas tienen un tamaño menor o igual a 3, El donante debe trasladarse al lugar de la operación [9]
Johns Hopkins University. Estados Unidos	Kute VB. Prasad N. Shah PR. Modi PR. 2018	Realizar asesoramientos a pacientes con insuficiencia renal sobre los beneficios y riesgos de los tratamientos de riñón que existen, aumenta la ratio de trasplantes de riñón para emparejamiento difíciles [9].
San Antonio. Estados Unidos	Bingaman AW. Wright FH Jr. Kapturczak M. Shen L. Vick S. Murphey CL. 2012	Uso de parejas compatibles con donantes A2 aumenta la ratio de trasplantes realizados [9].
National kidney registry. Estados Unidos	Kute VB. Prasad N. Shah PR. Modi PR. 2018	Emparejan utilizando cadenas de gran tamaño [9].

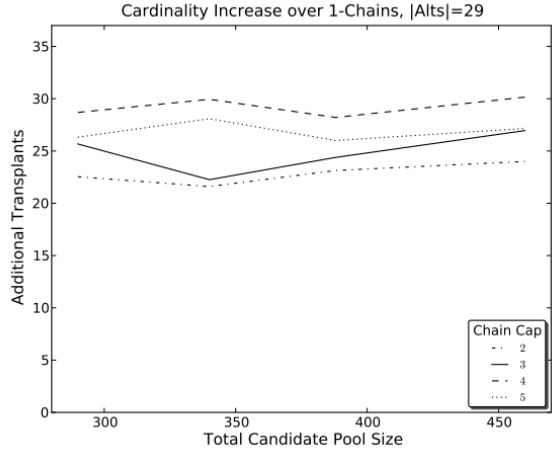
Traslado de Donante vs Traslado de riñón	Kute VB. Prasad N. Shah PR. Modi PR. 2018	En Países Bajos y Canadá es preferible que el donante sea trasladado al lugar que se necesita, en cambio, en el Reino Unido y Australia es preferible trasladar el riñón directamente [9]
Alliance for paired donation. Estados Unidos	Kute VB. Prasad N. Shah PR. Modi PR. 2018	Intercambio global de riñones [9]

Además, para mostrar la aplicabilidad de este tipo de problemas en la *TABLA IV* se muestra la bibliografía encontrada con casos reales en donde se ha implementado modelos matemáticos y posteriormente han sido llevados a organizaciones encargadas de realizar los intercambios. Por otro lado, se tuvo la oportunidad de contactar con una organización estadounidense llamada UNOS que es encargada de realizar estos intercambios de riñón en unos 144 hospitales en Estados Unidos. Dicha organización usa un modelo creado por el profesor Jhon Dickerson de la Universidad de Maryland. Sin embargo, no fue posible contar con una respuesta por parte del profesor en donde brindará información detallada tanto de la base de datos como de los modelos propuestos en su trayectoria.

TABLA IV

RESUMEN DE CASOS APLICADOS

Título	Autores y año	Situación	Resultados
Failure-Aware Kidney Exchange	John P. Dickerson. Ariel D. Procaccia. Tuomas Sandholm 2019	Los autores son los desarrolladores del modelo usado por la organización estadounidense UNOS (<i>United Network for Organ Sharing</i>), el modelo que ellos implementan no está abierto al público, sin embargo, en varios documentos publicados por Jhon P Dickerson se muestran mejoras al modelo usado. En el documento se propone un modelo en donde se mezcle tanto intercambio de hígado y de riñón, con esta mezcla se busca generar más trasplantes que hacerlos de manera independiente, este documento trabaja con datos de UNOS y muestra realmente una mejora en comparación al modelo actual en donde se hace el intercambio de los órganos de manera aislada [11]	El documento resuelve 12 instancias en donde el solver actual genera solución para las primeras 5, con el modelo propuesto brinda respuesta a 11 de las 12 instancias e incluye una mejora en el tiempo de solución de todas las etapas. Es decir, el solver actual resuelve 41.16% de las instancias mientras que el propuesto 91.66%. [11].
Branch-and-cut-and-price for the cardinality-constrained multi-cycle problem in kidney exchange	Edward Lama. Vicky Mak-Hau 2020	El texto aborda el problema de múltiples ciclos con restricciones de cardinalidad o por sus siglas en inglés (CCMCP). Se propone una comparación con dos algoritmos (PICEF y PIEF) en diferentes instancias para determinar si llegan a una solución óptima en un tiempo límite de 30 minutos. El programa presentado por los autores del texto muestra que para una cardinalidad de $K=3$ registra una respuesta óptima para las 30 instancias propuestas, mientras que el modelo de PIEF registra 11 soluciones y PICEF 15. A su vez reduce el tiempo en cada una de las simulaciones realizadas [12]	Para una cardinalidad de $K=3$ se el modelo propuesto brinda solución a las 30 instancias propuestas de: BCP: 100% PICEF: 50% PIEF: 36.66% [12]
Modelling and optimisation in European Kidney Exchange Programmes	Péter Biró a. Joris van de Klundert b c. David Manlove d. William Pettersson d. Tommy Andersson. Lisa Burnapp. Pavel Chromy. Pablo Delgado. Piotr Dworzak. Bernadette Haase. Aline Hemke. Rachel Johnson. Xenia Klimentova. Dirk Kuypers. Alessandro Nanni Costa. Bart Smeulders. Frits Spijksma. María O. Valentín. Ana Viana 2021	Se mencionan los diferentes métodos utilizados por varios países para resolver el problema de asignación de riñones en trasplantes, como el método de Edmonds que es usado en los programas de Escandinavia y del Reino Unido, en España tienen una mezcla entre modelos heurísticos con el mismo modelo mencionado anteriormente. Polonia y Portugal utilizan diferentes formulaciones de programación entera, como la formulación de ciclo o la formulación de arco. Finalmente, Países Bajos y la República Checa utilizan métodos de enumeración para encontrar todas las soluciones posibles, reduciendo la búsqueda mediante la identificación previa de componentes fuertemente conectados. A su vez, el texto propone un nuevo modelo en el que considera que personas de diferentes países de la Unión Europea pueden intercambiar riñones para así mejorar la oferta y aumentar la cantidad de trasplantes realizados [13].	N/A

<p>Optimizing Kidney Exchange with Transplant Chains: Theory and Reality</p>	<p>John P. Dickerson, Ariel D. Procaccia, Tuomas Sandholm 2012</p>	<p>Se plantea una mejora al algoritmo de la organización UNOS (United Network for Organ Sharing) en donde se propone un cambio en la cardinalidad de las cadenas (longitud) en donde se muestra que tener longitudes largas de cadena no es beneficioso, obteniendo mejores resultados limitándolas a una cardinalidad de 4. Los resultados obtenidos en el documento se muestran en la Fig. 7 e indican que con $k=4$ el porcentaje de candidatos conectados es del 54% y con menor cardinalidad los porcentajes de conexión disminuyen. Posterior a la aceptación del documento llevó a UNOS a eliminar la regla de que las cadenas desencadenadas por un altruista de tipo O solo se ejecutan si pueden tener una longitud de al menos 5. Los resultados experimentales de este documento fueron la razón de este cambio en la política[14].</p>	 <p>Fig. 7. Resultados con diferente cardinalidad</p>
--	--	--	---

B. Casos de prueba

Para la validación del modelo propuesto se requiere contar con casos de prueba lo suficientemente diversos como para que abarquen diferentes niveles de dificultad y tamaño, probando la escalabilidad del algoritmo propuesto. Los diferentes estudios que abordan este problema usan una biblioteca de referencias de datos llamada PrefLib propuesta por Nicholas Mattei y Simon Rey. Esta tiene una sección denominada “Kidney Data (00036)”, que consta de 310 casos de donantes de riñón, creados mediante un método avanzado de generación de parejas descrito en el estudio del profesor John Dickerson.

La base de datos contiene información simulada sobre pacientes y donantes involucrados en los intercambios de riñón, además, cuenta con un código el cual incluye elementos estructurales del intercambio de riñones como "pools", "hospitales" y "pares", generadores de grafos del intercambio de riñones, solucionadores del intercambio de riñones y un simulador dinámico de intercambio de riñones. Esto ayuda a investigadores a analizar y comprender mejor los patrones de donación de riñón, mejorando así la práctica clínica e investigativa del KEP. En la base de datos se menciona que dicho código no es el mismo que usa la Organización de UNOS.

La Kidney Data consiste en 10 instancias de datos generados aleatoriamente de intercambios de riñón con 16, 32, 64, 128, 256, 512, 1024, 2048 nodos (parejas) con una proporción de altruistas del 0%, 5%, 10% y 15% del conjunto; cada conjunto cuenta con alrededor de 30 a 40 casos de prueba, para un total de 310 archivos. Los datos se presentan en el formato de wmd, esta extensión se utiliza para la descripción de un conjunto de datos emparejados, cada arco tiene un origen (donador) y varios destinos que representan los pacientes que pueden recibir un riñón del origen. Todos los arcos tienen un peso de 1, a menos que se conecten desde un paciente a un altruista (quien no necesita un riñón), que tienen un peso de 0, el peso es relacionado con la compatibilidad del intercambio entre el donador y el receptor.

En los archivos, se muestra la descripción de los siguientes ítems: el nombre del archivo, su título, el tipo de extensión, los archivos relacionados, la fecha de publicación, la fecha de modificación, el número de alternativas y la cantidad de arcos que se pueden hacer. Luego en cada renglón del archivo se proporcionan los datos generados en relación con el emparejamiento posible de cada nodo [15].

C. Key Performance Indicator

Para esta investigación es valioso hallar una forma en la que podamos medir cuantitativamente el impacto del proyecto, ya que tener una conclusión numérica nos permitirá compararnos con las soluciones ya existentes. Así, es necesario tener un indicador que permita medir la cantidad de intercambios realizados, es decir la cantidad de personas que han recibido un órgano gracias al programa del intercambio de riñón. Otro indicador útil es uno que mida el tiempo que le lleva al modelo encontrar la mejor solución. Esto debido que el propósito de este proyecto no es encontrar una mejor solución en relación con otros métodos existentes, sino en hacerlo de forma más eficiente en cuanto al tiempo requerido. La principal justificación de este enfoque es que la mayoría de los trabajos en la literatura han propuesto modelos exactos, altamente precisos, pero que pierden eficiencia a medida que el caso evaluado incrementa su tamaño, en la *TABLA V* se explican de mejor manera los indicadores recién mencionados y se proponen sus metas.

TABLA V

PLANTEAMIENTO DE KPI'S

Variable	Objetivo	Descripción	Indicador	Actualidad		Meta
				Caso de prueba	Tiempo (segundos)	Tiempo (segundos) a reducir al menos un 30%
Tiempo requerido	Medir el tiempo que le lleva al programa encontrar la mejor solución.	Este indicador nos permite conocer cuánto tiempo tardó el programa en encontrar la mejor solución, primero para saber si cumple con la restricción de ser menor al tiempo máximo permitido de ejecución y segundo para compararnos con las soluciones existentes y saber si logramos ser eficientes.	Tiempo que tarda el programa en ejecutarse: $T =$ (Entregado por el programa). T se encuentra en segundos.			
				30	0.066	0.0462
				70	0.102	0.0714
				110	0.390	0.273
Intercambios realizados	Medir cuántas de las personas de una base de datos de n parejas logran recibir un riñón.	Este indicador nos permite conocer cómo le fue al algoritmo en cuanto a la maximización de intercambios, si comprendemos que una pareja está compuesta por un donador y un paciente, sabemos que la cantidad de n parejas es igual a la cantidad de pacientes que requieren un órgano, por otro lado, la solución del algoritmo mostraría la cantidad de intercambios realizados y con estas 2 variables podríamos calcular un porcentaje de satisfacción.	$S =$ Porcentaje de personas que recibieron un riñón. $n =$ cantidad de parejas $S = \frac{\text{Intercambios}}{n} * 100$	Caso de prueba	Porcentaje intercambios realizados	Porcentaje intercambios realizados: Que no se reduzca más del 10%
				30	75%	> 65%
				70	50%	> 40%
				110	73.40%	> 63.40%

Estos KPIs serán esenciales en las siguientes etapas para validar el cumplimiento de las metas. El propósito de este proyecto se centra en abordar los casos de prueba que el modelo matemático no logra resolver y así brindar una muy buena solución a partir de los escenarios que van desde 512 parejas hasta 2048 que son aquellos a los cuales el Picef no arroja un buen resultado. Se pretende desarrollar un algoritmo capaz de encontrar una solución con un número significativo de intercambios en un tiempo razonable. El enfocarse en el tiempo de ejecución tiene dos propósitos: el primero es que existe la probabilidad de que algún receptor fallezca o su estado de salud empeore al punto de no ser viable realizar el trasplante, lo que ocasionaría la ruptura de alguna cadena o ciclo ya construido; obligando a tener que hacer asignaciones nuevamente, e incluso el eliminar una potencial pareja de intercambio en la fase de planeación ocasiona un retraso considerable; el segundo es debido a las limitaciones de los métodos matemáticos actuales, pues solo pueden dar respuesta a problemas de tamaño pequeño (la instancia 190 contiene 256 parejas y tardó 218.2 segundos, siendo el último caso capaz de resolver), para aquellos casos de mayor tamaño, los modelos

pueden usar varias horas de ejecución sin encontrar una solución factible y por tanto, tampoco encuentran la óptima. La necesidad de abordar los casos de prueba desde las 512 parejas hasta las 2048 surge de la evolución de programas nacionales y de la proyección que esta modalidad puede tener. Casos observados en España, Portugal y el Reino Unido, que han establecido "Pools" de individuos a nivel nacional. Además, existe la propuesta de unificar estos programas entre países europeos, lo que implica la expansión de estos pools, generando así, bases de datos de mayor tamaño. Además, con la unificación de otros países en esta modalidad, tanto en Europa como en Estados Unidos, en donde se ha mostrado una tendencia creciente en los últimos años (*Fig. 3*), deben dirigir los esfuerzos hacia la resolución de casos de prueba de gran tamaño. El considerar estos casos de prueba tiene una implicación directa en la solución, pues cuanto mayor sea el pool de pacientes, mayor podrá ser la asignación entre parejas de intercambio [16]; esto ocurre no solo por aumentar el número de pacientes, sino que, al incluirlos, también se amplía la cantidad de combinaciones de parejas y cadenas que se puede realizar. Así, se puede encontrar ciertas asignaciones que alcancen un mayor número de intercambios que de otra forma no se podría. asignación entre parejas. Por otro lado, En el año 2021, se registraron 786,000 pacientes [17] que vivían con insuficiencia renal; sin embargo, menos de 25,000 [18] recibieron un trasplante renal ese año. Para el año 2022, Estados Unidos finalmente alcanzó la cifra de 25,000 trasplantes de riñón [19] en un solo año; ; no obstante, aún se estima que doce personas fallecen diariamente sin la oportunidad de recibir un trasplante que les salvaría la vida. Esta problemática plantea la necesidad de abordar la brecha entre la oferta y la demanda para los trasplantes renales, y una estrategia para disminuir esta disparidad y brindar a más pacientes la posibilidad de acceder a un trasplante renal es aumentar el número de personas que participan de los programas de intercambio. Finalmente, si se ve desde la perspectiva de la cantidad total de pacientes que no recibieron un riñón, surge la duda de qué parte de esa población pudo acceder con algún donador voluntario incompatible a una lista de intercambios de riñón

Los valores de los KPIs propuestos se basan en la necesidad de establecer una meta objetiva. La premisa no radica en cumplir simplemente debido a la superioridad en tiempo y cantidad de intercambios de los modelos matemáticos, sino en enfocar los esfuerzos en resolver casos de prueba de mayor envergadura. De este modo se plantea reducir el tiempo en un 30%, si bien esto puede impactar la maximización de intercambios. Por ello, se ha considerado prudente definir un margen de error del 10% en relación con las soluciones actuales. En otras palabras, a pesar de que nuestro modelo propuesto encuentre una solución que reduce la cantidad de pacientes salvados hasta en un 10%, se considera exitoso siempre y cuando el tiempo total utilizado para su ejecución se reduzca en al menos 30% o más con respecto a los modelos actuales y sus respectivas limitaciones (criterios de parada utilizados como el tiempo límite de ejecución del modelo). Otro punto para tener en cuenta es que los modelos exactos existentes no logran encontrar soluciones cuando los casos de prueba comienzan a tomar un tamaño realista (como se puede observar en la *TABLA VI*). Por esta razón, para que sea posible crear un punto de comparación con la metaheurística que se propone, se usan los casos de prueba pequeños de rápida resolución mediante el modelo Picef, pero el propósito realmente es poder extrapolar los resultados de la metaheurística propuesta con casos de prueba de mayor magnitud, encontrando al menos una solución factible.

Para conocer la situación actual, nos apoyamos en un repositorio creado por James Trimble el cual brinda 9 algoritmos distintos que suelen ser utilizados para resolver este tipo de problema de asignación de órganos, en este caso decidimos hacer nuestras pruebas con el modelo Picef [20]. Mediante el solucionador de Gurobi que es uno de lo más potentes del mundo, se ejecutó este algoritmo desarrollado en el lenguaje de programación Python y se resolvieron algunos casos de la base de datos que se describió previamente en el apartado "Casos de prueba", permitiendo así tener la denominada medición de la situación actual de las organizaciones cuando utilizan algunos de los modelos existentes; es valioso mencionar que, al resolver estos casos, al solucionador se le agrego una restricción de un tiempo límite de 30 minutos para que ejecute la tarea, debido que en los casos grandes podría demorar mucho encontrar la mejor solución y no sería óptimo expender tanto tiempo. Lo mencionado se puede observar de forma más clara en la *TABLA VI* donde se exponen los 8 casos seleccionados y la solución encontrada en cada una. En caso de que la casilla de solución tenga las siglas "OM" (Out of Memory) significa las gigas de memoria que tiene el modelo no fueron suficientes para poder brindar una solución por el tamaño del caso.

TABLA VI
SITUACIONES DE CASOS ACTUALES

Instancia	Número parejas	Número Altruistas	Variables	Restricciones	Tiempo (segundos)	Intercambios realizados	Porcentaje intercambios realizados
30	16	2	206	64	0.011	12	75%
70	32	4	881	130	0.046	18	50%
110	64	9	9 493	262	0.291	47	73.4%
150	128	19	152 298	531	5.237	100	78.1%
190	256	38	3 560 964	1 062	168.750	216	84.4%
230	512	76	OM	OM	OM	OM	--
270	1 024	153	OM	OM	OM	OM	--
273	2 048	0	OM	OM	OM	OM	--

Con la finalidad de mostrar cómo se verían las soluciones de las instancias mencionadas en la *TABLA VI* y facilitar su entendimiento, se realizaron unos grafos que muestran la cantidad de ciclos y cadenas conformados en cada solución y cuáles fueron las conexiones que se realizaron entre las parejas. En la Fig. 8 se presenta una leyenda que permite entender los grafos de las soluciones de las instancias 30, 70, 110 y 150 presentes en la Fig. 9, Fig. 10, Fig. 11 y Fig. 12 respectivamente.

