



Dinámica de Sistemas: una herramienta para la microbiología predictiva

G. G. Gastélum – Reynoso*, E. Palou – García y A. López – Malo

*Departamento de Ingeniería Química y Alimentos, Universidad de las Américas – Puebla.
San Andrés Cholula, Pue., México.*

Resumen

La Microbiología Predictiva, es la aplicación de modelos matemáticos que describen el comportamiento microbiano con base en datos experimentales. Tiene como objetivo informar acerca del desarrollo de microorganismos patógenos y deteriorativos. Debido al complejo comportamiento microbiano y bioquímico de los alimentos, la Microbiología Predictiva presenta ciertas limitaciones. El enfoque de la Dinámica de Sistemas es una alternativa y una herramienta útil para simular y predecir el comportamiento de microorganismos en alimentos con la ayuda de interfaces y estructuras gráficas que junto con ecuaciones algebraicas sencillas, analizan el comportamiento (dinámica) y la estructura (relaciones entre variables o factores) del problema mejorando los modelos cuantitativos. El objetivo de este artículo es presentar una breve descripción de la Microbiología Predictiva, sus ventajas y limitaciones, así como proponer el enfoque de la Dinámica de Sistemas como una alternativa para modelar y predecir el comportamiento de los microorganismos en los alimentos.

Palabras clave: *Microbiología Predictiva, Microbiología de Alimentos, Dinámica de Sistemas.*

Abstract

Predictive Microbiology is the application of mathematical models to describe microbial behavior based on experimental data in order to prevent both food spoilage and food-borne illness. Because of both, complexity of microbial behavior and food systems, Predictive Microbiology presents some limitations. System Dynamics could be an alternative and useful tool to model and predict microbial behavior in foods providing a graphical interface and structures related with a series of equations, to clarify and improve quantitative model descriptions. The aim of this paper is to present a brief review of Predictive Microbiology, its advantages and limitations as well as to suggest System Dynamics as an alternative approach to model and predict food microbial behavior in foods.

Key words: *Predictive Microbiology, Food Microbiology, System Dynamics*

Introducción

Una de las principales preocupaciones de la industria de alimentos es la inocuidad.

El concepto actual de inocuidad alimentaria se ha visto influenciado por la demanda de los consumidores al exigir alimentos más frescos y más saludables ([Alzamora et al., 2000](#)). Como respuesta a esta necesidad, la industria de alimentos ha desarrollado nuevas tecnologías; sin embargo, los niveles de los

* Programa de Doctorado en Ciencia de Alimentos
Tel.: +52 222 229 2126, fax: +52 222 229 2727
Dirección electrónica: ggastel@hotmail.com

factores de conservación aplicados a los alimentos son menos drásticos; por lo tanto, existe mayor riesgo de crecimiento de microorganismos patógenos y deteriorativos ([Martínez *et al.*, 2005](#)).

La capacidad de supervivencia o muerte de un microorganismo depende de la composición del alimento y la combinación de los diversos factores de conservación (pH, actividad de agua, temperatura, etc.). Estos factores actúan como obstáculos para el crecimiento microbiano. Uno de los objetivos que persigue la industria es determinar las condiciones óptimas de procesamiento para obtener alimentos inocuos, previniendo o disminuyendo el riesgo del crecimiento y/o la producción de toxinas de microorganismos patógenos ([Tapia *et al.*, 2000](#)).

Con este fin, existen algunas herramientas para evaluar la inocuidad alimentaria: pruebas de almacenamiento, pruebas de reto microbiano y Microbiología Predictiva (MP). La MP es la aplicación de modelos matemáticos que describen el comportamiento microbiano basado en datos experimentales y tiene como objetivo informar acerca del desarrollo de microorganismos patógenos y deteriorativos ([Tapia *et al.*, 2000](#); [Betts y Everis, 2005](#)).

Debido a la complejidad del comportamiento microbiano y bioquímico de los alimentos, la MP presenta ciertas limitaciones. Una de las más importantes es que las herramientas para la modelación microbiana en general, no se aplican bajo un enfoque global y no consideran variaciones en las condiciones del sistema ([Lebert y Lebert, 2006](#)). En la mayoría de los casos, los modelos matemáticos son simplificaciones de procesos en donde no se incluyen todas las variables o factores ([Buchanan y Whiting, 1997](#)).

Una alternativa para simular y predecir modelos en microbiología de alimentos es el enfoque de la Dinámica de Sistemas (DS). Esta es una metodología que estudia sistemas de retroalimentación complejos (como el comportamiento microbiano en los alimentos) usando diagramas “causales” y de “flujos y niveles” junto con ecuaciones algebraicas simples, analizando el comportamiento -dinámica- y la estructura -relaciones entre variables o factores- del problema ([Richardson y Pugh, 1981](#)).

Por más de 50 años, la DS se ha utilizado para estudiar sistemas económicos, de negocios y sociales. Los problemas en estos sistemas comparten estructuras similares (control de inventarios, densidad de población, etc.) que se asemejan a las que se encuentran en los problemas biológicos (resistencia a los antibióticos, farmacocinética, etc.). Así, la generalización de los modelos (pensamiento genérico) se convierte en una de las fortalezas para la modelación y simulación de la DS ([Richardson y Pugh, 1981](#); [Lebert y Lebert, 2006](#)).

El propósito de este artículo es presentar una breve revisión sobre Microbiología Predictiva, sus ventajas y limitaciones; así como sugerir la metodología de la Dinámica de Sistemas como un enfoque alternativo para modelar y predecir el comportamiento de los microorganismos en sistemas alimenticios.

