



ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO
FACULTAD DE CIENCIAS
CARRERA MATEMÁTICA

APLICACIÓN DE LAS ECUACIONES DIFERENCIALES AL
PROBLEMA DE CADUCIDAD DE LOS ALIMENTOS

Trabajo de Integración Curricular

Tipo: Proyecto de Investigación

Presentado para optar al grado académico de:

MATEMÁTICA

AUTOR: DAYANA CAROLINA JARA ADAME

DIRECTOR: Ing. ALEX EDUARDO POZO VALDIVIEZO MSc.

Riobamba – Ecuador

2023

© 2023, Dayana Carolina Jara Adame

Se autoriza la reproducción total o parcial, con fines académicos, por cualquier medio o procedimiento, incluyendo la cita bibliográfica del documento, siempre y cuando se reconozca el Derecho de Autor.

Yo, Dayana Carolina Jara Adame, declaro que el presente trabajo de titulación es de mi autoría y los resultados del mismo son auténticos. Los textos en el documento que provienen de otras fuentes están debidamente citados y referenciados.

Como autor asumo la responsabilidad legal y académica de los contenidos de este trabajo de titulación; el patrimonio intelectual pertenece a la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo.

Riobamba, 28 de Abril de 2023



Dayana Carolina Jara Adame

175033325-2

ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO
FACULTAD DE CIENCIAS
CARRERA MATEMÁTICA

El Tribunal del Trabajo de Integración Curricular certifica que: el Trabajo de Integración Curricular:
Tipo: Proyecto de Investigación, **APLICACIÓN DE LAS ECUACIONES DIFERENCIALES AL PROBLEMA DE CADUCIDAD DE LOS ALIMENTOS**, realizado por la señorita: **DAYANA CAROLINA JARA ADAME**, ha sido minuciosamente revisado por los Miembros del Tribunal del trabajo de titulación, el mismo que cumple con los requisitos científicos, técnicos, legales, en tal virtud el Tribunal Autoriza su presentación.

	FIRMA	FECHA
Ing. María José Mendoza Salazar, Mgs PRESIDENTE DEL TRIBUNAL		2023-04-28
Ing. Alex Eduardo Pozo Valdiviezo, MSc DIRECTOR DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR		2023-04-28
Mat. Luis Marcelo Cortez Bonilla ASESOR DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR		2023-04-28

DEDICATORIA

Este trabajo está dedicado a Dios quien ha sido mi guía, fortaleza y su mano de fidelidad y amor han estado conmigo hasta el día de hoy, a mis padres y hermano que me apoyaron y contuvieron los momentos malos. Gracias por enseñarme a afrontar las dificultades sin perder nunca la cabeza ni morir en el intento; me han enseñado a ser la persona que soy hoy, mis principios, mis valores, mi perseverancia y mi empeño. Todo esto con una enorme dosis de amor y sin pedir nada a cambio, a Enrique, David y Miguel, quienes me han enseñado que hay que salir adelante, aunque ya no estén con nosotros. Finalmente, quiero dedicar este trabajo a toda mi familia y amigos/as, por apoyarme cuando más los necesité, por extender su mano en momentos difíciles y por el amor brindado cada día, de verdad mil gracias.

Carolina

AGRADECIMIENTO

En primer lugar, deseo expresar mi agradecimiento al director de este trabajo, Ing. Alex Pozo MSc., por la dedicación y apoyo que ha brindado a este trabajo, por el respeto a mis sugerencias e ideas y por la dirección y el rigor que ha facilitado a las mismas. Gracias por la confianza ofrecida desde que se inició el trabajo, un trabajo de investigación es también fruto del reconocimiento y del apoyo vital que nos ofrecen las personas que nos estiman, sin el cual no tendríamos la fuerza y energía que nos anima a crecer como personas y como profesionales. Gracias a mi familia, que me dieron todo lo que necesité; ustedes han sido siempre el motor que impulsa mis sueños y esperanzas, quienes estuvieron siempre a mi lado en los días y noches más difíciles durante mis horas de estudio, siempre han sido mis mejores guías de vida. Hoy, cuando concluyo mis estudios, les dedico a ustedes este logro, como una meta más conquistada y gracias a mis amigos, que siempre me han prestado un gran apoyo moral y humano, necesarios en los momentos difíciles.

A todos, muchas gracias. .

Carolina

ÍNDICE DE CONTENIDO

ÍNDICE DE TABLAS.....	viii
ÍNDICE DE ILUSTRACIONES	ix
RESUMEN	xi
ABSTRACT.....	xii
INTRODUCCIÓN	1

CAPÍTULO I

1. PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN	2
1.1. Planteamiento del problema	2
1.2. Objetivos	2
1.2.1. <i>Objetivo general</i>	2
1.2.2. <i>Objetivos específicos</i>	2
1.3. Justificación	2

CAPÍTULO II

2. MARCO TEÓRICO	4
2.1. Antecedentes de la investigación	4
2.2. Dinámica de población	6
2.3. Modelos cinéticos.....	10
2.4. Equilibrio y estabilidad.....	13
2.5. Métodos numéricos para ecuaciones diferenciales ordinarias	16
2.5.1. <i>Método de Euler</i>	16
2.5.2. <i>Método de Taylor</i>.....	18
2.5.3. <i>Método Runge-Kutta</i>	19

CAPÍTULO III

3. MARCO METODOLÓGICO	22
3.1. Descripción del enfoque de la investigación.....	22
3.2. Descripción del nivel de investigación.....	22

3.3.	Descripción del diseño de la investigación	22
------	--	----

CAPÍTULO IV

4.	MARCO DE ANÁLISIS E INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS	24
4.1.	Modelado matemático	24
4.1.1.	<i>Modelo matemático asociado al proceso fermentativo</i>	24
4.2.	Análisis de estabilidad	26
4.3.	Simulación.....	29
4.4.	Análisis de la estabilidad de cada modelo	38
4.4.1.	<i>Cálculo de vida útil del vino</i>	39

CAPÍTULO V

5.	CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	42
5.1.	Conclusiones	42
5.2.	Recomendaciones	42

BIBLIOGRAFÍA

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1-4: Descripción de los parámetros utilizados para determinar la vida útil de vino. . .	30
Tabla 2-4: Caracterización de los puntos fijos para los cinco modelos matemáticos.....	39
Tabla 3-4: Tiempo de fermentación del vino.....	41

ÍNDICE DE ILUSTRACIONES

Ilustración 1-4: Quimiostato con un flujo continuo de entrada y salida.....	25
Ilustración 2-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con $\mu = 0.01$	30
Ilustración 3-4: Crecimiento microbiano con el método de Taylor de orden 2 con $\mu = 0.2$	31
Ilustración 4-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$	31
Ilustración 5-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con $\mu = 0.01$	32
Ilustración 6-4: Crecimiento microbiano con el método de Taylor de orden 2 con $\mu = 0.2$	32
Ilustración 7-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$	33
Ilustración 8-4: Crecimiento microbiano con el método de Euler con $\mu = 0.01$	33
Ilustración 9-4: Crecimiento microbiano con el método de Taylor de orden 2 con $\mu = 0.2$	34
Ilustración 10-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$	34
Ilustración 11-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con $\mu = 0.01$	35
Ilustración 12-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Taylor de orden 2 con $\mu = 0.2$	35
Ilustración 13-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$	36
Ilustración 14-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con $\mu = 0.01$	36
Ilustración 15-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Taylor de orden 2 con $\mu = 0.2$	37
Ilustración 16-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$	37

RESUMEN

La fecha de caducidad, es la fecha límite a partir de la cual un producto no se debe consumir, aunque se han respetado las condiciones de conservación. Más allá de esta fecha, el producto puede ser peligroso para la salud. Es decir, es una cifra que indica el tiempo que transcurre desde su elaboración hasta su deterioro, por lo que, el objetivo del presente trabajo fue estudiar los diversos modelos cinéticos descritos por ecuaciones diferenciales ordinarias e implementarlos numéricamente con ayuda de un software matemático. La metodología implementada tuvo un enfoque mixto, es decir, cualitativo y cuantitativo; es de carácter cualitativo, puesto que vamos a estudiar sobre la teoría de estabilidad para Ecuaciones Diferenciales Ordinarias; entender y explicar las soluciones en estado estable y es de tipo cuantitativo, ya que nos centraremos en el análisis matemático y numérico de los modelos como en el cálculo de la fecha de caducidad del alimento; que soporta una investigación de tipo documental. Mediante esta metodología se logró analizar la estabilidad, el comportamiento dinámico, los puntos de equilibrio de cada modelo de crecimiento y así saber cuál de ellos es el más apto para hallar la vida útil de un alimento. En este contexto se concluye que al aplicar los diversos modelos, analizando cada uno de los parámetros utilizados, será el más óptimo para hallar la fecha de caducidad del alimento.

Palabras clave: <MATEMÁTICA>, <ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIA>, <VINO>, <VIDA ÚTIL>, <MODELOS MATEMÁTICOS>.

1229-DBRA-UPT-2023



ABSTRACT

The expiration date is the date beyond which a product should not be consumed, even if the storage conditions have been respected. Beyond this date, the product may be hazardous to health. It is a figure that indicates the time that elapses from its preparation to its deterioration. Therefore, the aim of the present work was to study the various kinetic models described by ordinary differential equations and to implement them numerically with the help of mathematical software. The methodology implemented had a mixed approach, that is, qualitative and quantitative; it is qualitative, since we are going to study about the stability theory for Ordinary Differential Equations; to understand and explain the solutions in stable state and it is quantitative, we will concentrate on the mathematical and numerical analysis of the models as in the calculation of the food expiration dates; which supports a documentary type research. By means of this methodology, it was possible to analyze the stability, dynamic behavior and equilibrium points of each growth model and thus know which of them is the most suitable to find the shelf life of a food. In this context, it is concluded that by applying the various models, analyzing each of the parameters used, it will be more optimal to find the expiration date of the food.

Keyword: <MATHEMATICS>, <ORDINARY DIFFERENTIAL EQUATIONS>, <WINE>, <SHELF LIFE>, <MATHEMATICAL MODELS>.

Dra. Nanci M. Inca Ch. Mgs.

0602926719

INTRODUCCIÓN

Las ecuaciones diferenciales nos permiten describir procesos, fenómenos como son la difusión de calor, flujos, circuitos eléctricos o crecimientos de una población, entre otros. Hay varios campos donde las ecuaciones diferenciales son importantes para la resolución de los problemas en la vida real, pero en particular, las ecuaciones diferenciales son utilizadas con éxito en el área de Ingeniería en Alimentos; específicamente en el análisis de caducidad de los alimentos, ya que, a veces no prestamos la atención que merece la fecha de vencimiento de los alimentos.

Estudiar la vida útil de los alimentos es necesario para evitar sobreestimar o subestimar la vida útil real del producto. Hallar la vida útil de los alimentos no es tarea fácil, debido a que los sistemas alimentarios son muy complejos y constan de una gran cantidad de componentes, los más importantes son: carbohidratos, proteínas, lípidos, minerales, levaduras, vitaminas y suplementos. Para este trabajo se requiere un estudio exhaustivo de las características internas y externas de los alimentos. Para lograr este objetivo, se estudiaron los siguientes capítulos:

Capítulo 1.- En este capítulo se describe detalladamente el problema presentado, el objetivo general y específicos del estudio, la justificación de la elaboración de este documento y los avances que se han dado en la conservación de alimentos a través de la historia.

Capítulo 2.- Se estudia ciertos modelos de dinámica de población que están muy relacionados con los modelos cinéticos a utilizar en la investigación, porque permiten visualizar el comportamiento de los microorganismos al momento de hallar la vida útil del alimento. Para entender su comportamiento se debe comprender su equilibrio y estabilidad. Posterior a esto se aplican los métodos numéricos, los cual nos ayudará a estimar cuál de estos métodos es el más viable para encontrar la vida útil del alimento.

Capítulo 3.- En el capítulo se explica como fue desarrollado este documento, cuál fue su enfoque, diseño y el software utilizado para que esta investigación se desarrolle.

Capítulo 4.- El este último capítulo se aplican todos los datos obtenidos acerca de la fermentación del vino a los modelos matemáticos para hallar la vida útil de este, se muestran los resultados obtenidos de cada uno, con su respectiva gráfica, gracias a estos modelos se puede comprender cuál de los cinco modelos que se mencionan es el más estable para este proceso.

CAPÍTULO I

1. PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

En este primer capítulo vamos a hablar acerca de cómo ha ido evolucionando la manera de conservar los alimentos a través de la historia, mencionando algunos métodos de conservación que van a la par con los grandes pasos de la humanidad.

1.1. Planteamiento del problema

Describir los diferentes modelos matemáticos asociados al estudio del tiempo de caducidad de los alimentos y simularlos para observar las diferencias entre ellos.

1.2. Objetivos

1.2.1. *Objetivo general*

Estudiar los diversos modelos cinéticos descritos por ecuaciones diferenciales ordinarias e implementarlos numéricamente con ayuda de un software matemático.

1.2.2. *Objetivos específicos*

1. Estudiar los modelos de Monod, Tessier, Moser, Haldane y Hinshelwood y sus aplicaciones.
2. Estudiar la teoría de estabilidad para Ecuaciones Diferenciales Ordinarias para estos modelos.
3. Aplicar los modelos de Monod-Hinshelwood para la determinación de la vida útil de un producto alimenticio.

1.3. Justificación

En el mercado se hallan productos con una fecha de caducidad de varios meses, mientras que otros son de solo unos días. ¿Cómo se determinan estas fechas?, a través de la vida útil, que es el periodo de tiempo durante el que se mantiene una calidad adecuada. Antes de que un producto salga a la venta, deben realizarse los estudios de vida útil. Que la duración sea más larga o menos depende de las características de los alimentos y de las técnicas de conservación de los mismos.

Existen diferentes modelos matemáticos que nos sirven de herramientas para la simulación de procesos de descomposición, para así obtener información detallada del comportamiento de cada

una de ellas en cualquier instante del tiempo. En esta sección se presentará las expresiones de los modelos de crecimiento microbiano utilizando la teoría de ecuaciones diferenciales ordinarias (García, E., 2022).