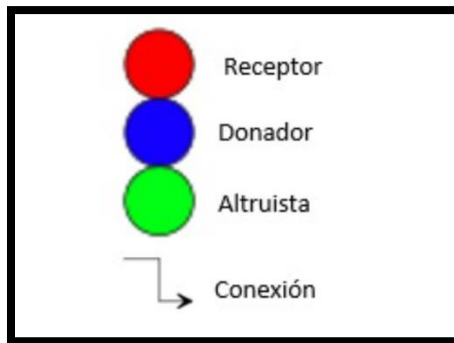


Fig. 8. Leyenda de grafos.

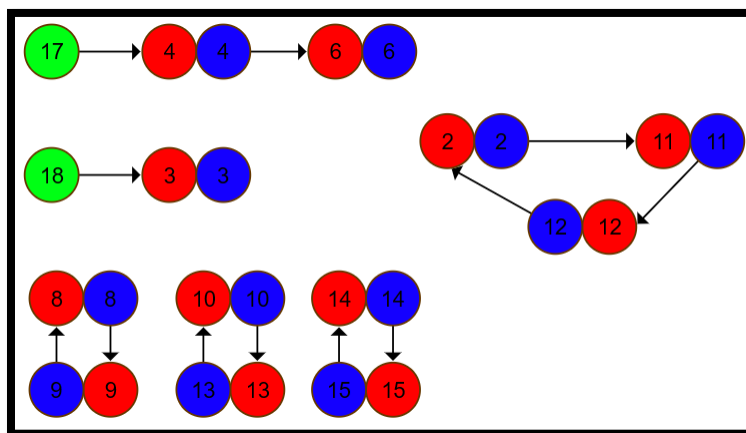


Fig. 9. Grafo de instancia 30.

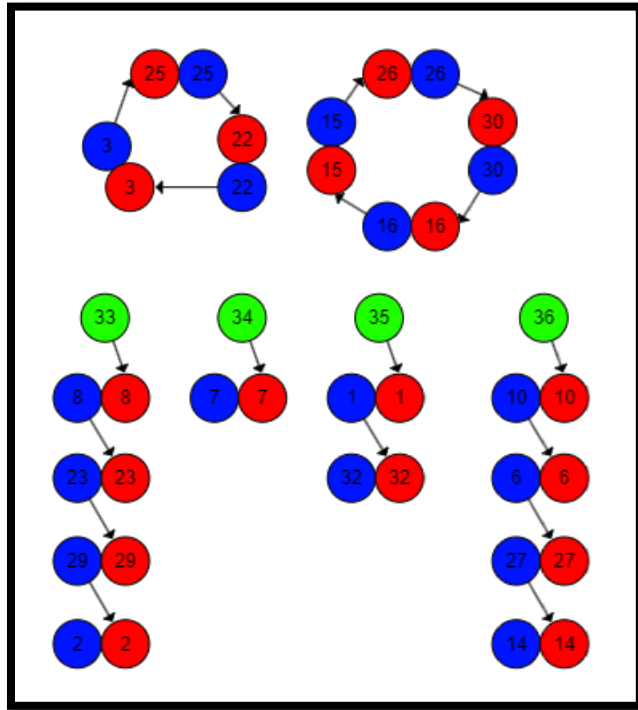


Fig. 10. Grafo de instancia 70.

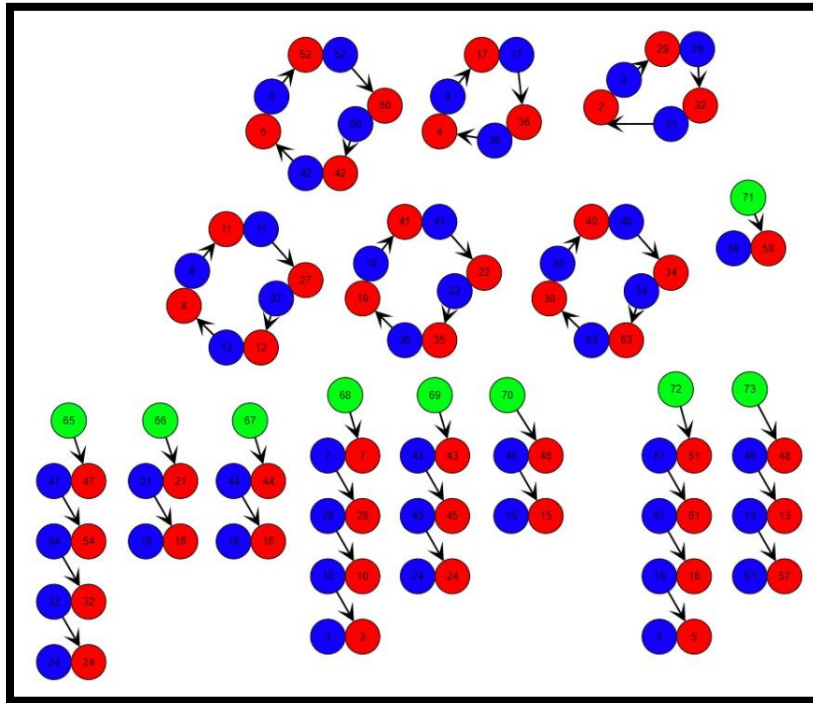


Fig. 11. Grafo de instancia 110.

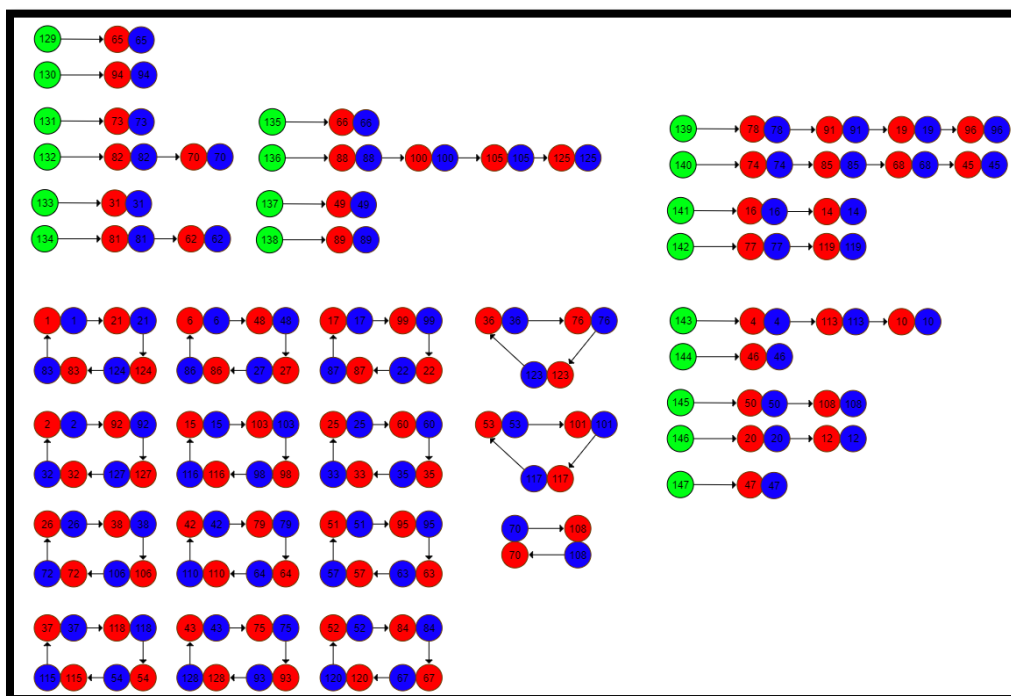


Fig. 12. Grafo instancia 150.

III. ANALIZAR

A. Análisis de oportunidad

Durante el documento se ha dejado claro el gran aporte que hace el programa del intercambio de riñón a la salud mundial y por consiguiente el impacto que podría tener la investigación en este campo, pues se busca maximizar la cantidad de trasplantes realizados en el menor tiempo posible. Sin embargo, el problema a resolver puede llegar a ser muy complejo debido a que tiene múltiples soluciones que cambian según las decisiones que se tomen. Esto depende principalmente de la compatibilidad que existe entre las parejas de los diferentes casos de pruebas, ya que suelen ser compatibles entre varias parejas al mismo tiempo por lo cual se pueden tomar diferentes elecciones para conformar ciclos y cadenas que brinden una solución, es decir, que existen múltiples soluciones que salven una cantidad similar o igual de vidas pero que hayan asignado los trasplantes de manera distinta. La complejidad aumenta significativamente al incluir un límite para el número de intercambios simultáneos, creando un espacio de búsqueda aún mayor, donde hay parejas que tienen una alta compatibilidad pero que su elección puede dejar sin un intercambio a otra pareja que tenga menos posibilidades. Para ejemplificar esto, se decidió resolver la instancia número 30 (16 parejas y 2 altruistas) de la base de datos que previamente se había solucionado con el modelo Picef por medio del solver de Gurobi, pero esta vez se resolverá de manera manual, esto con el fin de mostrar que se pueden obtener diferentes soluciones dependiendo de las asignaciones para hacer los intercambios y demostrar que se trata de un problema de decisión cuya complejidad radica en encontrar la mejor combinación de decisiones entre todas las posibles.

Se realizaron dos soluciones manuales que se pueden observar en la Fig. 13 y Fig. 14 las cuales proponen un planteamiento distinto a la programación del modelo Picef mostrada en la Fig. 9. En la TABLA VII se muestran los resultados obtenidos de estas tres soluciones del caso de prueba 30. A pesar de que la solución manual 1 obtiene el mismo valor de la función objetivo del método Picef, la asignación se difiere en que se demoró 691.93 segundos más, lo cual es casi 10 485 veces más demorado a la primera solución. De forma similar la solución número 2 también plantea una asignación diferente, cuya principal diferencia respecto a la obtenida por el método Picef es que tardó 719.93 segundos más, siendo esta la solución más demorada de las tres.

TABLA VII

COMPARACIÓN DE RESULTADOS MANUALES CON EL MODELO PICEF.

KPI'S	Solución modelo Picef	Solución manual 1	Solución manual 2
-------	-----------------------	-------------------	-------------------

Trasplantes realizados	12	12	11
Tiempo requerido (segundos)	0.066	692	720

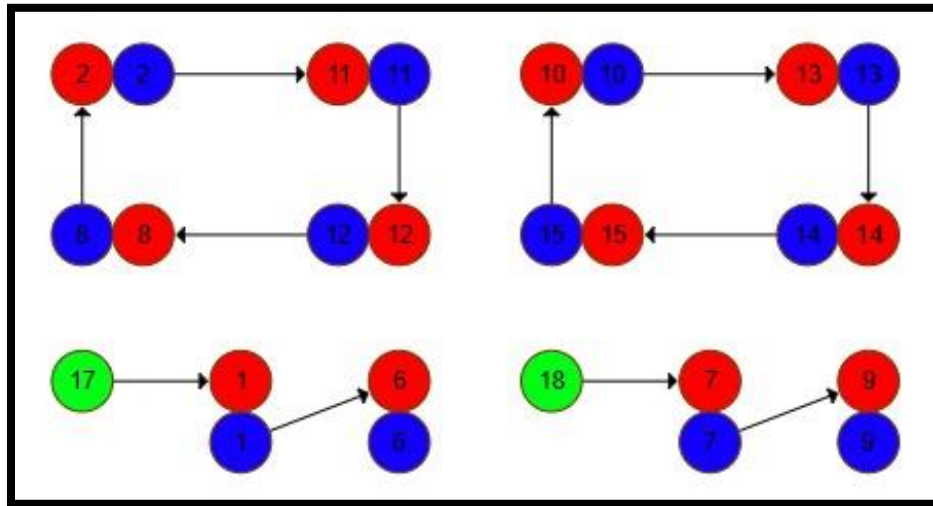


Fig. 13. Solución manual 1 para instancia 30.

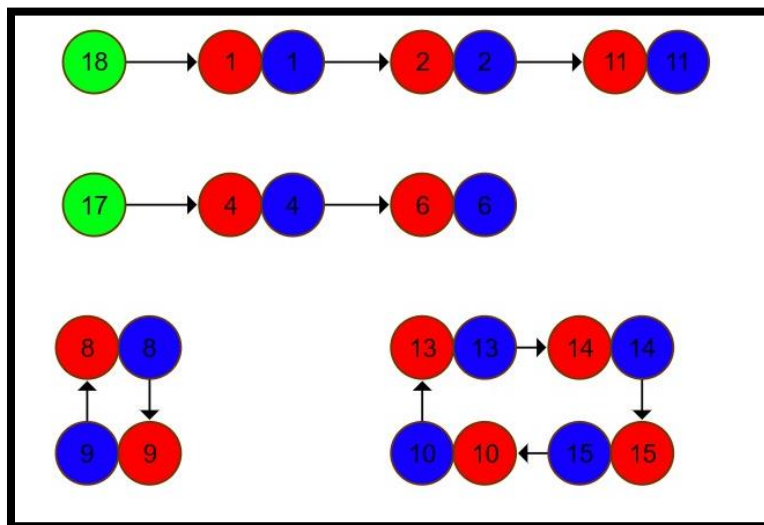


Fig. 14. Solución manual 2 para instancia 30.

B. Revisión de literatura

Con el propósito de seleccionar una metodología adecuada para darle una respuesta al problema del intercambio de riñón, se realizó una revisión de la literatura relevante para determinar qué metaheurística han obtenido los mejores resultados añadiendo la confiabilidad del estudio realizado, tanto en tiempo como en su función de aptitud (indicadores) en comparación con otras. La TABLA VIII resume los principales hallazgos encontrados.

TABLA VIII
REVISIÓN DE LITERATURA.

Título	Autores. año y referencia	Metaheurística	Contexto	Resultados																																														
Ant Lion Optimization algorithm for kidney exchanges	Eslam Hamouda. Sara El-Metwally. Mayada Tarek. 2018[21].	Hormiga leon (<i>Ant Lion</i>)	El algoritmo se basa en el comportamiento de caza de las hormigas león y sus presas las hormigas. Las hormigas representan posibles soluciones y los leones hormigueros son posicionados en todo el espacio de soluciones. Las hormigas se mueven hacia las posiciones, guiadas por la calidad de las soluciones. También pueden dejar “feromonas” que indican la calidad de las soluciones. utilizadas por otras hormigas para dirigirse hacia áreas prometedoras.	<p>Este documento propone la comparación entre el modelo de la hormiga león, algoritmo genético, métodos de programación entera. En todos los casos de prueba el algoritmo propuesto superó al algoritmo genético, respecto al modelo entero fueron similares. En tiempo el algoritmo genético se quedó fuera del tiempo de corrido, el león hormiguero 14.2 segundos y la programación entera 7.1 segundos. Estos resultados de los casos de prueba se pueden observar en la Fig. 15.</p> <table border="1" data-bbox="971 562 1430 814"> <thead> <tr> <th rowspan="2">Pool size</th> <th rowspan="2">M</th> <th colspan="3">#Transplants</th> </tr> <tr> <th>GA</th> <th>PROPOSED</th> <th>IP</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>30</td> <td>7</td> <td>3 ± 0</td> <td>3 ± 0</td> <td>3</td> </tr> <tr> <td>40</td> <td>45</td> <td>9.8 ± 0.8</td> <td>10.2 ± 0.98</td> <td>11</td> </tr> <tr> <td>50</td> <td>30</td> <td>6.6 ± 0.7</td> <td>5 ± 0</td> <td>7</td> </tr> <tr> <td>75</td> <td>64</td> <td>15.4 ± 0</td> <td>17.4 ± 0.92</td> <td>18</td> </tr> <tr> <td>100</td> <td>129</td> <td>*</td> <td>19.8 ± 1.5</td> <td>24</td> </tr> <tr> <td>200</td> <td>607</td> <td>*</td> <td>50.2 ± 3.16</td> <td>53</td> </tr> </tbody> </table> <p style="text-align: center;">Fig. 15. Resultados del modelo Ant Lion</p>	Pool size	M	#Transplants			GA	PROPOSED	IP	30	7	3 ± 0	3 ± 0	3	40	45	9.8 ± 0.8	10.2 ± 0.98	11	50	30	6.6 ± 0.7	5 ± 0	7	75	64	15.4 ± 0	17.4 ± 0.92	18	100	129	*	19.8 ± 1.5	24	200	607	*	50.2 ± 3.16	53								
Pool size	M	#Transplants																																																
		GA	PROPOSED	IP																																														
30	7	3 ± 0	3 ± 0	3																																														
40	45	9.8 ± 0.8	10.2 ± 0.98	11																																														
50	30	6.6 ± 0.7	5 ± 0	7																																														
75	64	15.4 ± 0	17.4 ± 0.92	18																																														
100	129	*	19.8 ± 1.5	24																																														
200	607	*	50.2 ± 3.16	53																																														
A Proposed Genetic Algorithm Approach for the Kidney Exchange Problem	Diana Dababneh. Yousef Amer. Linh Thi Truc Doan. Dung Thi My Tran. 2019[22]	Algoritmo genético	Este modelo genera una población inicial de soluciones candidatas, cada solución se evalúa midiendo que tan buena es en relación con el problema que se está abordando, posteriormente se seleccionan las más aptas para sí reproducirlas y generar descendencias. Se crean nuevos individuos a partir de la descendencia y se mide la aptitud de los nuevos individuos generados, de esta manera los individuos menos aptos de la población actual se reemplazan por los nuevos individuos generados. Si se cumple una condición de terminación el algoritmo finaliza; de lo contrario se repite el proceso.	Este modelo no se compara con otros, pero si lo hace con el mismo. La metaheurística que proponen en este documento tiene una variante de contar y extraer todos los ciclos y cadenas antes de comenzar el algoritmo, lo cual disminuirá significativamente el tiempo de cálculo (18%) necesario para ejecutar el algoritmo, que es una de las desventajas de usar GA. El documento concluye que con esta variante implementada conduce a una notable reducción del tiempo de ejecución																																														
Binary Particle Swarm Optimization Algorithm for Kidney Exchanges	Wael M. F. Abdel-Rehim. 2020. [23].	Optimización por enjambre de partículas	Esta metaheurística se basa en imitar el comportamiento de un enjambre, la idea es encontrar la mejor solución moviéndose por el espacio de búsqueda. El modelo inicia creando soluciones candidatas (partículas), se evalúa que tan apta es cada solución y de esta manera cada partícula ajusta su posición y velocidad en función de los mejores resultados encontrados, se actualiza la información sobre las mejores soluciones y se repite el proceso hasta cumplir con una condición de parada o si se llegó a la mejor solución.	<p>Esta metaheurística se compara con otros modelos entre los cuales están: El algoritmo genético, león hormiguero, el propuesto que es por enjambre de partículas y programación entera. En el documento se realiza la prueba para n = 200 parejas y da la solución de cantidad de trasplantes realizados. El algoritmo genético no obtuvo respuesta, león hormiguero si obtuvo 50.2 ± 3.16 intercambios, el propuesto 51 ± 5.3 y la programación entera 53. Estos resultados de los casos de prueba se pueden observar en la Fig. 16.</p> <table border="1" data-bbox="919 1591 1459 1822"> <thead> <tr> <th rowspan="2">Pool size</th> <th rowspan="2">M</th> <th colspan="4">#Transplants</th> </tr> <tr> <th>GA</th> <th>ALO</th> <th>PROPOSED</th> <th>IP</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>30</td> <td>7</td> <td>3 ± 0</td> <td>4 ± 0</td> <td>3 ± 0</td> <td>3</td> </tr> <tr> <td>40</td> <td>45</td> <td>9.8 ± 0.8</td> <td>10.2 ± 0.98</td> <td>10.0 ± 0.9</td> <td>11</td> </tr> <tr> <td>50</td> <td>30</td> <td>6.6 ± 0.7</td> <td>7 ± 0</td> <td>6.9 ± 0.4</td> <td>7</td> </tr> <tr> <td>75</td> <td>64</td> <td>15.4 ± 0</td> <td>17.4 ± 0.92</td> <td>17.6 ± 0.9</td> <td>18</td> </tr> <tr> <td>100</td> <td>129</td> <td>*</td> <td>19.8 ± 1.5</td> <td>20.7 ± 4.5</td> <td>24</td> </tr> <tr> <td>200</td> <td>607</td> <td>*</td> <td>50.2 ± 3.16</td> <td>51 ± 5.3</td> <td>53</td> </tr> </tbody> </table> <p style="text-align: center;">Fig. 16. Resultados del modelo</p>	Pool size	M	#Transplants				GA	ALO	PROPOSED	IP	30	7	3 ± 0	4 ± 0	3 ± 0	3	40	45	9.8 ± 0.8	10.2 ± 0.98	10.0 ± 0.9	11	50	30	6.6 ± 0.7	7 ± 0	6.9 ± 0.4	7	75	64	15.4 ± 0	17.4 ± 0.92	17.6 ± 0.9	18	100	129	*	19.8 ± 1.5	20.7 ± 4.5	24	200	607	*	50.2 ± 3.16	51 ± 5.3	53
Pool size	M	#Transplants																																																
		GA	ALO	PROPOSED	IP																																													
30	7	3 ± 0	4 ± 0	3 ± 0	3																																													
40	45	9.8 ± 0.8	10.2 ± 0.98	10.0 ± 0.9	11																																													
50	30	6.6 ± 0.7	7 ± 0	6.9 ± 0.4	7																																													
75	64	15.4 ± 0	17.4 ± 0.92	17.6 ± 0.9	18																																													
100	129	*	19.8 ± 1.5	20.7 ± 4.5	24																																													
200	607	*	50.2 ± 3.16	51 ± 5.3	53																																													

