

**Pensando como un lobo, una oveja o una luciérnaga:  
Aprendiendo Biología a través de la construcción y prueba de teorías  
computacionales ---un enfoque de modelado vivencial**

Uri Wilensky – uri@northwestern.edu  
Northwestern University

Kenneth Reisman  
Stanford University

Traducción al español: Cristián Rizzi Iribarren, 2015.- @rizzicristian

Para ser publicado en *Cognition and Instruction*, 2006

## Resumen

Los fenómenos biológicos pueden ser investigados en varios niveles, desde el molecular, al celular, al organísmico o el ecológico. En la enseñanza típica de la biología, estos niveles generalmente están separados. Sin embargo, es mediante la exploración de las conexiones entre tales niveles que se entienden mejor muchos fenómenos de la biología y de los sistemas complejos en general. En este trabajo describimos un enfoque basado en la computación que permite a los estudiantes investigar las conexiones entre los diferentes niveles biológicos. Utilizando herramientas de modelado basado en agentes, los estudiantes modelan las micro-reglas subyacentes en un fenómeno biológico, y observan las dinámicas globales resultantes. Aquí se describen dos casos en los que se empleó este enfoque. En ambos casos, los estudiantes plantean hipótesis, construyen modelos multi-agente que incorporan estas hipótesis, y prueban estas hipótesis ejecutando sus modelos y observando los resultados. Contrastando estos casos contra el enfoque tradicionalmente empleado basado en ecuaciones, argumentamos que el enfoque de modelado abordado se conecta más directamente con la experiencia de los estudiantes, permitiendo extender las investigaciones, así como también lograr una comprensión más profunda, y permitir además la introducción de temas "avanzados" en la currícula escolar de los años superiores de la escuela media.

## **Pensando como un lobo, una oveja o una luciérnaga: Aprendiendo Biología a través de la construcción y prueba de teorías computacionales ---un enfoque de modelado vivencial**

*"Cuando en el laboratorio observé fenómenos que no entendía, me hacía preguntas como si el interrogatorio fuera a mí mismo: "¿Por qué haría eso si fuera un virus o una célula cancerosa, o el sistema inmunológico?" En poco tiempo, este diálogo interno se convirtió en una segunda naturaleza mía, me encontré con que mi mente trabajó de esta manera todo el tiempo ". (Salk, 1983, p. 7)*

Hay un marcado contraste entre la imagen del campo de la biología estudiada en la escuela y la imagen que surge de la práctica de la investigación de la biología actual. Mientras que las dos imágenes están vinculadas por un contenido similar y los objetos de estudio son los mismos, los procesos implicados en las dos actividades son bastante diferentes.

En el ámbito escolar, la enseñanza típica enfatiza la memorización de esquemas de clasificación y teorías establecidas. En los primeros años de la escuela media, la clasificación puede tomar la forma de aprender los nombres de los huesos del cuerpo, los nombres y las formas de las diferentes hojas de las plantas o los filos del reino animal. En los años superiores de la escuela media y en los primeros años de las carreras universitarias, el contenido se amplía para incluir fenómenos invisibles, como partes de la célula o tipos de protozoos, pero los procesos de memorización de clasificaciones sigue siendo esencialmente los mismos. Del mismo modo, los alumnos estudian biología absorbiendo las teorías establecidas sobre el proceso de la fotosíntesis, el ciclo de Krebs o la sucesión de antepasados evolutivos. Incluso en los casos en que las teorías aún no están establecidas, tales como la extinción de los dinosaurios, las teorías alternativas se presentan como historias a memorizar. E incluso cuando los estudiantes se involucran en técnicas de investigación en el trabajo de laboratorio, el énfasis está en seguir un procedimiento establecido en lugar de razonar a partir de las evidencias reunidas en el procedimiento.

