

¿Qué pueden ofrecer los modelos basados en agentes vivos en el contexto docente?

What do live agent-based models offer to teaching?

Marta Ginovart
UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE CATALUNYA
marta.ginovart@upc.edu

Abstract

Los sistemas biológicos o sistemas formados por entidades vivas (individuos) son sistemas complejos, tanto por la “complejidad” que cada individuo o agente vivo tiene, como por las posibles relaciones que se pueden establecer entre ellos, así como por las posibles relaciones con el entorno o medioambiente en el que estos individuos se desarrollan, viven, compiten y mueren, y que por tanto, modifican como resultado de sus acciones. Este trabajo se basa en la experiencia acumulada en los últimos años en el uso de modelos basados en agentes en el ámbito de los biosistemas en la Universidad Politècnica de Catalunya. El objetivo es ofrecer elementos de estudio y discusión para poder responder a las siguientes preguntas: 1) ¿Qué son los modelos basados en agentes vivos?, 2) ¿Cómo se puede trabajar con estos modelos computacionales en el aula?, y 3) ¿Qué pueden ofrecer estos modelos en un entorno educativo? Asimismo, se proporciona información y referencias específicas para facilitar la incorporación de este tipo de modelo en planes de estudios con diferentes niveles de instrucción matemática y biológica, como complemento a otras metodologías de modelización.

Biological systems or those formed by living entities (individuals) are complex systems, both for the “complexity” that each individual or live agent possesses, as well as for possible relationships that can be established between them, plus the possible relationships with the environment in which these individuals develop, live, compete and die, and which is therefore modified as a result of their actions. This work is based on the experience gained in recent years in the use of agent-based models in the field of biosystems at the Universitat Politècnica de Catalunya. The aim of this paper is to provide elements of study and discussion to answer the following questions: i) What are live agent-based models? ii) How can you work with these computational models in the classroom? and iii) What can these models offer in an educational context? Also, specific information and references are provided to facilitate the incorporation of this type of model in the curriculum at different levels of mathematical and biological instruction, complementing other modelling methodologies.

Keywords: Live agent based models, biosystems, discrete models, computational models, NETLOGO
Palabras clave: Modelos basados en agentes vivos, sistemas biológicos, modelos discretos, modelos computacionales, NETLOGO

1 Introducción

Los sistemas complejos han capturado la atención de los físicos, biólogos, ecólogos, economistas y científicos sociales (Ottino, 2004), considerando que “complejo” es diferente de “complicado”. La comprensión de sistemas “complejos”, una secuencia de tres palabras donde cada palabra describe un concepto abstracto: comprensión, complejo y sistema, se ha convertido en un tema significativo (Hübler, 2007). El comportamiento de los sistemas complejos es a menudo contra-intuitivo. Conceptos tradicionales de las matemáticas, la ciencia y la ingeniería no son suficientes para la modelización de este tipo de sistemas para poder afrontar con éxito su predicción o control. No existe una definición precisa y aceptada por toda la comunidad científica de lo que son sistemas complejos, pero sí que pueden darse algunas características reconocidas por todos que los caracterizan. Una síntesis de las ideas actuales acerca de los sistemas complejos y una descripción para una aproximación práctica a éstos se puede encontrar en el trabajo de Brodu (2008).

Se podría decir que un sistema complejo está compuesto por varias partes interconectadas (generalmente hay un número elevado de partes), cuyos vínculos crean información adicional no visible inicialmente por el observador. Como resultado de las interacciones entre estas partes o elementos (generalmente interacciones de tipo local), surgen propiedades nuevas que no pueden explicarse a partir de las propiedades de los elementos o partes aisladas. No basta con saber cómo funciona cada una de ellas para entender un sistema complejo ya que existen variables ocultas cuyo desconocimiento nos impiden analizar el sistema con precisión, a la vez que hace que el comportamiento del sistema sea difícil de predecir a largo plazo. 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 sus partes, sino también cómo se relacionan éstas entre sí (Jacobson & Wilensky, 2006). Los sistemas biológicos o sistemas formados por entidades vivas (individuos) son sistemas complejos, tanto por la “complejidad” que cada individuo o agente vivo tiene, como por las posibles relaciones que se pueden establecer entre las distintas entidades vivas, así como por las posibles relaciones con el entorno o medioambiente en el que estos individuos se desarrollan, viven, compiten y mueren, y que por tanto, modifican como resultado de sus acciones.

1.1 Metodologías de modelización

Un modelo es una representación abstracta, conceptual, gráfica o visual, física, matemática, de fenómenos, sistemas o procesos, con el fin de analizar, describir, explicar, simular, explorar, controlar y predecir, esos fenómenos, sistemas o procesos. En general, un modelo permite determinar una salida o resultado final a partir de una configuración inicial o datos de entrada. Considerando esta posible definición de modelo, lo primero que hay que tener presente es el hecho de que un modelo no es real, sino que es una representación idealizada, aproximación, del mundo real. Los trabajos de modelización pueden investigar 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, los cuales no son sistemas simples, se pueden ver como ayudas al pensamiento humano, pues nuestro intelecto no es capaz de considerar todas las posibilidades de un argumento complicado o sofisticado de manera equilibrada y simultánea (Kokko, 2007).

La modelización científica tiene el propósito de encontrar, interpretar y validar las representaciones aproximadas de los sistemas, que se definen por conjuntos de elementos y conceptos, cuyas características y mecanismos de relación se describen con objetos y operaciones matemáticas. Un modelo que constituye una representación abstracta de un cierto aspecto de

la realidad, tiene una estructura que está formada por los elementos que caracterizan el aspecto de la realidad modelizada y por las relaciones entre estos elementos. Así pues, la modelización matemática se presenta bajo formas tan dispares como son:

- Las teorías matemáticas (basadas en sistemas de axiomas y demostraciones, etc.)
- Los modelos numéricos (basados en ecuaciones lineales o no lineales, ecuaciones diferenciales, cálculo probabilístico, métodos estadísticos, etc.)
- Los modelos computacionales (basados en sistemas de agentes y sus interacciones, sistemas de partículas, algoritmos evolutivos, etc.)

Gracias al aumento de la potencia de los ordenadores y de su capacidad para manipular grandes cantidades de datos, en los últimos años se están desarrollando nuevos tipos de modelización con una base computacional muy significativa e importante. Este hecho ha permitido, y está permitiendo, abordar con éxito la investigación de sistemas complejos. Es reconocido por todos que la modelización clásica o más tradicional basada en funciones continuas y derivables presenta limitaciones y restricciones para abordar el estudio de sistemas complejos (Boschetti et al., 2008), y en particular para estudiar e investigar los sistemas formados por entidades vivas (Jacobson & Wilensky, 2006). Por desgracia, estudiantes en diferentes niveles educativos de la mayoría de asignaturas del área de las ciencias biológicas que se cursan actualmente en institutos o primeros cursos universitarios, tienen pocas oportunidades de explorar los sistemas complejos en el curso de sus estudios, y menos aún de diseñar, crear y desarrollar sus propios modelos computacionales (Klopfer, 2003). La gran variedad de métodos de modelización existentes actualmente abren enormes perspectivas para poder tratar con sistemas diversos y las posibilidades que ofrecen para estudiar un sistema real particular son extraordinarias, y en algunos casos, incluso sorprendentes. Estas diferentes metodologías de modelización se pueden clasificar de acuerdo a distintos criterios. Por ejemplo, la decisión de utilizar un modelo discreto o un modelo continuo, según sea el tratamiento que se dan a las variables (reales o enteras) que se utilizan para representar espacio y/o tiempo en el estudio de un sistema en particular, dependerá de los objetivos y de las características del propio sistema a investigar. Tenemos ejemplos admirables de aplicación de estos diferentes modelos en el ámbito de la biología (Murray, 1990). Con respecto al conjunto de valores de las variables de interés del modelo, hay prototipos de estados o eventos discretos continuos o mixtos. Por ejemplo, un modelo para estudiar la evolución de biomasa forestal de una parcela puede ser de tipo discreto si las características (rasgos distintivos) y el crecimiento de los árboles en forma individual es importante y significativo para el propósito del proyecto de investigación, pudiéndose entonces controlar uno a uno los distintos procesos conforme se van sucediendo sobre los árboles que configuran el bosque, o bien puede ser de tipo continuo en considerar el número de árboles y/o la biomasa total de la parcela como agregados, variables a controlar de forma global en la población, haciendo uso de conceptos como la continuidad y derivabilidad, si eso es suficiente para el objetivo fijado (Gómez-Mourelo & Ginovart, 2013).

Las distintas metodologías de modelización también pueden clasificarse atendiendo a otros criterios o formas de diseño, según:

- ▷ Si consideran o no el paso del tiempo, si no hay evolución temporal, si se consideran “fotos” o “instantáneas” de la realidad o proceso a estudiar, el tiempo no se considera como variable y tenemos *modelos estáticos*; mientras que tenemos *modelos dinámicos* si se consideran los cambios que se producen en el sistema con el paso del tiempo y las evoluciones temporales son analizadas.
- ▷ La información de entrada, como *modelos heurísticos*, basados en explicaciones sobre las causas o mecanismos naturales que dan lugar al fenómeno estudiado, y *modelos empíricos*, los que utilizan observaciones directas o resultados de experimentos del fenómeno estudiado.

