

MICROBIOLOGÍA PREDICTIVA

Aplicada a la Zootecnia

Henry Jurado Gámez

John Jairo Parreño Salas

Sara Jurado Diaz



èditorial

Universidad de **Nariño**

MICROBIOLOGÍA PREDICTIVA APLICADA A LA ZOOTECNIA

MICROBIOLOGÍA PREDICTIVA APLICADA A LA ZOOTECNIA

Henry Jurado Gámez
John Jairo Parreño Salas
Sara Jurado Diaz

èditorial
Universidad de **Nariño**

Jurado Gámez, Henry

Microbiología predictiva aplicada a la Zootecnia / Henry Jurado Gámez, John Jairo Parreño Salas, Sara Jurado Diaz—1ª. ed.-- San Juan de Pasto : Editorial Universidad de Nariño, 2025.

348 páginas : ilustraciones, gráficas

Incluye Referencias bibliográficas p. 307 - 340 y reseña de los autores p. 344 - 346

ISBN: 978-628-7864-77-1 Impreso

ISBN: 978-628-7864-78-8 Digital

1. Microbiología de los alimentos 2. Microbiología predictiva 3. Comportamiento de los microorganismos—Evaluación cuantitativa 4. Microbiología predictiva—Producción animal I. Parreño Salas, John Jairo II. Jurado Diaz, Sara

664.001579 J957mi – SCDD-Ed. 22



SECCIÓN DE BIBLIOTECA

MICROBIOLOGÍA PREDICTIVA APLICADA A LA ZOOTECNIA

© Editorial Universidad de Nariño

© Henry Jurado Gámez

John Jairo Parreño Salas

Sara Jurado Diaz

ISBN impreso: 978-628-7864-77-1

ISBN digital: 978-628-7864-78-8

DOI: <https://doi.org/10.22267/lib.udn.065>

Primera edición 2025

Corrector de estilo: Yeneth Verónica Narváez Rodríguez

Diagramación y diseño: Diana Sofía Salas Chalapud

San Juan de Pasto – Nariño – Colombia

Prohibida la reproducción total o parcial, por cualquier medio o con cualquier propósito, sin la autorización escrita de sus Autores o de la Editorial Universidad de Nariño.

Índice de Contenidos

PRESENTACIÓN	11
Introducción	13

Capítulo 1. Introducción general a la microbiología predictiva en la producción animal

Introducción	18
1.1. Concepto de microbiología predictiva.....	19
1.2. Historia y evolución de la disciplina.....	27
1.3. Relación con otras disciplinas científicas	32
1.4. Rol en la producción animal sostenible	37
1.5. Enfoque holístico y multidisciplinario de la microbiología predictiva en la zootecnia.....	41
1.6. Convergencia con sistemas de gestión de la calidad e inocuidad en la producción animal.....	45
1.7. Desafíos actuales y limitaciones del enfoque predictivo en microbiología pecuaria	48
Cuestionario Unidad 1. Introducción general a la microbiología predictiva en la producción animal.....	53

Capítulo 2. Fundamentos microbiológicos aplicados a sistemas pecuarios

Introducción	57
2.1. Principales grupos microbianos relevantes en sistemas pecuarios.....	61
2.2. Ecología microbiana de ambientes de producción animal.....	67
2.3. Factores que afectan la dinámica microbiana: temperatura, humedad, pH, actividad de agua	73
2.4. Microhábitats microbianos en instalaciones pecuarias.....	79
2.5. Biofilms y su relevancia en ambientes pecuarios	85
2.6. Microbiota intestinal en rumiantes, monogástricos y peces ...	89
2.7. Microbiología de productos pecuarios: leche, carne, huevo, miel, forrajes conservados.....	94
2.8. Biofilms y resistencia antimicrobiana en entornos pecuarios	98
CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 2.	
Fundamentos microbiológicos aplicados a sistemas pecuarios ...	102

Capítulo 3. Principios de la microbiología predictiva

Introducción	106
3.1. Concepto y alcance	107
3.2. Niveles de modelado: primario, secundario y terciario.....	110
3.3. Factores intrínsecos y extrínsecos en el modelado microbiano	116
CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 3.	
Principios de la microbiología predictiva	121

Capítulo 4. Modelos matemáticos en microbiología predictiva

Introducción	125
4.1 Modelos cinéticos primarios: Gompertz, Baranyi y logístico....	128
4.2 Modelos cinéticos primarios: Gompertz, Baranyi, Logistic y otros.....	133
4.3. Modelos de inactivación microbiana.....	137
4.3.1. Modelos log-lineales	137
4.3.2. Modelos Weibull	140
4.3.3. Modelos con shoulder y tail.....	144
4.4. Modelos probabilísticos y estocásticos.....	148
4.5. Integración de modelos primarios y secundarios	153
4.6. Visualización, ajuste y validación de modelos (R, Python, Excel, Prism).....	157
4.6.1. Visualización Exploratoria.	157
4.6.2. Ajuste del Modelo (Model Fitting) Estimación de Parámetros Reales.....	159
4.6.3. Validación Estadística: Garantía de Calidad del Modelo..	161
CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 4.	
Modelos matemáticos en microbiología predictiva	164

Capítulo 5. Aplicaciones prácticas en sistemas de producción animal

Introducción 168

5.1. Microbiología predictiva en la producción lechera 172

5.1.1. Control de *Listeria monocytogenes* en leche cruda 176

5.1.2. Modelos de crecimiento de bacterias ácido-lácticas en quesos 179

5.1.3. Modelado de *Salmonella* en canales porcinas 183

5.1.4. Dinámica de *Escherichia coli* O157:H7 en carne molida..186

5.1.5. Crecimiento microbiano en huevos almacenados.....189

5.2. Acuicultura y microbiología predictiva 193

5.2.1. *Vibrio* spp. en tilapias y camarones 194

5.2.2. Control predictivo de enfermedades bacterianas en sistemas recirculantes 197

5.3. Forrajes conservados y microbiología 201

5.3.1. Modelos de fermentación láctica en ensilajes 203

5.3.2. Desarrollo de mohos y levaduras durante el almacenamiento 206

QUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 5.

Aplicaciones prácticas en sistemas de producción animal.....212

Capítulo 6. Microbiología predictiva y el rol transformador de la enfermería en salud pública rural

Introducción 217

6.1. Enfermería y microbiología predictiva: Prevención de zoonosis 220

6.2. Control de la resistencia antimicrobiana (RAM)..... 222

6.3. Intervención en sistemas pecuarios y ambientes laborales ... 223

6.4. Retos y oportunidades en el ámbito rural..... 224

QUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 6.

Microbiología predictiva y el rol transformador de la enfermería en salud pública rural 226

Capítulo 7. Tecnologías emergentes y digitalización

Introducción	230
7.1. Rol de sensores ambientales en la recolección de datos microbiológicos	231
7.2. Internet de las cosas (IoT) en la gestión microbiológica pecuaria.....	236
7.3. Plataformas digitales para predicción y alerta temprana.....	240
7.4. Integración de imágenes, sensores y microbiología predictiva	245
7.5. Modelos híbridos con redes neuronales, aprendizaje automático y algoritmos genéticos.....	249
7.6. Big Data y sistemas expertos aplicados al análisis microbiológico.....	253
7.7. Aplicaciones móviles para monitoreo de calidad microbiológica.....	259
CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 7. Tecnologías emergentes y digitalización	264

Capítulo 8. Microbiología predictiva y sostenibilidad en la producción pecuaria

Introducción	268
8.1. Reducción de pérdidas postcosecha por predicción microbiana	270
8.2. Optimización del uso de antimicrobianos mediante predicción del riesgo.....	274
CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 8. Microbiología predictiva y sostenibilidad en la producción pecuaria	280

Capítulo 9. Bioseguridad y gestión predictiva de la resistencia antimicrobiana

Introducción	284
9.1 Principios de bioseguridad en unidades pecuarias	286
9.2 Resistencia antimicrobiana y control microbiológico predictivo	290
9.3 Vigilancia de resistencia antimicrobiana	294
9.4 Modelos para evaluar la diseminación de genes de resistencia.....	297
CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 9. Bioseguridad y gestión predictiva de la resistencia antimicrobiana.....	303
Referencias Bibliográficas	307
ÍNDICE DE FIGURAS	341
Acercas de los Autores.....	343

PRESENTACIÓN

La microbiología predictiva aplicada a la zootecnia representa un cambio de paradigma fundamental, donde la gestión de la inocuidad y la eficiencia productiva dejan de ser procesos reactivos para convertirse en estrategias preventivas basadas en el rigor del dato matemático. Esta disciplina, que integra la microbiología clásica con la estadística y la informática, permite anticipar el comportamiento de los microorganismos en diversas matrices biológicas, transformando la incertidumbre biológica en parámetros cuantificables. A través del estudio detallado de las fases de adaptación y crecimiento microbiano, los autores proponen un marco teórico sólido que analiza cómo factores críticos como el pH, la temperatura y la actividad de agua condicionan la vida útil de los productos y la salud de los animales, ofreciendo una base científica para la toma de decisiones en tiempo real.

El núcleo de la obra se desarrolla mediante una jerarquía de modelado que transita desde las ecuaciones primarias de Baranyi y Gompertz, que describen la evolución de las poblaciones en el tiempo, hasta modelos secundarios y terciarios que integran variables ambientales y herramientas de software avanzado. Este enfoque técnico no se limita a la abstracción matemática, sino que encuentra aplicaciones

directas en sectores clave como la industria láctea, cárnica y la acuicultura intensiva en sistemas de recirculación. Al permitir una predicción precisa de riesgos patógenos, el libro se convierte en una herramienta indispensable para la implementación de la zootecnia 4.0, donde el uso de sensores y el procesamiento de grandes volúmenes de datos optimizan la bioseguridad y la sostenibilidad de los sistemas productivos.

La relevancia de este texto se extiende hacia una visión integral de una sola salud, subrayando la interdependencia necesaria entre el bienestar animal, la salud humana y el equilibrio ambiental. En un contexto marcado por la creciente preocupación sobre la resistencia antimicrobiana, la microbiología predictiva surge como una solución técnica para reducir el uso indiscriminado de fármacos, permitiendo intervenciones más precisas y eficaces. De este modo, la obra se posiciona no solo como un referente académico para la formación de profesionales, sino como una guía práctica para mejorar la competitividad del sector agropecuario, garantizando la seguridad alimentaria desde el origen hasta el consumidor final mediante la aplicación rigurosa de la ciencia y la tecnología.

Introducción

En las últimas décadas, los sistemas de producción animal han atravesado una transformación significativa impulsada por avances en biotecnología, digitalización, intensificación productiva y cambios en las expectativas de los consumidores. Este nuevo contexto ha demandado un enfoque cuantitativo, preventivo y basado en modelos para la gestión de la salud animal, la calidad de los productos pecuarios y la bioseguridad de los sistemas de producción, superando aproximaciones meramente descriptivas o reactivas. En este marco, la microbiología predictiva ha emergido como una herramienta clave para anticipar y gestionar los riesgos microbiológicos, integrando el conocimiento biológico con métodos estadísticos, matemáticos y computacionales formalizados en modelos predictivos validados experimentalmente (McMeekin et al., 2008).

La microbiología predictiva se basa en el principio de que el comportamiento de los microorganismos en sistemas biológicos complejos puede ser modelado cuantitativamente en función de variables ambientales y condiciones del entorno. Sin embargo, estos modelos representan aproximaciones matemáticas basadas en supuestos experimentales específicos, en microbiología predictiva, tales aproximaciones generalmente asumen la homogeneidad del sistema, la

estabilidad o control de variables ambientales como temperatura, pH o actividad de agua, una respuesta fisiológica promedio de la población microbiana y la simplificación o ausencia de interacciones microbianas complejas. Por ello, su capacidad predictiva se limita a las condiciones experimentales bajo las cuales los modelos fueron desarrollados y validados (Jarne et al., 2024). Esta disciplina, inicialmente orientada a la seguridad alimentaria en la industria de alimentos procesados, permitió estimar, con niveles explícitos de incertidumbre, el crecimiento, supervivencia o inactivación de microorganismos; para luego encontrar aplicaciones crecientes en la zootecnia desde niveles de producción primarios hasta etapas de procesamiento, donde permite tomar decisiones informadas en el manejo sanitario de sistemas de producción animal, la formulación de dietas, la conservación de forrajes, la calidad microbiológica de leche, carne y huevos, y la reducción del uso innecesario de antimicrobianos (Gougouli & Koutsoumanis, 2016).

En los sistemas pecuarios, los microorganismos cumplen roles tanto benéficos como patogénicos. Dentro de este conjunto, se puede observar como la microbiota ruminal es indispensable para la digestión de fibras complejas, mientras que la presencia de patógenos como *Salmonella spp.* o *Escherichia coli O157:H7* representa un riesgo sanitario significativo. Entender y predecir la dinámica microbiana en estos entornos permite actuar preventivamente, optimizando procesos y minimizando pérdidas económicas y sanitarias (Ross, 1996).

El desarrollo de modelos matemáticos en microbiología predictiva ha permitido transformar datos experimentales en herramientas prácticas para el sector productivo. Modelos como los de Baranyi & Roberts (1994) o el modelo de Gompertz modificado permiten estimar parámetros clave como la tasa de crecimiento microbiano, el tiempo de

latencia o el tiempo necesario para alcanzar un nivel crítico de población microbiana (Ross, 1996). Estas predicciones, cuando se calibran con datos de campo o experimentales específicos del contexto pecuario, adquieren un valor estratégico para la gestión del riesgo y la eficiencia productiva.

Además, con la integración de tecnologías emergentes como sensores, sistemas de monitoreo ambiental, inteligencia artificial e Internet de las Cosas (IoT), la microbiología predictiva ha evolucionado hacia sistemas adaptativos y en tiempo real, lo cual es fundamental para los sistemas de producción intensiva y de precisión. Esta sinergia permite un control más eficaz de variables críticas como temperatura, humedad, ventilación, higiene, densidad animal y calidad de insumos (Koutsoumanis & Lianou, 2013).

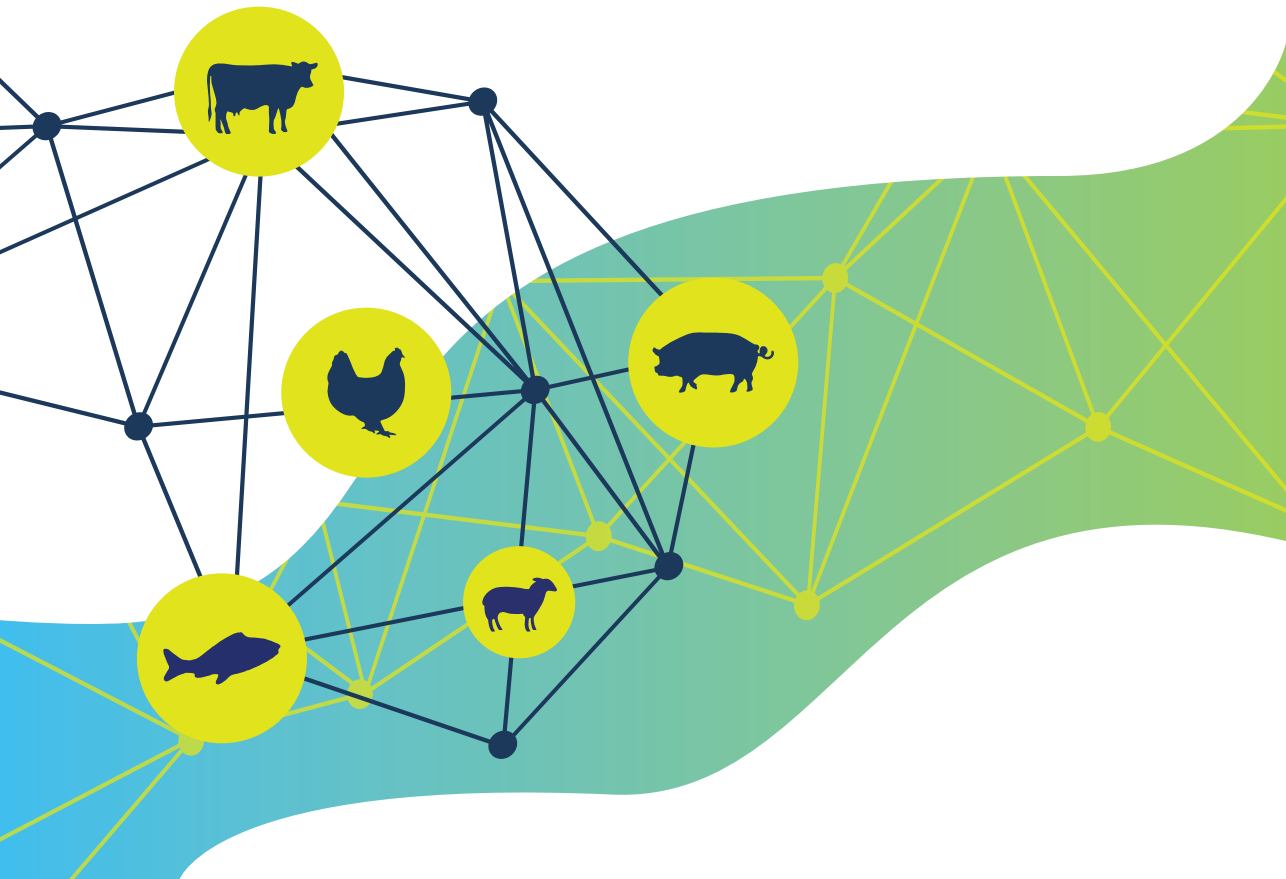
Otro campo donde la microbiología predictiva se ha vuelto importante es el control de la resistencia antimicrobiana (RAM), uno de los desafíos sanitarios más importantes del siglo XXI. La capacidad de modelar la propagación de genes de resistencia y predecir escenarios de presión selectiva en ambientes pecuarios, ha permitido diseñar estrategias más racionales de uso de antibióticos y reducir la emergencia de cepas multirresistentes (Van Boeckel et al., 2019).

A nivel académico y formativo, la microbiología predictiva constituye un puente entre la microbiología tradicional, la bioestadística y la modelación matemática, fomentando el pensamiento sistémico y cuantitativo en los futuros profesionales del sector agropecuario. Su estudio no solo fortalece competencias técnicas, sino también habilidades analíticas y de gestión del riesgo, esenciales para enfrentar los retos de la producción pecuaria moderna.

En América Latina, donde la producción animal representa una fracción significativa de la economía rural y nacional, la aplicación de herramientas predictivas aún se encuentra en fases emergentes, pero con gran potencial de impacto. Iniciativas de modelado en lechería artesanal, porcicultura intensiva, producción avícola tecnificada y acuicultura tropical, han mostrado resultados prometedores en cuanto a inocuidad, trazabilidad y sostenibilidad (Pacheco-Montealegre et al., 2020).

La presente obra se estructura de manera lógica para guiar al lector desde los conceptos fundamentales hasta las aplicaciones tecnológicas más avanzadas. El texto comienza con una introducción general y los fundamentos microbiológicos aplicados a sistemas pecuarios (Capítulos 1 y 2), estableciendo el contexto y la ecología microbiana necesaria. Posteriormente, se abordan los principios teóricos y los modelos matemáticos (Capítulos 3 y 4), proporcionando las herramientas cuantitativas de crecimiento e inactivación esenciales en la disciplina. El núcleo práctico se desarrolla en el Capítulo 5, donde se detallan aplicaciones específicas en diversas industrias (láctea, cárnica, avícola y acuícola), seguido de una visión social y sanitaria sobre el rol de la enfermería en la salud pública rural (Capítulo 6). El tramo final del libro explora la vanguardia de la disciplina, analizando la digitalización y tecnologías emergentes (Capítulo 7), el impacto de la microbiología en la sostenibilidad y economía circular (Capítulo 8) y, finalmente, la integración de modelos en la bioseguridad y la gestión de riesgos de resistencia antimicrobiana (Capítulo 9), ofreciendo así una visión integral y moderna de la microbiología predictiva en la producción animal.

Capítulo 1. Introducción general a la microbiología predictiva en la producción animal



Introducción

El dinamismo actual de los sistemas de producción animal exige una transición de los enfoques reactivos tradicionales hacia modelos de gestión proactivos y basados en datos. En este escenario, la microbiología predictiva emerge no solo como una herramienta estadística, sino como un puente fundamental entre la microbiología básica y la zootecnia de precisión.

A diferencia de los métodos analíticos convencionales —que a menudo actúan como una "autopsia" del proceso al entregar resultados cuando el producto ya ha seguido su curso—, la microbiología predictiva permite "viajar en el tiempo". Mediante el uso de algoritmos matemáticos y modelos computacionales, esta disciplina ofrece al zootecnista la capacidad de anticipar el comportamiento de patógenos y microorganismos alterantes en matrices complejas como forrajes, canales cárnicas y productos lácteos. El presente capítulo aborda los fundamentos conceptuales, la evolución histórica y la naturaleza interdisciplinaria de esta ciencia, destacando su rol crítico en la construcción de sistemas pecuarios más seguros, eficientes y alineados con las exigencias globales de inocuidad.

1.1. Concepto de microbiología predictiva

La microbiología predictiva es una disciplina científica interdisciplinaria que estudia, modela y predice cuantitativa y probabilísticamente el comportamiento de los microorganismos bajo diferentes condiciones ambientales y tecnológicas, mediante el uso de herramientas estadísticas, matemáticas y computacionales. Su fundamento es que, bajo condiciones conocidas, los microorganismos presentan patrones de comportamiento que pueden ser descritos mediante modelos matemáticos capaces de anticipar su crecimiento, inactivación o supervivencia (McMeekin et al., 2002). Este enfoque constituye una evolución de la microbiología tradicional hacia una ciencia orientada a la predicción, que permite no solo interpretar resultados experimentales, sino proyectar escenarios futuros y tomar decisiones informadas basadas en evidencia cuantitativa (figura 1).

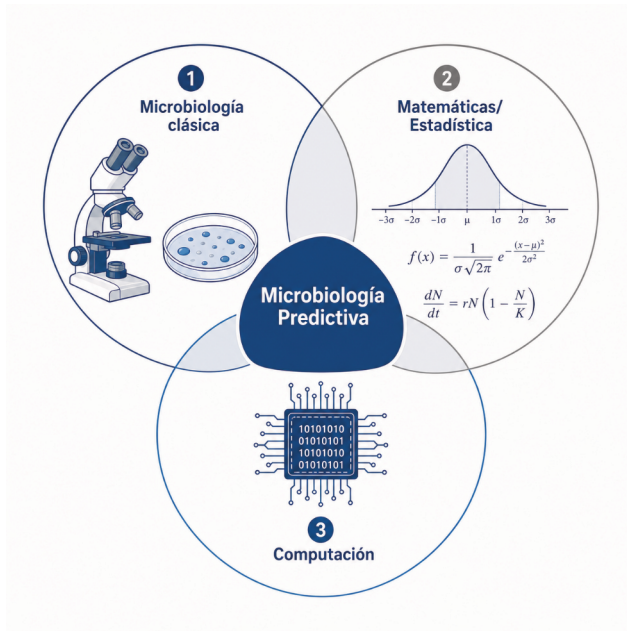


Figura 1. Pilares de la microbiología predictiva: integración interdisciplinaria.

En términos funcionales, la microbiología predictiva surge de la necesidad de comprender y anticipar la dinámica microbiana en matrices complejas como alimentos, forrajes, ambientes pecuarios o sistemas biológicos. A diferencia de los enfoques descriptivos que se limitan a documentar la presencia o ausencia de microorganismos, la microbiología predictiva se centra en responder preguntas tales como: ¿Cuánto tiempo tardará una bacteria patógena en alcanzar un nivel crítico en leche almacenada a 10 °C? ¿Cuál será el efecto de una reducción del pH en la tasa de crecimiento de *Listeria monocytogenes* en embutidos crudos? ¿Cómo influye la actividad de agua en la inactivación de levaduras en forraje ensilado? Estas preguntas requieren una cuantificación del riesgo y una representación formal del comportamiento microbiano, lo cual es posible mediante modelos (Ross & Dalgaard, 2000).

El desarrollo de esta disciplina ha sido impulsado por múltiples factores: la necesidad de garantizar la seguridad alimentaria, el control de enfermedades transmitidas por alimentos (ETA), la reducción de pérdidas postcosecha, el uso racional de conservantes, la trazabilidad microbiológica de productos, y la presión regulatoria para adoptar enfoques basados en análisis de riesgo (Fernandez Blanco, 2025). Asimismo, la intensificación de la producción animal y la creciente demanda de alimentos inocuos por parte de los consumidores han generado un entorno donde la anticipación y la prevención microbiológica son prioritarias.

Uno de los pilares conceptuales de la microbiología predictiva es que el comportamiento microbiano puede dividirse en etapas observables: fase lag (latencia), fase log (exponencial), fase estacionaria y fase de muerte. Estas fases reflejan la dinámica poblacional microbiana ante condiciones favorables o adversas, y pueden representarse

gráficamente mediante curvas de crecimiento o inactivación (figura 2). Modelos como el de Gompertz modificado, el modelo logístico o el modelo de Baranyi-Roberts, permiten describir estos procesos con precisión matemática (Baranyi & Roberts, 1994).

Los modelos se clasifican habitualmente en tres niveles jerárquicos:

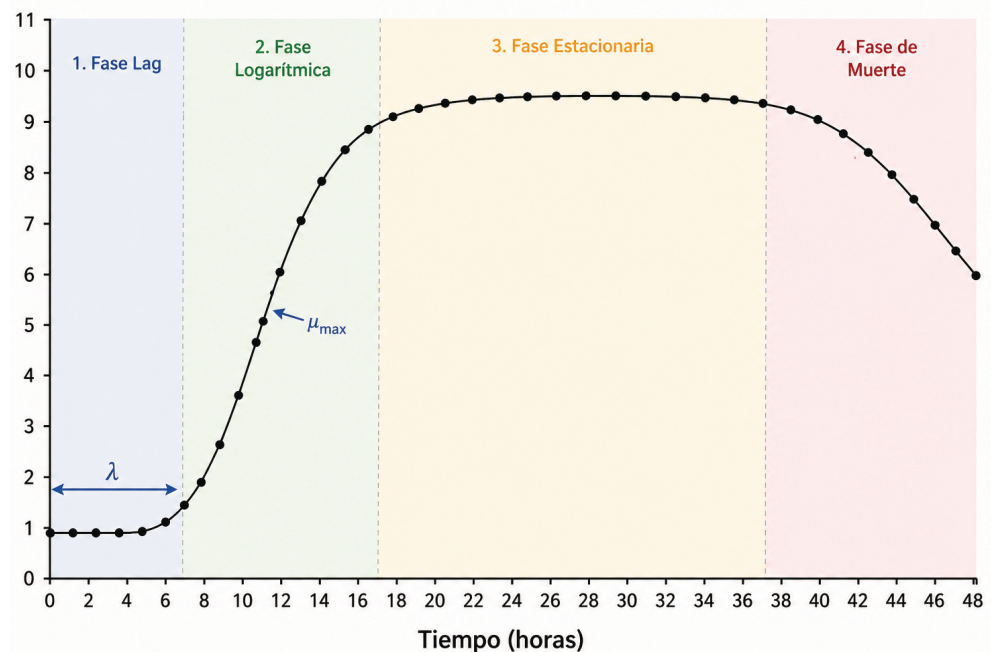


Figura 2. Parámetros cinéticos del modelo primario en la curva de crecimiento

Modelos primarios. Describen la evolución temporal de la población microbiana bajo condiciones ambientales constantes. Permiten estimar parámetros como la tasa máxima de crecimiento (μ_{max}), el tiempo de fase lag (λ), el nivel poblacional inicial (N_0) y el nivel máximo (N_{max}) (Solana et al., 2021).

Modelos secundarios. Relacionan los parámetros de los modelos primarios con factores ambientales como la temperatura, el pH, la actividad de agua (a_w), la concentración de dióxido de carbono, el oxígeno disuelto, o la presencia de antimicrobianos.

Modelos terciarios. Integran modelos primarios y secundarios en plataformas computacionales interactivas, con interfaces gráficas accesibles para usuarios finales. Estos modelos permiten simular múltiples escenarios y calcular riesgos de forma automatizada (Whiting & Buchanan, 1997)..




TIPO DE MODELO	DEFINICIÓN	¿QUÉ REPRESENTAN?	EJEMPLOS EN MICROBIOLOGÍA PREDICTIVA	APLICACIONES
 <p>MODELOS PRIMARIOS</p>	<p>Describen el comportamiento microbiano en condiciones óptimas y constantes, basándose en principios biológicos y cinéticos fundamentales.</p>	<p>El potencial de crecimiento máximo de un microorganismo en un medio o alimento, sin limitaciones ambientales. Establecen relaciones básicas entre la velocidad específica de crecimiento y factores individuales.</p>	<ul style="list-style-type: none"> Ecuación de Gompertz modificada Ecuación de Baranyi y Roberts Modelo de Buchanan Modelo de Ratkowsky (relación temperatura-velocidad de crecimiento) 	<ul style="list-style-type: none"> Estimar parámetros cinéticos máximos (μ_{max}, fase lag, población máxima). Comparar la capacidad intrínseca de crecimiento entre cepas. Generar datos para modelos secundarios y terciarios.
 <p>MODELOS SECUNDARIOS</p>	<p>Cuantifican el efecto de factores ambientales individuales sobre el crecimiento o la inactivación microbiana, manteniendo constantes los demás factores.</p>	<p>Cómo un factor ambiental específico (temperatura, pH, a_w, concentración de sal, preservantes, etc.) afecta la velocidad de crecimiento o la supervivencia/inactivación de los microorganismos.</p>	<ul style="list-style-type: none"> Modelos de efecto de temperatura (p. ej., modelo de Ratkowsky) Modelos de efecto de pH Modelos de efecto de a_w (actividad de agua) Modelos de efecto de NaCl, nitrato, ácido láctico, CO_2, etc. 	<ul style="list-style-type: none"> Estimar condiciones límite de crecimiento (mínimas, óptimas y máximas). Generar curvas de respuesta a factores individuales. Obtener parámetros para integración en modelos terciarios.
 <p>MODELOS TERCIARIOS</p>	<p>Integran múltiples factores ambientales y características del alimento para predecir el crecimiento o la inactivación microbiana en condiciones reales y variables.</p>	<p>El comportamiento microbiano en un alimento específico a lo largo del tiempo, considerando la interacción entre varios factores (temperatura, pH, a_w, composición, atmósfera, envase, etc.).</p>	<ul style="list-style-type: none"> Modelo de ComBase Predictor Modelo de DMFit Modelo de Pathogen Modeling Program (PMP) Modelos específicos para matrices alimentarias (p. ej., carnes, lácteos, vegetales) 	<ul style="list-style-type: none"> Predicir el crecimiento o inactivación en alimentos reales durante su vida útil. Evaluar escenarios de almacenamiento, formulación y proceso. Apoyar la gestión de inocuidad alimentaria y el análisis de riesgos.

Figura 3. Características y aplicación de la Microbiología predictiva

En el contexto zootécnico, la microbiología predictiva tiene múltiples campos de aplicación. Dentro de este grupo, podemos mencionar la alimentación animal, ya que permite modelar la estabilidad microbiológica de forrajes fermentados, pronosticar la proliferación de levaduras o mohos en concentrados, o evaluar la seguridad microbiológica de subproductos agroindustriales utilizados como ingredientes. En la producción de carne, es útil para predecir la carga microbiana en canales durante la refrigeración, la efectividad de tratamientos térmicos, o la vida útil de productos cárnicos envasados. En sistemas lecheros, los modelos pueden estimar la supervivencia de bacterias ácido-lácticas o patógenas en leche cruda, pasteurizada o fermentada. Incluso en acuicultura, permiten anticipar brotes de enfermedades bacterianas en tanques de cultivo, según condiciones como salinidad, temperatura, densidad poblacional y carga orgánica (figura 3) (Koutsoumanis et al., 2016).

Más allá del producto final, la microbiología predictiva también puede aplicarse al ambiente de producción, evaluando el riesgo microbiológico en instalaciones pecuarias, bebederos, comederos, superficies de contacto, e incluso en la calidad del aire. En este aspecto, podemos mencionar la estimación de la viabilidad de *E. coli* en camas profundas porcinas, la tasa de crecimiento de *Aspergillus* en silos de maíz, o la persistencia de *Salmonella* en galpones avícolas mal ventilados. Este tipo de aplicaciones es fundamental para el diseño de estrategias preventivas, el cumplimiento de protocolos de bioseguridad y la minimización del uso de antimicrobianos (Van Boeckel, 2007).

El diseño de modelos predictivos requiere la ejecución de ensayos experimentales controlados, donde se monitorea el comportamiento de un microorganismo bajo condiciones definidas. Los datos obtenidos son

analizados mediante regresión no lineal, ajuste de curvas, validación cruzada y análisis de sensibilidad. Los modelos deben ser validados tanto interna como externamente: la validación interna verifica la consistencia del modelo con los datos de entrenamiento, mientras que la validación externa comprueba su capacidad predictiva en condiciones nuevas o distintas (Ross et al., 2000). Sin esta validación, el modelo no puede ser considerado confiable ni útil para la toma de decisiones.

Una característica esencial de esta disciplina es su capacidad para reducir la incertidumbre. En microbiología, muchas variables son intrínsecamente estocásticas (aleatorias), como la tasa de crecimiento real de una cepa en condiciones específicas. Por eso, en lugar de ofrecer predicciones deterministas (una sola respuesta posible), muchos modelos predictivos modernos adoptan enfoques probabilísticos, donde se estima una distribución de posibles resultados. Esto permite calcular el riesgo de que un determinado evento ocurra, como ejemplo podemos mencionar la probabilidad de que *Salmonella* alcance un nivel de 10^4 UFC/gen en una carne refrigerada durante un periodo de siete días. Este tipo de análisis es fundamental en contextos de evaluación de riesgo microbiológico cuantitativo (QMRA) (Membré & Lambert, 2008).

Además, los modelos predictivos están siendo enriquecidos por tecnologías emergentes. El uso de sensores IoT (Internet de las Cosas), el análisis de big data y los algoritmos de Machine Learning permiten desarrollar modelos híbridos, que combinan datos históricos, monitoreo en tiempo real y aprendizaje automático para generar predicciones más precisas y contextualmente relevantes (Donaghy et al., 2021). Por ejemplo, en una granja avícola con sensores de temperatura, humedad, y CO_2 , se puede utilizar un modelo predictivo adaptativo para anticipar la aparición de condiciones que favorezcan la proliferación de *Campylobacter jejuni*.

Por otra parte, la microbiología predictiva tiene un rol pedagógico y formativo cada vez más importante. Su estudio promueve el pensamiento cuantitativo, el análisis multidisciplinario, la capacidad de modelar fenómenos complejos, y la toma de decisiones fundamentadas. En carreras como zootecnia, veterinaria, microbiología, ingeniería agroalimentaria, bioinformática o epidemiología veterinaria, su inclusión en el currículo académico fortalece competencias clave para el futuro profesional: análisis de datos, validación de modelos, simulación de escenarios, gestión del riesgo, y diseño experimental (Whiting & Buchanan, 1997).

Pese a sus ventajas, esta disciplina también enfrenta limitaciones que deben ser reconocidas. Los modelos pueden ser específicos a cepas, productos o condiciones particulares, y su extrapolación debe hacerse con precaución. Además, algunos factores ambientales son difíciles de controlar o modelar, como la heterogeneidad del sustrato, la presencia de microbiota competitiva, o las fluctuaciones microclimáticas. Por ello, se recomienda que los modelos predictivos se utilicen como complemento, no como sustituto, de los análisis microbiológicos directos. La combinación de muestreo microbiológico, modelación predictiva y monitoreo ambiental en tiempo real es la estrategia más robusta para la gestión del riesgo microbiológico (Augustin & Carlier, 2000).

A nivel internacional, existen bases de datos y plataformas diseñadas para facilitar el desarrollo y uso de modelos predictivos. Una de las más reconocidas es ComBase, que proporciona una colección de modelos validados y datos experimentales sobre el comportamiento de microorganismos en alimentos. Otras herramientas como el Pathogen Modeling Program (PMP) del USDA, Bioinactivation FE, FSSP, o softwares comerciales como @Risk, también han contribuido a democratizar el uso

de esta disciplina. Estas plataformas permiten a técnicos, docentes, investigadores y productores utilizar modelos sin necesidad de programar, facilitando su aplicación en escenarios prácticos (Combase, 2024).

En la producción animal moderna, donde la exigencia por la inocuidad, la eficiencia y la sostenibilidad es cada vez mayor, la microbiología predictiva se perfila como una herramienta indispensable. Su capacidad para integrar ciencia básica, tecnología aplicada y gestión del riesgo la convierte en un eje transversal para la toma de decisiones. Desde prever la vida útil de un queso fresco artesanal, hasta simular la eficacia de un tratamiento térmico en harina de pescado, o estimar la persistencia ambiental de un patógeno en un sistema de cama profunda, las aplicaciones son tan variadas como relevantes (Ortuno et al., 2025).

En suma, la microbiología predictiva es mucho más que una técnica: es un enfoque que transforma datos en decisiones, incertidumbre en conocimiento, y riesgo en oportunidad de mejora. Su consolidación en el ámbito zootécnico no solo contribuirá a mejorar la salud animal y la calidad de los productos, sino también a construir sistemas pecuarios más inteligentes, responsables y sostenibles.

1.2. Historia y evolución de la disciplina

La microbiología predictiva, como disciplina formalizada, es relativamente reciente dentro de las ciencias biológicas y aplicadas. No obstante, su origen conceptual puede rastrearse hasta los primeros intentos de cuantificar el comportamiento microbiano en alimentos durante la primera mitad del siglo XX. Estos esfuerzos surgieron de la necesidad de comprender, predecir y controlar la alteración microbiana y la presencia de patógenos en productos alimenticios perecederos,

especialmente en el contexto de una industrialización creciente de la producción y procesamiento de alimentos (Whiting & Buchanan, 1997).

Durante décadas, los estudios microbiológicos se basaron en observaciones empíricas, lo que limitaba la capacidad de extrapolación y generalización. El enfoque descriptivo predominante no permitía prever el comportamiento microbiano bajo condiciones cambiantes, lo que generaba incertidumbre en la gestión del riesgo. Fue a partir de los años setenta y ochenta que surgieron los primeros modelos matemáticos que intentaron representar cuantitativamente el crecimiento microbiano en función del tiempo y las condiciones ambientales (McMeekin et al., 2002).

El desarrollo de la microbiología predictiva como disciplina estructurada se consolidó con los trabajos pioneros de investigadores como McMeekin, Ross, Baranyi, Buchanan y Whiting, quienes propusieron formalismos matemáticos para modelar el crecimiento, inactivación o supervivencia de microorganismos en matrices alimentarias. No obstante, los primeros modelos desarrollados presentaban limitaciones importantes en su aplicabilidad, ya que se basaban principalmente en condiciones experimentales controladas y simplificaciones de los sistemas biológicos, lo que generó debates metodológicos sobre su capacidad para representar la complejidad de los alimentos reales. Con el tiempo, estas limitaciones impulsaron el desarrollo de enfoques más robustos, incluyendo modelos secundarios, modelos probabilísticos y estrategias de validación más rigurosas, ampliando así el alcance y la utilidad de la microbiología predictiva. Estos modelos, como los de Gompertz modificado, logístico o Baranyi y Roberts, permitieron por primera vez predecir la dinámica microbiana en condiciones controladas (Baranyi & Roberts, 1994; Whiting & Buchanan, 1997).

Un hito fundamental fue la introducción de los modelos primarios y secundarios. Los modelos primarios describen la cinética microbiana (ej. crecimiento logarítmico), mientras que los secundarios vinculan parámetros del modelo primario con factores ambientales, siempre sujetos a procesos de validación interna y externa, como la temperatura, pH o actividad de agua. Esta estructura modular de modelado permitió la generalización y aplicación práctica de los modelos, facilitando su adopción por parte de la industria y las agencias regulatorias (Zwietering et al., 1996).

En la década de 1990, la microbiología predictiva comenzó a integrarse a los sistemas de gestión de inocuidad alimentaria, especialmente en países desarrollados, en el contexto del análisis de peligros y puntos críticos de control (HACCP) (Anzuay et al., 2023). Las agencias como la FDA (Food and Drug Administration) y el USDA (United States Department of Agriculture) comenzaron a utilizar modelos predictivos como parte de sus evaluaciones de riesgo, promoviendo su validación y estandarización.

Este periodo también marcó la aparición de las primeras herramientas informáticas para el uso de modelos microbiológicos, como el Pathogen Modeling Program (PMP) del USDA y la base de datos ComBase. Estas plataformas hicieron accesibles los modelos a técnicos, investigadores y profesionales del sector alimentario, lo cual fue esencial para su difusión y aplicación práctica (Combase, 2024).

En paralelo, se avanzó en el desarrollo de modelos de inactivación térmica y no térmica, fundamentales para validar procesos de pasteurización, cocción y tratamiento por presión, ácidos orgánicos o radiación. La introducción de conceptos como el D-value (tiempo de reducción decimal)

y el z-value (resistencia térmica frente a temperatura) fueron fundamentales para integrar la microbiología predictiva en procesos tecnológicos (Augustin & Carlier, 2000). En la primera década del siglo XXI, la disciplina vivió una expansión importante gracias al avance en estadística, computación y biotecnología. El enfoque se amplió desde alimentos listos para el consumo hacia materias primas, ambientes de producción y sistemas agrícolas integrales. En este contexto, comenzaron a explorarse aplicaciones en producción pecuaria, como la predicción de alteración microbiana en forrajes ensilados, la dinámica de patógenos zoonóticos en sistemas avícolas, o la optimización de condiciones para fermentaciones controladas (Membré & Lambert, 2008).

Con el avance de la microbiología molecular y la genómica, se empezaron a integrar herramientas de identificación y caracterización microbiana con los modelos predictivos, generando una sinergia entre la caracterización genotípica y la modelación fenotípica. Esto permitió mejorar la especificidad de los modelos y su capacidad para diferenciar entre cepas de un mismo patógeno con comportamientos distintos (Zhao & Drlica, 2014).

A partir de 2010, se incorporaron enfoques probabilísticos y de análisis de incertidumbre, lo cual fortaleció el uso de la microbiología predictiva en evaluación de riesgo cuantitativa. Estos modelos permiten estimar la probabilidad de ocurrencia de un evento microbiológico (ej. crecimiento de *Salmonella* en un producto refrigerado) considerando variabilidad e incertidumbre inherentes al sistema (Nauta, 2002).

En la actualidad, la microbiología predictiva se encuentra en una fase de integración con tecnologías emergentes como la inteligencia artificial, los sistemas ciberfísicos, el Internet de las Cosas (IoT), y los

sensores inteligentes. Esta convergencia ha dado lugar a lo que se conoce como microbiología predictiva de próxima generación, donde modelos dinámicos se alimentan en tiempo real con datos provenientes de sensores en sistemas de producción animal, permitiendo decisiones más rápidas y precisas (Whiting & Buchanan, 1997).

En el campo de la zootecnia, estas aplicaciones incluyen predicción del deterioro de silos, el crecimiento microbiano en leche cruda almacenada, la supervivencia de patógenos en cama de pollo, y la persistencia de bacterias en ambientes húmedos de establos. Estas aplicaciones han sido particularmente relevantes en sistemas intensivos donde el riesgo microbiológico es alto y las exigencias sanitarias son estrictas (Pacheco-Montealegre et al., 2020).

En Latinoamérica, la adopción de la microbiología predictiva ha sido gradual pero creciente. Países como Brasil, México, Colombia, Argentina y Chile han desarrollado proyectos que integran esta herramienta en sistemas pecuarios y agroindustriales. Instituciones como Embrapa, el INTA, y diversas universidades han liderado el desarrollo de modelos adaptados a condiciones tropicales y subtropicales.

El avance en capacidad computacional ha permitido el uso de técnicas de machine learning para generar modelos predictivos basados en grandes volúmenes de datos. Estos enfoques han demostrado ser útiles para representar relaciones complejas y no lineales que no siempre pueden ser captadas por modelos mecanísticos tradicionales, ampliando así las fronteras de la disciplina.

No obstante, uno de los desafíos actuales de la microbiología predictiva es la necesidad de una validación rigurosa bajo condiciones reales. Muchos modelos desarrollados en laboratorio muestran

limitaciones cuando se aplican a ambientes de producción con alta variabilidad. Esto ha impulsado el desarrollo de metodologías de validación externa y análisis de sensibilidad para garantizar su robustez (Ross & Dalgaard, 2000).

A lo largo de su evolución, la microbiología predictiva ha transitado desde una herramienta académica hacia un componente esencial de la gestión sanitaria y de calidad en la cadena alimentaria. Su flexibilidad le ha permitido adaptarse a múltiples escalas, desde la producción primaria hasta la comercialización, y desde productos frescos hasta fermentados o mínimamente procesados (McMeekin et al., 2002).

La historia de esta disciplina también ha estado marcada por la colaboración interdisciplinaria. El desarrollo de modelos predictivos ha requerido la integración de expertos en microbiología, estadística, zootecnia, ingeniería de alimentos, informática y bioseguridad. Este enfoque colaborativo ha sido clave para su avance científico y su implementación práctica.

En resumen, la microbiología predictiva ha recorrido un camino sólido desde sus bases teóricas hasta convertirse en una herramienta aplicada indispensable para la zootecnia moderna. Su evolución refleja la maduración de un campo que combina ciencia, tecnología y gestión del riesgo, con un impacto creciente en la sostenibilidad y la seguridad de los sistemas agroalimentarios globales.

1.3. Relación con otras disciplinas científicas

La microbiología predictiva, por su naturaleza cuantitativa y aplicada, mantiene una interacción interdisciplinaria profunda con

diversos campos científicos y tecnológicos. Esta interrelación ha sido esencial para su evolución, validación y aplicación en contextos productivos complejos como los sistemas pecuarios. Su desarrollo no podría haberse dado de forma aislada, ya que requiere conocimientos provenientes de la microbiología general, la estadística, la ingeniería, la informática, la ecología microbiana, la bioquímica, la genética y las ciencias veterinarias, entre otras.

Uno de los vínculos más sólidos se da con la estadística, dado que los modelos predictivos se sustentan en análisis de datos, estimación de parámetros, ajuste de curvas y validación empírica. Métodos como la regresión no lineal, la estimación por mínimos cuadrados, la validación cruzada, los intervalos de confianza, y los análisis de sensibilidad son fundamentales para garantizar la precisión de los modelos (Pin & Baranyi, 1998). Además, la estadística bayesiana ha cobrado importancia para incorporar la incertidumbre en la estimación de parámetros y en la predicción de comportamientos microbianos bajo variabilidad ambiental (Van Boeckel, 2007).

La matemática aplicada constituye otra base esencial, especialmente en lo relativo al desarrollo de modelos deterministas y estocásticos. La representación del crecimiento, inactivación o supervivencia microbiana mediante funciones logísticas, Gompertz modificadas, modelos de Baranyi o ecuaciones diferenciales requiere habilidades en formulación y resolución de modelos matemáticos. Asimismo, la interpretación de estos modelos desde un punto de vista biológico implica una traducción constante entre el lenguaje matemático y los fenómenos fisiológicos microbianos (McMeekin et al., 2008).

La informática y la ciencia de datos han permitido la creación de herramientas computacionales que facilitan la implementación de la microbiología predictiva en contextos reales. Bases de datos como ComBase o software como Bioinactivation FE o PMP (Pathogen Modeling Program) son productos de esta sinergia. Más recientemente, el uso de inteligencia artificial y machine learning ha comenzado a complementar los modelos mecanísticos tradicionales, especialmente cuando se dispone de grandes volúmenes de datos con múltiples variables.

Desde la microbiología molecular, la microbiología predictiva ha recibido importantes aportes relacionados con la identificación, tipificación y caracterización genética de microorganismos. Técnicas como la PCR en tiempo real, la secuenciación de nueva generación (NGS), el análisis del resistoma y el metagenoma han permitido comprender mejor la diversidad y dinámica de comunidades microbianas, lo cual es esencial para construir modelos más específicos y robustos (Zhao & Drlica, 2014).

La bioquímica y fisiología microbiana son necesarias para interpretar los resultados de los modelos desde un punto de vista metabólico. Por ejemplo, la explicación del efecto del pH, la actividad de agua o la temperatura sobre el crecimiento microbiano no puede limitarse a observaciones empíricas, sino que debe entenderse a través de los mecanismos bioquímicos implicados, como la desnaturalización enzimática o la regulación de genes de estrés.

En la ecología microbiana, los modelos predictivos encuentran fundamentos al considerar que los microorganismos interactúan con su entorno y con otras especies microbianas. Este enfoque permite incorporar aspectos como la competencia, la inhibición o la sinergia, los

cuales son importantes en matrices complejas como los forrajes ensilados o las camas avícolas, donde múltiples especies interactúan (Ross, 1996).

En cuanto a la ingeniería de alimentos y de procesos, la microbiología predictiva ofrece herramientas para diseñar tratamientos térmicos, ajustar formulaciones, o establecer condiciones de almacenamiento seguras. La colaboración entre ingenieros y microbiólogos predictivos ha sido vital para desarrollar procesos que aseguren la inocuidad sin comprometer la calidad sensorial o nutricional de los alimentos (Nauta, 2002).