Revisión bibliográfica

Microbiología Predictiva

La Microbiología Predictiva es la aplicación de modelos matemáticos que describen y predicen el crecimiento, supervivencia e inactivación microbiana así

como sus procesos bioquímicos en condiciones específicas. Generalmente, los microorganismos se cultivan bajo condiciones o factores controlados como pH, actividad de agua (a_w), temperatura, concentraciones de antimicrobianos, etc. Los resultados del comportamiento microbiano se ajustan a ecuaciones matemáticas. Estos modelos se usan para predecir las respuestas del microorganismo bajo nuevas condiciones (o sus combinaciones) permitiendo la interpolación dentro de los rangos estudiados (Tapia *et al.*, 2000; Betts y Everis, 2005; Lebert y Lebert, 2006).

Los modelos de Microbiología Predictiva se clasifican en tres niveles. Los modelos primarios que describen los cambios de una población con respecto al tiempo (p.e. unidades formadoras de colonias (UFC), producción de toxinas) y además dan información acerca del microorganismo (duración de la fase *lag*). Los modelos secundarios los cuales describen cambios en los parámetros obtenidos en el modelo primario (UFC/ml) cuando cambian los factores ambientales (pH, a_w , temperatura). Finalmente, los modelos terciarios que son interfaces que convierten los modelos primarios y secundarios en software sencillos en donde se pueden variar los factores ambientales y microorganismos, obteniendo predicciones de los parámetros microbianos (Buchanan y Whiting, 1997; Betts y Everis, 2005).

Los modelos matemáticos son de gran ayuda para entender y predecir el comportamiento de los microorganismos bajo ciertas condiciones. Sin embargo, no siempre las predicciones se ajustan a los experimentos reales, por lo tanto, es necesario validar los modelos. El proceso de validación se lleva a cabo considerando el conocimiento microbiológico del sistema y con la ayuda de herramientas estadísticas

(Buchanan y Whiting, 1997; McLeroy *et al.*, 2000; Alzamora *et al.*, 2005).

Una vez que los modelos han sido validados y los usuarios están conscientes de las limitaciones de los mismos, éstos se pueden utilizar como herramientas para obtener información y tomar decisiones acerca del control de calidad, desarrollo de productos, en valoración de riesgos y enfermedades, entre otros (Buchanan y Whiting, 1997; Tapia *et al.*, 2000).

Aunque los modelos de Microbiología Predictiva son ampliamente utilizados, presentan ciertas limitaciones:

- Los modelos matemáticos son simplificaciones de procesos bioquímicos complejos y en algunos casos no todas las variables o factores que afectan al sistema están incluidos (Buchanan y Whiting, 1997; Alzamora *et al.*, 2005). Por ejemplo, el modelo de Baranyi no toma en cuenta la inhibición del crecimiento microbiano debido a la acumulación de toxinas o limitación de sustratos, los cuales afectan la fase estacionaria de la curva de crecimiento (Lebert y Lebert, 2006). Debe existir un balance en la complejidad de los modelos; ya que en los modelos muy simples, los datos son difíciles de ajustar y los muy complejos, se vuelven inconsistentes (Alzamora *et al.*, 2005).
- Generalmente, los modelos no están obtenidos para las condiciones en las que los microorganismos se presentan en los alimentos puesto que la mayoría de los datos provienen de experimentos realizados en medios de cultivo. Tal es el caso de los microorganismos patógenos, los cuales son más resistentes en los alimentos que en los medios de cultivos (Alzamora *et al.*, 2005).
- La mayoría de los modelos describen cambios en el comportamiento

microbiano para poblaciones homogéneas, sin embargo, en los sistemas de alimentos existe una mezcla de microorganismos que debido a sus interacciones se comportan de una manera diferente ([Lebert y Lebert, 2006](#)).

- Algunos modelos, como el de la Raíz Cuadrada de Ratwosky, se ajustan a los comportamientos lineales, sin embargo, cuando se involucran dos o más factores es necesario hacer una revisión de los parámetros del modelo. Los modelos de Superficie de Respuesta (Gamma o de Rosso) describen el crecimiento microbiano para más de un factor, pero es necesario suponer que los parámetros biológicos son independientes y sólo funcionan dentro de los rangos para los que el experimento fue diseñado, por lo cual la extrapolación no es posible ([Lebert y Lebert, 2006](#)).
- Por otro lado, la exactitud del modelo depende de la calidad de los datos y de la estandarización del método estadístico y experimental ([Buchanan y Whiting, 1997; Alzamora *et al.*, 2005; Marks, 2008](#)).
- Finalmente, la inexactitud de las predicciones se debe a que los modelos predicen el comportamiento microbiano desde un punto de vista aislado. Para poder tener un panorama más completo sobre la seguridad microbiológica de los alimentos, es necesario integrar el comportamiento microbiano dinámico (modelos de MP), las condiciones fluctuantes dentro del sistema (termodinámica de los alimentos) y los modelos que describen el procesamiento de alimentos (transferencia de calor y masa) ([Van Impe *et al.*, 2005; Lebert y Lebert, 2006; Marks, 2008](#)). Existen dos modelos que describen el comportamiento de los microorganismos desde un punto de vista global: El modelo de Van Impe ([Van Impe *et al.*,](#)

[2005](#)) y el Modelo Integrado propuesto por ([Lebert y Lebert, 2006](#)).

A pesar de los esfuerzos por predecir el comportamiento microbiano desde una perspectiva global, las soluciones son pocas y complejas; ya que es necesario hacer suposiciones y validar cada parte del modelo por separado antes de ser usadas como modelo integrado ([Lebert y Lebert, 2006](#)).

Por las razones arriba mencionadas, es importante seguir explorando e investigando otras posibilidades para integrar y validar todas las partes involucradas en la inocuidad alimentaria, por lo tanto, el enfoque de Dinámica de Sistemas podría ser una respuesta a dicha inquietud.

Dinámica de Sistemas

El enfoque de la Dinámica de Sistemas se desarrolló a finales de los años 50 por Jay Forrester. En un principio, el método se llamó Dinámica Industrial y estaba enfocada al área de administración. Actualmente, la Dinámica de Sistemas puede aplicarse a diferentes contextos, incluyendo la modelación en las áreas de la salud y biológicas, ambientales, educación, entre otras ([Richardson y Pugh, 1981; Gallaher, 1996](#)).