- ▷ El tipo de representación, como *modelos cualitativos* o *conceptuales*, que en general predicen si el estado del sistema irá en determinada dirección o si aumentará o disminuirá alguna magnitud, sin importar exactamente la magnitud concreta, reproduciendo patrones, comportamientos, tendencias etc., y *modelos cuantitativos* o *numéricos*, que generalmente incluyen fórmulas y algoritmos matemáticos más o menos complejos que relacionan los valores numéricos, y que pueden llegar a obtener para las variables valores de magnitudes comparables a las del sistema real.
- ▷ La presencia o ausencia de aleatoriedad, como *modelos deterministas* si se conoce de manera exacta el resultado ya que no hay incertidumbre en su consecución, y la evolución está determinada completamente en función del estado inicial (los datos utilizados para alimentar el modelo son conocidos y fijos), y *modelos estocásticos* o *probabilísticos* si no se conoce el resultado esperado con precisión ya que se utilizan componentes aleatorias, interviene el azar en los pasos de la evolución del proceso, y por tanto puede existir incertidumbre o variabilidad tanto en las entradas que se requieran como en las salidas o respuestas que se generen.

Por otra parte, según la función u objetivo que persiguen los modelos diseñados podemos encontrar:

- ✓ *Modelos predictivos*, si pretenden informar del comportamiento de sus parámetros o variables en un futuro.
- ✓ *Modelos evaluativos*, si intentan medir las diferentes alternativas para poder comparar los resultados de ellas.
- ✓ *Modelos de optimización*, si tratan de identificar un óptimo (máximo o mínimo) del problema, es decir, la mejor de las alternativas posibles.
- ✓ *Modelos explicativos*, si se interesan en comprobar cómo se conectan las variables para buscar algún tipo de explicación del fenómeno que estudian, y para de ese modo contrastar o demostrar nuestras hipótesis.

No todas las metodologías de modelización o tipos de modelos son aplicables a todos los problemas o proyectos, pero cada modelo que sea haya desarrollado, implementado, verificado y valorada su adecuación a la cuestión con la que trata, puede proporcionar una idea de cómo el sistema bajo estudio trabaja o se comporta.

1.2 Biosistemas y modelos computacionales en el aula

Este trabajo se basa en la experiencia acumulada en los últimos años en el uso de modelos basados en agentes (*modelos computacionales*) en el ámbito de los biosistemas, tanto desde la investigación como en el contexto educativo o académico en el que se va a centrar esta presentación. Más concretamente, se desea transmitir parte de la experiencia adquirida en el aula con la introducción y uso de este tipo de modelo en el ámbito de los estudios de grado de la “Ingeniería de Biosistemas” de la Universitat Politècnica de Catalunya. Si tuviéramos que definir “Ingeniería” podríamos decir que es la capacidad del ser humano de aplicar conocimientos científicos y técnicos para diseñar y construir sistemas complejos que conjuntamente permitan desarrollar o ejecutar tareas concretas para su beneficio. Por otra parte, si tuviéramos que definir “Biosistema” podríamos decir que es una agrupación de organismos vivos que conjuntamente desarrollan actividades que interactúan y modifican su entorno de forma natural. Así pues, conjugando estas dos ideas, se puede decir que la “Ingeniería de Biosistemas” aprovecha el conocimiento científico que tenemos sobre los organismos vivos para optimizar procesos tecnológicos basados en su actividad para el beneficio de la humanidad (<http://www.esab.upc.edu/estudis-cat>). Para participar, desde el ámbito de la matemática aplicada, en el proceso de enseñanza y aprendizaje contextualizado en estudios de “Ingeniería de Biosistemas”, indudablemente los modelos

son indispensables y juegan un papel relevante. La posibilidad de conocer y manejar distintos tipos de modelos para abordar el estudio de sistemas vivos con características particulares y propósitos específicos es de un valor indiscutible en este contexto. Con esta premisa, y junto a otras propuestas de modelización más clásicas que tradicionalmente se han ido exponiendo durante años en los currículos de ingeniería, podemos decir que los modelos basados en agentes vivos tienen actualmente su espacio y razón de ser en asignaturas del área de la matemática aplicada de los cuatro grados del ámbito de la “Ingeniería de Biosistemas” que la Universitat Politècnica de Catalunya imparte actualmente (Ginovart et al., 2011 2012; Gras et al., 2013; Ginovart, 2013, 2014).

El objetivo de este trabajo es ofrecer conceptos, ideas y elementos de estudio y discusión para poder responder a las siguientes preguntas: 1) ¿Qué son los modelos basados en agentes vivos?, 2) ¿Cómo se puede trabajar con estos modelos computacionales en el aula?, y 3) ¿Qué pueden ofrecer estos modelos en un entorno educativo? Asimismo, se proporciona información y referencias específicas para facilitar la incorporación de estos modelos computacionales en planes de estudios con diferentes niveles de instrucción matemática y biológica, como complemento a otras metodologías de modelización que ya son utilizadas de forma habitual.

2 ¿Qué son los modelos basados en agentes vivos?

Los modelos basados en agentes (ABMs, Agent-Based Models) son *modelos computacionales* que tratan con sistemas complejos. Estos modelos generan la simulación de acciones e interacciones de elementos discretos y autónomos (agentes) dentro de un entorno, y permiten determinar qué efectos se producen en el conjunto del sistema como consecuencia de la acción de estos elementos. Por tanto, estos modelos controlan las operaciones simultáneas de múltiples entidades (*modelos discretos*), en un intento de recrear y prever las acciones e interacciones de individuos dentro de un entorno cambiante en el que estas entidades evolucionan o se desarrollan a lo largo del tiempo (*modelos dinámicos*). Generalmente, consideran el azar como un elemento relevante a manejar (*modelos estocásticos*). Frecuentemente pueden ser considerados modelos *cualitativos* o *conceptuales*, pero algunas veces, según sea la parametrización y calibración llevada a término, se puede estar trabajando con modelos *cuantitativos* o *numéricos*. Intentan entender cómo y de qué manera los fenómenos observados ocurren (*modelos heurísticos*). Podemos generalizar que estos modelos son esencialmente *modelos explicativos*, pero con el progreso o avance constante del uso de esta metodología se están desarrollando actualmente modelos con capacidad predictiva (*modelos predictivos*).

El concepto básico del ABM es diseñar un modelo de agente y uno de medio ambiente, implementarlos en un código de computación, y dejar que el ordenador “cree” diversos agentes y simule las interacciones de los agentes entre sí y con el medio que los rodea. El comportamiento del sistema emerge de este conjunto de agentes evolucionando en el entorno simulado. Esta manera de visualizar el sistema a estudiar contrasta de forma muy significativa con metodologías de modelización más clásicas y habituales del ámbito educativo como son las que se basan en funciones continuas y derivables, en ecuaciones diferenciales o en técnicas estadísticas. Un aspecto importante a mencionar es el tratamiento que se puede, o no se puede, dar al espacio según sean el modelo escogido para representar el sistema, pues la influencia o efecto que puede tener el control del espacio es algunas veces transcendental para la dinámica que exhiba el sistema.

Para los modelos computacionales que se basan en la simulación no existen soluciones generales o teóricas, únicamente se buscan y se pueden obtener soluciones particulares para el problema específico que se estudia. Intentan entender cómo y de qué manera los fenómenos

observados ocurren. Si el problema es simple, entonces es posible y conveniente hacer uso de métodos analíticos, ya que permiten obtener soluciones generales basadas en una teoría previa; pero si el problema es complejo, la simulación nos puede orientar en su resolución, nos permite investigar la situación y sus condicionantes. El uso de la simulación hace viable una “experimentación” controlada, genera “experimentos virtuales” que ilustran sobre el problema que estudiamos, siendo por tanto, una herramienta efectiva de entrenamiento para avanzar en la comprensión de conceptos y fenómenos. Algunas desventajas del uso de estos *modelos computacionales* o de la *simulación* son el tiempo necesario para su desarrollo e implementación, y la cantidad y tipología de variables y datos que puede requerir su diseño.