CAPÍTULO II

2. MARCO TEÓRICO

2.1. Antecedentes de la investigación

La conservación de los alimentos está estrechamente relacionada con la evolución humana, ya que ha sido fundamental para la supervivencia, por tal motivo se han desarrollado diferentes métodos de conservación, a continuación se mencionan algunos de los eventos más importantes. En la época primitiva se conoce técnicas muy rudimentarias desarrolladas a veces por fruto de la casualidad, tenían como principios el aire, el sol, la sal, el fuego y el hielo; sin duda estos son unos de los primeros métodos de conservación, desde esta época los fondos de las cuevas se utilizaban para conservar los alimentos; porque eran los lugares más frescos, las fosas excavadas en el suelo y tapadas, servían para proteger los alimentos de los animales; la carne, pescados y las plantas se secaban al aire y al sol.

Posteriormente, los griegos descubrieron que al recubrir las frutas y alguna verdura con cera virgen se conservan mejor y más frescas, además si se añadía miel y se las cocía en odres impermeabilizados con resina, se conservaban durante semanas. Al pasar los años aparecen los adobos con el fin de poder conservar la carne durante más tiempo, algo que en la antigüedad era bastante complicado. Esto influyó mucho en la productividad de la carne, las fuentes nos muestran de un modo genérico que en la época de Lombarda, el adobo de la carne de cerdo recibió un gran desarrollo. Luego con la llegada del bórax, los métodos de adobo y conservación de carnes tuvo un enorme desarrollo durante el medioevo, la forma más común del boro presente en la naturaleza ha sido conocido por miles de años, se descubrió por primera vez en los lechos de pantanos secos del Tíbet.

Con el pasar de los años surgieron más técnicas, algunas fueron mejoradas, así fue cuando surgió la técnica de la salazón y el ahumado aportada por los egipcios, pero también usado como curado junto con la salmuera en Roma. En el año 1350 se conservaban depósitos de nieve en instancias excavadas en piedra llamadas heleras, se acumulaban bloques de hielo en las épocas frías, además cabe mencionar que el conservante que revoluciona todas estas técnicas fue el azúcar de caña, originaria en la India.

Durante la Revolución Francesa, más precisamente en 1770, se descubre de forma empírica los primeros procesos de empaque "al vacío", lo que permitió que los alimentos mantengan sus características sin alteraciones por largos periodos de tiempo. Posteriormente, en el siglo XIX, ya con la aparición de los agentes conservadores, estos han sido ampliamente utilizados a lo largo de la historia debido a sus múltiples funciones que pueden encontrarse en productos farmacéuticos, bebidas y alimentos empleados en estos últimos como aditivos alimentarios de acción conservadora y antioxidante que después para el año de 1880 Pasteur explica científicamente el fundamento de este método de conservación dando a conocer la existencia de los microorganismos causantes de la alteración de los alimentos desarrollo así la pasteurización.

En la llegada del siglo XX se posiciona la conservación de alimentos, cambiando en su totalidad la perspectiva y trayendo no solo un cambio, sino también una adaptación, aquí surge la irradiación, esta técnica consiste en alargar la duración de muchos alimentos; consiste también en someter a radiar los alimentos con rayos gamma y eliminar las bacterias, parásitos, moho y conservar mejor los alimentos. Además, debido a los avances tecnológicos, la industria desarrolla máquinas cada vez más sofisticadas en la lucha contra los microorganismos, nuevas técnicas como la congelación; hojalata galvanizada más económica y fáciles de transportar compiten con los envases de cristal. En la segunda mitad del siglo XX se desarrolló una nueva industria que fabrica nuevas sustancias que añadidas a los métodos tradicionales pueden conservar alimentos durante décadas, los conservantes. A finales del siglo XX lo que más destaca es la liofilización y el descubrimiento de envases como el tetrabrik y los polímeros plásticos.

Actualmente, gracias a nuevas tecnologías, surgen nuevos métodos los cuales se utilizan varios tipos de tratamientos como son: alta presión, pulsos eléctricos de alta densidad de campo, inducción, microondas, cocción al vacío y calentamiento químico, todo esto nos deja muy en claro la manera en la que ha ido evolucionando las cosas, desde el hombre primitivo como el fuego hasta en la actualidad sometiendo la leche a temperaturas altas para esterilizarla, al final del día todos y cada uno de estos métodos tienen una simple finalidad la cual es conservar los alimentos.

A continuación se explica ciertos modelos de dinámicas de población que permiten ver los cambios que tienen las poblaciones biológicas para poder hallar la vida útil de los alimentos. Además, se va a hablar acerca del equilibrio y estabilidad, lo cual se utiliza en las ecuaciones diferenciales para obtener soluciones a través de algunos métodos de resolución.

2.2. Dinámica de población

La dinámica de poblaciones es el estudio de los cambios que sufren las comunidades biológicas, así como los factores y mecanismos que los regulan. El estudio de las fluctuaciones en el tamaño y/o densidad de las poblaciones naturales se basa en tres pilares fundamentales: una serie de principios teóricos generales que subyacen al cambio poblacional, la formalización e interpretación de estos principios a través de modelos matemáticos, y por último, la interpretación de estos principios y modelos en términos de mecanismos biológicos (Ripa, R. & Larral, P., 2008).

La dinámica de poblaciones fue, tradicionalmente, el campo dominante de la biología matemática. Está relacionada con otra área activa de investigación en biomatemática: la epidemiología matemática, e incluye el estudio de las enfermedades infecciosas que afectan las poblaciones. Varios modelos de dispersión viral se propusieron y analizaron, y estos proveen resultados importantes que pueden ser aplicados a estrategias de control (Sharov, A., 2008) Así, presentaremos algunos de los modelos clásicos de la dinámica poblacional.

Modelo de Malthus

Thomas Malthus desarrolló y analizó el primer modelo de evolución sobre el número $P(t)$ de habitantes de una población determinada con respecto al tiempo $t \geq 0$. Este modelo nos ayuda a mostrar la forma en que evoluciona el número de habitantes $P(t)$ de una población conforme pasa el tiempo, puesto que en todas las poblaciones se cumple el ciclo biológico sin importar la especie que se observe. Por lo general, lo que más afecta a $P(t)$ son los nacimientos y las muertes.

Ahora para mejor comprensión:

- P es la cantidad de la población.
- $P(t)$ es el número de habitantes con respecto al tiempo.
- k es la constante de crecimiento relativa de la población.

En efecto, la hipótesis de Malthus nos dice que la velocidad de crecimiento de la población es proporcional al tamaño de la población, es decir, que la población crecía en progresión geométrica, teniendo en cuenta la condición inicial; que nuestra población inicial es $P(0) = P_0 \geq 0$ Para llegar a la ecuación diferencial primero se estudia la variación de la población ΔP , teniendo en cuenta que las variaciones se producen por los nacimientos y muertes que tienen lugar en un intervalo de tiempo Δt , tendríamos:

$$\Delta P = (N - M)\Delta t \quad (2.1)$$

Es natural considerar que el número de nacimientos y muertes son proporcionales al tamaño de la población, entonces:

$$N = nP, \quad M = mP. \quad (2.2)$$

Reemplazando los valores de N y M tendríamos:

$$\Delta P = [P(n - m)]\Delta t. \quad (2.3)$$

Ahora, como $n - m$ es la constante relativa de crecimiento, la cual se da por los nacimientos y muertes dados, $k := n - m$, tenemos que:

$$\Delta P = kP\Delta t. \quad (2.4)$$

Ahora

$$\frac{\Delta P}{\Delta t} = kP. \quad (2.5)$$

Así obtenemos la variación de la población con respecto al tiempo, y haciendo un paso al límite vemos que:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{\Delta P}{\Delta t} = kP(t). \quad (2.6)$$

Por ende, obtenemos así, la ecuación diferencial de Malthus

$$P'(t) = kP(t). \quad (2.7)$$

La idea del modelo, es la suposición de que la velocidad a la cual crece la población es proporcional al tamaño de la población. Adicionalmente, notemos que la solución general de (2.7) viene dada por:

$$P(t) = C \exp(kt). \quad (2.8)$$

Como se conoce la población inicial $P(0)$, arribamos así a la siguiente solución particular

$$P(t) = P_0 \exp(kt). \quad (2.9)$$

Esto significa que, en un tiempo inicial t_0 de una población P_0 , la población P crecerá exponencialmente sin control.

A partir de la ecuación (2.9) se define el **tiempo de duplicación** T como $P(T) = 2P(0) = 2P_0$, que es, el tiempo para que las bacterias se dupliquen en número, y viene dado por

$$T = \frac{\ln 2}{k}. \quad (2.10)$$

Mientras que si una comunidad de bacterias, u otro microorganismo, va desapareciendo con una tasa s , entonces su densidad P satisface

$$\frac{dP}{dt} = -sP,$$

y

$$P(t) = P(0) \exp(-st).$$

La densidad poblacional se reduce a la mitad en el tiempo \tilde{T} , denominado **vida media**, dado por

$$\tilde{T} = \frac{\ln 2}{s}. \quad (2.11)$$

Modelo de Verhulst

A finales del siglo XVIII, el economista inglés Thomas Robert Malthus, publicó la obra *Ensayo sobre el principio de la población* (1798) en la que expuso y defendió su teoría sobre el crecimiento demográfico, según las cuales la población humana tiende a crecer en progresión geométrica (Basulto, J. & García del Hoyo, J., 2009). Obviamente, esta predicción no es verosímil, pues no existe ninguna población que pueda crecer de forma ilimitada, ya que, los recursos siempre limitan el crecimiento, al igual que el aforo o capacidad del medio. Este inconveniente motivó históricamente que se formularan otros modelos que superasen este inconveniente. Fue el matemático belga Pierre François Verhulst quien años después de Malthus introdujo un término de freno no lineal. Este modelo está representando por la siguiente expresión:

$$P(t) = P_0 \exp(kt). \quad (2.12)$$

Posterior a este modelo, Verhulst tuvo la idea de construir un modelo similar al de Malthus en el cual demostró que la tasa de crecimiento no es constante, sino que esta está limitada directamente a su densidad. Es por esto que Verhulst añadió al modelo de Malthus una función variable, teniendo por hipótesis que $0 \leq N \leq K$, es decir, que se tendrá una población máxima o mínima; obteniéndose así:

$$\frac{dP}{dt} = c(P)P(t), \quad (2.13)$$

donde $c(P)$ es la tasa de crecimiento per cápita, es decir, una cantidad de cambio en el tamaño de la población respecto al tiempo.

Para llegar al modelo, se inicia por construir la expresión de $c(P)$ y se lo va a realizar mediante una función g tal que se tenga la relación:

$$c(P) = rg(P) \quad (2.14)$$

donde r es el índice de crecimiento de la población por cada individuo y $g(P)$ es un supuesto de equilibrio de K , siendo K la población máxima.

Primero consideremos las siguientes restricciones para la función $g(P)$, siendo $g(P)$ la diferencia entre los nacimientos y las muertes, por ende $N \rightarrow 0$.

Aquí consideramos el comportamiento de la población inicial, es por esto que calculamos el límite:

$$\lim_{N \rightarrow 0} g(P) = 1 \Rightarrow N \rightarrow k.$$

Por el contrario, aquí se considera el comportamiento de la población en un cierto tiempo

$$\lim_{N \rightarrow k} g(P) = 0,$$

con estas restricciones podemos decir que:

$$g(P) = \frac{k-N}{k} \Rightarrow g(P) = 1 - \frac{N}{k} \quad (2.15)$$

Ahora reemplazamos la función $c(P) = g(P)$, tendríamos la ecuación de Verhulst:

$$\frac{dP}{dt} = rP \left(1 - \frac{P(t)}{k}\right) \quad (2.16)$$

Como se conoce la población inicial, podemos obtener así la siguiente solución particular

$$P(t) = P_0 e^{\int r(1 - \frac{P}{k}) dP} \quad (2.17)$$

ecuación que en Biología se denomina *ecuación de Verhulst*, en honor a su autor, y que describe un modelo de crecimiento autolimitado de una población, conocido también como modelo logístico de crecimiento poblacional (Martínez, E., 2008).

Crecimiento Logístico

Tras la muerte de Verhulst en 1920, el biólogo americano Raymond Pearl, en colaboración con el matemático L.J. Reed, redescubren la función logística como un simple modelo de crecimiento demográfico (Basulto, J. & García del Hoyo, J., 2009).

Para la ecuación del crecimiento logístico, tenemos que realizar el cambio de variable siguiente a la ecuación 2.14 de donde nuestra ecuación nos queda expresada como:

$$\frac{dP}{dt} = rP \left(1 - \frac{P}{k}\right) \quad (2.18)$$

Luego vemos que la solución a esta ecuación con una condición inicial

$$P(0) = P_0$$

es dada por

$$P(t) = \frac{P_0 e^{rt}}{1 + \frac{P_0}{k}(e^{rt} - 1)} \quad (2.19)$$

Realmente, para derivar (2.19), reescribimos (2.18) bajo la forma

$$\frac{dP}{P(1 - \frac{P}{k})} = r dt,$$

o a su vez

$$\left(\frac{1}{P} + \frac{1}{k} \frac{1}{1 - \frac{P}{k}} \right) dP = r dt,$$

e integrar para obtener

$$\ln P - \ln \left(1 - \frac{P}{k} \right) = rt + C,$$

con C una constante.

Entonces

$$\frac{P}{1 - \frac{P}{k}} = Ce^{rt},$$

y resolviendo para P se obtiene

$$P(t) = \frac{Ce^{rt}}{1 + \frac{C}{k}e^{rt}} = \frac{k}{1 + \frac{k}{C}e^{-rt}}. \quad (2.20)$$

Sustituyendo $t = 0$, $P(0) = P_0$, encontramos el valor de la constante C :

$$1 + \frac{k}{C} = \frac{k}{P_0}, \text{ o } C = \frac{P_0}{1 - \frac{P_0}{k}}.$$

Si sustituimos C en la ecuación (2.20), alcanzando así la expresión (2.19) para la solución de la ecuación (2.18), obteniendo así la **función logística**.

A continuación, vamos a estudiar el límite para que la población deje de crecer cuando alcanza el tamaño máximo k . Para ello consideramos el siguiente límite:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P(t) = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{P_0 e^{rt}}{1 + \frac{P_0}{k} (e^{rt} - 1)} = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{P_0}{-\frac{1}{e^{rt}} + \frac{P_0}{k} (1 - \frac{1}{e^{rt}})} = \frac{P_0}{\frac{P_0}{k}} = k.$$

En el modelo de crecimiento logístico (o de Verhulst) se establece que a mayor población, P , menor tasa de crecimiento. Inicialmente, la población crece rápido, por lo que es una fuente de presión constante, y pierde su capacidad de crecer al volverse muy numerosa, debido a interacciones entre los miembros de la población, lo que da como resultado un estado de equilibrio. A diferencia del modelo de crecimiento exponencial, donde la población siempre crece, este modelo se apega más a la realidad (Ulloa, J.; et al., 2013).