<p>Heuristic Approaches for Multi-Criteria Optimisation in kidney Exchange Programs</p>	<p>L. Nickholds. V. Mak-Hau. 2015.[24].</p>	<p>1.The Random Ascent 2. Steepest Ascent</p>	<p>El primer modelo se basa en una idea simple pues genera soluciones iniciales nuevas basándose en una solución inicial y compara la solución actual con la anterior, se selecciona la solución con mayor peso como base para la siguiente iteración repitiéndose este proceso hasta encontrar la mejor respuesta. En el segundo modelo se difiere en que examina todos los intercambios posibles dentro de la población en lugar de un solo intercambio, a partir de haber encontrado una solución con el mayor peso, compara con otras soluciones hasta encontrar un máximo local.</p>	<p>Este documento propone una comparación entre los dos modelos mencionados. No hace comparación con más modelos. De esta manera resuelve dos librerías en donde cada una contiene 30 casos de prueba, una de las librerías se denomina AUS 0 200, en donde el <i>random ascent</i> logró una solución en 12.243 segundos y el <i>steepest ascent</i> en 37.0416 segundos.</p>																																																																																
<p>A genetic algorithm for kidney transplantation matching</p>	<p>S. Goezinne. R. Bekker and K. Glorie[25]</p>	<p>Algoritmo genético</p>	<p>El documento propone 3 metodologías diferentes que usan los mismos componentes básicos del algoritmo genético, entre las metodologías se encuentran:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Centrarse solo en soluciones factibles. 2. Solo centrándose en soluciones infactibles, generando penalizaciones para las soluciones no viables. 3. Metodología mixta, la cual mezcla los dos métodos anteriormente mencionados En donde después de un número determinado de generaciones, las soluciones se vuelven factibles y se optimizan utilizando el mismo procedimiento que en el método 1. 	<p>Dentro de las pruebas realizadas en documento se observa una comparación entre las 3 metodologías y un programa exacto, se hacen las pruebas desde los 20 hasta los 200 nodos dando como resultado la cantidad de emparejamientos realizados con el tiempo que tomó cada uno. Los resultados en términos de parejas salvadas se encuentran en la <i>Fig. 17</i> y en términos de tiempo en la <i>Fig. 18</i></p> <table border="1" data-bbox="922 867 1523 1008"> <thead> <tr> <th></th> <th>Node=20 Arcs = 91</th> <th>Node=30 Arcs=180</th> <th>Node=40 Arcs= 314</th> <th>Node=50 Arcs=555</th> <th>Node=75 Arcs=1284</th> <th>Node=100 Arcs=2313</th> <th>Node=200 Arcs=11201</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Method 1</td> <td>6</td> <td>6</td> <td>9</td> <td>22</td> <td>35</td> <td>42</td> <td>-</td> </tr> <tr> <td>Method 2</td> <td>6</td> <td>6</td> <td>9</td> <td>21</td> <td>33</td> <td>39</td> <td>95</td> </tr> <tr> <td>Method 3</td> <td>6</td> <td>6</td> <td>9</td> <td>22</td> <td>34</td> <td>40</td> <td>96</td> </tr> <tr> <td>Exact program</td> <td>6</td> <td>6</td> <td>9</td> <td>22</td> <td>35</td> <td>43</td> <td>108</td> </tr> </tbody> </table> <p><i>Fig. 17. Resultados de parejas salvadas en el documento</i></p> <table border="1" data-bbox="922 1087 1523 1228"> <thead> <tr> <th></th> <th>Node=20 Arcs = 91</th> <th>Node=30 Arcs=180</th> <th>Node=40 Arcs= 314</th> <th>Node=50 Arcs=555</th> <th>Node=75 Arcs=1284</th> <th>Node=100 Arcs=2313</th> <th>Node=200 Arcs=11201</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Method 1</td> <td>1.41</td> <td>8.00</td> <td>42.05</td> <td>90.81</td> <td>774.35</td> <td>11298.07</td> <td>> 61200.00</td> </tr> <tr> <td>Method 2</td> <td>1.01</td> <td>1.09</td> <td>1.82</td> <td>4.59</td> <td>23.12</td> <td>431.38</td> <td>56726.97</td> </tr> <tr> <td>Method 3</td> <td>0.81</td> <td>2.01</td> <td>12.88</td> <td>32.07</td> <td>308.64</td> <td>1095.98</td> <td>57800.75</td> </tr> <tr> <td>Exact program</td> <td>0.34</td> <td>0.22</td> <td>0.25</td> <td>0.41</td> <td>0.94</td> <td>1.16</td> <td>2.60</td> </tr> </tbody> </table> <p><small>Table 3: Runtime in seconds</small> <i>Fig. 18. Resultado del tiempo tomado</i></p>		Node=20 Arcs = 91	Node=30 Arcs=180	Node=40 Arcs= 314	Node=50 Arcs=555	Node=75 Arcs=1284	Node=100 Arcs=2313	Node=200 Arcs=11201	Method 1	6	6	9	22	35	42	-	Method 2	6	6	9	21	33	39	95	Method 3	6	6	9	22	34	40	96	Exact program	6	6	9	22	35	43	108		Node=20 Arcs = 91	Node=30 Arcs=180	Node=40 Arcs= 314	Node=50 Arcs=555	Node=75 Arcs=1284	Node=100 Arcs=2313	Node=200 Arcs=11201	Method 1	1.41	8.00	42.05	90.81	774.35	11298.07	> 61200.00	Method 2	1.01	1.09	1.82	4.59	23.12	431.38	56726.97	Method 3	0.81	2.01	12.88	32.07	308.64	1095.98	57800.75	Exact program	0.34	0.22	0.25	0.41	0.94	1.16	2.60
	Node=20 Arcs = 91	Node=30 Arcs=180	Node=40 Arcs= 314	Node=50 Arcs=555	Node=75 Arcs=1284	Node=100 Arcs=2313	Node=200 Arcs=11201																																																																													
Method 1	6	6	9	22	35	42	-																																																																													
Method 2	6	6	9	21	33	39	95																																																																													
Method 3	6	6	9	22	34	40	96																																																																													
Exact program	6	6	9	22	35	43	108																																																																													
	Node=20 Arcs = 91	Node=30 Arcs=180	Node=40 Arcs= 314	Node=50 Arcs=555	Node=75 Arcs=1284	Node=100 Arcs=2313	Node=200 Arcs=11201																																																																													
Method 1	1.41	8.00	42.05	90.81	774.35	11298.07	> 61200.00																																																																													
Method 2	1.01	1.09	1.82	4.59	23.12	431.38	56726.97																																																																													
Method 3	0.81	2.01	12.88	32.07	308.64	1095.98	57800.75																																																																													
Exact program	0.34	0.22	0.25	0.41	0.94	1.16	2.60																																																																													

A partir de los documentos encontrados se puede analizar que hay una escasez de metodologías basadas en metaheurísticas, además, los resultados propuestos en cada documento tenían poca diferencia entre ellos, es por eso que a la hora de realizar la comparación para así escoger cual metodología usar, hizo que fuera complejo tomar la decisión al no tener una cantidad de datos considerable, sin embargo, esta circunstancia se puede ver como una oportunidad para brindar conocimiento al problema del intercambio de riñón.

C. Exploración de ideas y selección de alternativa

Con base a las metodologías abordadas en la revisión de literatura y en los resultados presentados se realiza la selección de la mejor opción. Se debe tener en cuenta que la resolución mediante un modelo de programación lineal entera-mixta no se incluye como alternativa puesto que en la literatura se ha mostrado la complejidad de este problema y el excesivo tiempo computacional

que se requiere para resolverlo, incluso en los casos de mayor tamaño el modelo matemático no encuentra una solución en un tiempo viable. Esto se debe a la complejidad de resolución NP-Hard del problema. Sin embargo, la literatura es escasa con relación a la comparación entre metodologías de búsqueda aproximada. Bajo este contexto el objetivo del proyecto es brindar una alternativa eficiente sacrificando un poco la precisión (no se garantiza encontrar una solución óptima), pero encontrando soluciones competitivas.

Dentro de las alternativas se encuentra el algoritmo genético (GA) propuesto por D. Dababneh, Y. Amer, L. Truc Doan, D. Tran [22] este cumple con ser una publicación indexada y presenta más de un trabajo realizado, mostrando su eficiencia en este tipo de problemas, presenta una codificación y decodificación del problema, que consiste en la enumeración de todos los posibles ciclos y cadenas, siendo cada una un gen binario en el algoritmo, siendo una codificación ineficiente (e inviable por el excesivo uso de memoria computacional) para problemas de gran tamaño, y por tanto perdiendo una de las cualidades de las metaheurísticas. Por otro lado, se encuentra *the random ascent* y *steepest ascent* [24] el cual no se compara con resultados de otros modelos, a su vez que no detalla con minuciosidad los operadores usados, dificultado su replicabilidad. Es por esta razón que se descarta inicialmente esta metaheurística. Continuando con la selección, contamos con el modelo de optimización de *Ant Lion optimization* (ALO) y *particle swarm optimization* (SPO).

Al realizar una comparación entre el modelo ALO y el GA, el primer modelo supera en resultados al segundo, además, el LAO se acerca a los resultados obtenidos de tiempo y trasplantes realizados con la programación entera para casos pequeños, por otro lado, se tiene la optimización por enjambre de partículas (SPO) presentados por [23], que realiza comparación de resultados con el algoritmo genético (GA), *Ant Lion* (ALO) y programación entera. El PSO supera tanto en tiempo como en trasplantes realizados a los tres algoritmos mencionados anteriormente y a pesar de que muestra la comparación con otros modelos, las instancias resueltas fueron pequeñas por lo que no son concluyentes más aún considerando que este proyecto usa bases de datos que van desde las 1 000 a las 2 000 parejas en adelante. El mayor problema fue que la publicación respectiva del PSO fue en una revista no indexada, por tanto, la validez del contenido de la investigación es cuestionable y fue descartada. Finalmente se decide escoger el GA como el modelo a usar, se parte de los principios de confiabilidad, replicabilidad y sobre todo se identificó una oportunidad de mejora, partiendo de un diseño de un algoritmo genético cuya codificación y decodificación no requieran la enumeración explícita de todos los ciclos y cadenas sujetos a una cardinalidad

D. Objetivo general

Diseñar una metaheurística mediante un algoritmo basado en el algoritmo genético usando programación para la solución del problema de intercambio de riñón.

Objetivos específicos

- I. Realizar una revisión de literatura en bases de datos científicas para identificar los principales operadores y reglas de movimiento poblacional para realizar una codificación para el problema de intercambio de riñón.
- II. Diseñar los elementos básicos de la optimización del algoritmo genético para mejorar la eficiencia de la asignación de parejas en el intercambio de riñón.
- III. Validar e implementar el algoritmo propuesto mediante el uso de librerías de casos de prueba realistas encontradas en la literatura.

E. Plan de trabajo (PdT)

TABLA IX

PdT.

Objetivo General							
Diseñar una metaheurística mediante un algoritmo basado en el algoritmo genético usando programación para la solución del problema de intercambio de riñón.							
Objetivo Específico	Actividades	Área IISE	Herramienta	#	Entregable	Fecha de inicio	Fecha de fin

Realizar una revisión de literatura en bases de datos científicas para identificar los principales operadores, reglas de movimiento poblacional de la metaheurística y realizar una codificación para el problema del intercambio de riñón.	1.1. Identificar que es un trasplante de riñón.	2. Investigación y análisis de operaciones.	NA.	NA.	Documentos escritos con los papers investigados	1/02/2023	21/02/2023
	1.2. Identificar las problemáticas de los trasplantes de riñón.	2. Investigación y análisis de operaciones.	Modelos de colas de disciplina prioritaria.	2.12.5		22/02/2023	22/03/2023
	1.3. Investigar sobre las organizaciones que tratan el intercambio de riñón.	2. Investigación y análisis de operaciones.	Modelos de colas de disciplina prioritaria.	2.12.5		23/03/2023	11/04/2023
	1.4. Realizar búsquedas en bases de datos de artículos científicos que tengan soluciones relacionadas al problema del intercambio de riñón.	2. Investigación y análisis de operaciones.	Enfoques de modelación.	2.1.1		24/03/2023	4/04/2023
	1.5. Seleccionar los artículos científicos enfocados en el desarrollo de metaheurísticas del problema de intercambio de riñón.	2. Investigación y análisis de operaciones.	Procedimientos heurísticos versus de optimización.	2.1.2		Documento donde se resumen los artículos de las metaheurísticas desarrolladas	2/05/2023
Diseñar los elementos básicos del algoritmo genético para mejorar la eficiencia de la asignación de parejas de intercambio de riñón.	2.1. Plantear método de codificación	2. Investigación y análisis de operaciones.	Procedimientos heurísticos versus de optimización.	2.1.2	Algoritmo.	7/06/2023	18/07/2023
	2.2. Establecer la codificación del problema	2. Investigación y análisis de operaciones.	Procedimientos heurísticos versus de optimización.	2.1.2		7/06/2023	18/07/2023
	2.3. Realizar la decodificación.	2. Investigación y análisis de operaciones.	Procedimientos heurísticos versus de optimización.	2.1.2	Componentes computacionales de la heurística.	7/06/2023	18/07/2023
	2.4. Seleccionar un lenguaje de programación que sea eficiente para el desarrollo de la metaheurística propuesta.	2. Investigación y análisis de operaciones.	Enfoques de modelación.	2.1.1	Documento donde compare los diferentes lenguajes de programación.	7/06/2023	28/08/2023

	2.5. Adaptar el método seleccionado de asignación para el problema del intercambio de riñón a través del lenguaje de programación.	14. Diseño e ingeniería de sistemas.	Requerimientos de asignación y derivados.	14.2.3	Código de programación donde se desarrolle la metaheurística enfocada a la asignación del intercambio de riñón.	7/06/2023	28/08/2023
Validar e implementar el algoritmo propuesto mediante el uso de librerías de casos de prueba realistas encontradas en literatura.	3.1. Obtener resultados	1. Diseño y medición del trabajo.	Mediciones versus diseño	1.1.2	Documento donde se evidencia los resultados de la metaheurística propuesta.	29/08/2023	20/11/2023
	3.2. Analizar los resultados	1. Diseño y medición del trabajo.	Mediciones versus diseño	1.1.2		29/08/2023	20/11/2023
	3.3. Validar la eficiencia de la asignación propuesta del método heurístico.	1. Diseño y medición del trabajo.	Requerimientos.	1.5.2		29/08/2023	20/11/2023
	3.4. Comparar los resultados de la metaheurística propuesta con modelos matemáticos investigados.	1. Diseño y medición del trabajo.	Métodos.	1.5.1	Documento donde se compare los resultados de la metaheurística desarrollada con los resultados de las metodologías actuales.	29/08/2023	20/11/2023

IV.DISEÑO

A. Desarrollo de la solución

Después de evaluar las metodologías disponibles y considerar las limitaciones de cada una de ellas, la selección del algoritmo genético (Genetic Algorithm. GA) se basa en la revisión de literatura científica, donde se encontró que los algoritmos poblacionales, en general, tiene resultados eficientes para este tipo de problemas. Cabe resaltar que la literatura sobre metaheurísticas para resolver el KEP es limitada, puesto que, en su mayoría, los investigadores han centrado sus esfuerzos en modelos exactos. Dada las limitaciones computacionales de estos modelos, una alternativa razonable es usar algoritmos de búsqueda e inteligencia artificial para alcanzar soluciones a problemas que los modelos matemáticos no pueden hacerlo. Sacrificando un poco de precisión a cambio de eficiencia. Así, el objetivo del algoritmo es maximizar las asignaciones de parejas que necesitan un intercambio de riñón, esto es equivalente a fin salvar la mayor cantidad de vidas. Se considerará un factor de importancia (peso) igual para todas las parejas. Parte fundamental en el desarrollo de esta metodología radica en asegurar que todas las parejas tengan igual oportunidad de obtener un riñón sin verse afectadas por ventajas o beneficios externos que alguien pueda tener, evitando cualquier tipo de sesgo. El enfoque busca garantizar que todas las parejas tengan la misma importancia y oportunidad para participar en el intercambio. En esta sección se presentan los supuestos considerados y se definen todos los componentes de diseño del algoritmo propuesto.

