

# MODELIZACIÓN BASADA EN EL INDIVIDUO: UNA METODOLOGÍA ATRACTIVA PARA EL ESTUDIO DE BIOSISTEMAS

## INDIVIDUAL-BASED MODELING: AN ATTRACTIVE METHODOLOGY TO STUDY BIO SYSTEMS

Marta Ginovart, Mónica Blanco  
Matemática Aplicada III, Universidad Politécnica de Cataluña  
marta.ginovart@upc.edu - monica.blanco@upc.edu

Xavier Portell  
Ingeniería Agroalimentaria y Biotecnología, Universidad Politécnica de Cataluña  
xavier.portell@upc.edu

Pol Ferrer-Closas  
Escuela Superior de Agricultura de Barcelona, Campus del Baix Llobregat (Barcelona)  
ferrer.closas.pol@gmail.com

**RESUMEN:** El objetivo general de este trabajo es presentar las características generales de los modelos basados en el individuo (IbM) y la manera de tratar con ellos cuando se modeliza un biosistema o conjunto de entidades discretas con vida propia que evolucionan en un entorno cambiante. Se presenta una discusión de las ventajas e inconvenientes que presenta este tipo de modelización discreta frente a la modelización continua más clásica. Se expone el protocolo específico recientemente aceptado para presentar y comunicar IbM, y se identifica la plataforma NetLogo, de uso público y libre, accesible desde la web, como adecuada para la implementación de este tipo de modelo computacional. Con todo ello se constata el interés de introducir IbMs en la docencia para trabajar y practicar con la competencia en modelización.

**PALABRAS CLAVE:** Modelización de biosistemas, modelos computacionales, modelos basados en el individuo, simulaciones discretas, NetLogo.

**SUMMARY:** The aim of this paper is to present the general characteristics of the individual-based models (IbMs), and the way to deal with them when a bio system, a set of discrete life entities evolving in a changing environment, is modeled. A discussion of the advantages and disadvantages that this type of discrete modeling has compared with the more classical continuous modeling is presented. It describes the specific and recently accepted protocol to follow in order to presents and communicate an IbM, and it identifies the platform NetLogo, of public use and free access from the web, which is suitable for the implementation of this kind of computational model. All of this corroborates the interest in introducing the IbMs to work and practice with the modeling competence in teaching.

**KEY WORDS:** Modeling of bio systems, computational models, individual-based models, discrete simulations, NetLogo.

Fecha de recepción: octubre 2010 • Aceptado: agosto 2011

Para citar: Ginovart, M., Portell, X., Ferrer-Closas, P. y Blanco, M. (2012). Modelización basada en el individuo: una metodología atractiva para el estudio de biosistemas. *Enseñanza de las Ciencias*, 30 (2), pp. 93-108

## INTRODUCCIÓN

Para representar, analizar y discutir cuestiones relacionadas con sistemas biológicos, la modelización, desde su definición más amplia, es una herramienta muy necesaria (Murray, 1990). En este sentido, la enseñanza de las ciencias basada en la elaboración de modelos tiene gran aceptación entre la comunidad educativa (Justi, 2006; Aravena et al., 2008). La modelización matemática clásica fundamentada en funciones continuas, funciones derivables, ecuaciones diferenciales, métodos de optimización, ajuste de funciones, así como la modelización estadística, son las metodologías de modelización que habitualmente se estudian en el ámbito académico, en asignaturas de matemáticas tanto del bachillerato como de los primeros cursos universitarios de titulaciones científicas y tecnológicas. De hecho, la adquisición de la capacidad y habilidad para llevar a cabo de forma autónoma todos los aspectos relacionados con el proceso de modelización en un contexto determinado se incluye en la mayoría de los planes de estudios.

Siguiendo las directrices del proyecto PISA (Programme for Indicators of Student Achievement), deberíamos prestar especial atención al desarrollo de competencias o habilidades tales como pensar matemáticamente, argumentar, representar y comunicar, resolver, o usar técnicas matemáticas e instrumentos, pero también modelizar. Aprender a modelizar es aprender a estructurar el contexto, matematizar y reinterpretar los resultados de esta matematización, revisar el modelo y modificarlo (Alsina, 2007). La competencia para la modelización incluye ser capaz de: *a*) estructurar el campo o situación que va a modelizarse; *b*) traducir la realidad a una estructura matemática; *c*) interpretar los modelos matemáticos en términos reales; *d*) reflexionar, analizar y criticar un modelo y sus resultados; *e*) comunicar las características y los resultados de un modelo, incluyendo sus limitaciones; y *f*) dirigir y controlar el proceso de modelización (Gilbert, 2004; Rico, 2006). Durante los últimos años, la adquisición de esta competencia en contextos diversos ha sido tratada en varias publicaciones (Blomhøj y Jensen, 2003; Gilbert, 2004; Bosch et al., 2006; Gomes-Neves y Duarte-Teodoro, 2010). Además, en esta última década se han ido desarrollando cursos específicamente diseñados para la enseñanza y aprendizaje de la modelización (Lingerfjard, 2006), lo cual indica su importancia en el contexto educacional actual.

Muchos modelos matemáticos en biología, desde ecuaciones simples del crecimiento de una población a descripciones complejas de una función para un ecosistema, están basados en hipótesis o requisitos que infringen dos de sus características intrínsecas: *a*) combinan muchos organismos vivos y asumen que ellos pueden ser descritos por una única variable como puede ser el tamaño de la población, vulnerando el principio de que cada individuo es distinto, en comportamiento y fisiología (que resultan de una única combinación de genética e influencias del entorno); *b*) no distinguen entre localizaciones de individuos, asumiendo que cada individuo tiene un mismo efecto sobre cualquier otro individuo, vulnerando el principio de que las interacciones son inherentemente locales (las que permiten establecer contacto). Por otra parte, se han realizado trabajos de modelización espectaculares para obtener propiedades de la población a partir de las propiedades individuales con la utilización de distribuciones continuas de características individuales dentro de las poblaciones (Murray, 1990). Por ejemplo, para abordar la modelización de sistemas microbianos donde el volumen celular (o biomasa) y la edad (número de ciclos celulares) de los microorganismos son factores a controlar, los trabajos de Harvey (1983), o el de Hatzis y Porro (2006), ponen de manifiesto la sofisticada formulación matemática que se requiere con distribuciones probabilísticas y funciones vectoriales, la cual ya supone por sí misma una barrera para poder obtener resultados de simulación, a la vez que impide que este tipo de modelización pueda llegar de forma comprensible a un público amplio.