La Dinámica de Sistemas es una metodología que se ocupa de estudiar “sistemas dinámicos de retroalimentación” ([Richardson y Pugh, 1981](#)). Un sistema dinámico (problema dinámico) puede ser cualquier situación que involucre cambios en el tiempo, en donde la retroalimentación está dada por las interacciones entre los componentes del sistema. La retroalimentación es un proceso en el cual, parte de la información que sale del sistema regresa al mismo, modificando su comportamiento a través del tiempo.

Durante el proceso de modelación con la Dinámica de Sistemas, se analizan la **dinámica del problema**, definida por los cambios en el tiempo -expresados en gráficas- y la **estructura del problema**, representada matemáticamente por sistemas de ecuaciones diferenciales y gráficamente por diagramas “causales” y de “flujos y niveles”.

Dinámica o comportamiento del problema. “La estructura de retroalimentación de un sistema genera su comportamiento o dinámica” (Sterman, 2000). Para analizar la estructura de un sistema, es preciso descomponerlo en sus partes y ver cómo influyen unas sobre otras. Estas interacciones pueden ser positivas o negativas y reflejan el tipo de retroalimentación que está recibiendo el sistema (Aracil, 1995). Los diagramas “causales”, describen dichas interacciones como lo muestran las Figs.1y 2.

El comportamiento del sistema (formas básicas de comportamiento) va de la mano con los procesos simples de retroalimentación que lo generan. Existen tres formas básicas de comportamiento:

Crecimiento exponencial: Es un comportamiento que surge debido a la retroalimentación positiva y está asociado con crecimiento, aceleración o desestabilización del sistema. Ver Fig. 3

(Aracil, 1995; Luna-Reyes, 2008).

Estabilización o balance: La retroalimentación negativa tiende a balancear la situación mediante la resistencia al cambio o estabilización del comportamiento de acuerdo a un objetivo determinado. Si por alguna acción externa el sistema es desestabilizado, se comparan el estado actual del sistema con el estado deseado y se toman acciones correctivas tal como lo muestra la Fig. 4 (Aracil, 1995; Sterman, 2000; Luna-Reyes, 2008).

Oscilatorio: El comportamiento oscilatorio también es causado por retroalimentación negativa, sin embargo el efecto de los componentes sobre el sistema no es inmediato, es decir presenta retrasos en el tiempo (Fig.5). Los retrasos ocasionan que las acciones correctivas continúen aún cuando el sistema ha llegado a su estado de equilibrio y éste en consecuencia, responde con una nueva acción pero en sentido contrario (Aracil, 1995; Sterman, 2000).

Muchos de los sistemas en la vida real son el resultado de una o más interacciones no lineales de las tres formas básicas de comportamiento (Sterman, 2000). Una de las más comunes es la del **crecimiento sigmoidal**. Este tipo de comportamiento involucra un ciclo de retroalimentación positiva junto con un ciclo de retroalimentación negativa (Fig.6). La forma

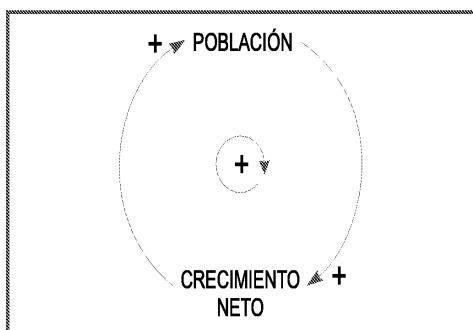


Fig. 1. Diagrama “causal” de un ciclo de retroalimentación positiva (Aracil, 1995)

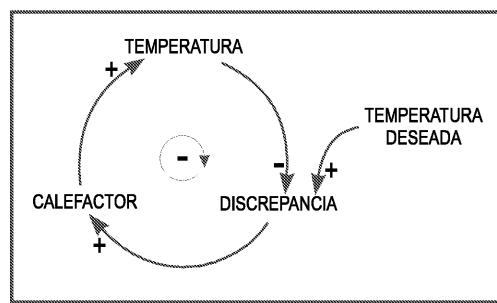


Fig. 2. Diagrama “causal” de un ciclo de retroalimentación negativa (Aracil, 1995)

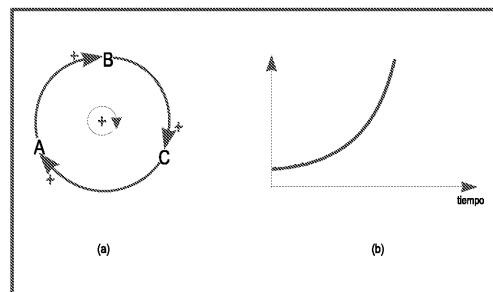


Fig. 3. Estructura de retroalimentación positiva (a). Comportamiento del sistema en forma de crecimiento exponencial (b) (Aracil, 1995)

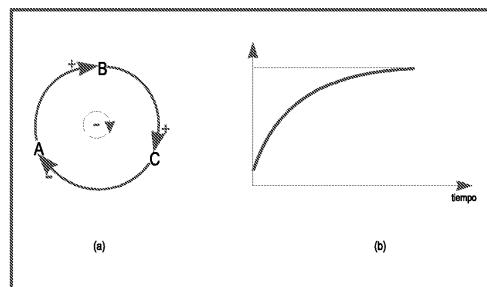


Fig. 4. Estructura de retroalimentación negativa (a). Comportamiento de balance o estabilización del sistema (b) (Aracil, 1995)

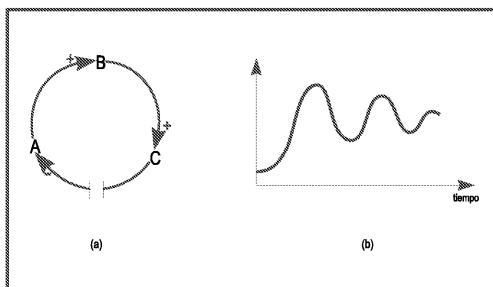


Fig. 5. Estructura de retroalimentación negativa con retrasos en el tiempo. Comportamiento oscilatorio (Aracil, 1995)