El origen de los GA se atribuye principalmente a John Holland, un investigador de la Universidad de Michigan, quien buscó simular el proceso de selección natural para resolver problemas matemáticos. Inicialmente, esta técnica se denominó "planes reproductivos", pero más tarde se popularizó como "Algoritmo Genético". Básicamente, implica una población de soluciones

representadas por cromosomas (codificación). Cada uno de estos cromosomas tiene un valor de comparación, llamado fitness, que representa la idoneidad de la solución correspondiente al problema (que tan apto es un individuo), a partir de dicho valor los individuos buscarán tener hijos, en otros términos, reproducirse de forma que su descendencia tenga mejores genes y por tanto mejor valor en su fitness. Estos algoritmos combinan la supervivencia del individuo más idóneo con un intercambio de información estructurado, permitiendo incluso mezclar genes de los individuos menos aptos (con menor probabilidad). Además, existe una probabilidad de que los cromosomas experimenten mutaciones; esto para darle variedad a cada nueva población [26]. Los GA son utilizados principalmente para la búsqueda de soluciones y optimización de problemas complejos. Se basan en el principio de supervivencia del más capaz o el más apto. Así, es un algoritmo de búsqueda que se basa en la mecánica de selección natural y la genética.

El conjunto de los parámetros que componen un cromosoma es representado con vectores o contenedores informáticos, que reciben el nombre de *genotipo*. Este contiene la información necesaria para la construcción del organismo, es decir, la solución real al problema, denominada *fenotipo*. Por ejemplo, en términos biológicos, la información genética contenida en el ADN de un individuo sería el genotipo, mientras que la expresión de ese ADN (el propio individuo) sería el fenotipo [26]. Las metaheurísticas, como el GA, brindan una metodología general de búsqueda y se debe adaptar a cada problema particular.

Para resolver un problema utilizando GA, se deben establecer sus operadores genéticos y dinámicas. Todo empieza con la definición de la codificación de las soluciones (los cromosomas), luego con la generación de la población inicial. En ella, cada individuo representa una posible solución al problema. Estos individuos evolucionan, mediante operadores de selección, cruce, mutación y reemplazo. Al adaptarse en cada generación, de acuerdo con la solución requerida al problema real, se espera que la descendencia mejore (obtenga un mejor fitness). A continuación, se describen de forma detallada la codificación, la decodificación y los demás operadores, contextualizados y adaptados al problema de intercambio de riñones [27].

- Codificación:

La codificación es una representación de una solución a un problema real, normalmente se almacena en un contenedor informático (como un vector, lista o mapa); y es sobre él en dónde se realizará la búsqueda. Para este caso, dado que el KEP se puede representar mediante un grafo $G = (V, E)$, donde V representa los vértices (parejas) y E los arcos (compatibilidades), las codificaciones usadas en problemas cuya repristinación también pueda ser en un grafo podría ser de utilidad, por ejemplo, el Traveling Salesman Problem (TSP) [28] [29], el Vehicle Routing Problem VRP [30] [31] o el Resource-Constrained Project Scheduling Problem (RCPSp) [32] [33], podrían ser útiles. Por otra parte, en la literatura se ha encontrado, principalmente, codificaciones donde se enumeran de forma exhaustiva los ciclos y las cadenas [22] [25], la principal desventaja es que esta enumeración no es viable en problemas de gran tamaño. Por esto se decidió usar una codificación que no requiera dicha enumeración. Siendo este uno de los principales aportes del proyecto, pues, las codificaciones basadas en la enumeración requieren aproximadamente de una cantidad factorial de ciclos y cadenas. Como se muestra en la Ecuación (1) donde *pair* es el número de parejas del problema y *size* el tamaño del ciclo/cadena a considerar.

$$\frac{pair!}{(pair - size)!} \quad (1)$$

La codificación propuesta se basa en una lista de permutaciones de prioridad y está representada por un cromosoma compuesto de 3 vectores. El vector Vp almacena una lista de nodos (parejas y altruistas) sin repetición, cuyo orden representa la prioridad para crear los ciclos (en el caso de parejas) y cadenas (en el caso de altruistas). Esta representación se detallará más adelante en la denominada decodificación. El segundo vector es el Vk , sus alelos están compuestos por números enteros entre 1 y 4 debido a la cardinalidad requerida por la solución a este problema. Este valor es el asociado a la capacidad de realizar intercambios de riñones de forma simultánea que se ha establecido en cuatro, tanto para los ciclos y las cadenas. Por esta razón, estos alelos representan para cada nodo de Vp el número de conexiones a realizar, es decir, indican el tamaño del ciclo o la cadena que representa. Finalmente, se tiene el vector Vt que representa el tipo de donante que es cada alelo de Vp , es decir, si es altruista toma el valor de 1, y si es una pareja toma el valor de 0, esto permitirá saber si se debe formar un ciclo o una cadena. En la Fig. 19 se muestra un ejemplo completo del cromosoma propuesto de un problema llamado I.21 con 18 nodos, de los cuales 16 son parejas y 2 altruistas. El primer gen del vector Vp contiene un alelo de valor 5, que indica el número de la pareja que será considerada de primero para ser asignada, y según los vectores Vk y Vt debe generar un ciclo de cuatro conexiones.

I.21	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
Vp	5	2	8	11	12	18	6	3	9	16	14	13	15	1	10	7	4	17
Vk	4	3	3	3	4	1	2	3	4	3	3	2	4	2	2	3	4	2
Vt	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

Fig. 19. Ejemplo de la representación de cromosoma para el KEP.

- Decodificación

La decodificación es el proceso de traducción de la información codificada de un cromosoma para que pueda ser interpretada (calculando el valor de la función fitness) y transformada en una solución real (qué intercambios de riñón hacer). Para este caso, se cuenta con los tres vectores planteados en la codificación y se definen dos conjuntos auxiliares llamados *sRevisados* y *sAsignados*, que no hace parte del cromosoma, pero apoya al proceso de decodificación. Tienen como función determinar si una pareja sigue disponible o ya se ha asignado a un intercambio de riñón en una iteración dada en el algoritmo; a medida que se revisa cada cromosoma se va guardando en el conjunto *sRevisados* (para no considerar conexiones repetidas) y en caso de ser asignados se pasaría al conjunto de *sAsignados* en donde queda inhabilitado para ser usado o revisado posteriormente.

El proceso de asignación comienza teniendo en cuenta el vector *Vp*, debido a que este determina el orden y por ende la prioridad con la que se comienza a realizar las asignaciones, a continuación, se muestra el funcionamiento del decodificador con un ejemplo. Asuma que se tiene el cromosoma de la Fig. 19. Como primer paso, se busca generar el número de conexiones indicadas por el primer alelo *Vk* para el primer alelo *Vp* teniendo en cuenta si se debe generar una cadena o un ciclo (esto depende del tipo de paciente indicado por el vector *Vt*). En la Fig. 20 se muestra al alelo 5, que corresponde a una pareja que busca realizar un ciclo de 4 conexiones (intercambios de riñón), teniendo en cuenta que la última de ellas debe ser la que retorna al alelo inicial, es decir, debe volver al *Vp* = 5 (pues es una pareja quién inicia los intercambios, no un altruista). Esta primera decisión se denomina nivel 0.

I.21	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
Vp	5	2	8	11	12	18	6	3	9	16	14	13	15	1	10	7	4	17
Vk	4	3	3	3	4	1	2	3	4	3	3	2	4	2	2	3	4	2
Vt	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

Fig. 20. Esquema de un cromosoma en el que se ha seleccionado el primer nodo para buscar los intercambios

La metodología propuesta para cumplir la búsqueda de conexiones está basada en el algoritmo *Branch and Bound*, esto se debe a que, en caso de no encontrar un retorno en una conexión dada (o una conexión factible sin alcanzar el valor de *Vt*), el algoritmo tiene que regresar y buscar algún otro nodo (siguiente conexión factible) que sí le permita cerrar el ciclo. Por ejemplo, si con la primera conexión (pareja 2 según el orden de *Vp*) de la pareja 5 no puede conseguir las cuatro conexiones, se debe explorar con todas las demás primeras posibles conexiones, según el orden de *Vp*. Como se muestra en la Fig. 21, la pareja 5, que es el nodo inicial del ciclo que se pretende hacer, tiene 11 posibles receptores y de acuerdo con el orden de los *Vp* del cromosoma, la primera pareja con la cual debería realizar la conexión es la *Vp* = 2.

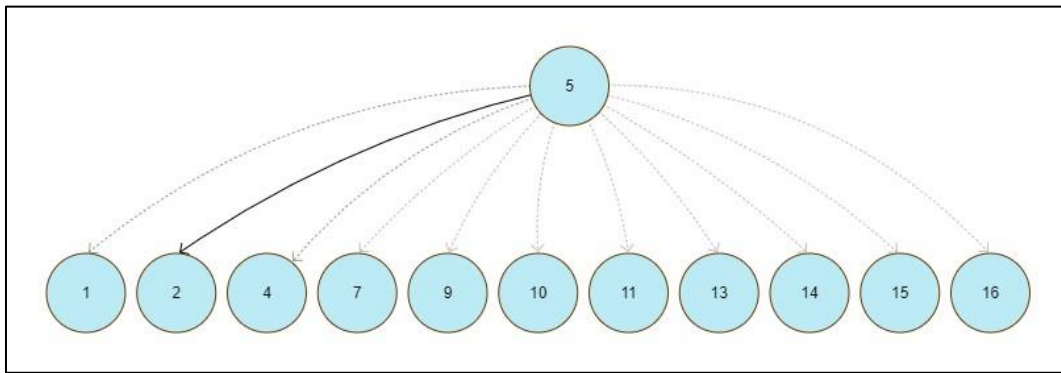


Fig. 21. Esquema que representa la ramificación de los posibles intercambios desde el nodo 5.

Siguiendo el ejemplo, se realiza el primer intercambio en donde: la pareja 5 entrega riñón a la pareja 2, y esta última deberá seguir el proceso buscando a quien entregar su riñón como se observa en la Fig. 22. Finalmente, la pareja 2 se deben adicionar en el vector de *sRevisados* de la pareja 5, pero no en el vector *sAsignados* debido a que el ciclo aún no se ha cerrado. A esta segunda decisión se le denomina nivel 1.

I.21	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
Vp	5	2	8	11	12	18	6	3	9	16	14	13	15	1	10	7	4	17
Vk	4	3	3	3	4	1	2	3	4	3	3	2	4	2	2	3	4	2
Vt	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

Fig. 22. Primer intercambio candidato del cromosoma ejemplo.

Después se recorre de nuevo de izquierda a derecha a partir de la posición siguiente de la última en ser revisada, es decir empezaría en este caso desde $Vp = 8$ hasta encontrar un alelo con un paciente compatible al último revisado (según los criterios de compatibilidad entre pacientes) y determinar si con esta conexión se cumple la cantidad de conexiones disponibles de Vk o si debe seguir buscando más.

Continuando con el algoritmo, en la Fig. 23, se muestra al nodo $Vp = 5$ en el nivel 0, el $Vp = 2$, en el nivel 1. En este punto, se tiene una conexión ($k = 1$), pero se requiere alcanzar $k = 4$ (según el Vk que tiene la pareja 5). Siguiendo el orden del cromosoma inicial, el $Vp = 2$ es compatible con el $Vp = 3$, lo que resulta en otro intercambio alcanzando un $k = 2$. Luego, la compatibilidad del $Vp = 3$ permite asignar el riñón a $Vp = 6$ (según el orden de Vp), consiguiendo un $k = 3$ con un nivel 2, y en este punto, para cumplir con su criterio de tamaño $k = 4$ y considerando que no es un altruista, el intercambio debe retornar a su Vp de origen ($Vp = 5$). No obstante, $Vp = 6$ no es compatible con $Vp = 5$, lo que obliga al algoritmo a retroceder al nivel anterior (nivel 1) y se procede a buscar, según el orden y las compatibilidades, una conexión viable. En caso de no encontrarla, se retrocede al nivel anterior para continuar la búsqueda y así hasta cerrar el ciclo o determinar que $Vp = 5$ no puede tener 4 conexiones factibles. En la Fig. 24 se muestra el ciclo válido alcanzado con esta metodología partiendo desde el $Vp = 5$: 5-2-16-3-5.

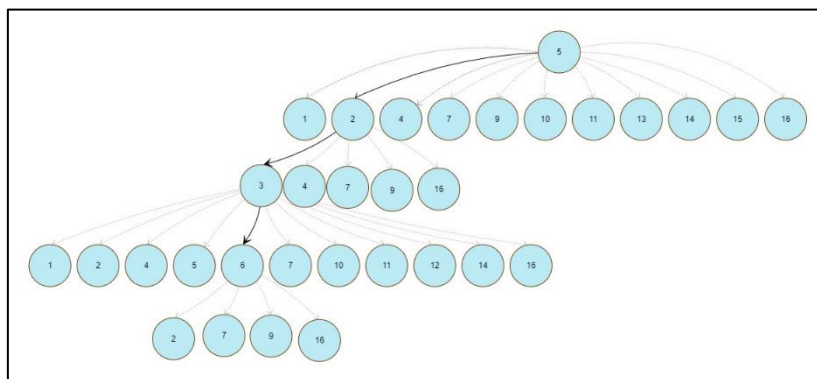


Fig. 23. Ejemplo de la ramificación de un cromosoma que inicia con una pareja.

Después de realizada la decodificación completa, la solución obtenida se aprecia en la *Fig. 25*. Para este caso, que contaba con 16 parejas y 2 altruistas, se logró realizar una cantidad de 7 reemplazos, o viéndose de otra manera, 7 trasplantes realizados. Con respecto al tamaño del caso de prueba se cumple una proporción de trasplantes realizados del 43.75%.

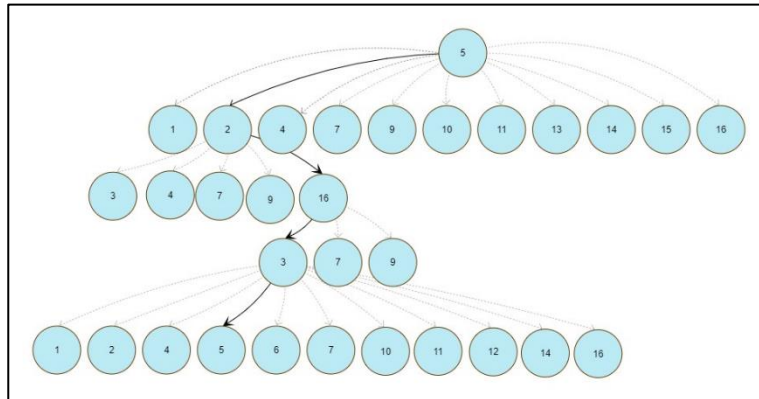


Fig. 24. Ejemplo completo de un ciclo factible mediante metodología propuesta.

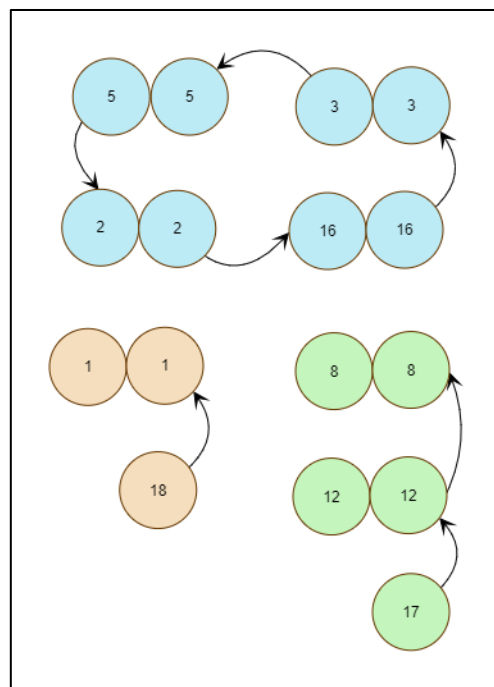


Fig. 25. Solución obtenida

- Operadores Genéticos

1. Función *Fitness* (o función de aptitud):

La función *fitness* toma como entrada una posible solución en forma de cromosoma y brinda como salida qué tan apta es dicha solución. Esta función debe contar con las características específicas del problema abordado, además de ser lo suficientemente rápida para ser calculada, pues es un proceso que se repite constantemente a lo largo del algoritmo. De forma general, la función *fitness* se puede definir como la medida de calidad de una solución, cuyo valor numérico permite comparar varias soluciones y determinar la más adecuada (o apta). En el caso del problema del intercambio de riñón, el valor *fitness* es la cantidad de parejas salvadas o viéndolo desde un punto de modelamiento, cuántos intercambios en total se concretaron; esto se consigue con el decodificador descrito anteriormente.

2. Población inicial:

Esta población consiste en un conjunto inicial de soluciones candidatas o individuos a partir del cual el algoritmo comenzará su búsqueda de una solución óptima o cercana a ella. La elección de la población inicial es crucial porque puede afectar la eficiencia y eficacia del GA. Una población inicial diversa y bien estructurada puede ayudar al algoritmo a explorar un espacio de soluciones más amplio y potencialmente encontrar mejores soluciones (diversidad genética). Existen dos métodos principales para generar una población en un GA según la literatura:

- Inicialización Aleatoria: Se crea la población inicial con soluciones completamente aleatorias.
- Inicialización Heurística: Se crea la población inicial utilizando una heurística conocida para el problema.

Normalmente se recomienda inicializar la primera población bajo algún componente aleatorio, incluso al usar una heurística constructiva, esto se puede lograr asignando valores de prioridad (mayor probabilidad) a ciertos componentes de la solución, permitiendo que sean seleccionados también aquellos con menor prioridad. Esta preferencia a la creación aleatoria se debe a que se busca diversidad en las primeras fases de búsqueda [27].

La inicialización de la población de este algoritmo genético inicialmente consiste en barajar todos los nodos y mediante una probabilidad de selección, comenzar a programar el cromosoma. La probabilidad de que un nodo sea seleccionado se ajusta a medida que se van programando los nodos, es decir, entre más nodos se programe la probabilidad de selección se ajusta de acuerdo con los nodos que haya disponibles dentro del “pool” de nodos para que no existan nodos duplicados dentro del cromosoma. De este modo si el tamaño de algún cromosoma es de 10 nodos, cada uno de ellos tendría una probabilidad de 1/10 para ser seleccionados, cuando se programe el primero la probabilidad se ajustará a 1/9 y así sucesivamente hasta programar el nodo por completo.

3. Operador de Selección:

Es el proceso de elegir padres que posteriormente se reproducirán y crearán una descendencia para la siguiente generación. La selección de padres juega un rol relevante en la fase de explotación del GA, una buena selección de padres impulsa a heredar los mejores genes y así alcanzar mejores individuos. Cabe resaltar que la variedad también tiene un papel relevante, puede hacer que, de unos padres con un valor *fitness* bajos (no tan aptos), se podría generar buenas soluciones (hijos con alto *fitness*). Este proceso de selección tiene diversas formas de ser realizado, entre ellas se pueden destacar [34].