La modelización basada en el individuo (IBM, Individual-Based Model) es un caso particular de ABM. Con los IBMs el sentido del agente deja de ser genérico, convirtiéndose en algo tan concreto y preciso como puede ser un individuo con vida propia, conociéndose también como los modelos basados en agentes biológicos, los agentes son entidades vivas (Grimm & Railsback, 2005). Consisten típicamente en un cierto número de individuos (como por ejemplo, peces, pájaros, insectos, plantas, árboles, mamíferos, microorganismos, humanos,...) que se definen a partir de sus comportamientos específicos y parámetros característicos en un ambiente o marco cambiante (por ejemplo, mar, acuario, aire, parcela, región, matraz, ciudades,...) dentro del cual las interacciones se suceden. Si visualizamos el estudio de sistemas formados por seres vivos, como por ejemplo poblaciones de animales o plantas bajo la perspectiva de los IBMs, entonces se focaliza todo el interés sobre los individuos, entidades discretas y autónomas que configuran el sistema a estudiar y que se consideran la base de la modelización. Cada uno de estos individuos tiene sus propias características (sexo, edad, masa, tamaño o volumen, descendientes i/o ascendientes, estado en el proceso de reproducción, capacidad de reproducción, reservas energéticas, posición en el espacio, vitalidad o enfermedad,...) y reglas de comportamiento (movimiento o desplazamiento, búsqueda y captura de recursos, metabolización de los recursos conseguidos, emparejamiento o no, mutación, envejecimiento, muerte,...). El concepto esencial del IBM es simple y atractivo, diseñar un modelo de individuo y uno de medio ambiente, implementarlos en un código de computación, y dejar que el ordenador “cree” diversos organismos individuales y simule las interacciones de los individuos entre sí y con el medio que los rodea. El comportamiento de la población emerge de este conjunto virtual de individuos evolucionando en el entorno simulado. En el trabajo Ginovart y otros (2012) se puede encontrar una presentación detallada y exhaustiva del porque la metodología de modelización basada en el individuo (o en agentes) es una opción atractiva para el estudio de los sistemas biológicos, así como una relación de elementos o criterios que permiten identificar los IBMs, algunas de sus características principales, y la manera de proceder para conseguir una descripción eficiente de su diseño y construcción. En los libros de Grimm & Railsback (2005) y Railsback & Grimm (2012) se puede encontrar una interesante recopilación de IBMs en el ámbito de la ecología, así como numerosas referencias a este tema.

3 ¿Cómo empezar a trabajar con los modelos basados en agentes vivos en el aula?

Como los ABMs son modelos computacionales, necesariamente deben ser implementados en un código de programación y ejecutados en un entorno informático conveniente para poder después obtener y analizar los resultados de simulación (Devillers et al., 2010). El desarrollo de programas informáticos o códigos de computación propios haciendo uso de lenguajes como FORTRAN, BASIC, C, JAVA o C++ es usualmente un obstáculo para la utilización de estos

ABMs en determinados niveles educativos. La utilización de alguna plataforma ya preparada y diseñada expresamente para la implementación y manejo de ABMs facilita enormemente la tarea de programación y ejecución que todo modelo computacional requiere. Existen herramientas de modelización basada en agentes, en las que se pueden implementar los modelos diseñados para los comportamientos de los individuos y que ya disponen de un diseño de espacio estructurado para poder ubicarlos (ambiente en el que los agentes “viven”), que son fáciles de comprender, y permiten el desarrollo de diferentes simuladores sin requerir conocimientos avanzados en programación o informática. El hecho de que en su entorno de programación ya se incorpore la estructura de reticulado para el espacio es muy útil, pues usualmente ésta es necesaria para representar modelos espaciales explícitos como mayoritariamente son los ABMs en biología.

Por ejemplo, STARLOGO es un lenguaje de simulación basado en agentes desarrollado por Resnick & Klopfer, y otros investigadores en el Programa de Formación Docente del MIT Media Lab del MIT y en Massachusetts (<http://education.mit.edu/projects/starlogo-tng>). STARLOGO es una extensión del lenguaje de programación LOGO que fue diseñado para ser utilizado en el ámbito educativo (Klopfer, 2003). Actualmente, y entre las diversas opciones que existen de herramientas para la implementación de ABMs (Devillers et al., 2010), queremos destacar la existencia de la plataforma multiagente NETLOGO (Wilensky, 1999). Esta plataforma es muy adecuada para ser utilizada en el ámbito educativo ya que dispone de elementos interesantes tanto para poder ilustrar y divulgar el uso de los ABMs como para poder trabajar activamente con ellos. NETLOGO fue diseñado también en el espíritu del lenguaje de programación LOGO (<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>), y es especialmente adecuado para la modelización y simulación de sistemas complejos que evolucionan en el tiempo, proporcionando un entorno de programación que permite la simulación de fenómenos tanto naturales como sociales a partir de la modelización discreta desde la perspectiva de los ABMs (Figura 1). NETLOGO fue creado por Uri Wilensky (1999) y está en continuo desarrollo y mantenimiento, por el Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling de Estados Unidos (<http://ccl.northwestern.edu/>). La plataforma NETLOGO fue diseñada para tratar con agentes (o “individuos”) móviles actuando al mismo tiempo en un espacio (bidimensional o tridimensional) y con un comportamiento dominado por las interacciones locales durante un periodo de tiempo. Los programadores o modelizadores en este contexto pueden dar instrucciones a cientos o miles de agentes para que todos ellos operen de manera independiente entre sí y con el entorno en el que se encuentran inmersos. Esto hace posible explorar la relación entre el comportamiento de los agentes (visualización del sistema a bajo nivel) y los patrones macroscópicos del sistema (visualización a alto nivel) que surgen o emergen a partir de la acción-interacción de muchos agentes “trabajando o actuando” en un entorno cambiante (pues las acciones individuales lo modifican). La documentación y los tutoriales que se pueden encontrar en su página Web facilitan enormemente la entrada a este entorno de programación multiagente.

Además, NETLOGO incorpora una colección de modelos computacionales ya preparados para ser utilizados directamente por el usuario, que han sido verificados previamente por los gestores de la plataforma, y que pueden ser también modificados por un usuario avanzado (“Models Library”). Estos modelos abordan áreas de conocimiento muy diverso, como la biología, la medicina, la física, la química, las matemáticas (fractales, probabilidad, sistemas dinámicos), la informática, la economía o la psicología social. Estos ejemplos están disponibles para que los usuarios puedan experimentar con ellos, explorando su comportamiento bajo condiciones diversas, a la vez que son también un entorno de edición que permite a estudiantes, profesores y especialistas curriculares crear sus propios modelos. NETLOGO es bastante simple para aquellos estudiantes y profesores que quieran iniciarse en este tipo de modelización discreta, y está suficientemente avanzado como para que pueda servir como una poderosa herramienta a investigadores de muchos campos científicos. “NetLogo User Community Models” constituye el conjunto de

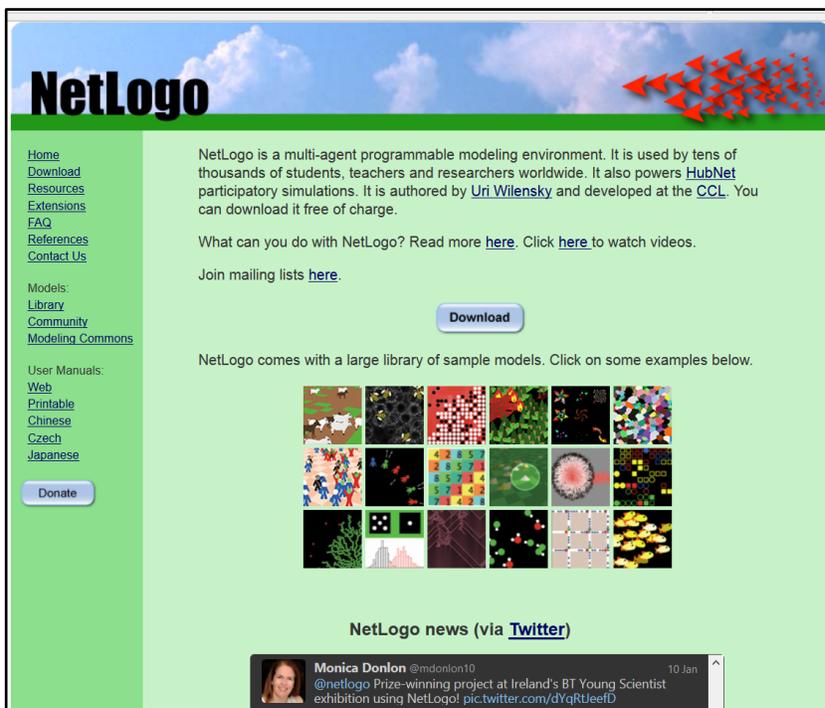


Figura 1: Captura pantalla de entrada a plataforma NETLOGO desde <http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>

modelos aportados por la comunidad de usuarios de NETLOGO para compartir con otros usuarios, característica muy representativa de proyectos abiertos y receptivos a la colaboración desinteresada de sus seguidores (<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/community/index.cgi>). Esto lo hace especialmente atractivo para aquellos que deseen interactuar con otros usuarios, a la vez que es un buen indicador del grado de aceptación que tiene este recurso en determinados contextos académicos o científicos.

3.1 Interaccionando con la plataforma NetLogo

NETLOGO se ejecuta en la máquina virtual de JAVA, como una aplicación independiente, por lo que funciona en todas las principales plataformas (MAC, WINDOWS, LINUX,...). Para interactuar con NETLOGO se recomienda descargar e instalar el programa desde su página Web de forma gratuita (ver “Download” de la Figura 1), aunque también algunas de sus prestaciones pueden ser usadas sin descargar ningún programa, accediendo directamente a sus “applets” ya existentes desde un navegador Web. Con el fin de familiarizarse con el programa NETLOGO, y tener una visión general de su funcionamiento, lo más conveniente es realizar simulaciones con los ejemplos de ABMs ya disponibles en su biblioteca de modelos. Cuando abrimos uno de estos modelos desde NETLOGO nos encontramos con la ventana “Interface” (Interfaz o Ejecutar) que se muestra en la Figura 2) para el caso particular escogido. Las instrucciones para llegar a esa ventana de entrada al modelo son: 1) abrir el programa NETLOGO, 2) ir a “File” o archivo, 3) ir a “Models Library” o biblioteca de modelos, 4) escoger un área o ámbito desplegando las posibles opciones, y 5) hacer doble clic sobre el modelo escogido. Se podría decir que la ventana ‘Interface’ es la parte más atractiva ya que en ella se muestra qué sucede a lo largo de la simulación. Teniendo únicamente en cuenta la manipulación o interactividad del modelo ya implementado, las partes principales que podemos utilizar desde esta ventana son:

- i) Barra de control para modificar la velocidad de visualización de la simulación.