En la década de los 90 apareció un nuevo enfoque de modelización con una filosofía y perspectiva diferentes a las de la modelización clásica utilizada hasta entonces, la llamada modelización basada en el individuo (Individual-based Modelling o Individual-based Models, IbM). Los IbM son modelos

en los que los individuos que forman el sistema son tratados como entidades autónomas y discretas (Grimm, 1999; Grimm y Railsback, 2005). Se centran en la caracterización de estas partes discretas mediante reglas de comportamiento, que permiten que dichas partes interactúen entre ellas y con el entorno en el que se hallan. Se tratan de modelos computacionales que requieren de simplificaciones distintas de las asumidas por los modelos continuos, y son una muy buena alternativa de modelización para abordar el estudio de determinados aspectos relativos a los biosistemas. La mayoría de los ejemplos de utilización de estos modelos se encuentran en el área de ecología, en campos específicos tan distintos como son el estudio de poblaciones de insectos, peces, mamíferos, aves, plantas o árboles, entre otras opciones (Grimm y Railsback, 2005). Un gran número de revistas científicas especializadas, y de distintos perfiles, están incrementando la publicación de trabajos cuyo denominador común es el uso de un IBM. Hay otras áreas de conocimiento dentro de la biología general donde el uso de IBM se está expandiendo actualmente de forma sustancial, como es el de la microbiología (Gregory et al., 2006; Ferrer et al., 2008; Hellweger y Bucci, 2009). En la actualidad, los IBM ya se han consolidado como una herramienta válida para describir y tratar con sistemas complejos formados por entidades autónomas. Al mismo tiempo, este tipo de modelo computacional facilita la experimentación «virtual» y la manipulación «virtual» sobre los sistemas modelizados, mediante la observación y análisis reiterado del conjunto de simulaciones que resultan de su implementación en un entorno informático adecuado (Peck, 2004).

La modelización continua, o más clásica, y la IBM no tienen por qué ser consideradas metodologías incompatibles o excluyentes, pudiendo ser metodologías complementarias y convenientes para muchos proyectos de modelización de biosistemas. Por ejemplo, el trabajo realizado por Gómez-Moureló y Ginovart (2009) ofrece una comparación de las dos metodologías de modelización, la discreta con un IBM y la continua con un sistema de ecuaciones diferenciales, sobre un estudio de caso. Se presentan estos dos tipos de formulación para el estudio de la dinámica de una población de microorganismos, analizando ventajas y desventajas que cada una de ellas conlleva.

A diferencia de la modelización clásica, conceptualmente, los IBM son sencillos de comprender y no requieren de teorías matemáticas avanzadas. Por ello, estamos convencidos de que podrían ser una herramienta útil desde una perspectiva educativa, tanto para el estudio de los biosistemas, como para la adquisición de la competencia de la modelización en el ámbito académico a diferentes niveles. La utilización de los IBM en el ámbito de la biología es una buena oportunidad para trabajar las distintas etapas implicadas en el proceso de modelización. Algunos conceptos relacionados con competencia, cooperación, adaptación, diversidad, individualidad o variabilidad pueden ser más fáciles de presentar y experimentar con los IBM, que utilizando metodologías de modelización más clásicas. Y por otro lado, la posibilidad de trabajar la competencia en modelización con contextos de aplicación adecuados, como por ejemplo la biología, es extremadamente favorable. Los IBM podrían permitir ensayar y preparar estrategias docentes para ser utilizadas en cursos de modelización. La realidad, muy a menudo, se caracteriza por la presencia de sucesos no continuos, y los IBM se construyen utilizando la matemática de los sucesos discretos (y no mediante tasas o velocidades). Esta peculiaridad de los IBM debería ser explotada en actividades docentes diversas, complementando los contenidos de modelizaciones más tradicionales presentes en la mayoría de currículos científicos y técnicos (Jacobson y Wilensky, 2006).

Es un hecho que los IBM no se encuentran hoy en día en materiales docentes preparados para trabajar la competencia de la modelización que tan importante se considera en una formación matemática integrada en la ciencia. Son diversos los factores que pueden explicar esta ausencia. Tanto la falta de tradición en la presentación y comunicación de este tipo de modelo como la ausencia de estándares en procedimientos de formulación y programación de IBM hacen difícil su divulgación y aceptación en el contexto académico. Su presencia es una realidad en el ámbito de la investigación, pero no en el ámbito docente (hasta donde nosotros conocemos). Habría que añadir que, por ser los IBM modelos compu-

tacionales, éstos necesariamente deben ser implementados en un código de programación y ejecutados en un entorno informático conveniente para poder obtener y analizar los resultados de simulación. Es ésta también una de las probables causas de que no se desarrolle todo el potencial que este paradigma de modelización podría ofrecer en el ámbito académico. La posibilidad de disponer de entornos informáticos convenientes para la implementación y ejecución de IbM facilitaría enormemente esta tarea y ayudaría a generar de forma eficaz las correspondientes simulaciones.

Muy probablemente los futuros o potenciales usuarios de los IbM dentro del ámbito académico, tanto profesores como estudiantes, sean nuevos iniciados en la utilización de este tipo de modelización. Por ello, estamos convencidos de que todas las indicaciones y ayudas que se puedan ofrecer para explorar las posibilidades de los IbM serán decisivas para conseguir su divulgación. Nuestro trabajo tiene como objetivo general divulgar las características propias de los IbM a fin de que esta metodología de modelización pueda ser incorporada en el ámbito académico de forma progresiva, complementando otras propuestas de modelización ya existentes. Para poder avanzar en este propósito, fijamos para este trabajo dos objetivos específicos: *a)* presentar de forma general y esquemática la metodología a seguir para el reconocimiento, creación y descripción de los IbM, principalmente en el ámbito del estudio de los biosistemas (conjunto de entidades discretas con vida propia que evolucionan en un entorno cambiante), discutiendo sus inconvenientes y sus ventajas, y *b)* de entre las diferentes opciones actuales de entornos informáticos disponibles para la implementación de los IbM, presentar la plataforma Net-Logo, una herramienta de uso público y libre, accesible desde la web, muy adecuada para ser utilizada en el ámbito académico.

## LA MODELIZACIÓN DE SISTEMAS COMPLEJOS

Un sistema complejo está compuesto por varias partes interconectadas, cuyos vínculos crean información adicional no visible inicialmente por el observador. Como resultado de las interacciones entre elementos, surgen propiedades nuevas que no pueden explicarse a partir de las propiedades de los elementos aislados. No basta con saber cómo funciona cada una de ellas para entender un sistema complejo, ya que existen variables ocultas cuyo desconocimiento nos impide analizar el sistema con precisión. Así pues, un sistema complejo posee más información que la que cada parte independientemente pueda dar. Para describir un sistema complejo no sólo hace falta conocer el funcionamiento de las partes, sino también cómo se relacionan éstas entre sí.

Los trabajos de modelización investigan la validez de nuestros pensamientos, es decir, si la lógica que hay detrás de un argumento es correcta o plausible, y si se corresponde con la información experimental disponible. De alguna manera, los modelos de sistemas complejos se pueden ver como ayudas al pensamiento humano, que surgen del hecho de que nuestro cerebro sufre de demasiadas limitaciones y no es capaz de considerar todas las posibilidades de un argumento complicado de manera equilibrada y simultánea (Kokko, 2007).