- Selección por ruleta:

El método de selección de la ruleta es ampliamente utilizado en los GAs, se asigna a cada individuo una porción proporcional a su aptitud en una ruleta. De esta manera los individuos de mejor *fitness* reciben porciones más grandes y así mayor probabilidad de ser seleccionados. Usualmente, la población se ordena según la aptitud, colocando las porciones más grandes al inicio de la ruleta [26].

- Selección por torneo:

El método de selección por torneo implica comparar directamente los genotipos de los individuos. Consiste en seleccionar un conjunto de soluciones al azar y dentro de este subconjunto de competición, las mejores soluciones se seleccionan finalmente como vencedores del torneo y como nuevos padres [26].

En este caso, se optó por emplear la selección por ruleta en el algoritmo propuesto, basada en la aptitud de los cromosomas. Para esto, la función *fitness* se normaliza respecto a la sumatoria de los valores de las funciones *fitness* de toda la población (*Fig.*

26) y se toma dicho valor como la probabilidad de ser seleccionado. Inicialmente, se calcula la probabilidad acumulada y crean los intervalos de probabilidad (o "cajones"). Para la selección del padre, en la fase inicial, se genera un número aleatorio uniforme entre 0 y 1, y se determina el intervalo al que pertenece. Así, se elige la solución correspondiente a dicho intervalo. Se contempla la posibilidad de que la solución seleccionada se reproduzca con otras, es decir que una solución sea seleccionada varias veces como candidato a padre. Esto ocasiona que las soluciones más aptas tengan mayor probabilidad de generar descendencia. Se debe tener en cuenta que ocasionalmente se podría seleccionar una solución no muy buena. Sin embargo, seleccionar estas soluciones es crucial, ya que pueden ampliar la exploración del espacio de búsqueda y, en consecuencia, mejorar cada generación.

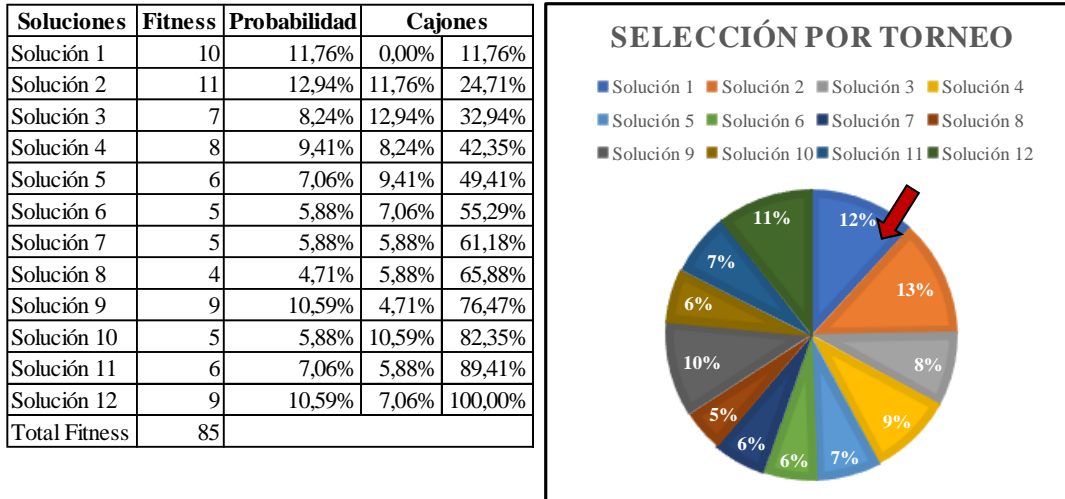


Fig. 26. Ejemplificación selección por ruleta

En la Fig. 27, se exhibe un pseudocódigo que delinearé la lógica central de la selección de padres. Este resumen inicial ofrece una visión rápida de los pasos fundamentales involucrados para realizar correctamente esta función.

```

Operador: Selección de padres


---


Input: Conjunto de cromosomas()
Output: Conjunto de padres()
1 Función: Selección por ruleta
2   For i to Conjunto de cromosomas()
3     Probabilidad de ser seleccionado como padre: Fitness/ Total fitness
4     Generar: Generar número aleatorio de 0 a 1
5     Seleccionar padre: De acuerdo con el numero generado seleccionar padre
6   End if
7 Return: Conjunto de padres()

```

Fig. 27. Pseudocódigo de selección de padres

4. Operador de Cruce:

La idea principal del cruce es combinar genes de individuos, creando potencialmente descendencia con características superiores. Sin embargo, aunque la descendencia pueda tener una adaptación menor que los padres, no significa un retroceso pues esos hijos pueden dar lugar a genes valiosos para las siguientes generaciones. Algunos de los cruces más comunes son [34]

- Cruce de un punto

Selecciona un punto de cruce aleatorio del cromosoma, que lo divide en dos partes. Un hijo tomará la primera parte de los genes del padre y la segunda parte de los genes los tomará de la madre [27]. Este algoritmo se puede adaptar para que se pueda aplicar a una lista de permutaciones.

- Cruce de dos puntos

Este cruce es una generalización del cruce de un punto en el que se intercambian segmentos alternos para obtener nuevas descendencias [34]. Se generan aleatoriamente dos puntos y divide el cromosoma en tres partes. La primera y última se heredan del padre y la sobrante de la madre.

- Cruce uniforme:

En el cruce uniforme, se divide el cromosoma en segmentos. Básicamente, se puede entender como el lanzamiento de una moneda para cada gen y decidir si se incluirá en la descendencia del padre o de la madre. También se puede inclinar la probabilidad hacia un padre, para así tener más material genético de ese progenitor en el hijo [34].

Para el proyecto se ha seleccionado el cruce en un punto, pero en su versión adaptada a problemas de permutaciones (que no permiten repetición de genes). El proceso comienza con la selección de los padres y generando de forma aleatoria qué parte del padre estará presente de la misma manera en el hijo (Fig. 28.a). Posteriormente se añade los genes correspondientes al padre que están desde el inicio hasta el límite marcado (punto de cruce). Luego se descartan del cromosoma de la madre aquellos genes que ya están en el hijo como resultado del primer paso; y se completa los genes del hijo con los demás genes de la madre siguiendo su orden según el Vp (de izquierda a derecha). Esto se ilustra en la Fig. 28.b. En la Fig. 29 se muestra el pseudocódigo de este operador.

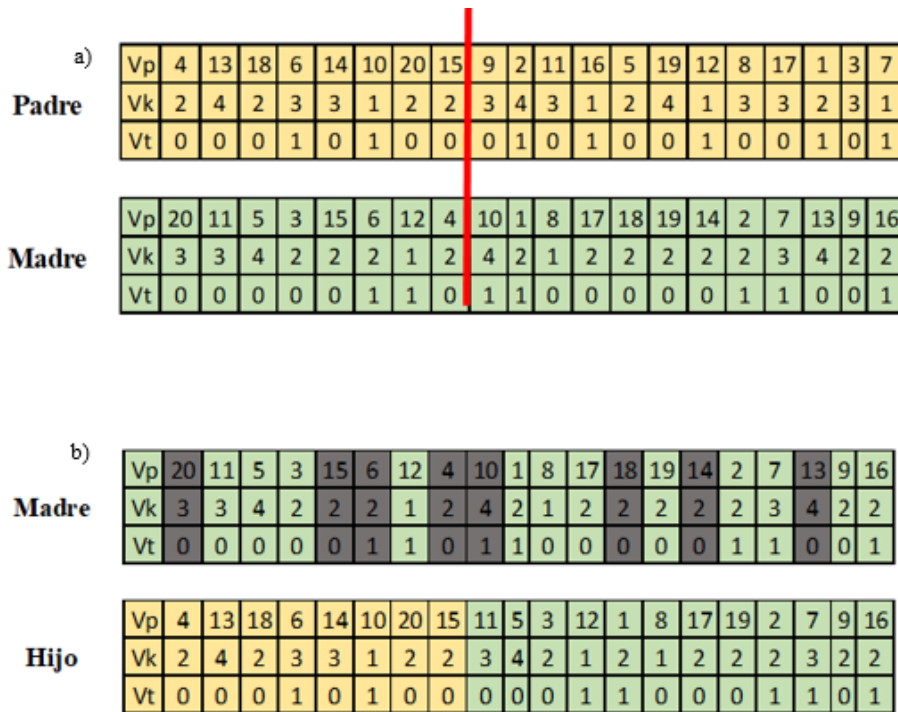


Fig. 28. a) Ejemplo de cruce de un punto; b) Demostración operador de cruce.

Operador: Cruce en un punto

Input: Conjunto de vectores de Cromosomas padre y conjunto de vectores de cromosomas madre

Output: Conjunto de cromosomas hijos del padre y de la madre()

1 **Función:** Cruce en un punto

2 **CrearHijos:** Crear conjunto de hijos para los cromosomas del padre y cromosomas madre()

3 **For** i **to** Tamaño de cromosoma padre()

4 **Selección:** Selección de un mismo punto en cromosoma padre y madre

```

5 | | | Cruce: Realizar el cruce en el punto seleccionado del cromosoma padre y cromosoma madre
6 | | | Vector hijos padre(): Resultado de la primera solución del cruce
7 | | | Vector hijos madre(): Resultados de la segunda solución del cruce
8 | | | End For
9 | Return: Vector hijos padre y vector hijos madre().

```

5. Operador de Mutación:

La mutación altera aleatoriamente el valor de uno o varios de los genes de un individuo. Por lo general, se ejecuta al finalizar el operador de cruce, para seleccionar si un hijo muta o no. Para esto se define una probabilidad de mutación. Este operador imita el proceso natural donde se pueden producir pequeños errores en la transferencia genética de padres a hijos; y a veces estos errores conllevan a genes con beneficios para la supervivencia. La probabilidad de mutación suele ser muy baja, ya que las mutaciones a menudo pueden disminuir la aptitud de la población (fomenta la exploración, pero limita la explotación). A pesar de esto, se realizan para asegurar que haya diversidad en la búsqueda y así ningún sector en el espacio de búsqueda se descarta [27].

Adaptando la metodología al problema abordado, la mutación puede realizar de distintas maneras entre las cuales están:

- **Intercambio:** Al tener un cromosoma, se seleccionan dos genes al azar y se cambian de posición entre ellos. En la Fig. 30 muestra un ejemplo intercambiando los nodos 15 (pareja) y 12 (altruista)[34].

Vp	4	13	18	6	14	10	20	15	9	2	11	16	5	19	12	8	17	1	3	7
Vk	2	4	2	3	3	1	2	2	3	4	3	1	2	4	1	3	3	2	3	1
Vt	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1

Vp	4	13	18	6	14	10	20	12	9	2	11	16	5	19	15	8	17	1	3	7
Vk	2	4	2	3	3	1	2	1	3	4	3	1	2	4	2	3	3	2	3	1
Vt	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1

Fig. 30. Demostración de mutación por intercambio.

- **Inserción:** Este operador selecciona un gen al azar y lo sustrae de su posición para, posteriormente introducirla nuevamente en una posición aleatoria diferente. Los genes en medio de las posiciones deben desplazarse a la izquierda o a la derecha según la posición inicial y final del gen mutado. En la Fig. 31 se ejemplifica la inserción desde el gen de la posición 8 al gen en la posición 14 [34].


```

5 | If numero aleatorio < probabilidad de mutación
6 |   Vector V(): Crear un vector V de tamaño de los vectores hijos
7 |   Shuffle: Intercambiar sus posiciones de manera aleatoria
8 |   Posición 1 = Primera posición del vector V()
9 |   Posición 2 = Segunda posición del vector V()
10 |  Cromosoma mutado: Intercambiar valores posición 1 con posición 2 ( $V_p.V_k$  y
    |    $V_t$ )
11 |  Guardar: Almacenar Cromosomas nuevos (Mutado) en conjunto de
    |   cromosomas()
12 |  Else No se realiza mutación y se evalúa el siguiente cromosoma i
13 | End for
14 | Return: Conjunto de cromosomas()

```

Fig. 33. Pseudocódigo operador mutación

6. Operador de Reemplazo (Selección del superviviente)

Esta fase determina qué individuos serán conservados en la siguiente generación. Es importante que los individuos más aptos no sean expulsados de la población, al mismo tiempo que se debe mantener la diversidad en la población. Algunos GAs utilizan estrategias elitistas, permitiendo que el miembro más apto actual de la población siempre se propague a la siguiente generación. Por lo tanto, el miembro más apto no puede ser reemplazado, pero esto no quiere decir que sea el mismo cada generación. En otros casos se usa la política más sencilla que es expulsar aleatoriamente a miembros de la población o bien solo dejar a la descendencia como nueva población. El reemplazo puede estar basado en:

- Selección basada en edad

En la selección basada en edad, no se centra en la aptitud. Tiene como enfoque que cada individuo solo puede estar presente por una cantidad finita de generaciones, en las cuales se le permite reproducirse; después de eso, es eliminado de la población, sin importar que tan bueno es su fitness.

- Selección basada en aptitud

En esta selección se basa en el valor *fitness*, los hijos tienden a reemplazar a los individuos menos aptos en la población. La selección de los individuos menos aptos puede hacerse utilizando una variación de cualquiera de las políticas de selección descritas anteriormente como es el caso de la selección por torneo y la selección proporcional a la aptitud.

Con base en los resultados obtenidos en problemas análogos y considerando el principio de Darwin, cuya premisa fundamental es la supervivencia del más apto, se implementará una estrategia de selección de supervivientes mediante un proceso semi-elitista (Fig. 34). En este método, se retendrá el 10% de las soluciones más destacadas de los padres y el 10% de los mejores descendientes. Esta práctica tiene como finalidad preservar y elevar la calidad de los individuos en las generaciones sucesivas. Con respecto a la población restante, se generarán nuevamente soluciones de manera aleatoria. La reintroducción de soluciones aleatorias tiene como propósito fomentar la exploración en nuevos sectores, orientándose hacia el óptimo global y evitando quedar estancados en óptimos locales [23]. Este enfoque busca potenciar la diversidad genética mejorando así la capacidad del algoritmo para encontrar soluciones más eficientes y adaptativas. En la Fig. 35, se presenta un pseudocódigo de este operador.

Cromosoma	Fitness	Representación % Población	Cromosoma	Fitness	Representación % Población	Cromosoma	Fitness
Padre 9	8	10%	Hijo 1	9	10%	Padre 9	8
Padre 10	8	10%	Hijo 2	9	10%	Hijo 1	9
Padre 2	8	10%	Hijo 5	8	10%	Nueva Población 1	7
Padre 1	8	10%	Hijo 6	7	10%	Nueva Población 2	4
Padre 5	8	10%	Hijo 9	7	10%	Nueva Población 3	5
Padre 7	7	10%	Hijo 10	7	10%	Nueva Población 4	4
Padre 6	6	10%	Hijo 4	5	10%	Nueva Población 5	7
Padre 4	6	10%	Hijo 7	4	10%	Nueva Población 6	6
Padre 8	5	10%	Hijo 3	4	10%	Nueva Población 7	4
Padre 3	5	10%	Hijo 8	3	10%	Nueva Población 8	7

Fig. 34. Metodología de selección por superviviente

Operador: Selección de superviviente

```

Input: Conjunto de cromosomas padres() y sus fitness. conjunto de cromosomas hijos() y sus fitness
Output: Conjunto de cromosomas supervivientes
1 Función: Semi-Elitista
2   For i to Tamaño de vector
3     Seleccionar padres: Seleccionar el 10% mejor del conjunto de cromosomas padres. de acuerdo con el fitness
4     Seleccionar hijos: Seleccionar el 10% mejor del conjunto de cromosomas hijos. de acuerdo con el fitness
5     Supervivientes(): Almacenar seleccionados
6     Generar población: Rellenar el 80% del vector Supervivientes generando la población nuevamente.
7   End if
8 Return Supervivientes()

```

Fig. 35. Pseudocódigo selección de superviviente

B. Algoritmo

En el siguiente diagrama (Fig. 36), se resumen los componentes claves para el GA propuesto, teniendo como punto de partida la inicialización de la población hasta el criterio de parada. Esta última se define como el mecanismo para detener la búsqueda. A menudo, el Algoritmo Genético se ejecuta durante un número predefinido de generaciones. Esto puede ser razonable en varios entornos experimentales. El tiempo y el costo de las evaluaciones de la función de aptitud pueden limitar la duración del proceso de optimización, en nuestro caso específicamente una de las condiciones de parada es el tiempo, buscamos que los casos de prueba se resuelvan en 30 minutos como máximo, es decir que, si el algoritmo está corriendo y alcanza este tiempo límite, debe terminar. Una condición de terminación útil adicional es la convergencia del proceso de optimización. Al aproximarse al óptimo (local o global), el progreso de las mejoras en la función de aptitud puede disminuir significativamente. Si no se observa un progreso significativo, el proceso evolutivo se detiene. Por ejemplo, puede ser razonable definir la estancación como una diferencia de aptitud repetida menor que en varias generaciones sucesivas [23].

El diseño se desarrolló teniendo en cuenta las principales consideraciones del problema:

- Los donadores altruistas son personas que no esperan recibir un riñón.
- Las cadenas siempre son iniciadas por un altruista y no deben de cerrarse.
- Los ciclos siempre deben cerrarse.

- Los ciclos y cadenas tienen una cardinalidad máxima de cuatro intercambios.

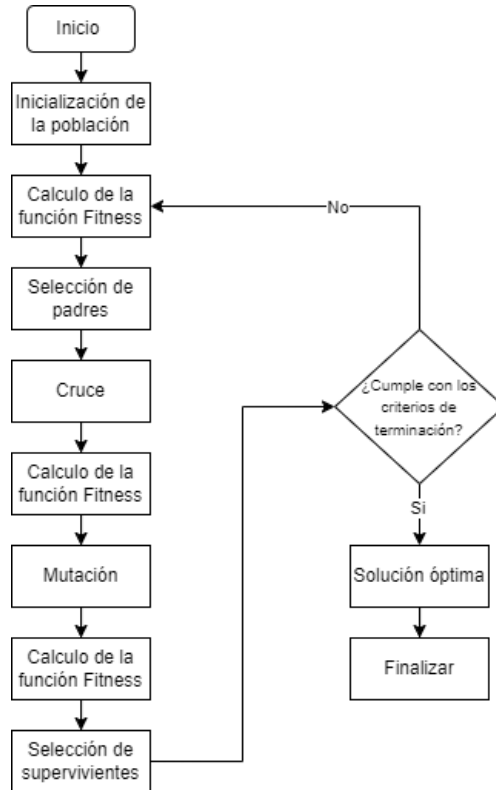


Fig. 36. Diagrama de flujo del algoritmo.