- ii) “Sliders” para modificar y fijar los valores de entrada de los parámetros o variables del modelo-simulación, creando sistemas con características distintas.
- iii) Botón “setup” para iniciar o reiniciar una simulación, fijando las condiciones iniciales o de comienzo, recogiendo los valores de los parámetros del modelo que se hayan definido previamente con los “sliders” (borrando resultados de posibles simulaciones anteriores).
- iv) Botón “go” para ejecutar (y detener) los procedimientos programados, generando la simulación que se muestra a “tiempo real” con los gráficos o salidas que aparecen en la misma ventana (Figura 2).

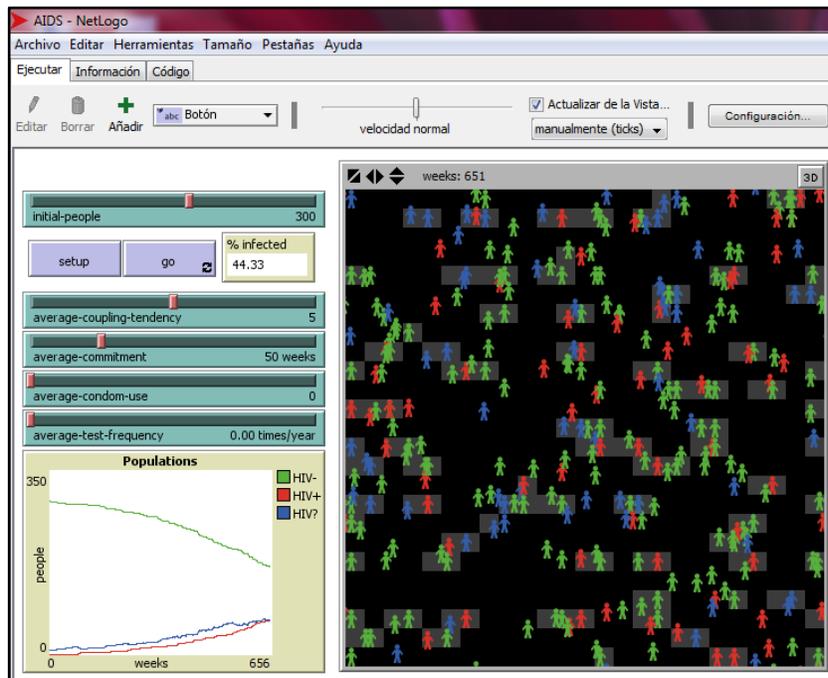


Figura 2: Captura de pantalla de la ventana “Interface” o de ejecución interactiva del modelo “AIDS” (SIDA) que se encuentra en la biblioteca de la plataforma NETLOGO.

Además de la ventana “Interface” de NETLOGO, existen las ventanas “Information” (Información) y “Procedures” (Código). La ventana “Information” contiene la documentación correspondiente al modelo que se encuentra implementado (Figura 3). Aquí podemos encontrar desde qué es, cómo se utiliza y que variables considera el modelo, hasta las referencias que se pueden consultar en el caso de sistemas estudiados previamente.

En la ventana “Procedures” encontramos el verdadero corazón del modelo, el conjunto de procedimientos o sentencias que se ejecutan en la simulación (Figura 4). El conjunto de reglas de comportamiento diseñadas para los agentes que configuran el sistema y el conjunto de acciones que se realizan sobre el entorno o dominio en el cual éstos se encuentran están implementados en esta ventana de código. Esta ventana “Procedures” permite, una vez se conoce el lenguaje de programación, modificar directamente el ejemplo implementado. Introduciendo cambios en las sentencias que aparecen en las distintas líneas del código se puede fácilmente conseguir variaciones o versiones diferentes del modelo-simulador. Implementados los cambios en el código de programación se regresa a la ventana “Interface” y se puede volver a ejecutar la nueva versión directamente con los botones “setup” y “go”. Aunque es cierto que para llegar a crear los propios modelos computacionales en esta plataforma se requiere un cierto manejo de su lenguaje de programación, realizar las primeras incursiones para modificar y ejecutar variantes de modelos

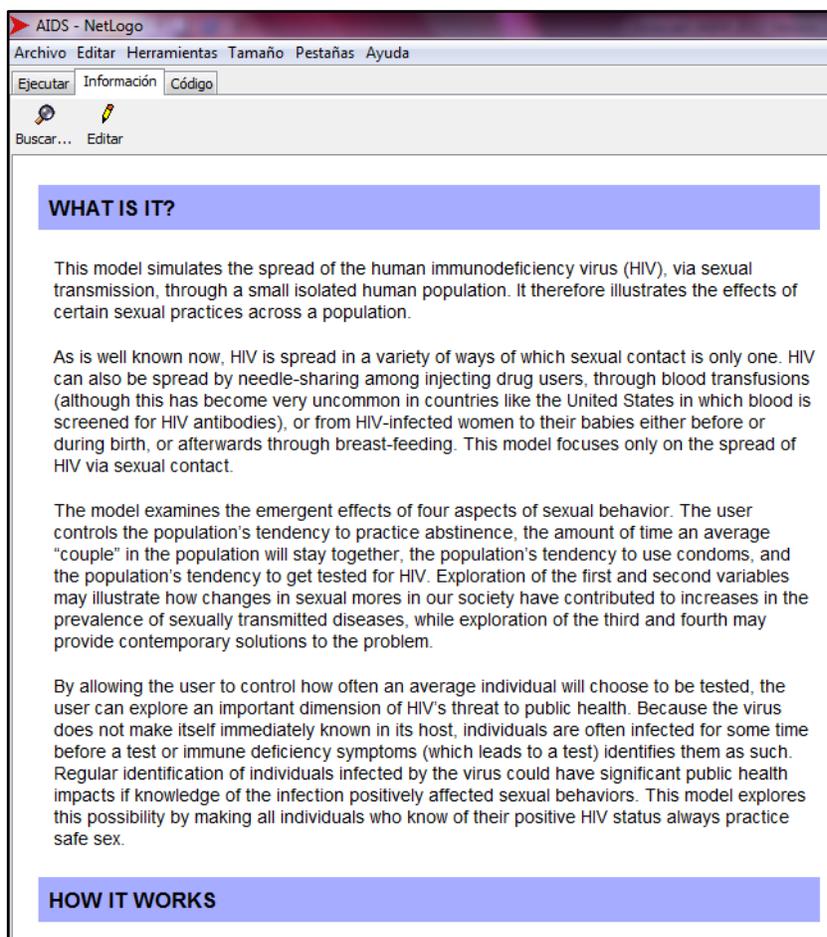


Figura 3: Captura de pantalla parcial de la ventana “Information” del modelo “AIDS” (SIDA) que se encuentra en la biblioteca de la plataforma NETLOGO.

ya programados es relativamente sencillo. La diversidad de ejemplos existentes para distintos contextos de aplicación accesibles desde la plataforma es de gran ayuda, proporcionando un entorno de experimentación atractivo y de fácil acceso. Han aparecido y están apareciendo cursos presenciales y on-line que hacen un recorrido incremental en los secretos de NETLOGO como por ejemplo:

- <https://www.openabm.org/event/netlogo-curso-mooc-mooc-course>,
- <http://www.complexityexplorer.org/online-courses>,
- <http://www.transmittingscience.org/courses/eco/system-bio-ecology/>,
- <http://www2.humboldt.edu/ibm/>,
- http://tu-dresden.de/die_tu_dresden/fakultaeten/fakultaet_forst_geo_und_hydrowissenschaften/fachrichtung_forstwissenschaften/summerschool/