En la zootecnia y producción animal, la integración de la microbiología predictiva es creciente. Esta se aplica en la gestión de riesgos microbiológicos en alimentos para animales, en la calidad de la leche cruda, en la sanidad de ambientes productivos, en la fermentación de forrajes, y en la detección de patógenos zoonóticos en animales en pie. Así, contribuye no solo a la seguridad alimentaria sino también al bienestar animal y a la sostenibilidad de la producción (Pacheco-Montealegre et al., 2020).

Las ciencias veterinarias también se benefician de la microbiología predictiva, especialmente en lo que respecta a la prevención de enfermedades infecciosas transmitidas por alimentos, la resistencia antimicrobiana, y la bioseguridad en granjas. Modelos predictivos permiten anticipar situaciones de riesgo que podrían comprometer la salud animal y humana, reforzando el enfoque de Una Sola Salud (One Health) (FAO, 2019).

En los últimos años, se ha observado una convergencia con la biotecnología, donde la microbiología predictiva se aplica en procesos

fermentativos para la elaboración de bioinoculantes, enzimas o aditivos alimentarios. Modelar el comportamiento de cultivos iniciadores bajo diferentes condiciones puede optimizar la producción y garantizar estabilidad microbiológica (Gougouli & Koutsoumanis, 2016).

En el ámbito de la agricultura de precisión y agrotecnología, la incorporación de sensores y plataformas digitales permite alimentar modelos en tiempo real. Esta convergencia ha dado lugar a sistemas de soporte de decisiones para el manejo higiénico de la producción animal, la conservación de forrajes y el transporte de productos perecederos (Van Boeckel, 2007).

La microbiología predictiva también ha influido en el desarrollo de normativas y legislación alimentaria, especialmente en el contexto de evaluación de riesgos. Organismos internacionales como el Codex Alimentarius, la EFSA y la FDA utilizan modelos predictivos para establecer límites de seguridad y prácticas de manejo del riesgo. Esto ha generado una estrecha colaboración con especialistas en derecho alimentario y políticas públicas.

La relación con la epidemiología es clara cuando se analiza la diseminación de patógenos en la cadena alimentaria. Modelos que predicen el crecimiento de *Salmonella*, *Listeria monocytogenes* o *Campylobacter* en matrices alimentarias permiten anticipar brotes y apoyar sistemas de trazabilidad. La combinación de modelado predictivo y análisis epidemiológico es una herramienta poderosa en la prevención de enfermedades transmitidas por alimentos (Nauta, 2002).

Además, la microbiología predictiva se ha beneficiado de los desarrollos en climatología y ciencias ambientales, ya que el cambio climático afecta variables críticas como la temperatura y la humedad, que

inciden directamente en la supervivencia y crecimiento microbiano. Modelos predictivos pueden ayudar a evaluar escenarios de riesgo asociados a condiciones extremas, especialmente en países tropicales (Membré & Lambert, 2008).

Otra relación emergente es con las ciencias sociales y económicas, particularmente en análisis costo-beneficio de intervenciones tecnológicas. Implementar medidas basadas en modelos predictivos puede tener implicaciones económicas relevantes para productores, lo cual requiere modelos integrados que consideren no solo riesgo microbiológico, sino también viabilidad económica (McMeekin et al., 2002).

Desde una perspectiva educativa, la microbiología predictiva también se relaciona con la pedagogía y la comunicación científica, ya que su carácter interdisciplinario requiere enfoques didácticos innovadores para enseñar conceptos cuantitativos a estudiantes con formación biológica o técnica. Las simulaciones, herramientas interactivas y laboratorios virtuales son ejemplo de esta sinergia.

1.4. Rol en la producción animal sostenible

La microbiología predictiva se posiciona como una herramienta estratégica en el marco de la producción animal sostenible, al integrar ciencia microbiológica cuantitativa con principios de gestión ambiental, bienestar animal, inocuidad alimentaria y eficiencia productiva. Este enfoque trasciende la simple predicción del crecimiento o inactivación microbiana, para insertarse en modelos agropecuarios orientados a la sostenibilidad, que buscan satisfacer las necesidades actuales sin comprometer los recursos y condiciones para futuras generaciones (FAO, 2018).

Uno de los principales aportes de la microbiología predictiva a la sostenibilidad es la reducción del desperdicio alimentario. La capacidad de estimar la vida útil microbiológica de productos como leche cruda, carne fresca o huevos, bajo diferentes condiciones de temperatura, humedad y empaque, permite optimizar la cadena de distribución, reducir mermas y prevenir pérdidas económicas (Gougouli & Koutsoumanis, 2016). Asimismo, la información predictiva puede sustentar decisiones sobre reformulación de productos o implementación de tecnologías conservantes más sostenibles.

En sistemas de producción animal intensivos, la microbiología predictiva ofrece una ventaja en la gestión del riesgo microbiológico, al facilitar la identificación de puntos críticos de control, validar planes de inocuidad y anticipar escenarios de contaminación. Esta capacidad predictiva reduce la necesidad de tratamientos correctivos costosos o el uso indiscriminado de antimicrobianos, lo cual tiene implicaciones directas en términos de sostenibilidad económica y ecológica (Van Boeckel, 2007).

La resistencia antimicrobiana (RAM) representa uno de los mayores desafíos para la sostenibilidad de la producción animal. En este contexto, la microbiología predictiva contribuye mediante modelos que estiman la supervivencia de bacterias resistentes en ambientes agropecuarios o en matrices alimentarias, lo cual orienta estrategias de mitigación y uso racional de medicamentos veterinarios (FAO, 2020). Estos modelos también permiten evaluar la eficacia de prácticas como la bioconservación o el uso de prebióticos y probióticos como alternativas no antibióticas.

La optimización del uso de insumos es otra dimensión relevante. La modelación del comportamiento microbiano en forrajes fermentados o en camas avícolas, por ejemplo, permite diseñar protocolos de manejo que reduzcan la generación de gases contaminantes como el amoníaco o el metano. Al minimizar la carga microbiana indeseable, se mejora la calidad ambiental de los alojamientos y se reduce la huella ecológica del sistema productivo (Sossidou et al., 2015).

La microbiología predictiva también apoya la sostenibilidad en términos de bienestar animal, ya que, al prever el deterioro microbiológico de dietas o ambientes, se pueden evitar condiciones que predispongan al estrés, enfermedades digestivas o infecciones respiratorias.

Desde una perspectiva ecológica, los modelos predictivos permiten evaluar el impacto de condiciones climáticas extremas sobre la persistencia de patógenos en ambientes pecuarios, lo cual es especialmente relevante ante el cambio climático. Al anticipar estos riesgos, los sistemas de producción pueden adaptarse mediante estrategias de bioseguridad dinámicas y manejo ambiental adaptativo (Membré & Lambert, 2008).

El concepto de ecoeficiencia en la producción pecuaria también se ve favorecido. Al predecir la cinética de contaminantes microbiológicos, es posible diseñar procesos que optimicen simultáneamente la calidad e inocuidad de los productos, reduciendo los requerimientos energéticos o materiales en etapas como el almacenamiento, transporte o procesamiento (McMeekin et al., 2008).

En el manejo de efluentes ganaderos y subproductos, como el estiércol o los lixiviados de silos, la microbiología predictiva puede

estimar la supervivencia de microorganismos patógenos, facilitando la selección de tratamientos biológicos o térmicos que minimicen el riesgo de diseminación ambiental. Esto es particularmente relevante en zonas rurales donde el reciclaje de residuos orgánicos es una práctica habitual (Zhao & Drlica, 2014).

Los sistemas silvopastoriles y de producción agroecológica se benefician de modelos predictivos que permiten gestionar de forma preventiva la calidad microbiológica del entorno, particularmente cuando se utilizan biofertilizantes o insumos de origen biológico. Esto permite evitar contaminaciones cruzadas que podrían comprometer tanto la salud animal como humana (Pacheco-Montealegre et al., 2020).

La microbiología predictiva también permite promover la educación y capacitación técnica, al ofrecer una herramienta para la toma de decisiones basada en evidencia cuantitativa.

Por último, en el marco de los objetivos de desarrollo sostenible (ODS) propuestos por las Naciones Unidas, la microbiología predictiva contribuye especialmente a los ODS 2 (Hambre cero), ODS 3 (Salud y bienestar), ODS 12 (Producción y consumo responsables) y ODS 13 (Acción por el clima), al mejorar la inocuidad alimentaria, la eficiencia productiva, la bioseguridad y la resiliencia ante el cambio climático.

En suma, el rol de la microbiología predictiva en la producción animal sostenible es multifactorial y transversal. No solo contribuye a reducir riesgos microbiológicos y mejorar la eficiencia, sino que también habilita modelos productivos integrados con el entorno, socialmente responsables y alineados con las demandas del siglo XXI.

1.5. Enfoque holístico y multidisciplinario de la microbiología predictiva en la zootecnia

La microbiología predictiva, concebida inicialmente como una herramienta para modelar el comportamiento microbiano en alimentos, ha evolucionado hacia un enfoque holístico que integra múltiples disciplinas en su aplicación a los sistemas de producción animal. Esta evolución responde a la complejidad intrínseca de los sistemas pecuarios, donde interaccionan factores biológicos, ambientales, tecnológicos, sociales y económicos. Por ende, su implementación efectiva requiere un abordaje multidisciplinario que combine la microbiología, la zootecnia, la estadística, la bioinformática, la ingeniería agronómica y la ciencia de datos (Whiting & Buchanan, 1997).

Desde el punto de vista conceptual, el enfoque holístico implica considerar la totalidad del ecosistema pecuario como un sistema dinámico donde el comportamiento microbiano no depende solo del alimento o del hospedero, sino también de factores exógenos como la temperatura ambiental, la densidad animal, las prácticas de manejo, la calidad del agua, la interacción con otros microorganismos y la variabilidad estacional (Fukayama & Calderone, 1991). Esta visión sistémica permite un análisis más realista y robusto del riesgo microbiológico.

La zootecnia, como ciencia aplicada que busca optimizar la producción animal de manera eficiente y sostenible, se beneficia directamente de este enfoque. En particular, la integración de modelos predictivos en programas de nutrición, sanidad, reproducción, bienestar animal y manejo ambiental ofrece nuevas posibilidades para la mejora continua y la toma de decisiones basadas en evidencia científica.

En la nutrición animal, los modelos predictivos permiten estimar el crecimiento microbiano en silos, forrajes o alimentos balanceados bajo distintas condiciones de humedad, pH o aditivos. Esta información es clave para prevenir micotoxicosis, enterotoxemias o desequilibrios ruminales, mejorando así la salud y el desempeño productivo del ganado (Castro et al., 2019).

En el campo de la sanidad animal, la microbiología predictiva contribuye a anticipar la aparición de enfermedades infecciosas causadas por bacterias como *Salmonella spp.*, *Clostridium perfringens* o *Escherichia coli*. Su modelación permite establecer estrategias de control más precisas y menos dependientes del uso de antimicrobianos, lo que favorece la sostenibilidad y reduce la resistencia antimicrobiana (Carvalho et al., 2024).

Además, en la reproducción animal, el enfoque predictivo puede ser útil en el monitoreo de la calidad microbiológica de semen y embriones, tanto en especies bovinas como porcinas. Al identificar condiciones óptimas de almacenamiento y transporte, se mejora la eficiencia reproductiva y se minimizan las pérdidas económicas asociadas a contaminaciones (Ferraz et al., 2024).

La ingeniería agronómica y la gestión ambiental también se articulan con este enfoque. Modelos de supervivencia bacteriana en efluentes pecuarios, residuos de matadero o áreas de pastoreo permiten optimizar procesos de tratamiento, reducir impactos ambientales y evitar contaminaciones cruzadas. Asimismo, estos modelos son fundamentales para la planificación territorial y la vigilancia epidemiológica ambiental (Arroyo-López et al., 2014).

En términos de tecnología e innovación, la microbiología predictiva se potencia al integrarse con sistemas de monitoreo en tiempo real, sensores, dispositivos IoT (Internet de las Cosas) y plataformas de análisis de datos masivos (big data). Esto permite implementar sistemas inteligentes de alerta temprana y optimizar la trazabilidad microbiológica en toda la cadena de valor pecuaria (Velasquez-Camacho et al., 2022).

La bioinformática y la genómica microbiana complementan este enfoque, al permitir la caracterización precisa de cepas patógenas o deteriorantes, sus perfiles de resistencia, su capacidad metabólica y sus interacciones simbióticas. La incorporación de estos datos a modelos matemáticos mejora la predicción de comportamientos complejos en escenarios reales de producción (Franz et al., 2013).

Desde el punto de vista educativo, el enfoque holístico de la microbiología predictiva fomenta una formación transdisciplinaria en estudiantes y profesionales del sector pecuario. (Tarlak, 2023) Promueve competencias en pensamiento sistémico, modelación matemática, interpretación de datos y gestión integral del riesgo, habilidades esenciales en la producción animal contemporánea (Taiwo et al., 2024).

También es relevante destacar que este enfoque permite una mejor articulación con marcos regulatorios y estándares internacionales en inocuidad alimentaria, bienestar animal y sostenibilidad, como los propuestos por Codex Alimentarius, OIE y FAO. Esto fortalece la competitividad de los sistemas pecuarios latinoamericanos en mercados globales (FAO, 2020).

Asimismo, el enfoque multidisciplinario propicia la investigación colaborativa entre universidades, centros tecnológicos, industria pecuaria y organismos gubernamentales. Esta sinergia permite avanzar en el desarrollo de modelos predictivos validados, adaptados a condiciones locales y con alto impacto práctico (Zuñiga et al., 2020).

Cabe señalar que la implementación efectiva del enfoque holístico requiere superar desafíos como la falta de datos de calidad, la resistencia al cambio en sectores tradicionales, la necesidad de capacitación técnica y la construcción de modelos interpretables para los usuarios finales (Whiting & Buchanan, 1997).

En respuesta, se han propuesto estrategias como el uso de herramientas de visualización de datos, sistemas de apoyo a la toma de decisiones (DSS), entrenamiento a técnicos de campo, y la promoción de políticas públicas que reconozcan la microbiología predictiva como una tecnología habilitante para la producción sostenible (Van Elsas et al., 1998).

En conclusión, el enfoque holístico y multidisciplinario de la microbiología predictiva constituye un pilar fundamental para su aplicación efectiva en la zootecnia. Al considerar múltiples dimensiones del sistema productivo y articular diversos saberes científicos, permite avanzar hacia una producción animal más segura, eficiente, resiliente y responsable.

1.6. Convergencia con sistemas de gestión de la calidad e inocuidad en la producción animal

La microbiología predictiva representa una herramienta estratégica en la integración de los sistemas de gestión de la calidad e inocuidad en la producción animal (Valero et al., 2007). Esta disciplina permite anticipar y controlar riesgos microbiológicos a lo largo de la cadena productiva, desde la producción primaria hasta la comercialización, favoreciendo así la implementación de sistemas como HACCP (Análisis de Peligros y Puntos Críticos de Control), BPM (Buenas Prácticas de Manufactura), y estándares internacionales como ISO 22000 y GLOBALG.A.P. (Van der Fels-Klerx, 2014).

El papel de la microbiología predictiva en estos sistemas se fundamenta en su capacidad para describir, cuantificar y modelar el comportamiento de microorganismos bajo condiciones variables. Esta característica permite una evaluación dinámica del riesgo microbiológico, facilitando la toma de decisiones fundamentadas y proactivas, en lugar de reactivas. Además, esta capacidad predictiva es compatible con los principios de mejora continua que sustentan los sistemas de calidad (Whiting & Buchanan, 1997).

En el contexto pecuario, la convergencia entre microbiología predictiva y gestión de calidad comienza desde el diseño higiénico de instalaciones y equipos. Mediante el uso de modelos que predicen la persistencia microbiana en superficies y ambientes, es posible establecer protocolos de limpieza y desinfección más efectivos, minimizando la carga microbiana residual y el riesgo de recontaminación (Zhao & Drlica, 2014).

Asimismo, en los procesos de alimentación animal, los modelos predictivos son utilizados para validar condiciones de almacenamiento de insumos, prevenir la proliferación de patógenos o mohos productores de micotoxinas y garantizar la inocuidad de los alimentos balanceados. Esto contribuye no solo a la sanidad animal, sino también a la inocuidad de los productos derivados (Baranyi & Tamplin, 2004).

En sistemas de producción intensiva, como la avicultura o porcicultura, donde los riesgos microbiológicos son elevados, la implementación de microbiología predictiva ha permitido definir puntos críticos en procesos como faena, escaldado, evisceración o enfriamiento. Estos puntos pueden ser optimizados utilizando modelos que predicen la supervivencia o crecimiento de microorganismos bajo distintos tratamientos tecnológicos (Gougouli & Koutsoumanis, 2016).

Una aplicación destacada se encuentra en la validación de procesos térmicos. La modelación del efecto de la temperatura sobre la inactivación microbiana, a través de modelos de primera y segunda generación (como los de Bigelow, Arrhenius o Weibull), permite diseñar tratamientos térmicos que aseguren una reducción logarítmica adecuada de patógenos sin comprometer la calidad sensorial o nutricional del producto (Gougouli & Koutsoumanis, 2016).

La convergencia también se observa en los sistemas de trazabilidad, donde la microbiología predictiva puede complementar los registros convencionales con datos modelados que anticipan la evolución microbiana en puntos de control definidos. Esto mejora la gestión de alertas, la toma de decisiones ante desvíos y la capacidad de respuesta frente a incidentes de inocuidad (Carvalho et al., 2024).

El análisis de peligros, elemento clave en el sistema HACCP, se ve fortalecido con herramientas predictivas que permiten simular escenarios de contaminación, evaluar la efectividad de medidas preventivas y priorizar intervenciones en función del comportamiento probable de los microorganismos. Esto otorga un mayor nivel de robustez y especificidad al sistema (Ross & Dalgaard, 2000).

Además, en auditorías de calidad, la disponibilidad de modelos predictivos validados facilita la justificación científica de los parámetros críticos definidos en los planes de control, reduciendo la subjetividad y mejorando la defensa técnica ante organismos reguladores (McMeekin et al., 2008).

La microbiología predictiva también favorece la implementación de sistemas de gestión de inocuidad en pequeños y medianos productores pecuarios, especialmente en países de América Latina (Fukayama & Calderone, 1991). Mediante herramientas simplificadas basadas en modelos, es posible capacitar técnicos y operarios en la identificación de riesgos y el diseño de prácticas preventivas adaptadas a sus realidades productivas.

Desde una perspectiva regulatoria, diversas agencias internacionales como la EFSA (Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria), la FDA (Administración de Alimentos y Medicamentos) y la FAO/OMS han promovido el uso de la microbiología predictiva como parte del enfoque basado en riesgo para la inocuidad alimentaria. Esto ha estimulado su inclusión en los manuales de calidad de las empresas del sector cárnico y lácteo (FAO, 2020).

La convergencia entre esta disciplina y los sistemas de calidad también facilita la innovación en bioconservación, a través del diseño

racional de cultivos protectores, aditivos naturales o condiciones atmosféricas modificadas que inhiban el crecimiento de patógenos predichos bajo condiciones reales (Holah et al., 2016).

Otra sinergia importante se da con los sistemas de aseguramiento de calidad ambiental en granjas. El modelado de la supervivencia de microorganismos en estiércol, aguas residuales o suelos fertilizados permite prevenir riesgos de contaminación cruzada o dispersión de patógenos, especialmente en zonas de interfaz agropecuaria-urbana (Valdramidis, 2016).

1.7. Desafíos actuales y limitaciones del enfoque predictivo en microbiología pecuaria

A pesar de los avances significativos en la microbiología predictiva aplicada al ámbito pecuario, este enfoque enfrenta aún varios desafíos y limitaciones que obstaculizan su adopción plena en sistemas productivos. El primero y más evidente es la variabilidad biológica intrínseca de los sistemas pecuarios, los cuales están influenciados por factores ambientales, genéticos, nutricionales y de manejo que dificultan la estandarización de condiciones experimentales (Oscar, 2020).

Uno de los retos técnicos más importantes es la necesidad de modelos robustos que puedan ser aplicables a condiciones reales de producción. Muchos modelos predictivos se construyen bajo condiciones de laboratorio altamente controladas, lo que limita su extrapolación a sistemas comerciales donde predominan fluctuaciones en temperatura, humedad, densidad animal y calidad de materias primas (Valdramidis, 2016).

La escasez de bases de datos representativas de microorganismos relevantes en productos y ambientes pecuarios también limita la capacidad de modelado. Si bien existen repositorios internacionales como ComBase, la información disponible se centra en alimentos procesados, dejando un vacío en matrices como estiércol, agua de bebida animal, superficies en contacto con animales o forrajes (Whiting & Buchanan, 1997).

La limitada integración entre investigadores en microbiología, zootecnia, ingeniería y ciencias de datos también representa un obstáculo para la innovación en este campo. La microbiología predictiva requiere competencias interdisciplinarias, y en muchos países latinoamericanos aún no se consolida una comunidad académica capaz de abordar estos retos desde una perspectiva sistémica (Andrade Velasquez et al., 2021).

Otro aspecto limitante es la falta de formación técnica y capacitación específica en microbiología predictiva entre profesionales del sector pecuario. Muchos técnicos, veterinarios y operarios no cuentan con conocimientos en modelado matemático o análisis estadístico, lo que dificulta la adopción y validación de herramientas predictivas en campo (Gougouli & Koutsoumanis, 2016).

El desconocimiento o desconfianza hacia modelos matemáticos por parte de algunos actores de la cadena productiva también puede ser una barrera. La resistencia al cambio, especialmente en sistemas tradicionales, se suma a la percepción de que estas herramientas son excesivamente complejas o ajenas a la realidad local.

A nivel tecnológico, la falta de infraestructura para la recopilación de datos en tiempo real, como sensores ambientales, dispositivos IoT o

plataformas digitales, limita la validación continua de modelos y su integración en sistemas de gestión inteligente (Carvajal-Mejías, 2007).

Asimismo, muchos modelos predictivos disponibles actualmente no incorporan variables microbiológicas emergentes como la resistencia antimicrobiana, la formación de biopelículas o la interacción entre múltiples microorganismos, lo cual disminuye su utilidad frente a desafíos sanitarios contemporáneo (McMeekin et al., 2002).

La complejidad matemática de algunos modelos también puede dificultar su interpretación por parte de usuarios no especializados. Si bien existen herramientas gráficas y software como MicroHibro o PMM-Lab, aún se requiere una interfaz más intuitiva y adaptada al sector agropecuario (Baranyi & Tamplin, 2004).

Otra limitación relevante es la escasa disponibilidad de modelos específicos para condiciones tropicales o sistemas productivos extensivos, como ocurre en gran parte de América Latina. La mayoría de estudios y validaciones se han realizado en contextos europeos o norteamericanos, lo que genera incertidumbre sobre su aplicabilidad en otras regiones (Holah et al., 2016).

Desde una perspectiva regulatoria, muchos marcos normativos aún no reconocen explícitamente la microbiología predictiva como herramienta válida para demostrar inocuidad o evaluar riesgos. Esto restringe su uso en auditorías oficiales o certificaciones internacionales (FAO, 2020).

La integración de datos heterogéneos provenientes de distintas fuentes (microbiológicos, ambientales, productivos) en una misma plataforma de modelado sigue siendo un desafío técnico considerable.

Esto requiere avances en interoperabilidad de sistemas, estandarización de formatos y almacenamiento de grandes volúmenes de datos (Skandamis, 2025).

También se identifican desafíos éticos y de gobernanza relacionados con la gestión de datos microbiológicos en sistemas pecuarios. Cuestiones como la confidencialidad, la propiedad de los datos y el acceso equitativo a herramientas predictivas deben ser consideradas en el desarrollo de políticas públicas (Whiting & Buchanan, 1997).

Desde el punto de vista académico, existe aún una escasa producción científica indexada sobre microbiología predictiva aplicada a zootecnia, en comparación con el ámbito alimentario. Esto dificulta la consolidación de la disciplina y limita el acceso a evidencia sólida que justifique su implementación masiva (Van Der Fels-Klerx, 2014).

A nivel metodológico, algunos modelos presentan limitaciones al considerar únicamente el crecimiento o inactivación de un solo microorganismo, sin contemplar las dinámicas de consorcios microbianos, que son la norma en ambientes pecuarios (McMeekin et al., 2002).

Además, el cambio climático y sus efectos sobre los ecosistemas pecuarios plantean un reto emergente para los modelos predictivos actuales. La variabilidad en temperatura, humedad y estacionalidad puede alterar significativamente el comportamiento microbiano y hacer obsoletos algunos modelos si no se actualizan periódicamente (García-Fraile et al., 2015).

El uso de microbiología predictiva en especies menores, acuicultura o sistemas silvopastoriles también está subdesarrollado. Esto representa una oportunidad de expansión, pero también una limitación

actual que impide su aplicación integral a todos los sistemas pecuarios (Velasquez-Camacho et al., 2022).

Finalmente, el financiamiento limitado para proyectos de innovación en microbiología predictiva, especialmente en países en desarrollo, constituye una barrera estructural que ralentiza la generación de modelos adaptados y validados en campo (Rivera-Gonzalez et al., 1994).

La integración de la microbiología predictiva en las ciencias animales marca un hito en la profesionalización del sector. A lo largo de este capítulo, se ha evidenciado que los modelos matemáticos —lejos de ser abstracciones teóricas— son instrumentos pragmáticos que transforman variables ambientales en decisiones de manejo. Desde la validación de la estabilidad de un ensilaje hasta la optimización de la cadena de frío en la industria cárnica, esta disciplina dota al especialista de un criterio cuantitativo para gestionar la incertidumbre.

Hacia el futuro, la convergencia con tecnologías como el Internet de las Cosas (IoT) y el Machine Learning promete una "microbiología en tiempo real", donde los sensores de las granjas alimenten modelos dinámicos de forma instantánea. Sin embargo, el éxito de estas herramientas seguirá dependiendo de una sólida comprensión de la fisiología microbiana y de un diseño experimental riguroso. En última instancia, adoptar este enfoque cuantitativo no solo mejora la rentabilidad y la inocuidad, sino que consolida el compromiso de la zootecnia con la sostenibilidad.

Cuestionario Unidad 1. Introducción general a la microbiología predictiva en la producción animal

- 1. ¿Cuál es la principal diferencia entre la microbiología predictiva y los métodos analíticos convencionales?**
 - a) La predictiva no requiere laboratorios físicos.
 - b) Los métodos convencionales actúan como una "autopsia" del proceso, mientras que la predictiva permite anticipar comportamientos.
 - c) Los métodos convencionales son siempre más precisos en matrices complejas.
 - d) La predictiva se enfoca únicamente en el recuento total de bacterias.

- 2. Según la jerarquía de modelos, ¿qué función cumplen los Modelos Primarios?**
 - a) Relacionan la tasa de crecimiento con factores ambientales como pH y temperatura.
 - b) Integran modelos en plataformas computacionales con interfaces gráficas.
 - c) Describen la evolución temporal de la población microbiana bajo condiciones constantes.
 - d) Permiten la identificación genética de las cepas analizadas.

- 3. ¿Qué parámetros cinéticos se estiman fundamentalmente a través de los modelos primarios?**
 - a) Tasa máxima de crecimiento (μ_{\max}) y tiempo de fase lag (λ).
 - b) Concentración de conservantes y actividad de agua (a_w).
 - c) Costo-beneficio y eficiencia del sistema productivo.
 - d) Variabilidad climática y humedad relativa del entorno.

4. ¿Cuál es el rol de los Modelos Terciarios en la disciplina?

- a) Estudiar la fisiología metabólica profunda de los microorganismos.
- b) Vincular los modelos primarios y secundarios en herramientas de software para usuarios finales.
- c) Definir la estructura química de los nuevos antimicrobianos.
- d) Realizar la validación interna de los datos crudos de laboratorio.

5. ¿Qué caracteriza a un enfoque probabilístico frente a uno determinista?

- a) El determinista ofrece un valor único; el probabilística estima una distribución de posibles resultados.
- b) El probabilístico es puramente teórico y no se aplica en sistemas reales.
- c) El determinista es el único aceptado por las agencias reguladoras internacionales.
- d) No hay diferencia técnica, ambos se refieren al ajuste de curvas de crecimiento.

6. ¿Qué hito de la década de 1990 impulsó la integración de esta ciencia en la gestión de inocuidad?

- a) El desarrollo de la PCR en tiempo real.
- b) La incorporación de modelos predictivos en los sistemas HACCP y evaluaciones de riesgo de agencias como la FDA/USDA.
- c) El descubrimiento de la microbiota intestinal en rumiantes.
- d) La eliminación de los modelos de inactivación térmica.

7. ¿De qué manera la microbiología predictiva fomenta la sostenibilidad en la producción animal?

- a) Fomentando el uso preventivo y constante de antibióticos.
- b) Optimizando la vida útil y reduciendo el desperdicio de productos como leche y carne.
- c) Sustituyendo el control de calidad higiénica por simulaciones matemáticas.
- d) Aumentando el consumo de energía en los sistemas de refrigeración.

8. ¿Qué ciencias son fundamentales para garantizar la validez estadística de los modelos?

- a) Sociología y Antropología rural.
- b) Estadística y Matemática aplicada.
- c) Anatomía y Fisiología de los grandes animales.
- d) Derecho agrario y Legislación ambiental.

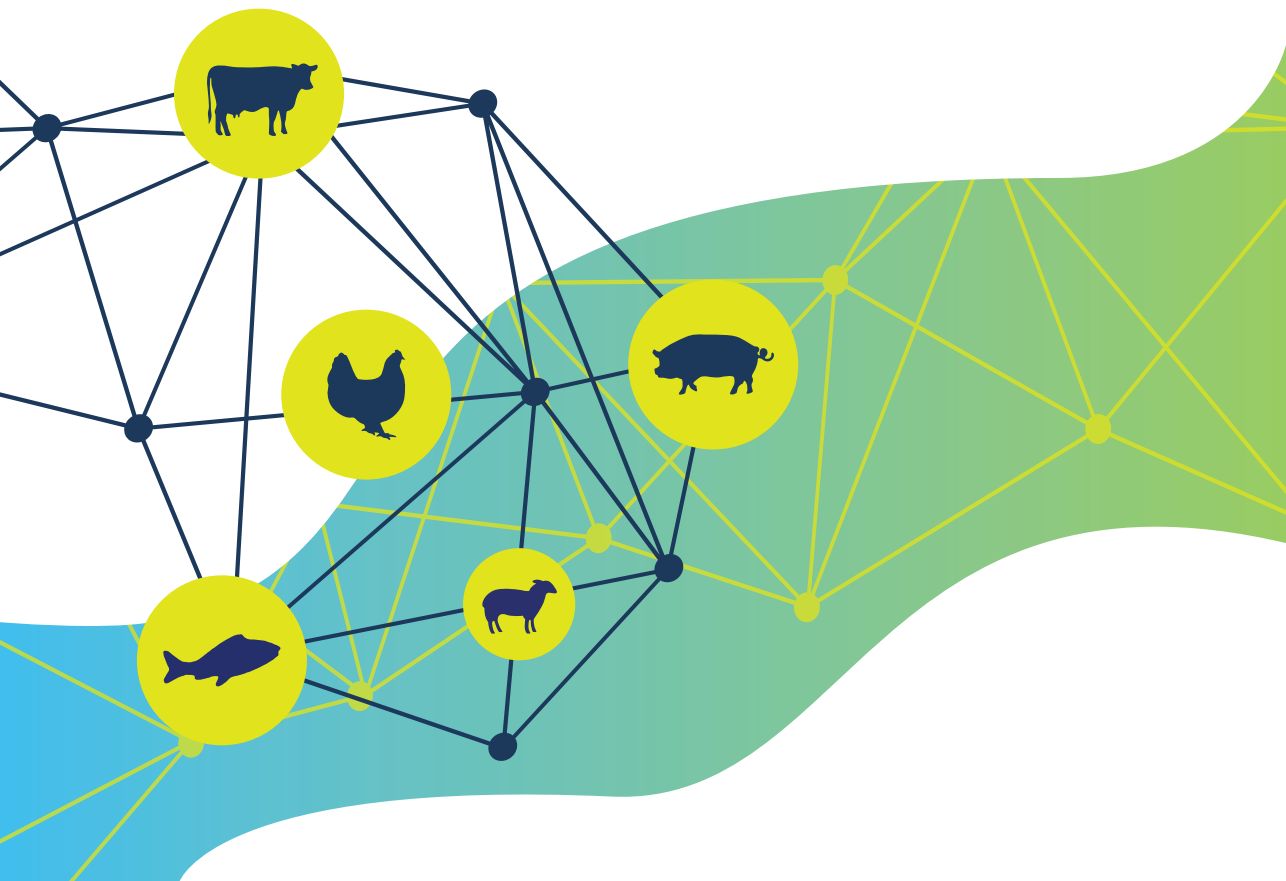
9. La "Microbiología Predictiva de Próxima Generación" se basa principalmente en:

- a) La integración de sensores IoT, Big Data y algoritmos de Machine Learning.
- b) El retorno a los métodos descriptivos basados en observación empírica simple.
- c) La eliminación total de los modelos primarios y secundarios.
- d) El uso exclusivo de bases de datos estáticas como ComBase sin validación.

10. ¿Por qué se considera crítica la validación externa de un modelo?

- a) Para cumplir con una formalidad académica sin impacto en la práctica.
- b) Para comprobar que el modelo predice correctamente en condiciones distintas a las de laboratorio.
- c) Para asegurar que el software utilizado no tenga errores de programación.
- d) Para demostrar que la temperatura no influye en la tasa de crecimiento bacteriano.

Capítulo 2. Fundamentos microbiológicos aplicados a sistemas pecuarios



Introducción

La comprensión de los fundamentos microbiológicos - ecología microbiana, fisiología del crecimiento, interacciones poblacionales y respuesta a factores ambientales es esencial para el diseño y aplicación efectiva de estrategias de manejo, control sanitario, optimización productiva y sostenibilidad en la producción animal. Por un lado, la microbiota asociada al animal desempeña un papel fundamental en procesos fisiológicos como la digestión, el metabolismo y la modulación del sistema inmune, particularmente a través de comunidades microbianas presentes en el tracto gastrointestinal. Por otro lado, los microorganismos presentes en el ambiente productivo y en los productos de origen animal intervienen en procesos como la fermentación de forrajes, la conservación biológica y la determinación de la calidad higiénico-sanitaria de los alimentos. Esta distinción es relevante, ya que ambos grupos microbianos difieren en su contexto ecológico, sus funciones biológicas y en los enfoques predictivos utilizados para modelar su comportamiento. En este contexto, la microbiología predictiva ofrece herramientas potentes para modelar y anticipar, con limitaciones aún vigentes, el comportamiento de comunidades microbianas en diversos entornos de producción, lo cual es fundamental para la toma de decisiones informada (LeJeune et al., 2001). En particular, este campo se apoya en el

desarrollo y aplicación de modelos matemáticos —incluyendo modelos primarios, secundarios y modelos probabilísticos— que permiten describir, cuantificar y predecir la dinámica microbiana bajo diferentes condiciones ambientales y de manejo.

Los sistemas pecuarios modernos operan bajo condiciones intensivas o semi intensivas que modifican profundamente los ecosistemas microbianos, tanto en el ambiente como en los propios animales. Las condiciones de alojamiento, alimentación, manejo de residuos, uso de antimicrobianos y otras prácticas zootécnicas generan presiones selectivas que moldean la ecología microbiana, favoreciendo en ocasiones la emergencia de microorganismos patógenos o resistentes, así como la pérdida de microbiotas funcionales beneficiosas. Estas presiones selectivas pueden describirse mediante variables medibles dentro del sistema productivo, tales como la densidad animal, la concentración de antimicrobianos en el ambiente o en el alimento, la carga orgánica presente en camas o efluentes, y parámetros físico-ambientales como temperatura, humedad o pH. La cuantificación de estas variables permite incorporarlas como factores explicativos en modelos predictivos orientados a comprender y anticipar la dinámica de las comunidades microbianas en sistemas pecuarios. Por tanto, una aproximación integral desde la microbiología es indispensable para garantizar la salud animal, la inocuidad alimentaria y la eficiencia productiva (Chernysheva et al., 2021).

Dentro de este marco, es clave identificar y clasificar los grupos microbianos más relevantes en los sistemas pecuarios. Las bacterias, arqueas, hongos, virus y protozoarios interactúan constantemente con los animales y su entorno, con efectos que pueden ser tanto beneficiosos como perjudiciales. Estos microorganismos cumplen funciones en

procesos de fermentación, digestión, biosíntesis de vitaminas, modulación inmunológica y degradación de contaminantes, entre otros. Por consiguiente, su estudio constituye una base científica necesaria para cualquier intervención zootécnica de tipo predictivo o correctivo (Moxley, 2022).

Adicionalmente, el conocimiento de la ecología microbiana de ambientes pecuarios permite abordar los sistemas de producción desde una perspectiva holística, considerando la interacción entre el animal, el ambiente y el microbioma. Esta visión ecológica es consistente con enfoques modernos como “One Health” y “One Welfare”, los cuales reconocen la interdependencia entre salud animal, salud humana y sostenibilidad ambiental (figura 4). En este sentido, los fundamentos microbiológicos aportan criterios científicos robustos para avanzar hacia una producción pecuaria más ética, segura y sostenible (Aslam et al., 2021).

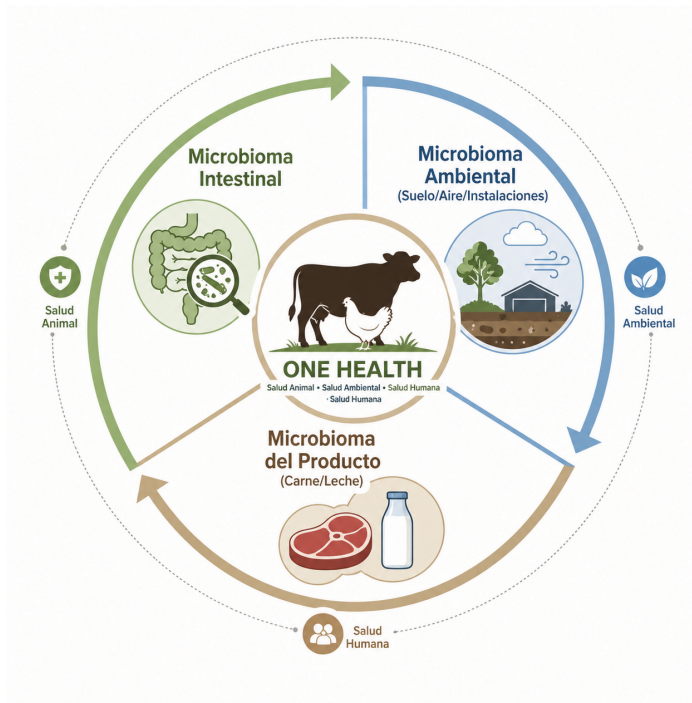


Figura 4. Interacción del microbioma en el sistema animal-ambiente-producto.

La dinámica microbiana en los sistemas pecuarios está determinada por factores fisicoquímicos como la temperatura, la humedad relativa, el pH y la actividad de agua, así como por factores biológicos, inmunológicos y nutricionales (Moreno et al., 2025). Estos elementos modulan el crecimiento, la interacción y la actividad metabólica de las poblaciones microbianas. La microbiología predictiva permite modelar estas relaciones mediante ecuaciones y algoritmos capaces de prever la evolución de poblaciones microbianas ante distintos escenarios de manejo.

Por otra parte, la interacción entre el huésped animal, su microbiota intestinal y los productos derivados (carne, leche, huevos, miel) es una de las áreas más dinámicas y prometedoras de la investigación pecuaria. La

microbiota intestinal no solo participa en la digestión y metabolismo, sino que influye directamente en la salud general del animal, en la eficacia del sistema inmune y en la resistencia frente a patógenos. Por ello, la manipulación racional de estas comunidades mediante dietas, probióticos, prebióticos o prácticas de manejo puede tener efectos positivos significativos en el rendimiento zootécnico.

Asimismo, resulta indispensable comprender la diversidad de microorganismos que pueden actuar como patógenos, alterantes o benéficos. Esta clasificación permite diseñar estrategias diferenciadas de monitoreo, control o estimulación, según la función que desempeñen en el sistema. De igual manera, el análisis de la microbiología de productos pecuarios permite anticipar riesgos sanitarios, pérdidas económicas y alteraciones en la calidad, facilitando la implementación de sistemas de aseguramiento de la inocuidad basados en predicciones científicas (Taiwo et al., 2024).

2.1. Principales grupos microbianos relevantes en sistemas pecuarios

Los sistemas pecuarios constituyen ambientes complejos y dinámicos en los cuales interactúan múltiples comunidades microbianas que cumplen funciones clave en la salud animal, el metabolismo, la digestión, el control de patógenos, la degradación de materia orgánica y la calidad microbiológica de productos pecuarios. La identificación y comprensión de los principales grupos microbianos en estos entornos es esencial para el diseño de intervenciones predictivas y la mejora de la eficiencia y sostenibilidad de la producción animal.

Los microorganismos que predominan en los sistemas pecuarios pueden agruparse en cinco grandes categorías: bacterias, arqueas, hongos, virus y protozoarios. Estos grupos pueden clasificarse según su función ecológica en fermentadores, patógenos, simbioses y alterantes. Cada uno de estos grupos presenta características estructurales, fisiológicas y ecológicas particulares que determinan su función dentro del ecosistema pecuario. El conocimiento detallado de su taxonomía, metabolismo y dinámica poblacional permite establecer modelos predictivos ajustados a condiciones específicas de producción (Filippitzi et al., 2017).

Las bacterias son los microorganismos más abundantes y diversos en los sistemas pecuarios. Se encuentran en el tracto gastrointestinal, la piel, los productos animales y el ambiente (suelo, agua, instalaciones). Su papel es especialmente relevante en la fermentación ruminal, la síntesis de vitaminas, la degradación de compuestos complejos y la modulación inmunológica. En rumiantes, las bacterias celulolíticas como *Ruminococcus flavefaciens* y *Fibrobacter succinogenes* son esenciales para la digestión de forrajes fibrosos (Flint & Garner, 2009).

Las arqueas, aunque menos estudiadas, cumplen funciones críticas en la metanogénesis, un proceso clave en el ecosistema ruminal. Las especies del género *Methanobrevibacter* son responsables de la producción de metano a partir de hidrógeno y dióxido de carbono. Este proceso tiene implicaciones energéticas y ambientales, ya que representa una pérdida de energía para el animal y una contribución significativa a las emisiones de gases de efecto invernadero (figura 5). Se puede clasificar esta pérdida de acuerdo con el tipo de dieta: rica en forraje, la cual suele situarse en un rango de 8–12%, ya que la fermentación de carbohidratos estructurales favorece a las bacterias metanogénicas;

dieta concentrada, la cual incrementa el consumo de grano, lo que mejora la eficiencia y con ello la pérdida disminuye a un rango del 2–5% (Hook et al., 2011).

Los hongos, particularmente los hongos anaerobios del rumen, como *Neocallimastix* y *Piromyces*, son fundamentales en la digestión de material vegetal lignificado. Estos organismos producen enzimas capaces de degradar celulosa y hemicelulosa, contribuyendo a la eficiencia digestiva en rumiantes. Además, hongos filamentosos como *Aspergillus* y *Penicillium* pueden estar presentes en forrajes almacenados y desempeñar roles tanto beneficiosos como perjudiciales, dependiendo de las condiciones ambientales (Griffin et al., 2020).

Tipo de Dieta	Pérdida de Energía (%)	Microbiota Predominante
 <p>Alta en Fibra Forrajes, pastos, henos</p>	<p>8 – 15%</p>	<p><i>Fibrobacter succinogenes</i>, <i>Ruminococcus albus</i>, <i>Prevotella</i> spp., <i>Butyrivibrio fibrisolvens</i></p>
 <p>Alta en Almidón Granos de cereales</p>	<p>5 – 10%</p>	<p><i>Streptococcus bovis</i>, <i>Lactobacillus</i> spp., <i>Succinivibrio dextrinosolvens</i></p>
 <p>Alta en Grasa Aceites, grasas protegidas</p>	<p>2 – 5%</p>	<p><i>Megasphaera elsdenii</i>, <i>Selenomonas ruminantium</i>, <i>Butyrivibrio proteoclasticus</i></p>
 <p>Balanceada Mezcla equilibrada de fibra, almidón y grasa</p>	<p>5 – 8%</p>	<p><i>Ruminococcus</i> spp., <i>Prevotella</i> spp., <i>Succinivibrio</i> spp., <i>Lactobacillus</i> spp.</p>

Figura 5. Impacto de la dieta en las pérdidas de energía por metanogénesis ruminal.

Los virus, incluidos los bacteriófagos, influyen significativamente en la dinámica de poblaciones bacterianas mediante mecanismos de lisis o transducción genética. Los fagos también han sido explorados como herramientas biotecnológicas para el control específico de patógenos, como *Salmonella* o *Escherichia coli* en producción avícola y porcina (Endersen et al., 2013). Asimismo, virus como el de la diarrea viral bovina o la peste porcina africana representan amenazas importantes para la sanidad animal.

Los protozoarios ruminales, principalmente ciliados como Entodinium y Diplodinium, participan activamente en la fermentación microbiana, contribuyendo a la digestión de almidones y proteínas. Aunque su papel ha sido debatido, se ha documentado que su presencia modula las interacciones tróficas y puede afectar la producción de metano, debido a su relación simbiótica con arqueas metanógenas (Williams et al., 2005).

Además de estos grupos principales, otros microorganismos como levaduras, algas microscópicas y micoplasmas también pueden encontrarse en sistemas pecuarios, con funciones variadas que van desde la fermentación alcohólica en forrajes hasta el desencadenamiento de enfermedades respiratorias (Hogan et al., 1999).

Es importante destacar que los microorganismos no actúan de forma aislada, sino que conforman comunidades complejas con relaciones simbióticas, comensales o antagónicas. La estructura y función de estas comunidades está determinada por múltiples factores como la dieta, el ambiente, el uso de antibióticos, la edad del animal y las prácticas de manejo. Por ello, su estudio requiere técnicas de microbiología clásica combinadas con enfoques de secuenciación masiva y análisis multivariados (Jami & Mizrahi, 2012b).

El desarrollo de técnicas de metagenómica, transcriptómica y metabolómica ha permitido ampliar el conocimiento de la diversidad microbiana y sus funciones en sistemas pecuarios. Estos métodos han revelado una riqueza taxonómica mucho mayor de la previamente conocida y han identificado especies clave no cultivables que desempeñan funciones críticas en la homeostasis intestinal o en la biodegradación de compuestos tóxicos (Martínez-Muñoz et al., 2022).

Desde una perspectiva funcional, los microorganismos pueden clasificarse como benéficos, patógenos o alterantes. Los benéficos incluyen probióticos, bacterias ácido-lácticas, bacterias fijadoras de nitrógeno, hongos celulolíticos y arqueas involucradas en el ciclo del nitrógeno. Los patógenos incluyen bacterias zoonóticas como *Listeria monocytogenes*, *Campylobacter spp.*, *Mycobacterium bovis* o *Clostridium perfringens*, mientras que los alterantes son responsables de deterioro de productos o generación de olores desagradables, como *Pseudomonas spp.*

La predicción del comportamiento de estos grupos microbianos en condiciones específicas requiere la integración de modelos matemáticos, datos experimentales y variables ambientales. Por ejemplo, modelos de crecimiento bacteriano como Gompertz o Baranyi permiten anticipar la proliferación de patógenos bajo diferentes condiciones de temperatura y humedad, lo cual es útil para el control higiénico en plantas de producción (Martínez-Muñoz et al., 2022).

Un enfoque emergente en la caracterización de comunidades microbianas es la construcción de redes ecológicas que modelan las interacciones entre taxones y predicen cómo responderá la comunidad a perturbaciones, como cambios en la dieta o tratamientos antimicrobianos. Este enfoque, basado en análisis computacionales, permite identificar

microorganismos clave o “especies centinela” dentro del ecosistema (Faust & Raes, 2012).

El reconocimiento de los principales grupos microbianos en los sistemas pecuarios no solo tiene implicaciones productivas, sino también sanitarias y ambientales. El monitoreo microbiológico y el modelado predictivo son herramientas que permiten anticipar brotes, mejorar la inocuidad alimentaria, reducir el uso innecesario de antimicrobianos y mitigar impactos ecológicos, avanzando hacia una producción animal más sostenible y resiliente.

2.2. Ecología microbiana de ambientes de producción animal

La ecología microbiana en los ambientes de producción animal representa un área crítica para comprender la dinámica de los microorganismos en interacción con el animal, el entorno físico, las instalaciones y los productos. Esta rama de la microbiología estudia las relaciones entre los diferentes grupos microbianos presentes en el ecosistema pecuario y cómo estas relaciones se ven afectadas por factores físicos, químicos y biológicos. Una adecuada comprensión de estas interacciones permite optimizar la bioseguridad, la salud animal y la calidad de los productos derivados.