El pseudocódigo presentado en la Fig. 37 brinda una representación simplificada de cómo interactúan los operadores previamente observados en el código. Este esquema ilustra de manera sencilla el funcionamiento general del conjunto de operaciones.

ALGORITMO GENÉTICO

Input: Librería con todas las parejas en cada instancia
Output: Solución y emparejamiento de cada instancia

1 **Función AlgoritmoGenetico**
2 **Inicialización de la población():** Crear la cantidad de cromosomas n
3 **Decode:** Se ingresa a la función para generar las conexiones y evaluar el fitness del tamaño de la población
4 **Fitness():**
5 **For** i **to** n : Cálculo del fitness de todas las parejas
5 **End For**
6 **For** cada generación j **to** criterio de parada
7 **Selección de padres():** Selección mediante ruleta
8 **Cruce():** Realizar cruce en 1 punto del cromosoma
9 **Mutación():** Realizar mutación para generar variedad
10 **Decode ():** Cálculo de nuevo de las conexiones y del fitness de los hijos resultantes
11 | **Función selección superviviente():**
12 | **If** $fitnessHijo > FitnessPadre$ **then**
13 | **ReemplazarHijoPorElPadre()**

```

14 | End if
15 |   If Criterio de parada = True then(): Si el criterio de parada se cumple
16 |   RetornarMejorSolución(): Brinda la mejor solución con los emparejamientos
17 |   Else if
18 |   ContinuarIterando()
19 |   End if
20 | End For
21 | Print RetornarMejorSolución
22 | End Función AlgoritmoGenético

```

Fig. 37. Pseudocódigo algoritmo genético

C. Validación

En la validación del proyecto se muestran dos casos de prueba que fueron utilizados previamente en la revisión del algoritmo Picef en la etapa medir. Por medio de la comparación que se realizó en la TABLA X entre las soluciones del Picef y las del GA se pretende verificar que el modelo propuesto realmente realice soluciones factibles que logren cumplir con todas sus restricciones (compatibilidad, cardinalidad y que se retorne al nodo inicial en caso de ser un ciclo). Los resultados completos con todos los casos de prueba de la base de datos utilizada se encuentran en la siguiente sección de VERIFICAR.

TABLA 10

COMPARACIÓN DE RESULTADOS DE PICEF Y GA

Caso de prueba	Número parejas	Número Altruistas	Picef			GA		
			Tiempo (segundos)	Intercambios	Porcentaje intercambios realizados	Tiempo (segundos)	Intercambios	Porcentaje intercambios realizados
30	16	2	0.011	12	75%	1.881	12	75%
70	32	4	0.046	18	56.25%	5.910	18	56.25%

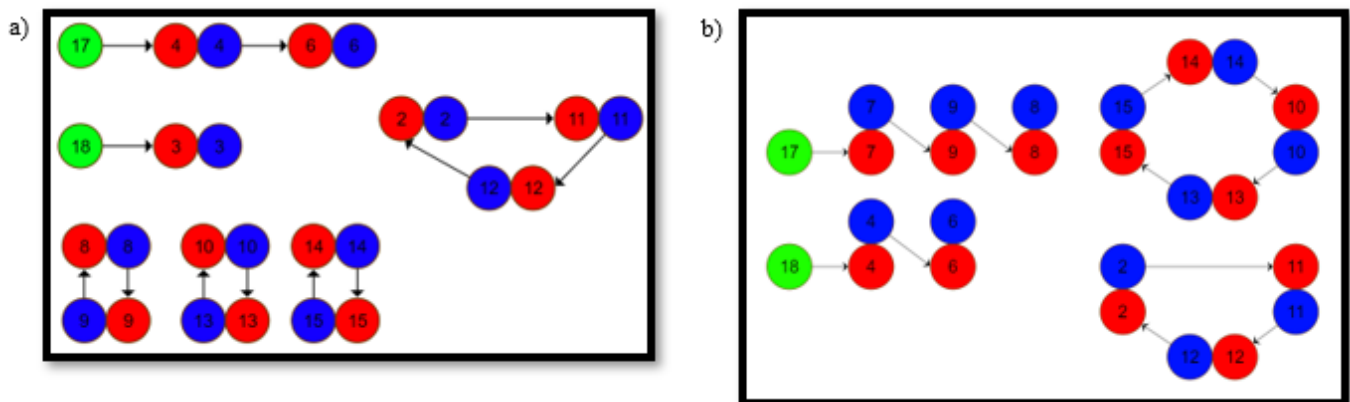


Fig. 38. a) Grafo solución Picef; b) Grafo solución GA

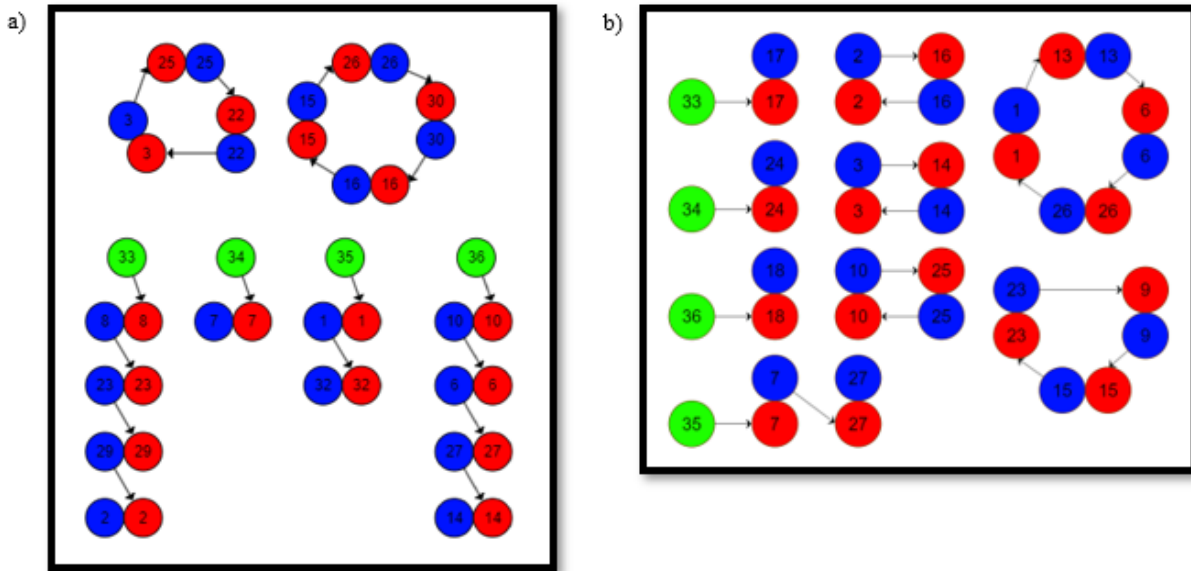


Fig. 39. a) Grafo solución Picef; b) Grafo solución GA

Inicialmente se busca comprobar que la cantidad de trasplantes realizados sea coherente y cercana al encontrado por el modelo matemático, se evidencia de este modo que el GA en términos de resultados brinda la misma cantidad de trasplantes realizados que el Picef, validando así el KPI de la desviación permisible del 10% en vidas en salvadas. Ahora bien, se debe corroborar que las soluciones cumplan con las restricciones anteriormente mencionadas, para esto se propone una comparación gráfica entre lo sucedido en dos casos de prueba (30 y 70). La tendencia en el caso de prueba 30 para Picef (Fig. 38a) se basa en hacer cadenas y ciclos de cardinalidad $2 \leq k \leq 3$, para el caso del GA (Fig. 38b) se observan cadenas con cardinalidad $K = 4$ y $K = 3$ cumpliendo de este modo con las condiciones presentadas en la etapa de diseño, donde Vk toma valores entre 2 y 4. A su vez retorna a su Vp de origen cuando es pareja. Para el caso de prueba 70 (Fig. 39a, Fig. 39b) que involucra 36 nodos, se ve que mantiene la tendencia de cumplir con su cardinalidad y cerrar los ciclos, además verifica que en ambos casos las parejas involucradas y sus combinaciones son diferentes, ambas usan en totalidad a sus altruistas, con cardinalidades diferentes, validando de esta forma el modelo propuesto.

V. VERIFICAR

A. Medición de impactos y resultados.

En esta sección se presentan los resultados obtenidos al implementar el GA propuesto en la librería de casos de prueba presentados en la sección MEDIR, además se realiza un análisis sobre la precisión y eficiencia del algoritmo. Las especificaciones computacionales utilizados en las ejecuciones del algoritmo propuesto se detallan en la TABLA XI.

TABLA 11

ESPECIFICACIONES DEL COMPUTADOR UTILIZADO

Sistema Operativo	Sistema Operativo de 64bits, procesador x64
Procesador	Intel® Core™ i5-10300H CPU

Velocidad de procesador	2.50GHz
Memoria RAM	8GB
Lenguaje de programación	C++

La *TABLA XII* muestra una comparación entre el modelo matemático Picef y el GA, utilizando datos de la librería Preflib [15]. Esta tabla muestra las ventajas entre ambos enfoques al detallar la cantidad de nodos, parejas y altruistas, así como los promedios de trasplantes realizados (Z) y el tiempo promedio de resolución (t) de cada modelo. En cuanto a la parametrización inicial del GA, se emplearon dos parámetros clave: la cantidad de generaciones (representando el número de reproducciones de las poblaciones de cromosomas) y el tamaño de la población inicial. Dado que en la literatura no se establece un estándar para fijar estos valores, realizó una prueba piloto para evaluar la carga computacional. Como resultado se decidió categorizar los problemas en tres escalas: pequeña, mediana y grande. En la categoría pequeña, se utilizó una población inicial de 100 cromosomas y 50 generaciones; en la categoría mediana, se emplearon 20 cromosomas en su población inicial y 20 generaciones; finalmente, para la categoría grande, se utilizaron 6 cromosomas como población inicial y 5 generaciones.

Dado que se tienen en total 310 casos de prueba, en la *TABLA XII* se muestran los resultados agrupados como se detalla a continuación. Para problemas que van de los 16 a los 1.117 nodos se realizó una agrupación en lotes de 10 casos de pruebas, de modo que las celdas de la tabla muestran un promedio de 10 casos de prueba. Cada uno de ellos comparten la misma cantidad de nodos, parejas y altruistas. De forma detallada se pueden encontrar los resultados de cada caso de prueba en el ANEXO 2. Para el caso de problemas con 2.048 nodos con 0, 102, 204 y 307 altruistas se usaron 4 casos de prueba respectivamente. identificados en la librería original como 273, 290, 300 y 310, respectivamente.

TABLA XII
COMPARACIÓN RESULTADOS OBTENIDOS GA - PICEF

Nodos	Parejas	Altruistas	Z GA Promedio	t GA Promedios	Z Picef Promedio	t promedio Picef (s)	Variación % Z respecto a PICEF	Variación % t respecto a PICEF
16	16	0	4.60	1.35	4.60	0.00	0.00%	-27868.95%
17	16	1	8.80	1.66	8.80	0.01	0.00%	-13386.04%
18	16	2	9.70	1.74	9.70	0.01	0.00%	-12441.52%
32	32	0	17.60	5.94	17.70	0.03	0.50%	-33995.89%
33	32	1	17.50	6.28	17.50	0.05	0.00%	-14138.79%
35	32	3	21.10	6.65	21.10	0.05	0.00%	-13650.31%
36	32	4	23.00	6.93	23.00	0.06	0.00%	-14014.83%
64	64	0	36.60	31.77	37.60	0.26	2.71%	-15459.58%
67	64	3	41.40	34.83	41.80	0.37	0.93%	-14286.05%
70	64	6	41.50	37.63	41.60	0.32	0.24%	-12249.40%
73	64	9	48.10	40.72	48.30	0.34	0.35%	-13223.71%
128	128	0	76.20	215.89	78.80	4.51	3.23%	-5227.48%
134	128	6	89.50	235.46	90.50	8.03	1.03%	-3319.98%
140	128	12	89.70	253.72	89.90	5.70	0.23%	-4786.28%
147	128	19	104.30	263.32	104.60	6.69	0.29%	-4078.26%
256	256	0	153.80	140.50	163.60	160.55	6.00%	-1.51%
268	256	12	175.50	143.81	180.70	164.57	2.84%	2.08%

281	256	25	187.90	150.67	190.60	165.65	1.41%	-8.51%
294	256	38	197.70	162.61	200.60	127.04	1.44%	-42.04%
512	512	0	308.70	1 334.33	OM	OM	N/A	N/A
537	512	25	349.50	1 416.83	OM	OM	N/A	N/A
563	512	51	378.40	1 311.25	OM	OM	N/A	N/A
588	512	76	402.60	1 416.21	OM	OM	N/A	N/A
1 024	1 024	0	618.90	1 317.09	OM	OM	N/A	N/A
1 075	1 024	51	687.10	1 286.51	OM	OM	N/A	N/A
1 126	1 024	102	755.90	1 228.33	OM	OM	N/A	N/A
1 177	1 024	153	790.80	1 098.41	OM	OM	N/A	N/A
2 048	2 048	0	1 207.00	17 795.40	OM	OM	N/A	N/A
2 150	2 048	102	1 352.00	17 308.60	OM	OM	N/A	N/A
2 252	2 048	204	1 481.00	15 406.80	OM	OM	N/A	N/A
2 355	2 048	307	1 608.00	10 630.00	OM	OM	N/A	N/A

La comparación entre el GA y el modelo matemático cobra mayor relevancia al analizar la variación porcentual entre los intercambios realizados y el tiempo de solución (*TABLA XIII*). Esta comparación muestra cómo ambos se comportan en términos de resultados y velocidad. En este caso los promedios de vida salvados entre ambos modelos son relativamente iguales con un valor promedio de 64.27% , demostrando la eficacia del modelo propuesto y teniendo en consideración que los parámetros se pueden ajustar para obtener una cercanía mayor.

TABLA XIII

VARIACIÓN PORCENTUAL DE LOS TRASPLANTES REALIZADOS Y EL TIEMPO DE SOLUCIÓN.

Nodos	Parejas	Altruistas	Prom % intercambios realizados GA	Prom % intercambios realizados PICEF	Variación Prom % intercambios realizados
16	16	0	28.75%	28.75%	0.00%
17	16	1	55.00%	55.00%	0.00%
18	16	2	60.63%	60.63%	0.00%
32	32	0	55.00%	55.31%	0.56%
33	32	1	54.69%	54.69%	0.00%
35	32	3	65.94%	65.94%	0.00%
36	32	4	71.88%	71.88%	0.00%
64	64	0	57.19%	58.75%	2.66%
67	64	3	64.69%	65.31%	0.96%
70	64	6	64.84%	65.00%	0.24%
73	64	9	75.16%	75.47%	0.41%
128	128	0	59.53%	61.56%	3.30%
134	128	6	69.92%	70.70%	1.10%
140	128	12	70.08%	70.23%	0.22%
147	128	19	81.48%	81.72%	0.29%
256	256	0	60.08%	63.91%	5.99%
268	256	12	68.55%	70.59%	2.88%

281	256	25	73.40%	74.45%	1.42%
294	256	38	77.23%	78.36%	1.45%
512	512	0	60.29%	OM	N/A
537	512	25	68.26%	OM	N/A
563	512	51	73.91%	OM	N/A
588	512	76	78.63%	OM	N/A
1 024	1 024	0	60.44%	OM	N/A
1 075	1 024	51	67.10%	OM	N/A
1 126	1 024	102	73.82%	OM	N/A
1 177	1 024	153	77.23%	OM	N/A
2 048	2 048	0	58.94%	OM	N/A
2 150	2 048	102	66.02%	OM	N/A
2252	2048	204	72.31%	OM	N/A
2355	2048	307	78.52%	OM	N/A

Es fundamental tener presente los KPIs establecidos durante la etapa de medición al interpretar los resultados. Estos indicadores son la base para evaluar los resultados obtenidos. El análisis de estos se dividió en tres casos:

- *Casos de prueba pequeños:*

En los casos de prueba de tamaño pequeño el máximo porcentaje de variación de Z en relación con el modelo Picef fue de 3.23%. Esto indica que el GA propuesto es capaz de encontrar soluciones cercanas a las óptimas, además se mantiene dentro del rango de oscilación establecido en los KPIs (10%). Por otro lado, se observa una diferencia significativa en el tiempo en términos porcentuales a favor del modelo Picef. No obstante, es importante tener en cuenta que estas diferencias no se traducen en unidades de tiempo significativas; representan unos pocos minutos o segundos adicionales, dependiendo del tamaño del caso de prueba. Por ejemplo, en el caso de prueba 30, el Picef tardó 0.011 y el GA 1.881, lo que indica una diferencia de 1.87 segundos. Así, estas diferencias se consideran imperceptibles en la práctica. Sin embargo, son causadas por la naturaleza del algoritmo, mientras que un modelo matemático es capaz de identificar cuando llegan al mejor resultado (un óptimo), una metaheurística no puede hacerlo y sigue su proceso de búsqueda hasta alcanzar un criterio de parada.

- *Casos de prueba medianos.*

En los casos de prueba de tamaño mediano, la variación de Z en comparación con los resultados de Picef sigue estando dentro del rango esperado según los KPIs, con un valor promedio de 1.13%. En esta etapa, se observa una disminución en el porcentaje de variación del tiempo. Esto indica que a medida que aumenta el número de nodos, el GA propuesto empieza a equipararse en términos de tiempo al modelo matemático Picef e incluso lo supera. Esto se debe a que, a partir de los casos con 512 nodos, el modelo matemático alcanza su límite de capacidad de memoria. Lo que limita su eficiencia pues no puede encontrar una solución, mientras que el GA si lo consigue.

- *Casos de prueba grandes.*

En los casos de prueba de gran tamaño, la validación de los KPIs resulta nula, dado que el modelo matemático Picef solo proporcionó soluciones hasta la mitad de los casos de la categoría mediana (a partir de los 512 nodos), no generó ninguna respuesta). Este hecho evidencia que el modelo propuesto supera por completo al modelo Picef. Es común que los modelos matemáticos exactos sean computacionalmente lentos en casos de gran escala para problemas NP-Hard. La ventaja de estas metaheurísticas radica en su capacidad de adaptación a través de la parametrización, permitiendo obtener buenos resultados en un tiempo considerablemente menor.

Para el caso de esta categoría ocurre un particular comportamiento, se evidencia que a medida que aumentan la cantidad de altruistas el tiempo requerido para brindar una solución es menor, este comportamiento se puede explicar por la metodología de *Branch and Bound* usada en el decodificador, dado que entre más nodos se encuentren, más cantidad de niveles tendrá que recorrer en busca de completar ciclos. En este caso los altruistas ayudan a gastar menor capacidad computacional logrando conexiones

directas y por ende un menor tiempo de solución. A su vez, es evidente el aumento porcentual de trasplantes realizados cuando hay presencia de altruistas. Aumentando en casi un 20% si se compara la presencia en los casos donde hay 307 altruistas a los casos de prueba donde no se contaba con ninguno.