Algunos prototipos ilustrativos de modelos basados en agentes vivos, se encuentran en la biblioteca de modelos ya preparados en la plataforma NETLOGO, por ejemplo: “AIDS” (Figura 2), “Ants Line”, “Ants”, “Fireflies” o “Rabbits Grass Weeds” (Figura 5), “Cooperation” (Figura 6), o “Wolf Sheep Predation” (Figura 7). Una revisión rápida y superficial de

```

AIDS - NetLogo
File Edit Tools Zoom Tabs Help
Interface Info Code
Find... Check Procedures Indent automatically

globals [
infection-chance ;; The chance out of 100 that an infected person will pass on
;; infection during one week of couplehood.
symptoms-show ;; How long a person will be infected before symptoms occur
;; which may cause the person to get tested.
slider-check-1 ;; Temporary variables for slider values, so that if sliders
slider-check-2 ;; are changed on the fly, the model will notice and
slider-check-3 ;; change people's tendencies appropriately.
slider-check-4
]

turtles-own [
infected? ;; If true, the person is infected. It may be known or unknown.
known? ;; If true, the infection is known (and infected? must also be true).
infection-length ;; How long the person has been infected.
coupled? ;; If true, the person is in a sexually active couple.
couple-length ;; How long the person has been in a couple.
;; the next four values are controlled by sliders
commitment ;; How long the person will stay in a couple-relationship.
coupling-tendency ;; How likely the person is to join a couple.
condom-use ;; The percent chance a person uses protection.
test-frequency ;; Number of times a person will get tested per year.
partner ;; The person that is our current partner in a couple.
]

;; SETUP PROCEDURES

to setup
clear-all
setup-globals
setup-people
reset-ticks
end

to setup-globals
set infection-chance 50 ;; if you have unprotected sex with an infected partner,
;; you have a 50% chance of being infected
set symptoms-show 200.0 ;; symptoms show up 200 weeks after infection
set slider-check-1 average-commitment
set slider-check-2 average-coupling-tendency
set slider-check-3 average-condom-use
set slider-check-4 average-test-frequency
end

;; Create carrying-capacity number of people half are righty and half are lefty
;; and some are sick. Also assigns colors to people with the ASSIGN-COLORS routine.

to setup-people
crt initial-people
[ setxy random-xcor random-ycor
set known? false
set coupled? false
set partner nobody
ifelse random 2 = 0
[ set shape "person righty" ]
[ set shape "person lefty" ]
;; 2.5% of the people start out infected, but they don't know it
set infected? (who < initial-people * 0.025)
if infected?
[ set infection-length random-float symptoms-show ]
assign-commitment
assign-coupling-tendency
assign-condom-use
assign-test-frequency
]

```

Figura 4: Captura de pantalla parcial de la ventana “Procedures” o código de computación del modelo “AIDS” (SIDA) que se encuentra en la biblioteca de la plataforma NETLOGO.

algunos de los ejemplos que ofrece la plataforma NETLOGO complementa de forma muy efectiva la presentación teórica o conceptual de lo que es un IBM y de las posibilidades que esta metodología de modelización ofrece al estudio de los biosistemas.

También es cada vez más frecuente encontrar páginas web de instituciones académicas, tanto del ámbito educativo como de investigación, que publican y diseminan trabajos de modelización realizados con NETLOGO, y que ponen los simuladores desarrollados a disposición de las personas interesadas. Por ejemplo, en el marco de la competición internacional de diseños biológicos denominada iGEM (<http://igem.org>), uno de los mayores escaparates actuales de la biología sintética (Lorenzo, 2014), se pueden encontrar grupos de estudiantes pre-graduados de Biología e Ingeniería que participan con modelos computacionales. Concretamente, en uno de los proyectos presentados recientemente (http://2014.igem.org/Team:Valencia_UPV/Modeling/diffusion) se utilizó la plataforma NETLOGO para modelizar el vuelo de polillas sobre un campo en el que tanto las polillas como unas plantas modificadas sintéticamente liberaban feromonas. Esto es una muestra de lo que se puede encontrar en contextos educativos avanzados donde la biología y la ingeniería se encuentran, donde ingenieros y biólogos trabajan juntos (Lorenzo, 2014).

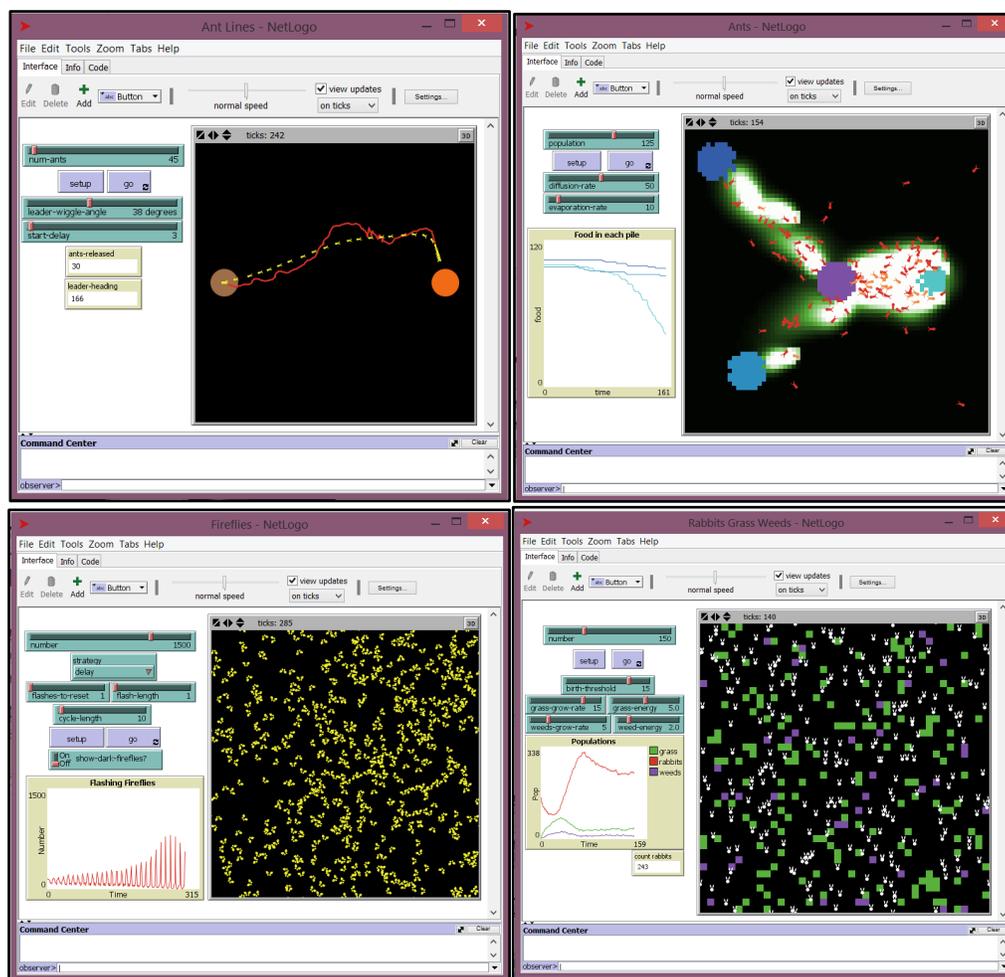


Figura 5: Capturas de pantallas de las ventanas “Interface” o de ejecución correspondientes a modelos disponibles en la biblioteca de la plataforma NETLOGO.

3.2 Algunas actividades de aula en los estudios de grado del ámbito de la “Ingeniería de Biosistemas”

La primera actividad llevada a cabo con los estudiantes que hizo uso de NETLOGO se desarrolló en el marco de la asignatura de “Fundamentos Matemáticos 2”, de los estudios de grado de la Ingeniería de Biosistemas de la UPC, y versó sobre este tipo de modelización discreta, los IBMs. Se presentaron los IBMs y sus características principales, así como la posibilidad de visualizar y manipular directamente algún IBM desde la plataforma NETLOGO. En esta introducción a la metodología de modelización discreta IBM desconocida hasta entonces por los estudiantes, y que contrasta de forma significativa con la modelización más clásica que habían trabajado con anterioridad a partir de funciones continuas y derivables, es importante dar una visión acertada de lo que estos modelos computacionales realmente son. Durante la visita a la biblioteca de modelos ya preparados de NETLOGO es fundamental insistir en que aunque estos simuladores son muy buenos en la animación, mostrando lo que sucede a medida que los procedimientos diseñados y programados se ejecutan, mucho más tiempo y esfuerzo se necesitará para exponer la manera de explorar las ideas y conceptos que encierran, desarrollar y poner a prueba las hipótesis que pueden contrastar, y para buscar explicaciones generales de los fenómenos observados con esos IBMs.

Los noveles en este contexto pueden creer que la modelización es esencialmente la formulación

y la implementación de modelos, pero lo que hay que advertir después de esta introducción a los IBMs es que una tarea nada trivial comienza cuando un modelo ya ha sido correctamente implementado y verificado. El proceso de parametrización, calibración y el análisis de sensibilidad se debe realizar en otra etapa de trabajo del proceso de modelización pues requiere de técnicas específicas y avanzadas (Thiele et al., 2014). El uso del modelo ha de posibilitar encontrar respuestas y soluciones a preguntas formuladas inicialmente con su diseño o con posterioridad a su creación. Aunque éste no puede ser el objetivo para esta primera aproximación a estos nuevos modelos, es imprescindible resaltar que todo un proceso de aprendizaje existe en torno a cómo desarrollar realmente “ciencia” con estos IBMs (Railsback & Grimm, 2012). El proceso iterativo de análisis del modelo y refinamiento en el ciclo de modelización debe ser practicado y aprendido en sesiones adicionales a estas de introducción, en el contexto de un curso propiamente de modelización y con el desarrollo de proyectos específicos destinados a este fin.