Luego de hablar sobre los modelos más conocidos de dinámicas de poblaciones, pasamos a comentar acerca de cinco modelos de crecimiento exponencial, que son habituales en el estudio de los tiempos de caducidad de alimentos.

2.3. Modelos cinéticos

Los procesos alimenticios, como la fermentación o el leudado, se pueden describir por diferentes ecuaciones diferenciales, las cuales especifican el crecimiento microbiano. La más famosa de ellas es la expresión propuesta por Monod (Monod, J., 1949). Aunque cada uno de estos modelos puede

ser delineado por una expresión flexible, en general de tres parámetros, la falta de compatibilidad con los datos experimentales ha conducido a desarrollar expresiones alternas como las propuestas por Teissier, Moser, Haldane y Hinshelwood, entre otras como (Haldane, B., 1939), (Hinshelwood, N., 1926), (Moser, A., 2012) y (Teissier, G., 1942). A continuación, detallaremos los modelos de crecimiento microbiano mencionados anteriormente.

Modelo de Monod

Monod en 1942 desarrolló una ecuación muy simple para representar los procesos bioógicos que funciona en general muy bien. Para ello asumió que, si bien pueden existir muchos sustratos, uno de ellos será el limitante. En este modelo se asume que la producción de biomasa depende exclusivamente de la concentración de este sustrato limitante, la velocidad de crecimiento de biomasa (Velasco, D., 2020), puede representarse como sigue:

$$\mu = \mu_{max} \frac{S}{S + K_s} \quad (2.21)$$

Donde μ es la tasa de crecimiento específica (h^{-1}), $\mu_{m\acute{a}x}$ es la tasa de crecimiento específica máxima (h^{-1}), S es la concentración de sustrato limitante (gL^{-1}) y K es el coeficiente de semisaturación (gL^{-1}) y K_s es una constante de saturación; Se puede observar como su gráfica cambia cuando aplicamos diferentes valores de la *velocidad máxima específica* ($\mu_{m\acute{a}x}$) y de la *constante de concentración de sustrato* (K_s).

Modelo de Teissier

Modelo propuesto en 1936, previo al modelo de Monod y fundamentado en un punto de partida diferente al mismo, explicando el efecto de las hormonas en el crecimiento de ciertos cultivos. Este introdujo el concepto de deficiencia de crecimiento, hipótesis que resultó mostrando la relación semilogarítmica entre la velocidad de crecimiento y la concentración de biomasa (Calderón, J., 2017).

$$\mu = \mu_{max} \left[1 - \exp\left(-\frac{S}{K_s}\right) \right] \quad (2.22)$$

Donde $\mu_{m\acute{a}x}$, S y K_s representan tasa de crecimiento específico, concentración de sustrato y constante de saturación, respectivamente.

Modelo de Moser

Este modelo nació como una modificación al modelo de Monod también en 1958, y se considera como una buena aproximación cuando la composición celular es independiente del tiempo de

proceso. Se caracteriza porque en su formulación, está implícita la consideración del efecto de la propagación de especies mutantes en la población bacteriana (Calderón, J., 2017).

$$\mu = \mu_{max} \frac{S^n}{K_s + S^n}. \quad (2.23)$$

Donde μ_{max} es la tasa crecimiento específico, S es la concentración de sustrato, K_s es la constante de saturación y n es el parámetro que indica, bajo qué concentraciones reducidas de ciertos nutrientes, la población de microorganismos modifica su estructura genética con el fin de adaptarse al medio (Calderón, J., 2017).

Modelo de Haldane

Este modelo desarrollado en 1930, y utilizado ampliamente en sistemas en discontinuo estudio, entre otras cosas, las capacidades de adaptación de microorganismos al medio. Además de esto, es matemáticamente simple para su desarrollo y es una buena representación de la presencia de sustratos inhibitorios en el medio (Calderón, J., 2017). Al hablar de sistemas en discontinuo se refiere a la fermentación en discontinuo con alimentación intermitente, es un proceso en el cual el biorreactor es alimentado continua o secuencialmente con sustrato, sin la eliminación del medio de fermentación (Roukas, T. & Kotzekidou, P., 1998).

$$\mu = \mu_{max} \frac{S}{K_s + S + K_I S^2}. \quad (2.24)$$

Donde μ_{max} , S , K_s y K_I representa la tasa, crecimiento específico, concentración de sustrato, constante de saturación y es la constante de inhibición por sustrato (gL^{-1}), respectivamente.

Modelo de Hinshelwood

Gran parte de estos modelos tienen una fuerte relación con la teoría utilizada en los modelos cinéticos por limitación de sustrato, pero la corrigen en función de la inhibición generada por la concentración de productos (P) en la fermentación. Dicha inhibición es representada por los parámetros cinéticos: $K_p P$, el cual se define como la concentración de producto con la cual la velocidad de crecimiento máxima se reduce a la mitad (Moser, A., 2012) y P , que se define como la concentración de producto a la cual el microorganismo ya no crece (Gallegos, C., 2020).

$$\mu = \mu_{max} \frac{S}{K_s + S} (1 - K_p P). \quad (2.25)$$

Donde μ_{max} , S , K_s y $K_p P$ representa la tasa de crecimiento específico, concentración de sustrato, constante de saturación (gL^{-1}) y constante de inhibición por producto, respectivamente.

Podemos observar de las expresiones (2.21) - (2.25) la sencillez que brinda la ecuación de Monod a diferencia de las ecuaciones restantes Teissier, Mosser, Haldane y Hinshelwood, que cuentan con mínimo dos o más parámetros adaptables. Debemos caer en cuenta que estas últimas expresiones son el resultado de modelos planteados con la finalidad de mejorar el ajuste de los datos experimentales, así que no tienen un principio bioquímico.

2.4. Equilibrio y estabilidad

Dentro del estudio de las ecuaciones diferenciales, nos centramos en el problema de obtener soluciones, a través de algunos métodos de resolución de ciertos tipos de ecuaciones y sistemas diferenciales. Pero no siempre hay ecuaciones o sistemas de ecuaciones en los cuales a través de estos métodos de resolución podamos encontrar la solución. Por ende se necesita otro enfoque al estudio de las ecuaciones y sistemas diferenciales, dicho enfoque se centra en obtención de información cualitativa sobre el comportamiento de las soluciones. El interés principal en esta perspectiva se debe a que muchas ecuaciones diferenciales no las sabemos resolver e incluso, aunque se pudieran calcular sus soluciones, a veces no es necesario determinarlas explícitamente, pues solo se pretende conocer el comportamiento de las mismas y puede resultar costoso la obtención de dichas soluciones para el estudio que se quiere realizar.

Se debe recalcar también que aquí consideramos solamente ecuaciones o sistemas de ecuaciones autónomos, es decir, ecuaciones de la forma $x'(t) = f(x)$; en donde la variable independiente t no aparece explícitamente en el segundo miembro de la ecuación dada. Posteriormente, incluimos las definiciones de punto de equilibrio así como criterios sobre la estabilidad de dicho punto de equilibrio.

Si x^* es un punto tal que $f(x^*) = 0$, entonces la única solución de la ecuación diferencial $\frac{dx}{dt} = f(x)$ con condición inicial $x(t_0) = x^*$, es claramente $x(t) = x^*$. Tal punto x^* se denomina **punto de equilibrio**, estado estacionario o punto estacionario. Por la fórmula de Taylor,

$$f(x) = f(x^*) + f'(x^*)(x - x^*) + (x - x^*)\epsilon(x - x^*)$$

donde $\epsilon(x - x^*)$ tiende hacia cero cuando x se acerca hacia x^* .

Suponemos que x^* es un punto de equilibrio tal que $f'(x^*) < 0$. Considerando ahora $y = x - x^*$ y utilizando la ecuación $\frac{dx}{dt} = f(x)$, obtenemos entonces

$$\frac{dy}{dt} = f'(x^*)y + y\epsilon(y),$$

donde $\epsilon(y)$ tiende a cero cuando y tiende a cero.

Si $|y|$ es suficientemente pequeño para que $|\varepsilon(y)| < \frac{1}{2}|f'(x^*)|$, entonces, para $y > 0$,

$$\frac{dy}{dt} < f'(x^*)y + \frac{1}{2}|f'(x^*)|y = f'(x^*)y - \frac{1}{2}f'(x^*)y = \frac{1}{2}f'(x^*)y,$$

de tal manera que

$$\frac{dy}{dt} < 0 \quad \text{si } y > 0$$

e $y = y(t)$ va disminuyendo hacia $y = 0$. Similarmente

$$\frac{dy}{dt} > 0 \quad \text{si } y < 0,$$

de modo que $y = y(t)$ va creciendo hacia $y = 0$.

Por tanto, cuando $f'(x^*) < 0$, la solución $x(t)$, comenzando alrededor de x^* , se mueve hacia x^* cuando t crece; de hecho, $x(t) \rightarrow x^*$ cuando $t \rightarrow \infty$. Por lo tanto, llamamos a x^* un **equilibrio estable**. Similarmente, si

$$f'(x^*) > 0$$

entonces las soluciones se inician cerca de x^* se alejan de x^* mientras estén dentro a una distancia pequeña de x^* . Llamamos a tal punto x^* un **equilibrio inestable**.

Un punto de equilibrio x_0 se dice **globalmente (asintóticamente) estable** si $x(t) \rightarrow x_0$ para cualquier trayectoria $x(t)$ cuyo valor inicial $x(0)$ no es un punto de equilibrio.

Sistemas de ecuaciones diferenciales

Escribimos el sistema como

$$\frac{dx_i}{dt} = f_i(x_1, x_2, \dots, x_n), \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (2.26)$$

o, en notación vectorial

$$\frac{dx}{dt} = f(x) \quad (2.27)$$

donde $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)$, $f = (f_1, f_2, \dots, f_n)$.

Un punto $x_0 = (x_{01}, x_{02}, \dots, x_{0n})$ tal que $f(x_0) = 0$ es denominado un **punto de equilibrio**, del sistema (2.26). La única trayectoria $x(t)$ con $x(0) = x_0$ es entonces $x(t) = x_0$, para todo $t \geq 0$.

Escribiendo $f_i(x) = f_i(x_0) + \sum_{j=1}^n (x_j - x_{j0}) \frac{\partial f_i}{\partial x_j} + \varepsilon(|x - x_0|)$ donde $\varepsilon_j(s) \rightarrow 0$ si $s \rightarrow 0$, vemos que el sistema lineal de ecuaciones diferenciales

$$\frac{dx_i}{dt} = \sum_{j=1}^n a_{ij}(x_j - x_{j0}), \quad a_{ij} = \frac{\partial f_i(x_0)}{\partial x_j} \quad (2.28)$$

es una buena aproximación a (2.26) cerca de $x = x_0$. Como en el análisis de la sección precedente, deseamos determinar bajo qué condiciones todas las soluciones de (2.28) convergen a x_0 cuando $t \rightarrow \infty$, y en este caso llamamos a x_0 un **punto de equilibrio estable**.

Tratamos de encontrar soluciones de (2.28) en la forma $ve^{\lambda t}$ donde $v = (v_1, v_2, \dots, v_n)$. Entonces λ y v deben satisfacer las ecuaciones

$$\sum_{j=1}^n (a_{ij} - \lambda \delta_{ij}) v_j = 0, \quad j = 1, \dots, n \quad (2.29)$$

o, en forma matricial

$$(J - \lambda I)v = 0 \quad (2.30)$$

donde I es la matriz unitaria, con elementos $\delta_{ij} = 0$ si $i \neq j$, $\delta_{ii} = 1$, y la matriz J viene dada por

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \cdot & \cdot & \ddots & \cdot \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \frac{\partial f_n}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{bmatrix}$$

donde $\frac{\partial f_i}{\partial x_j}$ se calcula en x_0 ; también escribimos $J = \frac{\partial \mathbf{f}}{\partial \mathbf{x}}$. La matriz J se llama la **matriz jacobiana**.

El sistema (2.29) tiene una solución $v \neq 0$ si y solo si λ satisface la ecuación

$$\det(a_{ij} - \lambda \delta_{ij}) = 0. \quad (2.31)$$

Esta ecuación polinomial se llama **ecuación característica**, y las soluciones λ se llaman **valores propios**. Una solución v de (2.30) se denomina **vector propio** correspondiente a λ .

La ecuación (2.31) es una ecuación polinomial de orden n ,

$$\lambda^n + a_1 \lambda^{n-1} + \dots + a_{n-1} \lambda + a_n = 0. \quad (2.32)$$

Es bien sabido que tal ecuación tiene n soluciones, que pueden ser real o imaginario. Si todos los valores propios $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ son diferentes entre sí, entonces la solución general del sistema lineal (2.28) es

$$x(t) = \sum_{j=1}^n c_j v_j e^{\lambda_j t},$$

donde v_j son vectores propios correspondientes a λ_j , y c_j son constantes arbitrarias.

Si $\lambda_1 = \lambda_2$ entonces necesitamos reemplazar $c_2 v_2 e^{\lambda_2 t}$ por $c_2 t v_2 e^{\lambda_1 t}$ donde v_2 es un vector propio que es linealmente independiente de v_1 ; si $\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda_3$, entonces reemplazamos $c_3 v_3$ por $c_3 t^2 v_3$, donde v_3 es linealmente independiente de v_1 y v_2 , etc.

Concluimos que si las partes reales de todos los valores propios son negativas, entonces $x(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$. Como el sistema lineal es una buena aproximación al sistema completo (2.26) cerca del punto x_0 , tenemos el siguiente resultado:

Teorema 2.1. Si $\text{Re} \lambda_j < 0$ para cada valor propio de la matriz jacobiana en x_0 , entonces el punto x_0 es un punto de equilibrio estable para (2.26).

Eso significa que cualquier trayectoria $x(t)$, con $x(0)$ cerca de x_0 , converge a x_0 cuando $t \rightarrow \infty$.

2.5. Métodos numéricos para ecuaciones diferenciales ordinarias

La mayoría de las veces, la solución de un problema de ecuación diferencial ordinaria $\frac{dx}{dt} = f(x, t)$ no tiene una solución analítica. En este caso, se buscan soluciones numéricas que se aproximen a la solución exacta. Dado que las soluciones numéricas son solo aproximaciones, también es importante comprender la precisión y consistencia del método numérico.