Esta imagen contrasta con la imagen que surge de la literatura de investigación de biología reciente (por ejemplo, Keeling y Gilligan, 2000; Marion, Renshaw, y Gibson, 2000). En esta imagen los participantes son teorizadores activos. Ellos idean nuevas pruebas y métodos de recolección de datos para probar sus teorías. En lugar de aceptar las clasificaciones como algo dado, las ven como teorías provisionales que son constantemente re-evaluadas y reconstruidas a la luz del diálogo entre la teoría y la evidencia. Los participantes razonan tanto hacia adelante, mediante la construcción de teorías que son consistentes con la evidencia conocida, como hacia atrás, deduciendo consecuencias de teorías y buscando evidencias confirmatorias y/o disconfirmatorias. En la construcción o evaluación de un concepto sobre un fenómeno biológico, se centran en la plausibilidad del mecanismo propuesto: ¿puede cumplir la tarea asignada de una manera biológicamente factible? Esta evaluación del mecanismo, a menudo implica un razonamiento a través de una amplia gama de niveles; por lo tanto, los

participantes se preguntan: ¿está el mecanismo limitado por las estructuras a nivel molecular, celular, orgánico o ecológico?

El contraste entre los procesos en los que estas dos comunidades están involucradas, conduce a los estudiantes de biología a formarse una imagen engañosa de la investigación biológica como actividad. Los estudiantes se forman una imagen donde la biología es una disciplina en la que la observación y la clasificación dominan, y el razonamiento acerca de las teorías es poco frecuente. Además, creen que el aprendizaje de la biología consiste en la absorción de las teorías de los expertos y que la construcción y prueba de sus propias teorías está fuera de su alcance<sup>1</sup>.

En este artículo se presenta un enfoque que intenta reducir la brecha entre la biología escolar y la biología de investigación. El enfoque se centra en el uso de innovadoras herramientas de modelado por computadora que permiten a los estudiantes<sup>2</sup> aprender biología a través de los procesos de construcción y prueba de teorías.

En los últimos años, una serie de proyectos de investigación educativa (Feurzeig y Roberts, 1999; Gobert, Horwitz, Tinker, Buckley, Wilensky, Levy, et al, 2004; White & Horwitz, 1988; Jackson, Stratford, Krajcik, y Soloway, 1996 ; Jacobson y Kozma, 2000; Jungck y Calley, 1985; Lehrer y Schauble, 2000; Ogborn, 1999; Roberts y Barclay, 1988) han empleado herramientas de modelado por computadora en la enseñanza de la ciencia. El enfoque adoptado por este documento se diferencia de esos enfoques en el uso de lenguajes de modelado basado en agentes (conocido como computación en paralelo basada en objetos) que permite a los estudiantes modelar elementos biológicos a nivel del individuo (por ejemplo, lobos/ovejas individuales) en contraposición a lenguajes de modelado a nivel global (basados en ecuaciones diferenciales) que modelan a nivel de la población (poblaciones de lobos/ovejas).

Este avance técnico en los lenguajes de modelado basado en computadora permite a los estudiantes utilizar sus conocimientos sobre el comportamiento de organismos individuales (o moléculas, células, genes ...) en la construcción de teorías sobre el comportamiento de las poblaciones de esos organismos. Por otra parte, la capacidad de modelar el comportamiento individual permite a los estudiantes utilizar su experiencia personal en el sentido y movimiento en el mundo como elementos iniciales en sus modelos de otros organismos. De esta manera, la tendencia bien conocida de los niños para explicar el comportamiento biológico a través de la personificación (véase Carey, 1986; Hatano y Inagaki, 1987), en lugar de ser visto como un concepto erróneo o una limitación a ser superada, se convierte en un elemento fundamental en la construcción y perfeccionamiento de explicaciones biológicas plausibles<sup>3</sup>.

---

<sup>1</sup> Para mayor profundidad sobre la brecha entre la escuela y la investigación en física, ver (Hammer, 1994).

<sup>2</sup> En otro lugar (Tisue y Wilensky, 2004; Wilensky, 2001) hemos argumentado que la disponibilidad y la facilidad de uso de los entornos de modelado basado en agentes también han permitido a los científicos llevar a cabo investigación experimental que era difícil o imposible de hacer con métodos tradicionales.