Los ambientes de producción animal, como los establos, galpones, criaderos, lecherías y plantas de beneficio están colonizados por comunidades microbianas diversas, provenientes de fuentes como la microbiota de los propios animales, el suelo, el agua, el aire, los alimentos, los equipos, y el personal. Estas comunidades están en constante cambio, influenciadas por condiciones ambientales como temperatura, humedad,

ventilación, pH, material orgánico disponible, y uso de desinfectantes (Gilbert & Stephens, 2018).

La composición microbiana varía de acuerdo con el tipo de sistema productivo. En los sistemas intensivos, con alta densidad animal y manejo mecanizado, se observa una mayor presencia de microorganismos oportunistas y patógenos, debido a la acumulación de materia orgánica, la humedad elevada y la limitada renovación del aire. En contraste, los sistemas extensivos presentan mayor diversidad microbiana ambiental, incluyendo cepas saprofitas y competitivas que pueden desempeñar un efecto antagonista sobre los patógenos (Frederickson & Reese, 2021).

Un concepto clave en ecología microbiana aplicada a la producción animal es el de “microbioma ambiental”. Este término hace referencia al conjunto de microorganismos (bacterias, hongos, virus, arqueas) y sus genomas presentes en un entorno determinado. El microbioma del ambiente pecuario cumple funciones relevantes como la degradación de residuos orgánicos, el reciclaje de nutrientes, la competencia contra patógenos, y la modulación del microclima (Shade et al., 2017).

La superficie de las instalaciones (pisos, paredes, comederos, bebederos) actúa como reservorio microbiano. Estudios han demostrado que materiales porosos como madera o concreto poroso tienden a retener más humedad y favorecer la persistencia de biofilms, mientras que materiales lisos como el acero inoxidable o plásticos tienen menor capacidad de albergar comunidades estables, aunque no están exentos de contaminación (Møller et al., 1999).

El estiércol y la cama de los animales son focos de alta carga microbiana. En estos sustratos proliferan bacterias fermentativas (como

Clostridium spp.), actinobacterias, hongos termófilos, y arqueas metano-génicas. Además, pueden encontrarse patógenos zoonóticos como *Salmonella*, *E. coli* enterohemorrágica, *Cryptosporidium*, y virus entéricos, cuya persistencia depende de la humedad, la temperatura y la aireación del material (Avery, 2006).

El aire en los sistemas de producción animal también constituye un vector importante de microorganismos. La concentración de bioaerosoles (partículas biológicas en suspensión) puede contener bacterias, esporas fúngicas, endotoxinas y virus respiratorios. Esta carga microbiana puede afectar la salud de los animales y del personal, especialmente en ambientes cerrados y con ventilación deficiente (Dungan et al., 2021).

El agua utilizada para consumo animal o limpieza de instalaciones debe ser considerada un componente ecológico del sistema. Su calidad microbiológica incide directamente en la salud animal y en la dinámica microbiana del entorno. La presencia de coliformes, enterobacterias o *Pseudomonas* puede favorecer la contaminación cruzada y alterar la ecología del sistema (LeJeune & Wetzel, 2007).

La alimentación también modula la ecología microbiana del ambiente. Piensos contaminados con hongos toxigénicos (*Aspergillus*, *Fusarium*) o bacterias alterantes (*Bacillus*, *Lactobacillus*) pueden ser fuente primaria de colonización microbiana de los comederos y del tracto digestivo. Además, los restos de alimento no consumido contribuyen a la proliferación de microorganismos en el ambiente si no son removidos oportunamente.

La introducción de probióticos ambientales, biofermentos o microorganismos eficientes (EM) como estrategias de manejo

microbiano ha ganado interés. Estos consorcios microbianos son aplicados en instalaciones y camas para desplazar a los patógenos, reducir olores y acelerar la descomposición de materia orgánica. Su eficacia depende de la compatibilidad ecológica con las especies presentes y de las condiciones ambientales del sistema (Richards et al., 2012).

El uso de antimicrobianos en el ambiente, como desinfectantes, detergentes o tratamientos antibióticos, modifica drásticamente la ecología microbiana, seleccionando por resistencia y reduciendo la diversidad. Esto puede favorecer el establecimiento de cepas multirresistentes, especialmente en biofilms. Por ello, las estrategias de limpieza deben diseñarse con un enfoque ecológico, que equilibre la reducción de patógenos con la preservación de una microbiota funcional (Mahnert et al., 2015).

Desde el punto de vista de la microbiología predictiva, comprender la ecología microbiana del entorno permite desarrollar modelos de riesgo, mapas de calor microbiológico y análisis de puntos críticos en las instalaciones. Estas herramientas son clave para anticipar brotes de enfermedades, optimizar la limpieza y establecer medidas de control basadas en evidencia (Whon et al., 2021).

Los estudios longitudinales han mostrado que las comunidades microbianas del ambiente evolucionan con el tiempo, influenciadas por los ciclos de producción, el ingreso de nuevos animales, los tratamientos aplicados y las condiciones climáticas. Por lo tanto, los monitoreos deben ser periódicos y considerar variables estacionales y de manejo para interpretar adecuadamente los datos (Lax et al., 2020).

La aplicación de herramientas ómicas ha revolucionado la ecología microbiana ambiental. La secuenciación metagenómica, la

metatranscriptómica y el análisis de metabolitos permiten caracterizar no solo qué especies están presentes, sino también qué genes están activos y qué funciones metabólicas están siendo expresadas (figura 6). Esto proporciona una visión funcional de las comunidades y permite diseñar intervenciones más precisas (Lozupone & Knight, 2008).



Figura 6. Diversidad taxonómica y funcional en sistemas pecuarios.

Las interacciones entre microbiota ambiental y microbiota animal también son objeto de creciente interés. Se ha propuesto el concepto de “continuidad microbiana”, donde el ambiente actúa como fuente y reservorio de microorganismos que colonizan al animal, especialmente en etapas tempranas de vida. Así, un ambiente bien gestionado puede favorecer el establecimiento de microbiotas benéficas desde el nacimiento (Song et al., 2017).

Las prácticas de manejo, como el tipo de cama utilizada (viruta, cascarilla, arena), el sistema de ventilación, el tiempo de vacío sanitario, y la densidad animal, tienen un impacto significativo en la ecología microbiana del sistema. Por ejemplo, se ha demostrado que camas de arena lavada albergan menor carga bacteriana que las de viruta, aunque pueden facilitar la formación de biofilms (LeJeune & Wetzel, 2007).

La relación entre ecología microbiana y bienestar animal es cada vez más reconocida. Un ambiente microbiano equilibrado contribuye a reducir el estrés, mejorar la inmunocompetencia y disminuir la incidencia de enfermedades. Esto se traduce en mejoras productivas y en la calidad microbiológica de los productos (Archie & Tung, 2015).

En conclusión, la ecología microbiana en ambientes de producción animal constituye una base fundamental para la aplicación de la microbiología predictiva. El monitoreo, modelado y manejo ecológico de estas comunidades microbianas permite avanzar hacia sistemas de producción más resilientes, sostenibles e inocuos.

2.3. Factores que afectan la dinámica microbiana: temperatura, humedad, pH, actividad de agua

La dinámica microbiana en los ambientes de producción animal está profundamente influenciada por factores abióticos como la temperatura, la humedad relativa, el pH y la actividad de agua (*aw*) (Haro-Moreno et al., 2020). Estos elementos determinan no solo la tasa de crecimiento y supervivencia de los microorganismos, sino también sus interacciones ecológicas, la expresión génica, la producción de metabolitos y su potencial patogénico. La microbiología predictiva se basa precisamente en cuantificar y modelar estos factores para anticipar el comportamiento de los microorganismos en distintos escenarios productivos.

La temperatura es uno de los parámetros más determinantes en la ecología microbiana. Cada microorganismo tiene un rango óptimo de crecimiento térmico que puede clasificarse como psicrófilo, mesófilo o termófilo. Por ejemplo, la mayoría de bacterias patógenas zoonóticas son mesófilas, con óptimos entre 30 y 42 °C, mientras que hongos deteriorantes pueden crecer en temperaturas más amplias. En ambientes pecuarios, las variaciones térmicas diurnas y estacionales modulan la composición y el comportamiento microbiano (Jay, 1998).

La temperatura afecta también la velocidad de las reacciones metabólicas microbianas, la estabilidad enzimática y la fluidez de las membranas celulares (Castillo-Zamudio et al., 2024).

Cuando la temperatura supera los límites máximos de tolerancia, ocurre la desnaturalización de proteínas y la pérdida de viabilidad celular (figura 7). Por el contrario, a temperaturas por debajo del umbral mínimo, se ralentiza la replicación y muchas bacterias entran en estado

de viabilidad no cultivable (VBNC), lo cual complica su detección en análisis microbiológicos (Oliver et al., 2014).

La humedad relativa del ambiente es otro componente esencial. Este parámetro afecta la formación de bioaerosoles, la condensación sobre superficies y la disponibilidad de agua para los microorganismos. Humedades elevadas, superiores al 70 %, favorecen el crecimiento de bacterias gramnegativas, levaduras y mohos, lo que puede incrementar el riesgo sanitario en galpones, lecherías y plantas procesadoras. En cambio, ambientes secos tienden a limitar la actividad microbiana, aunque algunos esporulados y xerófilos pueden persistir (Baird-Parker, 1963).

El contenido de humedad del sustrato (como la cama de los animales o los alimentos) está directamente relacionado con la supervivencia microbiana. Camas húmedas favorecen la proliferación de enterobacterias, *Clostridium spp.*, *Salmonella*, así como la generación de amoníaco y compuestos reductores que alteran la ecología del entorno. Esto repercute negativamente en la salud animal y en la emisión de gases contaminantes (Funk et al., 2025).

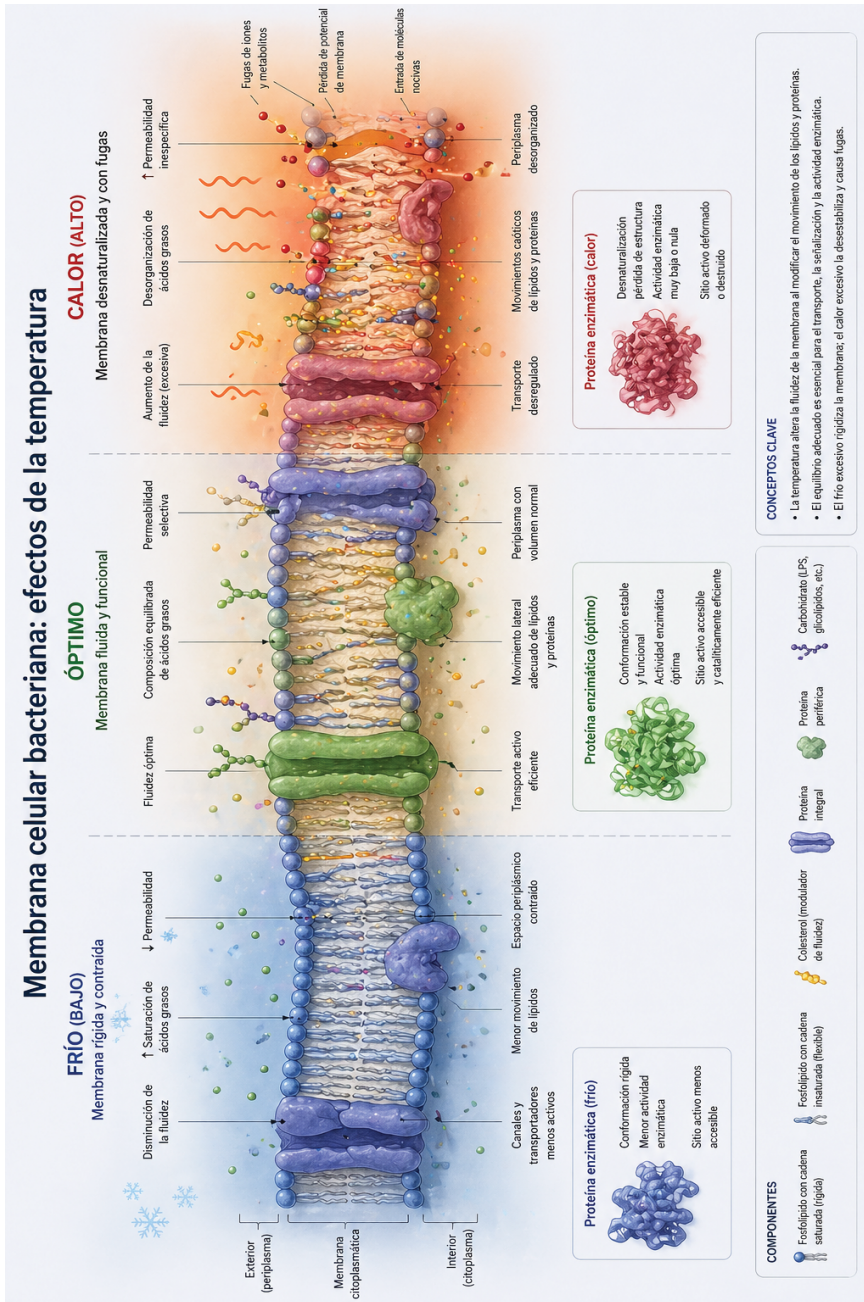


Figura 7. Influencia de la temperatura en la estabilidad de la membrana y enzimas.

El pH es otro determinante crítico de la dinámica microbiana. La mayoría de las bacterias patógenas crecen en un rango de pH entre 5.5 y 8.5, siendo el óptimo alrededor de 7. Sin embargo, algunos hongos pueden tolerar medios más ácidos, y ciertas bacterias como *Lactobacillus* se desarrollan a pH bajos. En ambientes pecuarios, el pH puede variar en función del tipo de sustrato, la dieta de los animales, el uso de productos de limpieza y la descomposición orgánica (Prescott et al., 2022).

Cambios en el pH pueden inducir respuestas de estrés ácido o alcalino en las células microbianas, alterando su fisiología, virulencia y resistencia antimicrobiana. Por ejemplo, la exposición a pH ácido activa mecanismos de bombeo de protones y expresión de proteínas de choque ácido, que en algunos casos también incrementan la tolerancia cruzada a otros estresores como la temperatura o los desinfectantes (Koutsoumanis et al., 2006).

La actividad de agua (a_w), que representa el agua disponible para las funciones microbianas, es quizás uno de los factores más influyentes en la ecología microbiana. El valor de a_w se mide en una escala de 0 a 1, donde 1 corresponde al agua pura. Bacterias generalmente requieren valores superiores a 0.91 para crecer, mientras que mohos y levaduras pueden tolerar valores tan bajos como 0.60 (Beuchat, 2002).

En sistemas pecuarios, la actividad de agua se ve afectada por la presencia de sales, azúcares, materia orgánica y procesos de secado o fermentación (Aguirre-Garrido et al., 2016). Alimentos balanceados, forrajes ensilados, camas secas y superficies desinfectadas tienen a_w reducida, lo que inhibe el crecimiento microbiano. Sin embargo, en presencia de condiciones favorables (alta a_w , pH neutro, temperatura templada), se reactivan comunidades latentes que pueden alterar la calidad del producto o del ambiente (Labuza & Fu, 1993). Las interaccio-

nes entre estos factores son de tipo sinérgico o antagónico. Por ejemplo, una temperatura elevada combinada con alta humedad crea condiciones ideales para la proliferación de patógenos termotolerantes. En cambio, una baja aw puede compensar un pH cercano al óptimo, impidiendo el crecimiento. Estos principios son aplicados en la formulación de estrategias de control basado en múltiples barreras (hurdle technology) en ambientes agropecuarios (Leistner & Gorris, 1995).

La microbiología predictiva utiliza modelos matemáticos para describir y anticipar el comportamiento microbiano bajo diferentes combinaciones de factores. Los modelos primarios (como el de Gompertz modificado) estiman tasas de crecimiento, mientras que los modelos secundarios evalúan cómo la temperatura, pH y aw afectan esos parámetros. Estos modelos permiten establecer límites críticos, definir puntos de control y evaluar el impacto de cambios ambientales sobre la carga microbiana (Baranyi & Roberts, 1995).

Los sistemas automatizados de monitoreo ambiental han permitido una medición más precisa y continua de los factores abióticos. Mediante sensores térmicos, higrómetros, medidores de pH y tecnología IoT, es posible generar grandes volúmenes de datos para alimentar modelos predictivos en tiempo real. Esta información es clave para la toma de decisiones en el manejo sanitario y la planificación de intervenciones.

La termotolerancia y la resistencia a la desecación son características adaptativas relevantes de algunos microorganismos ambientales. *Bacillus cereus*, por ejemplo, forma esporas altamente resistentes al calor y a condiciones de baja humedad, permitiéndole persistir en instalaciones pecuarias durante largos periodos. Lo mismo ocurre con *Clostridium perfringens*, un patógeno anaerobio termotolerante implicado en infecciones entéricas (Setlow, 2019).

El conocimiento detallado de cómo cada factor afecta a grupos microbianos específicos permite desarrollar estrategias dirigidas. Por ejemplo, para controlar *Salmonella spp.* en galpones, se recomienda mantener la temperatura por debajo de 20 °C, reducir la humedad relativa y ajustar el pH de las camas mediante enmiendas alcalinas como la cal. En el caso de hongos toxigénicos, el control de a_w mediante secado o uso de absorbentes es más eficaz (Christensen et al., 2002).

Los procesos de compostaje de residuos pecuarios también dependen del manejo adecuado de temperatura, humedad y pH. Una fase termofílica sostenida por encima de 55 °C durante varios días asegura la destrucción de patógenos, mientras que un pH alcalino (>8.5) inhibe microorganismos indeseables. La humedad óptima debe mantenerse entre 40 y 60 % para facilitar la actividad microbiana deseada.

En ambientes de procesamiento animal (como salas de ordeño o sacrificio), los factores abióticos también influyen en la contaminación cruzada. Las superficies húmedas, tibias y con residuos orgánicos tienen mayor probabilidad de albergar biofilms. El control ambiental mediante climatización, ventilación adecuada, y monitoreo de pH de productos de limpieza mejora la higiene microbiológica (Kireta et al., 2025).

El análisis de estos factores debe complementarse con estudios microbiológicos clásicos y moleculares para validar las predicciones. Las pruebas de crecimiento en laboratorio bajo condiciones controladas permiten ajustar los modelos, mientras que la secuenciación permite identificar qué especies predominan bajo determinadas condiciones ambientales (McMeekin et al., 2008).

En resumen, la temperatura, la humedad, el pH y la actividad de agua son variables clave que determinan la ecología, la dinámica y el

riesgo microbiano en los sistemas pecuarios. Comprender sus efectos permite diseñar ambientes desfavorables para los patógenos, mejorar la bioseguridad y fortalecer la producción animal desde un enfoque preventivo y sostenible.

2.4. Microhábitats microbianos en instalaciones pecuarias

Las instalaciones pecuarias constituyen ecosistemas complejos en los cuales los microorganismos encuentran diversos microhábitats que favorecen su colonización, crecimiento y diseminación. Un microhábitat microbiano es una porción específica del ambiente físico, con características propias de temperatura, humedad, nutrientes, pH y superficie, que permite la persistencia de comunidades microbianas particulares. Estos microhábitats están influenciados por la presencia de animales, residuos orgánicos, actividad humana, condiciones de ventilación y prácticas de manejo.

Uno de los microhábitats más importantes es la superficie de contacto directo con los animales, como los comederos, bebederos, corrales y sistemas de confinamiento. Estas áreas acumulan residuos alimentarios, saliva, heces y orina, lo cual proporciona una matriz rica en nutrientes y con humedad suficiente para sostener el crecimiento microbiano. En estos sitios, se ha identificado la presencia de bacterias como *Escherichia coli*, *Salmonella spp.*, *Listeria monocytogenes*, *Clostridium perfringens* y hongos del género *Aspergillus* (Miller, 2010).

El sistema de cama o lecho en establos y galpones constituye otro microhábitat relevante. Dependiendo del material utilizado (viruta de madera, cáscara de arroz, paja, arena), la cama puede retener humedad y

materia orgánica, favoreciendo la proliferación de bacterias entéricas, levaduras y actinobacterias. Además, las condiciones anaeróbicas en el fondo de la cama pueden propiciar la producción de amoníaco y la actividad de microorganismos reductores de sulfato.

Las instalaciones de ordeño, en el caso de la producción lechera, presentan superficies que, a pesar del uso de detergentes y desinfectantes, pueden convertirse en reservorios de microorganismos. Las uniones de las tuberías, válvulas, gomas y puntos de contacto entre máquina y pezón conforman microhábitats protegidos donde se forman biofilms, estructuras microbianas que resisten la acción de antimicrobianos y desinfectantes. (Marchand et al., 2024)

El agua utilizada en las instalaciones también puede actuar como vector y hábitat. Sistemas de abastecimiento mal diseñados o con acumulación de sedimentos permiten la multiplicación de bacterias como *Pseudomonas aeruginosa*, *Legionella pneumophila* y *Aeromonas spp.* Además, las películas acuáticas en bebederos, charcos o equipos de lavado crean nichos húmedos ideales para bacterias psicrotóficas y levaduras (LeJeune & Wetzel, 2007).

Las paredes, techos y ventiladores acumulan polvo, esporas y aerosoles microbianos. En condiciones de ventilación deficiente, la concentración de partículas biológicas en el aire puede aumentar significativamente, generando microhábitats aéreos con microorganismos viables, algunos de los cuales pueden causar enfermedades respiratorias en animales y operarios, como *Actinobacillus*, *Pasteurella*, *Mycoplasma* o *Aspergillus fumigatus* (Prosser et al., 2007).

Los sistemas de almacenamiento de estiércol y purines, como fosas, lagunas y biodigestores, albergan comunidades microbianas especializadas

en la descomposición anaerobia de la materia orgánica. Estos microhábitats están dominados por bacterias fermentativas, metanogénicas y reductoras de sulfato, cuya actividad es esencial para la estabilización del residuo, pero también pueden contener patógenos como *Salmonella*, *E. coli* o *Cryptosporidium* en caso de condiciones inadecuadas (Gerba & Smith, 2005).

Los equipos de manejo animal, como cepillos de limpieza, instrumentos de castración, pinzas, jeringas y termómetros, si no se desinfectan adecuadamente, pueden convertirse en microhábitats móviles, trasladando microorganismos entre animales y ambientes. Los biofilms en superficies rugosas o corroídas aumentan el riesgo de contaminación cruzada (Valderrama, 2010).

Los almacenes de alimento balanceado y forrajes representan microhábitats donde se desarrollan microorganismos xerófilos y micotoxigénicos, como *Penicillium*, *Aspergillus* y *Fusarium*. Las condiciones de almacenamiento como la ventilación, humedad relativa y temperatura determinan la extensión de la contaminación microbiana y la posible producción de micotoxinas (Labuza & Fu, 1993).

Los vehículos de transporte de animales y productos también deben considerarse como microhábitats. Los pisos, paredes y rejillas, tras varios viajes, acumulan residuos orgánicos que permiten la persistencia de enterobacterias, virus entéricos y coccidios. La limpieza y desinfección inadecuadas en estos vehículos es una causa común de diseminación de enfermedades en las cadenas pecuarias.

Los utensilios de alimentación como baldes, palas y tolvas, muchas veces olvidados en los protocolos de desinfección, presentan rugosidades y microfisuras donde se alojan comunidades bacterianas. Estos nichos microbianos pueden actuar como inóculo para el alimento fresco,

especialmente si el utensilio entra en contacto con residuos húmedos (Holah et al., 2016).

Los espacios entre losetas, grietas en el cemento o zonas de difícil acceso a la limpieza son microhábitats ocultos pero persistentes. En estos microambientes se ha documentado la formación de biofilms con especies resistentes a desinfectantes, como *Listeria monocytogenes* o *Staphylococcus aureus*. Estos reservorios actúan como fuentes crónicas de recontaminación en instalaciones lecheras y avícolas (Carpentier & Gerf, 2011).

La piel, el pelaje y las pezuñas de los animales también representan microhábitats dinámicos, especialmente en animales estabulados. Estos sitios acumulan residuos, humedad y microorganismos ambientales. En el caso de animales enfermos, se ha encontrado una mayor carga de bacterias patógenas en estas superficies, lo cual tiene implicaciones en la transmisión directa o indirecta (Jay, 1998).

Los sistemas de ventilación, ductos de aire y filtros acumulan polvo orgánico y biopartículas, donde se desarrollan hongos y bacterias resistentes al estrés. El bioaerosol generado puede dispersar estos microorganismos a zonas limpias o vulnerables, como áreas de parto, salas de cría o almacenes de alimento (Dungan et al., 2021).

Las zonas de descanso, como cubículos y corrales, poseen microhábitats que combinan material orgánico, humedad, calor animal y escasa circulación de aire. Estos factores favorecen la proliferación de bacterias termotolerantes y anaerobias facultativas, algunas de las cuales están asociadas con enfermedades podales, mastitis y enteropatías (Zadoks et al., 2023).

Las áreas de disposición de cadáveres o animales muertos, cuando no se gestionan adecuadamente, desarrollan comunidades saprofíticas

dominadas por bacterias proteolíticas, hongos y virus entéricos. Estos microhábitats son de alto riesgo sanitario y requieren control inmediato para evitar la proliferación y dispersión de patógenos (Turner et al., 2004).

El personal humano también puede portar microhábitats microbianos en sus manos, ropa, calzado y utensilios personales. Los microorganismos comensales o contaminantes que habitan en estas superficies pueden transferirse fácilmente a los animales o instalaciones, especialmente en ausencia de buenas prácticas de higiene (McDonald & Sun, 1999).

La identificación y caracterización de estos microhábitats es posible mediante técnicas de muestreo ambiental, análisis microbiológicos convencionales y métodos moleculares. El uso de secuenciación de ADN (metagenómica) ha permitido descubrir comunidades microbianas previamente no detectadas, y entender su distribución espacial y temporal dentro de las instalaciones (Tarlak, 2023).

El control de estos microhábitats requiere un enfoque integral de higiene y bioseguridad, que incluya limpieza estructural profunda, rotación de materiales, uso de biocidas específicos, monitoreo ambiental continuo y educación del personal. El diseño higiénico de las instalaciones también contribuye a reducir la creación de zonas de difícil acceso o propensas a acumulaciones orgánicas (Avila-Sosa & Nevárez-Moorillón, 2025).

En resumen, los microhábitats microbianos en instalaciones pecuarias representan puntos críticos desde los cuales se inicia o perpetúa la contaminación microbiana. La comprensión de sus características y dinámica es esencial para el diseño de estrategias de prevención, control y mitigación de riesgos microbiológicos en los sistemas de producción animal (figura 8).



Figura 8. Mosaico de microhábitats y nichos ecológicos en el entorno pecuario.

2.5. Biofilms y su relevancia en ambientes pecuarios

Los biofilms son comunidades microbianas adheridas a superficies vivas o inertes, embebidas en una matriz extracelular de polisacáridos, proteínas, lípidos y ácidos nucleicos que ellas mismas secretan. Esta forma de organización microbiana permite a las células resistir condiciones adversas del ambiente, como desinfectantes, pH extremos, fluctuaciones de temperatura y antibióticos. En los sistemas pecuarios, los biofilms representan un reto importante para la sanidad, la inocuidad de los productos y la eficacia de las prácticas de limpieza y desinfección (Miller, 2010).

En condiciones naturales, la mayoría de los microorganismos no viven en forma planctónica (libre en solución), sino en forma de biofilms. Este modo de vida proporciona ventajas ecológicas significativas, incluyendo la protección frente al estrés oxidativo, la desecación y la acción de agentes antimicrobianos. Por esta razón, los biofilms son considerados reservorios persistentes de patógenos en ambientes de producción animal (Costerton, 1995).

En instalaciones pecuarias, las superficies frecuentemente expuestas a humedad, materia orgánica y contacto con animales — como bebederos, comederos, paredes, pisos, sistemas de ordeño, tanques de agua, equipos veterinarios y ductos de ventilación — son altamente susceptibles a la formación de biofilms. Estas estructuras pueden estar formadas por una sola especie (monoespecíficos) o por varias (polimicrobianos), incluyendo bacterias, levaduras y hongos filamentosos (Sharan et al., 2022).

El proceso de formación de un biofilm consta de varias etapas: adhesión inicial de células planctónicas a la superficie, producción de matriz extracelular, maduración estructural del biofilm y liberación de células para colonizar nuevos nichos. Este ciclo está regulado por señales químicas intercelulares, conocidas como “quorum sensing”, que permiten la coordinación genética de la comunidad microbiana (Shrout et al., 2011).

La resistencia antimicrobiana en biofilms es multifactorial. Por un lado, la matriz extracelular actúa como barrera física que impide la penetración de biocidas y antibióticos (Julián-Jiménez et al., 2022). Por otro, las células del biofilm presentan tasas metabólicas más bajas, lo que reduce la eficacia de antimicrobianos dependientes del crecimiento activo. Además, se ha observado una mayor frecuencia de mutaciones resistentes y transferencia horizontal de genes dentro del biofilm (Mah & O’Toole, 2001).

En la producción lechera, los sistemas de ordeño mecánico son puntos críticos para la formación de biofilms. Las uniones de tubos, válvulas y tetinas ofrecen microhábitats protegidos donde bacterias como *Streptococcus agalactiae* y *Staphylococcus aureus* pueden persistir y ser una fuente continua de mastitis subclínica. La limpieza ineficiente o el uso de productos inadecuados agrava este problema (Latorre et al., 2015).

En galpones avícolas y establos porcinos, los biofilms pueden formarse sobre superficies plásticas, metálicas o de concreto. Las altas temperaturas, la presencia de excremento húmedo y la ventilación deficiente favorecen su formación. *Salmonella spp.*, por ejemplo, ha sido detectada en biofilms en bebedores tipo niple y superficies de bandejas de alimentación.

Los sistemas de agua potable animal también son altamente susceptibles a los biofilms. Incluso en agua potable tratada, las tuberías pueden contener biopelículas que albergan *Legionella*, *Mycobacterium*, *Aeromonas* y bacterias coliformes. Estas biopelículas pueden desprenderse durante cambios en la presión o temperatura, contaminando el agua de bebida animal y facilitando la transmisión oral de patógenos (Wingender & Flemming, 2011).

Desde una perspectiva ecológica, los biofilms no solo representan un problema sanitario, sino también una parte estructural del microbioma ambiental. En ciertos casos, pueden incluir microorganismos beneficiosos que compiten con patógenos, degradan materia orgánica o mejoran la calidad del agua. Sin embargo, esta función ecológica puede verse alterada por el uso indiscriminado de desinfectantes o antimicrobianos (Wingender & Flemming, 2011).

La detección de biofilms en ambientes pecuarios requiere métodos específicos, ya que los análisis microbiológicos convencionales pueden subestimar su presencia. Se utilizan técnicas de tinción (cristal violeta), microscopía electrónica, microscopía de fluorescencia, cuantificación de ATP, y pruebas moleculares dirigidas a genes de formación de biofilm como *icaA*, *bap*, *luxS* o *lasI* (Stepanović et al., 2006).

El control de biofilms implica una combinación de medidas físicas, químicas y biológicas. La limpieza mecánica vigorosa (scrubbing), el uso de detergentes específicos para remover matriz orgánica, la rotación de biocidas y el monitoreo periódico son prácticas fundamentales. En casos persistentes, se están explorando alternativas como enzimas disruptoras de matriz, bacteriófagos líticos, probióticos competitivos y agentes quelantes (Bridier et al., 2015).

Los modelos predictivos también pueden aplicarse al estudio de biofilms, especialmente para estimar su desarrollo bajo determinadas condiciones de humedad, temperatura, nutrientes y flujo hidráulico. Modelos como el de Wanner-Gujer y el modelo de capas múltiples permiten simular la formación y dispersión del biofilm, lo cual es útil para diseñar estrategias de control más eficaces (Wanner & Gujer, 1986).

En el contexto de la microbiología predictiva, el reto radica en integrar la formación de biofilms dentro de los sistemas de análisis de riesgo y puntos críticos de control (HACCP). Esto implica identificar zonas propensas a la formación de biofilms, modelar su comportamiento y establecer protocolos de validación de limpieza basados en criterios cuantificables (Kumar et al., 2024).

Desde el punto de vista económico, los biofilms representan pérdidas importantes por reducción de productividad, aumento de enfermedades, mayor uso de medicamentos y deterioro de equipos. Por ello, su prevención y eliminación deben considerarse una inversión dentro de los programas de calidad y bioseguridad.

En resumen, los biofilms constituyen una de las formas más resilientes y persistentes de vida microbiana en los sistemas pecuarios. Su presencia afecta la sanidad animal, la calidad del ambiente, la inocuidad de los productos y la eficacia de las intervenciones sanitarias. Abordar su control requiere una comprensión profunda de su ecología, mecanismos de resistencia y dinámica de formación, integrando herramientas predictivas, tecnológicas y de gestión ambiental.

2.6. Microbiota intestinal en rumiantes, monogástricos y peces

La microbiota intestinal es un componente esencial del sistema digestivo de los animales, influenciando de manera decisiva la salud, el metabolismo, la inmunidad y el rendimiento productivo. En el contexto de los sistemas pecuarios, la comprensión detallada de esta comunidad microbiana es indispensable para desarrollar estrategias de manejo que optimicen la eficiencia alimentaria, reduzcan el uso de antimicrobianos, y mejoren la sostenibilidad de la producción animal. La microbiología predictiva permite modelar y anticipar los cambios en la microbiota bajo distintos escenarios ambientales, nutricionales o sanitarios, contribuyendo así al diseño de intervenciones más precisas y eficaces (Jha et al., 2019).

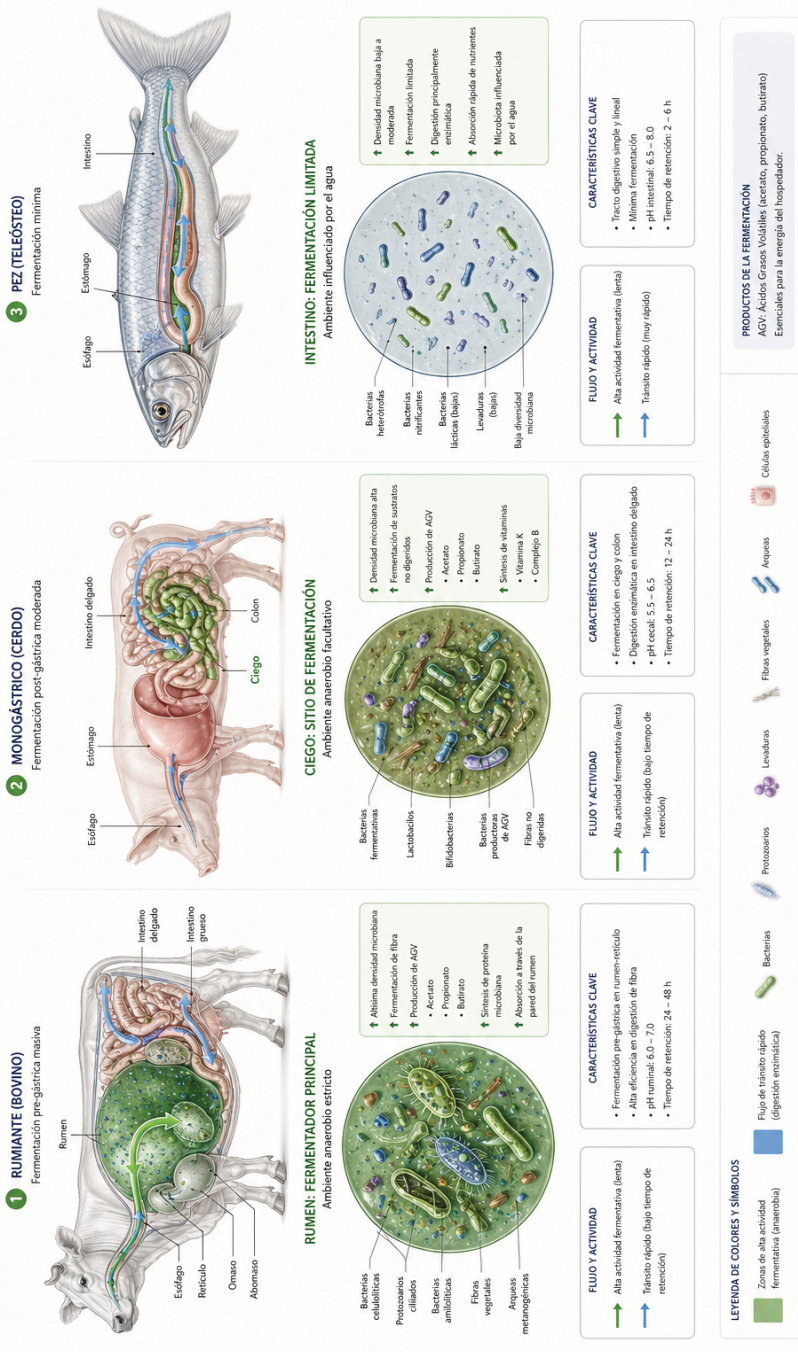
En los rumiantes, como bovinos, ovinos y caprinos, la microbiota intestinal se caracteriza por su elevada diversidad y especialización. El rumen alberga una compleja comunidad de bacterias, arqueas, protozoos y hongos que degradan la celulosa y otros polisacáridos complejos del forraje. Las bacterias predominantes en el rumen pertenecen a los géneros *Ruminococcus*, *Fibrobacter*, y *Prevotella*, cuyas funciones están directamente relacionadas con la fermentación de fibra, producción de ácidos grasos volátiles (AGV) y síntesis de proteína microbiana (Jami & Mizrahi, 2012a). Este microbiota se adapta a la dieta, la edad del animal, el estrés térmico y otros factores externos.

En los animales monogástricos como los cerdos y las aves, el tracto gastrointestinal presenta una distribución microbiana menos compleja que en rumiantes, pero igualmente relevante. En los cerdos, por ejemplo, el colon y el ciego son los principales sitios de fermentación, con bacterias

de los géneros *Lactobacillus*, *Bacteroides*, *Clostridium* y *Escherichia* desempeñando funciones clave en la digestión de residuos no digeridos, la síntesis de vitaminas del complejo B, y la modulación del sistema inmune (Wang et al., 2024). En aves, la microbiota del ciego es especialmente activa y su papel es vital en la absorción de nutrientes, la defensa frente a patógenos y el metabolismo del ácido úrico.

Los peces, por su parte, presentan una microbiota intestinal altamente dependiente del ambiente acuático y del tipo de alimentación. En especies como la tilapia y el salmón, se han identificado bacterias dominantes como *Aeromonas*, *Vibrio*, *Pseudomonas*, y *Shewanella*, muchas de las cuales pueden comportarse como comensales o patógenos según las condiciones ambientales (Ringø et al., 1995). La microbiota en peces se localiza principalmente en el intestino posterior y su composición varía entre especies carnívoras, omnívoras y herbívoras, lo que implica consideraciones importantes en la formulación de dietas y programas sanitarios (figura 9).

COMPARACIÓN DE SISTEMAS DIGESTIVOS Y MICROBIOTA RUMIANTE (BOVINO) vs. MONOGÁSTRICO (CERDO) vs. PEZ (TELEÓSTEO)



LEYENDA DE COLORES Y SÍMBOLOS

- Zonas de alta actividad fermentativa (anaerobio)
- Flujo de tránsito rápido (digestión enzimática)
- Bacterias
- Protozoos
- Fibras vegetales
- Arqueas
- Células epiteliales

PRODUCTOS DE LA FERMENTACIÓN
AGV: Ácidos Grasos Volátiles (acetato, propionato, butirato)

Esenciales para la energía del hospedador.

Figura 9. Arquitectura del ecosistema digestivo comparado: Rumiantes, Monogástricos y Peces.

La ontogenia de la microbiota intestinal también es un aspecto crucial. Desde el nacimiento, los animales establecen interacciones con el ambiente y su madre que determinan la colonización microbiana. En rumiantes, la transición del monogastrismo al funcionamiento ruminal conlleva un proceso de sucesión microbiana que es modulable mediante probióticos, prebióticos o incluso trasplante fecal (Malmuthuge & Guan, 2017). En monogástricos, la fase de destete representa un momento crítico por la disbiosis que puede generar diarreas, pérdida de peso y baja eficiencia alimentaria.

El papel inmunomodulador de la microbiota intestinal ha sido ampliamente demostrado. Las bacterias comensales educan al sistema inmune para distinguir entre antígenos patógenos e inoctrinos, contribuyendo a la tolerancia oral y al control de respuestas inflamatorias. Alteraciones en esta interacción, como las que ocurren por el uso indiscriminado de antibióticos, pueden dar lugar a inflamación crónica, disbiosis y mayor susceptibilidad a enfermedades entéricas.

Desde la microbiología predictiva, los modelos dinámicos y de redes permiten analizar la estructura y función de la microbiota como un sistema complejo. Herramientas como análisis de co-ocurrencia, índices de diversidad alfa y beta, y modelos basados en ecuaciones diferenciales han sido utilizados para predecir el comportamiento de la microbiota ante cambios dietéticos, ambientales o infecciosos. Estos modelos son fundamentales para diseñar intervenciones preventivas y terapéuticas.

Los avances en secuenciación masiva (next-generation sequencing, NGS) han revolucionado el estudio de la microbiota intestinal, permitiendo identificar taxones no cultivables y comprender la funcionalidad microbiana mediante metagenómica, metatranscriptómica

ca y metabolómica. En rumiantes, por ejemplo, se ha podido correlacionar la abundancia de ciertas bacterias con la eficiencia alimentaria y la producción de metano, lo cual tiene implicaciones en la sostenibilidad (Malmuthuge & Guan, 2017).

El manejo nutricional ofrece una vía práctica para modular la microbiota. El uso de aditivos como ácidos orgánicos, taninos, aceites esenciales y enzimas permite favorecer la proliferación de bacterias benéficas y reducir la carga patógena. Asimismo, la inclusión de fibras fermentables estimula la producción de butirato, un AGV con efectos antiinflamatorios y tróficos sobre el epitelio intestinal.

Los probióticos y simbióticos han demostrado su eficacia para estabilizar la microbiota y mejorar la respuesta inmune, especialmente en fases críticas como el destete o la adaptación a nuevas dietas. En peces, su inclusión en el alimento ha sido eficaz para prevenir enfermedades bacterianas comunes como la aeromoniasis o vibriosis, y para mejorar la conversión alimenticia (Nayak, 2010).

En producción animal intensiva, la calidad del agua, el estrés térmico, la densidad de animales y las prácticas sanitarias influyen directamente sobre la microbiota intestinal. La exposición crónica al estrés puede alterar la permeabilidad intestinal ("leaky gut") y facilitar la translocación de bacterias, lo cual aumenta el riesgo de enfermedades sistémicas.

Los estudios de microbiota tienen también una dimensión ética y de bienestar animal. Al mejorar la salud digestiva, se puede reducir la necesidad de tratamientos médicos, mejorar el confort animal y aumentar la longevidad productiva. De este modo, la microbiota intestinal se convierte en un blanco estratégico para la sostenibilidad pecuaria (Tang et al., 2021).

La integración de sensores, datos ambientales y análisis microbiológicos permite construir modelos predictivos en tiempo real, orientados al manejo de la microbiota como una variable crítica de los sistemas productivos. Esta sinergia entre microbiología, informática y zootecnia define una nueva frontera en la producción animal de precisión.

2.7. Microbiología de productos pecuarios: leche, carne, huevo, miel, forrajes conservados

La microbiología de los productos pecuarios constituye un pilar fundamental dentro del análisis de calidad, inocuidad y vida útil de los alimentos de origen animal. En este contexto, la leche, la carne, los huevos, la miel y los forrajes conservados (ensilajes y henos) presentan una diversidad de perfiles microbianos que dependen de factores como el origen biológico, el ambiente de producción, las prácticas de manejo, la tecnología de procesamiento y las condiciones de almacenamiento (figura 10). Comprender la microbiota asociada a estos productos es esencial tanto para la prevención de enfermedades zoonóticas como para el diseño de estrategias de conservación y predicción del deterioro microbiano (Kumar et al., 2024).

MICROBIOMAS EN PRODUCTOS PECUARIOS

ECOSISTEMAS MICROBIANOS ÚNICOS, FUNCIONES ESENCIALES



Figura 10. Determinantes nutricionales y microbiota específica de productos pecuarios.

En el caso de la leche, la carga microbiana puede incluir bacterias lácticas, coliformes, patógenos como *Listeria monocytogenes*, *Salmonella spp.*, *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, y una variedad de mohos y levaduras. Su presencia puede obedecer tanto a contaminación intrínseca (vía canal del pezón) como extrínseca (equipos, ambiente, manipuladores) (Li, et al., 2025). La leche cruda, si bien es un excelente sustrato nutricional, representa un alto riesgo microbiológico si no se somete a procesos como la pasteurización. La dinámica de crecimiento microbiano en leche es altamente dependiente de la temperatura y el tiempo de almacenamiento, variables clave en los modelos predictivos.

La carne, como producto altamente perecedero, es susceptible a la acción de microorganismos psicrotróficos, termotolerantes y anaerobios facultativos. Entre los principales se encuentran *Pseudomonas spp.*, *Brochothrix thermosphacta*, *Clostridium spp.* y *Lactobacillus spp.* (Li, et al., 2025). La microbiota de la carne puede originarse desde el tracto gastrointestinal del animal, el ambiente de sacrificio, los utensilios y los manipuladores. En condiciones de almacenamiento refrigerado y envasado al vacío, los lactobacilos predominan y pueden inhibir el crecimiento de patógenos, lo cual ha motivado su uso como indicadores y barreras biológicas en modelos de microbiología predictiva.

Los huevos presentan una biocomposición rica en proteínas y lípidos, lo que favorece el desarrollo de microorganismos como *Salmonella enterica*, particularmente en la cáscara y la membrana vitelina (Gantois et al., 2009). La estructura del huevo provee defensas naturales como la lisozima, pero la ruptura de la integridad de la cáscara y la contaminación cruzada durante la manipulación son factores críticos. La predicción del crecimiento de *Salmonella* y otros contaminantes bajo diversas condiciones de almacenamiento ha sido una de las aplicaciones prácticas de modelos matemáticos como el de Gompertz modificado.

En el caso de la miel, aunque posee una baja actividad de agua ($a_w \approx 0.6$), puede contener esporas de *Clostridium botulinum*, microorganismos osmófilos como levaduras (especialmente *Zygosaccharomyces spp.*) y bacterias acidófilas resistentes (Li et al., 2025). Su composición rica en azúcares y compuestos bioactivos le confiere una actividad antimicrobiana inherente, sin embargo, condiciones como el almacenamiento prolongado en ambientes húmedos pueden favorecer el deterioro. Estudios predictivos se han centrado en la actividad de agua y la acidez como limitantes del crecimiento microbiano.

Los forrajes conservados, como los ensilajes, constituyen un ambiente fermentativo donde predominan bacterias ácido-lácticas como *Lactobacillus plantarum*, *Pediococcus spp.* y *Enterococcus faecium*, esenciales para la acidificación y conservación del forraje (Gheller et al., 2021). Sin embargo, la contaminación con *Clostridium spp.* y mohos puede comprometer la calidad del ensilado y representar un riesgo para la salud animal. Las variables críticas en los modelos predictivos para forrajes incluyen el pH, la actividad de agua, la temperatura y la densidad de compactación.

Desde la perspectiva de la microbiología predictiva, todos estos productos son matrices biológicas complejas donde el comportamiento microbiano puede ser modelado usando funciones primarias (Gompertz, Baranyi, Logístico) y secundarias (Arrhenius, Ratkowsky), considerando variables como temperatura, pH, actividad de agua y concentración de oxígeno. Estos modelos permiten estimar la tasa de crecimiento, la fase de latencia y el tiempo de generación de los microorganismos presentes (Baranyi & Roberts, 1995).

La integración de sensores de temperatura, humedad y pH en la cadena de producción y distribución ha permitido alimentar en tiempo

real modelos dinámicos de predicción del crecimiento microbiano, incrementando la precisión en la toma de decisiones para el control de calidad. Además, el uso de inteligencia artificial para la clasificación de patrones de deterioro o contaminación está emergiendo como una herramienta complementaria a la modelación tradicional.

Cabe resaltar que la regulación sanitaria en muchos países exige la caracterización microbiológica de productos como prerrequisito para su comercialización. Normativas como las del Codex Alimentarius y la FDA establecen límites máximos para microorganismos indicadores y patógenos. La microbiología predictiva se ha convertido, por tanto, en una aliada estratégica para garantizar el cumplimiento de estándares sanitarios (Julián-Jiménez et al., 2022).

2.8. Biofilms y resistencia antimicrobiana en entornos pecuarios

En los sistemas de producción animal, la formación de biofilms microbianos representa un desafío crítico tanto para la sanidad animal como para la inocuidad de los productos. Los biofilms son comunidades microbianas estructuradas, adheridas a superficies vivas o inertes, incrustadas en una matriz extracelular polimérica (EPS) que ellas mismas secretan. Esta matriz proporciona protección frente a condiciones adversas, incluidos desinfectantes, antibióticos y respuestas inmunes del huésped (Wingender & Flemming, 2011). En entornos pecuarios, los biofilms se desarrollan en equipos de ordeño, bebederos, comederos, superficies de salas de ordeño, incubadoras avícolas y sistemas de agua, constituyendo reservorios persistentes de microorganismos patógenos y deteriorantes.