Supongamos que el problema de valor inicial viene dado por

$$\frac{dx}{dt} = f(x, t), \quad t \geq t_0, \quad x(t_0) = x_0. \quad (2.33)$$

del cual nos interesa aproximar sus soluciones, así que, a continuación vamos a describir algunos de los métodos numéricos habituales para (sistemas de) ecuaciones diferenciales ordinarias.

2.5.1. Método de Euler

Sea t_n un punto en el tiempo con $t_n \geq t_0$, luego al integrar la ecuación sobre $[t_n, t]$, obtenemos

$$x(t) = x(t_n) + \int_{t_n}^t f(x, \theta) d\theta \approx x(t_n) + (t - t_n)f(x(t_n), t_n). \quad (2.34)$$

La aproximación de la integral en (2.34) es buena siempre que t esté suficientemente cerca de t_n .

Supongamos que nos gustaría calcular la solución de (2.33) en $t = T$, $T > t_0$. Para obtener una solución aproximada en el tiempo T , podemos discretizar el intervalo $[t_0, T]$ en N sub intervalos iguales $[t_n, t_{n+1}]$, $n = 0, \dots, N - 1$, con $t_N = T$ y $t_{n+1} - t_n = h = \frac{T}{N}$.

Denominamos h al tamaño del paso. Usaremos x minúscula para denotar la solución exacta de (2.33) y X mayúscula para denotar la solución aproximada.

Usando la aproximación en (2.34), definimos un esquema numérico por

$$X_{n+1} = X_n + hf(X(t_n), t_n), \quad n = 0, \dots, N - 1 \quad (2.35)$$

donde X_n es la aproximación de $x(t_n)$. A este método se lo llama el **Método de Euler directo**. Una observación importante con respecto al método de Euler directo es que es un **método explícito**, es decir, X_{n+1} se da explícitamente en términos de cantidades conocidas como X_n y $f(X(t_n), t_n)$. Probaremos que el error de este esquema es $O(h)$, que puede derivarse formalmente del desarrollo de Taylor, teniendo como $t_{n+1} = t_n + h$

$$x_{(t_{i+1})} = x(t_i) + h \frac{dx}{dt}(x_i) + \frac{h^2}{2} \frac{d^2x}{dt^2}(x_i) + \dots \quad (2.36)$$

se reescribe la ecuación (2.36) de la siguiente forma

$$x(t_{i+1}) = x(t_i) + h \frac{dx}{dt}(x_i) + hO(h) \quad (2.37)$$

Tomando $\frac{dx}{dt}(x_i) = f(x_i, t_i)$ tenemos:

$$x(t_{i+1}) = x(t_i) + hf(x_i, t_i) + hO(h) \quad (2.38)$$

donde $O(h)$ tiende hacia cero cuando h tiende a cero.

El Método de Euler es consistente, ya que, cuando el tamaño de paso h tiende a 0, el error local de truncamiento, $e_t = O(h)$, también tiende a cero.

Por lo tanto, cuanto menor sea el tamaño del paso de tiempo, más precisa será la solución aproximada. En general, un esquema numérico se denomina k -ésimo orden exacto si el error es $O(h^k)$, donde h es el tamaño de la discretización. Entonces, el método de Euler es preciso de primer orden.

Por otro lado, usando la aproximación en (2.34), definimos otro esquema numérico que es el análogo **implícito** del Método de Euler explícito, que es **el método de Euler hacia atrás**. Así que utilizando nuevamente la aproximación en (2.34), se define el esquema numérico como sigue

$$X_{n+1} = X_n + hf(X_{n+1}, t_{n+1}), \quad n = 0, \dots, N-1. \quad (2.39)$$

Una vez más, debemos tomar en cuenta que en la ecuación (2.39), $f(X_{n+1}, t_{n+1})$ no se conoce, por lo que nos da una ecuación implícita para el cálculo de X_{n+1} .

Como $\frac{dy}{dt}(x_{i+1}) = f(x_{i+1}, t_{i+1})$, despejamos t_{i+1} y obtenemos la ecuación:

$$x_{i+1} = x_i + hf(x_{i+1}, t_{i+1}) + hO(h) \quad (2.40)$$

de forma análoga al caso de Euler explícito, donde el término despreciado es de orden h^2 . Por esta razón, se dice que el método de Euler es de orden 1. El error local es, por lo tanto, probablemente proporcional a h^2 , lo que significa que una reducción en el paso h por un factor de 2 reduce el error local por un factor de 4.

Para obtener la cota del error, recordamos que (2.36), se la puede escribir como:

$$e_t = \frac{h^2}{2} \frac{d^2 X}{dt^2}(\xi) \quad (2.41)$$

siendo e_t el error local de truncamiento, esto se puede expresar de la siguiente manera

$$e_t = Oh^2 \quad (2.42)$$

ya que

$$|e_t| \leq \frac{M}{2} h^2 \quad (2.43)$$

Tomando como M cualquier cota superior de la función $\frac{dx^2}{dt^2}$ en el intervalo t_n y $t_n + h$.

Definiremos el error relativo local en el n -ésimo paso, para poder medir el comportamiento de la técnica numérica utilizada.

$$e_n = \frac{\|x_i - t_i\|}{\|x_i\|} \quad (2.44)$$

El método de Euler explícito se acerca de manera más exacta a la solución verdadera, siempre y cuando el valor de paso h sea más pequeño, ya que usa la derivada en el tiempo anterior. Por el contrario, el método implícito estará por delante porque utiliza la derivada en el siguiente instante. Los dos métodos explícitos e implícitos son similares, la diferencia del modelo implícito es que el polinomio interpolador pasa por el punto (x_{i+1}, t_{i+1}) .

2.5.2. Método de Taylor

Consideramos el problema de valor inicial (2.33). Entonces para $T > t_0$, el desarrollo de Taylor de n -ésimo orden para $x(t_0)$ con N pasos es dada por X_N , donde (X_i) se define recursivamente como sigue:

$$t_{i+1} = t_i + h; \quad X_{i+1} = X_i + hf(X_i, t_i) + \frac{h^2}{2} \frac{\partial f}{\partial t}(X_i, t_i) + \dots + \frac{h^n}{n!} \frac{\partial^{n-1} f}{\partial t^{n-1}}(X_i, t_i). \quad (2.45)$$

con $h = \frac{T}{N}$.

Tiene sentido formular tal definición en vista del desarrollo de la serie de Taylor que se emplea cuando $x(t)$ se conoce abiertamente. Todo lo que se ha hecho es utilizar $f(x, t)$ para $\frac{dx}{dt}$, $\frac{\partial f}{\partial t}(x, t)$ para $\frac{d^2x}{dt^2}$, y así sucesivamente. A continuación, se busca estimar el error que implanta esta aproximación. Se sabe por el Teorema de Taylor que, para cualquier solución que admita un desarrollo de Taylor en el punto t_i , se tiene:

$$x_{(t_{i+1})} = x(t_i) + h \frac{dx}{dt}(x_i) + \frac{h^2}{2} \frac{d^2x}{dt^2}(x_i) + \dots + \frac{h^n}{n!} \frac{d^n x}{dt^n}(x_i) + \frac{h^{n+1}}{(n+1)!} \frac{d^{(n+1)}x}{dt^{n+1}}(\xi) \quad (2.46)$$

donde $\xi \in]t_i, t_{i+1}[$. Utilizando $\frac{dx}{dt} = f(x, t)$, se traduce a

$$x_{(t_{i+1})} = x(t_i) + hf(X_i, t_i) + \frac{h^2}{2} \frac{\partial f}{\partial t}(X_i, t_i) + \dots + \frac{h^n}{n!} \frac{\partial^{(n-1)} f}{\partial t^{(n-1)}}(X_i, t_i) + \frac{h^{n+1}}{(n+1)!} \frac{d^{(n)} f}{dt^n}(x(\xi), \xi) \quad (2.47)$$

Por tanto, el *error de truncamiento local*, es decir, el error introducido en cada paso si los valores calculados anteriormente fueran exactos, viene dado por:

$$e_n = h \frac{h^{n+1}}{(n+1)!} \frac{\partial^{(n)} f}{\partial t^n}(x(\xi), \xi). \quad (2.48)$$

pero hay que notar que desconocemos el valor de ξ , es por esto, que necesitamos dar una cota para el error e_n . Para esto, recordemos que la función f es de clase C^{n+1} sobre $[t_0, T]$, por lo tanto, arribamos a:

$$e_n \leq \frac{h^{n+1}}{(n+1)!} \max_{\xi \in [t_0, T]} \left| \frac{\partial^{(n)} f}{\partial t^n}(x(\xi), \xi) \right|. \quad (2.49)$$

Podemos notar que el método de Taylor tiene un orden de $O(h^{n+1})$. Ahora, dado que el número de pasos de t_0 a T es proporcional a $1/h$, multiplicamos el error por paso por el número de pasos para encontrar un error total de orden $O(h^n)$.

2.5.3. Método Runge-Kutta

En el método de Euler directo, se usó la información sobre la derivada de x en el paso de tiempo dado para deducir la solución al siguiente paso de tiempo. El error de truncamiento local para el método es $O(h^2)$, lo que resulta en una técnica numérica de primer orden. Los métodos de Runge-Kutta son una clase de métodos que utilizan juiciosamente la información sobre la *pendiente* en más de un punto para inferir la solución al paso de tiempo futuro. Analicemos primero la derivación del método Runge-Kutta de segundo orden donde el error local de truncamiento es $O(h^3)$.

Consideramos nuevamente el problema de valor inicial (2.33), y un paso de tiempo h , y la solución X_n en el n -ésimo paso de tiempo, digamos que se desea calcular X_{n+1} de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} K_1 &= hf(X_n, t_n) \\ K_2 &= hf(X_n + \beta K_1, t_n + \alpha h) \\ X_{n+1} &= X_n + aK_1 + bK_2, \end{aligned} \quad (2.50)$$

donde las constantes α , β , a y b deben evaluarse para que el método resultante tenga un error de truncamiento local de orden $O(h^3)$. Notemos que si K_2 toma el valor de cero y a toma el valor de uno, entonces la ecuación (2.57) se reduce al método de Euler directo.

Ahora, a partir de la serie de Taylor de x alrededor de t_n hasta el término que contiene h^2 , es decir:

$$x(t_{n+1}) = x(t_n) + h \frac{dx}{dt} + \frac{h^2}{2} \frac{d^2x}{dt^2} + O(h^3). \quad (2.51)$$

Sin embargo, sabemos por el problema de valor inicial (2.33) que $\frac{dx}{dt} = f(x, t)$ de modo que

$$\frac{d^2x}{dt^2} = \frac{df(x, t)}{dt} = \frac{\partial f}{\partial t} + \frac{\partial f}{\partial x} \frac{dx}{dt} = \frac{\partial f}{\partial t} + f \frac{\partial f}{\partial x} \quad (2.52)$$

Entonces, a partir del análisis anterior, es decir, las ecuaciones (2.51) y (2.52), obtenemos

$$X_{n+1} = X_n + hf(X_n, t_n) + \frac{h^2}{2} \left(\frac{\partial f}{\partial t} + f \frac{\partial f}{\partial x} \right) (X_n, t_n) + O(h^3). \quad (2.53)$$

Sin embargo, el término k_2 en el método Runge-Kutta propuesto de la ecuación (2.51) se puede expandir correctamente a $O(h^3)$ como

$$\begin{aligned} K_2 &= h f(X_n + \beta K_1, t_n + \alpha h) \\ &= h \left[f(X_n, t_n) + \alpha h \frac{\partial f}{\partial t} (X_n, t_n) + \beta K_1 \frac{\partial f}{\partial x} (X_n, t_n) \right] + O(h^3) \end{aligned} \quad (2.54)$$

Ahora, reemplazando K_2 de la ecuación anterior en la ecuación (2.51), obtenemos

$$X_{n+1} = X_n + (a + b)hf(X_n, t_n) + bh^2 \left(\alpha \frac{\partial f}{\partial t} + \beta f \frac{\partial f}{\partial x} \right) (X_n, t_n) + O(h^3) \quad (2.55)$$

Comparando los términos con coeficientes idénticos en las ecuaciones (2.54) y (2.55) nos da el siguiente sistema de ecuaciones para determinar las constantes:

$$a + b = 1; \quad \alpha b = \frac{1}{2}; \quad \beta b = \frac{1}{2}. \quad (2.56)$$

Hay diversas opciones de a , b , α y β que satisfacen la ecuación (2.56), podemos elegir por ejemplo $\alpha = \beta = 1$ y $a = b = 1/2$. Con esta elección, tenemos el método de Runge-Kutta de segundo orden (RK2) que se resume a continuación.

$$\begin{aligned} K_1 &= hf(X_n, t_n), \\ K_2 &= hf\left(X_n + \frac{K_1}{2}, t_n + h\right), \\ X_{n+1} &= X_n + \frac{K_1 + K_2}{2}, \end{aligned} \quad \text{Runge-Kutta de Orden 2 - RK2.} \quad (2.57)$$

Para el método de Runge-Kutta 2, el *error de truncamiento local* se expresa como

$$\begin{aligned} e_{n+1} &= |X_{n+1} - x(t_{n+1})| \\ &= |(2.55) - (2.53)| \end{aligned} \quad (2.58)$$

$$\begin{aligned} &= \left| hf(X_n, t_n) (a + b - 1) + \right. \\ & \quad \left. h^2 \frac{\partial f}{\partial t}(X_n, t_n) (b\alpha - \frac{1}{2}) + \right. \\ & \quad \left. h^2 f(X_n, t_n) \frac{\partial f}{\partial x}(X_n, t_n) (b\beta - \frac{1}{2}) \right|. \end{aligned} \quad (2.59)$$

Extrayendo los términos en la ecuación anterior con los valores de h y f idénticos y asignándoles valores tales que minimicen el error local de truncamiento tales que satisfagan el sistema (2.56).

De manera similar, se pueden desarrollar métodos de Runge-Kutta de orden superior. Uno de los métodos más utilizados para la solución de problemas de valor inicial es la técnica de Runge-Kutta de cuarto orden (RK4). El método se da a continuación:

$$\begin{aligned} K_1 &= hf(X_n, t_n), \\ K_2 &= hf \left(X_n + \frac{K_1}{2}, t_n + \frac{h}{2} \right), \\ K_3 &= hf \left(X_n + \frac{K_2}{2}, t_n + \frac{h}{2} \right), \\ K_4 &= hf(X_n + K_3, t_n + h), \\ X_{n+1} &= X_n + \frac{K_1 + 2K_2 + 2K_3 + K_4}{6}, \end{aligned} \quad \text{Runge-Kutta de Orden 4 - RK4.} \quad (2.60)$$

Mientras que el error de truncamiento local de este método es de orden $O(h^5)$ y la prueba del caso general se encuentra en la sección II.3 de (Hairer, E.; et al., 1993).