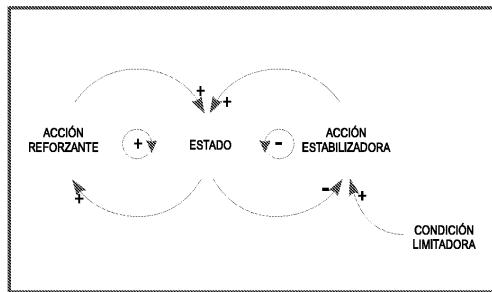


Fig. 6. Diagrama “causal” formado por un ciclo de retroalimentación positiva y un ciclo de retroalimentación negativa (Aracil, 1995)

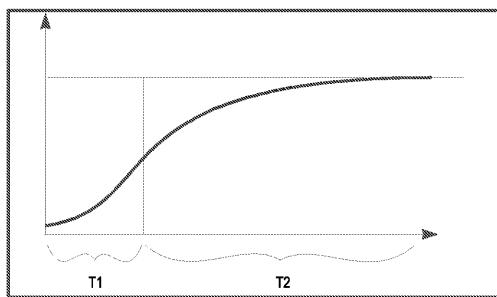


Fig. 7. Comportamiento sigmoidal. T1 ciclo de retroalimentación positiva. T2 ciclo de retroalimentación negativa o de balance (Aracil, 1995)

de la curva es de una S alargada como se observa en la Fig. 7. Es típico observar un crecimiento exponencial al principio que disminuye gradualmente hasta que el sistema alcanza un estado de equilibrio. El crecimiento exponencial es debido a que los ciclos positivos predominan hasta que los límites de crecimiento se alcanzan, entonces los ciclos negativos empiezan a dominar el comportamiento del sistema. El punto de inflexión determina el cambio en estos dos ciclos. Generalmente, el crecimiento en forma de S se da cuando los ciclos negativos no presentan retrasos significativos en el tiempo y en donde las interacciones entre los ciclos positivos y negativos no son lineales (Sterman, 2000).

Estructura del problema: El proceso de modelación en Dinámica de Sistemas analiza la dinámica o comportamiento del problema y es representada por diagramas “causales” los cuales son muy útiles para tener una idea

general del comportamiento del sistema y ponen de manifiesto las interdependencias y retroalimentaciones de un sistema; sin embargo, presentan ciertas limitaciones. Es por eso que la estructura del sistema conviene describirla por medio de diagramas de “flujos y niveles” los cuales están asociados a ecuaciones diferenciales. Estos, además de describir los procesos de retroalimentación, proveen información acerca de las acumulaciones y flujos del sistema.

Como se describe en la Fig. 8, las acumulaciones en el sistema (niveles de las variables) se representan por medio de rectángulos, simulando contenedores. El nivel de la variable (acumulación) cambia debido a los flujos de entrada o de salida. Los flujos de las variables, describen las actividades del sistema, para nombrarlas se utilizan verbos y se representan gráficamente con flechas (tuberías) que entran o salen de

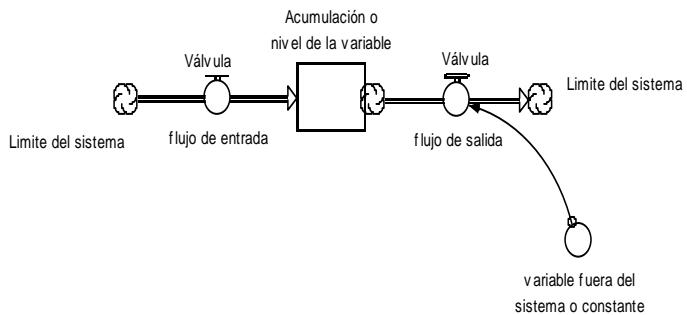


Fig. 8. Nomenclatura de un diagrama de “flujos y niveles”

los niveles de las variables del sistema. Las válvulas controlan los flujos. Las nubes indican los límites del sistema. Los círculos representan constantes o valores que derivan de otras variables fuera del sistema (Richardson y Pugh, 1981; Gallaher, 1996; Luna-Reyes, 2008).

Desarrollo de un modelo de Dinámica de Sistemas: El enfoque de Dinámica de Sistemas se basa en los siguientes principios (Richardson y Pugh, 1981; Sterman, 2000; Shelley *et al.*, 2001):

1. Definición del problema: En esta etapa se consideran varios aspectos: la selección del problema, la selección de las variables claves, los modos de referencia y el horizonte del tiempo. Como primer paso se define cuál es el problema, por qué es un problema y cuál es el propósito del modelo. Después se establece qué variables son relevantes y deben ser incluidas en el modelo. Los modos de referencia son patrones de comportamiento a través del tiempo, que explican por medio de gráficas y otros datos, cómo surgió el problema y cómo se comportará en el futuro. El horizonte del tiempo determina qué tan hacia atrás y hacia delante se debe considerar el problema. Por un lado, el pasado ayuda a entender cómo nace el problema y por otro el otro, el ir lo suficientemente lejos en el futuro permite observar el

fenómeno causa-efecto, el cual en los sistemas dinámicos no es inmediato. Tanto los modos de referencia como el horizonte de tiempo, ayudan a escoger la información (variables, flujos, límites, etc.) necesaria para definir el problema dinámicamente.