Los biofilms microbianos en estos ambientes pueden estar compuestos por bacterias Gram positivas (*Staphylococcus aureus*, *Listeria*

monocytogenes, *Bacillus cereus*) y Gram negativas (*Escherichia coli*, *Salmonella spp.*, *Pseudomonas spp.*), así como por levaduras y mohos. La capacidad de formación de biofilm varía según la especie y las condiciones ambientales, pero está regulada por mecanismos como la señalización quorum sensing, que permite la comunicación intercelular y la coordinación de la expresión génica (Chen et al., 2024).

Uno de los aspectos más preocupantes de los biofilms es su implicación en la resistencia antimicrobiana. La matriz extracelular actúa como una barrera física que reduce la penetración de antimicrobianos. Además, los microorganismos en estado biofilm presentan una fisiología alterada que disminuye su susceptibilidad, incluyendo una menor tasa de crecimiento, la expresión de bombas de flujo y la presencia de células persistentes (Almansour et al., 2023). Esto conduce a infecciones crónicas en animales y dificulta la erradicación de contaminantes en las instalaciones.

En la producción lechera, *Staphylococcus aureus* y *Streptococcus uberis* son agentes comunes de mastitis que pueden persistir en forma de biofilm en el interior del canal del pezón o en el sistema de ordeño. Estas estructuras contribuyen a infecciones recurrentes y fallas terapéuticas. En avicultura, *Salmonella enterica* y *Campylobacter jejuni* pueden formar biofilms en los sistemas de suministro de agua y en las incubadoras, aumentando el riesgo de transmisión vertical o por contacto.

El control de biofilms en sistemas pecuarios requiere una combinación de estrategias físico-químicas y biológicas. Los programas de limpieza y desinfección deben incluir etapas de prelavado, aplicación de detergentes alcalinos o enzimáticos, y desinfección con agentes como peróxido de hidrógeno, ácido peracético o compuestos cuaternarios de amonio. No obstante, estos métodos pueden ser insuficientes frente a

biofilms maduros. Por ello, se están desarrollando enfoques alternativos como el uso de bacteriófagos, enzimas degradadoras de EPS y extractos de plantas con propiedades antimicrobianas (Gutierrez-Rodriguez et al., 2021).

Desde la microbiología predictiva, el estudio de biofilms implica el modelado del crecimiento microbiano en condiciones sésiles, que difiere de los modelos clásicos en suspensión. Se han propuesto modelos específicos que integran la cinética de formación, maduración y dispersión del biofilm, así como la influencia de factores como el pH, la temperatura, la velocidad del flujo y la disponibilidad de nutrientes (Simões et al., 2010). Estas herramientas permiten anticipar puntos críticos de contaminación en la cadena productiva.

Adicionalmente, la resistencia antimicrobiana asociada a biofilms plantea retos en salud pública y veterinaria. El uso excesivo o inadecuado de antibióticos en la producción animal ha favorecido la selección de cepas resistentes, muchas de las cuales se alojan en biofilms que actúan como nichos de resistencia. Genes como bla_{TEM}, tetA, mecA y vanA han sido detectados en bacterias aisladas de biofilms en granjas y mataderos (Allen et al., 2010). La transferencia horizontal de estos genes mediante plásmidos y transposones es facilitada por la alta densidad celular y la proximidad de células en los biofilms.

Los lineamientos internacionales, como el Plan de Acción Global sobre Resistencia a los Antimicrobianos de la OMS, y estrategias nacionales en América Latina, promueven la vigilancia y reducción del uso de antimicrobianos en ganadería. La implementación de programas de buenas prácticas pecuarias, el monitoreo microbiológico de superficies, y el desarrollo de sistemas de alerta temprana mediante sensores inteligentes y algoritmos predictivos son componentes clave para enfrentar esta problemática.

Portanto, el abordaje de los biofilms y la resistencia antimicrobiana en entornos pecuarios requiere de una visión integrada, donde la microbiología predictiva aporte herramientas para la caracterización, modelación y control de estos fenómenos. La generación de modelos específicos para biofilms, el uso de tecnologías emergentes y la implementación de políticas sanitarias coherentes con la realidad del sector son esenciales para garantizar la sostenibilidad y bioseguridad de los sistemas productivos.

El análisis de los fundamentos microbiológicos en los sistemas pecuarios revela que las granjas y plantas de beneficio no son entornos biológicamente inertes, sino ecosistemas vibrantes y altamente competitivos. La dinámica entre bacterias, arqueas, hongos y virus no ocurre al azar; está regida por una interacción matemática precisa entre factores abióticos —como la temperatura, el pH y la actividad de agua y la arquitectura física de las instalaciones.

Comprender la existencia de microhábitats específicos, desde la porosidad de una cama de viruta hasta la complejidad de un biofilm en una tubería de ordeño, es lo que permite al zootecnista dejar de ver la limpieza como una rutina genérica para entenderla como una intervención ecológica dirigida. La microbiología predictiva encuentra en estos fundamentos su materia prima: al cuantificar cómo una fluctuación en la humedad relativa o un cambio en el pH de la dieta altera la microbiota ruminal o ambiental, transformamos la observación biológica en una ventaja competitiva. En última instancia, el control de estos microambientes es la clave para reducir la presión de patógenos, mitigar la resistencia antimicrobiana y garantizar que la producción animal sea no solo eficiente, sino biológicamente responsable bajo el marco de una sola salud.

CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 2. Fundamentos microbiológicos aplicados a sistemas pecuarios

1. **¿Qué par de bacterias son esenciales para la digestión de forrajes fibrosos en el rumen de los rumiantes?**
 - a) *Salmonella spp.* y *Escherichia coli*
 - b) *Ruminococcus flavefaciens* y *Fibrobacter succinogenes*
 - c) *Lactobacillus* y *Bacillus cereus*
 - d) *Methanobrevibacter* y *Neocallimastix*

2. **Sobre las arqueas metanogénicas, ¿en qué rango se sitúa la pérdida de energía del animal cuando consume una dieta rica en forraje?**
 - a) 2–5%
 - b) 15–20%
 - c) 8–12%
 - d) 0.5–1%

3. **¿Cuál es la función principal de los hongos anaerobios como *Neocallimastix* y *Piromyces* en el rumen?**
 - a) Producción de metano a partir de CO_2 .
 - b) Digestión de material vegetal lignificado (celulosa y hemicelulosa).
 - c) Modulación del sistema inmune mediante lisis celular bacteriana.
 - d) Fermentación alcohólica de carbohidratos simples exclusivamente.

4. **¿Qué concepto describe la interdependencia entre salud animal, salud humana y sostenibilidad ambiental?**
 - a) Bioseguridad Intensiva.
 - b) Continuidad Microbiana.
 - c) One Health (Una Sola Salud).
 - d) Microbioma Ambiental.

5. En ecología microbiana, ¿cómo influye la alta densidad animal de los sistemas intensivos sobre la microbiota?

- a) Aumenta la diversidad de especies competitivas saprofitas.
- b) Favorece la emergencia de microorganismos patógenos y oportunistas.
- c) Reduce drásticamente la formación de biofilms en las instalaciones.
- d) Elimina la necesidad de aplicar medidas de bioseguridad.

6. ¿Qué factor abiótico es el más influyente al definir el agua disponible para las funciones microbianas?

- a) Humedad Relativa (HR).
- b) Potencial de Hidrógeno (pH).
- c) Actividad de agua (a_w).
- d) Temperatura Mesófila.

7. Según el texto, ¿cuál es el requerimiento mínimo de actividad de agua (a_w) para que la mayoría de las bacterias puedan crecer?

- a) 0.60
- b) 0.91
- c) 0.45
- d) 0.75

8. ¿Qué tipo de modelo predictivo evalúa cómo factores como el pH y la temperatura modifican los parámetros cinéticos de crecimiento?

- a) Modelos Primarios.
- b) Modelos Secundarios.
- c) Modelos Terciarios.
- d) Redes Ecológicas Computacionales.

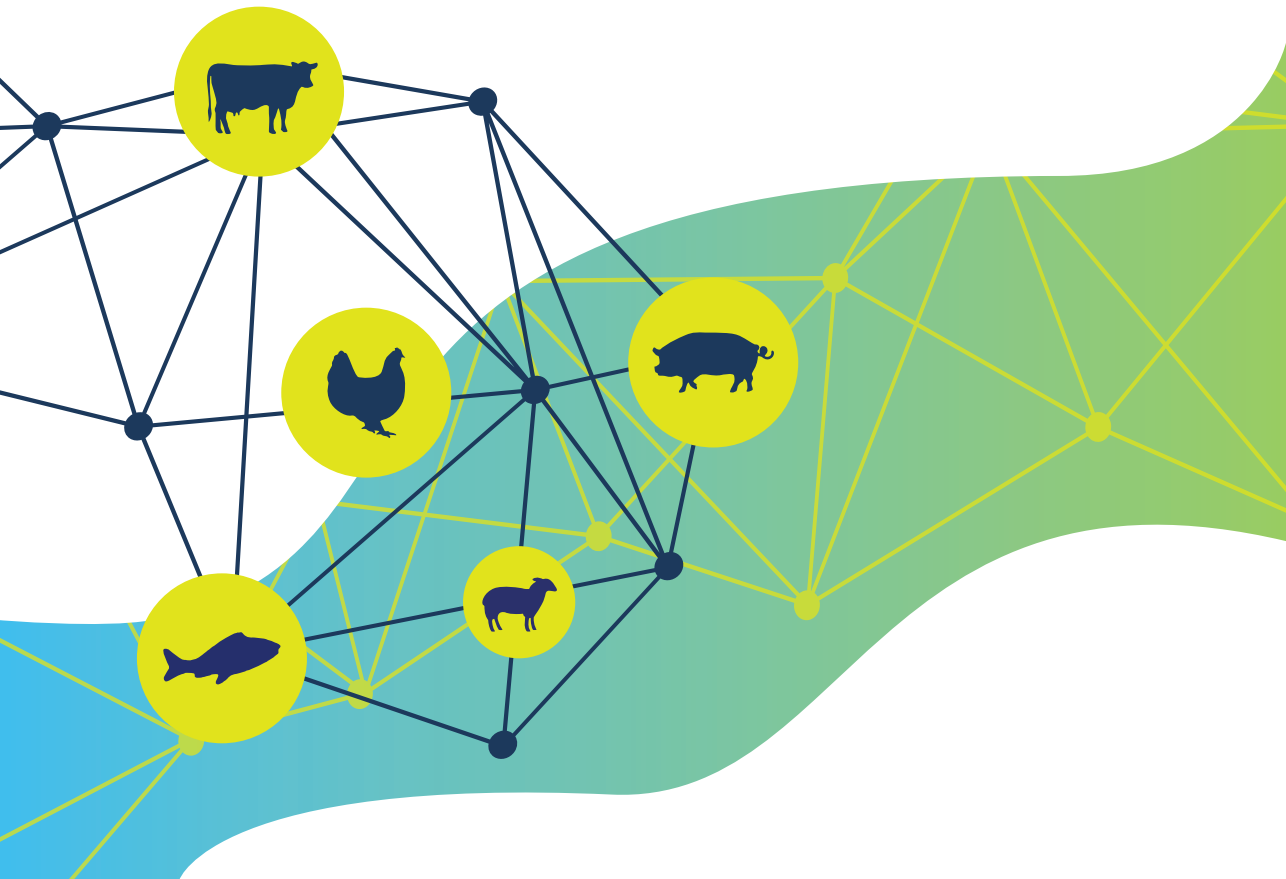
9. En el contexto de las instalaciones pecuarias, ¿qué son los "bioaerosoles"?

- a) Gases derivados de la descomposición del estiércol.
- b) Partículas biológicas en suspensión (bacterias, esporas, virus).
- c) Desinfectantes en aerosol utilizados para la limpieza de techos.
- d) Microorganismos que colonizan exclusivamente el agua de bebida.

10. ¿Por qué el microorganismo *Bacillus cereus* es capaz de persistir durante largos periodos en ambientes pecuarios?

- a) Debido a su capacidad de realizar metanogénesis.
- b) Porque forma esporas altamente resistentes al calor y la desecación.
- c) Debido a que solo crece en ambientes con pH extremadamente ácido.
- d) Porque es un virus que infecta bacterias competidoras.

Capítulo 3. Principios de la microbiología predictiva



Introducción

La microbiología predictiva constituye un enfoque científico-metodológico estratégico dentro de las ciencias pecuarias modernas, al permitir una comprensión cuantitativa del comportamiento microbiano bajo condiciones específicas de producción, procesamiento, conservación y distribución de productos de origen animal. Su relevancia se incrementa en un contexto donde los desafíos sanitarios, la demanda de inocuidad, la sostenibilidad y la resistencia antimicrobiana requieren soluciones fundamentadas en el análisis científico de datos. Este capítulo tiene como objetivo establecer los principios fundamentales que sustentan el enfoque predictivo en microbiología, incluyendo los conceptos clave, niveles de modelado, tipos de datos, factores que influyen en el comportamiento microbiano, diseño experimental y herramientas disponibles para la modelización.

El abordaje de la microbiología predictiva desde una perspectiva sistémica y transdisciplinaria permite su integración en diversas áreas de la producción animal, como el control microbiológico de alimentos (carne, leche, huevos, pescado), la bioseguridad en sistemas intensivos, la formulación de dietas funcionales y el diseño de estrategias de intervención sustentadas en evidencia cuantitativa. A su vez, esta disciplina se nutre del desarrollo estadístico, la modelación matemática y los avances tecnológicos como la inteligencia artificial, los sistemas

ciberfísicos y el internet de las cosas (IoT), facilitando su aplicación práctica y adaptativa en contextos heterogéneos como los sistemas ganaderos de América Latina.

En las siguientes secciones se explicarán los fundamentos conceptuales de la microbiología predictiva, los diferentes niveles de modelado (primario, secundario y terciario), subrayando la jerarquía de incertidumbre que implica que el error se propaga y amplifica desde las estimaciones cinéticas base hacia las herramientas de aplicación final. Asimismo, se abordarán los factores intrínsecos y extrínsecos que afectan el crecimiento microbiano, el tipo de datos requeridos, las consideraciones metodológicas para el diseño experimental, las ventajas y limitaciones inherentes al uso de estos modelos y, finalmente, una revisión de las principales herramientas disponibles para la comunidad técnico-científica. Este capítulo constituye un eje estructural para la comprensión y aplicación rigurosa de la microbiología predictiva en la zootecnia contemporánea (Zadoks et al., 2023).

3.1. Concepto y alcance

La microbiología predictiva puede definirse como una disciplina científica que emplea modelos matemáticos para describir, cuantificar y prever el comportamiento de los microorganismos en alimentos y ambientes relacionados con su producción, bajo condiciones variables de tipo físico, químico y biológico (Whiting & Buchanan, 1997); (McMeekin et al., 2008). En el contexto de la producción animal, esta disciplina permite anticipar fenómenos microbiológicos relevantes para la inocuidad alimentaria, la salud animal, el control de patógenos y el diseño de estrategias de bioseguridad, optimizando así los procesos desde una perspectiva basada en datos.

El concepto de microbiología predictiva se consolida en la década de 1980 como respuesta a la necesidad de superar los enfoques descriptivos tradicionales que no permitían anticipar de forma cuantitativa los riesgos microbiológicos. Su desarrollo estuvo estrechamente vinculado con la evolución de la microbiología de alimentos y la modelización matemática, con autores pioneros como Whiting, Buchanan y McMeekin, quienes propusieron modelos empíricos y mecanísticos para explicar el crecimiento microbiano bajo condiciones controladas (Ross & Dalgaard, 2000). A partir de entonces, su alcance se ha expandido hacia campos como la ecología microbiana, el diseño higiénico de procesos, la trazabilidad, la evaluación cuantitativa de riesgos y la sostenibilidad agroalimentaria.

En los sistemas pecuarios, la microbiología predictiva se aplica para modelar procesos como el crecimiento de *Listeria monocytogenes* en carne refrigerada, la supervivencia de *Salmonella spp.* en ambientes avícolas, la inactivación térmica de *Escherichia coli* en leche pasteurizada o la dinámica de *Clostridium perfringens* en alimentos preparados para rumiantes. Además, tiene implicaciones directas en la evaluación de buenas prácticas ganaderas (BPG), el análisis de puntos críticos de control (HACCP) y la formulación de dietas probióticas o antimicrobianas de precisión.

Uno de los principios fundamentales de esta disciplina es el reconocimiento de que el comportamiento microbiano puede ser modelado como función de variables independientes, tales como temperatura, pH, actividad de agua (a_x), concentración de oxígeno, y presencia de inhibidores naturales o artificiales. El modelado predictivo permite integrar estas variables para predecir parámetros microbiológicos de interés: tiempo de latencia (lag), tasa específica de crecimiento

(μ_{\max}), nivel máximo de población (N_{\max}), tiempo de muerte térmica (D, z), entre otros (Baranyi & Roberts, 1994).

El alcance de la microbiología predictiva no se limita a la estimación de parámetros estáticos; también permite realizar simulaciones, análisis de sensibilidad, evaluación de incertidumbre y validación empírica en condiciones industriales o de campo. Estas características la convierten en una herramienta de valor estratégico para los sistemas de gestión de la inocuidad y calidad, pero también para la innovación tecnológica, el diseño de intervenciones sanitarias, y la gestión de riesgos microbiológicos en tiempo real.

En términos prácticos, la microbiología predictiva se apoya en el uso de software y plataformas computacionales (como ComBase, PMP o Bioinactivation FE), y más recientemente en la integración con algoritmos de aprendizaje automático e inteligencia artificial, que permiten procesar grandes volúmenes de datos provenientes de sensores, IoT y sistemas de trazabilidad (Oscar, 2020). Así, se fortalece el enfoque de agricultura y ganadería de precisión, en el cual las decisiones sobre manejo microbiológico se basan en predicciones cuantificadas y adaptadas al contexto local.

Además de su aplicación en alimentos, esta disciplina también aporta en el entendimiento y gestión de comunidades microbianas en ambientes de producción animal, incluyendo suelos, agua, aire, superficies y microbiotas animales. De este modo, contribuye no solo a la inocuidad, sino también a la sostenibilidad y resiliencia de los sistemas agropecuarios, al facilitar prácticas que minimizan el uso innecesario de antimicrobianos y promueven el equilibrio ecológico.

Cabe señalar que, aunque la microbiología predictiva tiene un fuerte componente matemático, su éxito en la práctica depende de la

calidad de los datos experimentales, el conocimiento del sistema biológico y la correcta interpretación de los modelos. Por ello, su aplicación en zootecnia exige un enfoque interdisciplinario, en el que confluyen la microbiología, la estadística, la ingeniería, la informática y las ciencias animales (Alvarez-Sieiro et al., 2016).

3.2. Niveles de modelado: primario, secundario y terciario

La microbiología predictiva se estructura sobre una jerarquía de modelos matemáticos que permiten describir y anticipar el comportamiento microbiano frente a diferentes condiciones ambientales y tecnológicas. Estos modelos se agrupan en tres niveles: primario, secundario y terciario, cada uno con un propósito y complejidad específica (Baranyi & Roberts, 1995; McMeekin et al., 2002). Esta clasificación facilita el análisis progresivo del crecimiento, inactivación o supervivencia microbiana y permite su implementación en herramientas computacionales para la toma de decisiones en la producción animal y en la cadena agroalimentaria.

Modelos primarios

Los modelos primarios se utilizan para describir la evolución temporal de una población microbiana bajo condiciones ambientales constantes (Carrillo et al., 2006). Es decir, cuantifican variables como la tasa de crecimiento (μ), el tiempo de latencia (λ) y el nivel máximo de crecimiento (N_{max}) a partir de datos experimentales obtenidos en condiciones isométricas. Entre los modelos primarios más reconocidos se encuentran el modelo de Gompertz modificado, el modelo logístico, el

modelo de Baranyi y el modelo de Buchanan (Baranyi & Roberts, 1995; Zwietering et al., 1996).

El modelo de Baranyi, por ejemplo, ofrece una representación matemática robusta del crecimiento bacteriano, al considerar explícitamente la fase de adaptación fisiológica del microorganismo al nuevo medio. Este modelo ha sido validado en múltiples matrices alimentarias, incluyendo leche cruda, carne refrigerada y productos fermentados, y se considera uno de los más versátiles para representar la dinámica microbiana en sistemas pecuarios (Baranyi & Roberts, 1995).

Modelos secundarios

Los modelos secundarios relacionan los parámetros obtenidos en el modelado primario (como μ_{\max} o λ) con factores ambientales variables, tales como temperatura, pH, actividad de agua (a_w), concentración de sal, presión osmótica o presencia de conservantes. (Tarlak, 2023) Estos modelos permiten estimar cómo cambia la tasa de crecimiento o de inactivación microbiana al modificar una o más condiciones del entorno (Ratkowsky et al., 2023; Ross, 1996).

Un modelo secundario ampliamente utilizado es el de Ratkowsky, que describe la relación cuadrática entre la temperatura y la raíz cuadrada de la tasa de crecimiento. Otros modelos secundarios, como el modelo polinomial o el modelo gamma, se emplean para condiciones multifactoriales y son esenciales en la construcción de superficies de respuesta, especialmente cuando se busca optimizar condiciones de almacenamiento o procesamiento de productos pecuarios.

La precisión de un modelo secundario depende críticamente del rango de variación de las condiciones estudiadas y de la calidad de los datos experimentales. En estudios con productos de origen animal, como la

predicción del comportamiento de *Listeria monocytogenes* en quesos o de *Clostridium botulinum* en embutidos, este tipo de modelos ha demostrado ser clave en la formulación de estrategias de control microbiológico basadas en diseño higiénico y barreras tecnológicas (Rodríguez et al., 2002).

Modelos terciarios

Los modelos terciarios integran modelos primarios y secundarios dentro de plataformas computacionales o interfaces gráficas que permiten su aplicación práctica en entornos industriales, académicos o regulatorios. Estos modelos se desarrollan en software o bases de datos interactivas y están diseñados para facilitar la simulación, predicción y toma de decisiones basada en escenarios. Algunos ejemplos de herramientas terciarias son ComBase Predictor, Pathogen Modeling Program (PMP), Bioinactivation FE, y más recientemente, plataformas basadas en inteligencia artificial como Sym'Previus y MicroHibro (Brown et al., 2021).

Estos modelos permiten al usuario introducir variables específicas del producto y del entorno (temperatura, pH, a_x , tiempo, etc.) y obtener predicciones sobre el crecimiento o inactivación de un microorganismo en tiempo real. Son de gran utilidad para validar sistemas HACCP, diseñar planes de muestreo, implementar estrategias de prevención, y realizar análisis de riesgo cuantitativo en sistemas productivos.

Además, los modelos terciarios están incorporando cada vez más elementos de aprendizaje automático, simulación estocástica y análisis de sensibilidad, lo cual amplía su capacidad de adaptación y predicción. Esta evolución ha permitido su aplicación en contextos diversos, incluyendo climas tropicales, sistemas intensivos, producción artesanal o trazabilidad microbiológica en tiempo real (ver tabla 1).

Tabla 1.
Comparación entre modelos primarios, secundarios y terciarios en microbiología predictiva.

Tipo de modelo	Definición	Variables principales	Ejemplos de modelos	Aplicación en producción animal
Modelos primarios	Describen la evolución del crecimiento, supervivencia o inactivación microbiana en función del tiempo bajo condiciones ambientales constantes.	Tiempo, concentración microbiana, fase lag, tasa de crecimiento máximo.	Modelo de Gompertz modificado, modelo logístico, modelo de Baranyi y Roberts.	Estimar crecimiento bacteriano en leche, carne o huevos durante almacenamiento o procesamiento.
Modelos secundarios	Describen cómo los parámetros obtenidos en los modelos primarios (por ejemplo tasa de crecimiento o duración de la fase lag) cambian en función de factores ambientales.	Temperatura, pH, actividad de agua (aw), concentración de sal, atmósfera.	Modelo de Ratkowsky (square root), modelos polinomiales, modelos cardinales.	Evaluar el efecto de temperatura o pH en el crecimiento de patógenos en productos pecuarios o ambientes de granja.
Modelos terciarios	Integran modelos primarios y secundarios dentro de herramientas computacionales o plataformas predictivas que permiten simular escenarios complejos.	Combinación de variables ambientales, microbiológicas y de proceso.	ComBase Predictor, PMP (Pathogen Modeling Program), simuladores predictivos basados en IA.	Evaluación de riesgo microbiológico en cadenas de producción animal, simulación de escenarios de contaminación y soporte a decisiones sanitarias.

Conexión entre niveles de modelado

Es importante señalar que los modelos primario, secundario y terciario no son independientes entre sí, sino que forman parte de un proceso jerárquico de modelización. El modelo primario proporciona los datos empíricos básicos, el modelo secundario permite generalizar esos datos frente a diferentes condiciones, y el modelo terciario facilita su aplicación en la práctica mediante simulaciones. Esta estructura escalonada permite una aproximación progresiva y flexible al análisis microbiológico en la zootecnia, adaptándose tanto a sistemas de producción tecnificados como tradicionales (figura 11).

En resumen, los niveles de modelado constituyen la columna vertebral de la microbiología predictiva aplicada, al posibilitar una comprensión integral, cuantitativa y operativa del comportamiento microbiano en sistemas pecuarios. Su aplicación adecuada requiere un enfoque interdisciplinario que combine rigurosidad experimental, competencia matemática y conocimiento del entorno productivo (Malmuthuge & Guan, 2017).

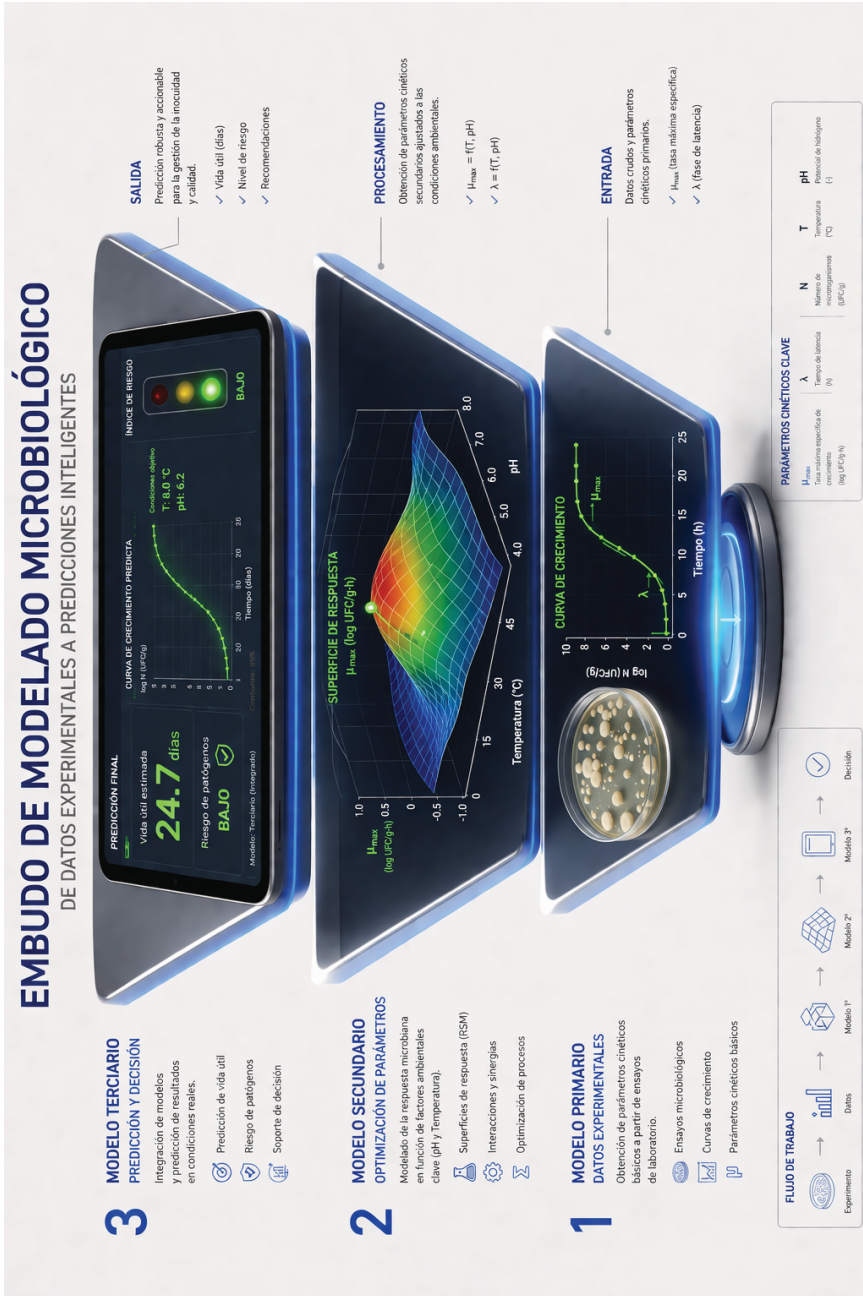


Figura 11. Flujo de integración de datos en la jerarquía del modelado predictivo.

3.3. Factores intrínsecos y extrínsecos en el modelado microbiano

La microbiología predictiva se basa en la premisa de que el crecimiento, la supervivencia o la inactivación de los microorganismos en matrices alimentarias o ambientes pecuarios está condicionado por un conjunto de factores que pueden clasificarse en intrínsecos, extrínsecos, e incluso implícitos o de procesamiento (Leistner et al., 2024). Para construir modelos matemáticos robustos y representativos, es esencial identificar, cuantificar y controlar estos factores, ya que determinan la dinámica microbiana y su impacto sobre la calidad e inocuidad de los productos animales.

Factores intrínsecos

Los factores intrínsecos son aquellos inherentes a la matriz biológica o alimentaria en la que se encuentra el microorganismo. Estos factores determinan la disponibilidad de nutrientes, la capacidad de defensa natural del alimento, y las condiciones físico-químicas que afectan directamente la fisiología microbiana. Los principales factores intrínsecos son:

- **pH:** La acidez o alcalinidad del sustrato es uno de los factores más determinantes del crecimiento microbiano. La mayoría de las bacterias patógenas crecen óptimamente en un rango de pH entre 6.0 y 7.5, aunque algunas especies acidófilas o alcalófilas pueden adaptarse a extremos (Beale et al., 2023). El pH influye en la carga iónica de la membrana, la solubilidad de nutrientes y la actividad enzimática.
- **Actividad de agua (a_w):** Representa la disponibilidad de agua libre en el medio, y afecta directamente la presión osmótica que

enfrentan las células. Muchos microorganismos requieren una $a_x > 0.90$ para crecer, aunque levaduras y mohos pueden desarrollarse en valores más bajos (Reboul et al., 2025). En productos cárnicos deshidratados, quesos madurados o forrajes ensilados, la reducción de a_x es una barrera clave para el control microbiano.

- **Potencial de óxido-reducción (Eh):** Determina la disponibilidad de electrones en el ambiente. Microorganismos aeróbicos requieren un potencial positivo (oxidante), mientras que los anaerobios estrictos se desarrollan en ambientes reductores (Jay, 1998). El Eh del tejido animal cambia rápidamente tras el sacrificio y afecta el desarrollo de flora deseable o patógena.
- **Composición nutricional:** La presencia de fuentes de carbono, nitrógeno, minerales y vitaminas influye en el tipo de microorganismos que pueden colonizar un alimento. Por ejemplo, los productos ricos en proteínas y lípidos como la carne son susceptibles a proteólisis y lipólisis microbiana (Lopardo, 2012).
- **Presencia de compuestos antimicrobianos naturales:** Algunos alimentos contienen sustancias inhibitoras naturales, como lisozima en huevos, lactoferrina en leche, o taninos en forrajes, que limitan el crecimiento de ciertos microorganismos (Davidson et al., 2021).

Factores extrínsecos

Los factores extrínsecos son aquellos impuestos por el ambiente externo en el que se almacena, procesa o transporta el alimento o el sustrato donde se encuentra el microorganismo. Son más fáciles de controlar tecnológicamente y son clave en los modelos de predicción. Entre los más importantes se encuentran:

- **Temperatura:** Es el factor extrínseco más estudiado en microbiología predictiva. Afecta directamente la velocidad de crecimiento y la expresión génica. Se han identificado rangos óptimos para psicrótrofos, mesófilos y termófilos, y su relación con la tasa de crecimiento microbiano se modela comúnmente mediante ecuaciones de tipo Ratkowsky o Arrhenius.
- **Presión atmosférica y gases:** La concentración de oxígeno, dióxido de carbono y nitrógeno en atmósferas modificadas puede inhibir el crecimiento microbiano o alterar la flora dominante. Por ejemplo, altas concentraciones de CO₂ inhiben el crecimiento de bacterias aerobias como *Pseudomonas spp.* en carne refrigerada (McMeekin et al., 2008).
- **Humedad relativa del entorno:** Afecta indirectamente la a_x del producto y la tasa de deshidratación superficial, especialmente en productos cárnicos curados o forrajes almacenados.
- **Luz y radiación UV:** Aunque no es un factor comúnmente modelado, la exposición a luz puede tener efectos bactericidas en ciertas condiciones, y afecta la expresión de fotoreceptores en algunas bacterias ambientales.
- **Manipulación y sanidad del entorno:** El nivel de higiene del equipo, la frecuencia de manipulación, y la carga microbiana del entorno influyen la probabilidad de contaminación cruzada o de inoculación de especies oportunistas.

Interacciones sinérgicas y antagonistas

Uno de los aspectos más complejos en el modelado predictivo es que los factores intrínsecos y extrínsecos no actúan de forma aislada, sino que pueden presentar interacciones sinérgicas o antagonistas. Por ejemplo, una temperatura subóptima combinada con un bajo pH puede tener un efecto más inhibitorio que cada factor por separado, lo que se describe mediante modelos de interacción multifactorial, como el modelo gamma o modelos de superficie de respuesta (Ross et al., 2000).

Estas interacciones deben considerarse cuidadosamente en el diseño experimental y en la validación de modelos, ya que errores en la interpretación pueden llevar a predicciones inadecuadas, con implicaciones negativas en la bioseguridad de productos pecuarios.

Relevancia para la zootecnia

En los sistemas pecuarios, la comprensión de estos factores es fundamental para optimizar prácticas como el almacenamiento de forrajes, la maduración de quesos artesanales, el transporte de leche cruda, o el procesamiento de carne. Además, permite diseñar estrategias de intervención microbiológica que favorezcan la inocuidad sin comprometer la calidad sensorial o nutricional de los productos.

El modelado predictivo que incorpora estos factores proporciona herramientas cuantitativas para evaluar riesgos microbiológicos, simular escenarios de crecimiento, y establecer límites críticos en programas HACCP y BPM en unidades de producción animal.

La microbiología predictiva representa un cambio de paradigma en las ciencias pecuarias, transitando de una microbiología reactiva y descriptiva hacia una disciplina proactiva y cuantitativa. A través de la

integración de modelos primarios, secundarios y terciarios, es posible no solo entender el comportamiento de los microorganismos, sino anticipar sus dinámicas frente a las complejas variables de los sistemas de producción animal. La rigurosidad en la identificación de los factores intrínsecos y extrínsecos, sumada al avance en herramientas computacionales e inteligencia artificial, posiciona a esta disciplina como un pilar fundamental para la bioseguridad, la inocuidad alimentaria y la optimización de procesos. En última instancia, la capacidad de predecir con precisión el destino microbiológico de un producto o ambiente permite tomar decisiones basadas en evidencia, reduciendo riesgos sanitarios y fortaleciendo la competitividad y sostenibilidad de la industria pecuaria contemporánea.

CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 3.

Principios de la microbiología predictiva

- 1. ¿Cuál es la definición fundamental de la microbiología predictiva según el texto?**
 - a) Una disciplina que utiliza la observación visual para clasificar bacterias en el campo.
 - b) Una ciencia que emplea modelos matemáticos para prever el comportamiento microbiano bajo condiciones variables.
 - c) Un método exclusivo para el recuento de microorganismos en laboratorios de alta complejidad.
 - d) La aplicación de antibióticos preventivos basados únicamente en la experiencia del productor.

- 2. ¿Qué nivel de modelado se encarga de describir la evolución temporal de una población (fase lag, tasa de crecimiento) bajo condiciones ambientales constantes?**
 - a) Modelos Secundarios.
 - b) Modelos Terciarios.
 - c) Modelos Primarios.
 - d) Modelos Cuaternarios.

- 3. El modelo de Baranyi es reconocido en la producción animal por su capacidad de considerar explícitamente:**
 - a) El costo económico de los medios de cultivo.
 - b) La fase de adaptación fisiológica (lag) del microorganismo al medio.
 - c) La altitud sobre el nivel del mar de la unidad productiva.
 - d) La morfología externa de las colonias bacterianas.

- 4. ¿Cuál es la función principal de los Modelos Secundarios?**
 - a) Calcular únicamente el número inicial de bacterias en una muestra de carne.
 - b) Relacionar los parámetros cinéticos (como μ_{\max}) con factores ambientales como pH o temperatura.

- c) Servir de interfaz gráfica para usuarios que no poseen formación matemática.
- d) Predecir la genética de la próxima generación de microorganismos ambientales.

5. Plataformas como ComBase, PMP y MicroHibro son ejemplos de:

- a) Modelos Primarios.
- b) Modelos Secundarios.
- c) Modelos Terciarios.
- d) Modelos Empíricos Simples.

6. ¿Cuál de los siguientes es un factor intrínseco que influye en el modelado microbiano?

- a) La temperatura de refrigeración durante el transporte de la leche.
- b) La composición nutricional y el pH de la matriz alimentaria.
- c) La humedad relativa del aire en el galpón de aves.
- d) La presión atmosférica y el tipo de gases en el ambiente.

7. ¿Qué representa la actividad de agua (a_w) en el contexto de los factores intrínsecos?

- a) La cantidad total de humedad líquida que tiene un alimento.
- b) La disponibilidad de agua libre para las funciones biológicas microbianas.
- c) La velocidad con la que el agua se evapora del producto hacia el ambiente.
- d) El pH del agua utilizada en los sistemas de limpieza y desinfección.

8. El potencial de óxido-reducción (Eh) es un factor crítico porque determina:

- a) Si el microorganismo puede realizar fotosíntesis en el sustrato.
- b) La disponibilidad de electrones y el tipo de metabolismo (aerobio/anaerobio) posible.
- c) La dureza mineral del agua en los sistemas de bebida animal.
- d) El cambio de color de la carne tras los procesos de pasteurización.

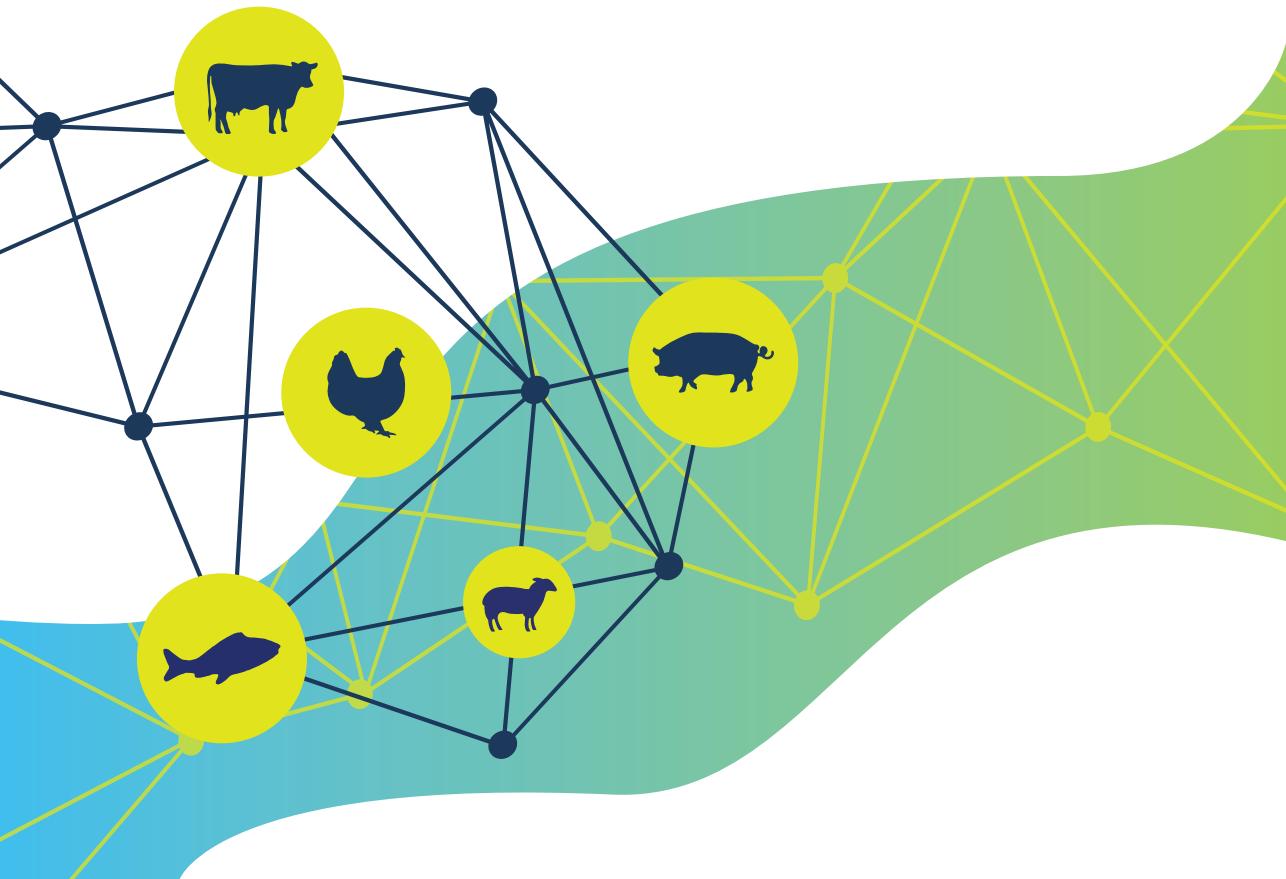
9. ¿Qué ocurre cuando existe una interacción sinérgica entre la temperatura y el pH?

- a) Los factores se anulan entre sí y el microorganismo crece más rápidamente.
- b) El efecto inhibitorio combinado es mayor que la suma de sus efectos individuales.
- c) El modelo predictivo deja de ser válido para esa matriz específica.
- d) El pH se neutraliza automáticamente cuando la temperatura aumenta.

10. De acuerdo con la introducción del capítulo, ¿cuál es un desafío crítico en la jerarquía del modelado?

- a) Que los modelos terciarios son de acceso limitado por su alto costo.
- b) La propagación y amplificación del error desde los modelos base hacia las herramientas finales.
- c) Que las bacterias mutan para evitar ser detectadas por los algoritmos de IA.
- d) La falta total de equipos de cómputo en las granjas de América Latina.

Capítulo 4. Modelos matemáticos en microbiología predictiva



Introducción

La microbiología predictiva ha evolucionado desde una disciplina centrada en la descripción cualitativa de los microorganismos, hacia un campo cuantitativo y computacional que permite predecir su comportamiento bajo condiciones específicas. En este contexto, los modelos matemáticos han adquirido un papel central, proporcionando una estructura formal para representar el crecimiento, la supervivencia y la inactivación microbiana en productos, ambientes y matrices biológicas asociadas a la producción animal. Estos modelos permiten integrar conocimientos de microbiología, fisiología microbiana, ingeniería de procesos y estadística, con el fin de anticipar riesgos, optimizar procesos y mejorar la toma de decisiones en los sistemas pecuarios (Aguirre-Garrido et al., 2024).

La predicción cuantitativa del comportamiento microbiano es esencial en los sistemas agropecuarios modernos, donde la seguridad alimentaria, el bienestar animal, la eficiencia productiva y la sostenibilidad dependen en gran medida del control microbiológico. A diferencia de los métodos tradicionales basados en ensayos empíricos, los modelos matemáticos permiten estimar, con diversos niveles de precisión, cómo responderán los microorganismos frente a cambios en variables ambientales como temperatura, pH, actividad de agua (a_w),

presencia de antimicrobianos o características propias del hospedador (Reboul et al., 2025). En este sentido, los modelos matemáticos constituyen una herramienta clave en el diseño de estrategias de manejo, conservación de alimentos y prevención de enfermedades.

Los modelos utilizados en microbiología predictiva se clasifican comúnmente en tres grandes grupos: modelos primarios, que describen la evolución temporal de la población microbiana; modelos secundarios, que explican cómo las condiciones ambientales afectan los parámetros de los modelos primarios; y modelos terciarios, que integran los anteriores en plataformas informáticas para su aplicación práctica (Pina et al., 2021). Esta clasificación ha sido fundamental para el desarrollo progresivo de la disciplina, permitiendo una modularidad que facilita tanto la investigación básica como la implementación industrial o pecuaria.

En el ámbito de la zootecnia, el uso de estos modelos ha comenzado a expandirse rápidamente, particularmente en áreas como la calidad microbiológica de forrajes conservados, la estabilidad de alimentos balanceados, el control de microorganismos patógenos en instalaciones productivas y la caracterización de la microbiota intestinal de animales de interés zootécnico. Asimismo, la integración de estos modelos con tecnologías emergentes como sensores en tiempo real, sistemas de monitoreo ambiental, inteligencia artificial (IA) y plataformas de

Internet de las Cosas (IoT) ha abierto nuevas posibilidades para su uso operativo y predictivo en tiempo real.

No obstante, para que estos modelos sean efectivos y útiles en contextos productivos reales, es imprescindible comprender su base conceptual, sus supuestos, las limitaciones que conllevan y las técnicas adecuadas para su validación. En muchos casos, los modelos desarrollados en condiciones de laboratorio no se traducen directamente a ambientes pecuarios complejos, lo cual exige procesos rigurosos de calibración y verificación, así como el desarrollo de modelos específicos ajustados a los sistemas locales de producción.

Además, la incorporación de modelos predictivos en sistemas pecuarios plantea importantes desafíos pedagógicos y técnicos, especialmente en contextos latinoamericanos donde el acceso a herramientas de modelado y datos de calidad puede ser limitado. Por ello, es esencial no solo dominar los fundamentos matemáticos de estos modelos, sino también promover una cultura de modelado basada en evidencia, articulada con los objetivos de la producción animal sostenible (Goodswen et al., 2021).

Este capítulo tiene como objetivo ofrecer una visión integral de los principales modelos matemáticos utilizados en microbiología predictiva, con un enfoque en su aplicación a la zootecnia y los sistemas de producción animal. A lo largo de los diferentes apartados se analizarán modelos clave como el de Gompertz, Baranyi, Buchanan y los enfoques derivados de Arrhenius y Ratkowsky, destacando sus ventajas, limitaciones y ejemplos de uso. Asimismo, se presentarán criterios de

validación y aplicaciones prácticas en productos como leche, carne, forrajes y aguas de bebida, así como perspectivas futuras para su integración con sistemas inteligentes (Baranyi & Roberts, 1995).

4.1 Modelos cinéticos primarios: Gompertz, Baranyi y logístico

El crecimiento microbiano en sistemas pecuarios es un proceso dinámico que depende de múltiples factores intrínsecos y extrínsecos. Para comprenderlo y predecirlo con precisión, se han desarrollado modelos matemáticos conocidos como modelos cinéticos primarios, los cuales describen la evolución de una población microbiana en función del tiempo bajo condiciones específicas. Estos modelos son fundamentales en microbiología predictiva, ya que permiten estimar parámetros clave como la tasa máxima de crecimiento (μ_{max}), el tiempo de latencia (λ) y la densidad máxima alcanzada (N_{max}), proporcionando una base sólida para el control y optimización de los procesos de producción animal y aseguramiento de la calidad microbiológica de los productos.

Entre los modelos cinéticos primarios más utilizados en microbiología predictiva destacan el modelo de Gompertz modificado, el modelo de Baranyi y Roberts, y el modelo logístico. Cada uno presenta ventajas particulares en términos de ajuste de datos experimentales, interpretación biológica de los parámetros, y compatibilidad con softwares predictivos (Baranyi et al., 2024).

El modelo de Gompertz, propuesto originalmente en el siglo XIX como una fórmula empírica para describir tasas de mortalidad, fue adaptado a la microbiología por Zwietering et al. (1996), en una versión modificada que facilita la interpretación biológica de sus parámetros.

Esta formulación describe una curva sigmoide de crecimiento con una fase de latencia, una fase exponencial y una fase estacionaria (Ortuño-Hernández et al., 2024). Su expresión matemática general es:

$$\log(N(t)) = \log(N_0) + (\log(N_{\max}) - \log(N_0)) * \exp(-\exp((\mu_{\max} * e / (\log(N_{\max}) - \log(N_0))) * (\lambda - t) + 1))$$

donde $N(t)$ es el logaritmo del número de microorganismos en el tiempo t , N_0 el conteo inicial, N_{\max} la población máxima, μ_{\max} la tasa máxima de crecimiento y λ el tiempo de latencia.

Este modelo ha sido ampliamente validado en matrices como carne, leche, forrajes ensilados y aguas residuales pecuarias. Su estructura permite capturar adecuadamente la fase exponencial del crecimiento microbiano, siendo especialmente útil en condiciones isométricas y ensayos controlados.

