Cómo un capítulo de una serie de dibujos animados encontró un problema y la solución a un desafío de permutaciones

RODOLFO TASSO SUAZO[*]

PROGRAMA DE MAGÍSTER EN SALUD PÚBLICA, ESCUELA DE SALUD PÚBLICA
FACULTAD DE MEDICINA, UNIVERSIDAD DE CHILE

Introducción

El Teorema de Futurama (también conocido como el Teorema de Keeler) representa un hito y a la vez una anécdota en la historia de las matemáticas. Es el primer teorema matemático desarrollado específicamente para avanzar la narrativa de un programa de televisión basado en dibujos animados. Creado por Ken Keeler, en ese entonces escritor y productor ejecutivo de la serie, además de sus cargos en el programa es ingeniero eléctrico de la universidad de Stanford y posee un doctorado en matemáticas aplicadas de la Universidad de Harvard. Este teorema aborda un problema en la teoría de grupos y permutaciones con aplicaciones interesantes en la bioestadística y la gestión sanitaria.

El teorema apareció en el episodio "The Prisoner of Benda" (temporada 6, episodio 10) de Futurama, que se emitió el 19 de agosto de 2010 (Groening, 2010). Ken Keeler desarrolló y demostró este teorema enteramente como un medio para resolver una situación narrativa compleja en la que había escrito a los personajes (Grood, 2021). La situación está basada en una máquina creada por el profesor Farnsworth y Amy Wong, que realizaba intercambio de mentes entre dos personas, pero para volver sus mentes a sus cuerpos de origen las parejas que realizaron el cambio no podían repetirse, siendo esta una limitación crítica, por lo que comienzan a realizar los cambios entre todos los participantes del evento para encontrar la solución. Luego de ser presentado el teorema en el programa, el episodio comenzó a ser difundido en medios de divulgación matemática (Phillips, 2010).

Formulación del problema

El enunciado del Teorema de Keeler dice: sea $n \in N, n \geq 2$. La inversa de cualquier permutación en S_n puede escribirse como un producto de transposiciones distintas en $S_{n+2} \backslash S_n$ (Elder & Vega, 2016; Evans et al., 2012, 2014), donde, aplicando la Teoría de Grupos, tenemos que:

- los cuerpos involucrados se representan por $\{1, 2, \ldots, n\}$;
- el grupo simétrico S_n consiste en las $n!$ permutaciones de $\{1, 2, \ldots, n\}$;
- una transposición (ab) representa el intercambio de mentes entre los cuerpos a y b;
- el intercambio sucesivo se representa por un producto P de transposiciones distintas en S_n (Evans et al., 2014).

En términos más terrenales: *"no importa cómo un grupo de personas haya tenido sus mentes y cuerpos confundidos, siempre es posible restaurar la mente de cada persona a su cuerpo original, usando como máximo dos personas adicionales"* (Grood, 2021).

Demostración

Este teorema es demostrado de la siguiente manera: para una permutación $P = C_1 \cdots C_r$ (producto de ciclos disjuntos), Keeler construye un producto S_{n+2} que "deshace" P. Para un k-ciclo $C_1 = (a_1 \cdots a_k)$, se define $\sigma_1 = (xa_1)(xa_2)\cdots(xa_{k-1}) \cdot (ya_k)(xa_k)(ya_1)$, donde $x = n+1$ e $y = n+2$ son los "personajes extra" que nunca usaron la máquina (Evans et al., 2014).

El algoritmo de Keeler sigue los estos pasos (Grood, 2021):

1. Seleccionar dos "ayudantes" que no han participado en intercambios previos.
2. Identificar puntos fijos: mentes que ya están en sus cuerpos correctos.
3. Formar líneas de intercambio: organizar a los demás en secuencias basadas en dónde está su mente.
4. Aplicar intercambios sistemáticos usando los ayudantes.
5. Resolver cada ciclo hasta que todos estén restaurados.

Variantes y optimizaciones del teorema

Los investigadores Ron Evans, Lihua Huang y Tuan Nguyen de la Universidad de California en San Diego refinaron el resultado de Keeler:

[*]Kinesiólogo, rtasso@uchile.cl.