Es reconocido por todos que la modelización clásica presenta limitaciones y restricciones para abordar el estudio de sistemas complejos. El uso de los sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias, o en derivadas parciales, utiliza un número reducido de variables, así como de interacciones que se pueden establecer entre ellas. Su resolución analítica resulta imposible en la mayoría de los casos, siendo entonces necesario recurrir a la resolución numérica, que implica a su vez valorar la convergencia del algoritmo utilizado. Además, en el caso de los biosistemas, el carácter discreto de los individuos que los configuran no puede ser capturado por una función que promedia sobre toda la población o que considera únicamente el comportamiento «típico» de individuos, ignorando comportamientos peculiares o atípicos que pueden ser decisivos para provocar ciertas dinámicas o modificar el comportamiento global del sistema. Por otro lado, el propósito fundamental de los modelos estadísticos es buscar rela-

ciones entre variables o identificar factores significativos en una variable respuesta. Son modelos empíricos que utilizan las observaciones directas o los resultados de experimentos del fenómeno estudiado, pero no son modelos heurísticos, modelos basados en las explicaciones sobre las causas o mecanismos naturales que dan lugar al fenómeno estudiado. Para la modelización de un sistema complejo, si se quiere entender cómo «trabaja», es muy conveniente poder conjugar la utilización de distintos tipos de modelos, ya que éstos pueden dar respuestas complementarias y alimentarse mutuamente de la información que cada uno de ellos proporciona.

Gracias al aumento de la potencia de los ordenadores y de su capacidad para manipular grandes cantidades de datos, se han desarrollado nuevos tipos de modelización con una base computacional importante, lo que ha permitido abordar con éxito la investigación de sistemas complejos (Jacobson y Wilensky, 2006). Por ejemplo, los modelos basados en agentes son modelos computacionales que tratan con sistemas complejos, generan la simulación de acciones e interacciones de elementos autómatas (agentes) dentro de un entorno, y permiten determinar qué efectos se producen en el conjunto del sistema como consecuencia de la acción de sus partes (Gilbert, 2008). Estos modelos controlan las operaciones simultáneas de múltiples entidades en un intento de recrear y prever las acciones de fenómenos complejos.

## LA MODELIZACIÓN BASADA EN EL INDIVIDUO

La modelización basada en el individuo es un caso particular de modelo basado en agentes. En un IbM el sentido del agente deja de ser genérico, convirtiéndose en algo tan concreto y preciso como es un individuo (Grimm y Railsback, 2005). Hay quien considera los IbM como los modelos basados en agentes biológicos. Estos modelos consisten típicamente en un cierto número de individuos definidos a partir de sus comportamientos específicos y parámetros característicos en un ambiente o marco cambiante dentro del cual las interacciones se suceden.

Si visualizamos el estudio de sistemas formados por seres vivos, como por ejemplo poblaciones de animales, plantas o microorganismos, bajo la perspectiva de los IbM, los individuos que se consideraran como base de la modelización se identificarán con los diferentes tipos de unidades discretas que configuren el ecosistema a estudiar. Cada uno de estos individuos tiene sus propias características (sexo, edad, masa, tamaño o volumen, descendientes y/o ascendientes, estado en el proceso de reproducción, capacidad de reproducción, reservas energéticas, posición en el espacio, enfermedad...) y reglas de comportamiento (movimiento, búsqueda y captura de recursos, metabolización de los recursos conseguidos, emparejamiento o no, mutación, envejecimiento, muerte...). Esta manera de visualizar el sistema a investigar contrasta de forma significativa con las técnicas de modelización más clásicas.

Los IbM, que conceptualmente pueden parecer simples en su concepción y directos en su formulación, pueden llegar a ser sorprendentes y espectaculares en sus realizaciones o salidas; como por ejemplo en la posibilidad de considerar y controlar unos pocos individuos «singulares» en un sistema que sean capaces de alterar la dinámica de la población, o en el diseño e implementación de distintos tipos de preferencias en las interacciones entre individuos y/o recursos que resulten en una variación significativa de la evolución del conjunto, entre otras muchas posibilidades.

También es interesante señalar el papel decisivo que puede tener el espacio en los IbM para muchos de los biosistemas a estudiar, pues se puede asociar a los individuos una localización espacial concreta permitiendo que éstos exhiban movilidad diversa bajo reglas específicamente diseñadas para ellos, dependiendo del entorno en el que se hallen en cada momento. El tratamiento del espacio en la modelización continua pasa por ecuaciones en derivadas parciales, lo que limita el número de opciones relativas a movimientos individuales que se pueden considerar en un espacio bidimensional o tridimensional.

## Identificación y criterios para identificar IbM

La modelización de la conducta de los individuos y la comprobación de si este comportamiento conduce a las propiedades reales observadas experimentalmente a nivel de sistema es una idea natural e indiscutible. Los primeros IbM se desarrollaron de forma ocasional e independientemente unos de otros tan pronto como se dispusieron de los equipos informáticos adecuados (Kaiser, 1979). El uso de los IbM no se inició de forma consensuada y rápida, sino de forma progresiva, utilizando nomenclaturas diversas y con unas primeras definiciones abstractas, poco concretas, e incluso enmascarando sus propiedades con metodologías no específicamente discretas (Grimm y Railsback, 2005). Uchmanski y Grimm (1996) propusieron los siguientes cuatro criterios para reconocer los IbM:

- a) El grado de complejidad del ciclo del individuo que se modeliza tiene que ser significativo. Los individuos de la mayoría de especies varían significativamente en el curso de su vida, su crecimiento, reproducción y muerte pueden ser función de su edad, de los diferentes recursos que encuentren en su área de acción, de la densidad poblacional o de la ocupación del dominio donde evolucionan, así como de las interacciones o competencias que se pueden establecer con otros individuos que encuentren.
- b) La dinámica de los recursos explotados por los individuos debe ser representada explícitamente, ya que el desarrollo de los individuos se ve condicionado por los recursos que éstos encuentran en su entorno local. Los modelos que simplemente asumen una capacidad de carga constante para los recursos no se pueden considerar totalmente de base individual, ya que desestiman la retroalimentación entre individuos y recursos.
- c) El número de individuos del sistema es el tamaño de la población, y éstos han de ser contabilizados de manera discreta, por lo que este valor ha de ser necesariamente un número entero. A pesar de esto, algunas veces se encuentran en IbM algunos algoritmos computacionales que toman este valor como real como estrategia de programación y computación. Los IbM se construyen utilizando las matemáticas de los sucesos discretos.
- d) Considerar factores o medidas de variabilidad en el grupo de individuos de una misma edad. Los modelos se pueden clasificar según consideren o no la distribución de los individuos en edad, tamaño o estado de su ciclo vital, entre otras posibilidades. No obstante, hecha la estructura de la población en grupos, puede suceder que otras diferencias entre los individuos que pertenecen a un mismo grupo sean desestimadas. De hecho los individuos de una misma edad o volumen se podrían desarrollar utilizando diferentes vías o estrategias, para que, después de un cierto tiempo, la variación entre individuos de un mismo grupo fuera comparable a la que existiría entre los grupos inicialmente preestablecidos, lo que implicaría un desacierto en el modelo.