<sup>3</sup> Para una discusión detallada sobre concepciones erróneas, ver (Smith, diSessa, and Roschelle, 1994)

En trabajos anteriores, los autores y otros diseñadores de modelos basados en agentes (Repenning, 1994; Resnick, 1994; Smith, Cypher, y Spohrer, 1994; Wilensky, 1995, 2001; Wilensky y Resnick, 1999) han descripto el enfoque en un amplio contexto interdisciplinario. En este trabajo se explora el uso de este enfoque, específicamente, en la enseñanza de la biología.

### *Biología matemática y modelado basado en computadora - en el campo y en el aula*

La brecha entre la biología escolar y la biología de investigación puede explicarse en parte por un retraso en la transferencia al entorno escolar de métodos biológicos más nuevos. De hecho, en todos los niveles, desde lo molecular a lo ecológico, la ciencia de la biología ha experimentado un cambio importante en el último siglo. Como cada vez más biólogos han hecho uso de lenguajes de sistemas dinámicos para modelar fenómenos naturales, la biología -en su momento una disciplina puramente cualitativa,- se ha vuelto más cuantitativa.

Los modelos matemáticos han añadido precisión a las teorías biológicas, han aumentado su capacidad de predicción, y han sido fuente importante de explicaciones e hipótesis. La generación y el refinamiento de estos modelos se ha convertido en un elemento omnipresente en la investigación biológica moderna. Sin embargo, a pesar de esta revolución virtual en la práctica de la biología, las currículas de biología de la escuela secundaria y los primeros años de la universidad apenas lo han notado. Para la mayoría de los estudiantes de biología de estos segmentos educativos, el estudio de la biología sigue siendo principalmente un ejercicio de memorización. Debido a los exigentes prerrequisitos matemáticos que han impuesto tradicionalmente los modelos cuantitativos de cambio biológico, estudiantes por debajo de este nivel tienen poca o ninguna exposición a modelos dinámicos o al proceso de modelado de cambios biológicos. El enfoque computacional que se presenta aquí nos permite exponer a los estudiantes a estas situaciones, a la vez que esquivar los obstáculos matemáticos tradicionales.

Comenzamos, en el siguiente apartado, describiendo nuestro enfoque "vivencial" para el modelado biológico y los lenguajes de modelado basado en agentes: StarLogoT (Wilensky, 1997b) y NetLogo (Wilensky 1999b), con los que se construyen los modelos. En la tercera sección, ilustramos este enfoque y lo contrastamos con las técnicas de modelado clásico mediante el desarrollo de ambos modelos (vivencial y clásico) sobre la fluctuación de las poblaciones de predadores y presas. Seguimos a una estudiante de secundaria, Talia, en sus esfuerzos por crear modelos vivenciales de depredación lobos-ovejas. En la cuarta sección, seguimos a otro estudiante, Pablo, en el desarrollo de un modelo computacional del sincronismo de las luciérnagas intermitentes (esta especie de luciérnagas son frecuentes en el sudeste asiático, especialmente en Tailandia). En contraste con el tema de la dinámica de poblaciones predador-presa, el problema de sincronización de las luciérnagas no se amolda fácilmente a los enfoques clásicos y es, por tanto, desconocido para los estudiantes. Utilizamos este ejemplo para enmarcar la discusión del proceso de modelado de los estudiantes y la relación de este proceso de modelado dentro de la ciencia. Por último, en nuestras observaciones finales respondemos a las críticas de nuestro enfoque y resumimos los principales puntos del documento.

## *La investigación*

Los estudiantes modeladores descritos a continuación participaron en los proyectos "Matemáticas Conectadas" (Wilensky, 1993, 1995) y, principalmente, en "Entendiendo los fenómenos complejos" (ELFC) (Wilensky, 1997a, 2001) los cuales son proyectos en los que los estudiantes aprenden acerca de los sistemas complejos mediante la construcción de modelos basados en agentes. Los objetivos del proyecto ELFC son construir un conjunto de herramientas computacionales que permitan a los estudiantes modelar sistemas complejos, investigar sobre estudiantes que se involucran en el uso de estas herramientas, y entender el sentido de la dinámica de comportamiento.