Una vez se ha adquirido la noción de lo que es un IBM, y de lo que significa e implica trabajar con esta metodología de modelización discreta basada en el individuo, es conveniente estudiar con detalle un caso particular y poder experimentar con él. Consideramos muy ventajoso poder escoger un ejemplo de IBM ya implementado en la plataforma NETLOGO para hacer este primer análisis detenido de lo que representa, de lo que puede aportar a un determinado problema o situación a analizar, de cuáles son las variables que utiliza, de cómo se consideran los procesos implicados en el funcionamiento del sistema, de las actividades de los distintos agentes considerados, etc.

Estudio de poblaciones ocupando espacio y utilizando recursos que encuentran en su entorno

El modelo “Cooperation” es un IBM disponible en la biblioteca de modelos que tiene NETLOGO (Wilensky, 1997a) accesible tanto desde la sección de “Biología-Evolución” como desde la sección “Ciencias sociales” (Figura 6). Fue el primer modelo escogido de IBM para que los estudiantes lo pudieran analizar con detalle y que ilustra muy bien algunas de las ventajas de los IBMs. Permite tener representaciones aproximadas de sistemas con el propósito de investigar determinadas ideas y contiene elementos interesantes de comportamiento y estrategia para los agentes biológicos del sistema (individuos) que permiten conectar con ideas del comportamiento social. En el contexto de los estudios de Ingeniería de Biosistemas es un ejemplo atrayente para los estudiantes (Ginovart et al., 2011). Según las características del grupo de estudiantes con los que se trabaje, se puede escoger algún otro ejemplo para desarrollar esta primera actividad con el fin de que sea más apropiado para la formación que se imparta o la titulación con la que se trabaje.

En el modelo “Cooperation”, los individuos (vacas) compiten por los recursos naturales (hierba) en una parcela. Se incluyen dos tipos distintos de vacas en relación al uso de la hierba, las etiquetadas como codiciosas o egoístas (“greedy”) y las etiquetadas como cooperantes o solidarias (“cooperative”), con el propósito de mostrar cómo dos estrategias individuales diferentes de consumo o captación de recursos energéticos hacen que el sistema evolucione de forma distinta (a corto y/o a largo plazo de tiempo). En la población “virtual” existen dos tipos diferentes de actitudes o comportamientos individuales versus su recurso alimenticio. La posibilidad de considerar explícitamente el espacio (dominio bidimensional=parcela) es fundamental para el propósito con el que fue diseñado el modelo. El individuo “egoísta” utilizará todo el alimento disponible, es decir acabará con la hierba que se encuentra en su entorno, y el individuo “solidario” no terminará con todo lo que encuentre a su alcance, sino que ingerirá hierba únicamente cuando el nivel presente de ésta sea superior a un determinado umbral. Por encima de ese umbral la probabilidad de regeneración o rebrote de la hierba es más alta que por

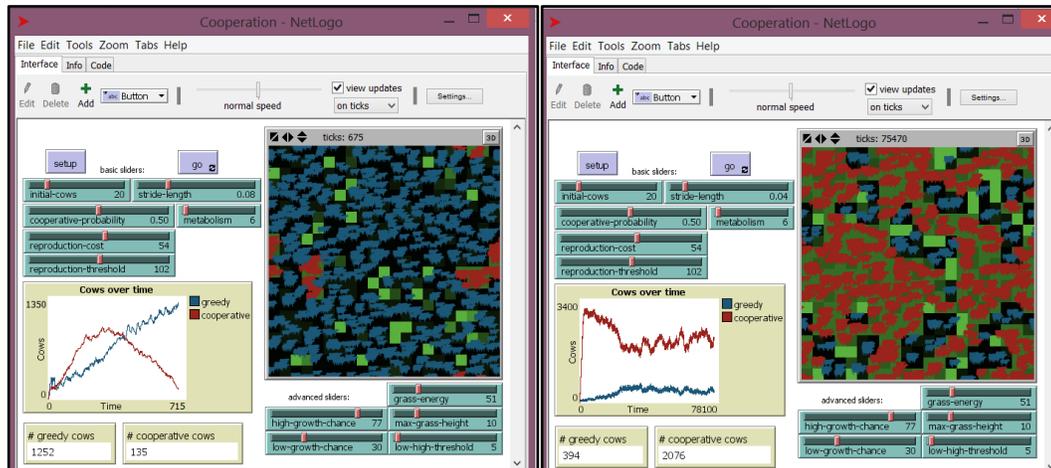


Figura 6: Capturas de pantallas de la ventana “Interface” o de ejecución del modelo “Cooperation” de la biblioteca de la plataforma NETLOGO de dos simulaciones con las mismas condiciones iniciales a excepción del valor del parámetro “stride-length” que determina el posible alcance en el movimiento de los individuos en la parcela en cada paso de simulación: Izquierda: “stride-length”=0.08, Derecha: “stride-length”=0.04.

debajo de él. Los individuos se pueden mover aleatoriamente en la parcela, y según la energía que consigan con la hierba ingerida, podrán permanecer en la población y reproducirse (dando lugar a individuos del mismo tipo), o bien, en caso de que hayan gastado toda su energía y no hayan conseguido más, morirán.

Para la presentación de un IBM en clase es conveniente que su descripción y comunicación se ciña al protocolo ODD (O de “Overview”, D de “Design concepts”, y D de “Details”) que estructura la información a transmitir y que ha estado recientemente aceptado por la comunidad científica que trabaja con ABMs (Grimm et al., 2010). Con este propósito se preparó un material docente para presentar el modelo “Cooperation” haciendo uso del protocolo ODD. También se diseñaron una colección de ejercicios dirigida a los estudiantes con el fin de orientarlos en la manera de investigar qué es lo que hace este modelo computacional y como lo hace, así como para descubrir las ideas o conceptos que maneja, y mostrar lo que podemos aprender de él (Ginovart et al., 2011).

Estudio de un sistema depredador-presa: Un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias y un modelo basado en el individuo

El sistema depredador-presa es un clásico en la modelización de sistemas dinámicos (Murray, 1990). El ejemplo de las liebres y los linces del Canadá constituye la referencia real más conocida, pues en los fríos inviernos de los bosques canadienses la liebre constituye casi el único recurso de los linces, a la vez que éstos son prácticamente sus únicos depredadores. De esta manera, se establece una fuerte dependencia entre unos y otros, y los tamaños de estas poblaciones oscilan a lo largo del tiempo. Durante años se registraron estos datos experimentales, y las series temporales obtenidas correspondientes a las poblaciones de liebres y linces han sido extensamente estudiadas.

Un sistema lineal de dos ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden con coeficientes constantes es la aproximación más simple a un sistema dinámico formado por dos especies que interactúan:

$$\begin{cases} x'(t) = ax(t) + by(t) \\ y'(t) = cx(t) + dy(t) \end{cases} \quad (1)$$

donde las variables $x(t)$ e $y(t)$ son los tamaños de las dos poblaciones en función del tiempo

(t), y representan especies distintas que pueden interactuar de forma diferente según sean los coeficientes a , b , c y d , constantes que determinan el tipo de convivencia entre ellas. Se supone que $a > 0$ y $d > 0$, ya que asumimos que el crecimiento de cada población se ve beneficiado por el aumento del número de individuos de su propia especie. Si $b < 0$ y $c < 0$ las especies compiten entre sí ya que el crecimiento de cada una de ellas se ve minorado por el tamaño de la población de la otra. Si $b > 0$ y $c > 0$ entonces las dos especies se benefician de su coexistencia, tratándose de una relación de cooperación o simbiosis. Sin embargo si el tipo de relación entre las especies es de depredador-presa, entonces $b < 0$ y $c > 0$ (si Y es depredador de X) o $b > 0$ y $c < 0$ (si X es depredador de Y), pues el crecimiento de la especie presa disminuye cuando aumenta la población de depredadores, mientras que el aumento de la especie presa aumenta el crecimiento de la especie depredadora. En general, las cuatro constantes dependen de una gran variedad de factores como: el alimento disponible, el clima, la época del año, la sobrepoblación, otras especies competidoras, etc. Estos sistemas lineales de ecuaciones diferenciales ordinarias con coeficientes constantes son resolubles analíticamente, fijando determinados valores para las cuatro constantes y considerando condiciones iniciales para las dos poblaciones, y son del tipo de los que se resolvieron en el marco de la asignatura de “Fundamentos Matemáticos 2”.