CAPÍTULO III

3. MARCO METODOLÓGICO

3.1. Descripción del enfoque de la investigación

Este trabajo de investigación se diseñó con una metodología de enfoque mixto, es decir cualitativo y cuantitativo, ya que se estudió sobre la teoría de estabilidad para Ecuaciones Diferenciales Ordinarias, además nos centraremos en el análisis matemático y numérico de los modelos como en el cálculo de la fecha de caducidad del alimento.

3.2. Descripción del nivel de investigación

Esta investigación corresponde a un estudio descriptivo. Porque su interés es ayudar a aquellos que quieran adquirir conocimientos de matemáticas, y en este caso particular de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias.

3.3. Descripción del diseño de la investigación

La investigación es de formato documental y se basa en una colección de literatura digital profesional sobre temas de vida útil de los alimentos y ecuaciones diferenciales, por lo que se utilizó fuentes secundarias: libros, publicaciones, artículos, etc. Además, se realizó un análisis cualitativo de las ecuaciones diferenciales, es decir, el estudio del equilibrio y su estabilidad, y se realizaron simulaciones numéricas, utilizando el lenguaje de programación Python para simular los modelos con el fin de obtener la fecha de caducidad del vino.

Recolección y análisis de la información

Una vez que se identifica el tema de investigación, se recopiló información de fuentes tales como libros, publicaciones y artículos sobre la vida útil de los alimentos y estudios generales de ecuaciones diferenciales. Luego, a través de la lectura selectiva de las referencias seleccionadas, las categorizamos y seleccionamos aquellas que facilitaron el desarrollo y comprensión del tema.

Redacción del trabajo de investigación

El documento está redactado de forma clara y concisa, ya que este está dirigido a estudiantes y aquellas personas que deciden adquirir conocimientos en temas relacionados con temas de procesos

fermentativos desde un enfoque a través de ecuaciones diferenciales ordinarias. Se previeron cuatro fases en la preparación de este documento; recopilar información, organizar la documentación, analizar y simular el modelo y redacción del documento. La recopilación de información implicó acudir a las fuentes directas; libros, artículos y publicaciones que proporcionan la información necesaria para compilar una bibliografía general sobre el tema. La organización de la información permite clasificar de una manera rigurosa los documentos para así contar con una estructura lógica que permita abordar correctamente la investigación. Durante la etapa de análisis de datos, los datos obtenidos fueron estructurados y organizados, lo que permitió el desarrollo de investigaciones sobre este tema. Finalmente, está la etapa de redacción del artículo donde se presentan los resultados sobre el tema y se extraen las conclusiones finales. De esta forma nació el documento “Aplicación de ecuaciones diferenciales al problema de la caducidad de los Alimentos”, con el objetivo de brindar un documento para ampliar el conocimiento de las ecuaciones diferenciales ordinarias.

Software utilizado

El software utilizado es Python versión 3.7.9. Python es por naturaleza un lenguaje de integración. Esto significa que el intérprete de Python ejecuta el código línea por línea. A diferencia de otros lenguajes de programación orientados a objetos, no necesitamos compilar el código de Python, lo que hace que el proceso de depuración sea mucho más fácil y eficiente (Etoh Digital, 2022). Además, permite visualizar datos usando tablas y gráficos, como gráficos circulares, de barras, de líneas e histogramas.

CAPÍTULO IV

4. MARCO DE ANÁLISIS E INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS

4.1. Modelado matemático

En este capítulo se presentará los resultados obtenidos de cada uno de los modelos aplicados, en donde se evidenciará la diferencia de cada uno de ellos. Se analiza el comportamiento de la biomasa, sustrato y producto en cada modelo para así identificar el modelo más propicio que describa la vida útil del vino.

A continuación, se hará un sumario de la descripción matemática y el análisis de estabilidad de procesos fermentativos, además se recalca que para identificar que modelo se adecua mejor a nuestro propósito se realizó varias simulaciones del sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias asociado al proceso fermentativo. Este sistema será descrito más adelante y para su respectiva simulación se usó los métodos de Euler, Taylor de segundo orden y Runge-Kutta 4.

4.1.1. *Modelo matemático asociado al proceso fermentativo*

El modelo matemático utilizado para describir el proceso se basa en la entrada y la salida en un quimiostato, el cual se comporta como un sistema de agitación dentro del reactor de mezcla completa (CSTR). Recalquemos que un quimiostato se utiliza para la producción continua de biomasa microbiana. Esta consiste en un depósito de agua dulce y nutrientes conectado a una cámara de crecimiento, con microorganismos. La mezcla de agua dulce y nutrientes se bombea de forma continua desde el depósito a la cámara del reactor, proporcionando alimentación al microorganismo, y la mezcla de cultivo y fluido en la cámara de crecimiento se bombea y recoge de forma continua.

El medio de cultivo se agita continuamente y la agitación asegura que el contenido de la cámara se mezcle bien para que la producción de cultivo sea uniforme y constante. Si la velocidad de dirección es demasiado alta, dañaría las células en cultivo, pero si es demasiado baja, podría evitar que el reactor alcance una operación de estado estable. La Figura (1-4) es un diagrama conceptual de un quimiostato.

Los quimiostatos se utilizan para cultivar, cosechar y mantener las células deseadas de forma controlada. Las células crecen y se replican en presencia de un entorno adecuado con un medio que suministre los nutrientes esenciales para el crecimiento.

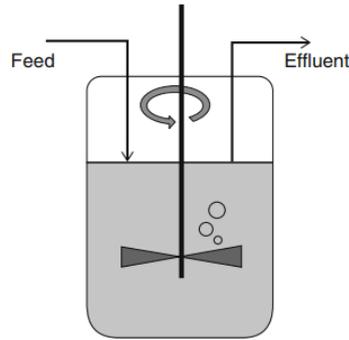


Ilustración 1-4: Quimiostato con un flujo continuo de entrada y salida.

Realizado por: Chou, C. y Friedman, A.,2016.

Las células cultivadas de esta manera se recolectan y utilizan para muchas aplicaciones diferentes. Una cuestión que surge al hacer funcionar el quimiostato es cómo ajustar la tasa de efluente, es decir, la tasa de bombeo de la mezcla. Para operar el quimiostato de manera eficiente, la tasa de efluente no debe ser demasiado pequeña. Pero si esta tasa es demasiado grande, entonces las bacterias en la cámara de crecimiento pueden desaparecer. Para describir la tasa óptima de bombeo de la mezcla, necesitamos de un sistema de tres ecuaciones diferenciales ordinarias, las cuales provienen de los procesos de reacciones químicas.

Una reacción que se lleva a cabo en el quimiostato se expresa de la forma:



De donde (S) es el sustrato, (X) la biomasa y (P) la concentración de producto. Además, el balance de materia para el sistema dado en la Figura (1-4) viene expresado como:

$$\text{Entra} - \text{Sale} + \text{Genera} = \text{Acumula}.$$

Se considera, a su vez, que el sistema descrito en la Figura (1-4) hay solo una entrada y una salida. Al mismo tiempo se asume que el volumen de reacción es constante, entonces, la ecuación de balance para la biomasa se expresa como:

$$FX_{1f} - FX_1 + r_x V = V \frac{dX_1}{dt}. \quad (4.61)$$

De igual modo, los balances para el sustrato y el producto se denotan como:

$$\begin{aligned} FS_{1f} - FS_1 + r_s V &= V \frac{dS_1}{dt} , \\ FP_{1f} - FP_1 + r_p V &= V \frac{dP_1}{dt} . \end{aligned} \quad (4.62)$$

Si se reagrupa las ecuaciones (4.61) y (4.62) en función del factor de dilución, $D = \frac{F}{V}$, y de la productividad del producto respecto a la biomasa Y_{XP} y de la productividad de la biomasa respecto al sustrato Y_{XS} , tenemos que:

$$D(X_{1f} - X_1) + \mu X_1 = \frac{dX_1}{dt}; \quad (4.63)$$

$$D(S_{1f} - S_1) + \frac{\mu X_1}{Y_{XS}} = \frac{dS_1}{dt}; \quad (4.64)$$

$$D(P_{1f} - P_1) + \mu X_1 Y_{XP} = \frac{dP_1}{dt}. \quad (4.65)$$

4.2. Análisis de estabilidad

Seguidamente, estamos interesados en el estudio cualitativo del sistema anterior, para esto, se nota que el factor de dilución, corresponde al recíproco del tiempo de residencia $\tau = \frac{1}{D}$. Por ende, el punto de equilibrio del sistema se obtiene cuando las expresiones, en (4.63), en función del tiempo, corresponden a cero. Es decir:

$$\frac{dX_1}{dt} = \frac{dS_1}{dt} = \frac{dP_1}{dt} = 0. \quad (4.66)$$

Por ende, se obtienen el siguiente sistema de ecuaciones no lineales

$$D(X_{1f} - X_1) + \mu X_1 = 0, \quad (4.67)$$

$$D(S_{1f} - S_1) - \frac{\mu X_1}{Y_{XS}} = 0, \quad (4.68)$$

$$D(P_{1f} - P_1) + \mu X_1 Y_{XP} = 0. \quad (4.69)$$

Este sistema de ecuaciones nos indica que la ausencia de carga de biomasa dentro del quimiostato y por esta razón la concentración inicial de sustrato es igual a la concentración de sustrato en el alimento. Valorando que para todos los casos no hay biomasa en el flujo de entrada, $X_{1f} = 0$, así que la ecuación (4.67) nos permite obtener la siguiente relación:

$$X_1(\mu - D) = 0. \quad (4.70)$$

Luego, si se considera que $X_1 = P_1 = 0$ entonces las ecuaciones (4.68) y (4.69) nos permiten obtener la condición siguiente:

$$S_1 = S_{1f} \quad (4.71)$$

Pero también hay que notar que esta última condición es válida para los modelos de Monod y Haldane, puesto que ambos cualitativamente son similares.

Ahora, para el caso donde $X_{1f} \neq 0$ se dispone que la concentración de biomasa es diferente de cero, en consecuencia las ecuaciones (4.67) y (4.68) presentan una solución de la forma:

$$D = \mu, \quad (4.72)$$

$$X_1 = Y_{XS}(S_{1f} - S_1), \quad (4.73)$$

$$P_1 = X_1 Y_{XP} \quad (4.74)$$

La ecuación (4.72) es implícita para la concentración de sustrato, es decir, que esta expresión depende de más de una variable; lo que hace que su solución varíe conforme al modelo de crecimiento microbiano. El análisis y las limitaciones de cada modelo se dan a continuación.

Modelo de Monod

Para la concentración del sustrato S_{1f} , se tiene que:

$$S_{1f} = K_m \frac{D}{\mu_{max} - D}. \quad (4.75)$$

En la ecuación anterior se puede observar que $D < \mu_{max}$ es la condición para que la concentración de sustrato sea numéricamente positiva.

Pues bien, teniendo en cuenta la condición, se puede concluir que:

$$D < \mu_{max} \frac{S_{1f}}{K_m + S_{1f}} < 0.514h^{-1} \quad (4.76)$$

El parámetro μ y el factor de dilución D son los parámetros que se relacionan con el tiempo t , por tanto, tienen dimensiones de inverso del tiempo como h^{-1} .

El mismo procedimiento se realiza para el modelo de Teissier y Hishelwood, ya que estos tienen soluciones algebraicas.

Modelo de Teissier

Para el modelo de Teissier se tiene lo siguiente:

$$S_{1f} = K_m \ln \frac{\mu_{m\acute{a}x} \tilde{a}}{\mu_{m\acute{a}x} - D}. \quad (4.77)$$

De acuerdo a lo anterior se tiene la misma condición que el modelo anterior, $D < \mu_{max}$, por lo tanto, obtenemos que:

$$D < \mu_{m\acute{a}x} \frac{\tilde{a}}{1 - e^{-\frac{S_{1f}}{K_m}}} < 0.53h^{-1}. \quad (4.78)$$

Modelo de Hinshelwood

Se realiza el mismo procedimiento que en los anteriores modelos, y así obtendríamos lo siguiente:

$$S_{1f} = K_m \frac{D}{\mu_{\max}(1 - K_P P) - D} \quad (4.79)$$

La condición para este modelo es $D < \mu_{\max}$, de modo que:

$$D < \mu_{\max} \frac{S_{1f}}{K_m + S_{1f}} (1 - K_P P) < 0.43h^{-1}. \quad (4.80)$$

Modelo de Moser

Para el modelo de Moser se tiene solución cuadrática, de modo que tendremos lo siguiente:

$$S_{1f} = \frac{D}{\mu_{\max} - D} \quad (4.81)$$

Pues la parte interna del radical lo conocemos como discriminante (Δ), y este es el punto donde nuestra función sufre inflexión para construir las siguientes posibles soluciones:

$\Delta > 0$: Se tiene dos raíces positivas que tienen significado físico.

$\Delta < 0$: Las raíces no tienen significado físico

$\Delta = 0$: Existe una única solución que corresponde a la velocidad máxima de dilución.

Esto quiere decir que es el o los puntos en donde la función sufre inflexión. Teniendo en cuenta las condiciones, podemos concluir que:

$$D < \mu_{\max} \frac{S_{1f}}{K_m + S_{1f}} < 0.514h^{-1}, \quad n = 1, 2, \dots \quad (4.82)$$

Modelo de Haldane

El modelo de Haldane es similar al de Moser, ya que de igual manera se tiene una forma cuadrática.

$$S_{1f} = \frac{\mu_{\max} \left(1 - \frac{\mu_{\max}}{\mu} \pm \sqrt{\left(1 - \frac{\mu_{\max}}{\mu} \right)^2 - 4 \frac{k_1}{k_2} \frac{\mu_{\max}}{m}} \right)}{2k_1}$$

Basándonos de igual manera en el modelo de Moser, podemos terminar con lo siguiente:

$$D < \mu_{max} \frac{S_{1f}}{K_m - S_{1f}} < 0.514h^{-1} \quad (4.83)$$

Las condiciones obtenidas en las ecuaciones (4.76) - (4.83) son necesarias para obtener las soluciones en estado estable. A partir de esto, vamos a realizar las simulaciones con los 5 modelos de crecimiento para observar el comportamiento dinámico de cada uno.