Por otro lado, el modelo de (Baranyi & Roberts, 1995) introduce una formulación que considera explícitamente la fisiología inicial de los microorganismos, integrando una función de adaptación celular. Este modelo mejora la estimación del tiempo de latencia y se expresa como:

$$\ln(N(t)) = \ln(N_{\max}) + \ln((\exp(\mu_{\max} * t) - 1 + \exp(\mu_{\max} * \lambda - \mu_{\max} * t)) / (\exp(\mu_{\max} * t) - 1 + \exp(\mu_{\max} * \lambda) * \exp(\ln(N_{\max}) - \ln(N_0))))$$

La principal ventaja del modelo de Baranyi radica en su capacidad para modelar de forma más precisa la transición de la fase de adaptación a la fase exponencial, lo que resulta útil en sistemas donde los microorganismos se ven expuestos a cambios ambientales abruptos, como ocurre en matrices pecuarias con condiciones dinámicas de temperatura, pH o disponibilidad de nutrientes (Baranyi & Roberts, 1995).

El tercer modelo de interés es el modelo logístico, una aproximación clásica que describe el crecimiento microbiano como una curva sigmoideal simétrica. Su expresión general es:

$$N(t) = N_{\text{max}} / (1 + \exp(-k * (t - t_0)))$$

donde k es la constante de crecimiento y t_0 el punto de inflexión de la curva. Aunque este modelo es más simple y no incluye un término explícito de latencia, su uso es frecuente en estudios preliminares y en sistemas donde la fase de latencia es mínima o despreciable.

Comparativamente, el modelo logístico tiende a sobreestimar o subestimar los tiempos de adaptación si se usa en condiciones no ideales, por lo que su aplicación es más adecuada para estimaciones generales o cuando no se requiere una alta precisión en la descripción de fases tempranas del crecimiento (figura 12) (Li et al., 2022).

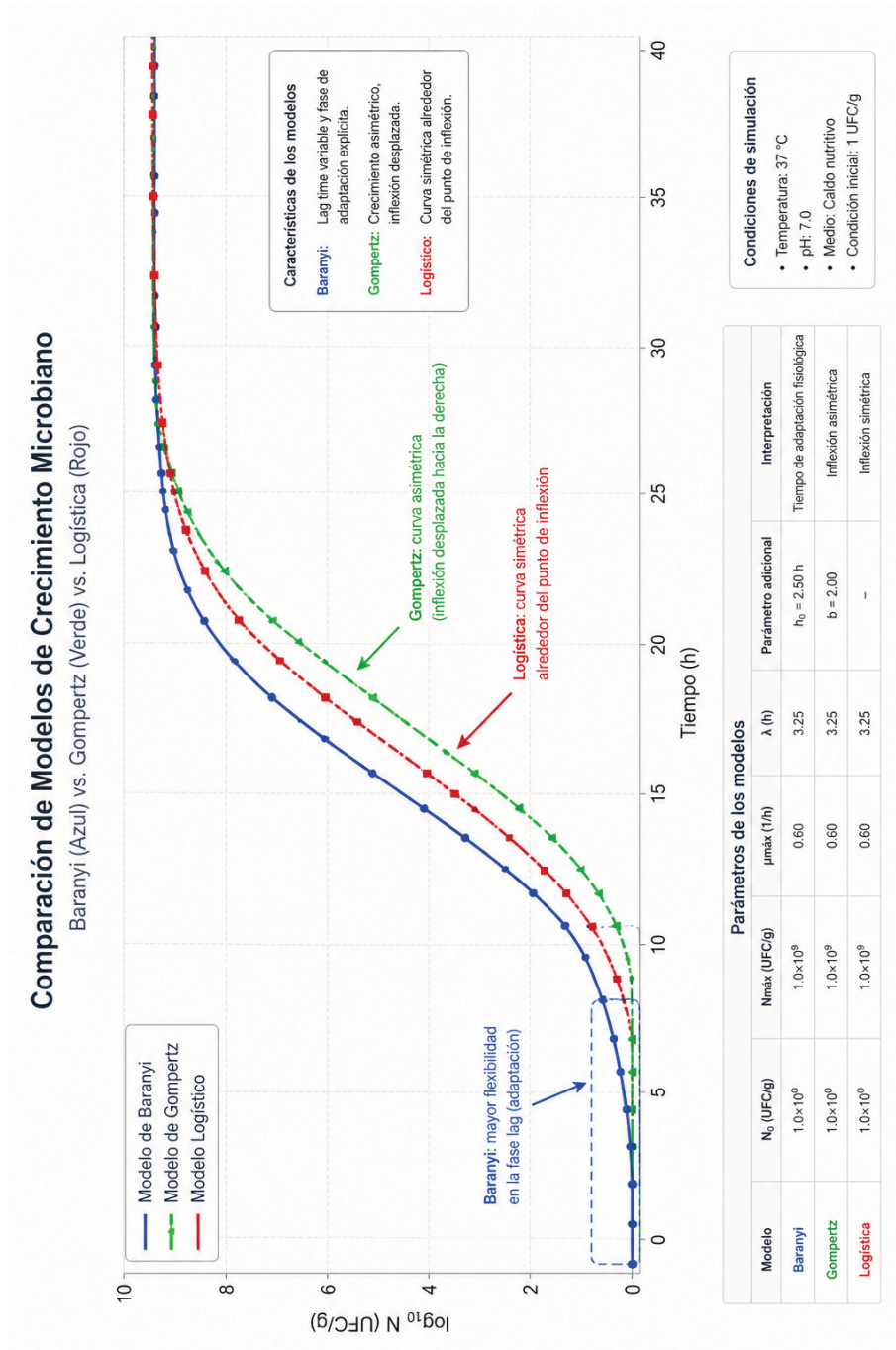


Figura 12. Morfología de las curvas de crecimiento: Comparativa Gompertz, Baranyi y Logística.

En sistemas pecuarios, estos modelos han sido aplicados exitosamente para predecir la proliferación de microorganismos en carne de bovino refrigerada, leche cruda almacenada, residuos de cama avícola, y ensilajes de gramíneas. Su utilidad no solo radica en describir la dinámica microbiana, sino en facilitar la implementación de estrategias de intervención, monitoreo y optimización de procesos.

La elección del modelo depende de varios factores: el tipo de matriz biológica, la calidad de los datos experimentales, la necesidad de interpretar parámetros biológicos, y los requerimientos de integración con modelos secundarios y terciarios. Por ejemplo, en la formulación de sistemas de alerta temprana de deterioro microbiológico en tanques de leche o biodigestores pecuarios, los modelos de Gompertz y Baranyi son preferidos por su precisión y adaptabilidad (Oscar, 2020).

Adicionalmente, estos modelos pueden integrarse en softwares predictivos como ComBase, IPMP y DMFit, herramientas ampliamente utilizadas en microbiología predictiva para la simulación de escenarios, comparación de condiciones experimentales, y validación de hipótesis microbiológicas. La disponibilidad de estos programas ha facilitado la aplicación de la modelación cinética en la gestión de la calidad microbiológica en las cadenas de producción animal (Liu et al., 2021).

En contextos latinoamericanos, estos modelos han sido utilizados en estudios de predicción del crecimiento de *Listeria monocytogenes* en quesos artesanales, *Salmonella spp.* en pollo crudo y *Clostridium perfringens* en matrices de carne porcina, evidenciando su aplicabilidad en condiciones ambientales variables y con productos de alto riesgo (García-Gimeno et al., 2024).

Se debe saber, que es importante señalar que los modelos cinéticos primarios constituyen la base para el desarrollo de modelos más complejos, como los secundarios y terciarios, en los que se incorporan variables ambientales y de manejo. Su correcta aplicación permite no solo entender el comportamiento microbiano, sino también anticipar eventos críticos, optimizar el uso de insumos antimicrobianos y garantizar la inocuidad de productos derivados.

4.2 Modelos cinéticos primarios: Gompertz, Baranyi, Logistic y otros

El análisis de la dinámica microbiana en sistemas pecuarios requiere herramientas matemáticas robustas capaces de describir cuantitativamente el crecimiento, la inactivación o la supervivencia de poblaciones microbianas bajo diversas condiciones ambientales. En este contexto, los modelos cinéticos primarios se posicionan como el primer nivel de abstracción predictiva, describiendo cómo varía la concentración microbiana en función del tiempo. Estos modelos son esenciales para entender y anticipar la evolución de poblaciones microbianas en matrices alimentarias, productos pecuarios y ambientes de producción.

El modelo de Gompertz modificado ha sido uno de los más empleados debido a su capacidad para ajustar curvas de crecimiento microbiano de forma asimétrica, representando fases de adaptación (lag), crecimiento exponencial y fase estacionaria. Fue originalmente desarrollado en el siglo XIX para describir crecimiento poblacional humano, pero fue adaptado por Zwietering et al. (1996) para su uso en microbiología predictiva. El modelo permite estimar tres parámetros

clave: la duración de la fase lag (λ), la velocidad máxima de crecimiento (μ_{max}) y la densidad máxima alcanzada (N_{max}) (Fernandez Blanco, 2025).

Otro modelo ampliamente utilizado es el propuesto por Baranyi & Roberts (1995), que incorpora explícitamente un componente fisiológico para describir la fase de adaptación. Este modelo se basa en una ecuación diferencial que asume que las bacterias requieren un ajuste fisiológico antes de iniciar su división celular activa. Su fortaleza radica en su fundamento biológico más explícito, lo que le permite ser más sensible a variaciones iniciales del sistema.

El modelo logístico clásico también ha sido utilizado extensamente para describir el crecimiento microbiano, particularmente cuando se busca una descripción más sencilla. Este modelo asume que la tasa de crecimiento decrece linealmente a medida que se aproxima la población al límite superior impuesto por el ambiente (capacidad de carga). Aunque menos preciso que Gompertz o Baranyi en algunos contextos, su simplicidad matemática lo hace atractivo en escenarios donde la precisión extrema no es prioritaria.

Además de estos tres modelos, existen otras formulaciones como el modelo de Buchanan, que describe el crecimiento en tres fases: lag, exponencial y estacionaria, cada una con funciones matemáticas específicas. Si bien su uso ha sido más limitado, ofrece una alternativa útil en estudios donde se cuenta con pocos puntos experimentales y se requiere una descripción directa.

Una característica común en todos estos modelos es su dependencia del tiempo como variable independiente. Sin embargo, difieren en la forma matemática específica en que relacionan el tiempo con la densidad

microbiana. Esto se traduce en distintos niveles de ajuste, sensibilidad a perturbaciones experimentales, y complejidad computacional.

La selección del modelo primario adecuado depende del propósito del estudio, la calidad de los datos experimentales y el sistema biológico en cuestión. Por ejemplo, en el estudio del crecimiento de *Listeria monocytogenes* en carne de cerdo almacenada a temperatura controlada, Baranyi ha demostrado un mejor ajuste cuando se compara con Gompertz, debido a su capacidad de representar cambios abruptos en la fase lag causados por tratamientos previos al almacenamiento (Oscar, 2020).

El desarrollo de software especializado como DMFit y GInaFiT, ambos compatibles con Microsoft Excel, ha facilitado la implementación y comparación de estos modelos, especialmente en estudios de validación de procesos higiénicos en industrias pecuarias. Estas herramientas permiten realizar ajustes de curvas y obtener parámetros de interés sin necesidad de habilidades avanzadas en programación, democratizando así el acceso a la modelación microbiológica.

En sistemas pecuarios, la aplicación de modelos cinéticos primarios permite predecir con alta precisión el comportamiento de microorganismos tanto patógenos como benéficos. En estudios de fermentación de forrajes, por ejemplo, el modelo logístico ha sido eficaz para estimar el crecimiento de *Lactobacillus plantarum* durante el ensilaje de gramíneas tropicales, proporcionando una base para optimizar la formulación de inoculantes y controlar el pH durante la conservación (Nkosi et al., 2025).

La modelación cinética no se limita al crecimiento, también se aplica a la inactivación microbiana, como en tratamientos térmicos o de desinfección. Aunque estos procesos suelen modelarse con ecuaciones

log-lineales, se han desarrollado extensiones no lineales como el modelo Weibull, útil para describir curvas de inactivación con colas o transiciones suaves, comunes en matrices alimentarias heterogéneas.

Asimismo, las curvas de germinación de esporas pueden ser abordadas mediante modelos primarios, en los cuales se describen tasas de activación o latencias de respuesta bajo diferentes condiciones de estrés. Estos enfoques son fundamentales en la evaluación de riesgos microbiológicos en productos como leche cruda o huevos, donde microorganismos esporulados como *Bacillus cereus* representan un desafío persistente.

El uso combinado de modelos cinéticos primarios con análisis estadístico de bondad de ajuste, como R^2 ajustado, AIC (criterio de información de Akaike), o RMSE (raíz del error cuadrático medio), es esencial para garantizar la confiabilidad del modelo seleccionado. (Domingo-Calapetal, 2022). La validación externa con datos experimentales independientes también fortalece la capacidad predictiva y la aplicabilidad práctica del modelo en entornos reales.

Finalmente, cabe destacar que los modelos primarios representan el primer paso dentro del paradigma de la microbiología predictiva. Su integración posterior con modelos secundarios (que incorporan efectos de variables como temperatura o pH) y terciarios (simulación en software o sistemas complejos) es lo que permite su implementación efectiva en programas de gestión de calidad e inocuidad en la producción animal (Davidson et al., 2021).

4.3. Modelos de inactivación microbiana

4.3.1. Modelos log-lineales

Los modelos log-lineales representan la base más simple y ampliamente utilizada para describir la cinética de inactivación microbiana, especialmente bajo tratamientos térmicos o químicos. Su fundamento reside en la observación empírica de que muchas poblaciones microbianas mueren a una tasa constante por unidad de tiempo cuando se exponen a condiciones letales, dando lugar a una disminución logarítmica lineal en el número de células viables (Pouillot & Lubran, 2011).

El modelo log-lineal clásico se expresa mediante la ecuación:

$$\log(N_t) = \log(N_0) - (t / D)$$

donde $\log N_t$ es el número de microorganismos viables en el tiempo t , N_0 es el número inicial, y D es el valor decimal de reducción (D-value), definido como el tiempo necesario para reducir la población en un orden logarítmico (90%) bajo condiciones constantes.

Este modelo fue inicialmente propuesto en la década de 1920 por Bigelow y Esty en estudios de resistencia térmica de esporas bacterianas, y desde entonces ha sido adoptado ampliamente en microbiología industrial, en especial para validar procesos térmicos como la pasteurización, esterilización y escaldado (Muñoz del Río et al., 2025).

El modelo log-lineal asume una población microbiana homogénea en cuanto a resistencia, sin subpoblaciones más resistentes o sensibles. También presupone que el ambiente de tratamiento es constante en el tiempo, y que no hay efectos de adaptación, recuperación o protección por la matriz alimentaria.

Una ventaja importante del modelo log-lineal es su simplicidad, tanto en términos matemáticos como en su interpretación práctica. Esto lo hace especialmente útil para aplicaciones regulatorias y procesos industriales que requieren validación rápida y estandarizada.

En el contexto pecuario, este modelo ha sido empleado para determinar tiempos y temperaturas de pasteurización de leche cruda, escaldado de canales avícolas, tratamiento térmico de alimentos balanceados, y control de microorganismos patógenos como *Listeria monocytogenes*, *Salmonella spp.* y *Clostridium perfringens* (Ross et al., 2000).

Sin embargo, numerosas investigaciones han evidenciado que la cinética de inactivación microbiana no siempre sigue una relación perfectamente logarítmica, especialmente cuando existen fenómenos como shoulders (período de latencia inicial sin reducción) o tails (persistencia residual de células viables), los cuales requieren modelos más complejos.

La rigidez del modelo log-lineal puede llevar a una subestimación o sobreestimación del riesgo microbiológico, especialmente en matrices heterogéneas como carne picada, quesos maduros o forrajes fermentados, donde la distribución espacial y la composición química afectan la eficacia del tratamiento (Asnicar et al., 2024).

Otro aspecto crítico es que el valor D depende directamente de las condiciones ambientales (temperatura, pH, a_x), por lo que debe determinarse experimentalmente para cada combinación microorganismo/matriz. En este sentido, el modelo log-lineal es considerado un modelo primario, y se complementa con modelos secundarios que describen la variación de D en función de variables ambientales.

En microbiología predictiva aplicada a la zootecnia, el modelo log-lineal se ha utilizado como punto de partida para desarrollar curvas de inactivación térmica en sistemas de pasteurización de leche, donde se busca garantizar la reducción de patógenos sin afectar los componentes nutricionales y funcionales del alimento (Beale et al., 2023).

Asimismo, este modelo ha sido útil en la evaluación del riesgo de *Salmonella enterica* en productos cárnicos listos para consumo, permitiendo establecer límites críticos de tiempo y temperatura en etapas de cocción y conservación.

Uno de los desafíos frecuentes es la alta variabilidad entre cepas microbianas, que puede generar distribuciones amplias de valores D. Esta heterogeneidad puede ser mitigada mediante estudios de validación con cultivos mixtos o cepas representativas del peor escenario (worst-case strains).

Con la digitalización de procesos, se han implementado sensores que permiten monitorear en tiempo real la temperatura durante tratamientos térmicos en plantas procesadoras. La integración de estos datos con modelos log-lineales permite validar automáticamente la eficacia del proceso (Bevilacqua et al., 2023).

En aplicaciones regulatorias, muchas normativas internacionales, como las de la FDA o la EFSA, se basan en criterios de reducción logarítmica (ej. 5D o 6D) para certificar la seguridad microbiológica de productos de origen animal, lo cual se fundamenta en este tipo de modelado.

La implementación del modelo log-lineal en software como PMP (Pathogen Modeling Program) y ComBase facilita su uso por técnicos e investigadores, ofreciendo predicciones rápidas bajo condiciones controladas (Combase, 2024).

No obstante, su aplicación debe acompañarse de una adecuada validación experimental. Se recomienda realizar curvas de supervivencia con al menos cinco puntos logarítmicos para una estimación confiable del valor D, considerando también el intervalo de confianza y la posible existencia de shoulder.

En estudios comparativos, se ha observado que el modelo log-lineal presenta buen ajuste en condiciones de tratamientos térmicos intensivos (alta temperatura, corto tiempo), pero pierde capacidad predictiva en tratamientos suaves o cuando hay mecanismos de resistencia inducida.

Algunos autores han propuesto modificar el modelo log-lineal introduciendo factores correctivos, como coeficientes de variabilidad o funciones de corrección para shoulder, aunque esto implica perder parte de su simplicidad original (Reboul et al., 2025).

4.3.2. Modelos Weibull

Los modelos Weibull representan una alternativa flexible al modelo log-lineal tradicional para describir la cinética de inactivación microbiana. Este enfoque permite representar una amplia gama de comportamientos cinéticos, incluyendo curvas con shoulders (fase de resistencia inicial) y tails (supervivencia prolongada de una subpoblación), lo que lo convierte en una herramienta poderosa dentro de la microbiología predictiva.

El modelo Weibull, introducido en microbiología por Georgalis et al. (2023), se basa en la función de supervivencia de Weibull empleada en análisis de confiabilidad. Su forma general se expresa como:

$$\log_{10}(N_t) = \log_{10}(N_0) - (t / \delta)^p$$

donde N_t es el número de células viables en el tiempo t , N_0 es la población inicial, δ es un parámetro relacionado con el tiempo característico de inactivación (análogo al D-value), y β es el parámetro de forma que determina la curvatura de la cinética.

Cuando $\beta=1$, el modelo Weibull se reduce al modelo log-lineal clásico. Si $\beta < 1$, la curva presenta una cola prolongada (tail), lo cual indica una subpoblación más resistente. Por el contrario, si $\beta > 1$, la curva presenta un shoulder, sugiriendo una fase de latencia antes de iniciar la inactivación.

Esta flexibilidad hace que el modelo Weibull sea más representativo de situaciones reales, especialmente cuando se trabaja con tratamientos térmicos suaves, presiones moderadas, desinfectantes o matrices alimentarias heterogéneas, como leche cruda, carne curada o forrajes ensilados.

En aplicaciones pecuarias, se ha utilizado para describir la inactivación de *Listeria monocytogenes* en leche pasteurizada a baja temperatura, la supervivencia de *Salmonella enterica* en canales porcinas tratadas con ácido láctico, y la persistencia de *Clostridium perfringens* en alimentos preparados para ganado (Lopes et al., 2023).

Una de las ventajas del modelo Weibull es su capacidad para ajustarse a datos experimentales no lineales sin necesidad de segmentar la curva o introducir múltiples fases. Esto facilita el análisis de tratamientos donde se observa una respuesta progresiva del microorganismo al agente letal.

No obstante, su implementación requiere métodos de regresión no lineal para estimar los parámetros δ y β , lo que puede ser más exigente computacionalmente que el modelo log-lineal. Herramientas

como R, Python, GraphPad Prism y Excel con complementos especializados permiten realizar estos ajustes con precisión (Uddandarao et al., 2023).

El parámetro ppp ofrece información valiosa sobre la fisiología microbiana: valores superiores a 1 indican una fase inicial de resistencia que puede deberse a mecanismos de protección como biofilms, agregación celular, o efectos de la matriz alimentaria. Valores menores a 1 revelan la presencia de subpoblaciones con resistencia residual.

En productos fermentados o mínimamente procesados, la forma de la curva Weibull puede reflejar la interacción entre microorganismos competidores, como ocurre en ensilajes donde bacterias ácido-lácticas inhiben selectivamente patógenos y alterantes.

Diversos estudios han mostrado que el modelo Weibull proporciona un mejor ajuste estadístico a los datos experimentales de inactivación microbiana que los modelos log-lineales, especialmente cuando se evalúan con criterios como el coeficiente de determinación ajustado (R^2), el error cuadrático medio (RMSE) o el criterio de información de Akaike (AIC) (Meinert et al., 2023).

En escenarios de aplicación práctica, el modelo Weibull se ha usado para validar procesos de pasteurización en granjas lecheras artesanales, donde las condiciones térmicas varían y no siempre se alcanzan los parámetros estándares de la industria.

Además, el modelo puede adaptarse para representar procesos no térmicos de inactivación, como el uso de presión hidrostática, tratamientos con luz ultravioleta, ozono, compuestos antimicrobianos naturales o bioconservantes derivados de cultivos iniciadores.

Una extensión interesante es el modelo Weibull con shoulder explícito (también llamado modelo de Mafart modificado), que incorpora un parámetro adicional para representar el retardo inicial de la inactivación. Este modelo ha sido útil en el análisis de la supervivencia prolongada de *E. coli* O157:H7 en productos cárnicos refrigerados (Park et al., 2025).

También se han desarrollado modelos Weibull dinámicos que permiten integrar variaciones de temperatura en el tiempo, lo cual es esencial en procesos pecuarios donde no siempre se mantienen condiciones constantes, como ocurre durante el transporte o almacenamiento en refrigeración (Goodswen et al., 2021).

En el ámbito de la bioseguridad, el modelo Weibull ha sido empleado para evaluar la eficacia de desinfectantes sobre superficies de instalaciones ganaderas, considerando la resistencia variable de biofilms formados por *Pseudomonas* spp. y *Staphylococcus aureus*.

Cabe destacar que la interpretación biológica de los parámetros del modelo Weibull requiere precaución. Aunque el modelo describe adecuadamente la forma de la curva, no implica un mecanismo fisiológico específico, por lo que siempre debe validarse empíricamente.

En sistemas pecuarios tropicales, donde las condiciones ambientales fluctúan considerablemente, el modelo Weibull permite una mejor representación de la supervivencia de microorganismos ambientales y patógenos que el modelo log-lineal, facilitando el diseño de estrategias de intervención más realistas (Buzrul, 2022).

La integración del modelo Weibull con herramientas predictivas como ComBase o Bioinactivation FE ha favorecido su aplicación en el

sector agroalimentario. Sin embargo, su difusión en sistemas pecuarios aún requiere capacitación técnica para su uso e interpretación correcta.

En estudios de vida útil microbiológica, este modelo ha demostrado ser eficaz para predecir la duración de alimentos bajo refrigeración, considerando el crecimiento inverso o la declinación de ciertos microorganismos después de su pico poblacional (Brown et al., 2021).

4.3.3. Modelos con shoulder y tail

Las curvas de inactivación microbiana observadas en condiciones reales frecuentemente exhiben desviaciones significativas de la forma log-lineal clásica. Entre las más comunes se encuentran las curvas con shoulder (fase inicial sin reducción de la población) y tail (resistencia residual de una fracción microbiana). Estos comportamientos han motivado el desarrollo de modelos que incorporan explícitamente dichas fases, mejorando la capacidad predictiva y el realismo de las simulaciones microbiológicas.

El fenómeno del shoulder representa una fase de retardo inicial durante la cual la población microbiana parece resistir al agente inactivante antes de que comience una reducción apreciable. Esto puede deberse a mecanismos de reparación celular, adaptación subletal, heterogeneidad fisiológica, o a la protección conferida por la matriz del alimento (Coroller & Le Marc, 2025).

Por otro lado, la presencia de un tail o cola prolongada al final de la curva indica que una fracción de la población sobrevive durante un tiempo prolongado, incluso bajo condiciones letales. Esta resistencia residual puede explicarse por la existencia de células persistentes,

biofilms, esporas, o refugios físicos como grumos de grasa, fibras o partículas alimentarias.

Modelar adecuadamente estos fenómenos es crucial para evitar subestimaciones del riesgo microbiológico, en particular cuando se diseña un tratamiento térmico, se valida un desinfectante o se estima la vida útil de un producto. Por ello, varios modelos han sido propuestos para capturar estas características.

Entre los modelos más conocidos se encuentra el modelo biparamétrico de Geeraerd, que permite representar simultáneamente un shoulder inicial y un tail residual. Su forma general es:

$$\log_{10}(N(t)) = \log_{10}\left((10^{\log_{10}(N_0)} - 10^{\log_{10}(N_{\text{res}})}) * \exp(-k_{\text{max}} * t) * (\exp(k_{\text{max}} * S) / (1 + (\exp(k_{\text{max}} * S) - 1) * \exp(-k_{\text{max}} * t))) + 10^{\log_{10}(N_{\text{res}})} \right)$$

N_t : Población sobreviviente en el tiempo t . N_0 : Población inicial. N_{res} : Población residual o nivel de la "cola" (tail). Representa la concentración de microorganismos que resisten el tratamiento. k_{max} : Tasa específica de inactivación máxima ($1/\text{tiempo}$). S : Parámetro del hombro (shoulder). Está relacionado con la capacidad de adaptación o resistencia inicial de la célula antes de sucumbir al agente letal (Geeraert et al., 2024).

Este modelo ha sido utilizado en la industria alimentaria para describir la inactivación térmica de *Listeria monocytogenes* en alimentos listos para el consumo, y también en estudios con *Clostridium botulinum* en productos cárnicos, donde las esporas pueden resistir condiciones extremas.

Otra alternativa es el modelo de Mafart modificado, una extensión del modelo Weibull que incluye un parámetro adicional para representar

el shoulder, permitiendo una representación continua de la cinética de inactivación sin segmentar la curva.

Estos modelos son especialmente útiles en alimentos de origen animal donde existen capas de protección, como en embutidos, quesos con corteza, o carnes con alto contenido graso. En estos casos, los microorganismos pueden estar protegidos del agente inactivante, generando un shoulder evidente en los datos experimentales.

En contextos pecuarios, los modelos con shoulder y tail han sido aplicados para evaluar la eficacia de tratamientos con ácidos orgánicos en canales de aves, desinfección de equipos en plantas lecheras, y pasteurización de alimentos húmedos para mascotas.

Uno de los retos metodológicos más importantes es la correcta identificación de estas fases en los datos experimentales. A menudo, se requieren diseños experimentales con alta resolución temporal y análisis estadísticos robustos para distinguir un shoulder verdadero de la variabilidad aleatoria (Brown et al., 2021).

La implementación de estos modelos exige técnicas de regresión no lineal y algoritmos iterativos, disponibles en software estadístico como R, Matlab, o Python. Bibliotecas como `nls` o `drc` en R han sido ampliamente utilizadas para este tipo de ajuste.

En términos de validación, los modelos con shoulder y tail suelen mostrar un ajuste superior respecto a modelos simples, según métricas como AIC, BIC o residuos estandarizados. No obstante, deben usarse con precaución, especialmente cuando el número de puntos de datos es limitado.

En productos fermentados o artesanales, donde la flora microbiana es compleja y los tratamientos son menos uniformes, los modelos con

shoulder y tail ofrecen una aproximación más realista al comportamiento microbiano que los modelos log-lineales.

También han sido útiles para estudiar la persistencia de patógenos en ambientes pecuarios, como corrales, bebederos o silos, donde las condiciones no letales pueden favorecer la presencia de células resistentes o adaptadas (Li et al., 2025).

La incorporación de estos modelos en plataformas predictivas aún es incipiente, aunque algunos softwares como Bioinactivation FE ya permiten su ajuste y simulación, lo cual representa un avance hacia su adopción práctica.

Desde una perspectiva fisiológica, los shoulders pueden estar asociados a mecanismos de respuesta al estrés, como la síntesis de proteínas protectoras o el cambio en la permeabilidad celular. Los tails, en cambio, suelen estar vinculados a subpoblaciones dormantes o mecanismos de formación de esporas.

El estudio de estas curvas también aporta a la comprensión de la resistencia antimicrobiana no heredable, conocida como persistencia, que tiene implicaciones en la recontaminación post-proceso y en la necesidad de estrategias multibarrera.

La adecuada modelización de estos fenómenos es clave para diseñar procesos más eficaces y seguros, evitando tanto el sobreprocesamiento (que puede degradar la calidad del alimento) como el subprocesamiento (que implica riesgos sanitarios).

4.4. Modelos probabilísticos y estocásticos

La microbiología predictiva ha evolucionado más allá de los enfoques deterministas tradicionales para incluir modelos probabilísticos y estocásticos que reconocen y cuantifican la variabilidad y la incertidumbre inherentes al comportamiento microbiano. Estos modelos son particularmente relevantes en la evaluación del riesgo microbiológico y en la toma de decisiones basada en datos en sistemas agropecuarios, donde las condiciones ambientales, los procesos biológicos y la heterogeneidad microbiana introducen fluctuaciones que no pueden ser descritas adecuadamente por modelos deterministas.

Los modelos deterministas asumen que, dadas ciertas condiciones ambientales, la respuesta microbiana (crecimiento, inactivación, etc.) es única y predecible. En contraste, los modelos probabilísticos incorporan la variabilidad natural del sistema y representan los resultados en términos de distribuciones de probabilidad. Este enfoque permite estimar la probabilidad de que un evento (por ejemplo, la presencia de un patógeno en un alimento) ocurra bajo un conjunto dado de condiciones (Brown et al., 2021).

Los modelos estocásticos, por su parte, integran tanto la variabilidad como la incertidumbre en los parámetros del modelo. La variabilidad se refiere a las diferencias reales en los comportamientos microbianos entre unidades, lotes o individuos, mientras que la incertidumbre se relaciona con el conocimiento imperfecto sobre estos comportamientos debido a limitaciones en los datos, instrumentos o supuestos del modelo (figura 13) (Leistner et al., 2024).

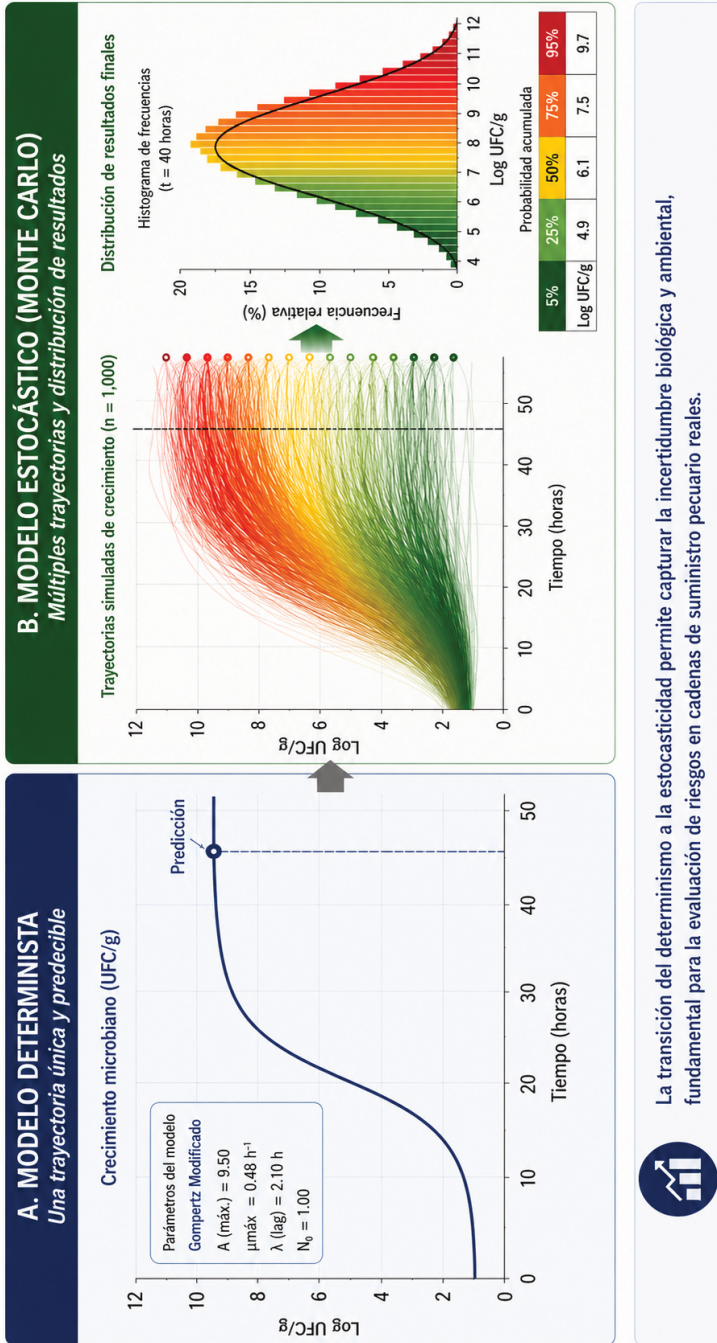


Figura 13. Comparativa entre el enfoque determinista y el estocástico en la predicción microbiana.

En microbiología predictiva aplicada a la zootecnia, los modelos probabilísticos permiten evaluar escenarios complejos, como la probabilidad de crecimiento de *Listeria monocytogenes* en embutidos listos para consumo durante su vida útil bajo condiciones fluctuantes de temperatura y humedad. Estos modelos también han sido aplicados para estimar la probabilidad de colonización por *Salmonella* en granjas avícolas o de contaminación cruzada en plantas procesadoras de carne.

Una de las técnicas más utilizadas para implementar modelos probabilísticos es la simulación de Monte Carlo. Esta consiste en generar múltiples iteraciones (a menudo decenas de miles) de un modelo utilizando valores aleatorios extraídos de distribuciones estadísticas definidas para cada parámetro, permitiendo obtener distribuciones de salida que reflejan la variabilidad e incertidumbre del sistema.

Para realizar simulaciones de Monte Carlo, se requieren herramientas computacionales capaces de manejar programación estadística y generación de números aleatorios, tales como R, Python, @Risk (Excel), Crystal Ball o incluso plataformas en la nube como Simul8 y GoldSim. Estas herramientas permiten construir modelos personalizados y analizar escenarios bajo diferentes condiciones de entrada (Ringø et al., 1995).

Otro enfoque probabilístico común es el uso de modelos logísticos para describir la probabilidad de crecimiento o muerte microbiana como una función de variables ambientales. Por ejemplo, se puede modelar la probabilidad de crecimiento de *E. coli* en leche como función de la temperatura y el tiempo mediante una regresión logística binaria.

Además, se han propuesto modelos de riesgo basados en cadenas de Markov y procesos de Poisson para representar la dinámica temporal de

la contaminación en ambientes de producción animal, donde los eventos de infección, limpieza y recontaminación ocurren de manera secuencial e interdependiente (Whiting & Buchanan, 1997).

Un caso relevante en zootecnia es el modelado del riesgo de contaminación por *Campylobacter* en la cadena de producción avícola. Utilizando modelos estocásticos se pueden identificar puntos críticos de control donde la intervención tiene mayor impacto, y simular el efecto de diferentes estrategias como la vacunación, la mejora de la bioseguridad o el lavado de canales.

Los modelos estocásticos también son útiles para modelar el comportamiento microbiano a escalas espaciales y temporales variables, por ejemplo, en la propagación de patógenos en corrales de engorde o en silos de forraje, donde factores como la densidad, temperatura y humedad pueden fluctuar entre zonas.

Una ventaja importante de estos enfoques es que permiten generar curvas de confiabilidad, intervalos de predicción y escenarios de peor caso (worst-case), que son fundamentales en análisis de riesgo cuantitativo (QMRA) y en la toma de decisiones regulatorias y empresariales.

Estos modelos también ofrecen un marco para integrar datos de distintas fuentes, como estudios de laboratorio, monitoreos en planta, literatura científica y opinión experta, utilizando metodologías bayesianas que permiten actualizar las predicciones conforme se obtiene nueva información (Koutsoumanis et al., 2021).

La modelación estocástica se ha integrado en plataformas de evaluación de riesgo como @Risk, RISK-Benefit, iRISK y otras desarrolladas por agencias como EFSA o FAO. Estas plataformas permiten modelar de forma probabilística desde la granja hasta el consumidor, incorporando

factores como prácticas de manejo, transporte, almacenamiento, cocción y hábitos de consumo.

Es importante distinguir entre variabilidad biológica (intrínseca al sistema) y error estadístico (relacionado con la precisión del modelo). Los modelos estocásticos deben ser cuidadosamente diseñados para no confundir ambos tipos de incertidumbre, y para garantizar que sus resultados sean útiles para la gestión del riesgo.

En sistemas pecuarios pequeños o con poca infraestructura tecnológica, los modelos probabilísticos permiten explorar el impacto de prácticas sencillas de mitigación del riesgo (por ejemplo, reducir el tiempo de espera entre ordeño y refrigeración) en la probabilidad de desarrollo microbiano.

Además, estos modelos son esenciales en el diseño de sistemas de alerta temprana basados en sensores e IoT, que generan datos en tiempo real con alta variabilidad, y que deben ser interpretados considerando la incertidumbre inherente a cada medición y predicción.

Uno de los retos en la aplicación de modelos probabilísticos en microbiología pecuaria es la necesidad de datos robustos y representativos. La recolección de datos longitudinales, georreferenciados y a diferentes niveles de la cadena productiva es fundamental para alimentar y validar estos modelos (Brown et al., 2021).

Por último, la comunicación de los resultados de modelos probabilísticos requiere atención especial. A diferencia de los modelos deterministas, que ofrecen un solo valor de salida, los modelos estocásticos generan rangos de probabilidad, por lo que su interpretación debe contextualizarse adecuadamente para evitar malentendidos entre tomadores de decisiones y productores.

4.5. Integración de modelos primarios y secundarios

La integración de modelos primarios y secundarios representa un paso fundamental en la construcción de modelos predictivos robustos y operativos en microbiología, especialmente en aplicaciones dirigidas al control del riesgo microbiológico en la cadena de producción pecuaria. Esta articulación permite no solo describir la dinámica microbiana en condiciones constantes, sino también predecir su comportamiento bajo distintos escenarios ambientales y tecnológicos.

El modelo primario se encarga de describir la evolución temporal de una población microbiana bajo condiciones constantes. Utiliza funciones matemáticas para representar la variación del número de células viables en función del tiempo, siendo los más utilizados los modelos log-lineales, de Gompertz modificado, de Baranyi y de Weibull (Baranyi & Roberts, 1994; Zwietering et al., 1996). Estos modelos permiten estimar parámetros clave como la tasa máxima de crecimiento (μ_{\max}), el tiempo de latencia (lag), y la población máxima (N_{\max}).

Los modelos secundarios, por otro lado, relacionan los parámetros obtenidos del modelo primario (especialmente μ_{\max} y lag) con variables ambientales que afectan el crecimiento microbiano, como la temperatura, el pH, la actividad de agua (a_x), la concentración de oxígeno o de inhibidores (Ross & Dalgaard, 2000). De este modo, los modelos secundarios permiten generalizar los resultados del modelo primario a otras condiciones diferentes a las ensayadas experimentalmente.

La integración de ambos niveles se logra mediante un proceso iterativo que combina la experimentación microbiológica con el ajuste

estadístico y la simulación computacional. En primer lugar, se obtienen datos experimentales bajo condiciones constantes y se ajusta un modelo primario. Luego, se repite el experimento bajo condiciones ambientales distintas y se observa cómo varían los parámetros del modelo primario, permitiendo construir el modelo secundario.

Este enfoque permite generar predicciones realistas del comportamiento microbiano en productos pecuarios a lo largo de su cadena de valor. Por ejemplo, se puede predecir el tiempo de crecimiento de *Listeria monocytogenes* en un embutido refrigerado, considerando los cambios de temperatura desde el procesamiento hasta el consumo.

Una de las formas más comunes de integración es la utilización del modelo de Baranyi como modelo primario, y del modelo cuadrático de Ratkowsky como modelo secundario para describir la relación entre μ_{\max} y la temperatura (Ratkowsky et al., 2023). Esta combinación ha sido validada en múltiples matrices alimentarias, incluyendo leche, carnes y forrajes ensilados.

Los modelos secundarios también pueden ser polinómicos, logarítmicos, exponenciales o basados en teorías bioquímicas como la ecuación de Arrhenius, dependiendo de la naturaleza de la variable ambiental y de la calidad del ajuste. En ocasiones, se emplean modelos combinados, como el modelo gamma, que representa efectos sinérgicos o antagonistas entre múltiples factores (Ross et al., 2000).

En microbiología predictiva aplicada a la zootecnia, la integración de modelos es fundamental para desarrollar herramientas de simulación que permitan tomar decisiones sobre prácticas de manejo, tiempos de almacenamiento, temperaturas de transporte, o diseño de estrategias de intervención microbiológica.

Además, la integración permite el desarrollo de modelos terciarios, que incorporan los modelos primario y secundario en una plataforma computacional interactiva, como ComBase, PMP o Sym'Previus. Estas plataformas permiten al usuario ingresar variables como temperatura, pH y a_x , y obtener predicciones inmediatas del crecimiento o inactivación de microorganismos en tiempo real (Brown et al., 2021).

La integración también es esencial para el análisis de sensibilidad y de incertidumbre. Mediante la simulación de escenarios alternativos, es posible identificar qué variables tienen mayor influencia sobre el comportamiento microbiano, lo cual permite optimizar los recursos destinados a su control.

En ambientes pecuarios con alta variabilidad, como explotaciones extensivas o mixtas, esta integración permite adaptar los modelos a condiciones locales, mejorando su aplicabilidad práctica. Por ejemplo, en la predicción del crecimiento de coliformes en leche cruda en zonas rurales, donde la temperatura puede fluctuar considerablemente durante el transporte.

Otro beneficio de integrar modelos primarios y secundarios es la posibilidad de evaluar la eficacia de intervenciones combinadas. Por ejemplo, al modelar el efecto conjunto de temperatura y acidez sobre el crecimiento de *Salmonella* en carne molida, se puede optimizar el diseño de productos y procesos.

Los modelos integrados también se utilizan en la evaluación cuantitativa del riesgo microbiológico (QMRA), especialmente en la etapa de exposición, donde se necesita predecir la carga microbiana que alcanzará el consumidor bajo diferentes escenarios (Rivas-Santisteban

et al., 2024). En este contexto, la integración asegura coherencia entre las distintas etapas del análisis.

Sin embargo, esta integración no está exenta de desafíos. Requiere una base de datos experimental sólida, con suficiente variación en las condiciones ambientales para construir el modelo secundario. Además, se necesita capacidad analítica y computacional para ajustar modelos no lineales y validar su desempeño.

La validación cruzada de modelos integrados es un paso esencial para garantizar su aplicabilidad. Esto implica comparar las predicciones del modelo con datos independientes o con condiciones del mundo real, como las obtenidas en plantas procesadoras o puntos de venta.

En algunos casos, los modelos integrados pueden complementarse con técnicas de aprendizaje automático para mejorar su capacidad predictiva. Algoritmos como redes neuronales o árboles de decisión pueden ajustar relaciones complejas entre múltiples variables ambientales y parámetros microbiológicos.

De acuerdo con Lopes et al. (2023). Desde el punto de vista pedagógico, la integración de modelos ofrece una oportunidad para formar a estudiantes y técnicos en el pensamiento sistémico y cuantitativo. Comprender cómo se relacionan los diferentes niveles de modelado fortalece la capacidad para diseñar procesos seguros y eficientes en la producción animal.

4.6. Visualización, ajuste y validación de modelos (R, Python, Excel, Prism)

En el ámbito de las Ciencias Pecuarias, la modelación matemática es el puente entre los datos experimentales y la toma de decisiones técnicas. Esta sección no solo describe herramientas, sino que establece el estándar de rigor necesario para predecir fenómenos biológicos, desde la cinética de degradación ruminal hasta la estabilidad microbiológica de productos de origen animal.

4.6.1. Visualización Exploratoria.

Antes de proceder al ajuste de cualquier parámetro, la visualización de datos actúa como una herramienta diagnóstica (figura 14). En la experimentación animal, los datos suelen presentar una alta variabilidad intrínseca; por tanto, el análisis gráfico permite:

Identificar la Cinética Biológica. Determinar si el fenómeno observado (crecimiento o recuento bacteriano) sigue un comportamiento lineal, sigmoideo (con fases de latencia y estacionaria) o exponencial.

Gestión de Datos Atípicos (Outliers). La inspección visual es la forma más eficiente de detectar errores de medición o respuestas biológicas anómalas que podrían sesgar los resultados finales.

Capacidad de Herramientas. Mientras que Excel facilita gráficos de dispersión rápidos, el uso de R (ggplot2) o Python (Seaborn) permite la creación de paneles comparativos que agrupan múltiples tratamientos simultáneamente, facilitando la detección de tendencias globales.

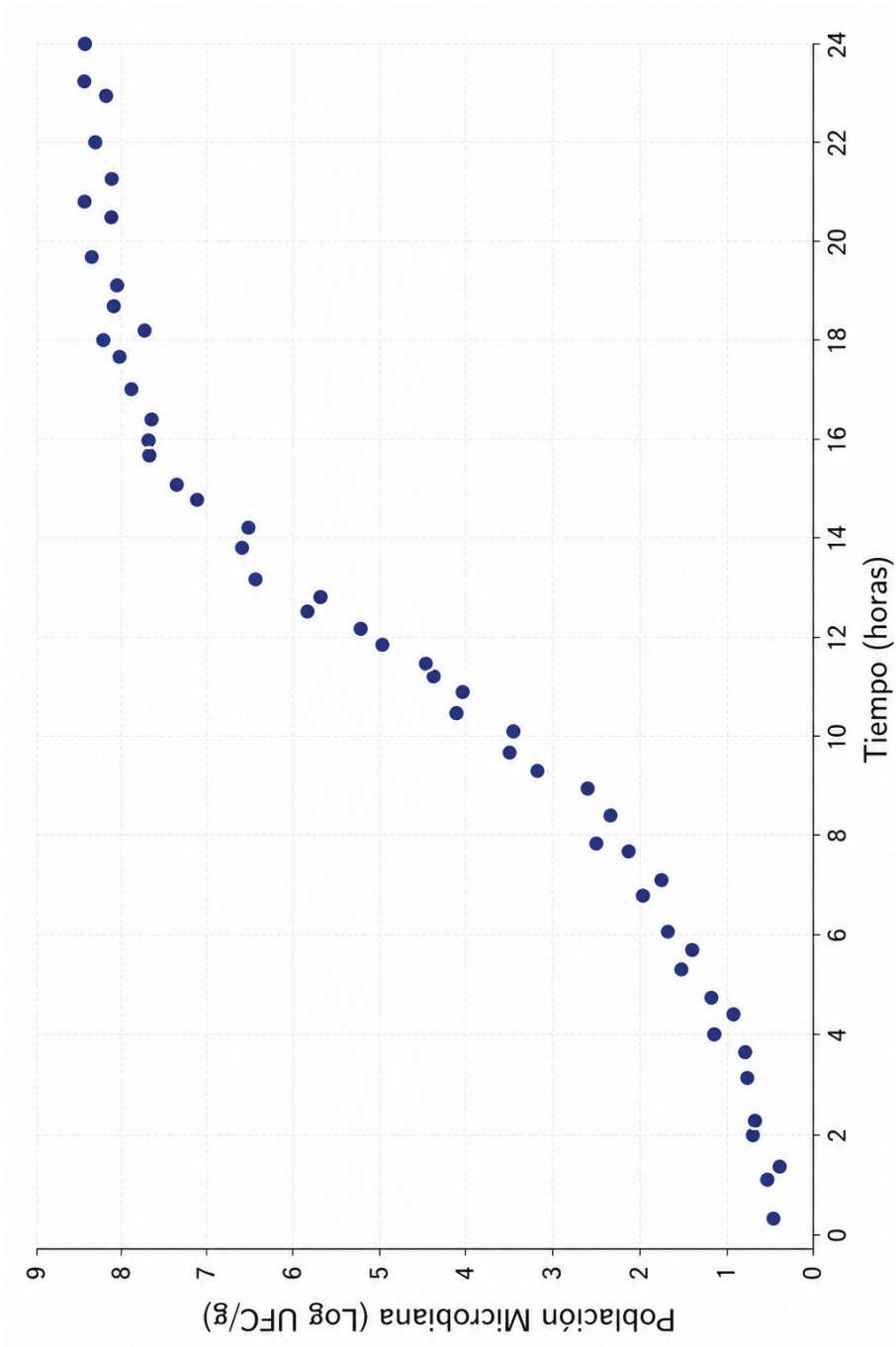


Figura 14. Visualización exploratoria de los datos

4.6.2. Ajuste del Modelo (Model Fitting) Estimación de Parámetros Reales

El ajuste consiste en encontrar los valores numéricos de una ecuación que mejor representen la realidad observada (Figura 15). En Zootecnia, este paso es crucial para obtener indicadores como la tasa de crecimiento máxima (μ_{\max}) o el tiempo de duplicación.