Las ecuaciones de Lotka-Volterra, propuestas de forma independiente por Alfred J. Lotka en 1925 y Vito Volterra en 1926, también conocidas como ecuaciones depredador-presa, son un par de ecuaciones diferenciales de primer orden no lineales que se usan para la modelización de dos poblaciones interactuando como presas y depredadores:

$$\begin{cases} x'(t) = ax(t) - bx(t)y(t) \\ y'(t) = -cy(t) + dx(t)y(t) \end{cases} \quad (2)$$

donde $x(t)$ es el número de presas en el instante t , $y(t)$ es el número de depredadores en el instante t , y a , b , c y d son constantes positivas. En la primera ecuación se asume que las presas tienen suministro de comida ilimitado y se reproducen exponencialmente a menos que exista algún predador. Este crecimiento exponencial está representado en la ecuación por el término $ax(t)$. El término de la ecuación $bx(t)y(t)$ viene a representar el encuentro de las dos especies y su interacción. Podemos interpretar la ecuación como el cambio del número de presas que viene dado por su propio crecimiento menos la tasa de encuentros con depredadores. En la segunda ecuación el término $dx(t)y(t)$ representa el crecimiento de los depredadores y $cy(t)$ representa la muerte natural de los depredadores de forma exponencial; a más depredadores es necesario que el número de presas aumente para mantener la población. Podemos interpretar la ecuación como el crecimiento de los depredadores por la caza de presas menos la muerte natural de éstos. Este sistema de ecuaciones diferenciales no se puede resolver analíticamente, por lo que el análisis del plano de fases (campo de direcciones) nos proporciona información sobre la evolución de los tamaños de las dos poblaciones a lo largo del tiempo, y las resoluciones numéricas nos dan soluciones aproximadas para determinadas condiciones iniciales y valores para las constantes implicadas. Son múltiples las modificaciones del ejemplo de sistema clásico Lotka-Volterra que se pueden estudiar con la ayuda del ordenador y programas matemáticos. En el marco de la asignatura de “Fundamentos Matemáticos 2” también se presentó el sistema Lotka-Volterra, así como alguna de sus variantes, para trabajar en el laboratorio informático con el programa matemático Maple y poder obtener representaciones gráficas de los diagramas de fases y resoluciones numéricas de estos sistemas para determinadas condiciones iniciales (fijando previamente valores a las constantes implicadas).

Una vez estudiado el sistema depredador-presa desde la perspectiva de la modelización continua con las ecuaciones diferenciales anteriormente comentadas, se presentó un modelo discreto para abordar también el estudio de este tipo de sistema, pero ahora desde una perspectiva diferente, la de los IBMs. Para ello se hizo uso del IBM que NETLOGO tiene en su biblioteca de

modelos ya preparados en la sección de biología: “Wolf Sheep Predation” (Wilensky, 1997b). El modelo “Wolf Sheep Predation” de NETLOGO tiene el propósito de analizar la estabilidad de los ecosistemas de depredador-presa, entendiendo que un sistema es inestable si tiende a resultar en la extinción de una o más especies involucradas, y estable si tiende a mantenerse en el tiempo, a pesar de las fluctuaciones de los tamaños de población de las distintas especies (Figura 7). Hay dos variantes principales implementadas para este modelo “Wolf Sheep Predation” disponibles para ser investigadas. En la primera variación, lobos y ovejas vagan al azar en todo el paisaje y los lobos buscan ovejas para alimentarse. La energía de los lobos disminuye en cada paso de tiempo por lo que deben comer ovejas a fin de reponer su energía, y cuando ésta se termina mueren. Para permitir a las poblaciones seguir, cada lobo y cada oveja tienen una probabilidad fija para reproducirse. Esta variante del modelo produce dinámicas de poblaciones interesantes, pero en última instancia, conducen a un sistema inestable. La segunda variante del modelo incluye la hierba, además de los lobos y las ovejas. El comportamiento de los lobos es idéntico a la primera variante, sin embargo esta vez las ovejas deben comer hierba para mantener su energía, ya que cuando ésta se acaba, mueren. Una vez que la hierba se ha consumido, sólo después de un período fijo de tiempo la hierba volverá a crecer o regenerarse. Esta variante es más compleja que la primera, pero en general, da lugar a un sistema estable. La utilización del modelo “Wolf Sheep Predation” en el aula permite complementar la presentación del estudio de sistemas dinámicos iniciado con la presentación de los sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias y su resolución analítica o numérica (según sea el sistema). Principalmente la actividad desarrollada con este simulador (o modelo computacional) se puede aprovechar para una comparación (ventajas y desventajas) de lo que suponen las dos metodologías de modelización utilizadas para el estudio de un sistema depredador-presa: la opción continua con funciones reales y ecuaciones diferenciales ordinarias, y la opción discreta con un IBM implementado en un entorno apropiado de programación como es la plataforma multiagente NETLOGO (Ginovart, 2014). Al mismo tiempo, este tipo de actividad permite reforzar la idea de IBM introducida en actividades previas a ésta.

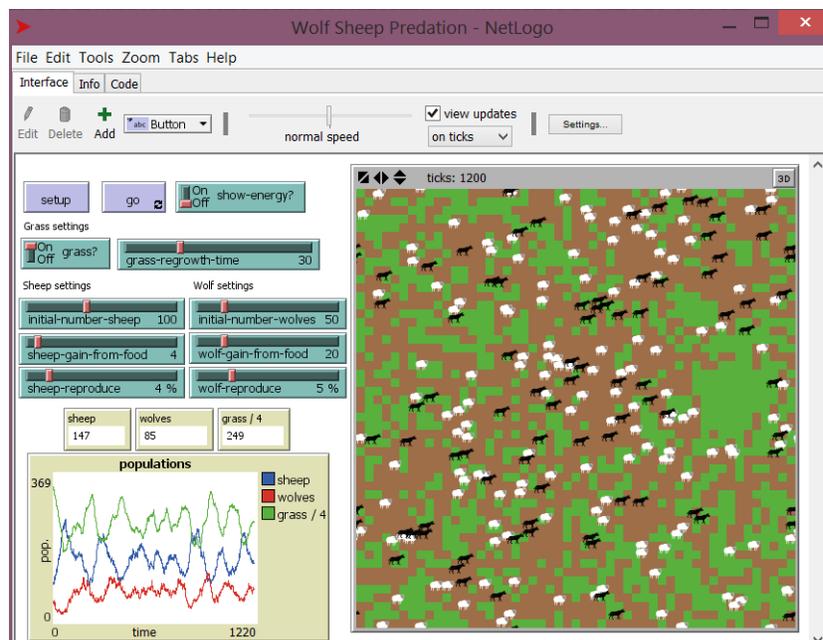


Figura 7: Captura de pantalla de la ventana “Interface” o de ejecución del modelo “Wolf Sheep Predation” de la biblioteca que tiene la plataforma NETLOGO.

4 ¿Qué pueden ofrecer en el ámbito educativo los modelos basados en agentes vivos?

Para la modelización de un sistema complejo 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 proporcionan cada uno de ellos. Hay razones para creer que muchas de las ideas centrales asociadas a las nuevas formas de pensar sobre los sistemas complejos, y que se pueden explorar con los modelos computacionales basados en agentes, pueden ser un desafío para los estudiantes y su aprendizaje, así como para profesores o tutores (Jacobson & Wilensky, 2006).

Generalmente, en un currículo de matemáticas, en el ámbito educativo para niveles de secundaria, bachillerato y primeros cursos universitarios, aparecen los modelos en un contexto donde principalmente, o bien los objetos que se manejan para construir los modelos son las funciones continuas y/o derivables, o bien son los datos experimentales los que nos dan la base para construir y ajustar un modelo. No obstante, con lo que hemos presentado hasta ahora, podemos ya intuir que hay otras perspectivas o entornos para trabajar con modelos que puede ofrecer elementos distintos de discusión en un proceso de construcción de modelos, utilizando variables e hipótesis múltiples y distintas (Ginovart, 2014; Shiflet & Shiflet, 2014).

Por ejemplo, el uso de los sistemas de ecuaciones diferenciales 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 aproximada (numérica o gráfica). Además, el carácter discreto de los individuos que configuran un biosistema no puede ser capturado por una función que promedia sobre toda la población o que considera únicamente el comportamiento “típico” de los individuos, ignorando otros comportamientos distintivos o atípicos que pueden ser decisivos para provocar ciertas dinámicas o comportamientos globales del sistema. La modelización estadística fundamentalmente busca relaciones entre variables o identifica factores significativos para una variable respuesta. Se trata de una metodología que utiliza únicamente las observaciones directas o los resultados de experimentos, pero no maneja explicaciones sobre las causas o mecanismos naturales que dan lugar al fenómeno estudiado. Los ABMs ofrecen la oportunidad de tratar con un número importante de variables simples y comprensibles que tienen un significado biológico y reglas diversas relacionadas con el comportamiento natural y propio de un individuo (frente a parámetros o funciones sin esta conexión directa con el sistema biológico como ocurre con otros tipos de modelos), favoreciendo el interés en la interdependencia entre conceptos o procesos biológicos y su traducción a un código de computación (con simbología u objetos matemáticos). Algunos conceptos relacionados con competencia, cooperación, adaptación, diversidad, individualidad o variabilidad pueden ser más fáciles de presentar y experimentar mediante ABMs, que utilizando metodologías de modelización más clásicas. El hecho de presentar estos modelos computacionales basados en agentes a los estudiantes, a la vez que abre horizontes, también favorece una mayor comprensión de las técnicas de modelización que ya conocen, pues les obliga a reconsiderar y reflexionar sobre que pueden o no alcanzar con cada una de las distintas metodologías o aproximaciones. Cada ejemplo de modelo basado en agentes que se explora en clase puede tener su contraparte en otra metodología de modelización, así pues el contraste entre dos o más aproximaciones diferentes para investigar un mismo sistema enriquece indudablemente el proceso de aprendizaje del estudiante. Ejemplos clásicos que se han ido utilizando son los modelos continuos para tratar con los sistemas depredador-presa o el estudio de las epidemias y su transmisión en una población, donde se ha mostrado con los ABMs el poderoso impacto que tiene la estructura espacial del modelo sobre la dinámica de los sistemas, así como la in-

roducción de movimiento en este espacio, favoreciendo interacciones fuertemente más locales y menos globales (Ginovart, 2014; Klopfer, 2013).