## Características particulares de los IbM

A pesar de ofrecer múltiples ventajas en la manera de abordar el estudio de sistemas formados por entidades discretas y vivas, los IbM presentan una serie de características particulares, peculiares, que podrían ser clasificadas como «desventajas», y que es conveniente comentar y analizar con detalle.

La experiencia conseguida después de casi dos décadas con IbM muestra que existen algunos problemas estrechamente vinculados y que se han ignorado durante su etapa inicial de uso (Deangelis y Gros, 1992; Grimm y Railsback, 2005). Uno es la «complejidad» de los IbM en el sentido de que tratan con muchas variables, parámetros y reglas que se aplican a diversas entidades o tipos de elementos, en diferentes escalas espaciales, con heterogeneidades y eventos estocásticos, lo cual hace que sean, de entrada, menos manejables que muchos modelos analíticos. Aunque es bien cierto que estos

modelos conceptualmente no requieren de teorías matemáticas avanzadas, y que las características o reglas que se pueden asignar a los individuos y a los recursos del entorno son simples y comprensibles de forma aislada, en el momento de integrarlo todo, la complejidad que puede llegar a alcanzar un modelo completo es considerable. Generalmente, tanto la completa comprensión del modelo como su implementación en un código de computación, junto con la correspondiente recogida de los datos que lo alimenta, no son tareas ni inmediatas ni rápidas, pues demandan muchas veces un esfuerzo considerable de inmersión. En comparación con la utilización de otros modelos más clásicos que consisten en la formulación de un conjunto de ecuaciones y la utilización de un método numérico ya preestablecido (la resolución analítica es inviable para la mayoría de representaciones de sistemas complejos), nos atreveríamos a decir que desarrollar un IbM es siempre una aventura, un camino inexplorado y un tanto solitario. El segundo problema está en la falta de un marco teórico y conceptual para el IbM, lo que ha llevado a un uso muy amplio de hipótesis ad hoc, hipótesis específicas para cada estudio, lo cual ha frenado un desarrollo coherente y compacto de esta metodología. Dado el contexto computacional donde se desarrollan estos IbM, es evidente la imposibilidad de obtener soluciones analíticas, por lo que la completa comprensión, evaluación y análisis de éstos requieren de tareas minuciosas y exhaustivas, que junto con una demanda sustancial de datos de entrada, dan como resultado simuladores IbM poco generalistas y bastante específicos (Deangelis y Gros, 1992; Grimm y Railsback, 2005).

Además, su reciente historia hace que sean modelos que necesitan competir con otros modelos tradicionalmente aceptados y que ya han demostrado ampliamente su eficacia. Más aún, podríamos aventurar que es difícil que un académico se muestre escéptico o muestre recelos ante un sistema de ecuaciones diferenciales que ha visto de forma reiterada durante su formación académica, mientras que los IbM hoy en día son observados por muchos con una cierta desconfianza.

Con todo esto, es evidente que los IbM sufren de algunos inconvenientes, pero ¿qué modelo no los tiene?... Con todo, las desventajas que hemos señalado se están suavizando y resolviendo en estos momentos a partir de la experiencia cosechada durante las últimas décadas, favoreciendo por tanto que los IbM puedan llegar a tener en un futuro cercano su propio espacio en el ámbito educativo, como lo tienen actualmente otros tipos de modelos.

Estas características particulares de los IbM generan una serie de retos que hemos de tener en cuenta cuando queramos tratar con ellos (Grimm y Railsback, 2005). No obstante, la experiencia adquirida durante los últimos años en la generación y utilización de los IbM permite identificar algunas pautas o indicaciones para poder trabajar de forma exitosa en el marco de un proyecto de IbM.

### *Diseño*

Hay que olvidarse de conseguir una representación fiel de la realidad, y evitar la tentación de construir un sistema «virtual» demasiado detallado. En un principio, hay que poder, y saber, ignorar mucha de la información conocida sobre el sistema. Conseguir una adecuada abstracción y simplificación del sistema consume tiempo, y suele ser un proceso más arduo que en el caso de los modelos clásicos, continuos o analíticos que, ya de por sí, están obligados por su naturaleza a una representación más vasta de la realidad y menos detallista o minuciosa.

### *Análisis y comprensión*

Muchos estudiosos asumen que un aumento de la complejidad reduce inevitablemente el potencial de un modelo para poder proporcionar comprensión. Entender por qué sucede lo que aparece o surge tiene que ser uno de los propósitos prioritarios del uso de este tipo de modelo, y no únicamente la reproducción de resultados experimentales, la replicación de un sistema, o la predicción. Los más críticos

con los IbM argumentan que modelos excesivamente complejos son tan difíciles de entender como el mundo real, y que como consecuencia es poca la utilidad que pueden tener. La incorporación de todo el conocimiento que se tenga de un sistema en un modelo sería lo más deseable teóricamente, pero no siempre sería lo más efectivo o eficiente para propósitos prácticos y específicos. Por ejemplo, una incorporación paulatina y secuencial de conocimiento en el modelo de comportamiento individual puede permitir avanzar en la consecución de un modelo individual completo.

### *Comunicación*

Los modelos clásicos son fáciles de exponer ya que utilizan el lenguaje matemático común, la simbología propia del ámbito de las matemáticas o la estadística, utilizada de forma habitual desde el inicio de la formación académica. En cambio, los IbM, modelos computacionales, tienen características y trazas esenciales que no se pueden describir mediante ecuaciones y parámetros, que no se pueden compactar con una formulación sintética. Los IbM no disponen de un lenguaje común y globalmente aceptado para su comunicación, y acostumbran a ser demasiado extensos para poder ser descritos en su totalidad en una única publicación divulgativa o científica. Por esto, muchas veces, el hecho de no encontrarse completamente disponibles y abiertos a la comunidad científica puede amenazar su credibilidad. Afortunadamente han surgido iniciativas para superar, o por lo menos mitigar, esta amenaza (ver sección 3.4).

### *Requerimiento de datos*

Un mayor número de clases de entidades, escalas y sucesos o procesos que son susceptibles de ser representados en un IbM significa la necesidad de un mayor número de parámetros. En muchos casos, además, obtener valores suficientemente exactos o válidos para estos parámetros es una tarea difícil, y más si estos parámetros representan información a nivel de procesos o características individuales no directamente disponibles o accesibles a partir del trabajo experimental habitual en el área correspondiente. Es preciso distinguir entre observaciones experimentales «macroscópicas» del biosistema, mucho más habituales, y observaciones «microscópicas» de los elementos que lo configuran, menos frecuentes en ciertas áreas.