- *Comportamiento generacional del algoritmo genético*

La metodología del GA se basa en mejorar progresivamente de generación en generación. Con el fin de visualizar esta evolución y validar el diseño, se propone analizar el caso de prueba 190, que tiene 294 nodos, 256 parejas y 38 altruistas. Este caso está clasificado en la categoría mediana, configurado con 20 generaciones y 20 poblaciones iniciales como parámetros.

La evolución de este caso de prueba se puede observar visualmente en la Fig. 40, que muestra el progreso entre generaciones hasta la finalización del modelo. Dentro de las 20 poblaciones iniciales, el algoritmo identifica una solución de 207 trasplantes realizados. A medida que el algoritmo avanza y se aplican los operadores previamente explicados, las generaciones sucesivas superan a sus predecesoras. Es esencial destacar que, a medida que aumentan parámetros como la población inicial y las generaciones, el espacio de búsqueda se amplía, lo que puede conducir a soluciones mejores, aunque con un mayor tiempo computacional.

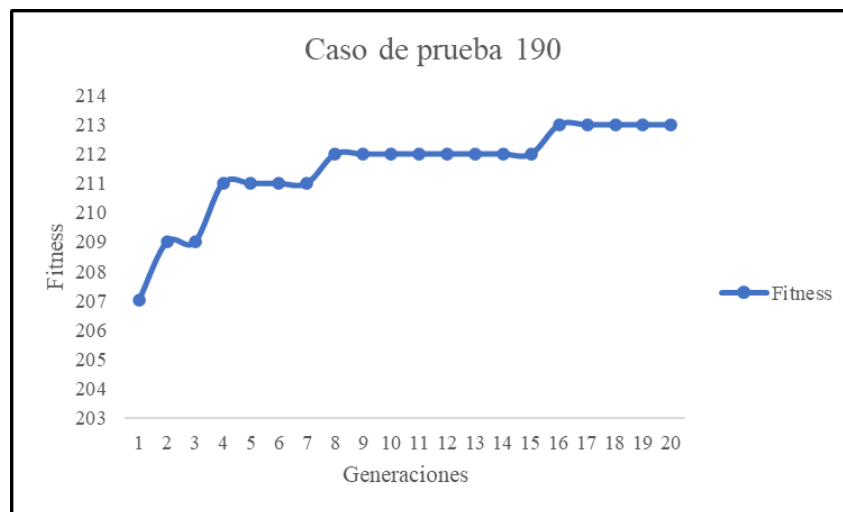


Fig. 40. Comportamiento entre generaciones caso de prueba 190.

B. Experimentación Método Taguchi

Se llevó a cabo un estudio utilizando la metodología Taguchi con el propósito de realizar una experimentación más detallada, enfocándose especialmente en los casos medianos. Esta aproximación permitió una exploración de los factores que inciden en el rendimiento del sistema. En particular, se enfocó en la parametrización de variables independientes, como la población inicial, el número de generaciones y la probabilidad de mutación. Estos parámetros, considerados como fuentes de ruido en el proceso, fueron parametrizados en 3 niveles para evaluar su impacto en las variables de respuesta, específicamente la cantidad de intercambios y el tiempo necesario que demora el programa. Los resultados obtenidos proporcionan una comprensión más clara de la influencia de dichos parámetros en las variables de interés, fundamentando así las decisiones de diseño. De este modo, en la TABLA XIV se proponen 3 niveles por parámetro los cuales con ayuda de MiniTab arrojaron un experimento de 9 combinaciones

para determinar las combinaciones a evaluar. Los casos de prueba usados fueron 4 de 256 parejas con 0, 12, 25 y 38 altruistas y otros 4 casos de prueba de 512 parejas con 0, 25, 51, 76 altruistas respectivamente.

TABLA XIV
EXPERIMENTOS Y PÁRAMETROS A USAR

Gen	Pop Ini.	% Mut
15	15	5%
15	20	8%
15	25	10%
20	15	8%
20	20	10%
20	25	5%
25	15	10%
25	20	5%
25	25	8%

Con los resultados de los experimentos, se observa el valor de ajuste (R-cuadrado en la *Fig. 41*), este indicador debe ser lo más cercano a 100% para así conferir validez estadística a los resultados obtenidos en el experimento. De esta manera se respalda la interpretación de los hallazgos, otorgando confianza y fundamento para la aplicación y generalización de los resultados del estudio.

a)		
Resumen del modelo		
<u>S</u>	<u>R-cuadrado</u>	<u>R-cuadrado(ajustado)</u>
0,2858	99,10%	96,41%
b)		
Resumen del modelo		
<u>S</u>	<u>R-cuadrado</u>	<u>R-cuadrado(ajustado)</u>
0,0571	98,16%	92,65%

Fig. 41. a) Nivel de ajuste para casos de prueba de 256 parejas, b) Nivel de ajuste para casos de prueba de 512 parejas.

En la Fig. 42, muestra los parámetros de generación, con valores de 15 y 20, junto con la población inicial y la probabilidad de mutación. La prueba realizada evidencia la asociación de estos parámetros con la incidencia en la variable de respuesta (cantidad de intercambios realizados). En este contexto, si el valor de p es menor a 0.05 ($p < 0.05$) se establece que las combinaciones que incorporan los parámetros mencionados son consideradas críticas en los resultados de la variable de respuesta. En otras palabras, estas combinaciones generan una variación significativa en el resultado. Para el caso de las 256 parejas los parámetros que tienen mayor incidencia son número de generaciones 15 y población inicial 15. El mismo caso sucede con las 512 parejas, indicando así que con el menor valor de los parámetros la variación de las respuestas halladas tiende a alejarse de los buenos resultados.

a)

Coefficientes de modelos estimados para Relaciones SN

Término	Coef	EE del coef.	T	P
Constante	44,2892	0,09525	464,967	0,000
Gen 15	-1,4445	0,13471	-10,724	0,009
Gen 20	0,0910	0,13471	0,675	0,569
PopIni 15	-0,9609	0,13471	-7,134	0,019
PopIni 20	0,0742	0,13471	0,551	0,637
% Muta 0,05	-0,0768	0,13471	-0,570	0,626
% Muta 0,08	-0,3841	0,13471	-2,851	0,104

b)

Coefficientes de modelos estimados para Relaciones SN

Término	Coef	EE del coef.	T	P
Constante	54,0100	0,01903	2838,648	0,000
Gen 15	-0,2078	0,02691	-7,724	0,016
Gen 20	0,0387	0,02691	1,437	0,287
PopIni 15	-0,1279	0,02691	-4,752	0,042
PopIni 20	0,0015	0,02691	0,054	0,962
% Muta 0,05	-0,0319	0,02691	-1,186	0,357
% Muta 0,08	-0,0506	0,02691	-1,881	0,201

Fig. 42. a) Coeficiente de relación para 256 parejas, b) Coeficiente de relación para 512 parejas

El análisis de la varianza (Fig. 43) tiene como objetivo principal evaluar el valor de p , siendo considerado crítico si es menor a 0.05, indicando así que el parámetro en cuestión tiene un impacto significativo en los resultados. En ambas instancias de prueba con 256 y 512 parejas, se evidencia que el número de generaciones es el factor más influyente. Sin embargo, es relevante señalar que solo en el caso de las 512 parejas y con un nivel de evaluación del 95% de confianza, la población inicial no alcanza la significancia crítica, a pesar de situarse en proximidad al valor límite de 0.05. Adicionalmente, el porcentaje de mutación, representado emerge como el parámetro de menor peso en comparación con los demás. Esto se atribuye principalmente a la evaluación de un rango estrecho, con valores del 5%, 8% y 10%. Debido a esta limitada variación en el porcentaje de mutación, su incidencia en la variable de respuesta no alcanza significancia estadística. La restricción en la amplitud del rango evaluado limita la capacidad del porcentaje de mutación para generar un impacto sustancial en los resultados, destacando así su menor relevancia en relación con los demás parámetros analizados.

a)

Análisis de Varianza de Relaciones SN

Fuente	GL	SC Sec.	SC Ajust.	MC Ajust.	F	P
Gen	2	11,7814	11,7814	5,89070	72,14	0,014
Poplni	2	5,1457	5,1457	2,57283	31,51	0,031
% Muta	2	1,0975	1,0975	0,54876	6,72	0,130
Error residual	2	0,1633	0,1633	0,08166		
Total	8	18,1879				

b)

Análisis de Varianza de Relaciones SN

Fuente	GL	SC Sec.	SC Ajust.	MC Ajust.	F	P
Gen	2	0,219933	0,219933	0,109967	33,75	0,029
Poplni	2	0,096981	0,096981	0,048491	14,88	0,063
% Muta	2	0,031181	0,031181	0,015590	4,79	0,173
Error residual	2	0,006516	0,006516	0,003258		
Total	8	0,354612				

Fig. 43. a) Análisis de varianza para casos de 256 parejas, b) Análisis de varianza para casos de 512 parejas

En la Fig.44 se observa un análisis realizado mediante MiniTab que proporciona una clasificación numérica de los parámetros del 1 al 3, asignando el valor más alto a aquel parámetro que exhibe la mayor incidencia en los resultados. Tanto en los casos de prueba con 256 parejas como con 512 parejas, se observa un patrón consistente, donde el factor determinante es el número de generaciones, ocupando la mayor relevancia. Desde esta perspectiva, se sugiere que, para mejorar los resultados, se debe priorizar el trabajo en el parámetro de generaciones, seguido por la población inicial, mientras que la probabilidad de mutación se posiciona en último lugar en términos de impacto. Este hallazgo fortalece la validez del modelo, ya que demuestra el comportamiento que debe tener un algoritmo genético, mejorando de generación en generación.

a)

Tabla de respuesta para relaciones de señal a ruido

Más grande es mejor

Nivel	Gen	Poplni	% Muta
1	42,84	43,33	44,21
2	44,38	44,36	43,91
3	45,64	45,18	44,75
Delta	2,80	1,85	0,84
Clasificar	1	2	3

b)

Tabla de respuesta para relaciones de señal a ruido

Más grande es mejor

Nivel	Gen	Poplni	% Muta
1	53,80	53,88	53,98
2	54,05	54,01	53,96
3	54,18	54,14	54,09
Delta	0,38	0,25	0,13
Clasificar	1	2	3

Fig. 44. a) Clasificación factores de ruido para casos de prueba de 256 parejas, b) Clasificación factores de ruido para casos de prueba de 512 parejas.

Finalmente, se presenta un gráfico (Fig. 45) que destaca los parámetros para mejorar el rendimiento del sistema. Dado que el objetivo es maximizar la cantidad de intercambios, se identifican los puntos máximos en el gráfico, revelando que, tanto para el número de generaciones como para la población inicial, la elección es de 25. Aunque la mutación no alcanza significancia estadística, la tabla indica que con una probabilidad del 10%, se lograron los mejores resultados. Por lo tanto, se concluye que los parámetros ideales para obtener una solución altamente efectiva son: 15 generaciones, 15 población inicial y una probabilidad de mutación del 10%. Estos resultados respaldan una toma de decisiones para alcanzar una solución altamente satisfactoria.

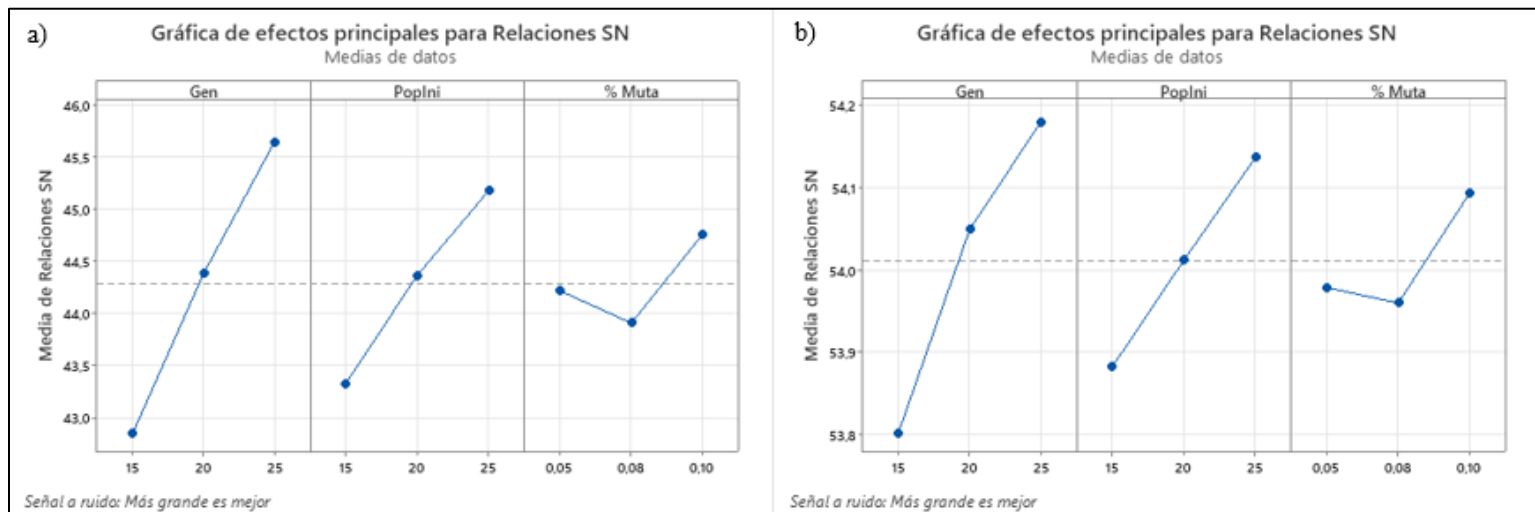


Fig. 45. a) Gráfica efectos principales 256 parejas, b) Gráfica efectos principales casos de prueba 512 parejas

C. Análisis financiero

Para realizar el análisis financiero del proyecto se tuvo que hacer una revisión que permitiera identificar todo lo que representaba un costo o gasto, en este proceso se encontró que solo se debía considerar el costo de mano de obra del equipo y del director de proyecto. Esto se debe a que no hubo necesidad de adquirir ningún equipo especializado para realizar el trabajo y la adquisición de los distintos programas utilizados durante todo el proyecto fue gratuita.

La TABLA XIV presenta un resumen que indica cuál ha sido el costo de mano de obra del equipo y del director en cada una de las etapas del proyecto, cabe aclarar que el valor de la hora por estudiante es el resultado de otra tabla que está presente en el ANEXO 3 donde se consideró un salario base de practicante de un millón quinientos mil pesos colombianos, en el caso del valor de la hora del director se asignado de acuerdo con información sobre el valor por hora de un investigador.

TABLA 15

ANÁLISIS FINANCIERO DEL PROYECTO.

COSTO ESTUDIANTES	
Valor de la hora por cada estudiante	\$ 14.220.56
Número de estudiantes	4
Horas de trabajo semanales PD1	9
Semanas por semestre	18
Costo total PD1	\$ 9.214.925
Horas de trabajo semanales PD2	12

Semanas por semestre	18
Costo total PD2	\$ 12.286.566
COSTO TOTAL ESTUDIANTES	\$ 21.501.491
COSTO DIRECTOR	
Valor de la hora del director	\$ 95.000.00
Numero de directores	1
Horas de trabajo semanales PD1	4
Semanas por semestre	18
Costo total PD1	\$ 6.840.000
Horas de trabajo semanales PD2	4
Semanas por semestre	18
Costo total PD2	\$ 6.840.000
COSTO TOTAL DIRECTOR	\$ 13.680.000
COSTO TOTAL DEL PROYECTO	\$ 35.181.491

D. Impacto social

Este proyecto de diseño en investigación aplicada tiene el potencial de generar un impacto social significativo. En primer lugar, proporcionar una fuente de información completa y bien estructurada. Facilita el aprendizaje para un mayor número de personas, lo que podría conducir a una difusión más amplia y en consecuencia a un mayor impacto a nivel global. Además, ofrece a futuros investigadores la oportunidad de continuar mejorando la comprensión y la resolución de esta problemática.

Por otro lado, al tener claro que este trabajo busca salvar la mayor cantidad de vidas (intercambios) en el menor tiempo posible, y que la lista de espera que genera la OPTN (Red de obtención y trasplante de órganos) para el mes de noviembre del 2023 es de 88.824 personas en Estados Unidos, el principal impacto será la reducción de esta larga lista de espera y darles la oportunidad a más personas de superar las enfermedades renales y mejorar sus condiciones de vida [35]. Esto también representa un beneficio económico para los pacientes, ya que los tratamientos tradicionales suelen ser muy costosos. Se estima que para cuatro meses de tratamiento para la etapa 1 y 2 de una enfermedad crónica renal tiene un costo de \$7 725 USD y para la etapa 5 un valor de \$11 879 USD, para procedimientos adicionales como el diálisis y trasplante de riñón tienen un costo de \$87 538 USD y \$124 271 USD respectivamente para las etapas mencionadas [36]. También el tiempo es clave, gracias a la reducción de este se podrán hacer asignaciones más rápido y así tener una mayor eficiencia en el uso de recursos médicos.

Aunque los principales beneficiados son los pacientes, a la hora de analizar el componente social se concluye que también beneficia a los familiares y demás personas que rodeen a los pacientes, debido que los buenos resultados que se obtienen con este proyecto les da tranquilidad y evita que sean sometidos por la enfermedad de sus seres queridos.

Por último, trabajar la problemática del intercambio de riñón y hacerla ver como algo realmente funcional, mejorara drásticamente la imagen que tienen las personas al respecto y de esta forma servirá para concientizar al mundo sobre los trasplantes, esto puede provocar que cada vez más personas participen en el programa, lo que aumenta la cantidad de donantes y con ellos la posibilidad de hacer más asignaciones al tener más variedad de compatibilidades.

E. Estandarización de la solución.

El algoritmo genético opera inicialmente con un formato de datos específico, lo que implica que la información de la base de datos o del caso a resolver debe estar estandarizada a este formato para que el algoritmo pueda interpretar y procesar los datos de manera efectiva. La estructura de datos que el algoritmo puede leer y comprender es fundamental para su correcto funcionamiento.

Por lo tanto, hay que asegurar que la información se ajuste a este formato específico es crucial para que el algoritmo pueda operar de manera óptima y generar resultados precisos y relevantes.

Además, al tener acceso al código o al proceso de diseño, se evidencia la posibilidad de modificar la parte de lectura de la base de datos de acuerdo con los formatos que maneje cada usuario. Esta flexibilidad permite adaptar la lectura de datos a los requerimientos o formatos específicos que cada entidad o usuario pueda manejar, ampliando así la versatilidad y la aplicabilidad del algoritmo a diferentes entornos o contextos de uso.

Este código, desarrollado en C++, proporciona accesibilidad a cualquier persona que disponga de esta herramienta, ya que es de uso gratuito. Esto significa que aquellos interesados en fines académicos o de mejora podrán utilizarlo y analizarlo sin restricciones. La disponibilidad de la herramienta C++ como recurso gratuito amplía el acceso a este código, fomentando la exploración, el estudio y la posible mejora del algoritmo para su aplicación en distintos contextos o para el desarrollo académico.