Modelos Específicos del Área. Como se mencionó en apartados anteriores, se destacan ecuaciones como Gompertz, Baranyi o Weibull, las cuales son fundamentales para describir procesos donde existe una adaptación biológica inicial.

Software y Algoritmos de Ajuste.

Excel (Solver). Utiliza el algoritmo de gradiente reducido generalizado (GRG). Es ideal para la enseñanza de pregrado y para modelos con pocos parámetros, permitiendo al usuario ver en tiempo real cómo cambia la curva al modificar manualmente una variable.

GraphPad Prism. Altamente valorado en laboratorios de nutrición y patología animal por su interfaz intuitiva, que permite realizar regresiones no lineales sin necesidad de programar código, generando resultados listos para publicación científica.

R (nlm / nlsLM). Representa el estándar de oro en investigación avanzada. Su capacidad para manejar grandes volúmenes de datos y realizar ajustes robustos (incluso cuando los datos son escasos o ruidosos) lo hace indispensable en tesis de posgrado y proyectos de investigación institucional.

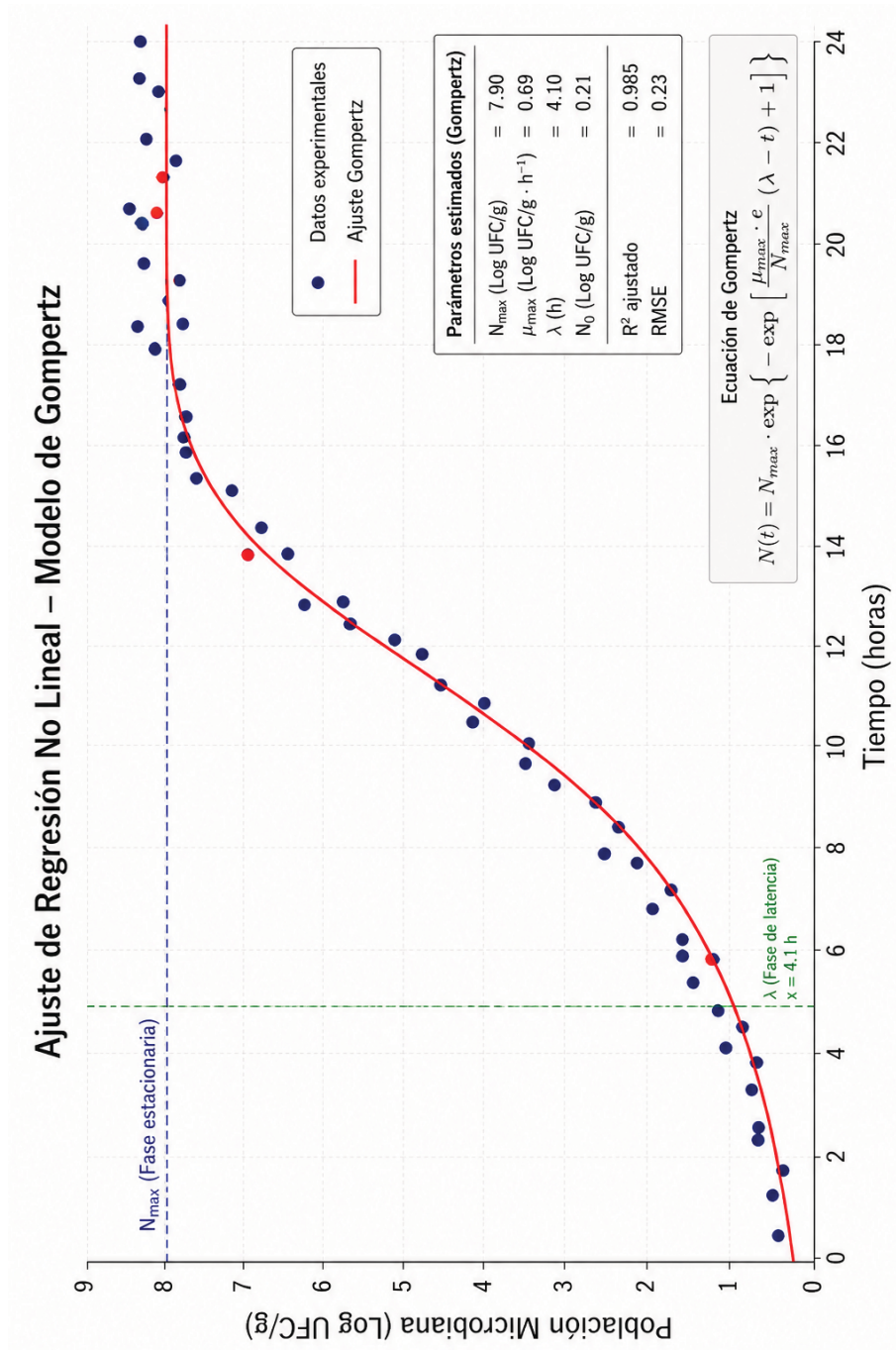


Figura 15. Ajuste de regresión no lineal (Gompertz).

4.6.3. Validación Estadística: Garantía de Calidad del Modelo

La validación estadística separa la simple descripción de datos de la capacidad predictiva real (figura 16).

Métricas de Error (RMSE y MAE). El Error Cuadrático Medio (RMSE) permite cuantificar la precisión del modelo en las mismas unidades en que se mide el fenómeno, este caso tenemos el ejemplo de LN UFC/g.

Criterios de Información (AIC y BIC). Estos estadísticos son vitales para evitar el sobre ajuste. Premian a los modelos que explican bien la realidad con el menor número de parámetros posible (Principio de Parsimonia).

Análisis de Residuos. Es la herramienta definitiva de validación. Los residuos deben mostrar una distribución aleatoria (ruido blanco). Si presentan patrones (como curvas o embudos), significa que el modelo elegido es inadecuado para describir el proceso biológico.

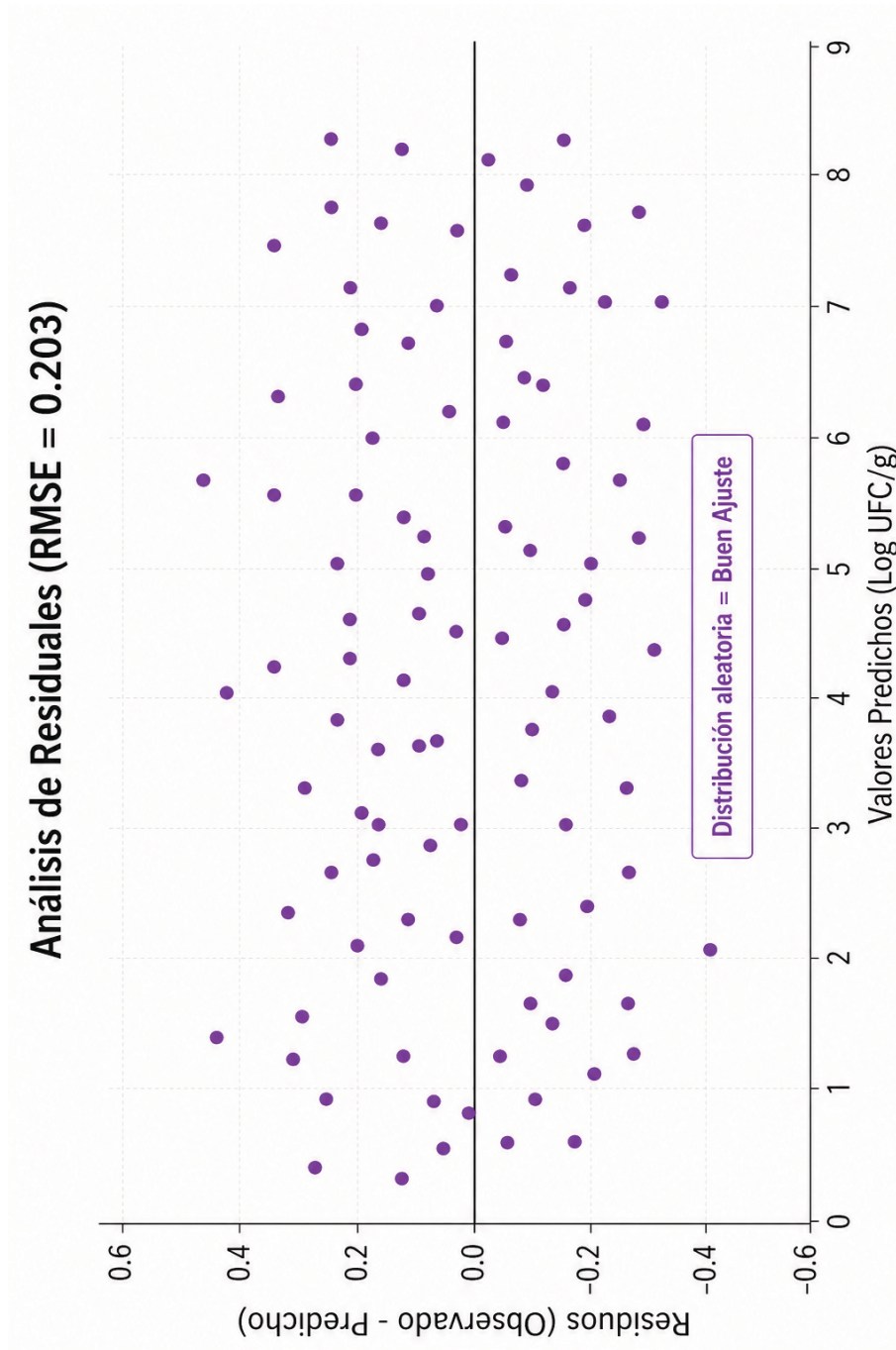


Figura 16. Diagnóstico de residuos (RMSE = 0.203)

El análisis de los modelos matemáticos en microbiología predictiva permite concluir que la transición de una microbiología descriptiva a una cuantitativa es el pilar de la zootecnia moderna. La utilidad de modelos primarios como Gompertz y Baranyi no reside solo en su capacidad de ajuste estadístico, sino en su facultad para traducir procesos biológicos complejos —como la adaptación celular y la tasa de crecimiento— en parámetros numéricos accionables para la toma de decisiones en tiempo real.

Por otro lado, la superación del modelo log-lineal clásico mediante enfoques más flexibles como el de Weibull o los modelos con shoulder y tail (hombro y cola), representa un avance crítico para la seguridad alimentaria. Reconocer que las poblaciones microbianas no son homogéneas y que existen subpoblaciones persistentes en matrices complejas (como la grasa de la carne, la porosidad de los forrajes o los biofilms en tuberías de leche) permite diseñar procesos de pasteurización y desinfección mucho más realistas, evitando la subestimación de riesgos sanitarios.

En definitiva, la integración de estos modelos en plataformas digitales y sistemas de monitoreo IoT transforma al profesional pecuario en un gestor de ecosistemas microbianos. Al dominar estas herramientas matemáticas, es posible optimizar la vida útil de los productos, garantizar la inocuidad de los alimentos balanceados y liderar una producción animal sostenible basada en la evidencia científica y la precisión estadística.

CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 4.

Modelos matemáticos en microbiología predictiva

- 1. ¿Cuál es la función principal de los modelos matemáticos en la microbiología predictiva moderna?**
 - a) Sustituir completamente los ensayos de laboratorio por simulaciones digitales.
 - b) Proporcionar una estructura formal para representar y predecir el crecimiento, supervivencia e inactivación microbiana.
 - c) Clasificar visualmente las bacterias según su forma y color en medios de cultivo.
 - d) Determinar el precio de mercado de los productos cárnicos según su carga bacteriana.

- 2. En la jerarquía de modelado, ¿cuál es el objetivo de los modelos primarios?**
 - a) Integrar datos en plataformas de Inteligencia Artificial (IA) y sensores IoT.
 - b) Explicar cómo el pH y la temperatura modifican la velocidad de crecimiento.
 - c) Describir la evolución temporal de una población microbiana bajo condiciones constantes.
 - d) Validar legalmente la exportación de productos de origen animal.

- 3. ¿Qué parámetros clave permite estimar el modelo de Gompertz modificado?**
 - a) El valor D, el valor z y el coeficiente de correlación.
 - b) La tasa máxima de crecimiento (μ_{\max}), el tiempo de latencia (λ) y la densidad máxima (N_{\max}).
 - c) La presión atmosférica y el punto de rocío del galpón.
 - d) El contenido de grasa y proteína de la leche cruda.

4. ¿Cuál es la ventaja comparativa del modelo de Baranyi sobre otros modelos primarios?

- a) Es mucho más simple matemáticamente que el modelo logístico.
- b) Considera explícitamente la fisiología inicial y la adaptación celular del microorganismo.
- c) No requiere el uso de logaritmos para su cálculo.
- d) Fue diseñado exclusivamente para el estudio de virus en aves.

5. El modelo logístico clásico se caracteriza por:

- a) Describir el crecimiento como una curva sigmoideal simétrica sin término explícito de latencia.
- b) Ser el más preciso para representar fases tempranas de adaptación bacteriana.
- c) Predecir la muerte térmica de esporas en condiciones de alta presión.
- d) Requerir software especializado de alto costo para su ejecución básica.

6. ¿Qué define al "Valor D" en los modelos log-lineales de inactivación?

- a) El tiempo necesario para eliminar el 100% de la población bacteriana.
- b) El tiempo requerido para reducir la población microbiana en un 90% (un orden logarítmico).
- c) La dosis mínima de antibiótico para inhibir el crecimiento.
- d) El nivel de desinfectante necesario para limpiar una superficie lisa.

7. En el modelo de inactivación de Weibull, ¿qué indica un parámetro de forma $p > 1$?

- a) Que la población muere de forma lineal constante.
- b) La presencia de una "cola" (tail) o supervivencia prolongada.
- c) La presencia de un shoulder o fase de resistencia inicial antes de la inactivación.
- d) Que el modelo no es válido para esa temperatura.

8. El modelo biparamétrico de Geeraerd es especialmente útil porque permite representar simultáneamente:

- a) Crecimiento y muerte celular en el mismo gráfico.
- b) El efecto del pH y la actividad de agua en una sola ecuación.
- c) Un shoulder inicial y un tail (población residual) en la curva de inactivación.
- d) La interacción entre bacterias y parásitos en el tracto intestinal.

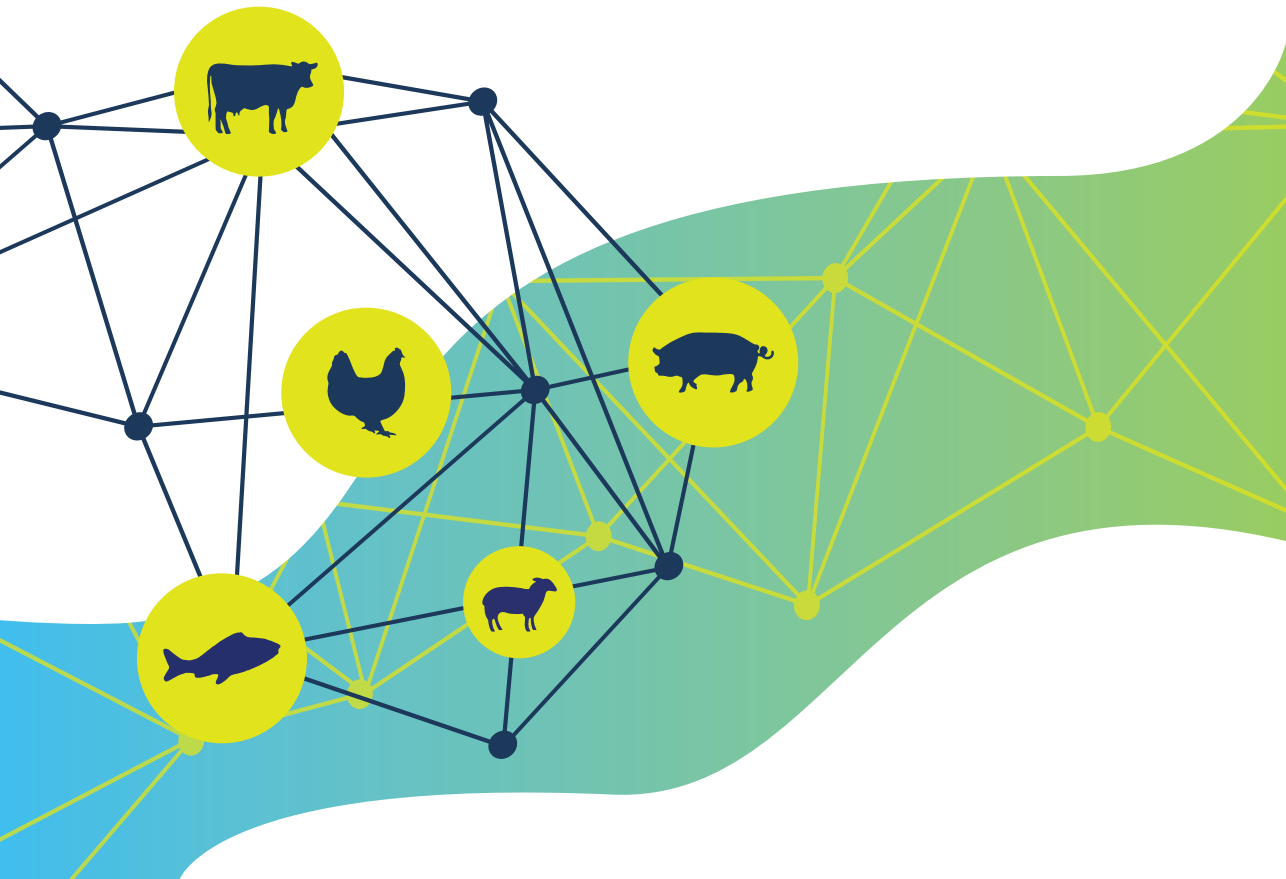
9. ¿Qué fenómeno explica la aparición de un "tail" o cola al final de una curva de muerte térmica?

- a) El uso de temperaturas demasiado elevadas que queman la muestra.
- b) La existencia de subpoblaciones resistentes, esporas o refugios físicos en la matriz (como grasa).
- c) Un error en la calibración del termómetro del laboratorio.
- d) La rápida reproducción de las bacterias sobrevivientes durante el enfriamiento.

10. ¿Qué criterios estadísticos menciona el texto como esenciales para garantizar la confiabilidad de un modelo seleccionado?

- a) El precio del software y el tiempo de procesamiento.
- b) El R^2 ajustado, el error cuadrático medio (RMSE) y el criterio de Akaike (AIC).
- c) El número de páginas del informe y la cantidad de autores citados.
- d) La opinión subjetiva de los técnicos de la planta de procesamiento.

Capítulo 5. Aplicaciones prácticas en sistemas de producción animal



Introducción

La microbiología predictiva se ha consolidado como una disciplina clave para comprender y anticipar el comportamiento de los microorganismos en sistemas agroalimentarios complejos. En el contexto de la producción animal, su relevancia radica en que permite integrar información microbiológica, ambiental y tecnológica para modelar la dinámica de poblaciones microbianas a lo largo de toda la cadena productiva, desde la granja hasta el procesamiento de los alimentos de origen animal.

Más que considerar los factores que influyen en el crecimiento microbiano de forma aislada, los sistemas pecuarios actuales deben entenderse como ecosistemas productivos donde múltiples variables interactúan simultáneamente. La temperatura ambiental, la disponibilidad de nutrientes, el manejo sanitario, la microbiota nativa de los animales, las condiciones de procesamiento y las prácticas de almacenamiento conforman un entramado dinámico que determina la supervivencia, proliferación o inactivación de los microorganismos. En este sentido, el comportamiento microbiano no responde a un único factor dominante, sino al resultado de interacciones multifactoriales no lineales que pueden modificar de manera significativa la cinética de crecimiento o muerte de las poblaciones microbianas.

Esta perspectiva sistémica resulta particularmente relevante en la producción animal, donde la variabilidad biológica y ambiental es inherente a los procesos productivos. Diferencias entre animales, fluctuaciones climáticas, variaciones en la composición de las materias primas o cambios en las prácticas de manejo pueden generar escenarios microbiológicos heterogéneos. Tales variaciones influyen directamente en parámetros fundamentales de los modelos predictivos, como la tasa máxima de crecimiento (μ_{max}), el tiempo de fase lag (λ) o los coeficientes de inactivación térmica, los cuales determinan la capacidad de un modelo para describir adecuadamente la dinámica microbiana en condiciones reales.

En los sistemas lecheros, por ejemplo, la carga microbiana inicial de la leche cruda depende no solo de las condiciones higiénicas del ordeño, sino también de factores como el estado sanitario del animal, la temperatura ambiente durante la recolección y la velocidad de enfriamiento posterior. Estas variables influyen en la proliferación de microorganismos alterantes y patógenos como *Listeria monocytogenes* o *Escherichia coli* O157:H7, afectando tanto la inocuidad como la vida útil del producto.

De manera similar, en la cadena cárnica la contaminación microbiana de las canales es el resultado de interacciones entre factores biológicos, tecnológicos y ambientales que ocurren durante el sacrificio, el desposte y el almacenamiento. La dinámica de patógenos como *Salmonella enterica* o bacterias alterantes puede modificarse considerablemente según las condiciones de refrigeración, el tipo de envasado o la duración del almacenamiento, lo cual repercute directamente en los parámetros cinéticos utilizados en modelos de crecimiento e inactivación.

En el sector avícola, los sistemas intensivos de producción generan ambientes microbiológicos complejos donde la interacción entre densidad animal, manejo de camas, bioseguridad y condiciones climáticas influye en la persistencia de patógenos como *Campylobacter jejuni*. La capacidad de integrar estas variables en modelos predictivos permite identificar puntos críticos de control y diseñar estrategias de mitigación basadas en evidencia cuantitativa.

Asimismo, en sistemas de producción acuícola y en procesos de conservación de alimentos para animales, como el ensilado de forrajes, la dinámica microbiana se desarrolla dentro de ecosistemas altamente variables donde interactúan bacterias ácido-lácticas, levaduras y microorganismos alterantes. En estos contextos, pequeñas variaciones en la humedad, la temperatura o la disponibilidad de oxígeno pueden modificar significativamente los procesos de fermentación o deterioro, lo que resalta la importancia de considerar la variabilidad ambiental y biológica en los modelos predictivos.

Frente a esta complejidad, la microbiología predictiva ofrece herramientas cuantitativas que permiten transformar datos microbiológicos en modelos matemáticos capaces de describir y anticipar el comportamiento de los microorganismos bajo diferentes escenarios productivos (ver figura 17). Estos modelos constituyen un apoyo fundamental para la toma de decisiones en materia de bioseguridad, diseño de procesos, control de riesgos microbiológicos y optimización de la calidad de los alimentos de origen animal.

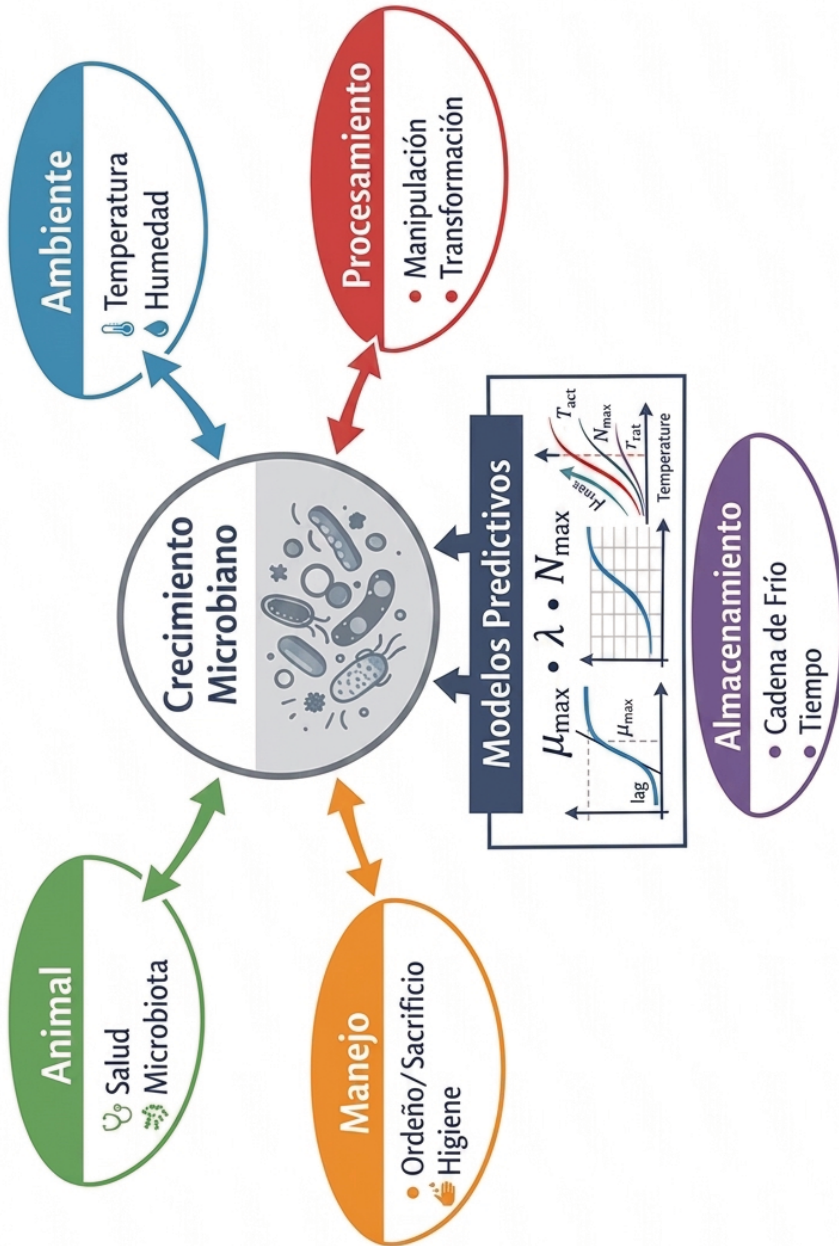


Figura 17. Interacción multifactorial en sistemas pecuarios

5.1. Microbiología predictiva en la producción lechera

La producción lechera constituye uno de los sistemas pecuarios más importantes a nivel mundial, tanto por su contribución a la seguridad alimentaria como por su impacto económico en zonas rurales. Desde una perspectiva microbiológica, la leche cruda debe entenderse como un ecosistema biológico dinámico, cuya microbiota resulta de la interacción entre factores asociados al animal, el ambiente de producción, las prácticas de ordeño y las condiciones de almacenamiento y procesamiento.

En los sistemas lecheros modernos, el comportamiento microbiano no depende de un único factor aislado, sino del resultado de interacciones multifactoriales que pueden modificar significativamente la dinámica de crecimiento o inactivación de los microorganismos. Variables como la temperatura ambiental, la carga microbiana inicial, la velocidad de enfriamiento de la leche, la higiene del equipo de ordeño y el estado sanitario de los animales interactúan de forma simultánea, generando escenarios microbiológicos altamente variables (ver figura 18).

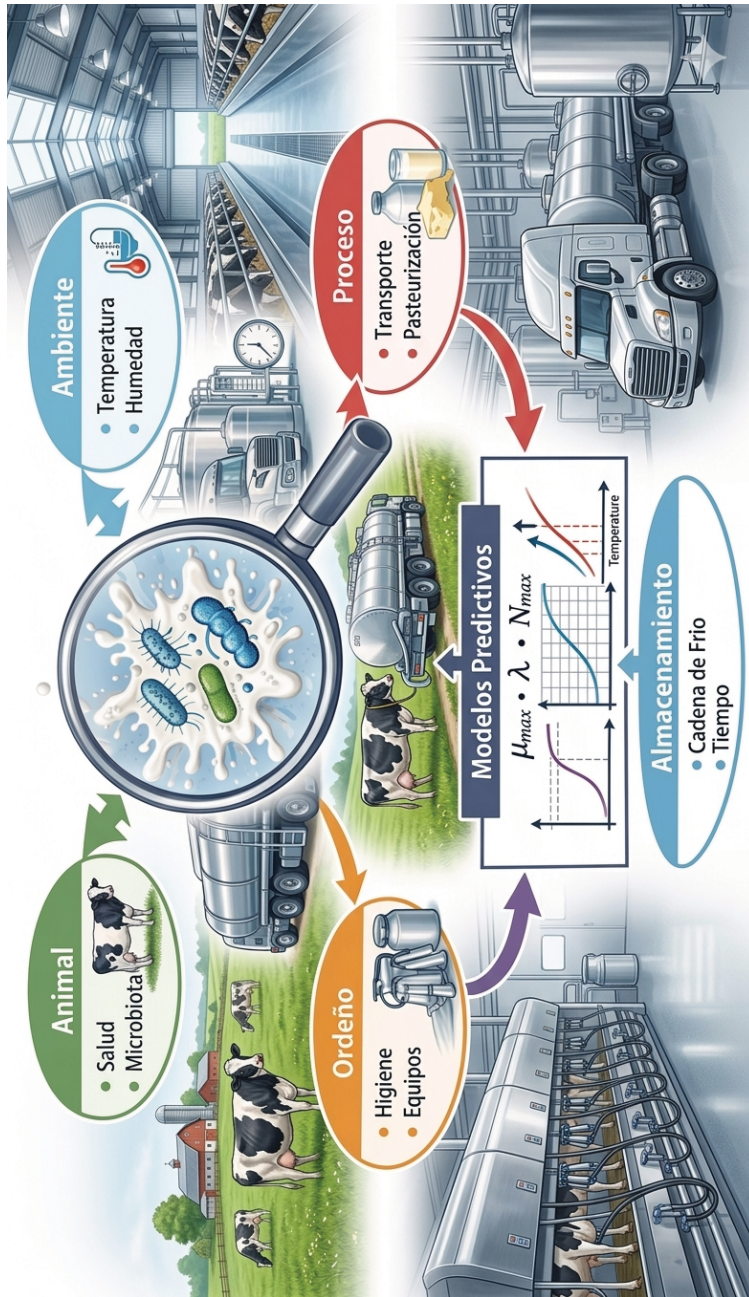


Figura 18. Elementos de los sistemas ganaderos y la microbiología productiva.

Por ejemplo, en sistemas de producción lechera tropical, donde las temperaturas ambientales pueden superar los 25 °C, pequeños retrasos en el enfriamiento posterior al ordeño pueden favorecer el crecimiento rápido de bacterias contaminantes. En contraste, en sistemas intensivos con enfriamiento inmediato, la proliferación microbiana se reduce significativamente, aunque microorganismos psicrótrofos capaces de crecer a bajas temperaturas pueden seguir desarrollándose durante el almacenamiento.

Esta variabilidad biológica y ambiental influye directamente en los parámetros fundamentales de los modelos de microbiología predictiva, tales como la tasa máxima de crecimiento (μ_{max}), el tiempo de adaptación o fase lag (λ) y la densidad poblacional máxima (N_{max}). En consecuencia, la capacidad de los modelos para describir con precisión el comportamiento microbiano depende de la incorporación adecuada de estas variaciones en las condiciones de producción y manejo.

Entre los microorganismos de interés en la cadena láctea se encuentran tanto bacterias alterantes como patógenos potenciales. Patógenos como *Listeria monocytogenes*, *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella enterica* y *Campylobacter jejuni* pueden contaminar la leche cruda a través de múltiples rutas, incluyendo el ambiente del establo, el agua utilizada en la limpieza, las superficies del equipo de ordeño o la excreción directa del microorganismo por animales infectados.

La microbiología predictiva permite transformar esta complejidad biológica en modelos matemáticos capaces de describir y anticipar el comportamiento de los microorganismos bajo diferentes escenarios productivos. Estos modelos integran variables como temperatura, pH, actividad de agua, tiempo de almacenamiento y carga microbiana inicial,

permitiendo simular situaciones que pueden ocurrir durante el ordeño, el transporte o el almacenamiento de la leche.

En sistemas lecheros reales, estas herramientas permiten responder preguntas clave para la gestión sanitaria. Por ejemplo, es posible estimar cuánto tiempo puede almacenarse la leche cruda a una determinada temperatura antes de que un patógeno alcance niveles de riesgo, o evaluar cómo cambios en las prácticas de enfriamiento pueden modificar la velocidad de crecimiento bacteriano.

Además de su aplicación en la evaluación de riesgos, la microbiología predictiva también contribuye a optimizar procesos tecnológicos en la industria láctea. En la producción de quesos y otros productos fermentados, por ejemplo, los modelos permiten describir la dinámica de crecimiento de bacterias ácido-lácticas y su interacción con microorganismos competidores, lo cual resulta fundamental para controlar la fermentación y garantizar la calidad sensorial del producto final.

En este contexto, la microbiología predictiva se convierte en una herramienta estratégica para integrar información microbiológica, ambiental y tecnológica dentro de los sistemas de producción lechera. La capacidad de modelar el comportamiento microbiano bajo diferentes condiciones permite fortalecer los programas de inocuidad alimentaria, mejorar la gestión del riesgo microbiológico y optimizar la toma de decisiones tanto a nivel de granja como en el procesamiento industrial (Feliciano et al., 2021).

5.1.1. Control de *Listeria monocytogenes* en leche cruda

Dentro de los sistemas de producción lechera, el control de patógenos representa uno de los principales desafíos para garantizar la inocuidad de los productos lácteos. Entre estos microorganismos, *Listeria monocytogenes* ha recibido especial atención debido a su capacidad para sobrevivir y crecer en una amplia variedad de condiciones ambientales, incluyendo temperaturas de refrigeración, lo que le permite persistir tanto en la leche cruda como en instalaciones de procesamiento.

En los sistemas lecheros, la presencia de este patógeno es el resultado de una red compleja de interacciones entre factores biológicos, ambientales y tecnológicos. La contaminación puede originarse en el ambiente del establo, en el suelo, el agua, los alimentos suministrados a los animales o en las superficies del equipo de ordeño. Asimismo, el estado sanitario de los animales, las prácticas de higiene durante el ordeño y las condiciones de almacenamiento de la leche influyen en la probabilidad de introducción y proliferación del microorganismo en la cadena láctea.

Desde una perspectiva de microbiología predictiva, el crecimiento de *Listeria monocytogenes* en leche y productos lácteos se describe mediante modelos matemáticos que permiten estimar la dinámica poblacional bajo diferentes condiciones ambientales. Estos modelos se basan en parámetros cinéticos fundamentales como la tasa máxima de crecimiento (μ_{max}), el tiempo de fase lag (λ) y la densidad poblacional máxima (N_{max}), los cuales reflejan la capacidad del microorganismo para adaptarse y proliferar en un determinado sustrato.

En condiciones de almacenamiento refrigerado, por ejemplo, la fase de adaptación de la bacteria puede prolongarse dependiendo de la temperatura inicial, la carga microbiana presente y la composición de la leche. Sin embargo, una vez superada esta fase, el microorganismo puede iniciar un crecimiento progresivo incluso a temperaturas cercanas a 4 °C, lo que representa un riesgo significativo en sistemas donde el enfriamiento o la cadena de frío no se mantienen de forma constante.

Los modelos primarios de crecimiento, como el modelo de Baranyi o el modelo de Gompertz modificado, permiten describir la evolución de la población bacteriana a lo largo del tiempo. A su vez, los modelos secundarios relacionan los parámetros cinéticos con variables ambientales como temperatura, pH o actividad de agua, lo que permite simular diferentes escenarios productivos. En sistemas lecheros reales, esta aproximación resulta particularmente útil para evaluar el impacto de variaciones en la temperatura de almacenamiento o en la duración del transporte de la leche cruda.

Por ejemplo, en sistemas de producción donde la leche permanece varias horas antes del enfriamiento, pequeñas diferencias de temperatura pueden incrementar significativamente el valor de μ_{max} , reduciendo el tiempo necesario para que el microorganismo alcance niveles de riesgo. De manera similar, fluctuaciones en la cadena de frío durante el transporte o almacenamiento pueden acortar la fase lag, favoreciendo el crecimiento bacteriano en etapas posteriores del procesamiento.

La variabilidad biológica también desempeña un papel importante en la dinámica de este patógeno. Diferentes cepas de *Listeria monocytogenes* pueden presentar respuestas fisiológicas distintas frente a cambios

de temperatura o disponibilidad de nutrientes, lo que introduce incertidumbre en las predicciones microbiológicas. Además, la interacción con la microbiota natural de la leche puede generar fenómenos de competencia microbiana que modifiquen la velocidad de crecimiento del patógeno.

En el ámbito industrial, la aplicación de modelos predictivos permite evaluar estrategias de control dirigidas a reducir la probabilidad de crecimiento del microorganismo. Entre estas estrategias se incluyen la optimización del enfriamiento de la leche inmediatamente después del ordeño, el control estricto de la cadena de frío durante el transporte y almacenamiento, y la implementación de programas de higiene que reduzcan la carga microbiana inicial.

Asimismo, en la producción de quesos y otros productos lácteos fermentados, la interacción entre bacterias ácido-lácticas y patógenos puede influir en la supervivencia de *Listeria monocytogenes*. En estos casos, los modelos predictivos permiten explorar cómo variables como el pH, la actividad de agua o la producción de compuestos antimicrobianos durante la fermentación afectan la dinámica poblacional del patógeno.

En conjunto, la integración de datos microbiológicos con herramientas de modelación matemática permite comprender de manera más precisa la dinámica de este microorganismo en sistemas lecheros. Estas aproximaciones facilitan la identificación de condiciones críticas que favorecen su proliferación y permiten diseñar estrategias de control basadas en evidencia cuantitativa.

5.1.2. Modelos de crecimiento de bacterias ácido-lácticas en quesos

Las bacterias ácido-lácticas (BAL) desempeñan un papel central en la elaboración y maduración de quesos, tanto industriales como artesanales. Su actividad metabólica no solo determina el descenso del pH y la estabilización microbiológica del producto, sino también el desarrollo de atributos sensoriales clave como aroma, textura y sabor. Comprender y predecir el crecimiento de estas bacterias en el contexto dinámico de la fabricación quesera es fundamental para optimizar la calidad del producto, garantizar su seguridad microbiológica y extender su vida útil.

El crecimiento de las BAL en los quesos depende de múltiples factores: la composición de la leche, el tipo de cultivo iniciador, el tiempo y temperatura de fermentación, la actividad de agua, el contenido de sal, la acidez inicial, el oxígeno residual y la interacción con otras microbiotas presentes. Esta complejidad ha llevado a la aplicación de modelos matemáticos que describen su comportamiento y permiten predecir su evolución en distintas condiciones de producción y almacenamiento (Tirloni et al., 2021).

Los modelos primarios han sido los primeros en aplicarse para representar el crecimiento de BAL. Entre los más utilizados en quesos destacan el modelo de Gompertz modificado, el de Baranyi y el modelo logístico. Estos modelos describen la curva de crecimiento microbiano a lo largo del tiempo, proporcionando parámetros como la tasa máxima de crecimiento (μ_{\max}), el tiempo de adaptación (lag), y la densidad poblacional máxima (N_{\max}), todos ellos relevantes para el proceso tecnológico.

En quesos frescos tipo campesino o mozzarella, se ha utilizado el modelo de Baranyi para ajustar curvas de crecimiento de *Lactococcus*

lactis, obtenidas mediante recuentos microbiológicos en placas MRS durante 48 horas de fermentación a diferentes temperaturas (20, 25 y 30 °C). Los parámetros ajustados permitieron establecer el punto óptimo de acidificación y relacionarlo con la textura del producto final.

En quesos madurados como el cheddar, gouda o manchego, el crecimiento de BAL continúa en la etapa de afinado. En estos casos, se han utilizado modelos más complejos que integran el crecimiento con la producción de ácido láctico, proteólisis y lipólisis, permitiendo predecir el desarrollo de atributos sensoriales a lo largo del tiempo de maduración (Amanatidou et al., 2024).

La predicción del crecimiento de BAL no solo permite controlar la calidad sensorial del queso, sino también su seguridad microbiológica. En productos sin pasteurizar, las BAL compiten activamente con microorganismos patógenos como *Listeria monocytogenes*, y su dominancia en la microbiota se considera una barrera natural contra la contaminación. Modelos cinéticos han demostrado que tasas de crecimiento elevadas de BAL se correlacionan negativamente con el crecimiento de patógenos.

Los modelos secundarios permiten relacionar la tasa de crecimiento de las BAL con variables ambientales. Por ejemplo, se ha utilizado el modelo de Ratkowsky para relacionar la temperatura con μ_{\max} de *Lactobacillus plantarum* en quesos tipo feta. Asimismo, se han propuesto modelos polinómicos para incluir el efecto del contenido de sal y la acidez sobre el crecimiento de BAL en quesos de cabra.

En muchos casos, el ajuste de los modelos se realiza mediante métodos de regresión no lineal en software como R o Python. Paquetes como nlsLM o drc en R han demostrado ser eficientes para ajustar curvas

de crecimiento a datos experimentales. Los parámetros obtenidos permiten simular escenarios de producción y almacenamiento, y tomar decisiones informadas (Rosario et al., 2024).

En queserías artesanales, donde la variabilidad es alta y los cultivos iniciadores pueden ser autóctonos, la modelización del crecimiento de BAL ofrece una herramienta para estandarizar la producción sin perder identidad microbiológica. Se ha observado que en quesos elaborados en zonas rurales de América Latina, la diversidad de *Lactobacillus*, *Leuconostoc* y *Pediococcus* puede variar ampliamente, lo que repercute en el perfil sensorial del queso.

La implementación de modelos permite seleccionar las condiciones óptimas de fermentación, como la temperatura, el tiempo de cuajado y el tipo de cultivo, para maximizar la actividad de las BAL y minimizar los riesgos de fermentaciones indeseables. También permite ajustar procesos ante cambios de estaciones o fluctuaciones en la composición de la leche.

En estudios recientes se ha vinculado el crecimiento de BAL con la formación de compuestos bioactivos, como péptidos antimicrobianos y ácidos grasos de cadena corta. Modelar estos procesos permite optimizar quesos funcionales dirigidos a consumidores con requerimientos nutricionales específicos (Ahmed et al., 2022).

Los modelos probabilísticos también han sido empleados para evaluar la probabilidad de dominancia de BAL frente a microorganismos contaminantes en distintos escenarios de pH, salinidad y temperatura. En estos casos, se utilizan funciones logísticas o simulaciones Monte Carlo para estimar el porcentaje de éxito del cultivo láctico en lotes variables.

En cuanto a la validación de modelos, se utilizan ensayos en diferentes lotes de leche y en distintas condiciones de fermentación. La comparación entre los valores predichos y observados se realiza mediante indicadores como el RMSE, el R^2 ajustado, los residuos estandarizados y los intervalos de predicción.

El uso de sensores de pH y temperatura, conectados a sistemas de registro digital, ha facilitado la integración de modelos en tiempo real en algunas plantas queseras. Estos sistemas permiten alertar sobre desviaciones en el proceso y ajustar automáticamente las condiciones para mantener la calidad.

La modelización también ha sido clave para desarrollar cultivos mixtos sinérgicos. Mediante el análisis del crecimiento conjunto de *Lactococcus*, *Leuconostoc* y *Lactobacillus*, se ha optimizado la producción de quesos con características sensoriales específicas y mayor capacidad de inhibición frente a patógenos.

Otra aplicación interesante es la predicción de la actividad metabólica en quesos con cultivos probióticos. Modelos dinámicos han sido utilizados para predecir la viabilidad de *Lactobacillus rhamnosus* y *Bifidobacterium bifidum* durante el almacenamiento refrigerado, lo cual es fundamental para garantizar la funcionalidad del producto.

En contextos de inocuidad alimentaria, se ha propuesto la integración de modelos de crecimiento de BAL con modelos de decaimiento de *Listeria monocytogenes*, permitiendo simular su competencia y establecer tiempos mínimos de maduración que aseguren la eliminación de patógenos.

En términos de educación y formación técnica, los modelos de crecimiento de BAL en quesos representan una excelente herramienta

didáctica para enseñar microbiología predictiva, ya que permiten visualizar y analizar procesos fermentativos reales y complejos.

A nivel regulatorio, algunos países han comenzado a permitir la justificación de parámetros de proceso y vida útil mediante el uso de modelos validados. Esto abre oportunidades para que pequeñas y medianas empresas queseras formalicen sus operaciones mediante evidencia científica y predicciones robustas.

5.1.3. Modelado de *Salmonella* en canales porcinas

La producción cárnica constituye una de las principales actividades del sector pecuario a nivel mundial y representa una fuente importante de proteínas de alto valor biológico para la alimentación humana (Zhang et al., 2023). Desde la perspectiva de la microbiología de alimentos, la carne fresca puede considerarse un sistema biológico complejo en el que la dinámica microbiana está determinada por la interacción entre factores asociados al animal, el ambiente de producción, las prácticas de sacrificio y las condiciones de procesamiento y almacenamiento (Chernukha et al., 2023).

En los sistemas de producción cárnica, la contaminación microbiana no es el resultado de un único evento aislado, sino de una cadena de interacciones multifactoriales que se desarrollan a lo largo de diferentes etapas del proceso productivo. Factores como la microbiota intestinal del animal, la higiene durante el sacrificio, la manipulación de las canales, las condiciones de refrigeración y las características fisicoquímicas del tejido muscular influyen simultáneamente en la supervivencia y proliferación de los microorganismos (Azad et al., 2022).

Durante el sacrificio y el procesamiento inicial, la superficie de la canal puede contaminarse con microorganismos provenientes del tracto gastrointestinal, la piel del animal o el ambiente de la planta de beneficio. En estas condiciones, patógenos como *Salmonella enterica*, *Escherichia coli* O157:H7, *Campylobacter jejuni* y *Listeria monocytogenes* pueden incorporarse a la superficie de la carne, donde su dinámica poblacional dependerá de las condiciones posteriores de almacenamiento y manipulación.

Desde el enfoque de la microbiología predictiva, la carne fresca ofrece un entorno particular para el crecimiento microbiano debido a su elevada actividad de agua, su contenido de nutrientes y su pH cercano a la neutralidad. Sin embargo, la velocidad de proliferación bacteriana puede variar considerablemente dependiendo de las condiciones ambientales, especialmente de la temperatura de almacenamiento y de la composición de la microbiota presente en la superficie del producto (Tönz et al., 2024).

En sistemas de producción cárnica reales, la variabilidad biológica y ambiental puede generar escenarios microbiológicos muy distintos. Por ejemplo, en sistemas de sacrificio industrial con enfriamiento rápido de las canales, la temperatura superficial de la carne puede reducirse rápidamente por debajo de 7 °C, lo que limita el crecimiento de muchos microorganismos mesófilos. En contraste, en sistemas donde el enfriamiento es más lento o la cadena de frío presenta fluctuaciones, algunos patógenos psicrótrofos pueden continuar multiplicándose durante el almacenamiento.

Estas variaciones influyen directamente en los parámetros fundamentales utilizados en modelos de microbiología predictiva. La

tasa máxima de crecimiento (μ_{max}) puede aumentar significativamente cuando la temperatura de almacenamiento se eleva algunos grados por encima de las condiciones óptimas de refrigeración, mientras que la fase de adaptación (λ) puede acortarse en presencia de cargas microbianas iniciales elevadas o cuando los microorganismos han sido previamente adaptados a condiciones similares.

Los modelos primarios de crecimiento microbiano permiten describir la evolución temporal de las poblaciones bacterianas en la carne. Entre los modelos más utilizados se encuentran el modelo de Baranyi y el modelo de Gompertz modificado, que permiten estimar parámetros como μ_{max} , λ y la densidad poblacional máxima. Posteriormente, los modelos secundarios relacionan estos parámetros con variables ambientales, principalmente temperatura, permitiendo simular diferentes escenarios de almacenamiento y distribución.

En la industria cárnica, estas herramientas de modelación resultan especialmente útiles para evaluar el impacto de cambios en la cadena de frío o en las condiciones de envasado sobre la dinámica microbiana. Por ejemplo, en sistemas de envasado al vacío o en atmósfera modificada, la reducción del oxígeno disponible puede inhibir el crecimiento de ciertos microorganismos aerobios, mientras que favorece el desarrollo de bacterias anaerobias facultativas o microaerófilas.

Además, la interacción entre microorganismos alterantes y patógenos puede modificar la dinámica de crecimiento en la superficie de la carne. La competencia por nutrientes, la producción de metabolitos antimicrobianos y las variaciones en el pH local pueden influir en la supervivencia de patógenos como *Listeria monocytogenes* o *Salmonella enterica*, generando comportamientos poblacionales que difieren de los observados en cultivos puros.