2. Formulación de la hipótesis dinámica: Es la descripción gráfica o verbal del problema (sistema) tomando en cuenta el comportamiento de la estructura y sus procesos de retroalimentación endógena a través del tiempo. Los diagramas de subsistemas, las tablas de límites del modelo, los diagramas “causales”, los diagramas de “flujos y niveles” entre otros, son algunas herramientas que ayudan a describir la hipótesis inicial, sus variables claves, modos de referencia, etc.
3. Formulación del modelo: Cuando se tiene definido un modelo, el siguiente paso es probarlo, ya sea mediante experimentos en un sistema real o en el modelo mismo, es decir, se debe formalizar el modelo con ecuaciones, parámetros y condiciones iniciales. Al mismo tiempo, es una forma de encontrar inconsistencias dentro del modelo y probar la hipótesis inicial.
4. Pruebas de Validación del modelo: Se llevan a cabo para probar si el modelo es confiable, es decir, si las predicciones del modelo son consistentes con el comportamiento real del sistema; si se ajusta a la realidad (Richardson y Pugh,

- 1981). Deben validarse tanto la estructura como el comportamiento del sistema.
5. Reglas del modelo: Despues de que el modelo se ha probado, se puede reajustar, utilizando las reglas y fórmulas del mismo con el fin de mejorar el comportamiento del sistema real.

La Dinámica de Sistemas como herramienta en Microbiología Predictiva

En el área de microbiología existen sistemas complejos, como el crecimiento, supervivencia y muerte de poblaciones microbianas, las cuales pueden encontrarse en medios de cultivo, sistemas modelo o los alimentos mismos. Por ejemplo, algunos microbiólogos describen a los alimentos como ecosistemas complejos que están formados por un “ambiente” representado por los **componentes del alimento** (pH,

actividad de agua, nutrientes, solutos, etc.) y por los **microorganismos** los cuales pueden crecer en el alimento (Montville, 1997). La habilidad del microorganismo para crecer, sobrevivir o morir depende de las tasas de crecimiento y muerte, las cuales dependen de factores como actividad de agua, pH, temperatura, concentración de antimicrobiano, las características del microorganismo, etc. Las interacciones entre estos factores pueden representarse a través de los ciclos de retroalimentación positiva o negativa.

El siguiente es un ejemplo de un modelo de inactivación térmica para bacterias. En este caso el modelo predice el número de bacterias, muertes, nacimientos y la viabilidad celular para dos condiciones diferentes de temperatura.

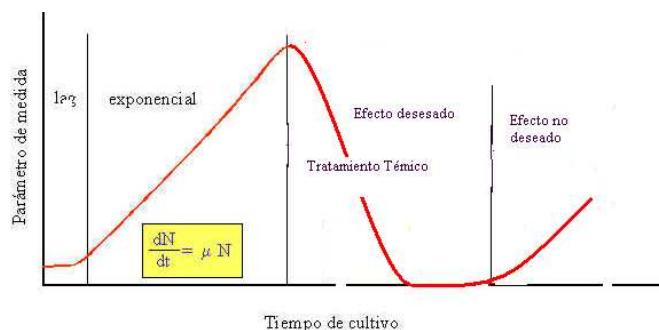
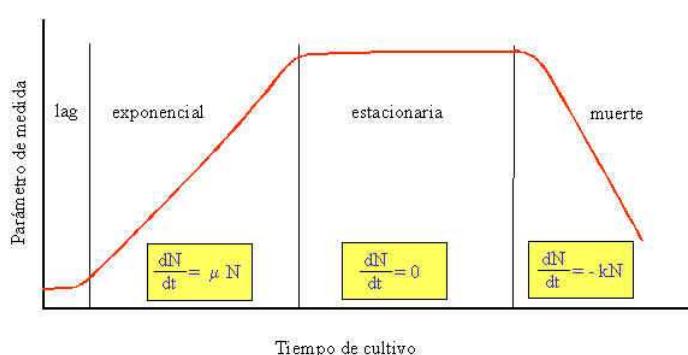


Fig. 10. Modo de referencia para inactivación bacteriana por tratamiento térmico

Como primer paso para construir el modelo dinámico, se debe definir la **dinámica del problema** siguiendo los pasos 1 y 2 para el desarrollo de un modelo dinámico. En este caso, la definición del problema está expresada como la inactivación del crecimiento bacteriano por medio de la aplicación de temperatura (25°C y 70°C). Después se seleccionan las variables claves, los modos de referencia y el horizonte del tiempo. Las variables claves son la acumulación de bacterias y la viabilidad celular. La Fig. 9. muestra el horizonte de tiempo expresado como el comportamiento de las bacterias a través del tiempo, en donde se puede observar una curva de tipo sigmoidal. El modo de referencia, está representado en la curva de crecimiento por la fase de muerte bacteriana y en este ejemplo, está dado por el cambio en el comportamiento de las bacterias en el tiempo, durante el tratamiento térmico (Fig. 10). Una vez que se aplica la temperatura por un lapso de 10 min., se espera que el crecimiento bacteriano disminuya hasta cero (efecto bactericida) y no se re establezca con el paso del tiempo.

Otra parte importante de la **dinámica del problema** es identificar las partes de problema y determinar qué tipo de interacciones o retroalimentación existen

entre ellas (ciclos positivos y negativos). El comportamiento bacteriano representado por la Fig. 9. es de tipo sigmoidal, en la cual están involucrados un ciclo de retroalimentación positiva y un ciclo de retroalimentación negativa (Ver Fig. 11).

Una vez que se han desarrollado los diagramas “causales” y se ha definido el comportamiento del problema, se debe dar formalidad al modelo definiendo la **estructura del problema** (pasos 2 y 3 del desarrollo de un modelo de DS) utilizando el diagrama de “flujos y niveles”. En la Fig. 12 se muestra el modelo de inactivación térmica bacteriana representado con un diagrama de “flujos y niveles” realizado con el software Stella® research (versión 7.0.1., altura sofware inc. Hanover, NH.)