Teorema de Evans, Huang & Nguyen: Sea $P = C_1 \cdots C_r$ un producto de r k_i ciclos disjuntos C_i en S_n, con $k_i \geq 2$ y $n = k_1 + \cdots + k_r$. Entonces P puede deshacerse mediante un producto λ de $n+r+2$ transposiciones distintas en S_{n+2}, cada una conteniendo al menos una entrada en $\{x, y\}$. Además, este resultado es óptimo (Evans et al., 2012).

Para una traducción al español: el algoritmo de Keeler es eficiente para $r = 1$ y $r = 2$ (agregando una o dos personas a las permutaciones), pero no para otros valores de r. El refinamiento de Evans-Huang-Nguyen es óptimo para todos los valores de r (Evans et al., 2014).

En otro ámbito, Jennifer Elder y Oscar Vega generalizaron el teorema para máquinas que intercambian cíclicamente p cerebros, donde p es primo:
Teorema de Elder-Vega: Si una máquina intercambia p personas cíclicamente con la condición de que el mismo grupo de personas no puede usar la máquina nuevamente, siempre se puede encontrar una manera de que todos regresen. Así, para $p = 3$ solo se necesita una persona extra y para $p \geq 3$ (primo) se necesitan $p - 3$ personas adicionales (Elder & Vega, 2016).

Aplicaciones en Bioestadística y Salud

Las pruebas de permutación (*permutation tests*) son una metodología estadística no paramétrica utilizada en investigación médica y epidemiológica. Estas pruebas comparten fundamentos matemáticos con el Teorema de Futurama al utilizar reorganizaciones sistemáticas de datos para evaluar hipótesis (Giacalone et al., 2018; Nichols & Holmes, 2002).

Las pruebas de permutación operan reorganizando aleatoriamente los datos para crear una distribución nula, calculando un estadístico de prueba $T(X_i)$ para cada permutación X_i y comparando el estadístico observado con esta distribución (Nichols & Holmes, 2002). Entonces, el p-valor del test se calcula como

$$p = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N} \mathrm{I}(|T(X_i)| \geq |T(X)|),$$

donde N es el número de permutaciones, I() es la función indicadora y $T(X)$ es el estadístico de prueba.

Los métodos de permutación ofrecen distintas posibilidades en la investigación médica por su robustez ante supuestos distributivos, su aplicabilidad flexible a diversos estadísticos de prueba y su precisión en muestras pequeñas (Good, 2005; Manly & Navarro Alberto, 2020). En ensayos clínicos, los algoritmos de aleatorización (como la aleatorización simple, por bloques o adaptativa de covariables) integran principios similares al Teorema de Keeler, usando asignaciones previas no para evitarlas, si no para evaluarlas y así minimizar desequilibrios (Rosenberger & Lachin, 2015; Taves, 1974).

Esto se refleja también en la programación médica mediante modelos markovianos (similares a series de tiempo) (Chaussalet et al., 2006), y algoritmos genéticos distribuidos que optimizan asignaciones en sistemas de salud en la nube, como citas médicas o entramado de información clínica (Raghupathi & Raghupathi, 2014). En análisis de datos médicos complejos se utilizan procedimientos, como Bonferroni-Holm combinados con pruebas de permutación, para controlar errores tipo I en estudios multivariables (Shaffer, 1995), así como los métodos de imputación múltiple para datos faltantes en epidemiología (Rubin, 1987), y los modelos de dos partes para análisis de costos sanitarios (Duan et al., 1983).

En investigación anatómica, las pruebas de permutación permiten comparar estructuras como el grosor cortical o la materia blanca en enfermedades neurodegenerativas (Nichols & Holmes, 2002). Estas metodologías también se integran en la optimización combinatoria de sistemas sanitarios, como la partición geográfica de distritos mediante modelos de programación entera mixta (Mitropoulos et al., 2006) o en la asignación dinámica de recursos con aprendizaje por refuerzo (Puterman, 2009).

Conclusiones

El Teorema de Futurama representa un gran precedente: fue la primera vez que un teorema matemático fue desarrollado específicamente para servir a una narrativa televisiva. Esto demuestra cómo las matemáticas pueden integrarse creativamente en medios culturales y populares.