La investigación ha documentado las dificultades que tienen las personas para comprender fenómenos emergentes, patrones globales que surgen de las interacciones distribuidas, centrales para el estudio de los sistemas complejos. Hemos identificado una multitud de dificultades en comprender los fenómenos emergentes y en construir explicaciones sobre estos fenómenos, llamando a esto la mentalidad determinista / centralizada (Resnick, 1996, Resnick & Wilensky, 1993; Wilensky y Resnick, 1995, 1999). En el proyecto ELFC hemos trabajado con una amplia variedad de estudiantes, que van desde estudiantes de secundaria hasta pre-universitarios, así como también docentes pre-servicio y en-servicio, para superar esta mente centralizada y poder pensar más allá de ella, para lograr una comprensión más rica de la dinámica de los sistemas complejos.

Los lugares principales donde se llevó a cabo la investigación son dos escuelas secundarias urbanas de Boston. Los estudiantes de estas escuelas participaron en el proyecto como parte de su trabajo en el aula. Estudiantes universitarios y profesores en formación participaron en el contexto de los cursos de formación del profesorado de la Universidad de Tufts. Algunos estudiantes participaron a través de instancias de educación no formal, llevando a cabo investigaciones de modelado en espacios extraescolares o en el laboratorio, que se encuentra en el sitio del proyecto, el *Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling* (entonces en la Universidad de Tufts, ahora se trasladó a la Universidad del Northwestern).

En el contexto del aula, los estudiantes, por lo general, participaron del proyecto de modelado más allá del aula dirigidos por el docente de la clase y con la asistencia de investigadores del proyecto. El papel de los investigadores era documentar el trabajo de los estudiantes a través de la grabación en video y de notas de campo, y también apoyar a los estudiantes y docentes en el uso de los materiales del proyecto y el lenguajes de modelización. El tipo de apoyo que brindaron incluye por ejemplo facilitarles libros y sitios web que pudieran ser útiles a los modeladores y también proveerles de casos interesantes que pudieran ser fuentes potenciales de modelos. Los investigadores del proyecto también trabajaron con los estudiantes en actividades estructuradas (incluyendo simulaciones participativas que no requieren el uso de computadora (Resnick & Wilensky, 1998)) para fomentar la reflexión sobre el concepto de emergencia. También brindaron apoyo a los estudiantes y maestros en la sintaxis del lenguaje de modelización. Los modelos computacionales que se describen en este documento fueron contruidos con un lenguaje de modelización basado en agentes (también conocido como multi-agente o paralelo basado en objetos) llamado StarLogoT (Wilensky, 1997b).

Recientemente, el primer autor ha desarrollado otro lenguaje de modelado basado en agentes, NetLogo (Wilensky, 1999b), que es un sucesor (más sofisticado) del StarLogoT. Los modelos descritos en el presente documento han sido convertidos a NetLogo. Como NetLogo es el entorno más reciente y más potente, en el resto de este trabajo nos referimos a NetLogo y no a StarLogoT. En la siguiente sección, se describe el funcionamiento del lenguaje NetLogo y sus ventajas para la modelización de fenómenos biológicos.

### *El lenguaje de modelización NetLogo*

NetLogo deriva de, y ha contribuido a, el trabajo reciente en el campo de los sistemas complejos. Este campo estudia la dinámica de los sistemas que están constituidos por muchos elementos en interacción. Tomado como un todo, el comportamiento de estos sistemas puede ser muy complejo y difícil de predecir, aunque sus elementos individuales pueden ser bastante simples. Se pueden encontrar ejemplos en muchos campos, desde la física y la química hasta la economía y las ciencias políticas. La biología ha sido un dominio particularmente fértil para la investigación orientada a sistemas complejos (Langton, 1994; Kauffman, 1995). De hecho, aunque gran parte de los primeros trabajos en la teoría de los sistemas complejos se originó en la física, (y hasta la fecha, el eco principal de esta investigación en las aulas es en las clases de física), en nuestra opinión, el área paradigmática para el estudio de la complejidad radica en el estudio de los sistemas biológicos complejos.