4.3. Simulación

El vino es una bebida obtenida por la fermentación alcohólica total o parcial del mosto de uva, teniendo como componentes: agua, alcohol, azúcar, taninos, sustancias volátiles y ácidos; estos componentes ayudan a que cada vino sea diferente.

La fermentación alcohólica es un proceso biológico que puede convertir los azúcares en alcohol y dióxido de carbono. En esta transformación interviene principalmente la levadura. Hay estudios sobre otros hongos y bacterias productoras de alcohol, pero tienen pocas aplicaciones comerciales. Puede sonar simple, pero la serie de transformaciones requeridas para descomponer la glucosa es bastante compleja. La levadura usa glucosa y otros nutrientes para complementar el proceso reproductivo. Para evaluar esta variación se utilizaron rendimiento de *biomasa/producto* Y_{XP} y rendimiento de *producto/sustrato* Y_{XS} .

Todos los parámetros tienen relación con la etapa y el modo de operación del biorreactor Figura 1-4. Los parámetros utilizados para este proceso se mostrarán más adelante en una tabla en donde se menciona y se da valores a cada uno, teniendo relación con el proceso fermentativo del vino.

Las ecuaciones 4.67 - 4.69 representan la actuación de la biomasa, sustrato y producto en el estado estable. Como se indicó anteriormente, para la aplicación de los modelos matemáticos de Monod, Moser, Teissier, Haldane y Hinshelwood se utilizaron las siguientes ecuaciones que permiten observar el comportamiento de los modelos relacionados con la Biomasa (X), Sustrato (S) y Producto (P).

$$D(X_{1f} - X_1) + \mu X_1 = \frac{dX_1}{dt} \quad (4.84)$$

$$D(S_{1f} - S_1) - \frac{\mu X_1}{Y_{XS}} = \frac{dS_1}{dt} \quad (4.85)$$

$$D(P_{1f} - P_1) + \mu X_1 Y_{XS} = \frac{dP_1}{dt} \quad (4.86)$$

Parámetros de simulación

Los siguientes parámetros utilizados fueron recolectados de varios documentos. Estos parámetros son aplicados para hallar la vida útil del vino, los cuales nos permiten tener una mejor comprensión de la estabilidad de los modelos, los parámetros utilizados son los siguientes:

Tabla 1-4: Descripción de los parámetros utilizados para determinar la vida útil de vino.

Parámetros	X_1 $\frac{g}{L}$	S_1 $\frac{g}{L}$	P_1 h^{-1}	k_s $\frac{g}{L}$	X_{1f} $\frac{g}{L}$	S_{1f} $\frac{g}{L}$	P_{1f} $\frac{g}{L}$	Y_{XS}	Y_{XP}	D h^{-1}
Monod	0.8	17	0	9	0.96	0	1.335	0.01	0.01	0.2
Moser	0.8	17	0	9	0.96	0	1.335	0.01	0.01	0.2
Teissier	0.8	17	0	9	0.96	0	1.335	0.01	0.01	0.2
Haldane	0.8	17	0	9	0.96	0	1.335	0.01	0.01	0.2
Hinshelwood	0.8	17	0	9	0.96	0	1.335	0.01	0.01	0.2

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Estos valores se los aplican en las ecuaciones 4.84 - 4.86, obteniendo como resultado las siguientes gráficas:

Resultados con el Modelo de Monod

El modelo de Monod, en el cual se utiliza una velocidad máxima de crecimiento μ_{max} de los microorganismos de 0.01, podemos observar que la gráfica que representa el sustrato (S) tiene una curvatura significativa, esto se debe a que el μ_{max} es muy lenta, por tanto, no llega de manera rápida a su punto de estabilidad.

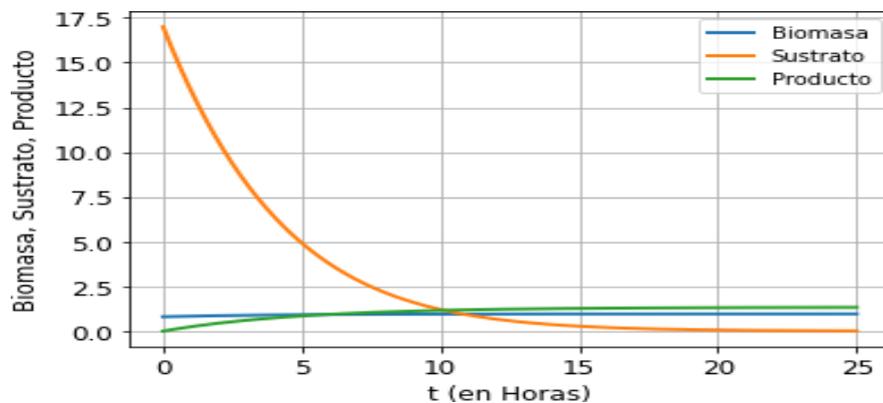


Ilustración 2-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con

$$\mu = 0.01$$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Al utilizar el método de Taylor, se realiza un cálculo más complejo, y además al utilizar un μ_{max} de 0.2, se observa que la gráfica del sustrato S llega de manera más rápida a su punto de estabilidad.

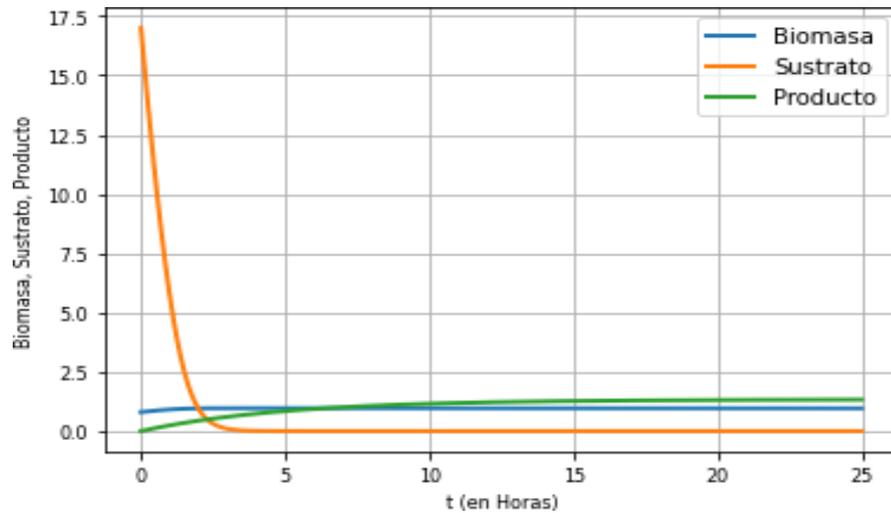


Ilustración 3-4: Crecimiento microbiano con el método de Taylor de orden 2 con $\mu = 0.2$.

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

El método de Runge-Kutta es mucho más sencillo de aplicar, podemos visualizar que, al igual que las anteriores gráficas, se llega al mismo punto estable, pero con una μ_{max} de 0.4, se llega mucho más rápido que con los anteriores valores.

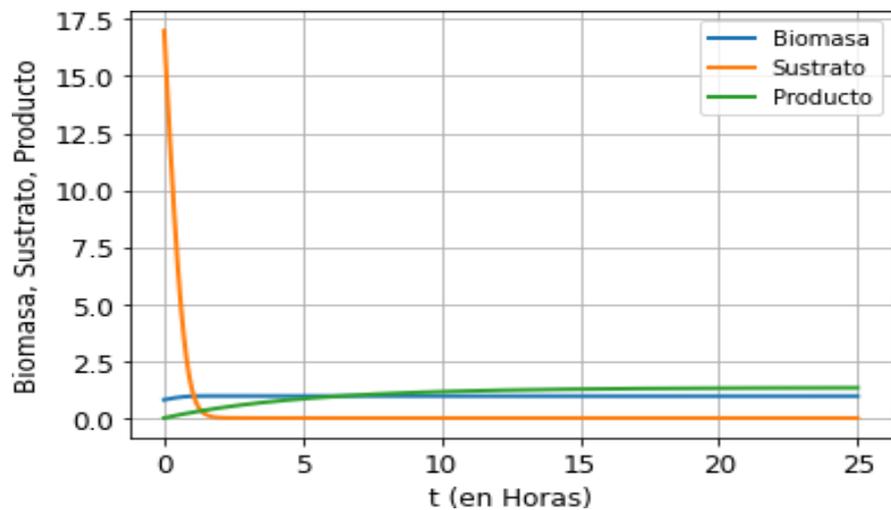


Ilustración 4-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$.

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Resultados con el Modelo de Moser

Aplicando el modelo de Moser con el método numérico de Euler, se puede observar que la gráfica del sustrato S , tiene una curvatura significativa, esto significa que se tarda en llegar a su punto estable. En este método se está aplicando un μ_{max} de 0.01.

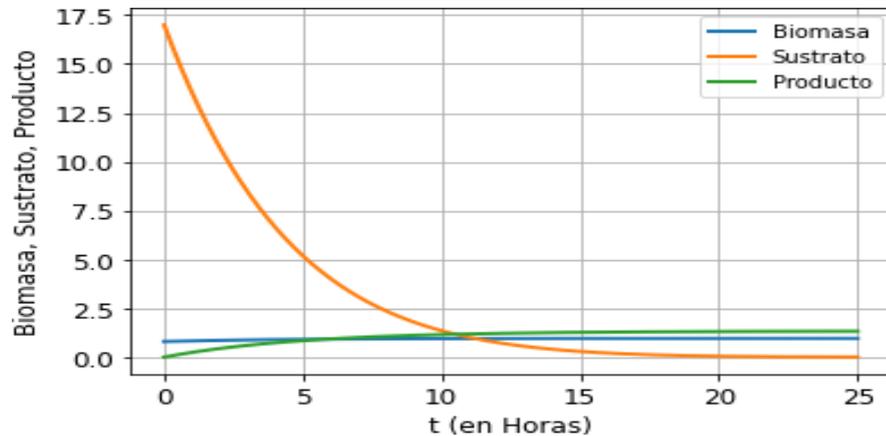


Ilustración 5-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con

$$\mu = 0.01$$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Aplicando el método de Taylor en este modelo con un μ_{max} de 0.2, podemos observar que, aunque su crecimiento es mucho más rápido, se tarda más en llegar a su punto estable que el método anterior, utilizando un μ_{max} de 0.01

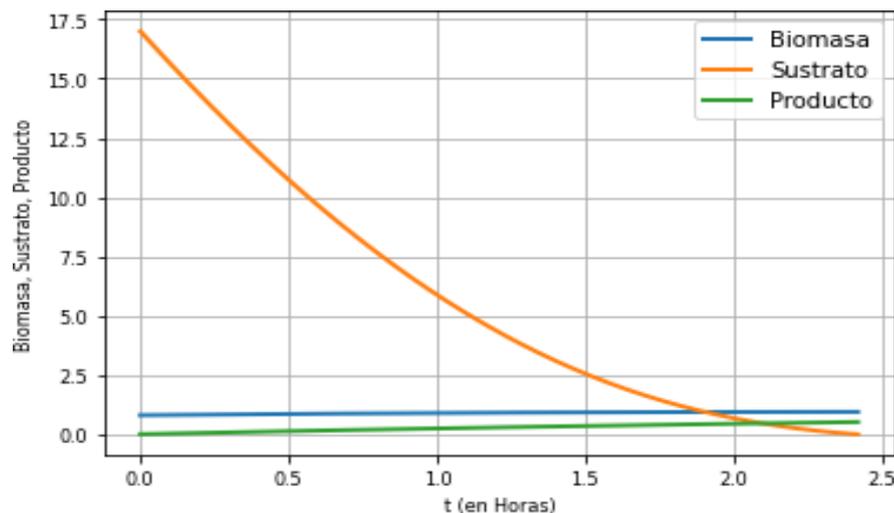


Ilustración 6-4: Crecimiento microbiano con el método de Taylor de orden

$$2 \text{ con } \mu = 0.2$$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Con el método de Runge-Kutta, el cual es mucho más exacto que los anteriores métodos, obtenemos una gráfica similar a la Figura 5-4, aunque se utilice un μ_{max} de 0.4 que es mucho mayor, se tarda más en llegar a su punto de estabilidad.

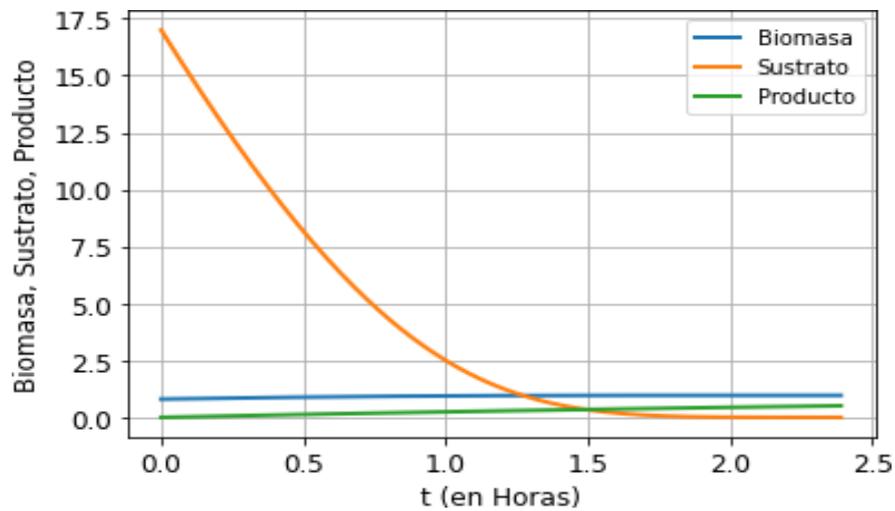


Ilustración 7-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Resultados con el Modelo de Teissier

La gráfica que se obtuvo con el modelo de Teissier al aplicar una μ_{max} de 0.01 es similar a las gráficas anteriores del modelo de Monod y de Moser utilizando el método de Euler. Por tanto, por tanto, se llega al punto de estabilidad en un tiempo mucho más tardado.