En este ejemplo, existen varios ciclos de retroalimentación positiva y negativa. Para efectos del presente artículo, sólo se mencionarán los dos más significativos (Fig.13):

Ciclo No. 1. El número de bacterias (acumulación 1) depende de las bacterias que nacen y de las que mueren. Este comportamiento se describe con dos ciclos de retroalimentación uno positivo y otro negativo, los cuales interactúan entre sí. A

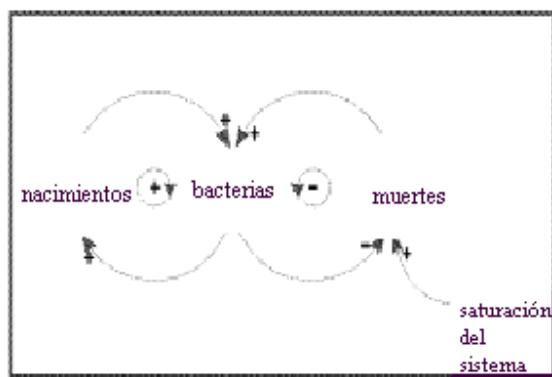


Fig. 11. Diagrama “causal” de inactivación térmica para bacterias formado por un ciclo de retroalimentación positiva y un ciclo de retroalimentación negativa.

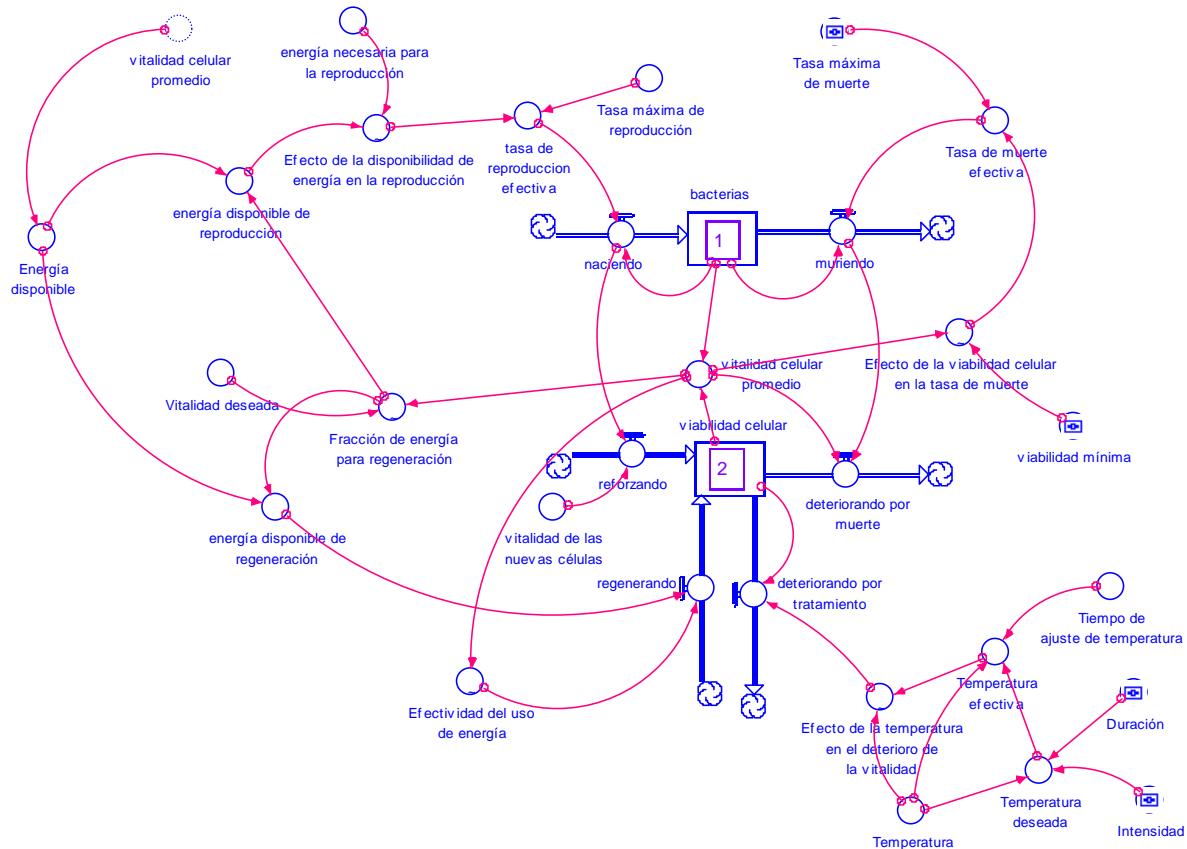


Fig. 12. Modelo de Dinámica de Sistemas para inactivación térmica de bacterias. La estructura del sistema está representada por un diagrama de “flujos y niveles”

mayor número de nacimientos, mayor acumulación de bacterias. Este es un ciclo de retroalimentación positiva ya que cuando una de las condiciones aumenta, la otra también aumenta. Sin embargo, cuando el sistema se satura es decir, hay sobre población y acumulación de sustancias tóxicas, las bacterias empiezan a morir, presentándose un ciclo de balance o de retroalimentación negativa, con lo cual al aumentar las muertes, disminuye el número de bacterias (Fig. 13). Los flujos que afectan la acumulación de bacterias son *naciendo* y *muriendo*. La Tabla 1 muestra las ecuaciones que definen a las acumulaciones y los flujos.

Ciclo No. 2. En este ciclo, el número de bacterias depende de la viabilidad celular (acumulación 2); de esta forma, cuando disminuye la viabilidad celular disminuye la acumulación de bacterias por lo tanto, la

retroalimentación es positiva (ciclo de refuerzo).

La viabilidad celular se ve afectada por la temperatura del tratamiento (temperatura efectiva). Al aumentar la temperatura, disminuye la viabilidad celular, la cual aumenta la tasa de muerte efectiva produciendo más muertes que llevan a un mayor deterioramiento de viabilidad celular (ver Fig. 13). Los flujos que afectan la viabilidad celular se definen en la Tabla 1 y son *reforzando la viabilidad*, *deteriorando la viabilidad por muerte natural*, *deteriorando la viabilidad por tratamiento térmico* y *regenerando la viabilidad celular*.