Aunque el cerebro, el sistema inmunológico, y el comportamiento de los organismos, tales como las hormigas o las abejas son todos ejemplos citados a menudo, de hecho, casi toda la biología puede ser considerada desde una perspectiva de sistemas complejos. Los procesos genéticos y celulares pueden ser vistos como complejos resultados de interacciones moleculares; los organismos y sus órganos se pueden ver como las complejas interacciones de los resultados a nivel celular y genético; y los sistemas ecológicos pueden ser vistos como los complejos resultados de las interacciones entre los organismos individuales. Por supuesto, hay causalidad en la otra dirección también, así; el comportamiento del organismo puede afectar a la actividad a nivel celular y genético, y las circunstancias ecológicas pueden afectar el comportamiento de los individuos.

De hecho, una de las razones por las cuales los sistemas complejos son tan difíciles de estudiar es que las estructuras a nivel global pueden tener efectos de retroalimentación sobre el comportamiento de los elementos que lo componen. NetLogo es un lenguaje de modelado de propósito general que facilita la modelización de sistemas complejos. Su acción consiste en brindar al modelador un marco para representar los elementos básicos -los componentes más pequeños- de un sistema, y luego proporciona una forma de simular las interacciones entre estos elementos. Con NetLogo, los estudiantes escriben reglas para cientos o miles de estos elementos básicos que especifican cómo deben comportarse e interactuar unos con otros. Estos elementos individuales se conocen como "tortugas". (NetLogo debe el nombre del objeto "tortuga" al lenguaje de programación Logo). Las tortugas están situadas en una cuadrícula de dos dimensiones dentro la cual pueden moverse. Cada celda de la grilla se llama "parcela", y las parcelas también pueden ejecutar instrucciones e interactuar con las tortugas y con otras parcelas. Algunos comandos típicos para una tortuga son: moverse en un determinada

dirección, cambiar de color, establecer una variable de acuerdo con algún valor, "parir" o dar a luz a nuevas tortugas, o mirar las propiedades (variables) de otras tortugas. Las tortugas también pueden generar valores aleatorios, por lo que pueden, por ejemplo, ejecutar una secuencia de comandos con una probabilidad fija. Las parcelas pueden ejecutar comandos similares, aunque no pueden cambiar de ubicación. La amplia gama de comandos ejecutables por las tortugas y las parcelas hace posible el uso de ellas para representar muchos sistemas diferentes. Por ejemplo, se pueden crear tortugas para representar moléculas, células u organismos individuales, mientras que las parcelas pueden representar el medio (sea lo que sea) en que interactúan.

Las herramientas de modelado dinámico, como NetLogo, se utilizan para representar los cambios del estado de los sistemas a través del tiempo. En NetLogo, el tiempo se representa como una secuencia discreta de "tics-de-reloj". En cada tic-de-reloj, cada tortuga y cada parcela son llamadas para ejecutar las instrucciones escritas para ellas. Los estudiantes no tienen que escribir instrucciones separadas para cada tortuga (o parcela) -el poder de NetLogo viene del hecho de que todas las tortugas pueden ejecutar el mismo conjunto de instrucciones en cada unidad de tiempo (tic-de-reloj). Si todas las tortugas están ejecutando las mismas instrucciones, ¿no será su comportamiento colectivo repetitivo y poco interesante? Para ver por qué esto no es así, es importante tomar nota del hecho de que, a pesar de que dos tortugas podrían estar siguiendo las mismas reglas, su comportamiento podría ser muy diferente.