A pesar de su origen no convencional, el teorema cumple con todos los estándares de rigor matemático: tiene un enunciado preciso, es demostrable, se verifica su capacidad de ser óptimo y permite generalizaciones que expanden su alcance teórico. Este teorema ha contribuido a aplicaciones biomédicas y publicaciones, mostrando relaciones en desafíos de intercambio como en aleatorización clínica, junto a similitudes en los procesos de optimización y robustez. Esto permite que el teorema continúe siendo un ejemplo de las matemáticas en el cual manifiesta su expresión y aplicación en contextos inesperados. Lo que genera una mayor trascendencia dentro de la investigación y la cultura.

Referencias

Chaussalet, T. J., Xie, H., & Millard, P. H. (2006). A closed queueing network approach to the analysis of patient flow in health care systems. *Methods of Information in Medicine*, *45*(5), 492-497. https://doi.org/10.1055/s-0038-1634109

Duan, N., Manning, W. G., Morris, C. N., & Newhouse, J. P. (1983). A comparison of alternative models for the demand for medical care. *Journal of Business & Economic Statistics*, *1*(2), 115-126. https://doi.org/10.1080/07350015.1983.10509330

Elder, J., & Vega, O. (2016). Generalizing the Futurama Theorem. *arXiv*. https://doi.org/10.48550/arXiv.1608.04809

Evans, R., Huang, L., & Nguyen, T. (2012). Keeler's theorem and products of distinct transpositions. *arXiv*. https://doi.org/10.48550/arXiv.1204.6086

Evans, R., Huang, L., & Nguyen, T. (2014). Keeler's theorem and products of distinct transpositions. *The American Mathematical Monthly*, *121*(2), 136-144. https://doi.org/10.4169/amer.math.monthly.121.02.136

Giacalone, M., Agata, Z., Cozzucoli, P., & Alibrandi, A. (2018). Bonferroni-Holm and permutation tests to compare health data: methodological and applicative issues. *BMC Medical Research Methodology*, *18*, 81. https://doi.org/10.1186/s12874-018-0540-8

Good, P. I. (2005). *Permutation, Parametric, and Bootstrap Tests of Hypotheses* (3rd ed.). Springer.

Groening, M. (2010). Futurama [Serie de TV] [Temporada 6, Episodio 10].

Grood, C. (2021). *The Futurama Theorem (Adaptado para Philadelphia Math Teacher's Circle)* [Accedido el 25 de agosto de 2025]. https://mathcircles.org/wp-content/uploads/2021/07/GroodFuturamaTheorem.pdf

Manly, B. F. J., & Navarro Alberto, J. A. (2020). *Randomization, Bootstrap and Monte Carlo Methods in Biology* (4th ed.). Chapman; Hall/CRC. https://doi.org/10.1201/9780429329203

Mitropoulos, P., Mitropoulos, I., Giannikos, I., & Sissouras, A. (2006). A biobjective model for the locational planning of hospitals and health centers. *Health Care Management Science*, *9*, 171-179. https://doi.org/10.1007/s10729-006-7664-9

Nichols, T., & Holmes, A. (2002). Nonparametric permutation tests for functional neuroimaging: A primer with examples. *Human Brain Mapping*, *15*, 1-25. https://doi.org/10.1002/hbm.1058

Phillips, T. (2010). *Math in the media: Original math on Futurama. Notices of the American Mathematical Society* [Accedido el 25 de agosto de 2025]. https://mathvoices.ams.org/mathmedia/math-digests-december-2023/

Puterman, M. L. (2009). *Markov Decision Processes: Discrete Stochastic Dynamic Programming*. Wiley.

Raghupathi, W., & Raghupathi, V. (2014). Big data analytics in healthcare: promise and potential. *Health Information Science and Systems*, *2*(3). https://doi.org/10.1186/2047-2501-2-3

Rosenberger, W. F., & Lachin, J. M. (2015). *Randomization in Clinical Trials: Theory and Practice* (2nd ed.). John Wiley & Sons.

Rubin, D. B. (1987). *Multiple Imputation for Nonresponse in Surveys*. John Wiley & Sons, Inc.

Shaffer, J. P. (1995). Multiple Hypothesis Testing. *Annual Review of Psychology*, *46*, 561-584. https://doi.org/10.1146/annurev.ps.46.020195.003021

Taves, D. R. (1974). Minimization: A new method of assigning patients to treatment and control groups. *Clinical Pharmacology & Therapeutics*, *15*(5), 443-453. https://doi.org/10.1002/cpt1974155443