La aplicación del modelo: Un ejemplo muy sencillo demuestra que el modelo desarrollado con la metodología de Dinámica de Sistemas, reproduce el comportamiento

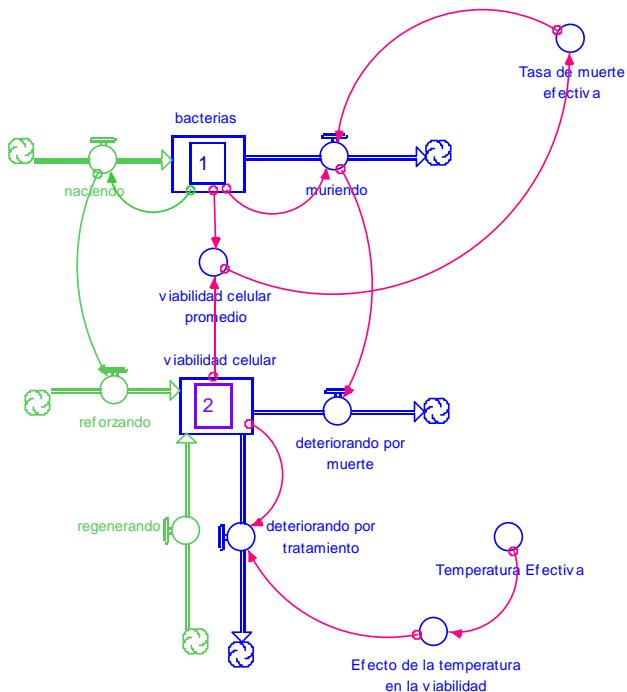


Fig. 13. Ciclos de la acumulación de bacterias (1) y de viabilidad celular (2).

esperado de una bacteria mesófila (temperatura óptima de crecimiento entre 25 y 40°C). La bacteria fue sometida a dos condiciones de temperatura diferentes: la primera se lleva a cabo a 25°C y la segunda a 70°C, ambas temperaturas se mantuvieron durante 10 min. La Figura 14 muestra que a 25°C el número de bacterias y la viabilidad celular permanecieron altas y ambas corresponden con los valores de los

nacimientos los cuales superan a las muertes al final del tratamiento (10min.). Después del tratamiento las bacterias se siguen reproduciendo puesto que la temperatura aplicada está dentro del rango de la temperatura óptima de crecimiento.

Cuando se aplica el tratamiento térmico a 70°C se observa la inhibición bacteriana (Fig.15). Durante el primer minuto, los

Tabla I Ecuaciones del modelo de inactivación térmica de bacterias^a

$$\text{bacterias}(t) = \text{bacterias}(t - dt) + (\text{naciendo} - \text{muriendo}) * dt$$

INFLOWS:

$$\text{naciendo} = \text{tasa_de_reproducción_efectiva} * \text{bacterias}$$

OUTFLOWS:

$$\text{muriendo} = \text{Tasa_de_muerte_efectiva} * \text{bacterias}$$

$$\text{vitalidad_celular}(t) = \text{vitalidad_celular}(t - dt) + (\text{reforzando} + \text{regenerando} - \text{deteriorando_por_muerte} - \text{deteriorando_por_tratamiento})$$

INFLOWS:

$$\text{reforzando} = \text{naciendo} * \text{vitalidad_de_las_nuevas_células}$$

$$\text{regenerando} = \text{Efectividad_del_uso_de_energía} * \text{energía_disponible_de_regeneración}$$

OUTFLOWS:

$$\text{deteriorando_por_muerte} = \text{muriendo} * \text{vitalidad_celular_promedio}$$

$$\text{deteriorando_por_tratamiento} = \text{vitalidad_celular} * \text{Efecto_de_la_temperatura_en_el_deterioro_de_la_vitalidad}$$

Duración = 10

$$\text{Tasa_de_muerte_efectiva} = \text{Efecto_de_la_vitalidad_celular_en_la_tasa_de_muerte} * \text{Tasa_máxima_de_muerte}$$

Temperatura_ambiente = 25

$$\text{Temperatura_efectiva} = \text{SMTH1}(\text{Temperatura_deseada}, \text{Tiempo_de_ajuste_de_temperatura}, \text{Temperatura_amb})$$

^a software: Stella 7.0.1

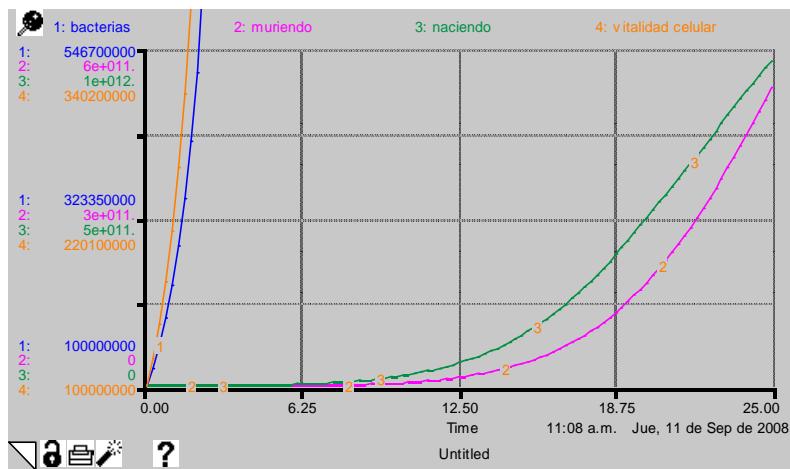


Fig. 14. Tratamiento térmico a 25°C. (1) Número de bacterias, (2) muertes, (3) nacimientos, (4)viabilidad celular