Esta posibilidad existe porque las dos tortugas pueden tener diferentes propiedades internas y pueden estar situadas en entornos diferentes. Por ejemplo, las tortugas podrían estar siguiendo la regla: "Si huele a comida adelante, moverse hacia adelante una distancia igual a la longitud de su cuerpo. De lo contrario, dar la vuelta". Si una tortuga está en las proximidades de donde hay comida, se moverá hacia adelante, la otra tortuga, lejos de la comida, se dará vuelta. Incluso si ambas están cerca de donde hay alimento, e incluso en la misma ubicación exacta, si sus cuerpos tienen orientaciones diferentes, se trasladarán a lugares diferentes. Es esta diversidad de estados internos y entornos cercanos la que permite que los comportamientos colectivos de tortugas tengan un sorprendente grado de variedad.

El enfoque de modelado que describimos -instanciando los elementos individuales de un sistema y simulando sus interacciones- no es único para NetLogo. Estos modelos se han utilizado en una amplia variedad de dominios y han sido referidos con diferentes nombres, tales como: modelos paralelos basados en objetos (Wilensky, 1995, 1996a); modelos basados en agentes (Beer, 1990; Epstein y Axtell, 1996; Maes, 1990; Repenning, 1993), modelos multi-agente (Jacobson, Brecher, Clemens, Farrell, Kaput, Reisman y Wilensky 1998; Wilensky, 2001), modelos basados en el individuo (Huston, DeAngelis, & Post, 1988; Judson, 1994), y simulaciones de partículas (Buneman, Barnes, verdes, y Nielsen, 1980). Esta "nueva ola" de enfoques de la modelización ha transformado la práctica de investigación de la biología y ha permitido a los investigadores modelar sistemas biológicos de múltiples niveles cada vez más complejos (Forrest, 1989; Langton, 1994; Keen y España, 1992; Taylor, Jefferson, Turner, y Goldman, 1989). Para el resto de este artículo, vamos a emplear el término "modelado vivencial" para referirnos a este enfoque general. Mientras que los otros términos utilizados en el pasado que se describen más arriba, son tal vez una descripción más precisa del



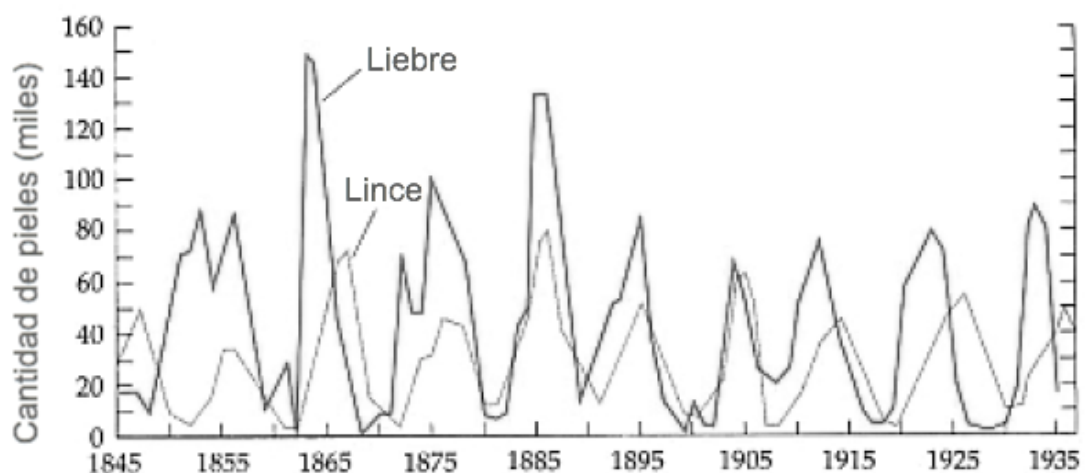
trabajo con NetLogo a nivel técnico, el término de "modelado vivencial" coincide más con la experiencia de un modelador de la biología que está activamente involucrado en la comprensión y que encarna el comportamiento de los elementos biológicos individuales.