La microbiología predictiva permite integrar estos factores dentro de modelos matemáticos que facilitan la evaluación de riesgos microbiológicos en la cadena cárnica. A través de simulaciones basadas en datos experimentales, es posible estimar el tiempo necesario para que un microorganismo alcance niveles críticos bajo diferentes condiciones de almacenamiento, así como evaluar el impacto potencial de medidas de control como el enfriamiento rápido, el envasado adecuado o la reducción de la contaminación inicial (Combase, 2024).

5.1.4. Dinámica de *Escherichia coli* O157:H7 en carne molida

La carne molida representa un sistema microbiológico particularmente complejo dentro de la cadena cárnica, ya que el proceso de molienda modifica de manera sustancial la distribución de los microorganismos presentes en el tejido muscular. A diferencia de los cortes cárnicos intactos, donde la contaminación suele concentrarse en la superficie, la molienda puede dispersar los microorganismos a lo largo de toda la matriz del producto, generando un entorno más favorable para su proliferación. En este contexto, patógenos como *Escherichia coli* O157:H7 adquieren especial relevancia debido a su asociación con brotes de enfermedades transmitidas por alimentos vinculados al consumo de carne insuficientemente cocida.

Desde una perspectiva sistémica, la presencia y dinámica de este patógeno en carne molida es el resultado de interacciones entre múltiples factores que actúan a lo largo de la cadena productiva. La microbiota intestinal del ganado, las condiciones higiénicas durante el sacrificio, la manipulación de las canales, la temperatura durante el procesamiento y las condiciones de almacenamiento influyen de manera conjunta en la

carga microbiana inicial y en la capacidad del microorganismo para multiplicarse en el producto final.

Durante el proceso de molienda, el aumento del área superficial y la liberación de nutrientes del tejido muscular pueden favorecer el crecimiento microbiano si las condiciones ambientales son adecuadas. La temperatura de almacenamiento constituye uno de los factores más determinantes en este proceso. Pequeñas variaciones en la temperatura de refrigeración pueden modificar significativamente la dinámica poblacional de *Escherichia coli* O157:H7, especialmente cuando el producto permanece durante periodos prolongados en condiciones de almacenamiento o distribución.

En el marco de la microbiología predictiva, el comportamiento de este patógeno en carne molida puede describirse mediante modelos matemáticos que permiten estimar la evolución de la población bacteriana en función del tiempo y de las condiciones ambientales. Los modelos primarios de crecimiento microbiano, como el modelo de Baranyi o el modelo de Gompertz modificado, permiten estimar parámetros cinéticos fundamentales, entre los que se encuentran la tasa máxima de crecimiento (μ_{max}), el tiempo de adaptación o fase lag (λ) y la densidad poblacional máxima (N_{max}).

Estos parámetros no son constantes, sino que dependen de las condiciones del sistema. En carne molida, por ejemplo, la fase lag puede acortarse cuando los microorganismos han sido previamente adaptados a temperaturas de refrigeración o cuando la carga microbiana inicial es elevada. De manera similar, incrementos moderados en la temperatura de almacenamiento pueden aumentar el valor de μ_{max} , acelerando la velocidad de crecimiento bacteriano.

La variabilidad biológica también desempeña un papel importante en la dinámica de este patógeno. Diferentes cepas de *Escherichia coli* O157:H7 pueden presentar tolerancias distintas frente a cambios de temperatura, disponibilidad de nutrientes o competencia microbiana. Asimismo, la microbiota natural presente en la carne puede generar interacciones competitivas que modifiquen el comportamiento poblacional del patógeno, afectando las predicciones basadas en modelos desarrollados en cultivos puros.

Desde el punto de vista aplicado, los modelos predictivos permiten evaluar diferentes escenarios de riesgo en la cadena de producción y distribución de carne molida. Por ejemplo, es posible simular cómo fluctuaciones en la cadena de frío durante el transporte o almacenamiento pueden influir en el crecimiento del patógeno, o estimar el tiempo necesario para que la población bacteriana alcance niveles potencialmente peligrosos para la salud pública.

Estas herramientas también permiten analizar el impacto de estrategias de control orientadas a reducir el riesgo microbiológico, como la mejora de las prácticas de higiene durante el procesamiento, la reducción de la contaminación inicial de las canales o el mantenimiento estricto de la cadena de frío. Al integrar datos microbiológicos con modelos matemáticos, la microbiología predictiva proporciona un marco cuantitativo para evaluar estas estrategias y optimizar las medidas de control.

5.1.5. Crecimiento microbiano en huevos almacenados

El huevo constituye un alimento de alto valor nutricional y un componente fundamental en la producción avícola. Desde una perspectiva microbiológica, el huevo puede considerarse un sistema biológico complejo en el que la dinámica microbiana está influenciada por la interacción entre factores asociados al ave, las condiciones ambientales de la granja, las prácticas de manejo durante la recolección y las condiciones de almacenamiento posteriores (Baron et al., 2023)

En condiciones normales, el huevo posee diversos mecanismos naturales de defensa que limitan el crecimiento microbiano. La cutícula de la cáscara, la estructura porosa del cascarón y la presencia de compuestos antimicrobianos en la clara, como lisozima y ovotransferrina, contribuyen a restringir la penetración y proliferación de microorganismos. Sin embargo, estos mecanismos pueden verse comprometidos cuando existen variaciones en las condiciones de producción, manipulación o almacenamiento.

La contaminación microbiana de los huevos puede originarse a través de dos vías principales: la transmisión vertical desde el tracto reproductivo de la gallina o la contaminación horizontal posterior a la puesta. En este último caso, los microorganismos presentes en el ambiente del gallinero, en el material de las camas o en las superficies de manipulación pueden adherirse a la cáscara y, bajo determinadas condiciones, penetrar hacia el interior del huevo.

Entre los microorganismos de mayor importancia en este sistema se encuentra *Salmonella enterica*, particularmente ciertos serotipos asociados a la producción avícola. Asimismo, bacterias oportunistas

como *Escherichia coli* pueden encontrarse en la superficie de la cáscara como resultado de la contaminación ambiental.

Desde el enfoque de la microbiología predictiva, el crecimiento microbiano en huevos almacenados depende de la interacción de múltiples variables ambientales y biológicas. Entre estas, la temperatura de almacenamiento constituye uno de los factores más determinantes, ya que influye directamente en la velocidad de multiplicación bacteriana y en la estabilidad de las barreras naturales del huevo. A temperaturas elevadas, los mecanismos antimicrobianos de la clara pueden perder eficacia y facilitar el crecimiento de microorganismos que logren penetrar el cascarón.

La dinámica poblacional de los microorganismos en huevos almacenados puede describirse mediante modelos matemáticos de crecimiento microbiano. Los modelos primarios permiten caracterizar la evolución temporal de la población bacteriana a través de parámetros cinéticos como la tasa máxima de crecimiento (μ_{max}), el tiempo de fase lag (λ) y la densidad poblacional máxima (N_{max}). Estos parámetros pueden variar significativamente dependiendo de las condiciones de almacenamiento, especialmente de la temperatura y del tiempo transcurrido desde la puesta.

En sistemas de producción avícola reales, la variabilidad ambiental puede generar diferencias importantes en la dinámica microbiana. Por ejemplo, en regiones cálidas donde la recolección y refrigeración de los huevos no se realiza de forma inmediata, el incremento de la temperatura ambiental puede reducir la fase de adaptación bacteriana y favorecer un crecimiento más rápido de microorganismos presentes en la superficie de la cáscara. Por el contrario, cuando los huevos se almacenan

rápidamente en condiciones de refrigeración, la velocidad de crecimiento bacteriano disminuye considerablemente.

Además de la temperatura, factores como la integridad de la cáscara, la humedad relativa del ambiente y las prácticas de manejo durante la clasificación y el transporte pueden influir en la probabilidad de penetración bacteriana. Estas variables interactúan de manera compleja, generando escenarios microbiológicos que pueden variar entre granjas, sistemas de producción o condiciones de distribución.

La microbiología predictiva permite integrar estos factores en modelos que facilitan la evaluación del riesgo microbiológico en la cadena de producción y comercialización de huevos. Mediante la simulación de diferentes escenarios de almacenamiento, es posible estimar cómo variaciones en la temperatura o en el tiempo de almacenamiento pueden afectar el crecimiento potencial de patógenos como *Salmonella* entérica (figura 19).

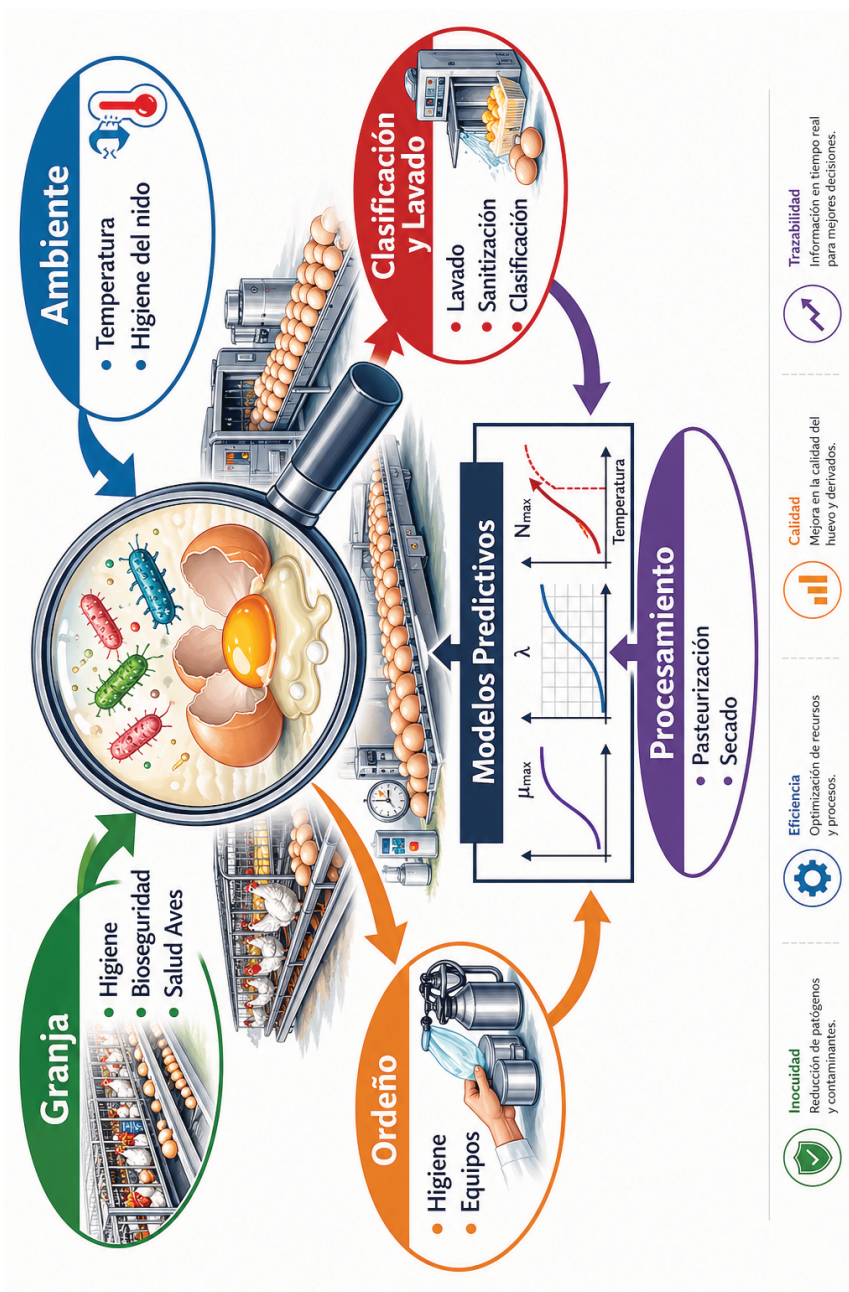


Figura 19. Microbiología predictiva en producción de huevo.

5.2. Acuicultura y microbiología predictiva

La acuicultura, como sistema de producción animal intensivo y dinámico, representa uno de los sectores agroalimentarios de mayor crecimiento en las últimas décadas. Esta expansión ha venido acompañada de una intensificación del uso de tecnologías de cultivo, un incremento en la densidad animal y una mayor susceptibilidad a brotes bacterianos, los cuales afectan tanto la productividad como la inocuidad del producto final. Dentro de este contexto, la microbiología predictiva se perfila como una herramienta estratégica para anticipar y gestionar los riesgos microbiológicos en ambientes acuáticos.

A diferencia de los sistemas terrestres, los ecosistemas acuáticos presentan una mayor complejidad fisicoquímica y una dinámica microbiológica particularmente sensible a variables como la temperatura, el pH, la salinidad, la concentración de oxígeno disuelto y la materia orgánica. Estos factores modulan no solo el crecimiento de microorganismos patógenos, sino también las interacciones entre especies microbianas y su persistencia en los sistemas de cultivo (Yasruddin et al., 2025).

La aplicación de modelos matemáticos en acuicultura permite simular el comportamiento de bacterias patógenas, evaluar el efecto de las condiciones ambientales sobre su crecimiento, y diseñar medidas de control que sean costo-efectivas y sostenibles. La microbiología predictiva ofrece, además, la posibilidad de construir sistemas de alerta temprana que integren datos en tiempo real a partir de sensores acuáticos, optimizando la bioseguridad en los criaderos.

En este ámbito, destacan particularmente los géneros bacterianos del grupo *Vibrio*, como *Vibrio harveyi*, *Vibrio vulnificus*, *Vibrio parahaemol-*

yticus y *Vibrio alginolyticus*, que afectan a peces y crustáceos en todas sus etapas de desarrollo. Estas especies presentan una elevada plasticidad genética y una capacidad de adaptación a condiciones adversas, lo que dificulta su control mediante estrategias convencionales. Por lo tanto, la implementación de modelos predictivos permite anticipar brotes, minimizar pérdidas y reducir el uso indiscriminado de antimicrobianos (Song et al., 2023).

A continuación, se desarrolla el subítem dedicado específicamente al modelado predictivo de *Vibrio spp.* en tilapias y camarones, dos de las especies más representativas de la acuicultura tropical y subtropical.

5.2.1. *Vibrio spp.* en tilapias y camarones

La presencia de *Vibrio spp.* en sistemas acuícolas constituye una de las principales causas de enfermedades bacterianas en peces y crustáceos. Su control representa un desafío importante para la sostenibilidad sanitaria y económica de la acuicultura intensiva. La microbiología predictiva permite abordar este reto a través del modelado cuantitativo del comportamiento de estas bacterias bajo distintas condiciones ambientales y de manejo.

Vibrio spp. son bacterias halófilas y gramnegativas que forman parte de la microbiota natural de los ecosistemas marinos y estuarinos. No obstante, bajo condiciones de estrés ambiental o inmunosupresión del hospedador, estas bacterias pueden proliferar hasta alcanzar niveles patógenos. En tilapias (*Oreochromis niloticus*), *Vibrio alginolyticus* y *Vibrio vulnificus* han sido asociados a septicemias, lesiones ulcerativas y mortalidad masiva. En camarones (*Litopenaeus vannamei*), *Vibrio*

parahaemolyticus ha sido identificado como agente causal del síndrome de necrosis hepatopancreática aguda (AHPND) (Elbashir et al., 2023).

La modelización del crecimiento de *Vibrio spp.* en tilapias y camarones se ha basado principalmente en modelos primarios y secundarios. Los modelos primarios más utilizados son el de Baranyi y el de Gompertz modificado, los cuales permiten estimar parámetros clave como la tasa máxima de crecimiento (μ_{\max}), el tiempo de fase lag y la densidad poblacional máxima alcanzada.

En ensayos controlados, se ha observado que *Vibrio alginolyticus* presenta una μ_{\max} de hasta 0.6 h^{-1} en agua a 30°C con salinidad de 15–20 ppt, condiciones típicas de los sistemas de cultivo de tilapia en zonas costeras. La fase lag puede reducirse significativamente cuando hay acumulación de materia orgánica o lesiones dérmicas en los peces, lo cual ha sido incorporado como factor cualitativo en modelos ajustados por regresión logística (Silva et al., 2022).

Los modelos secundarios, como el de Ratkowsky, han sido aplicados para relacionar la temperatura del agua con la tasa de crecimiento de *Vibrio spp.* Se ha determinado que el crecimiento óptimo ocurre entre 28 y 35°C , siendo prácticamente nulo por debajo de los 15°C . Estos modelos permiten definir umbrales críticos de riesgo, útiles para la gestión sanitaria y el diseño de protocolos de monitoreo.

En sistemas de cultivo de camarón, el comportamiento de *Vibrio parahaemolyticus* ha sido modelado considerando variables adicionales como el pH, la concentración de amonio, el oxígeno disuelto y la densidad animal. Estudios basados en diseño experimental multifactorial han permitido desarrollar superficies de respuesta que predicen la densidad bacteriana esperada ante combinaciones específicas de factores ambientales.

La modelización estocástica también ha sido utilizada para simular brotes de *Vibrio* en granjas comerciales. Mediante simulaciones de Monte Carlo se ha estimado la probabilidad de aparición de brotes en función de la edad del lote, las prácticas de alimentación y los antecedentes de enfermedad. Estos modelos se integran con sistemas de información geográfica (SIG) y datos satelitales para construir mapas de riesgo microbiológico (Shakweer et al., 2023).

Los modelos predictivos también han sido aplicados a la evaluación de estrategias de control, como la aplicación de probióticos, la reducción de densidad, el cambio parcial de agua o el uso de biofloc. Se han generado curvas de inhibición bacteriana para distintos productos comerciales, permitiendo comparar su eficacia bajo condiciones controladas y estimar su impacto en la dinámica microbiana del sistema.

Uno de los desarrollos más innovadores ha sido la integración de sensores de calidad del agua con modelos dinámicos de predicción de *Vibrio*. A través de redes de monitoreo automatizadas que capturan datos en tiempo real sobre temperatura, pH, oxígeno y salinidad, los modelos pueden predecir el crecimiento potencial de *Vibrio spp.* con hasta 48 horas de anticipación, emitiendo alertas para la toma de decisiones preventivas (Oliveira et al., 2024).

En sistemas de recirculación acuícola (RAS), donde las condiciones pueden ser más estables, la microbiología predictiva permite modelar el equilibrio entre microbiota benéfica y patógena, ayudando a optimizar el uso de filtros biológicos y tratamientos UV. Modelos diferenciales de tipo Lotka-Volterra han sido utilizados para simular las interacciones entre *Vibrio spp.* y otras bacterias competitivas.

En cuanto al modelado de inactivación, se ha empleado el modelo Weibull para describir la reducción de *Vibrio spp.* tras tratamientos de choque salino o aplicaciones de bacteriófagos. Estos modelos permiten estimar el tiempo necesario para reducir la población en uno o más logaritmos, información clave para el diseño de intervenciones efectivas y seguras (Mohammed et al., 2024).

Los modelos también han sido aplicados en productos acuícolas post-cosecha, especialmente en camarones frescos destinados a exportación. El crecimiento de *Vibrio parahaemolyticus* en camarones refrigerados ha sido modelado utilizando funciones logísticas y exponenciales, permitiendo establecer límites de tiempo-temperatura críticos para garantizar la inocuidad durante la cadena de frío.

5.2.2. Control predictivo de enfermedades bacterianas en sistemas recirculantes

Los sistemas acuícolas de recirculación (RAS, por sus siglas en inglés) se han consolidado como una alternativa sostenible y tecnificada para la producción de peces y crustáceos, especialmente en zonas donde los recursos hídricos son limitados o donde se requiere control ambiental estricto. A pesar de sus ventajas, los RAS también presentan desafíos microbiológicos particulares, principalmente relacionados con la acumulación de nutrientes, el estrés fisiológico de los animales y la proliferación de bacterias patógenas en espacios confinados.

El control de enfermedades bacterianas en RAS exige una vigilancia permanente, ya que los brotes pueden diseminarse rápidamente a través del agua recirculante. En este contexto, la microbiología predictiva emerge como una herramienta esencial para anticipar escenarios de

riesgo, modelar la dinámica microbiana del sistema y establecer medidas preventivas basadas en datos cuantificables.

A diferencia de los sistemas abiertos, los RAS permiten el monitoreo preciso de variables ambientales como temperatura, pH, oxígeno disuelto, salinidad, concentración de nitrógeno amoniacal y sólidos suspendidos. Estas variables afectan directamente la composición y comportamiento de la microbiota, tanto la benéfica como la patógena. Por lo tanto, pueden ser integradas en modelos matemáticos para predecir el crecimiento o declive de bacterias específicas.

El desarrollo de modelos primarios, como el de Baranyi y el Gompertz modificado, ha sido útil para describir el crecimiento de bacterias como *Aeromonas hydrophila*, *Flavobacterium columnare*, *Vibrio spp.* y *Streptococcus iniae* en condiciones controladas del RAS. Estos modelos permiten estimar la tasa de crecimiento (μ_{\max}), la duración de la fase lag y la carga máxima esperada, proporcionando insumos valiosos para la gestión sanitaria.

Se ha modelado el crecimiento de *Aeromonas hydrophila* en tilapias cultivadas en RAS a 28 °C y pH 7.5, observando un μ_{\max} de 0.45 h⁻¹. Este valor se incrementa si el oxígeno disuelto cae por debajo de 4 mg/L o si hay acumulación de sólidos orgánicos. Estos datos han sido incorporados en modelos secundarios que relacionan la tasa de crecimiento con múltiples variables ambientales.

La modelización multivariada ha permitido generar superficies de respuesta que describen el comportamiento de patógenos en función de interacciones ambientales. Por ejemplo, el uso de modelos de regresión cuadrática múltiple ha demostrado que combinaciones de alta

temperatura y bajo oxígeno disuelto incrementan significativamente el riesgo de brote bacteriano.

Una ventaja de los RAS es la posibilidad de integrar modelos predictivos con sistemas automatizados de monitoreo. Sensores en línea pueden alimentar algoritmos que predicen el riesgo de proliferación microbiana y emiten alertas en tiempo real. Este tipo de integración ha sido implementado en granjas piloto en Europa, Asia y América Latina, con resultados prometedores en reducción de mortalidad y uso racional de tratamientos.

Además de modelar el crecimiento de patógenos, la microbiología predictiva se ha utilizado para estimar la eficacia de intervenciones sanitarias como el uso de bacteriófagos, probióticos, ozono o rayos UV. Mediante modelos de inactivación log-lineales y de Weibull, se ha podido predecir la reducción esperada de la carga bacteriana y ajustar las dosis óptimas de tratamiento (Brumfield et al., 2021).

El comportamiento de la microbiota en los biofiltros es otro campo donde los modelos predictivos han sido aplicados. Estos filtros albergan comunidades bacterianas responsables de la nitrificación, pero también pueden actuar como reservorios de patógenos. Modelos dinámicos tipo Lotka-Volterra han sido utilizados para simular la competencia entre bacterias nitrificantes y oportunistas, permitiendo optimizar las condiciones de operación.

En algunos casos, se han implementado modelos probabilísticos para predecir la ocurrencia de brotes en función de variables discretas como fallas en el sistema de oxigenación, cambios bruscos de temperatura o ingreso de nuevos lotes. Estos modelos permiten estimar la probabilidad de aparición de enfermedad y planificar medidas de contingencia (Deris et al., 2022).

La simulación de escenarios a través de Monte Carlo ha sido útil para explorar la incertidumbre en la predicción de brotes. Por ejemplo, al variar los niveles de nitrógeno total y sólidos suspendidos, se pueden generar distribuciones de riesgo que ayudan a priorizar las intervenciones técnicas en puntos críticos del sistema.

Desde el punto de vista productivo, los modelos permiten definir ventanas de crecimiento seguro para los animales, optimizar la tasa de alimentación y reducir la conversión alimenticia sin aumentar el riesgo microbiológico. Estas mejoras se traducen en mayor rentabilidad y menor impacto ambiental.

La validación de modelos predictivos en RAS se ha realizado mediante muestreos periódicos de agua, biofiltros y tejidos de los animales, con recuentos bacterianos y análisis moleculares. Los datos observados se comparan con las predicciones del modelo utilizando indicadores como RMSE, R^2 ajustado y gráficos de dispersión.

La microbiología predictiva también ha facilitado la gestión de antibióticos en RAS, permitiendo predecir cuándo es realmente necesario aplicar tratamientos y evitando el uso innecesario de antimicrobianos. Esto contribuye a mitigar el desarrollo de resistencia bacteriana, una preocupación creciente en acuicultura intensiva (Silva et al., 2022).

Los modelos también son útiles en la formación de personal técnico, ya que permiten visualizar el impacto de las variables ambientales sobre la dinámica microbiana y comprender la importancia de mantener la estabilidad del sistema.

En investigaciones más avanzadas, se han incorporado redes neuronales y algoritmos de aprendizaje automático para mejorar la

capacidad predictiva y adaptabilidad de los modelos. Estos sistemas aprenden de los datos históricos del RAS y ajustan sus predicciones conforme a las nuevas condiciones operativas.

5.3. Forrajes conservados y microbiología

La conservación de forrajes constituye una práctica fundamental en los sistemas pecuarios, especialmente en regiones donde la disponibilidad estacional de pasturas limita el suministro continuo de alimento para el ganado. Entre los métodos más utilizados se encuentran el ensilaje y el henificado, procesos que modifican de manera significativa las condiciones fisicoquímicas del material vegetal y, en consecuencia, la dinámica de las poblaciones microbianas presentes en el forraje.

Desde una perspectiva microbiológica, los forrajes conservados pueden entenderse como ecosistemas dinámicos en los que interactúan microorganismos epífitos presentes en la superficie de las plantas, condiciones ambientales del cultivo y factores asociados al manejo durante la cosecha y el almacenamiento. Estas interacciones determinan la evolución de comunidades microbianas que pueden favorecer la conservación del alimento o, por el contrario, generar procesos de deterioro que afectan su calidad nutricional y sanitaria.

En el caso del ensilaje, el proceso de fermentación anaerobia desempeña un papel central en la estabilización del forraje. Durante las primeras etapas del ensilaje, bacterias ácido lácticas como *Lactobacillus plantarum* y *Pediococcus pentosaceus* utilizan los carbohidratos solubles del material vegetal para producir ácido láctico, lo que genera una rápida

disminución del pH y contribuye a inhibir el crecimiento de microorganismos indeseables.

Sin embargo, la eficiencia de este proceso fermentativo depende de múltiples factores que interactúan entre sí. El contenido de materia seca del forraje, la disponibilidad de azúcares fermentables, la compactación del material en el silo y la exclusión del oxígeno influyen directamente en la velocidad y estabilidad de la fermentación. Cuando estas condiciones no son adecuadas, pueden proliferar microorganismos indeseables como *Clostridium*, responsables de fermentaciones butíricas que deterioran la calidad del ensilaje y generan pérdidas nutricionales.

Asimismo, durante el almacenamiento y especialmente tras la apertura del silo, la exposición al oxígeno puede favorecer el desarrollo de levaduras y mohos que alteran la estabilidad aeróbica del forraje. Entre los microorganismos comúnmente asociados a estos procesos se encuentran especies del género *Aspergillus* y *Penicillium*, algunos de los cuales pueden producir micotoxinas con implicaciones importantes para la salud animal y la seguridad de los productos de origen animal.

Desde el enfoque de la microbiología predictiva, la dinámica de estas poblaciones microbianas puede analizarse mediante modelos que describen la evolución de los microorganismos bajo diferentes condiciones ambientales. Parámetros cinéticos como la tasa máxima de crecimiento (μ_{max}), el tiempo de adaptación o fase lag (λ) y la densidad poblacional máxima (N_{max}) permiten caracterizar el comportamiento de bacterias fermentativas, levaduras y mohos durante las distintas fases del proceso de conservación.

La variabilidad biológica y ambiental juega un papel importante en este sistema. La microbiota epífita presente en las plantas puede variar

considerablemente entre regiones, especies forrajeras y condiciones climáticas. De igual manera, factores como la humedad del material vegetal, la temperatura ambiental y la eficiencia de la compactación del silo pueden modificar de manera significativa la dinámica microbiana.

La aplicación de modelos de microbiología predictiva en forrajes conservados permite evaluar diferentes escenarios de manejo y almacenamiento. A través de la integración de variables como contenido de materia seca, temperatura, disponibilidad de oxígeno y características del sustrato vegetal, estos modelos pueden contribuir a anticipar condiciones que favorezcan fermentaciones deseables o, por el contrario, procesos de deterioro.

5.3.1. Modelos de fermentación láctica en ensilajes

La fermentación láctica es el proceso biológico clave para la estabilización de los ensilajes. Esta fermentación está mediada por bacterias ácido-lácticas (BAL), las cuales metabolizan los azúcares solubles del forraje en ácido láctico, provocando una disminución rápida del pH y creando un ambiente hostil para microorganismos indeseables. La eficiencia de este proceso depende de múltiples variables, cuya interacción puede ser modelada para predecir el curso fermentativo (Da Silva Zornitta et al., 2021).

Los modelos primarios utilizados para describir el crecimiento de BAL en ensilajes suelen incluir el modelo logístico, el de Baranyi y el Gompertz modificado. Estos modelos permiten estimar la tasa de crecimiento (μ_{\max}), el tiempo de fase lag y la concentración máxima alcanzada, considerando como entrada el tiempo y la densidad poblacional inicial.

En ensayos con *Lactobacillus plantarum* inoculado en silo experimental de maíz, se ha observado que el modelo de Gompertz modificado ofrece un mejor ajuste ($R^2 > 0.95$) respecto al modelo logístico, especialmente en fases iniciales de fermentación. Este modelo permite capturar la aceleración exponencial de crecimiento, seguida de una estabilización que coincide con la acidificación del medio.

Además del crecimiento microbiano, es necesario modelar la evolución de parámetros fisicoquímicos como el pH, la concentración de ácido láctico, y la actividad de agua. Estos parámetros pueden ser incorporados como variables dependientes en modelos secundarios, utilizando funciones tipo Arrhenius, Ratkowsky o modelos polinomiales para describir su relación con la temperatura o el contenido de materia seca (Jatkauskas et al., 2025).

La aplicación de modelos de regresión no lineal ha permitido predecir el descenso de pH en función del tiempo y del tipo de inoculante utilizado. En silos tratados con mezclas de *Lactobacillus plantarum* y *Pediococcus acidilactici*, el modelo logarítmico inverso describe adecuadamente el descenso rápido de pH en las primeras 72 horas post-ensilado, seguido de una estabilización alrededor de valores críticos de 4.0.

Un aspecto fundamental en la modelización de fermentación es la heterogeneidad del sustrato. A diferencia de matrices homogéneas, el ensilado presenta una distribución no uniforme de nutrientes, humedad y carga microbiana. Esta variabilidad puede ser abordada mediante modelos estocásticos o técnicas de simulación como Monte Carlo, para generar escenarios que incluyan la incertidumbre asociada a la compactación y a la infiltración de aire (Zhao et al., 2024).

Asimismo, modelos dinámicos tipo sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias (ODEs) han sido utilizados para representar la competencia entre BAL y microorganismos indeseables como *Clostridium butyricum*. Estos modelos permiten predecir el riesgo de fermentación butírica y establecer estrategias preventivas como el uso de inoculantes específicos o la mejora del sellado.

En el ámbito de la validación, los modelos han sido contrastados con datos obtenidos en silos experimentales y comerciales, utilizando técnicas como el análisis de residuos, el índice de concordancia de Lin y el coeficiente de determinación. Esto garantiza que las predicciones se mantengan dentro de márgenes aceptables de error bajo condiciones reales.

Con el avance de la tecnología, se han incorporado sensores de pH, temperatura y dióxido de carbono dentro de los silos, conectados a plataformas IoT. Estos sensores permiten alimentar modelos en tiempo real, ajustando las predicciones conforme a la evolución real del proceso fermentativo.

En estudios recientes, la combinación de modelos matemáticos con inteligencia artificial ha dado lugar a sistemas híbridos de predicción. Redes neuronales artificiales (ANN) entrenadas con datos históricos han demostrado una alta precisión para predecir el pH final del ensilado en función del tipo de forraje, aditivos y condiciones ambientales (Oskoueian et al., 2021).

La integración de estos modelos en sistemas de decisión agrícola ha permitido mejorar la eficiencia en el uso de aditivos, optimizar el momento de apertura del silo y reducir las pérdidas por deterioro. En América Latina, estas herramientas están siendo adaptadas a condiciones tropicales, donde la alta humedad y temperaturas aceleran los procesos fermentativos y elevan el riesgo de contaminación fúngica.

Además, el modelado predictivo ha sido útil para simular la producción de ácidos orgánicos secundarios, como el ácido acético y el ácido butírico, indicadores de fermentaciones no deseadas. Estos modelos son fundamentales para ajustar las condiciones de humedad y materia seca antes del cierre del silo.

Una contribución importante de la microbiología predictiva ha sido el diseño de bioinoculantes personalizados, basados en la predicción del comportamiento de consorcios microbianos adaptados a tipos de forraje específicos. Esta aproximación permite desarrollar soluciones biotecnológicas más eficientes y con menor impacto ambiental (Gou et al., 2025).

5.3.2. Desarrollo de mohos y levaduras durante el almacenamiento

Los mohos y levaduras son los principales microorganismos responsables del deterioro de los forrajes conservados durante el almacenamiento, especialmente cuando las condiciones anaeróbicas del ensilaje se ven comprometidas. Estas especies fúngicas y levaduriformes pueden proliferar rápidamente en presencia de oxígeno, humedad elevada y temperaturas favorables, afectando la calidad nutricional del forraje, generando compuestos tóxicos como micotoxinas, y reduciendo su palatabilidad y aceptación por los animales.

El desarrollo de estos microorganismos depende de múltiples factores intrínsecos (actividad de agua, pH, contenido de azúcares) y extrínsecos (temperatura ambiental, tiempo de almacenamiento, compactación, daño del empaque), que pueden ser cuantificados y modelados mediante microbiología predictiva. Esta disciplina permite

anticipar los momentos críticos de riesgo fúngico y definir estrategias de control basadas en evidencia científica (Alemayehu et al., 2023).

Las levaduras son generalmente las primeras en aparecer tras la apertura de un silo o ante el ingreso de oxígeno, ya que toleran ambientes ácidos y tienen una alta capacidad de utilizar ácido láctico como fuente de carbono, desestabilizando el ensilado. Por otro lado, los mohos requieren mayor disponibilidad de oxígeno y tiempo para desarrollarse, pero pueden producir micotoxinas incluso en bajas concentraciones.

Los géneros de mohos más frecuentemente detectados en ensilajes deteriorados incluyen *Aspergillus*, *Penicillium*, *Fusarium* y *Mucor*. En cuanto a levaduras, destacan *Candida*, *Pichia*, *Saccharomyces* y *Hansenula*. La presencia de estos organismos compromete la seguridad del alimento animal, ya que algunas especies son productoras de aflatoxinas, ocratoxinas y zearalenona, sustancias con efectos hepatotóxicos, inmunosupresores y carcinogénicos.

Desde el enfoque predictivo, el desarrollo de modelos cuantitativos permite simular el crecimiento microbiano en función del tiempo, la temperatura y la actividad de agua. Modelos logísticos y de Gompertz han sido adaptados para describir la cinética de crecimiento de levaduras en ensilajes de maíz y pasto, con buenos ajustes en condiciones controladas (Luesuwan et al., 2021).

En estudios experimentales, *Candida tropicalis* ha mostrado una tasa de crecimiento (μ_{max}) de 0.18 h^{-1} a 25°C y a_w de 0.96 en sustratos fermentados de gramíneas. El modelo de Baranyi ha demostrado ser útil para capturar la dinámica poblacional, especialmente cuando se integran datos de la fase de latencia y de inhibición por productos secundarios.

Para el caso de mohos, los modelos son más complejos debido a su crecimiento filamentosos y la formación de esporas. Se han utilizado modelos tipo Weibull y Arrhenius para representar su respuesta a cambios de temperatura y humedad relativa. Por ejemplo, *Aspergillus flavus* presenta un crecimiento óptimo a temperaturas de 30–35 °C y a a_w superior a 0.90, condiciones alcanzables en silos mal sellados durante épocas cálidas.

La predicción de la producción de micotoxinas ha sido abordada mediante modelos secundarios que vinculan la tasa de producción de metabolitos tóxicos con factores ambientales. Estos modelos han mostrado que la producción de aflatoxina B1 en ensilajes contaminados con *A. flavus* se incrementa exponencialmente por encima de 28 °C y en presencia de oxígeno residual (Zhou et al., 2022).

Para representar la dinámica de deterioro del forraje, se han propuesto modelos integrados que combinan crecimiento de levaduras, acidificación, consumo de ácido láctico y aumento de pH. Esta aproximación permite identificar los puntos críticos en la cadena de conservación y diseñar intervenciones preventivas, como el uso de sellos herméticos, inoculantes antifúngicos y sistemas de monitoreo continuo.

La validación de estos modelos requiere de ensayos de almacenamiento bajo condiciones reales, en los que se evalúe la evolución de las poblaciones microbianas y los parámetros fisicoquímicos del ensilado. Se utilizan técnicas como el recuento en placa, PCR cuantitativa, cromatografía para detección de micotoxinas y análisis multivariado para ajustar los parámetros del modelo.

En América Latina, el uso de modelos predictivos ha sido aplicado en ensilajes tropicales, donde las condiciones de alta humedad y

temperaturas elevadas aumentan la probabilidad de proliferación de mohos. Investigaciones realizadas en Brasil y Colombia han demostrado que el uso de modelos logísticos ajustados a condiciones locales permite predecir el riesgo de deterioro con una precisión superior al 85%.

También se ha explorado el uso de imágenes hiperespectrales y sensores de gases como indicadores indirectos del crecimiento fúngico. Estos datos se integran en modelos tipo machine learning para mejorar la precisión predictiva y reducir la dependencia de análisis microbiológicos costosos.

Otra herramienta emergente es la utilización de redes neuronales artificiales (ANN) entrenadas con bases de datos históricos, que pueden predecir no solo la presencia de mohos o levaduras, sino también su impacto sobre la digestibilidad y el valor nutricional del forraje.

Desde una perspectiva práctica, la microbiología predictiva permite optimizar el tiempo de almacenamiento, seleccionar el momento adecuado para el uso del ensilado, y establecer protocolos de calidad para la recepción, manipulación y apertura de silos.

Las agencias sanitarias internacionales como la FAO y el Codex Alimentarius reconocen la importancia del monitoreo y predicción de micotoxinas en alimentos animales, y han promovido el uso de modelos de riesgo como apoyo a la toma de decisiones regulatorias.

En la formulación de aditivos antifúngicos, la microbiología predictiva permite probar diferentes formulaciones en simulaciones antes de su aplicación en campo, reduciendo costos y aumentando la eficacia de los productos comerciales.

El desarrollo de software especializados para modelado de deterioro en ensilajes, como SILOMODEL y PREDICTSILAGE, está facilitando la transferencia de esta tecnología a técnicos, cooperativas y grandes explotaciones ganaderas.

En contextos de producción intensiva, donde los forrajes almacenados representan una parte significativa de la dieta, los beneficios del modelado predictivo incluyen reducción de pérdidas por deterioro, disminución de casos clínicos asociados a micotoxinas y mejora en la eficiencia alimentaria.

La conclusión del Capítulo 5 permite establecer que la microbiología predictiva no es solo un ejercicio matemático, sino una herramienta de gestión estratégica que transforma la producción animal en una disciplina de precisión. Al integrar la variabilidad biológica de matrices como la leche cruda, la carne molida y el huevo con modelos cinéticos de crecimiento e inactivación, el zootecnista puede anticipar comportamientos de patógenos como *Listeria monocytogenes* o *E. coli* O157:H7 bajo escenarios reales de fluctuación térmica y competencia microbiana. Esta capacidad de modelar el ecosistema productivo —desde la granja hasta el procesamiento— facilita la identificación de puntos críticos de control, optimiza el uso de barreras biológicas como las bacterias ácido-lácticas en quesos y garantiza una toma de decisiones basada en evidencia cuantitativa que protege la salud pública y mejora la rentabilidad de los sistemas pecuarios en contextos dinámicos como los de América Latina (figura 20).







Matriz	Microorganismo Objetivo	Parámetro Crítico	Aplicación Principal
 Queso Fresco	 <i>Lactococcus lactis</i>	 pH y Textura	 Optimización del tiempo de fermentación.
 Queso Madurado	 BAL Probióticas	 Viabilidad (N_{max})	 Garantizar funcionalidad nutricional.
 Canal Porcina	 <i>Salmonella enterica</i>	 Temperatura superficial	 Validación de sistemas de enfriamiento rápido.
 Carne Molida	 <i>E. coli</i> O157:H7	 Fase Lag (λ)	 Estimación de vida útil y riesgo sanitario.

Figura 20. Comparativa de Aplicaciones por Matriz.

CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 5. Aplicaciones prácticas en sistemas de producción animal

- 1. ¿Por qué los sistemas pecuarios actuales deben entenderse como ecosistemas productivos complejos?**
 - a) Porque el comportamiento microbiano depende de interacciones multifactoriales no lineales entre variables ambientales, biológicas y tecnológicas.
 - b) Porque los modelos matemáticos solo son válidos cuando se analiza un único factor de crecimiento a la vez.
 - c) Debido a que la variabilidad biológica de los animales impide el uso de herramientas de modelación precisas.
 - d) Porque la industria agroalimentaria requiere que todos los procesos sean manuales para garantizar la calidad.

- 2. ¿Qué patógeno se destaca por su capacidad de sobrevivir y crecer en instalaciones de procesamiento a temperaturas de refrigeración (4 °C)?**
 - a) *Salmonella enterica*.
 - b) *Escherichia coli* O157:H7.
 - c) *Listeria monocytogenes*.
 - d) *Campylobacter jejuni*.

- 3. En la elaboración de quesos, ¿cuál es una de las funciones principales de modelar el crecimiento de las Bacterias Acido-Lácticas (BAL)?**
 - a) Sustituir el uso de cuajo por algoritmos matemáticos de acidificación.
 - b) Predecir el desarrollo de atributos sensoriales y actuar como barrera natural contra patógenos.
 - c) Eliminar la necesidad de pasteurizar la leche cruda en todos los casos.
 - d) Aumentar artificialmente el contenido de grasa del producto final.

4. ¿Cómo afecta el proceso de molienda a la dinámica de microorganismos en la carne molida?

- a) Reduce el área superficial, limitando el contacto de las bacterias con el oxígeno.
- b) Dispersa los microorganismos superficiales por toda la matriz y aumenta la disponibilidad de nutrientes.
- c) Actúa como un método físico de desinfección al destruir las paredes celulares bacterianas.
- d) Acidifica el tejido muscular de forma natural, inhibiendo a los patógenos entéricos.

5. En la cadena cárnica, ¿qué ocurre con el parámetro cinético μ_{\max} si la temperatura de almacenamiento sube ligeramente por encima de los niveles óptimos?

- a) El valor de μ_{\max} aumenta, acelerando la velocidad de crecimiento microbiano.
- b) El valor de μ_{\max} disminuye porque las bacterias entran en fase estacionaria prematura.
- c) μ_{\max} permanece constante, ya que solo depende del pH inicial de la canal.
- d) μ_{\max} se vuelve negativo, indicando la muerte celular inmediata por choque térmico.

6. ¿Cuál es una aplicación de las simulaciones Monte Carlo mencionadas en el estudio de quesos artesanales?

- a) Automatizar el etiquetado de los productos según su peso exacto.
- b) Estimar la probabilidad de éxito de la dominancia de las BAL frente a contaminantes en lotes variables.
- c) Predecir el precio del mercado internacional de lácteos en tiempo real.
- d) Identificar la raza de la vaca mediante el análisis de la acidez de la leche.

7. El modelo de Ratkowsky se utiliza frecuentemente como modelo secundario para:

- a) Describir la fase lag en función del tiempo de transporte únicamente.
- b) Relacionar el efecto de la temperatura ambiental con la tasa máxima de crecimiento (μ_{\max}).
- c) Contar el número de colonias en una placa de Petri de forma automática.
- d) Medir la resistencia mecánica de la cáscara del huevo durante el almacenamiento.

8. En la producción avícola intensiva, ¿qué combinación de factores influye en la persistencia de *Campylobacter jejuni*?

- a) La densidad animal, el manejo de las camas y las condiciones climáticas.
- b) El color del plumaje de las aves y la intensidad del canto matutino.
- c) La marca del equipo de ventilación y el tipo de iluminación LED utilizada.
- d) Únicamente el contenido de calcio en la dieta de las aves de postura.

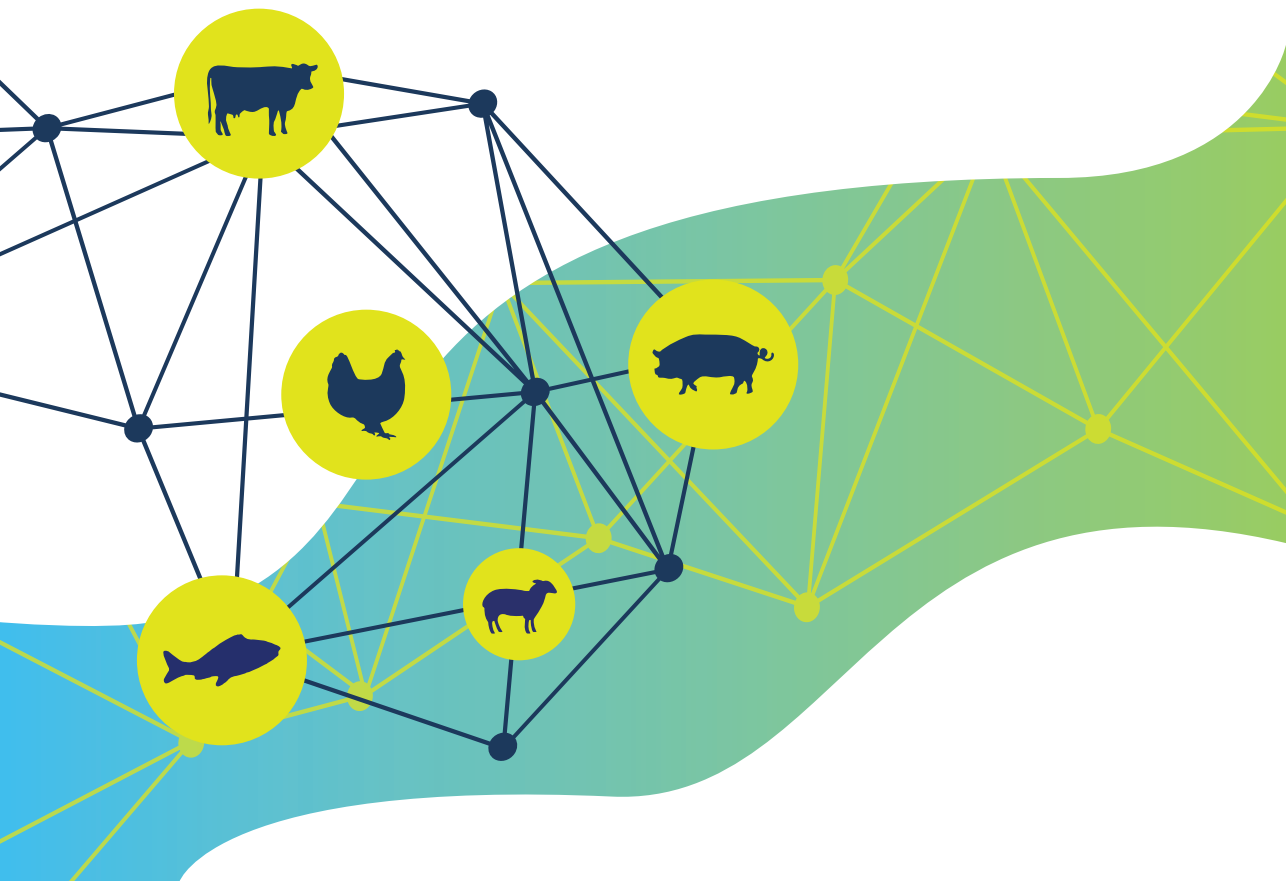
9. ¿Qué ventaja técnica ofrece el uso de software como R o Python en el contexto del Capítulo 5?

- a) Permite el ajuste de modelos mediante métodos de regresión no lineal y la simulación de escenarios de riesgo.
- b) Garantiza que los patógenos no muten durante el almacenamiento prolongado.
- c) Reemplaza la necesidad de realizar controles de higiene físicos en las plantas de beneficio.
- d) Automatiza la compra de insumos mediante el análisis de la microbiota intestinal.

10. ¿Cuáles es el papel de la microbiología predictiva en la gestión del riesgo según el texto?

- a) Actuar como una herramienta estratégica que transforma datos en evidencia cuantitativa para la toma de decisiones.
- b) Eliminar por completo la variabilidad biológica de los sistemas de producción animal.
- c) Establecer precios fijos para los alimentos de origen animal basados en modelos de crecimiento.
- d) Prohibir el uso de cualquier tecnología emergente que no sea matemática pura.