### *Ausencia de estándares*

Los modelos estándares admitidos por la comunidad científica se utilizan como patrones a la hora de realizar modelos similares o versiones sucesivas. Utilizando estos estándares, las suposiciones hechas se sedimentan, a la vez que la comunicación es fácil de realizar gracias a la comparación con otros modelos previos ya existentes y conocidos. En cambio, la mayoría de los IbM se han construido utilizando partes de hipótesis ad hoc no dirigidas a conceptos generales, sin basarse en modelos previos, con espacios blancos o vírgenes, pudiendo incluso generar simulaciones ineficaces e incluso polémicas. Al mismo tiempo, esta deficiencia de estándares complica la comparación de modelos y el desarrollo de teorías, ya que si se obtienen dos resultados de IbM diferentes, no se puede concluir que un resultado es verdadero y el otro es falso debido a la falta de patrones aceptados como válidos.

## Etapas en el desarrollo de IbM

Según cómo sea percibida la realidad, se podrán desarrollar diferentes modelos conceptuales, los cuales son conducidos por la descripción del sistema que se quiera estudiar y el nivel de detalle escogido. Después de haber trabajado con el modelo conceptual y haber llegado a una formulación de éste dentro del marco de la metodología IbM, el diseño obtenido ha de ser transformado en un algoritmo numérico, en un código de computación. Con la codificación utilizada para su implementación se consigue un programa o simulador preparado para ser ejecutado. Las etapas que hay que cubrir para desarrollar un modelo-simulador de este tipo son las propias de todo proceso de modelización computacional con, evidentemente, algún matiz propio del contexto de aplicación: código de computación y su verificación, parametrización, calibración, análisis de sensibilidad, valoración de la adecuación o idoneidad del modelo-simulador y solución de los problemas propuestos o respuestas a las preguntas formuladas. Con la ejecución exitosa de cada una de estas etapas se logra entender mucho mejor el sistema que se está modelizando, así como la manera en que nuestro simulador está trabajando.

## Protocolo ODD para describir y comunicar IbM

La mayoría de las «descripciones» publicadas de IbM son, generalmente, difíciles de leer, incompletas, ambiguas y, por lo tanto, poco accesibles (Grimm et al., 2006). Resolver el problema de cómo comunicar IbM puede hacer aumentar su credibilidad científica. Hay dos cuestiones principales y relacionadas entre sí que han condicionado esta manera de presentar los IbM: *a)* hasta hace relativamente pocos años, sin un protocolo a seguir para su descripción, cada IbM elaborado era explicado según los criterios y preferencias de sus autores, que generalmente pertenecían a áreas de investigación distintas (ecología, matemáticas, ingeniería, botánica, física, química, microbiología, veterinaria...); *b)* sin la posibilidad de tener el código completo de computación del IbM, la descripción era principalmente «verbal», con mucho texto y sin indicaciones claras de ecuaciones, reglas o presencia de esquemas, sin un orden preestablecido o consensuado de transmitir la información que aglutinaba el modelo computacional.

Muchas veces la lectura detallada y exhaustiva de todo lo que el simulador es capaz de controlar y reproducir es excesiva e ineficiente para conocer información relevante del modelo, su estructura general o sus rasgos fundamentales. A menudo se mezclan consideraciones generales con descripciones de procesos, con justificaciones para la formulación empleada o hipótesis previas.

Una solución, si bien parcial, a estos problemas sería consensuar dentro de la comunidad científica la manera de presentar y comunicar IbM, unificando criterios para presentar sus descripciones. Con este propósito, en el año 2006, Grimm y un conjunto de 26 modelizadores que tenían experiencia en esta metodología de modelización elaboraron el protocolo ODD (su nombre identifica los tres bloques que configuran su presentación: O«Overview», D«Design concepts» y D«Details»). Siguiendo este protocolo, la descripción del IbM en una secuencia de siete apartados distintos repartidos entre estos tres bloques está pensada para proporcionar la información en un orden y complejidad que permitan al lector una construcción acumulativa a partir del conocimiento previo del modelo. En primer lugar, en el bloque «Overview», se presenta el contexto donde se mueve el modelo y la información general del mismo (propósito, variables de estado y escalas, y perspectiva del proceso y programación). En segundo lugar, se exponen los conceptos generales y rasgos propios de los sistemas complejos que hay detrás del diseño del modelo (emergencia, adaptación, finalidad, predicción, interacción, sensibilidad, estocasticidad, colectivos, observación...) en el bloque «Design concepts» y, finalmente, en el bloque «Details» se tratan los detalles más técnicos (inicialización, entrada, y submodelos).

### «Overview»

#### Propósito

Una introducción del modelo, para entender los aspectos de la realidad que participan del modelo y el porqué de su inclusión, así como los aspectos que se ignoran. Es importante utilizar una formulación clara, concisa y específica, ya que da la guía de lo que podemos esperar en la consecuente descripción.

#### Variables de estado y escalas

Este apartado responderá a la pregunta de cuál es la estructura del sistema del modelo. Por ejemplo, ¿cuál es el tipo de entidad de menor nivel (individuos, unidades de hábitat) que se encuentra descrita en el modelo?, ¿cómo están descritos?, ¿existe jerarquía?, ¿cómo es ésta?, ¿cómo se encuentran descritos tanto el ambiente biótico como el abiótico?, ¿cuál es la resolución espacial y temporal y el alcance del modelo?

#### Perspectiva del proceso y programación

Para entender los IBM es necesario conocer los procesos construidos en el modelo que involucran tanto a los individuos como al entorno-espacio (o ambiente), como por ejemplo la captación de recursos energéticos o alimentación, producción de toxinas, mantenimiento, crecimiento, movimiento, reproducción, enfermedad, vitalidad o mortalidad. Aquí, únicamente se realizará una descripción conceptual de cada uno de estos procedimientos y sus efectos para dar una visión general pero suficientemente concisa. También se describirá la ejecución temporal de los procesos del modelo, el orden en que se suceden las reglas de comportamiento de las entidades y la actualización de las variables básicas. Por ejemplo, hay que dar respuesta a si hay o no acciones ejecutadas con un orden aleatorio, si hay aleatoriedad o no en la asignación de las características de las entidades, o en las acciones individuales llevadas a cabo, y cuál es la base de estas decisiones. En muchos casos será conveniente utilizar diagramas de flujo para facilitar la visión general del simulador.

### «Design concepts»

El propósito de este bloque es el de relacionar el diseño del modelo con conceptos generales tratados en el campo de los sistemas adaptativos complejos como, por ejemplo, emergencia, adaptación, finalidad, predicción, interacción, sensibilidad, estocasticidad, o colectivos entre otros. No todos tienen que aparecer en todos los IBM, pues su inclusión dependerá de si realmente han sido o no considerados en su diseño. La descripción detallada de cada concepto excede los objetivos de este trabajo. No obstante, en el trabajo de Grimm y otros (2006) y en la revisión posterior que se hizo de este protocolo ODD (Grimm et al., 2010) se pueden encontrar sus definiciones y comentarios, además de un material complementario en versión *on line* muy completo e interesante para ilustrar este tipo de descripción.