En las dos secciones siguientes del documento, vamos a ilustrar el enfoque de modelado vivencial en biología con dos ejemplos de modelado de fenómenos biológicos. Tenemos la intención de utilizar estos ejemplos para ilustrar tanto como este enfoque puede: 1) facilitar la creación y verificación de modelos predictivos multi-nivel en biología y 2) permitir a los estudiantes de biología crear explicaciones más poderosas y profundizar su comprensión de los fenómenos biológicos.

### *Modelizando la dinámica de poblaciones predador-presa*

La dinámica de interacción en poblaciones de predadores y sus presas ha sido durante mucho tiempo un tema de interés en la biología de poblaciones. La comparación de una serie de estudios de caso han puesto de manifiesto una dinámica similar entre esas poblaciones, independientemente de la especie específica objeto de estudio y de los detalles de sus interacciones. (Elton, 1966).

En particular, cuando los tamaños de las poblaciones de predadores y presas se comparan a lo largo de muchas generaciones, tendemos a encontrar oscilaciones regulares en estos tamaños que están fuera de fase; donde uno aumenta, el otro tiende a disminuir, y viceversa (ver figura 1). Se han propuesto numerosos modelos matemáticos para explicar estas oscilaciones. En esta sección, vamos a examinar varios modelos de NetLogo que varían considerablemente de las versiones clásicas. Además de proporcionar una visión de primera mano de nuestro enfoque de modelado de sistemas, el ejemplo también nos permitirá contrastar las diferentes perspectivas promovidas por el modelado vivencial frente a las herramientas clásicas. Comenzamos mirando un modelo clásico bien conocido.



## *El enfoque clásico*

Durante muchos años, los modelos predador-presa se basaron en el modelo Lotka-Volterra (Lotka, 1925; Volterra, 1926). Alfred Lotka y Vito Volterra (trabajando de forma independiente uno del otro) fueron de los primeros en llevar a la biología los modelos de ecuaciones diferenciales, anteriormente empleados principalmente en la física y la química. El modelo de Lotka-Volterra predador-presa funciona especificando las interacciones entre el modelo poblaciones de predadores y presas enmarcadas como un conjunto de ecuaciones diferenciales acopladas. Cada una de estas ecuaciones describe el modelo velocidad a la que una variable dada (por ejemplo, la densidad de la población de presas) cambia con el tiempo. Aquí presentamos las ecuaciones de predador-presa de Lotka-Volterra, que describen los cambios en la densidad de el modelo población de presas ( $N_1$ ) y la población de depredadores ( $N_2$ ).

Tener en cuenta que el tamaño de la población y la densidad de población son proporcionales entre sí.

$$dN_1/dt = b_1N_1 - k_1N_1N_2 \quad (1)$$

$$dN_2/dt = k_2N_1N_2 - d_2N_2 \quad (2)$$

En esta ecuación,  $b_1$  es la tasa de nacimiento de la presa,  $d_2$  es la tasa de muerte del depredador y  $k_1$  y  $k_2$  son constantes.

Analicemos brevemente. Hay dos términos en la ecuación. En el primer término ( $b_1N_1$ ), la tasa de natalidad de la presa se multiplica por la densidad de la población de la presa, produciendo el aumento de la densidad debido a los nuevos nacimientos de presa. En el segundo período ( $k_1N_1N_2$ ), la frecuencia de la interacción entre las poblaciones de presas y depredadores se determina, produciendo la disminución de la densidad de las presas debido al consumo de presas por los depredadores. La tasa de cambio en la densidad de la población de presas se calcula restando de este modo el efecto total de las muertes de presa del efecto total de nacimientos de presa.

Es importante notar que (1), que describe la población de presas, contiene  $N_2$ , la que describe la variable de la densidad de la población de los depredadores, y viceversa. Así, las ecuaciones especifican cómo la densidad (y por lo tanto el tamaño) de cada población depende de la densidad de la otra.