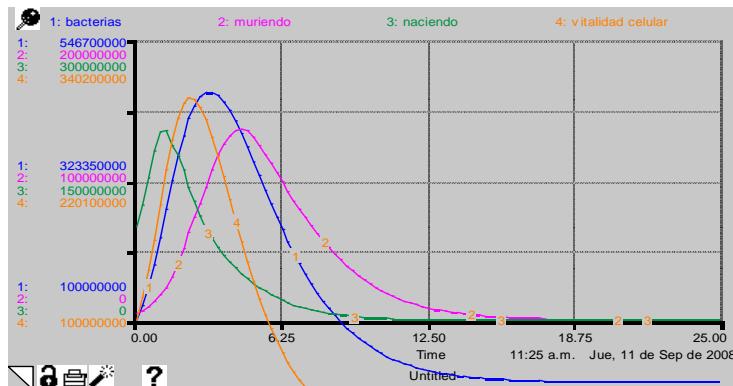


Fig. 15. Tratamiento térmico a 70°C. (1) Número de bacterias, (2) muertes, (3) nacimientos, (4)viabilidad celular

nacimientos disminuyen al igual que la viabilidad celular y el número de bacterias. Después de los 10 min. del tratamiento las bacterias son incapaces de reproducirse. Estos resultados hablan de que por arriba de la temperatura óptima de crecimiento existe inhibición del crecimiento o muerte bacteriana.

En este sentido, la Dinámica de Sistemas es una herramienta potencial para simular y modelar el comportamiento microbiano bajo un enfoque integral utilizando interfaces gráficas vinculadas a una serie de ecuaciones las cuales describen cuantitativamente el modelo (Gallaher, 1996).

Conclusiones

Los alimentos son sistemas cuyo comportamiento e interacciones con microorganismos y/o con procesos, pueden ser representados mediante modelos matemáticos. La Microbiología Predictiva ha desarrollado varios modelos que describen y predicen el comportamiento microbiano dentro de estos sistemas. Desafortunadamente, algunos de estos modelos presentan limitaciones para modelar o predecir el comportamiento de todas las variables o del sistema como un todo. La

metodología de la Dinámica de Sistemas podría ser una alternativa para simular y predecir el comportamiento de los microorganismos en alimentos ya que describe al sistema con ecuaciones algebraicas simples y de manera gráfica; usando herramientas como los diagramas “causales” y de “flujos y niveles”.

Referencias

- Alzamora, S. M., Guerrero, S., Viollaz, P. y Welti-Chanes, J. 2005. Experimental protocols for modeling the response of microbial populations exposed to emerging technologies: Some points of concern. En: G. Barbosa-Cánovas, M. S. Tapia y P. M. Cano (Eds.). *Novel food processing technologies*. Boca Ratón, Fl. pp. 591-627.
- Alzamora, S. M., Tapia, M. S. y López-Malo, A. 2000. Overview. En: S. M. Alzamora, M. S. Tapia y A. López-Malo (Eds.). *Minimally processed fruits and vegetables. Fundamental aspects and applications*. Gaithersburg, Maryland. pp. 1-9.
- Aracil, J. 1995. *Dinámica de Sistemas*. Madrid, España. pp. 8-49.
- Betts, G. y Everis, L. 2005. Modeling systems and impact on food microbiology. En: G. Barbosa-Cánovas, M. S. Tapia y P. M. Cano (Eds.). *Novel food processing technologies*. Boca Ratón, Florida. pp. 555-578.
- Buchanan, R. L. y Whiting, R. C. 1997. Predictive modeling. En: M. P. Doyle, L. R. Beuchat y T. J. Montville (Eds.). *Food microbiology fundamentals and frontiers*. Washington, D.C. pp. 728-739.
- Gallaher, E. J. 1996. Biological system dynamics: From personal discovery to universal application. *Simulation*. 66(4): 243-257.
- Lebert, I. y Lebert, A. 2006. Quantitative prediction of microbial behaviour during food processing using an integrated modelling approach: a Review. *International Journal of Refrigeration*. 29: 968-984.
- Luna-Reyes, L. F. 2008. System Dynamics to understand public information technology. En: G. D. Garson y M. Khosrow-Pour (Eds.). *Handbook of research on public information technology*. Hershey, PA. pp. 476-492.
- Marks, B. P. 2008. Status of microbial modeling in food process models. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*. 7(1): 137-143.
- Martínez, A., Rodrigo, M., Rodrigo, D., Ruiz, P., Martínez, A. y Ocio, M. J. 2005. Predictive microbiology and role in food safety systems. En: G. Barbosa-Cánovas, M. S. Tapia y P. M. Cano (Eds.). *Novel food processing technologies*. Boca Ratón, Florida. pp. 579-590.
- McLeroy, D. M., Jaykus, L. y Foegeding, P. M. 2000. Validation and analysis of modeled predictions of growth of *Bacillus cereus* spores in boiled rice. *Journal of Food Protection*. 63(2): 268-272.
- Montville, T. J. 1997. Principles which influence microbial growth, survival, and death in foods. En: M. P. Doyle, L. R. Beuchat y T. J. Montville (Eds.). *Food microbiology. Fundamentals and frontiers*. Washington, D.C. pp. 13-29.
- Richardson, G. P. y Pugh, A. L. 1981. *Introduction to system dynamics modeling with DYNAMO*. Portland, Oregon.
- Shelley, M. L., Nixon, W. B. y Bleckman, C. A. 2001. The challenge of pursuing system dynamics approach in analyzing complex natural systems: Example of solid waste landfills. *Paper presented at the 19th International Conference of the System Dynamics Society*. Atlanta, Georgia. USA.
- Sterman, J. D. 2000. *Business dynamics. Systems thinking and modeling for a complex world*. Boston.
- Tapia, M. S., Martínez, A. y Díaz, R. V. 2000. Tools for safety control: HACCP, risk assessment, predictive microbiology, and challenge tests. En: S. M. Alzamora, M. S. Tapia y A. López-Malo (Eds.). *Minimally processed fruits and vegetables. Fundamental aspects and applications*. Gaithersburg, Maryland. pp. 79-97.
- Van Impe, J. F., Poschet, F., Geeraerd, A. H. y Vereecken, K. M. 2005. Towards a novel class of predictive microbial growth models. *Int. J. Food Microbiol.* 100: 97-105.