Parte del gasto computacional que tiene este problema, es la relación entre la cantidad de nodos y los parámetros iniciales, es por esto por lo que se debe contar con computadores lo suficientemente potentes como para ayudar en la solución de estos problemas, especialmente en los casos de pruebas grandes, a su vez se debe entender que los parámetros son puestos en función de la calidad de respuesta que se busque y al tiempo disponible.

La determinación de los parámetros implica realizar múltiples casos de prueba para evaluar cómo varía el rendimiento entre diferentes configuraciones. La importancia de la investigación continúa no solo radica en mejorar el código o sus componentes, ni en probar distintos estilos de operadores, sino también en llevar a cabo pruebas exhaustivas para identificar la variante de esta metodología que ofrece los mejores resultados. Esta exploración constante es clave para comprender cómo los diferentes conjuntos de parámetros influyen en el desempeño del algoritmo, lo que permite perfeccionar su eficiencia y adaptabilidad en diversos contextos.

F. Conclusiones

Mediante el desarrollo del proyecto de diseño en investigación aplicada se logra identificar la metodología y la problemática actual del intercambio de riñón (Kidney Exchange Problem, KEP) en los Estados Unidos, se enfocó en determinar las complejidades del problema, explorando sus facetas médicas, éticas y sociales. El KEP se ha convertido en un problema fundamental para la atención médica contemporánea en los Estados Unidos, principalmente porque el KEP es una alternativa a las largas listas de espera en los hospitales. Sin embargo, determinar los ciclos y las cadenas que maximicen los intercambios es un desafío complejo, que demanda respuestas innovadoras. Esta complejidad se debe a que se debe tener en cuenta diversos niveles de decisión y elementos únicos como las compatibilidades o la cardinalidad (número máximo de intercambios simultáneos posibles). Así en la literatura se lo ha catalogado como un problema NP-Hard. También se distingue los principales desafíos a mejorar en el KEP, se evidenció que el tiempo y la cantidad de trasplantes realizados son factores críticos que tienen las organizaciones especializadas para este procedimiento, con la finalidad de reducir la mortalidad de las personas con problemas renales. La pertinencia de este proyecto se reafirma al encontrar que la literatura científica se ha centrado en la resolución del KEP mediante modelos matemáticos, con sus limitaciones al momento de resolver casos de gran tamaño, y también en que se ha explorado poco el diseño de metaheurísticas para resolverlo. Una de las principales desventajas de las metodologías de búsqueda encontradas es que se basan en la enumeración exhaustiva de todas las cadenas y ciclos de una cardinalidad especificada (y menor a ella). Limitando su ejecución a problemas a gran escala.

Para la solución del KEP, en este proyecto se propone el diseño de una metaheurística basada en un algoritmo genético, implementado en el lenguaje de programación C++. También se definieron los KPI's necesarios para evaluar de manera numérica la repercusión del proyecto, logrando así una comparación competente con soluciones ya existentes (las mejores tomadas de la literatura), estimando que tan eficiente y eficaz fue el algoritmo propuesto. Los principales aportes de esta investigación se pueden dividir en tres elementos: el primero es crear una codificación y decodificación que no requieren la enumeración exhaustiva de los ciclos y cadenas posibles, pero pueda representar una solución factible que cumpla con todas las restricciones del problema. Esta codificación y decodificación está basada en representaciones de problemas con características similares al KEP y podría ser usada por cualquier otra metaheurística. El segundo aporte consiste en el ajuste y adaptación de los operadores genéticos al KEP: población inicial, operador de selección, cruce, mutación y reemplazo, sobre todo considerando la escasa literatura al respecto. Finalmente, el tercer aporte es respecto a la replicabilidad, puesto que, según nuestro mejor saber, esta es una de las primeras investigaciones con énfasis en describir cada aspecto de la metodología utilizada; cuyo propósito es brindar apoyo y facilitar la replicabilidad a otros investigadores interesados en abordar problemáticas similares. Este enfoque busca no solo presentar

resultados, sino también compartir un marco metodológico y detallado que pueda ser implementado y evaluado por la comunidad investigadora, promoviendo así avances significativos en esta área de estudio.

Respecto a la experimentación computacional el GA logró alcanzar resultados importantes al cumplir con el KPI de trasplantes realizados, con una desviación máxima del 6% y valores que oscilan entre el 2% y 3%. En relación con el tiempo de ejecución, el GA prácticamente cumple con el objetivo de mejora, las diferencias observadas son mínimas en términos prácticos para casos pequeños, siendo cuestión de minutos o segundos. Esto indica un gran potencial para continuar esta investigación y perfeccionar aún más la metodología. Los resultados también sugieren que el GA está muy cerca en cuanto a la cantidad de trasplantes realizados en comparación con el modelo matemático Picef. Superándolo por completo a medida que el tamaño de los casos de prueba aumenta, a partir de la categoría mediana se evidencia que el algoritmo genético toma ventaja sobre el procedimiento del Picef, ya que el GA si pudo dar resultado a las instancias con nodos superiores a las 512 parejas, cabe resaltar que el algoritmo logro alcanzar un promedio de 70.23% de trasplantes realizados en esta categoría. El GA logra resultados incluso cuando el modelo Picef ya no podría encontrar una solución factible.

Realmente los modelos matemáticos demuestran su fortaleza en instancias pequeñas, y es crucial reconocer esta ventaja. No debe existir una presión por superar estos modelos en casos de prueba pequeños, sino enfocarse en el desarrollo de los mejores modelos para escenarios de gran escala. Esto permitiría comparar la funcionalidad y resultados entre diferentes metaheurísticas o heurísticas en casos grandes, ofreciendo una perspectiva más clara sobre la eficacia y aplicabilidad de cada enfoque en contextos de alta complejidad. Los resultados obtenidos brindan una sólida base para futuros desarrollos, permitiendo explorar ajustes y mejoras que podrían tener un impacto significativo en la eficacia de esta solución para el intercambio de riñón.

El impacto final de este esfuerzo recaerá en las personas, ya que una mejora en la calidad de vida será el mayor beneficio para aquellos que se ven afectados por esta problemática médica.

G. Recomendaciones

En el contexto de un diseño metodológico, es probable que ciertos factores u operadores sean más eficientes que otros. Además, la forma en que se desarrolla el código puede ser modificada para mejorar su rendimiento computacional. Por lo tanto, para obtener mejores resultados, sería beneficioso colaborar con expertos en computación. Esta alianza permitiría explorar y determinar estrategias más sólidas para mejorar el algoritmo, sus operadores y ajustando su estructura de código para lograr un desempeño más eficiente.

No solo sería valioso enfocarse en la mejora de operadores o la optimización de aspectos computacionales para futuras investigaciones. A su vez, se debe destacar la importancia de una capacidad computacional alta, la cual permitirá la utilización de mejores parámetros sin un incremento significativo en el tiempo requerido para encontrar la solución. La mejora en la eficiencia computacional posibilitaría la exploración de conjuntos de parámetros más extensos, lo que potencialmente enriquecería la capacidad del algoritmo para encontrar soluciones óptimas en menos tiempo, siendo este un avance significativo en la resolución de este desafío médico.

Dada la novedad de este modelo, se recomienda continuar la investigación en este campo. Una estrategia efectiva sería establecer alianzas con fundaciones u organizaciones que operen bajo el modelo de intercambio de riñón. Esto permitiría seguir probando este enfoque con una mayor cantidad de casos de prueba y colaborar en futuras investigaciones. Esta colaboración no solo ayudaría a incentivar la mejora continua en la resolución de este problema, sino que también contribuiría al avance y refinamiento del modelo, generando impacto en la práctica clínica y en la solución de desafíos médicos significativos.

Cabe destacar que se debe promover este tipo de metodologías, ya que representan una alternativa eficaz para aliviar la congestión en las listas de espera de trasplantes. Fomentar esta práctica es fundamental para atraer a más personas interesadas en participar tanto como parejas como altruistas. Este aumento en la participación contribuiría significativamente a incrementar la cantidad de trasplantes realizados por cada caso que se logre completar, tal como se observó en el desarrollo del modelo.

Se recomienda continuar la investigación y mejora de modelos como el algoritmo genético, además de explorar otras metaheurísticas. Esta diversificación permitiría determinar las ventajas particulares de cada enfoque. Al final, los beneficiados serían todos los involucrados en el proyecto, ya que se podrían identificar las metodologías más efectivas para abordar el problema. Esta variedad de enfoques podría impulsar un desarrollo más efectivo y eficiente en la resolución de este desafío médico.

Sería beneficioso impulsar la acogida de proyectos como este en el ámbito de la salud y la educación, respaldando su investigación. Esto facilitaría una mayor disponibilidad de información y bases de datos especializadas. Apoyar este tipo de investigaciones ayudaría a disminuir la escasez de datos que se evidenció en las investigaciones realizadas en el documento, particularmente en relación con las metaheurísticas aplicadas al problema del intercambio de riñón. Así, se fortalecería el conocimiento y la comprensión de este desafío médico, permitiendo el desarrollo de enfoques más efectivos y beneficiosos para los pacientes.

VI.GLOSARIO

- Donador altruista: Es una persona la cual dona su riñón de manera voluntaria sin recibir uno a cambio[37].
- Donador: Es aquella persona que va con la disposición de que su pareja receptora reciba un órgano bueno dando el suyo[37].
- Receptor: Es la persona que necesita la disponibilidad de un riñón “nuevo” con la condición de tener un acompañante donador[37].
- Intercambio: Es la donación cruzada de órganos, donde se involucra el agente donador y el paciente receptor[37].
- Ciclos: Los ciclos se desarrollan entre parejas y deben ser cerrados, es decir, para poder dar un riñón, existe la condición de que se reciba sí o sí[37].
- Cadenas: Las cadenas empiezan desde un donador altruista y no deben ser cerradas a diferencia de los ciclos[37].
- Cardinalidad (k): La cardinalidad es la cantidad de parejas que pueden estar en un ciclo, se denomina con la letra k, para este proyecto nuestra cardinalidad será definida como $2 \leq K \leq 4$ [37].
- NOTA: siglas de la Ley Nacional de Trasplante de Órganos creada por el congreso de Estados Unidos de América en el 1984, la cual prohíbe la venta o compra de órganos y tejidos humanos.

VII.REFERENCIAS

- [1] A. J. Carrillo-Algarra, L. Mesa-Melgarejo, and F. Moreno-Rubio, “Care in a kidney transplant program: Accompaniment and support,” *Aquichan*, vol. 15, no. 2, pp. 266–277, Jul. 2015, doi: 10.5294/aqui.2015.15.2.10.
- [2] “Stats of the States - Kidney Disease Mortality.” Accessed: Mar. 05, 2023. [Online]. Available: https://www.cdc.gov/nchs/pressroom/sosmap/kidney_disease_mortality/kidney_disease.htm#print
- [3] CDC, “322964-A Chronic Kidney Disease in the United States, 2021,” 2021, Accessed: Mar. 05, 2023. [Online]. Available: <https://www.cdc.gov/kidneydisease/publications-resources/CKD-national-facts.html>
- [4] “Estadísticas sobre la donación de órganos | donaciondeorganos.gov.” Accessed: Mar. 13, 2023. [Online]. Available: <https://donaciondeorganos.gov/conocer/2n8u/estadisticas-sobre-la-donacion-de-organos>
- [5] “Organ Donation and Transplantation Statistics | National Kidney Foundation.” Accessed: May 17, 2023. [Online]. Available: <https://www.kidney.org/news/newsroom/factsheets/Organ-Donation-and-Transplantation-Stats>
- [6] A. Hart *et al.*, “OPTN/SRTR 2019 Annual Data Report: Kidney,” *American Journal of Transplantation*, vol. 21, no. S2, pp. 21–137, Feb. 2021, doi: 10.1111/ajt.16502.
- [7] N. Agarwal *et al.*, “A Cost-Benefit Analysis of Government Compensation of Kidney Donors,” 2019.

- [8] I. Ashlagi and A. E. Roth, “Kidney exchange: An operations perspective,” *Manage Sci*, vol. 67, no. 9, pp. 5455–5478, Sep. 2021, doi: 10.1287/MNSC.2020.3954.
- [9] “Sci-Hub || 10.1016/j.cor.2019.104852.” Accessed: Mar. 13, 2023. [Online]. Available: <https://sci-hub.se/https://doi.org/10.1016/j.cor.2019.104852>
- [10] N. Marulanda, M. D. Rojas, N. Marulanda, and M. D. Rojas, “Ética en Instituciones de Educación Superior para la Construcción de Relaciones de Confianza con Grupos de Interés (Stakeholders),” *Información tecnológica*, vol. 30, no. 3, pp. 269–276, 2019, doi: 10.4067/S0718-07642019000300269.
- [11] Michael. Kearns, ACM Digital Library., and ACM Special Interest Group on Electronic Commerce., *Proceedings of the fourteenth ACM conference on Electronic commerce*. ACM, 2013.
- [12] E. Lam and V. Mak-Hau, “Branch-and-cut-and-price for the cardinality-constrained multi-cycle problem in kidney exchange,” *Comput Oper Res*, vol. 115, Mar. 2020, doi: 10.1016/j.cor.2019.104852.
- [13] P. Biró *et al.*, “Modelling and optimisation in European Kidney Exchange Programmes,” *Eur J Oper Res*, vol. 291, no. 2, pp. 447–456, Jun. 2021, doi: 10.1016/j.ejor.2019.09.006.
- [14] J. P. Dickerson, A. D. Procaccia, and T. Sandholm, “Optimizing Kidney Exchange with Transplant Chains: Theory and Reality.” [Online]. Available: www.ifaamas.org
- [15] A. D. P. T. Sandholm. John P. Dickerson, “Kidney Data (00036),” Proceedings of AAMAS.
- [16] P. Biró *et al.*, “Modelling and optimisation in European Kidney Exchange Programmes,” *Eur J Oper Res*, vol. 291, no. 2, pp. 447–456, Jun. 2021, doi: 10.1016/j.ejor.2019.09.006.
- [17] National Institute of Diabetes and Digestive and Kidney Diseases, “Kidney Disease Statistics for the United States.”
- [18] UNOS, “Kidney transplants set new record in 2021 following policy change.”
- [19] OPTN, “2022 organ transplants again set annual records; organ donation from deceased donors continues 12-year record-setting trend.”
- [20] James Trimble, John Dickerson, and Michael Curry, “Solve kidney-exchange instances using Python and Gurobi.”
- [21] E. Hamouda, E. M. Sara, and M. Tarek, “Ant lion optimization algorithm for kidney exchanges,” *PLoS One*, vol. 13, no. 5, May 2018, doi: 10.1371/journal.pone.0196707.
- [22] Institute of Electrical and Electronics Engineers and M. IEEE Systems, *Proceedings of 2019 International Conference on System Science and Engineering (ICSSE) July 20-21, 2019, Dong Hoi City, Quang Binh Province, Vietnam*.
- [23] W. M. F. Abdel-Rehim, “Binary Particle Swarm Optimization Algorithm For Kidney Exchanges,” 2020, doi: 10.20944/preprints202012.0563.v1.

- [24] L. Nickholds and V. Mak-Hau, “Heuristic Approaches for Multi-Criteria Optimisation in Kidney Exchange Programs.” [Online]. Available: <https://github.com/lukenick/KidneyExchangePublic>
- [25] S. Goezinne, R. Bekker, and K. Glorie, “A genetic algorithm for kidney transplantation matching,” 2016.
- [26] M. Gestal, D. Rivero, J. R. Rabuñal, J. Dorado, and A. Pazos, “Introducción a los Algoritmos Genéticos y la Programación Genética.”
- [27] O. Kramer, “Studies in Computational Intelligence 679 Genetic Algorithm Essentials.” [Online]. Available: <http://www.springer.com/series/7092>
- [28] F. Liu and G. Zeng, “Study of genetic algorithm with reinforcement learning to solve the TSP,” *Expert Syst Appl*, vol. 36, no. 3 PART 2, pp. 6995–7001, 2009, doi: 10.1016/j.eswa.2008.08.026.
- [29] S. Rao, “A Comparative Evaluation of GA and SA TSP in a Supply Chain Network,” 2017. [Online]. Available: www.sciencedirect.comwww.materialstoday.com/proceedings
- [30] S. T. Bae, H. S. Hwang, G. S. Cho, and M. J. Goan, “Integrated GA-VRP solver for multi-depot system,” *Comput Ind Eng*, vol. 53, no. 2, pp. 233–240, Sep. 2007, doi: 10.1016/j.cie.2007.06.014.
- [31] P. R. de Oliveira da Costa, S. Mauceri, P. Carroll, and F. Pallonetto, “A Genetic Algorithm for a Green Vehicle Routing Problem,” *Electron Notes Discrete Math*, vol. 64, pp. 65–74, Feb. 2018, doi: 10.1016/j.endm.2018.01.008.
- [32] Y. Liu, L. Huang, X. Liu, G. Ji, X. Cheng, and E. Onstein, “A late-mover genetic algorithm for resource-constrained project-scheduling problems,” *Inf Sci (N Y)*, vol. 642, Sep. 2023, doi: 10.1016/j.ins.2023.119164.
- [33] Z. Hua, Z. Liu, L. Yang, and L. Yang, “Improved genetic algorithm based on time windows decomposition for solving resource-constrained project scheduling problem,” *Autom Constr*, vol. 142, Oct. 2022, doi: 10.1016/j.autcon.2022.104503.
- [34] R. Boucherie and J. Hurink ÉricDTaillard, “Graduate Texts in Operations Research Series Editors: Design offHeuristic Algorithms forrHard Optimization With Python Codes forrtheeTravelling Salesman Problem.”
- [35] OPTN, “Organ Procurement & Transplantation Network.”
- [36] K. A. Betts *et al.*, “Medical Costs for Managing Chronic Kidney Disease and Related Complications in Patients with Chronic Kidney Disease and Type 2 Diabetes,” *American Journal of Managed Care*, vol. 27, pp. S369–S374, Dec. 2021, doi: 10.37765/AJMC.2021.88807.
- [37] I. Ashlagi and A. E. Roth, “Kidney exchange: An operations perspective,” *Manage Sci*, vol. 67, no. 9, pp. 5455–5478, Sep. 2021, doi: 10.1287/MNSC.2020.3954.

VIII. ANEXOS

TABLA 16

TABLA DE ANEXOS

No. Anexo	Nombre	Desarrollo (propio o terceros)	Tipo de Archivo (PDF, HTLM, Excel, Word...)
1	2023106 - Anexo 1 - MicrosoftProject	Propio	Project
2	2023106 - Anexo 2 – Resultados Picef y GA	Propio	Excel
3	2023106 - Anexo 3 – Estimación valor hora trabajo	Propio	Word
4	2023106 - Anexo 4 – Código	Propio	Carpeta