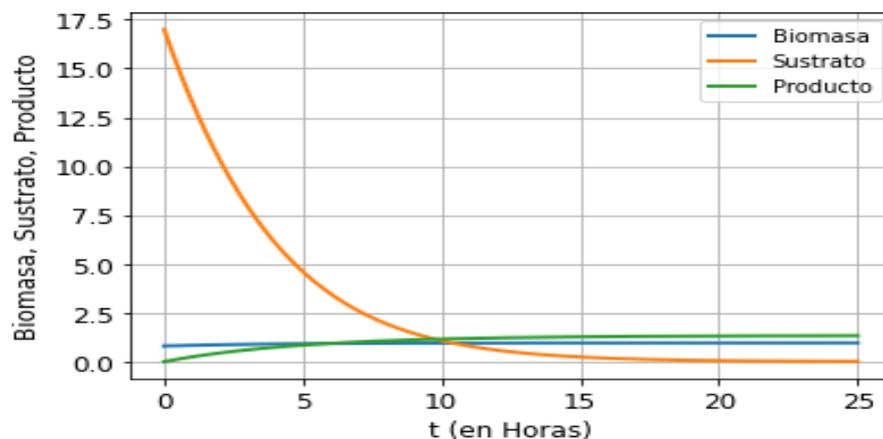


Ilustración 8-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con $\mu = 0.01$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Se puede observar una gran diferencia con la gráfica anterior, ya que al utilizar un μ_{max} de 0.2, la gráfica del sustrato S llega a su punto de estabilidad, en un tiempo corto.

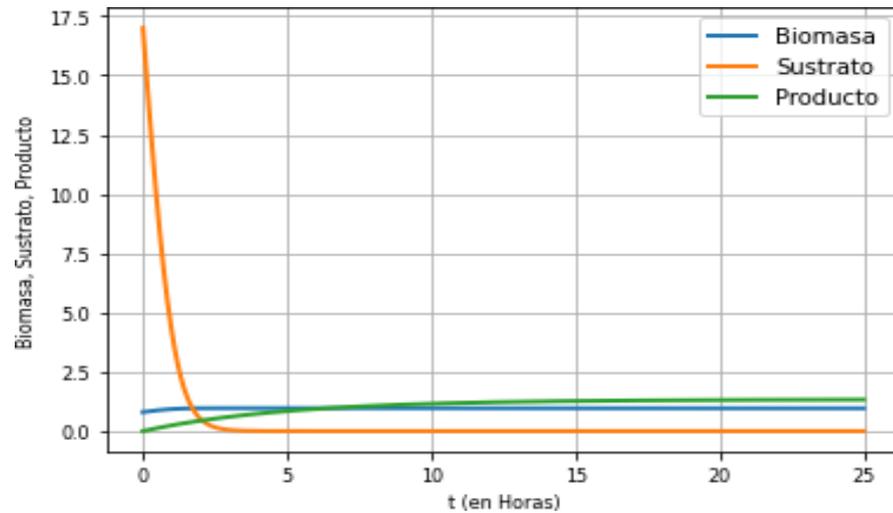


Ilustración 9-4: Crecimiento microbiano con el método de Taylor de orden 2 con $\mu = 0.2$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Al utilizar un μ_{max} de 0.4 se llega en menor tiempo a su punto de estabilidad, a comparación de los anteriores valores. Por tanto, aquí aplica que mientras más rápido sea el μ_{max} , se llega en menor tiempo a su punto de estabilidad.

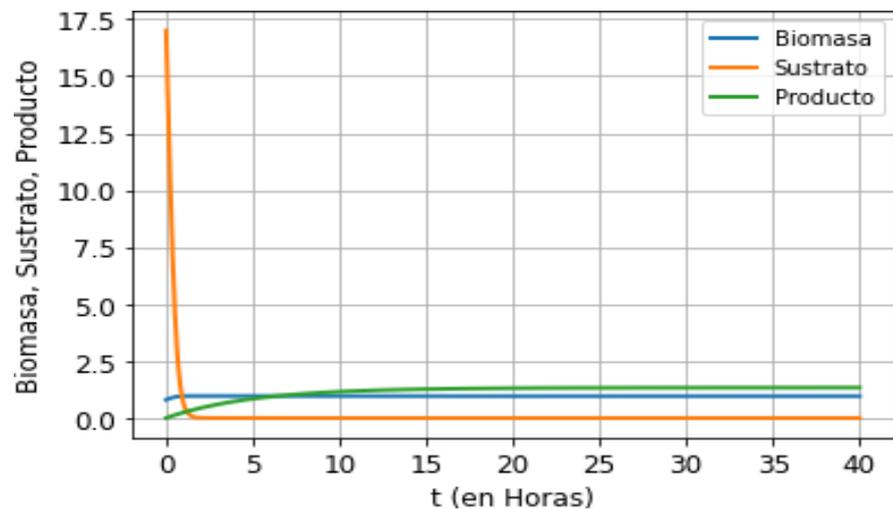


Ilustración 10-4: Crecimiento microbiano con el método de Rungge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Resultados con el Modelo de Haldane

El modelo de Haldane, al utilizar un μ_{max} de 0.01, tiene una gráfica similar a los modelos anteriores que tardan un poco más de tiempo en llegar a su punto estable, es por esto que su curva es mucho más pronunciada.

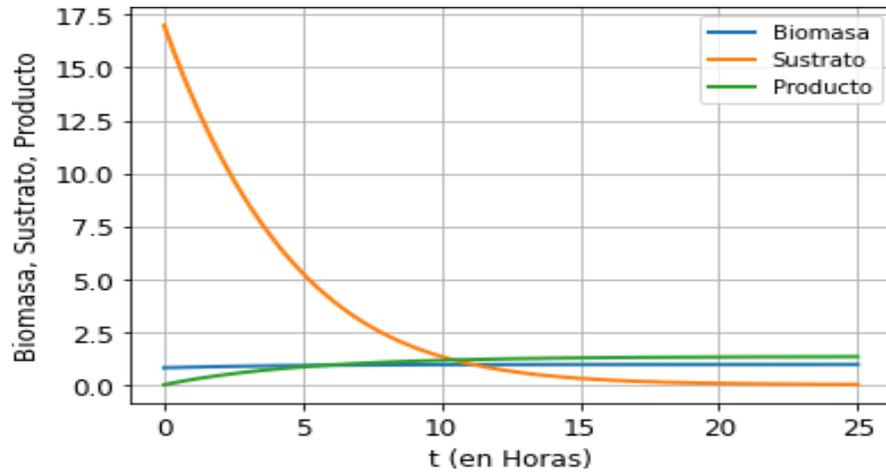


Ilustración 11-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con

$$\mu = 0.01$$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Al aplicar este método, que además de ser bien complejo, se llega al mismo resultado que los anteriores modelos, mientras más rápido sea su μ_{max} , más rápido llega a su punto estable, en este caso se utilizó un μ_{max} de 0.2.

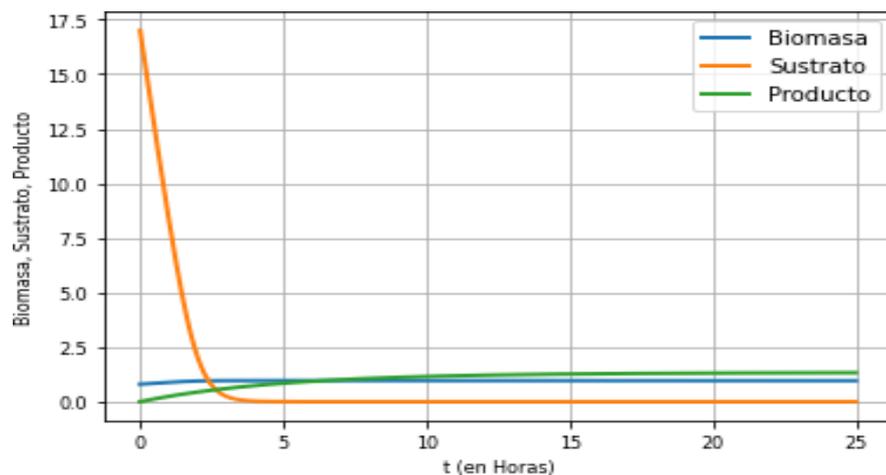


Ilustración 12-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Taylor de

$$\text{orden 2 con } \mu = 0.2$$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

El modelo de Haldane, de igual manera, llega a su punto de equilibrio, pero de manera más veloz, ya que su μ_{max} de 0.4 es más rápido.

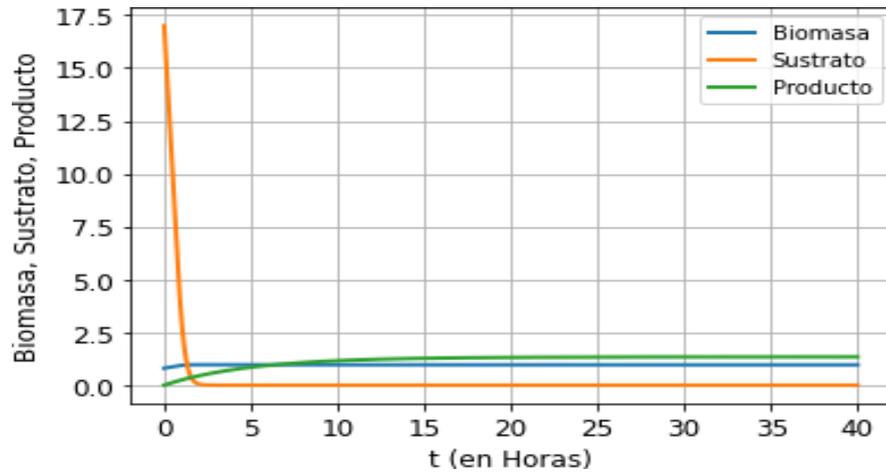


Ilustración 13-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Resultados con el Modelo de Hinshelwood

Al aplicar el siguiente modelo con el método de Euler se puede visualizar que se tarda más en llegar a su punto de estabilidad, esto quiere decir que tiene un tiempo de fermentación muy lento, ya que se utiliza una μ_{max} de 0.01.

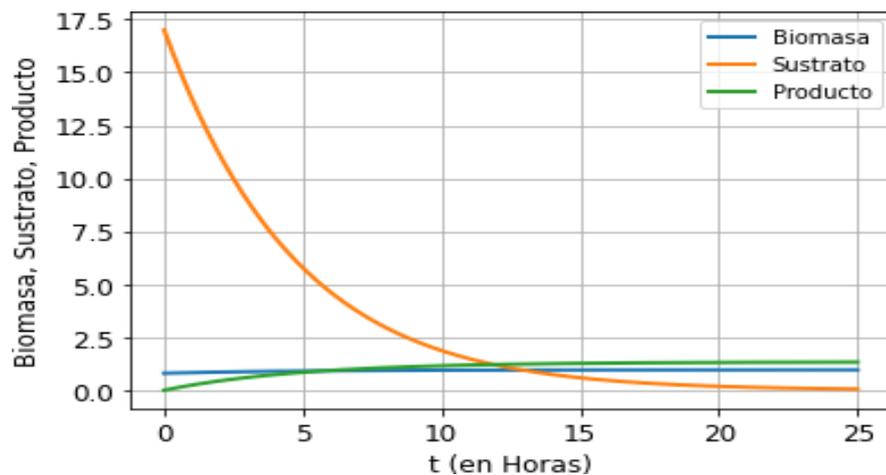


Ilustración 14-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Euler con $\mu = 0.01$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

El método de Taylor nos muestra una gráfica distinta a la anterior, pero similar a los modelos anteriores, ya que al utilizar una μ_{max} de 0.2, su tiempo de fermentación es un poco más rápido.

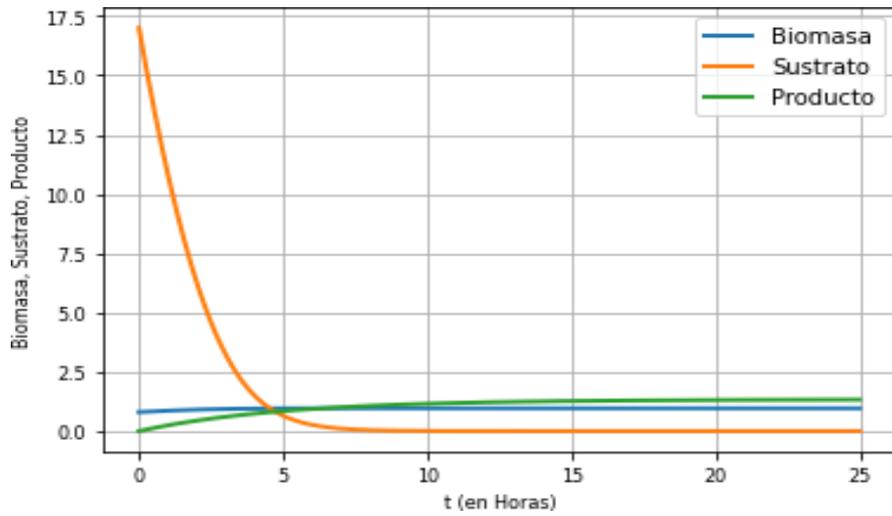


Ilustración 15-4: Crecimiento microbiano mediante el método de Taylor de orden 2 con $\mu = 0.2$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Si se utiliza una μ_{max} de 0.4, su tiempo de fermentación es mucho más rápido y, por tanto, llega a su punto de estabilidad más rápido.

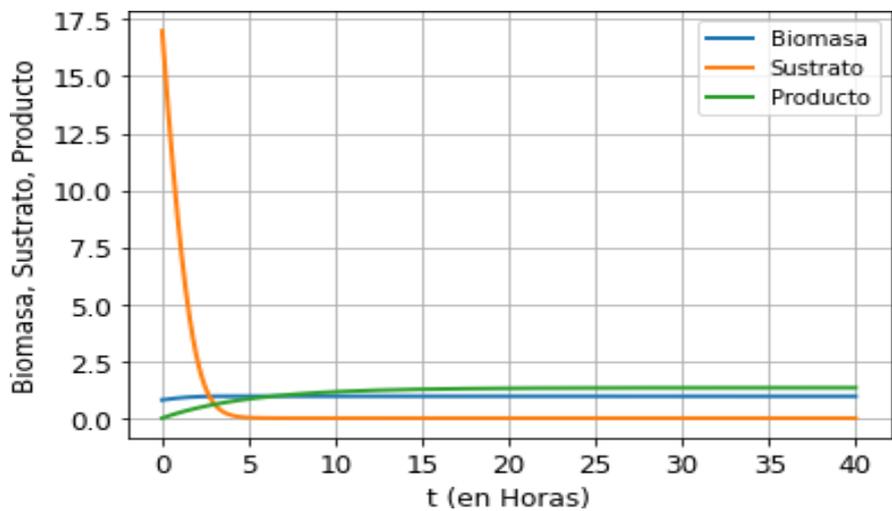


Ilustración 16-4: Crecimiento microbiano con el método de Runge-Kutta de orden 4 con $\mu = 0.4$

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

4.4. Análisis de la estabilidad de cada modelo

Para aclarar mejor la comprensión de la estabilidad del sistema de ecuaciones (4.84), (4.85) y (4.86) y determinar si los nodos son estables o inestables, se caracterizaron los puntos fijos de cada uno de los modelos. Para ello se determinan los eigenvalores de la matriz jacobiana, de manera que se puedan encontrar los puntos estables e inestables.