Actividades que conlleven la manipulación de modelos y simulaciones basadas en agentes, además de permitir ganar una nueva perspectiva de modelización, ofrecen la oportunidad de entrenar la “experimentación virtual”, como se podría entrenar la destreza en un laboratorio con la realización de prácticas experimentales. El uso de variables aleatorias en un ABM permite obtener replicas o repeticiones del comportamiento del sistema como se haría con un ensayo experimental o como reconoceríamos en un estudio observacional, en contraste con la resolución determinista de otros tipos de modelos. Esta característica de los ABMs es una atrayente oportunidad para establecer puentes entre el mundo real y la matemática.

Un ABM incorpora información más detallada y mayor conocimiento sobre el sistema de destino, y el tipo de información que se utiliza está directamente relacionado con los conceptos y las acciones biológicas. No obstante, el arte de la modelización recae en el reconocimiento de qué aspectos de la realidad se puede prescindir y cuáles son cruciales de mantener. A menudo se tiende a pensar que, cuanto más fiel a la realidad sea un modelo, más útil será, por lo que se puede caer en la tentación de querer considerar todos los aspectos conocidos del proceso o sistema que se quiere modelizar, en lugar de centrarse únicamente en aquéllos que serían los más relevantes (Kokko, 2007). El hecho de conjugar diferentes perspectivas de modelización y metodologías distintas permite tener una idea más clara de cuáles son los factores notables para el estudio e investigación del sistema, dotando al modelo de la complejidad justa para probar (o refutar) nuestro punto de vista. No cabe duda de que la aplicación de esta regla no siempre es fácil de seguir cuando se trabaja con ABMs, donde hay que evitar sumergirnos en excesivos detalles irrealizables que impedirían ir conociendo como trabaja el sistema. El hecho de priorizar qué aspectos se van a considerar frente a los que se van a desestimar, ya forma parte del propio proceso de modelización (Gilbert, 2004).

En un contexto académico donde se pueda desarrollar una introducción a la programación, el rol que pueden tener los ABMs se amplía considerablemente. Los modelos basados en el individuo o en agentes vivos son un buen entrenamiento para la decisión de que elementos, que escalas, que variables o características de estos elementos, así como que reglas de comportamiento para los elementos se pueden formular, posibilitando su implementación y ejecución en un entorno de programación amigable como es NETLOGO. Con un código de computación desarrollado y verificado, es decir con un simulador construido en esta plataforma, se puede abordar el análisis de los resultados simulados obtenidos haciendo uso de resúmenes numéricos, gráficos y métodos de inferencia estadística. Este es otro elemento importante, pues permite utilizar herramientas presentadas con anterioridad y conocidas por los estudiantes para el análisis de los datos simulados. Todo ello nos orientara sobre si la elección de los elementos y reglas del modelo y las relaciones escogidas son o no suficientes para la representación deseada. Un entorno de programación como NETLOGO nos facilita las opciones de añadir o eliminar elementos y/o reglas para investigar cuales son las más significantes para el resultado conseguido.

5 Comentarios finales

Conceptualmente los ABMs son sencillos de comprender y no requieren de matemáticas avanzadas, por lo que no hay obstáculos para presentar este tipo de modelización en distintos niveles y ámbitos educativos. Lo que sí que indiscutiblemente requieren los ABMs son buenas cantidades de intuición, observación, pensamiento crítico y razonamiento lógico, pues introducen muchos de los aspectos que deben tenerse en cuenta en cualquier proceso de modelización que implique a entidades vivas (y que otros modelos no pueden recoger) como la variabilidad en los

individuos, las interacciones a nivel local o de proximidad, los ciclos de vida completos, y la adaptación de la conducta individual tanto a los cambios internos como los cambios ambientales externos.

A pesar de que no pueden ser tratados mediante resoluciones analíticas, los ABMs son una muy buena alternativa de modelización para abordar el estudio de determinados aspectos relativos a los biosistemas, facilitando la experimentación “virtual” y la manipulación “virtual” sobre los sistemas modelizados. Mediante la observación y análisis del conjunto de simulaciones que resultan de la implementación de ABMs en un entorno informático adecuado y amigable como puede ser NETLOGO, entre otras opciones, se entrena al estudiante en la comprensión del comportamiento de los biosistemas y en la identificación de características o relaciones significativas de los procesos implicados. Estoy convencida que estos modelos computacionales podrían ser una herramienta útil desde una perspectiva educativa, tanto en relación con el estudio de los biosistemas, como en la adquisición de la competencia de la modelización.

Los ABMs, como otros muchos modelos computacionales, se están consolidando en la investigación, por lo que está llegando el momento en que comiencen a entrar en el aula acompañando otras metodologías de modelización, y más aún ahora, que los entornos informáticos para tratar con ellos están tan avanzados y perfeccionados.

Referencias

-  Boschetti, F., McDonald, D., Gray, R. (2008).
Complexity of a Modelling Exercise: A Discussion of the Role of Computer Simulation in Complex System Science.
Complexity, 13, 21–28.
-  Brodu, N. (2008).
A Synthesis and a Practical Approach to Complex Systems.
Complexity, 15, 36–60.
-  Devillers, J., Devillers, H., Decourtye, A., Aupinel, P. (2010).
Internet resources for agent-based modelling.
SAR and QSAR in Environmental Research, 21, 337–350.
-  Gilbert, J. K. (2004).
Models and Modelling: Routes to More Authentic Science Education.
International Journal of Science and Mathematics Education, 2, 115–130.
-  Ginovart, M., Portell, X., Ferrer-Closas, P., Blanco, M. (2011).
Modelos basados en el individuo y la plataforma NETLOGO.
Unión, 27, 131–150.
-  Ginovart, M., Portell, X., Ferrer-Closas, P., Blanco, M. (2012).
Modelos basados en el individuo: una metodología alternativa y atractiva para el estudio de biosistemas.
Enseñanza de las ciencias, 30, 93–108.
-  Ginovart, M. (2013).
Modelización y Simulación Discreta para tratar con problemas de toma de decisiones: El problema del Bar El Farol.
Modelling in Science Education and Learning, 6(2), 211–233.
-  Ginovart, M. (2014).
Discovering the power of individual-based modelling in teaching and learning: the study of a predator-prey system.
Journal of Science Education and Technology, 23, 496–513.
-  Gómez-Mourelo, P., Ginovart, M. (2013).
A connection between discrete individual-based and continuous population-based models: A forest modelling case study.
Artificial Intelligence Research, 2, 28–46.
-  Gras, A., Cañadas, J.C., Ginovart, M. (2013).
A free accessible individual-based simulator enabling virtual experiments on soil organic matter processes in classroom.
Journal of Technology and Science Education, 3(2), 73–88.
-  Grimm, V., Railsback, S. F. (2005).
Individual-based modelling and ecology.
Princeton and Oxford: Princeton University Press.

-  Grimm, V., Berger, U., De Angelis, D. L., Polhill, J. G., Giske, J., Railsback, S. F. (2010). *The ODD protocol: A review and first update*. Ecological Modelling, 221, 2760–2768.
-  Hübler, A. W. (2007). *Understanding Complex Systems*. Complexity 12, 9–11.
-  Jacobson, M., Wilensky, U. (2006). *Complex systems in education: Scientific and educational importance and implications for the learning sciences*. Journal of the Learning Sciences, 15, 11–34.
-  Klopfer, E. (2003). *Technologies to support the creation of complex systems models-using STARLOGO software with students*. BioSystems, 71, 111–122.
-  Kokko, H. (2007). *Modelling for field biologists and other interesting people*. Cambridge: Cambridge University Press.
-  Lorenzo, V. (2014). *Biología sintética: la ingeniería al asalto de la complejidad biológica*. Arbor, 190 (768): a149.
-  Murray, J. D. (1990). *Mathematical biology*. Berlin-Heidelberg: Springer-Verlag.
-  Ottino, J. M. (2004). *Engineering complex systems*. Nature 427, 399.
-  Shiflet, A. B., Shiflet, G. W. (2014). *An Introduction to Agent-Based Modeling for Undergraduates*. Procedia Computer Science, 29, 1392–1402.
-  Railsback, S. F., Grimm, V. (2012). *Agent-Based and Individual-Based Modeling: A Practical Introduction*. Princeton and Oxford: Princeton University Press.
-  Thiele, J.C., Kurth, W., Grimm, V. (2014). *Facilitating parameter estimation and sensitivity analysis of agent based models: A Cookbook using NETLOGO and R*. Journal of Artificial Societies and Social Simulation 17(3) 11–59.
-  Wilensky, U. (1997a) & (1997b). *NETLOGO Cooperation model & Wolf Sheep Predation model*. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL.
<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/cooperation>
<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/WolfSheepPredation>

Modelling in Science Education and Learning
<http://polipapers.upv.es/index.php/MSEL>