### «Details»

#### Inicialización

En este apartado se explicita cómo han sido creados los individuos y el ambiente o entorno en el inicio de la simulación, si la situación inicial es siempre la misma o va variando, si los valores iniciales son arbitrarios o bien se encuentran en una base de datos (aportándola entonces).

#### Entrada

Las dinámicas de muchos IBM vienen estipulados por las condiciones medioambientales, las cuales cambian dependiendo del espacio y el tiempo (por ejemplo, las lluvias), así como las entradas de

recursos energéticos, nutrientes o productos nocivos al sistema. Estas condiciones ambientales son las entradas al modelo que hay que generar y que deben ser explicadas con detalle, ya que, cuando existan, impondrán ciertas dinámicas a algunas variables básicas. Las salidas del modelo serán las respuestas condicionadas por la adaptación del sistema a estas entradas.

#### Submodelos

Aquí se explicarán detalladamente todos los submodelos presentados en el apartado *Perspectiva del proceso y programación*, incluyendo los parámetros implicados. Hay que realizar una descripción exhaustiva, y al mismo tiempo comprensible, que permita una fácil reimplantación si fuera deseable. Un esqueleto matemático del modelo con las ecuaciones, las reglas y tablas que presenten los parámetros del modelo y sus dimensiones, acompañado con explicaciones escritas de las ecuaciones y reglas utilizadas, con las respuestas a preguntas como, por ejemplo, ¿qué suposiciones son subyacentes a estas ecuaciones y normas?, ¿cómo se escogieron los valores de los parámetros?, ¿cómo se comprobaron y calibraron los distintos submodelos?, sería lo que encontraríamos al final de la descripción del IbM.

Actualmente, algunas revistas permiten la publicación de material complementario o adicional *on line*, lo cual posibilita mostrar información específica del IbM o tener acceso al código completo de computación de éste. Sin embargo, es importante señalar que la información que proporciona el código está ligada al lenguaje de programación utilizado, mientras que la descripción ODD es, y debe ser, independiente del lenguaje que se use para su implementación.

Por ejemplo, en el trabajo de Ginovart y otros (2011) se puede encontrar un ejemplo de aplicación de este protocolo para la descripción de un IbM del ámbito de biosistemas.

## PROGRAMAS PARA LA IMPLEMENTACIÓN DE IBM

El desarrollo de programas informáticos o códigos de computación propios haciendo uso de lenguajes como Fortran, C, Java o C++ es usualmente un obstáculo para la utilización de los IbM en ciertos niveles de la actividad académica. Parte de este problema radica en la formación limitada en el ámbito de la programación informática que los potenciales usuarios de IbM pueden tener. En cualquier caso, sería deseable que los conocimientos de ingeniería informática no fueran determinantes para poder desarrollar e implementar un IbM. La utilización de alguna plataforma ya preparada y diseñada expresamente para la implementación de IbM podría facilitar la tarea de programación y ejecución que requiere todo modelo computacional, facilitando, en último termino, la divulgación de este tipo de metodología.

Para tratar de minimizar este inconveniente de programación y, al mismo tiempo, unificar y simplificar el proceso de construcción de este tipo de modelos, universidades y centros de investigación han ido desarrollado diferentes aplicativos o plataformas. Se ha constatado que la utilización de simulaciones IbM para la investigación y gestión de biosistemas está creciendo rápidamente debido, en parte, a la aparición de entornos informáticos específicos para realizar estas simulaciones (Lorek y Sonenschein, 1999; Railsback et al., 2006). Entre los existentes actualmente podemos mencionar a Swarm, Repast, MASON y NetLogo. Creemos que actualmente la plataforma NetLogo (Wilensky, 1999) es muy adecuada para ser utilizada en el ámbito docente, ya que dispone de elementos interesantes tanto para poder ilustrar el uso de los IbM, como para trabajar activamente con ellos.

## La plataforma NetLogo

Netlogo es un entorno de programación que permite la simulación de fenómenos tanto naturales como sociales. Fue creado por Uri Wilensky en 1999 y está en continuo desarrollo por el Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling en Estados Unidos (<http://ccl.northwestern.edu/>). La plataforma NetLogo permite la implementación de IBM y la simulación de sistemas complejos que se desarrollan y evolucionan a lo largo del tiempo. No hay preestablecido el número máximo de individuos o reglas que pueda tener un modelo, pero la simulación será más o menos rápida en función del número de individuos y reglas considerados y de las características del ordenador con el que se trabaje. Netlogo puede articular todas las instrucciones dadas a cientos o miles de individuos para que todos ellos operen de manera independiente entre sí y con el entorno. Existe abundante documentación y tutoriales sobre Netlogo en su página web (<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>). En <http://sites.google.com/site/manualnetlogo/> se puede encontrar un manual de Netlogo (en castellano) que permite familiarizarse con este lenguaje de programación de una forma muy sencilla, a través de pequeños programas-ejemplo.

Además, hay que señalar que este entorno o plataforma NetLogo también incluye una galería de ejemplos de IBM que pertenecen a áreas temáticas muy diversas y que ya están preparados para ser ejecutados (<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/>). Estos modelos han sido cuidadosamente controlados y están destinados a ser ejemplos de buenas prácticas de codificación y documentación en el ámbito de los modelos basados en agentes. Los modelos marcados como «unverified» (no verificado) indican que el contenido, la exactitud y calidad del código están aún en proceso de revisión. De hecho, existe una importante comunidad de usuarios de NetLogo que ponen dichos modelos a disposición de otros usuarios. Entre los ejemplos de IBM en el ámbito de los biosistemas, podemos citar, de entre los aproximadamente 30 modelos que la versión NetLogo 4.1.3. tiene verificados en el apartado «Biología», por ejemplo: *a*) «Ant lines» y «Ants» en relación con el comportamiento de las hormigas; *b*) «Rabbits Gras Weeds» que explora un ecosistema sencillo compuesto por conejos, hierba y maleza; la hierba y las malezas; pueden crecer a ritmos diferentes y dar a los conejos diferentes cantidades de energía para explorar las ventajas competitivas de estas variables, o *c*) «Algae», un ecosistema acuático que consiste en una columna de agua que contiene algas, luz y nutrientes, con más luz en la parte superior, pero más comida en la parte inferior, por lo que las algas se mueven arriba y abajo para equilibrar sus necesidades.

Netlogo permite a los usuarios ejecutar simulaciones y «jugar» (experimentar) con ellas, explorando su comportamiento bajo una serie de condiciones iniciales o propiedades que pueden ser controladas de forma interactiva. Por ejemplo, en el trabajo de Ginovart y otros (2011) se ilustra cómo trabajar con un ejemplo de IBM, el modelo denominado «Cooperation», que proporciona NetLogo en su «Models Library» (en el apartado de Biología). El modelo incluye dos tipos de individuos, los «greedy» o «egoístas» y los «cooperative» o «solidarios», cada uno de los cuales muestra un comportamiento diferente a la hora de conseguir recursos naturales. Con este modelo se puede analizar cada una de las dos estrategias alimenticias y comprender sus consecuencias cuando compiten entre ellas dentro de una población, en un determinado espacio, y a lo largo del tiempo.