Esta matriz V se define como el jacobiano de las funciones variables en el tiempo dadas por las ecuaciones (4.84), (4.85) y (4.86).

$$|V - \lambda I| = \begin{vmatrix} \mu - D - \lambda & \mu' X_1 & 0 \\ -\frac{\mu}{Y_{XS}} & -D - \frac{\mu X_1}{Y_{XS}} - \lambda & 0 \\ \mu Y_{XP} & \mu' X_1 Y_{XP} & -D - \lambda \end{vmatrix} \quad (4.87)$$

Resolviendo el determinante, tenemos lo siguiente:

$$|V - \lambda I| = (\mu - D - \lambda) (D + \lambda) \left(D + \lambda + \frac{\mu' X_1}{Y_{XS}} \right) - \mu' X_1 \frac{\mu}{Y_{XS}} (D + \lambda) \quad (4.88)$$

La ecuación (4.88) es una expresión cúbica, por lo tanto, tiene tres eigenvalores resultantes de su solución:

$$\lambda^3 + \left(2D + \frac{\mu' X_1}{Y_{XS}} \right) \lambda^2 + \left(D^2 + \frac{2\mu' X_1 D}{Y_{XS}} \right) \lambda + \frac{\mu' X_1 D^2}{Y_{XS}} = 0 \quad (4.89)$$

Ahora bien, la derivada de μ_{max} para cada modelo viene dada de la siguiente manera:

Modelo de Monod

$$\mu' = \frac{\partial \mu}{\partial S_1} = \frac{\mu_{max} k_s}{(k_m + S_1)^2} \quad (4.90)$$

Modelo de Moser

$$\mu' = \frac{\partial \mu}{\partial S_1} = \frac{\mu_{max} n k_s S^{n-1}}{(k_m + S^n)^2} \quad (4.91)$$

Modelo de Teissier

$$\mu' = \frac{\partial \mu}{\partial S_1} = \frac{\mu_{max} e^{-\frac{k_s}{S}}}{K_m} \quad (4.92)$$

Modelo de Haldane

$$\mu' = \frac{\partial \mu}{\partial S_1} = \frac{(\mu_{max}K_s - K_1S_1^2)}{(K_s + S_1 + K_1S_1^2)^2} \quad (4.93)$$

Modelo de Hinshelwood

$$\mu' = \frac{\partial \mu}{\partial S_1} = \frac{\mu_{max}K_s(1 - K_pS_1)}{(K_s + S_1)^2} \quad (4.94)$$

Ahora, con las ecuaciones (4.90) - (4.94), se puede observar los resultados de estabilidad que se tiene a continuación.

En la siguiente tabla se define el tipo de nodo y de igual manera si este punto es estable o inestable, tomando en cuenta un factor de Dilución de 0.2.

Tabla 2-4: Caracterización de los puntos fijos para los cinco modelos matemáticos.

Modelo	X_1	S_1	P_1	λ_1	λ_2	λ_3	Nodo
Monod	0.8	17	1.335	-8.03×10^2	-8.03×10^2	-8.03×10^2	Estable
Moser	0.8	17	1.335	-0.005	-0.005	-0.005	Estable
Teissier	0.8	17	1.335	-0.005	-0.005	-0.005	Estable
Haldane	0.95	17	1.326	0.0085	-0.6919	-0.339	Silla
Hinshelwood	0.95	17	1.326	-0.009	0.669	-0.899	Silla

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

4.4.1. Cálculo de vida útil del vino

Para determinar la vida útil del vino, primero se va a emplear la fórmula del tiempo de duplicación de los microorganismos, la cual es la siguiente:

$$t = \frac{\ln 2}{\mu} \quad (4.95)$$

Al aplicar la fórmula anterior a cada uno de los modelos, se obtiene el tiempo (horas) en el que el vino se fermenta en su totalidad, gracias a este resultado, se puede deducir la vida útil del vino.

A continuación se muestran los resultados obtenidos aplicando los diferentes modelos:

Modelo de Monod

$$t = \frac{\ln 2}{\mu_{max} \frac{S}{S+K_s}} = 106 \quad (4.96)$$

Modelo de Moser

$$t = \frac{\ln 2}{\mu_{max} \frac{S^n}{K_s+S^n}} = 134 \quad (4.97)$$

Modelo de Teissier

$$t = \frac{\ln 2}{\mu_{max} \frac{1 - \exp\left(-\frac{S}{K_s}\right)}{\frac{S}{K_s}}} = 82 \quad (4.98)$$

Modelo de Haldane

$$t = \frac{\ln 2 \frac{S}{K_s}}{\mu_{max} \frac{S}{S+K_s}} = 200 \quad (4.99)$$

Modelo de Hinshelwood

$$t = \frac{\ln 2}{\mu_{max} \frac{S}{K_s+S} (1 - K_p P)} = 312 \quad (4.100)$$

Como resultado se obtuvo lo siguiente:

La duración de este proceso depende de muchos factores como la temperatura, el tipo de levadura utilizada, el tamaño del recipiente de fermentación y la maduración (o azúcar) de las uvas. En promedio, la fermentación tarda unos 10 días, a veces menos de una semana y, por lo general, de 2 a 3 semanas. En casos especiales, la fermentación puede tardar incluso varios meses.

Se puede observar que el tiempo calculado con el modelo de Monod y Moser, son los resultados que más se adaptan a la vida real, porque los datos utilizados son para calcular la fermentación del vino en un lapso de tiempo de 4 – 6 días, es por esto, que los dos modelos son los más óptimos para calcular la vida útil del vino. Por el contrario, con los otros modelos restantes; Teissier, Haldane y

Tabla 3-4: Tiempo de fermentación del vino.

Modelo	Horas	Días
Monod	106	4
Moser	134	6
Teissier	82	3
Haldane	200	8
Hinshelwood	312	13

Realizado por: Jara, Dayana, 2023.

Hinshelwood, se tiene resultados diferentes que son para otro tipo de vino.

Vida útil del vino

- **Vino joven.-** No más de un año.
- **Vinos crianza.-** Entre 4 – 5 años.
- **Vinos Reserva.-** Entre 8 – 10 años.
- **Vinos Gran Reserva.-** De 15 años en adelante.

Como se mencionó, los datos dados son de un vino joven, por lo tanto, el tiempo de vida útil del vino joven, es no mayor a 1 año.

CAPÍTULO V

5. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1. Conclusiones

- En este trabajo de Investigación se analizó el comportamiento de crecimiento microbiano de los cinco modelos matemáticos aplicados al proceso fermentativo del vino.
- El modelo de Monod y Moser es el más óptimo para hallar la vida útil del vino.
- El tiempo de fermentación del vino es menor, ya que su nivel de azúcar (Sustrato) no es muy alto.
- La aplicación de los tres métodos numéricos, nos permitió observar y analizar la complejidad de cada uno.
- Estimar el tiempo de vida útil del vino tiende a ser un poco complejo, es por esto que en este trabajo se provee de información básica de los métodos aplicados y teoría que ayuda al entendimiento de las mismas, para aplicar al vino.
- Los modelos de Teissier, Haldane y Hishelwood son lo menos indicado para hallar la vida útil del vino.

5.2. Recomendaciones

- Para buscar la información del producto alimenticio de interés, es preferible categorizar la información en vista de la gran variedad de productos alimenticios que se encuentran en el mercado.
- En los estudios futuros deben enfocarse en como se comporta cada uno de los modelos y la relación que tienen con la dinámica de poblaciones ya que esto permite entender y analizar los modelos matemáticos.
- Considerar en investigaciones futuras los parámetros que influyen en cada modelo, para que sea más idónea la búsqueda de información del alimento a tratar.

BIBLIOGRAFÍA

AMBROSIO, Luis; et al. *Introduction to Measure Theory and Integration*. Edizioni della Normale Pisa, 2011.

BASULTO SANTOS, Jesús; & GARCÍA DEL HOYO, Juan. *Historia de la Probabilidad y la Estadística (IV)* [en línea]. España: Universidad de Huelva, 2009. [Consulta: 4 de febrero 2023]. Disponible en: <http://www.ahepe.es/Documentos/IVCongreso-Sevilla-Huelva2007/HISTORIA%20DE%20LA%20PROBABILIDAD%20Y%20LA%20ESTADISTICA%20IV.pdf>

CALDERÓN, J. *Ajuste de un modelo cinético para el crecimiento de *Lactobacillus acidophilus* en la fermentación de un sustrato complejo* [En línea] (Trabajo fin de Grado). Fundación Universidad de América. Quito. 2017. [Consulta: 20-09-2022]. Disponible en: <https://repository.uamerica.edu.co/bitstream/20.500.11839/6598/1/6121940\protect\discretionary{\char\hyphenchar\font}{\ }{ }2017-2-IQ.pdf>

CASTAÑEDA, M. *Estequiometría y cinética del crecimiento microbiano* [En línea], Argentina, 2019. [Consulta: 23 noviembre 2022]. Disponible en: http://sedici.unlp.edu.ar/bitstream/handle/10915/89651/Apunte_de_c%C3%A1tedra.pdf-PDFA.pdf?sequence=1&isAllowed=y

CHOU, Ching Shan; & AVNER, Friedman. *Introduction to Mathematical Biology*. [En línea], Cham: Springer International Publishing, 2016. [Consulta: 21 febrero 2023]. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-29638-8>.

GALLEGOS, C. *Determinación de los parámetros cinéticos en la fermentación ácido-láctica mediante un enfoque termodinámico* [En línea]. (Trabajo de fin de grado). Escuela Politécnica Nacional, Quito, 2020. [Consulta: 17-09-2022]. Disponible en: <https://bibdigital.epn.edu.ec/bitstream/15000/20712/1/CD%2010225.pdf>

GARCÍA, E. *Chapter 2–Some Elements of the Classical Measure Theory.* In Handbook of Measure Theory, North-Holland, 2022. 27–82.

HALDANE, J. B. *Enzymes longmans.* Green and Co, UK., 1930.

HAIRER, E.; et al. *Solving ordinary differential equations. 1, Nonstiff problems.* Springer-Verlag, 1993.

HINSHELWOOD, C. N. *On the theory of unimolecular reactions.* Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character, 1926. 113(763), 230-233.

ETOH DIGITAL *Las 8 características y desarrollos principales del lenguaje Python* [blog] [Consulta: 11 febrero 2023]. Disponible en <https://etoh.digital/es/top-8-des-fonctionnalites-et-developpements-a-partir-du-langage-python/#:~:text=Python%20es%20por%20naturaleza%20un,mucho%20m%C3%A1s%20f%C3%A1cil%20y%20eficiente.>

MARTÍNEZ RODRÍGUEZ, E. "Logit Model como modelo de elección discreta: origen y evolución". *Anuario Jurídico y Económico Escurialense*[en línea], 2008, España 41, pp.469-484.[Consulta: 4 febrero 2023]. ISSN 1133-3677. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=2652092>

MONOD, J. *The growth of bacterial cultures.* Annual review of microbiology, 3(1), 1949, 371-394.

MOSER, A. *Bioprocess technology: kinetics and reactors (2ª ed.).* New York: 2012. Springer Science y Business Media.

PAP, E. *Chapter 2–Some Elements of the Classical Measure Theory.* In Handbook of Measure Theory, North-Holland, Pap, E. (editor), 2002, 27–82.

PEÑA, C. & ARANGO, R. "Evaluación de la producción de etanol utilizando cepas recombinantes de *Saccharomyces cerevisiae* a partir de la melaza de caña de azúcar". *DYNA* [En línea], 2008. [Consulta: 23 febrero 2023]. ISSN 0012-7353. Disponible en: <http://www.scielo.org.co/pdf/dyna/v76n159/a16v76n159.pdf>

RICO, L.; et al. *Errores en el aprendizaje de las Matemáticas*[en línea], 1995, México: Grupo Editorial Iberoamérica. [Consulta: 4 de febrero 2023]. Disponible en: <https://core.ac.uk/download/pdf/12342327.pdf>

RIPA, Renato & LARRAL, Pilar (eds.) *Manejo de plagas en paltos y cítricos* [en línea]. Quillota: Versión Producciones Gráficas Ltda., 2008. [Consulta: 6 de mayo 2022]. Disponible en: <https://hdl.handle.net/20.500.14001/3509>

ROUKAS, T. & KOTZEKIDOU, P. *Lactic acid production from deproteinized whey by mixed cultures of free and coinmobilized *Lactobacillus casei* and coinmobilized *Lactobacillus casei* and *Lactococcus lactis* cells using fed batch culture.* 22(3), *Enzyme and Microbial Technology*, 1998, 199-204

SHAROV A. *Quantitative Ecology Population* [En línea], 1999. [Consulta: 16-5-2022]. Disponible en: <http://www.ento.vt.edu/~sharov/PopEcol/>.

TEISSIER, G. Growth of bacterial populations and the available substrate concentration. *Rev. Sci Instrum*, 3208(3208), 1942, 209-214.

TREJOS, V.; et al. "Descripción matemática y análisis de estabilidad de procesos fermentativos". *DYNA* [En línea], 2008. [Consulta: 6 diciembre 2022]. ISSN 2346-2183. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0012-73532009000200011

ULLOA, J.; et al. *El Modelo Logístico y su deconstrucción.* 2013.

VELASCO D. (2020). *Contaminación del aire*. En: Studocu [En línea]. Disponible en: <https://www.studocu.com/ec/document/escuela-superior-politecnica-de-chimborazo/operaciones-unitarias-i/modelo-de-monod/10928898>





epoch

Dirección de Bibliotecas y
Recursos del Aprendizaje

UNIDAD DE PROCESOS TÉCNICOS Y ANÁLISIS BIBLIOGRÁFICO Y
DOCUMENTAL

REVISIÓN DE NORMAS TÉCNICAS, RESUMEN Y BIBLIOGRAFÍA

Fecha de entrega: 21 / 08 / 2023

INFORMACIÓN DEL AUTOR/A (S)
Nombres – Apellidos: Dayana Carolina Jara Adame
INFORMACIÓN INSTITUCIONAL
Facultad: Ciencias
Carrera: Matemática
Título a optar: Matemática
f. Analista de Biblioteca responsable: Ing. Rafael Inty Salto Hidalgo

1229-DBRA-UPT-2023