En concreto, el aumento de la población de presas hará que la tasa de natalidad depredador se eleve, y el aumento de la población de depredadores causarán que la tasa de mortalidad de la presa se eleve. Un gráfico típico producido a partir estas ecuaciones se muestra en la figura 2. En efecto, vemos aquí la fluctuaciones cíclicas características entre el depredador y las poblaciones de presas.

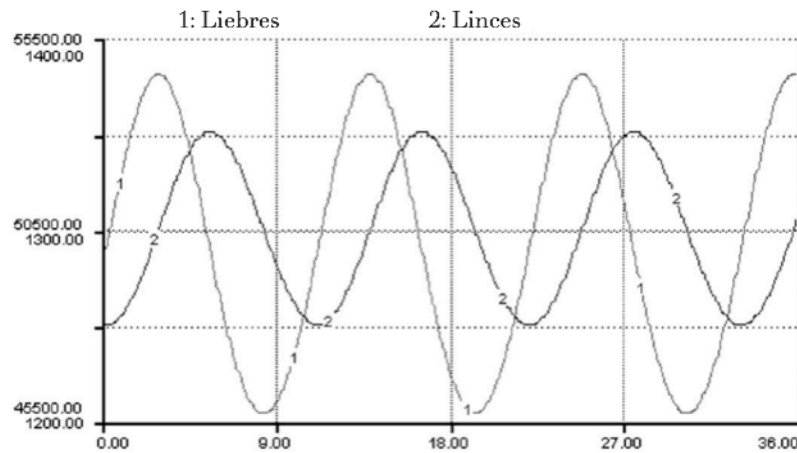


Figura 2. Resultados del modelo de predación de Lotka-Volterra para liebres y linces con poblaciones iniciales de 1,250 y 50,000 respectivamente.

No necesitamos entrar en más profundidad sobre estas ecuaciones. El punto para notar por ahora es que el enfoque clásico describe las fluctuaciones cíclicas entre las poblaciones de predadores y presas mediante la especificación de las relaciones entre las propiedades a nivel de población, tales como la tasa de natalidad, la frecuencia de interacción, y la densidad global.

### *El enfoque vivencial*

Utilizando herramientas vivenciales, como NetLogo, nos acercamos a este problema desde un ángulo diferente.

En lugar de describir las relaciones entre las propiedades de las poblaciones, estamos preocupados principalmente por especificar la conducta de los individuos. La pregunta relevante es: ¿qué tipo de acciones debe un predador o una presa individuales seguir para que las poblaciones de tales individuos exhiban las oscilaciones características? Otra forma de pensar acerca de las acciones de los individuos -el método detrás del modelado con NetLogo- es considerar las reglas que cada organismo sigue para que se generen los patrones a nivel de población resultantes.

Hay varios caminos que un modelador podría adoptar para hallar ese conjunto de reglas (de hecho, a menudo hay una serie de soluciones igualmente eficaces). Puede parecer a los lectores que uno tendría que estar muy familiarizados con el fenómeno que se está modelando y con las teorías actuales, a fin de lograr avances significativos, pero nuestra experiencia indica lo contrario. En el proyecto *Comprendiendo el sentido de los fenómenos complejos* (Making Sense of Complex Phenomena), hemos encontrado que los estudiantes suelen ser capaces de desarrollar modelos explicativos sólidos sobre diversos fenómenos, con sólo una pequeña cantidad de conocimiento de fondo.

Generalmente alentamos a los alumnos a tratar de dar sentido a un problema por su cuenta antes de buscar recursos externos, y con frecuencia resultan bastante sorprendidos de lo mucho que son capaces de conseguir. En lugar de llegar rápidamente a los "hechos", los estudiantes se comprometen con algo parecido a una investigación científica, y por lo general aprenden mucho más que si alguien simplemente les hubiera dado la solución. Por supuesto, el cuerpo

de investigación existente es muy importante para el desarrollo de un modelo, y los modeladores de NetLogo a menudo van y vienen entre el desarrollo de nuevas hipótesis y la investigación de las soluciones existentes.