Asimismo, la plataforma permite al usuario la creación de sus propios modelos. Netlogo es lo suficientemente sencillo como para que estudiantes y profesores puedan ejecutar y analizar las simulaciones ya preparadas en la plataforma, e incluso construir las suyas propias. Además, su grado de desarrollo actual es suficiente para servir como herramienta para investigadores en muchos ámbitos, y en particular en el ámbito de los biosistemas.

Una prueba indiscutible de las posibilidades de NetLogo para la creación, implementación y uso de los IBM en la enseñanza y aprendizaje de este tipo de modelización discreta es la existencia de la

web <<http://www.railsback-grimm-abm-book.com/index.html>>. Desde esta web se puede acceder a la información relativa al libro titulado «Agent-based and Individual-based Modeling: A Practical Introduction», a la vez que los autores de este texto desean también convertir este espacio web en un foro de apoyo a los instructores y otros usuarios. El libro está pensado en principio como un libro de texto de nivel intermedio sobre las aplicaciones científicas de la modelización basada en agentes (o basada en individuos), y utiliza la plataforma NetLogo para construir, implementar y analizar los modelos (Railsback y Grimm, 2011). Por otro lado, Wilensky y Rand (*en prensa*) también han preparado un libro que podrá ser utilizado en el ámbito docente sobre modelos basados en agentes o individuos utilizando NetLogo. Publicaciones de este tipo permitirán cubrir la necesidad evidente de textos introductorios en este tipo de modelización, tanto para ser utilizados en cursos universitarios como en los últimos cursos de la educación secundaria, así como para instruir a potenciales usuarios autodidactas.

## CONCLUSIONES

Con el fin de ser justos con el concepto general de «modelo» en el entorno actual que nos rodea, e ilustrar las diferentes caras de la modelización que existen hoy en día, hay que reconocer que no podemos pretender ofrecer cursos de modelización que aglutinen todas las opciones posibles. Los modelos que son factibles de manejar en un curso académico y durante un tiempo limitado son, naturalmente, una fracción pequeña de todos los existentes. Por otra parte, no todos los tipos de modelos son aplicables a todos los problemas, pero cada modelo desarrollado, implementado y validado da una idea de cómo funciona o trabaja el sistema objeto de estudio, y eso ya constituye por sí solo un gran éxito.

Los IbM ofrecen una perspectiva de modelización diferente a la modelización matemática más clásica, a la vez que puede aportar información complementaria a la que ésta aporta en el estudio de biosistemas. A nuestro entender, los IbM ofrecen elementos muy atractivos para la consecución de la competencia de la modelización presente en la mayoría de los planes de estudios. Los IbM son intuitivos y sugestivos para introducir muchos de los aspectos a considerar en todo proceso de modelización de un sistema vivo, y que generalmente son ignorados en los modelos analíticos: la variabilidad entre los individuos, las interacciones locales, los ciclos de vida completos y, en particular, la adaptación de la conducta individual tanto a cambios particulares internos como a los del entorno cambiante.

A pesar de que en el ámbito científico los IbM ya tienen una cierta historia, hasta donde nosotros conocemos estos modelos no están presentes en el ámbito docente. Es bien cierto que los IbM presentan ciertas dificultades de aplicación debido al requerimiento de entornos informáticos adecuados para su implementación y ejecución, y que la falta de estándares en el proceso de modelización y simulación, verificación y validación es también un obstáculo para su difusión. No obstante, ya que actualmente se están consolidando en el ámbito de la investigación de biosistemas, creemos que ha llegado el momento de que inicien su camino en el ámbito docente. A pesar de no estar ultimado el proceso completo de estandarización que requieren los IbM, el protocolo de descripción ODD y el desarrollo progresivo de la plataforma NetLogo de uso público y libre (accesible desde la web) son hechos muy valiosos que ayudarán indudablemente a que los IbM puedan empezar a tener presencia en los cursos generales de modelización y en asignaturas aplicadas al ámbito matemático.

Estamos convencidos de que este trabajo puede favorecer la presencia de la modelización basada en el individuo en currículos académicos, y que eso contribuirá a la difusión y popularidad de los IbM en la enseñanza de las ciencias.

## RESEÑAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALSINA, C. (2007). Si Enrique VIII tuvo 6 esposas, ¿cuántas tuvo Enrique IV? El realismo en educación matemática y sus implicaciones docentes. *Revista Iberoamericana de Educación*, 43, pp. 85-101.
- ARAVENA, M., CAAMAÑO, C. y GIMÉNEZ, J. (2008). Modelos matemáticos a través de proyectos. *Revista Latinoamericana de Investigación en Matemática Educativa*, 11, pp. 49-92.
- BLOMHOJ, M. y JENSEN, T. H. (2003). Developing mathematical modelling competence: conceptual clarification and educational planning. *Teaching mathematics and its applications*, 22, pp. 123-139.
- BOSCH, M., GARCÍA, F. J., GASCÓN, J. y RUIZ-HIGUERAS, L. (2006). La modelización matemática y el problema de la articulación de la matemática escolar. Una propuesta desde la teoría antropológica de lo didáctico. *Educación Matemática*, 18, pp. 37-74.
- DEANGELIS, D. L. y GROS, L. J. (1992). *Individual-Based Models and Approaches in Ecology*. Nueva York: Chapman and Hall.
- FERRER, J., PRATS, C. y LÓPEZ, D. (2008). Individual-based modelling: an essential tool for microbiology. *Journal of Biological Physics*, 34, pp. 19-37.
- GILBERT, J. K. (2004). Models and Modelling: Routes to More Authentic Science Education. *International Journal of Science and Mathematics Education*, 2, pp. 115-130.
- GILBERT, G. N. (2008). *Agent-based models*. Sage Publications.
- GINOVART, M., PORTELL, X., FERRER-CLOSAS, P. y BLANCO, M. (2011). Modelos basados en el individuo y la plataforma NetLogo. *UNIÓN - Revista Iberoamericana de Educación Matemática*, 27, pp. 131-150
- GOMES-NEVES, R. y DUARTE-TEODORO, V. (2010). Enhancing Science and Mathematics Education with Computational Modelling. *Journal of Mathematical Modelling and Application*, 1, pp. 2-15.
- GÓMEZ-MOURELO, P. y GINOVART, M. (2009). The differential equation counterpart of an individual-based model for yeast population growth. *Computers and Mathematics with Applications*, 58, pp. 1360-1369.
- GREGORY, R., SAUNDERS, J. R. y SAUNDERS, V. A. (2006). The Paton individual-based modelo legacy. *Biosystems*, 85, pp. 46-54.
- GRIMM, V. (1999). Ten years of individual-based modelling in ecology: what have we learned and what could we learn in the future? *Ecological Modelling*, 115, pp. 129-148.
- GRIMM, V. y RAILSBACK, S. F. (2005). *Individual-based modelling and ecology*. Princeton and Oxford: Princeton University Press.
- GRIMM, V., BERGER, U., BASTIANEN, F., SIGRUN, E., GINOT, et al. (2006). A standard protocol for describing individual-based and agent-based models. *Ecological Modelling*, 198, pp. 115-126.
- GRIMM, V., BERGER, U., DE ANGELIS, D. L., POLHILL, J. G., GISKE, J. y RAILSBACK, S. F. (2010). The ODD protocol: A review and first update. *Ecological Modelling*, 221, pp. 2760-2768.
- HARVEY, J. D. (1983). *Mathematics of microbial age and size distributions*, en Bazin M. (ed. ). Mathematics in Microbiology. Academic Pres, Nueva York, USA, pp. 1-35.
- HATZIS, C. y PORRO, D. (2006). Morphologically-structured modelos of growing budding yeast populations. *Journal of Biotechnology*, 124, pp. 420-438
- HELLWEGER, L. y BUCCI, V. (2009). A bunch of tiny individuals: Individual-based modelling for microbes. *Ecological Modelling*, 220, pp. 8-22.
- JACOBSON, M. y WILENSKY, U. (2006). Complex systems in education: Scientific and educational importance and implications for the learning sciences. *Journal of the Learning Sciences*, 15(1), pp. 11-34.
- JUSTI, R. (2006). La enseñanza de ciencias basada en la elaboración de modelos. *Enseñanza de las Ciencias*, 24, pp. 173-184.

- KAISER, H. (1979). The dynamics of populations as result of the properties of individual animals. *Fortschritte der Zoologie*, 25, 109-136.
- KOKKO, H. (2007). *Modelling for field biologists and other interesting people*. Cambridge: Cambridge University Press.
- LINGERFJARD, T. (2006). Faces of mathematical modeling. *Zentralblatt für Didaktik der Mathematik*, 38, pp. 96-112.
- LOREK, H. y SONENSCHNEIN, M. (1999). Modelling and simulation software to support individual-based ecological modelling. *Ecological Modelling*, 115, pp. 199-216.
- MURRAY, J. D. (1990). *Mathematical biology*. Berlin Heidelberg: Springer-Verlag.
- PECK, S. L. (2004). Simulation as experiment: a philosophical reassessment for biological modelling. *Trends in Ecology and Evolution*, 19(10), pp. 530-534.
- RAILSBACK, S. F., LYTINEN, S. L. y JACKSON, S. K. (2006). Agent-based simulation platforms: Review and development recommendations. *Simulation*, 82, pp. 609-623.
- RAILSBACK, S. F. y GRIMM, V. (2011). *Agent-Based and Individual-Based Modelling: A Practical Introduction*. Princeton: Princeton University Press.
- RICO, L. (2006). *La competencia matemática en PISA*. PNA, 1(2), pp. 47-66.
- UCHMANSKI, J. y GRIMM, V. (1996). Individual-based modelling in ecology: what makes the difference? *Trends in Ecology and Evolution*, 11, pp. 437-441.
- WILENSKY, U. (1999). *Netlogo*. <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>>. Center for Connected Learning and Computer-Based Modelling, Northwestern University. Evanston, IL.
- WILENSKY, U. y RAND, W. (en prensa). *An introduction to agent-based modeling: Modeling natural, social and engineered complex systems with NetLogo*. Cambridge: MIT Press.

---

## INDIVIDUAL-BASED MODELING: AN ATTRACTIVE METHODOLOGY TO STUDY BIO SYSTEMS

Marta Ginovart, Mónica Blanco  
Matemática Aplicada III, Universidad Politécnica de Cataluña  
marta.ginovart@upc.edu - monica.blanco@upc.edu

Xavier Portell  
Ingeniería Agroalimentaria y Biotecnología, Universidad Politécnica de Cataluña  
xavier.portell@upc.edu

Pol Ferrer-Closas  
Escuela Superior de Agricultura de Barcelona, Campus del Baix Llobregat (Barcelona)  
ferrer.closas.pol@gmail.com

From a general perspective, modelling is a necessary tool to represent, analyse and discuss aspects or ideas related to bio systems or sets of discrete entities with a life of their own that evolve in a changing environment.

Classic mathematical modelling based on continuous and/or derivable functions, differential equations, methods for optimization, fitting of curves, as well as statistical modelling, are the methodologies usually studied in academia.

In the nineties a new method of modelling appeared with both a philosophy and different perspective from the classic modelling used up to then, the so-called individual-based modelling (IbM). IbMs are models in which the individuals that make up the system are treated as autonomous and discrete entities. They focus on the characterization of these entities by means of rules of behaviour, which allow given elements to interact among themselves and the environment in which they are found.

IbMs are computational models that require distinct simplifications from those assumed by continuous models, and they are a good modelling alternative for dealing with the study of specific aspects connected with bio systems. Nowadays, IbMs have become a valid research tool to describe and investigate bio systems. IbMs are intuitive and they introduce many of the aspects that need to be considered in any modelling process of a living system, many of which are neglected by more traditional models: variability in individuals, local interactions, life cycles, and adaptation of individual conduct to both internal and external changes in the environment.

It is the case that IbMs are not usually found today in teaching material prepared to develop competence in modelling or to deal with the study of bio systems. The potential of this kind of modelling has not been completely developed in the academic world. There are some factors that may explain this absence. Both the lack of tradition in the presentation and communication of this modelling method, as well as the non-existence of standards of procedures in the formulation and programming of IbMs, impede familiarity with and acceptance of them in the academic world. It should be added that, as IbMs are computational models, they must be implemented in programmed code and executed in an appropriate computing framework in order to be able to analyse the simulation results.

This paper summarizes the general characteristics of the IbMs and shows how to deal with them when a bio system is modelled. A discussion of the advantages and disadvantages of this type of discrete model compared with the more classical continuous modelling is presented. In addition, it describes the specific and recently accepted ODD protocol to be followed in order to presents and communicate an IbM, and it identifies the platform NetLogo, of public use and free access from the web, which is suitable for the implementation of this kind of computational model.

The ODD (Overview, Design concepts, Details) protocol attempts to create a generic format and a standard structure by which all IbMs may be explained. The primary purpose of ODD was to make writing and reading model descriptions easier and more efficient. Apart from the expected practical benefits of providing a systematic documentation of models, the ODD protocol helps to promote a more rigorous formulation of models because it provides a comprehensive checklist that covers virtually all of the key features that can characterize a model and that need to be described.

Netlogo is a computing framework which enables the simulation of natural and social phenomena. NetLogo can coordinate all the instructions given to many agents so that they all operate independently among themselves and with the environment. It is a free tool accessible on the web which includes an wide variety of IbMs examples for biology and other subjects ready to be executed (NetLogo library). Some of these sample models have been carefully checked and they are intended to be examples of good programs for academic use. Access to computerized frameworks like NetLogo for working with IbMs would greatly facilitate interaction with this modelling approach.

All of this corroborates the interest in introducing IbMs to work and practise with the modelling competence in teaching and to deal with the study of bio systems.