***Capítulo 6. Microbiología predictiva
y el rol transformador de la
enfermería en salud pública rural***



Introducción

La enfermería desempeña un papel fundamental en la prevención y control de riesgos asociados a la interacción entre seres humanos, animales y el ambiente. A partir de la microbiología predictiva, que permite anticipar la aparición y proliferación de patógenos de interés en salud pública como *Salmonella spp.*, *Campylobacter* o *Escherichia coli O157:H7*, el personal de enfermería orienta intervenciones educativas y comunitarias dirigidas a productores y familias rurales. Estas acciones incluyen campañas de sensibilización sobre las zoonosis más prevalentes en cada región, la promoción de prácticas seguras de consumo de alimentos de origen animal como la pasteurización de la leche y la adecuada cocción de la carne, así como la participación en jornadas de vacunación y tamizaje a trabajadores en contacto directo con animales. De igual manera, fomenta la adopción de protocolos de bioseguridad en granjas y mataderos, utilizando la información predictiva para identificar los puntos críticos de mayor riesgo sanitario. Estas acciones preventivas no solo reducen la propagación de enfermedades, sino que también evidencian la necesidad de un enfoque integral que articule la salud animal, humana y ambiental, promoviendo estrategias coordinadas y sostenibles.

El enfoque One Health representa una transformación paradigmática en la manera de comprender y abordar los desafíos sanitarios contemporáneos. Reconocer la interdependencia entre la salud humana, animal y ambiental no es únicamente un planteamiento teórico, sino una necesidad urgente ante el aumento de zoonosis, la resistencia antimicrobiana, la inseguridad alimentaria y el impacto del deterioro ambiental en la salud colectiva. En este contexto, considero que la enfermería ocupa una posición estratégica y diferencial para materializar este enfoque en la práctica cotidiana.

Históricamente, la enfermería ha sido asociada principalmente con la atención directa al paciente; sin embargo, su campo de acción trasciende ampliamente el cuidado clínico individual. En los territorios rurales, donde las dinámicas productivas, sociales y ambientales están profundamente interconectadas, las enfermeras y enfermeros se convierten en actores clave para articular intervenciones integrales que impacten simultáneamente la salud de las personas, la sanidad animal y la sostenibilidad de los ecosistemas. Desde la educación comunitaria hasta la vigilancia epidemiológica, pasando por la promoción del uso racional de antimicrobianos y la implementación de prácticas de bioseguridad, la enfermería puede liderar procesos que fortalezcan una cultura de corresponsabilidad sanitaria.

Estoy convencida de que el compromiso con el enfoque One Health transforma la práctica profesional de la enfermería. Este compromiso amplía su alcance más allá del encuentro asistencial, proyectándolo hacia la gestión de riesgos, la formulación de políticas públicas, la investigación aplicada y la colaboración interdisciplinaria. Las enfermeras no solo participan en la ejecución de programas sanitarios, sino que pueden y deben ocupar espacios de liderazgo en la toma de decisiones, en

la construcción de normativas y en el diseño de estrategias preventivas basadas en evidencia científica, incluida la microbiología predictiva.

La integración efectiva del enfoque One Health permite demostrar, mediante ejemplos concretos y análisis territoriales, que las intervenciones coordinadas generan mejores resultados en salud. La prevención de zoonosis a través de prácticas seguras en sistemas pecuarios, el control de la resistencia antimicrobiana mediante programas de uso racional de antibióticos y la promoción de entornos laborales saludables son evidencia de que la articulación entre disciplinas no solo es posible, sino necesaria. Esta integración transforma la práctica clínica tradicional en una práctica ampliada, con impacto directo en la salud pública y en la sostenibilidad de los sistemas productivos y sociales.

Las enfermeras están posicionadas de manera única para liderar la reducción de disparidades en la atención sanitaria y en la salud pública, especialmente en contextos rurales y vulnerables. Su cercanía con las comunidades, su formación en cuidado integral y su capacidad de gestión las convierten en agentes estratégicos para impulsar cambios estructurales orientados al bienestar global. Al asumir roles de liderazgo en gestión, formación, formulación de políticas y colaboración intersectorial, la enfermería fortalece su identidad profesional y amplía su contribución al desarrollo sostenible.

También otro ámbito prioritario para la enfermería es el control de la resistencia antimicrobiana (RAM). A partir de la evidencia generada por los modelos predictivos, que permiten evaluar la propagación de genes de resistencia y el impacto del uso inadecuado de antibióticos, la enfermería lidera procesos educativos comunitarios orientados al uso

racional de antimicrobianos en la producción pecuaria y en el cuidado de la salud humana. Además, cumple un rol de vigilancia frente a la automedicación y el uso indiscriminado de antibióticos en animales, articulándose con médicos y veterinarios en programas regionales de sensibilización y promoción de prácticas responsables, fortaleciendo así la protección colectiva frente a esta amenaza global.

La microbiología predictiva ha emergido como una herramienta esencial en la gestión de riesgos sanitarios, permitiendo anticipar la aparición y proliferación de patógenos en ambientes humanos, animales y ambientales. En este contexto, la enfermería desempeña un rol estratégico en la prevención, educación, vigilancia y articulación comunitaria, especialmente en zonas rurales donde los sistemas pecuarios y las condiciones socioeconómicas aumentan la vulnerabilidad frente a enfermedades zoonóticas y resistencia antimicrobiana.

6.1. Enfermería y microbiología predictiva: Prevención de zoonosis

La microbiología predictiva permite modelar el comportamiento de microorganismos como *Salmonella spp.*, *Campylobacter* y *Escherichia coli O157:H7*, facilitando la identificación de puntos críticos en la cadena alimentaria y en ambientes de producción animal. La enfermería, en este marco, lidera campañas de sensibilización sobre zoonosis prevalentes, promueve prácticas seguras como la pasteurización de la leche y la cocción adecuada de carnes, y participa activamente en jornadas de vacunación y tamizaje en comunidades rurales (Chernysheva et al., 2021).

Además, fomenta la adopción de protocolos de bioseguridad en granjas y mataderos, utilizando datos predictivos para orientar

intervenciones específicas. Estas acciones se alinean con las funciones esenciales de la salud pública definidas por la OMS: vigilancia, promoción de conductas saludables y protección ambiental (FAO, 2018). En este sentido, comprender las actitudes del personal de enfermería frente a las intervenciones ambientales resulta fundamental para fortalecer la efectividad de las estrategias preventivas. Como señalan Dungan et al. (2021), aunque las actitudes del o la enfermera hacia la promoción de la salud ambiental son mayoritariamente favorables, es necesario consolidar procesos de formación continua que potencien su impacto en la prevención de enfermedades infecciosas. Este hallazgo pone de manifiesto que la disposición profesional, por sí sola, no es suficiente si no se encuentra respaldada por herramientas científicas que orienten la toma de decisiones.

Es precisamente en este punto donde la microbiología predictiva adquiere relevancia estratégica. La integración de modelos predictivos en la práctica de enfermería no solo fortalece el conocimiento técnico sobre el comportamiento de los patógenos, sino que transforma las actitudes positivas en intervenciones estructuradas, basadas en evidencia y orientadas a resultados medibles. De esta manera, la enfermería comunitaria puede trascender la sensibilización general para implementar acciones focalizadas en los puntos críticos de riesgo identificados en la cadena alimentaria y en los sistemas de producción animal.

Así, la convergencia entre actitudes proactivas y herramientas predictivas consolida un modelo preventivo más robusto, donde la educación sanitaria, la vigilancia epidemiológica y la gestión ambiental se articulan en coherencia con los principios del enfoque One Health.

6.2. Control de la resistencia antimicrobiana (RAM)

La resistencia antimicrobiana (RAM) constituye una de las amenazas más graves para la salud pública mundial, con proyecciones que estiman hasta 10 millones de muertes anuales para el año 2050 si no se implementan medidas efectivas de contención (Carlson et al., 2021). Este fenómeno es el resultado de múltiples factores interrelacionados, entre ellos el uso inapropiado de antibióticos en la práctica clínica, la automedicación, la falta de adherencia a los tratamientos y su empleo indiscriminado en la producción pecuaria. La presión selectiva ejercida por estos usos inadecuados favorece la aparición y diseminación de microorganismos resistentes, comprometiendo la eficacia terapéutica y aumentando la morbimortalidad, los costos sanitarios y la complejidad de los tratamientos.

En América Latina, y particularmente en Colombia, la vigilancia epidemiológica ha evidenciado patrones crecientes de resistencia en patógenos de relevancia clínica como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Staphylococcus aureus*, lo que confirma la necesidad de fortalecer estrategias de monitoreo, regulación y educación sanitaria. En este contexto, la microbiología predictiva aporta herramientas fundamentales para modelar la propagación de genes de resistencia, analizar tendencias de consumo de antimicrobianos y estimar el impacto potencial de intervenciones preventivas. Esta capacidad de anticipación permite diseñar políticas más eficaces y focalizadas, especialmente en entornos rurales donde el control sanitario puede ser limitado.

La enfermería desempeña un papel estratégico en la implementación de estas acciones, al liderar procesos educativos comunitarios orientados al uso racional de antimicrobianos tanto en salud humana

como en producción animal. Su intervención incluye la vigilancia frente a la automedicación y al uso indiscriminado de antibióticos, prácticas que han sido identificadas como determinantes críticos en el desarrollo de resistencia. Asimismo, participa activamente en programas de optimización del uso de antimicrobianos, que incorporan herramientas de gestión como la Dosis Diaria Definida y el monitoreo sistemático del consumo, permitiendo evaluar patrones de prescripción y promover ajustes basados en evidencia (Dungan et al., 2021).

De igual manera, la articulación interdisciplinaria con médicos y profesionales veterinarios fortalece campañas regionales de sensibilización y control, consolidando una respuesta coordinada frente a la RAM. Esta colaboración resulta esencial bajo el enfoque One Health, que reconoce la interconexión entre la salud humana, animal y ambiental en la dinámica de la resistencia antimicrobiana. Así, la enfermería no solo contribuye a la educación y vigilancia, sino que se posiciona como un actor clave en la gobernanza sanitaria local, promoviendo prácticas responsables que protejan la eficacia de los antimicrobianos y fortalezcan la salud pública colectiva (Dungan et al. 2021).

6.3. Intervención en sistemas pecuarios y ambientes laborales

Los sistemas de producción animal intensiva presentan riesgos laborales significativos. La microbiología predictiva aporta información clave sobre la presencia de patógenos en estos ambientes, permitiendo a la enfermería implementar medidas preventivas como la dotación y el uso adecuado de equipos de protección personal (EPP), la realización de evaluaciones periódicas de salud para trabajadores expuestos y la

elaboración de protocolos de respuesta ante incidentes de riesgo biológico (Martínez-Muñoz et al., 2022).

Asimismo, la enfermería lidera procesos educativos sobre factores ambientales como la ventilación, la humedad y la higiene de las instalaciones, los cuales contribuyen a limitar la proliferación microbiana y a proteger tanto la salud del trabajador como la seguridad de la cadena alimentaria.

6.4. Retos y oportunidades en el ámbito rural

En relación a la enfermería rural enfrenta desafíos únicos, entre ellos la dispersión geográfica, la escasez de recursos, la falta de infraestructura y el aislamiento social. Sin embargo, también cuenta con oportunidades para implementar soluciones innovadoras como la telemedicina, el trabajo colaborativo y la integración de tecnologías de la información (Fernández Blanco et al., 2025).

Las intervenciones del profesional en áreas rurales, interviniendo en educación para la salud, monitoreo de enfermedades crónicas y atención domiciliaria, son fundamentales para mejorar la salud comunitaria. La formación continua y el reconocimiento profesional resultan claves para fortalecer su impacto (Liu et al., 2021).

La intervención en los sistemas pecuarios constituye otro escenario estratégico. La enfermería, apoyada en la información que aporta la microbiología predictiva sobre los riesgos laborales en ambientes de producción intensiva, implementa medidas preventivas que incluyen la dotación y el uso adecuado de equipos de protección personal, la promoción de evaluaciones periódicas de salud en trabajadores

expuestos y la elaboración de protocolos de respuesta ante incidentes de riesgo biológico. Además, lidera procesos educativos sobre ventilación, humedad e higiene de las instalaciones, contribuyendo a limitar la proliferación microbiana y a proteger tanto la salud del trabajador como la seguridad de la cadena alimentaria.

Finalmente, la enfermería apoyada en la microbiología predictiva se consolida como un agente transformador en la salud pública rural. Su rol trasciende el cuidado clínico, abarcando la educación, la vigilancia epidemiológica, la gestión de riesgos y la promoción de prácticas sostenibles en sistemas agropecuarios. Para maximizar su impacto, es fundamental fortalecer su formación, definir con claridad sus funciones específicas y fomentar la colaboración intersectorial.

CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 6. Microbiología predictiva y el rol transformador de la enfermería en salud pública rural

- 1. ¿Cuál es el papel estratégico de la enfermería rural en relación con la microbiología predictiva?**
 - a) Realizar el mantenimiento técnico de los software de modelación matemática.
 - b) Orientar intervenciones educativas y comunitarias basadas en la anticipación de riesgos microbiológicos.
 - c) Sustituir la labor del médico veterinario en el diagnóstico de enfermedades animales.
 - d) Limitar su actuación exclusivamente al cuidado clínico individual en centros hospitalarios.

- 2. ¿Cómo utiliza el personal de enfermería la información predictiva en granjas y mataderos?**
 - a) Para calcular el precio de venta de los productos cárnicos.
 - b) Para identificar puntos críticos de mayor riesgo sanitario y fomentar protocolos de bioseguridad.
 - c) Para diseñar la arquitectura física de las instalaciones pecuarias.
 - d) Para determinar las razas de animales con mayor crecimiento muscular.

- 3. El enfoque "One Health" (Una Sola Salud) se define en el texto como:**
 - a) Un programa de salud enfocado únicamente en la vacunación humana.
 - b) Una estrategia para reducir costos en la producción de medicamentos.
 - c) La interdependencia entre la salud humana, animal y ambiental ante desafíos como las zoonosis y la RAM.
 - d) Un modelo de atención que prioriza la salud urbana sobre la rural.

4. ¿Qué acciones preventivas lidera la enfermería para mitigar el riesgo de zoonosis en zonas rurales?

- a) Promoción de la pasteurización de la leche y la adecuada cocción de la carne.
- b) Venta de insumos químicos para la desinfección de suelos.
- c) Implementación de sistemas de riego para cultivos hidropónicos.
- d) Distribución de fertilizantes orgánicos para pequeños productores.

5. Según el texto, ¿qué factores han sido identificados como determinantes críticos en el desarrollo de la Resistencia Antimicrobiana (RAM)?

- a) El exceso de ejercicio físico en los trabajadores rurales.
- b) La falta de infraestructura vial en las zonas de producción.
- c) El uso inapropiado de antibióticos, la automedicación y el empleo indiscriminado en la producción pecuaria.
- d) El consumo de alimentos con alto contenido de carbohidratos.

6. ¿Qué herramientas de gestión utiliza la enfermería para monitorear el consumo de antimicrobianos?

- a) La Dosis Diaria Definida (DDD) y el monitoreo sistemático del consumo.
- b) La escala de pH en las fuentes de agua superficial.
- c) El conteo de células somáticas en la leche cruda únicamente.
- d) El registro de temperaturas máximas y mínimas en los galpones.

7. En el ámbito de los sistemas pecuarios intensivos, ¿cuál es una intervención de enfermería para proteger la salud del trabajador?

- a) La selección genética de animales menos agresivos.
- b) La dotación y supervisión del uso adecuado de Equipos de Protección Personal (EPP).
- c) El ajuste de las fórmulas nutricionales para el ganado de engorde.
- d) La reparación de maquinaria pesada para evitar accidentes mecánicos.

8. ¿Qué importancia tienen las actitudes del personal de enfermería hacia la salud ambiental según Chiluisa Guacho et al. (2022)?

- a) Son irrelevantes si no se cuenta con un presupuesto elevado.
- b) Son favorables, pero requieren formación continua para transformar la disposición en intervenciones estructuradas.
- c) Son negativas debido al aislamiento social de las zonas rurales.
- d) Se enfocan exclusivamente en el reciclaje de desechos hospitalarios.

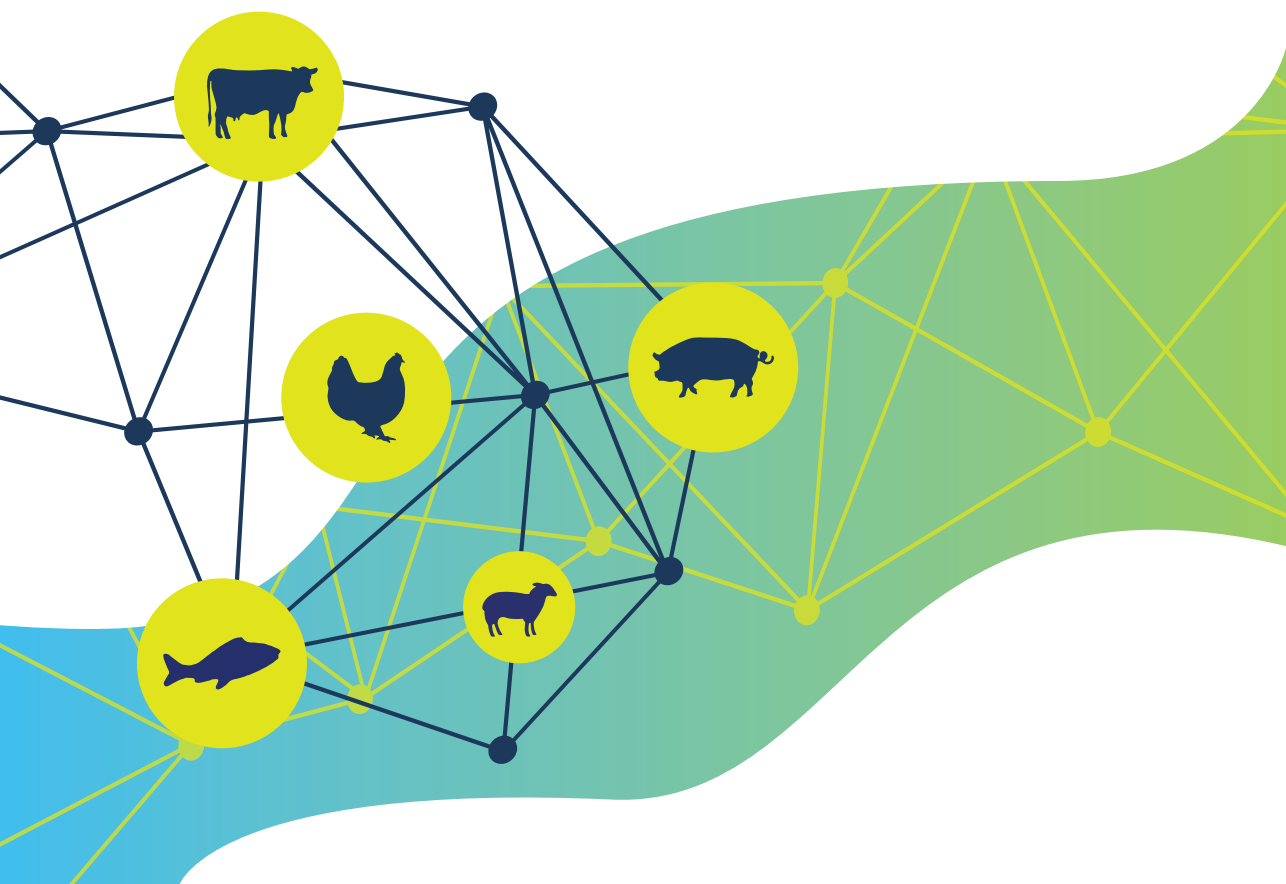
9. ¿Cuáles son algunos de los retos específicos que enfrenta la enfermería en el contexto rural?

- a) El exceso de especialistas en los centros de salud locales.
- b) La dispersión geográfica, escasez de recursos y falta de infraestructura.
- c) La baja demanda de servicios de salud por parte de los productores.
- d) La saturación de tecnologías de información y comunicación (TIC).

10. ¿Cuál es la conclusión principal sobre el impacto de la enfermería apoyada en la microbiología predictiva?

- a) Se consolida como un agente transformador que trasciende el cuidado clínico hacia la gestión integral de riesgos y sostenibilidad.
- b) Su impacto es mínimo comparado con las intervenciones de ingeniería ambiental.
- c) Reduce la necesidad de colaboración intersectorial entre médicos y veterinarios.
- d) Se limita a la recolección de datos estadísticos para oficinas gubernamentales.

Capítulo 7. Tecnologías emergentes y digitalización



Introducción

La microbiología predictiva ha evolucionado desde modelos matemáticos clásicos hacia enfoques integrados que combinan ciencia de datos, inteligencia artificial, sensores y plataformas digitales. Esta transición ha sido impulsada por la necesidad de contar con herramientas más precisas, adaptativas y aplicables en tiempo real para la toma de decisiones en sistemas pecuarios. En este contexto, las tecnologías emergentes y la digitalización están revolucionando la forma en que se recolectan, procesan y utilizan los datos microbiológicos en la producción animal (Huo & Wang, 2024).

El desarrollo de sensores ambientales, capaces de monitorear variables como temperatura, humedad, actividad de agua y gases de fermentación, ha permitido alimentar modelos predictivos con datos en tiempo real. Esta capacidad no solo mejora la precisión de las predicciones, sino que también habilita sistemas de alerta temprana que pueden prevenir brotes microbianos o pérdidas en la calidad de productos pecuarios como leche, carne, huevos o forrajes ensilados (Li et al., 2024).

La integración del Internet de las Cosas (IoT), plataformas en la nube y algoritmos de aprendizaje automático ha dado paso a una microbiología predictiva más inteligente y conectada. Estas tecnologías permiten automatizar la recolección de datos, mejorar la trazabilidad microbiológica

y generar modelos personalizados para cada unidad productiva. Además, su escalabilidad permite su aplicación tanto en grandes sistemas tecnificados como en explotaciones rurales de menor escala (Kalyan et al., 2024).

Otro avance fundamental es el uso de modelos híbridos, que combinan redes neuronales, lógica difusa y algoritmos genéticos para capturar la complejidad de la dinámica microbiana en ambientes pecuarios. Estas herramientas son especialmente útiles para predecir eventos poco frecuentes o altamente variables, como la aparición de bacterias resistentes o la producción de toxinas en condiciones límite.

7.1. Rol de sensores ambientales en la recolección de datos microbiológicos

El uso de sensores ambientales representa uno de los avances más significativos en la digitalización de la microbiología predictiva aplicada a los sistemas pecuarios. Estos dispositivos permiten recolectar datos en tiempo real sobre variables críticas que influyen directamente en la dinámica microbiana, tales como temperatura, humedad relativa, pH, actividad de agua, concentración de gases (CO_2 , O_2 , NH_3), radiación UV, y parámetros físico-químicos del agua o aire (Khurshid et al., 2022).

En microbiología predictiva, los sensores ambientales permiten capturar de forma continua y automatizada las condiciones que afectan el crecimiento, supervivencia o inactivación de microorganismos. Esta información es vital para alimentar modelos primarios y secundarios que describen la cinética microbiana bajo diferentes escenarios productivos, optimizando la gestión del riesgo microbiológico (figura 21).

Tecnología	Componente Clave	Función Principal	Aplicación Pecuaría
 Sensores	Transductores de T^a , pH, a_w	Captura de datos en tiempo real	Monitoreo de tanques de leche y silos.
 IoT / Cloud	Protocolos LoRaWAN, Wi-Fi	Transmisión y conectividad masiva	Trazabilidad en transporte de carne.
 Visión Artificial	Cámaras térmicas y multiespectrales	Detección no invasiva de deterioro	Identificación de mohos en quesos y embutidos.
 Plataformas	ComBase, Dashboards locales	Visualización y alerta temprana	Soporte a la decisión en plantas de beneficio.

Figura 21. Ecosistema Tecnológico en Microbiología Predictiva.

Los sensores de temperatura, por ejemplo, son esenciales para predecir la tasa de crecimiento de patógenos como *Salmonella spp.*, *Listeria monocytogenes* o *Escherichia coli* en matrices alimenticias o en ambientes de producción animal. La temperatura ambiental y de superficie incide directamente en los parámetros cinéticos de los modelos de Gompertz o Baranyi, permitiendo establecer límites críticos y protocolos de intervención basados en evidencia (Akinsemolu & Onyeaka, 2025).

Otro tipo común de sensores son los de humedad relativa y actividad de agua, los cuales se utilizan en la predicción de desarrollo de hongos y levaduras en ensilajes, alimentos balanceados o instalaciones de almacenamiento. Modelos como los de Arrhenius o Weibull incorporan estos datos para estimar tasas de deterioro y riesgo de micotoxinas.

La aplicación de sensores de gases como CO₂, amoníaco y oxígeno disuelto ha demostrado ser útil en el control de fermentaciones y ambientes cerrados como silos, galpones avícolas, biofiltros de acuicultura y corrales cerrados. Estos gases sirven como indicadores indirectos del metabolismo microbiano y del bienestar animal, lo que permite anticipar cambios desfavorables en la microbiota o en la salud de los animales.

Los sistemas basados en sensores ofrecen además la posibilidad de georreferenciar los datos, integrándolos en plataformas de agricultura y ganadería de precisión. De este modo, es posible mapear zonas de riesgo microbiológico dentro de una instalación, correlacionando la carga microbiana con variables microambientales y factores estructurales (Lee et al., 2023).

En la producción lechera, sensores de conductividad eléctrica, temperatura y flujo del ordeño son empleados para detectar alteraciones en la calidad microbiológica de la leche cruda. Estos sensores, al integrarse con modelos predictivos, permiten identificar patrones compatibles con mastitis subclínica o contaminación bacteriana del sistema de ordeño.

En acuicultura, sensores de calidad del agua como pH, turbidez, oxígeno disuelto, temperatura y nitrógeno total son fundamentales para modelar la aparición de *Vibrio spp.*, *Aeromonas* y otros patógenos acuáticos. La información recopilada alimenta modelos que predicen el riesgo de brotes bacterianos, especialmente en sistemas de recirculación (RAS).

La ventaja de utilizar sensores radica en su capacidad para reducir el sesgo y la variabilidad asociada a las mediciones manuales. Además, permiten un muestreo mucho más intensivo en el tiempo y espacio,

mejorando la representatividad y resolución temporal de los datos microbiológicos.

En cuanto a tecnología, los sensores pueden ser inalámbricos (conectados por Bluetooth, Wi-Fi, LoRaWAN) y alimentarse mediante baterías de larga duración o energía solar. Esto facilita su uso en ambientes rurales o de difícil acceso, aumentando su aplicabilidad en explotaciones pecuarias latinoamericanas.

El valor de los sensores también radica en su integración con plataformas de análisis como software estadístico, sistemas de información geográfica (SIG), y entornos de modelado en R, Python o MATLAB. Esto habilita la automatización de flujos de trabajo y la visualización dinámica de resultados.

Algunos sensores incorporan procesamiento en el borde (edge computing), lo cual permite analizar los datos localmente sin necesidad de enviar continuamente grandes volúmenes de información a la nube. Esta capacidad es especialmente útil en lugares con conectividad limitada.

En términos de precisión, los sensores actuales alcanzan niveles de sensibilidad y exactitud adecuados para aplicaciones microbiológicas, aunque su calibración y mantenimiento son fundamentales para asegurar datos de calidad. La trazabilidad de los sensores y la verificación de sus mediciones son componentes críticos en protocolos de aseguramiento de la calidad.

El uso de sensores ha permitido generar bases de datos robustas para la calibración de modelos predictivos. Estas bases de datos históricas, al ser alimentadas de forma continua, permiten aplicar

técnicas de aprendizaje automático para mejorar las predicciones e identificar tendencias ocultas.

En la gestión del riesgo microbiológico, los sensores se utilizan para implementar sistemas de alerta temprana. Estos sistemas notifican automáticamente a los operadores cuando una variable supera un umbral crítico, activando protocolos de control como la ventilación, el enfriamiento, el ajuste de dieta o la aplicación de tratamientos antimicrobianos.

Desde el punto de vista educativo, la incorporación de sensores en prácticas de microbiología predictiva permite a estudiantes de pregrado y posgrado interactuar con sistemas reales, aprender sobre la variabilidad ambiental y su impacto en los modelos, y desarrollar competencias en tecnología aplicada a la producción animal.

También existen sensores diseñados específicamente para detectar metabolitos microbianos, como compuestos volátiles, que sirven como marcadores de contaminación, fermentación o deterioro. Estos biosensores amplían el espectro de variables que pueden monitorearse en tiempo real.

En el ámbito regulatorio, el uso de sensores mejora el cumplimiento de normativas de inocuidad y calidad, ya que facilita la documentación, auditoría y trazabilidad de los procesos, aspectos clave en certificaciones como HACCP, ISO 22000 o GlobalG.A.P.

La incorporación de sensores en ambientes de producción animal permite aplicar modelos más adaptativos, con actualizaciones en tiempo real, lo cual representa un paso hacia sistemas de predicción prescriptiva, donde no solo se anticipan eventos, sino que se sugiere la mejor respuesta posible.

En el contexto del cambio climático, el monitoreo continuo mediante sensores permite anticipar impactos indirectos sobre la dinámica microbiana, como olas de calor o variaciones en la humedad ambiental que puedan alterar el comportamiento de microorganismos relevantes en la cadena productiva.

Es importante considerar el costo-beneficio en la implementación de sensores. Aunque inicialmente puede representar una inversión, su impacto en la reducción de pérdidas, mejora de la eficiencia, y disminución de riesgos sanitarios justifica ampliamente su uso.

El diseño de sistemas híbridos que combinen sensores ambientales con análisis microbiológico directo y modelos predictivos está ganando relevancia como enfoque integrado de gestión microbiológica.

7.2. Internet de las cosas (IoT) en la gestión microbiológica pecuaria

El Internet de las Cosas (IoT, por sus siglas en inglés) se ha consolidado como una tecnología clave en la digitalización de los sistemas agropecuarios. En el contexto de la microbiología predictiva, su aplicación se traduce en la posibilidad de capturar, transmitir, analizar y actuar sobre datos microbiológicos y ambientales en tiempo real, sin intervención humana directa. Esto habilita una gestión más eficiente del riesgo microbiológico, con impacto directo en la productividad, sostenibilidad e inocuidad de los sistemas pecuarios.

El concepto de IoT se basa en la interconexión de objetos físicos –como sensores, dispositivos de monitoreo, actuadores o cámaras– a través de redes digitales, que permiten compartir datos con plataformas de análisis o sistemas expertos. En microbiología predictiva, estos

dispositivos capturan variables críticas que influyen en el comportamiento microbiano: temperatura, humedad, pH, dióxido de carbono, amoníaco, actividad de agua, entre otras (Ahmed et al., 2021).

La principal ventaja del IoT frente a otros sistemas de monitoreo tradicionales radica en su capacidad para generar datos en tiempo real, a alta frecuencia, y desde múltiples puntos de la cadena productiva. Estos datos pueden alimentar modelos predictivos actualizados constantemente, lo que permite estimar el comportamiento microbiano de forma dinámica y adaptativa.

En unidades de producción animal, como granjas lecheras, explotaciones porcinas, galpones avícolas o instalaciones acuícolas, el IoT ha sido implementado para detectar condiciones de riesgo que favorecen el crecimiento de patógenos. La integración de estos datos con algoritmos predictivos posibilita una respuesta temprana, como la activación automática de sistemas de ventilación, cambios en la alimentación, o aplicación dirigida de antimicrobianos.

Una de las aplicaciones más avanzadas del IoT es su combinación con dispositivos edge computing, donde el procesamiento de datos se realiza en el mismo sensor o en una unidad cercana, reduciendo la latencia y la necesidad de transmisión constante de datos a servidores remotos. Esto es especialmente útil en zonas rurales con conectividad limitada, como muchas áreas pecuarias de América Latina.

El IoT permite también establecer sistemas de trazabilidad microbiológica en tiempo real. Por ejemplo, en la producción lechera, sensores instalados en líneas de ordeño, tanques de enfriamiento y transporte pueden recolectar datos continuos que luego se vinculan a modelos de predicción del riesgo de *Listeria monocytogenes*, facilitando decisiones sobre segregación o tratamiento.

Otra ventaja del IoT es su escalabilidad. Un mismo sistema puede monitorear múltiples variables ambientales, integrarse con sistemas de gestión de datos agrícolas (Farm Management Information Systems - FMIS) y operar con estándares abiertos que facilitan su actualización o expansión futura. Esto favorece la adopción en explotaciones medianas y grandes, así como en cooperativas (Ammann et al., 2022).

En acuicultura, el IoT ha permitido controlar el riesgo de infecciones por *Vibrio spp.*, mediante sensores que miden temperatura, salinidad, oxígeno disuelto y turbidez. Al integrar estos datos en modelos predictivos, se pueden establecer alertas que eviten brotes bacterianos y pérdidas económicas.

La implementación del IoT ha requerido el desarrollo de protocolos de comunicación eficientes, como LoRaWAN, ZigBee, NB-IoT o WiFi mesh, que garantizan la transmisión segura y estable de datos, incluso en ambientes industriales o de gran extensión.

Desde una perspectiva de microbiología predictiva, los datos recolectados por IoT se utilizan para alimentar tanto modelos primarios (crecimiento, muerte microbiana) como modelos secundarios (influencia de variables ambientales). Además, en muchos casos, se integran con plataformas de inteligencia artificial para generar modelos híbridos más robustos (Kim et al., 2023).

En la industria cárnica, dispositivos IoT han sido instalados en cámaras de refrigeración y líneas de procesamiento para monitorear temperatura, humedad y flujo de aire, factores clave para la proliferación de *Salmonella* y *E. coli O157:H7*. Estos datos se combinan con modelos de predicción para ajustar protocolos de limpieza y desinfección.

Un caso práctico en América Latina ha sido la implementación de collares inteligentes en ganado bovino, que integran sensores de temperatura, frecuencia respiratoria y geolocalización. Cuando los datos muestran desviaciones compatibles con procesos infecciosos, se activa una alerta sanitaria que permite intervención temprana, disminuyendo el uso indiscriminado de antibióticos.

La recopilación masiva de datos por medio de IoT genera nuevos desafíos en almacenamiento, ciberseguridad y análisis. Por ello, su implementación debe ir acompañada de protocolos de protección de datos, redundancia de sistemas y capacitación técnica.

El uso de dashboards interactivos y aplicaciones móviles conectadas al IoT permite que técnicos y productores accedan en tiempo real a los indicadores microbiológicos, mejorando la toma de decisiones y fortaleciendo la gestión sanitaria del sistema (Huo & Wang, 2024).

La interoperabilidad es otro aspecto crucial en IoT aplicado a microbiología predictiva. La posibilidad de que dispositivos de diferentes fabricantes se comuniquen entre sí garantiza una gestión integrada de la información y favorece la innovación tecnológica.

A nivel formativo, la incorporación del IoT en microbiología predictiva permite que estudiantes e investigadores trabajen con datos reales, aplicando conceptos de modelado, análisis estadístico, programación y biología en un contexto multidisciplinario.

Además, en explotaciones pequeñas o familiares, el IoT ofrece soluciones accesibles como sensores de bajo costo conectados a aplicaciones móviles, lo que democratiza el acceso a la predicción microbiológica y promueve sistemas más seguros y sostenibles.

Desde el punto de vista ecológico, el uso de IoT ha contribuido a una reducción significativa del desperdicio de alimentos y del uso de insumos químicos, gracias a una mejor predicción de condiciones microbiológicas adversas (Khurshid et al., 2022).

En entornos de investigación, el IoT ha permitido el desarrollo de bancos de datos que capturan la variabilidad estacional, regional y operativa de las variables ambientales, lo cual enriquece la calibración de modelos predictivos.

En términos regulatorios, el uso de IoT facilita el cumplimiento de normas sanitarias y de calidad, al permitir la documentación continua de las condiciones de producción y conservación, elemento clave en sistemas como HACCP o ISO 22000 (Moradbeikie et al., 2025).

El mantenimiento predictivo de equipos también se ha beneficiado del IoT. Por ejemplo, la detección temprana de fallos en sistemas de refrigeración evita aumentos de temperatura que favorezcan el crecimiento microbiano.

La visualización de datos en tiempo real, a través de plataformas digitales, permite comparar el comportamiento de variables ambientales y microbianas entre diferentes unidades productivas, regiones o épocas, abriendo posibilidades para la gestión comparativa del riesgo.

7.3. Plataformas digitales para predicción y alerta temprana

El desarrollo y adopción de plataformas digitales ha transformado la microbiología predictiva en una disciplina dinámica y conectada, especialmente en el contexto de la producción animal. Estas plataformas

permiten la integración de datos en tiempo real, la visualización de escenarios microbiológicos, el entrenamiento de modelos predictivos y la emisión de alertas tempranas ante condiciones críticas. Su uso es fundamental para la implementación práctica de modelos en entornos reales de producción, donde la toma de decisiones debe ser rápida, precisa y basada en evidencia.

Una plataforma digital en microbiología predictiva se define como un sistema informático que combina bases de datos microbiológicos, algoritmos de modelado, interfaces gráficas y mecanismos de comunicación con sensores o sistemas externos. Estas herramientas permiten que los datos obtenidos del ambiente, alimentos, animales o procesos productivos puedan ser transformados en conocimiento útil para la gestión del riesgo microbiológico.

Entre las plataformas más conocidas a nivel internacional se encuentra ComBase, una base de datos y herramienta de modelado desarrollada por el USDA y otras instituciones, que permite modelar el crecimiento y la inactivación de bacterias patógenas y de deterioro bajo diferentes condiciones. ComBase ha sido ampliamente utilizada tanto en entornos académicos como industriales y se ha convertido en un referente en microbiología predictiva alimentaria (Baranyi & Tamplin, 2004).

Otra plataforma relevante es el Pathogen Modeling Program (PMP), desarrollada por el USDA y el ARS, que incluye modelos matemáticos para predecir el comportamiento de *Salmonella spp.*, *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en distintos alimentos. Aunque originalmente orientada a la industria alimentaria, sus aplicaciones han sido extrapoladas a productos pecuarios como carne molida, leche cruda y quesos artesanales.

En el contexto de producción animal, las plataformas digitales han comenzado a integrar modelos específicos para matrices pecuarias. Por ejemplo, algunos desarrollos latinoamericanos incluyen plataformas que permiten modelar el deterioro de ensilajes, el crecimiento de levaduras en alimentos balanceados o la dinámica de *Vibrio spp.* en sistemas acuícolas de recirculación.

Las plataformas de predicción pueden funcionar de manera local o en la nube. Las plataformas locales son apropiadas para unidades con conectividad limitada, mientras que las plataformas basadas en la nube ofrecen escalabilidad, capacidad de almacenamiento y actualización remota de modelos. Esta última modalidad es la más común en soluciones de agricultura y ganadería de precisión (Akinsemolu & Onyeaka, 2025).

Además de los modelos deterministas, muchas plataformas están comenzando a integrar modelos estocásticos y de aprendizaje automático, permitiendo una predicción más robusta ante la variabilidad de los sistemas pecuarios. Estas capacidades son especialmente útiles en entornos tropicales, donde las condiciones climáticas son más inestables y los datos históricos escasos.

Un componente fundamental de estas plataformas es su capacidad de visualización. Mediante dashboards interactivos, mapas de calor, gráficos de riesgo y simuladores en tiempo real, se facilita la comprensión del comportamiento microbiano por parte de los técnicos, productores y estudiantes. Esta accesibilidad promueve una toma de decisiones más ágil y fundamentada.

El uso de sistemas de alerta temprana se ha potenciado con estas plataformas. Estas alertas son generadas automáticamente cuando las

condiciones ambientales superan umbrales de riesgo microbiológico previamente definidos. Por ejemplo, si se detecta una combinación de temperatura y humedad que favorece el crecimiento de *E. coli* O157:H7 en una cámara de refrigeración, el sistema puede emitir una notificación al operador responsable (Ahmed et al., 2021).

En producción avícola, existen plataformas que integran sensores ambientales con algoritmos predictivos para monitorear el riesgo de crecimiento de *Campylobacter* o de proliferación de *Clostridium perfringens*. Estas plataformas permiten ajustar la ventilación, temperatura o densidad animal en función del riesgo previsto.

Una tendencia creciente es la integración de plataformas digitales con sistemas de gestión de la producción (ERP agropecuarios). Esto permite que los datos microbiológicos se asocien a lotes, fechas de producción, proveedores y ubicaciones específicas, lo cual mejora la trazabilidad y la capacidad de respuesta ante incidentes.

Desde la perspectiva educativa, el uso de estas plataformas ha sido incorporado en programas de formación en microbiología, veterinaria y zootecnia. Los estudiantes pueden interactuar con datos reales, ajustar modelos y evaluar la respuesta de los sistemas ante distintas variables, fortaleciendo su capacidad de análisis crítico y técnico (Revelou et al., 2025).

Además, estas herramientas han demostrado ser clave en el fortalecimiento de los sistemas de inocuidad alimentaria. Al contar con predicciones más certeras, se optimizan los puntos críticos de control (PCC), se reducen los rechazos comerciales y se mejora el cumplimiento de normativas nacionales e internacionales.

En América Latina, varias universidades y centros de investigación han desarrollado plataformas adaptadas a las condiciones de la región.

Por ejemplo, proyectos en Brasil, Colombia y Argentina han creado aplicaciones específicas para predecir la estabilidad de productos lácteos, el riesgo de micotoxinas en silos tropicales o la aparición de infecciones bacterianas en tilapias y camarones.

En términos técnicos, muchas plataformas están desarrolladas en lenguajes como Python, R, JavaScript o MATLAB, y utilizan librerías de modelado como SciPy, nlme, Shiny, TensorFlow o ggplot2. Esta flexibilidad permite su adaptación a distintas necesidades y su mejora continua.

Es importante destacar que el desarrollo de plataformas digitales requiere la colaboración multidisciplinaria entre microbiólogos, ingenieros de software, estadísticos y expertos en producción animal. Esta sinergia es esencial para garantizar que los modelos sean científicamente válidos y técnicamente funcionales.

También se debe considerar el aspecto de la usabilidad, ya que la adopción de estas plataformas depende en gran medida de que sean intuitivas, accesibles y adaptadas al lenguaje técnico del usuario. Las mejores plataformas no solo ofrecen precisión predictiva, sino también una experiencia de usuario satisfactoria.

Uno de los retos actuales es la validación de estas plataformas en condiciones reales de producción. Es frecuente que un modelo funcione bien en laboratorio pero falle al ser implementado en una granja por variaciones ambientales, errores en los datos o imprecisiones en la entrada. Por ello, se recomienda un proceso de validación externa continuo.

La confidencialidad y protección de datos también es un aspecto crítico. Las plataformas deben cumplir con estándares de seguridad cibernética y garantizar que la información sensible de los productores no sea vulnerada ni utilizada sin consentimiento.

A futuro, se espera una mayor convergencia entre estas plataformas digitales, los sistemas expertos y la inteligencia artificial, dando lugar a sistemas de soporte a la decisión (DSS) más sofisticados y personalizados.

7.4. Integración de imágenes, sensores y microbiología predictiva

La integración de tecnologías de captura de imágenes con sensores ambientales y modelos de microbiología predictiva representa una de las innovaciones más prometedoras en la gestión avanzada del riesgo microbiológico en sistemas de producción animal. Esta sinergia tecnológica permite ampliar el espectro de datos observables, mejorar la resolución espacial y temporal del monitoreo y fortalecer la capacidad de predicción de modelos aplicados en la zootecnia.

Tradicionalmente, la microbiología predictiva ha dependido de mediciones puntuales de variables ambientales y análisis microbiológicos de laboratorio. Sin embargo, la irrupción de sensores digitales y tecnologías de visión computacional ha cambiado radicalmente este paradigma, permitiendo la vigilancia automatizada de condiciones que influyen en la dinámica microbiana en tiempo real y a gran escala (Tsitou et al., 2024).

Uno de los primeros usos de la imagenología en microbiología predictiva ha sido la evaluación del crecimiento de colonias microbianas en medios sólidos. A través de cámaras de alta resolución y software de análisis de imagen, es posible cuantificar áreas de crecimiento, tasas de expansión y cambios morfológicos, los cuales se correlacionan con parámetros cinéticos de modelos como el de Gompertz o Baranyi.

En sistemas pecuarios, la captura de imágenes térmicas (termografía infrarroja) ha demostrado ser útil para detectar focos de fermentación descontrolada, presencia de animales enfermos o zonas con actividad microbiana elevada, como en camas avícolas o silos de ensilaje. Estas imágenes se integran con sensores de temperatura, humedad y gases para alimentar modelos de predicción del deterioro microbiológico (Pampoukis et al., 2022).

En el ámbito de la producción lechera, la combinación de sensores de pH, conductividad y cámaras ópticas ha permitido desarrollar sistemas de alerta temprana para identificar mastitis subclínica mediante el análisis de leche en tiempo real. Estos datos se utilizan para modelar la aparición y proliferación de *Streptococcus agalactiae* o *Staphylococcus aureus* en el sistema mamario.

El uso de cámaras RGB (color), NIR (infrarrojo cercano) y multiespectrales ha encontrado aplicaciones en la detección de mohos y levaduras en superficies de quesos, embutidos y productos avícolas. La capacidad de estas cámaras para identificar patrones espectrales únicos de microorganismos permite la predicción del deterioro sin necesidad de contacto físico con el producto.

En acuicultura, drones equipados con cámaras multiespectrales y sensores de calidad del agua han sido utilizados para monitorear lagunas de producción, detectar proliferación de algas nocivas y predecir brotes de patógenos como *Vibrio spp.*. La imagen satelital complementa este enfoque al ofrecer datos a gran escala sobre temperatura superficial y cambios estacionales.

La integración de estas tecnologías en plataformas digitales permite que los datos de imágenes y sensores sean tratados de forma

sincrónica, generando modelos híbridos que combinan entradas numéricas (sensores) y espaciales (imágenes). Esto mejora la capacidad del sistema para predecir eventos microbiológicos complejos, como contaminación cruzada o proliferación microbiana en zonas ocultas (Chaturvedi et al., 2024).

Desde el punto de vista metodológico, el procesamiento de imágenes requiere algoritmos de visión por computadora, aprendizaje profundo y segmentación automática. Estas herramientas permiten extraer características relevantes (por ejemplo, color, textura, forma) asociadas a la presencia microbiana y transformarlas en variables cuantificables para su uso en modelos predictivos.

En entornos controlados como cámaras de maduración, incubadoras o túneles de desinfección, la fusión de imágenes e información sensorial posibilita el ajuste automático de parámetros ambientales (ventilación, ozonización, UV) en función del riesgo microbiológico estimado, implementando así un control predictivo cerrado.

Además, la capacidad de registrar imágenes en secuencia (time-lapse) permite observar la dinámica microbiana con alta resolución temporal. Estas secuencias pueden ser analizadas para modelar fenómenos como el crecimiento sincrónico de comunidades microbianas o la formación de biopelículas (Kim et al., 2023).

Uno de los principales desafíos es la estandarización de protocolos para la captura y análisis de imágenes. Variables como iluminación, distancia, resolución y tipo de cámara pueden influir significativamente en la calidad de los datos y en la reproducibilidad de los modelos predictivos derivados de ellos.

Desde el punto de vista computacional, se requiere una capacidad considerable de procesamiento y almacenamiento, especialmente

cuando se manejan grandes volúmenes de imágenes de alta resolución o se integran con datos multivariados de sensores.

En términos prácticos, la aplicación de estas tecnologías ha sido facilitada por el desarrollo de kits integrados y plataformas IoT que permiten conectar sensores y cámaras a sistemas de gestión de datos agropecuarios. Estos kits incluyen microcontroladores (Arduino, Raspberry Pi), sensores modulares y software de código abierto como OpenCV o TensorFlow (Ahmed et al., 2021).

En América Latina, algunos proyectos piloto han implementado esta integración en explotaciones lecheras, ensiladoras y sistemas de producción porcina, con resultados prometedores en la reducción de pérdidas por deterioro y en la mejora del cumplimiento de estándares microbiológicos.

La validación de estos sistemas ha demostrado que la predicción basada en imágenes puede ser tan precisa como las pruebas microbiológicas tradicionales, siempre que los modelos estén adecuadamente entrenados y calibrados con datos representativos del sistema productivo.

En el ámbito académico, estas herramientas permiten a los estudiantes observar fenómenos microbiológicos de forma no invasiva, desarrollar habilidades en análisis computacional y comprender mejor la relación entre condiciones ambientales y comportamiento microbiano.

En términos de bioseguridad, la integración imagen-sensor-modelo permite detectar desviaciones antes de que se materialicen riesgos, lo que es crucial en sistemas intensivos donde una contaminación puede propagarse rápidamente.

Estas tecnologías también son útiles en auditorías de calidad, al proporcionar evidencia visual objetiva del cumplimiento de condiciones

críticas, complementando los registros sensoriales con imágenes georreferenciadas y series temporales.

En el desarrollo de cultivos protectores y biopelículas beneficiosas, la imagenología ha sido utilizada para monitorear la colonización de superficies y la exclusión competitiva de patógenos, lo que permite modelar procesos de biocontrol y evaluar su eficacia en tiempo real.

El enfoque también es relevante en la gestión del bienestar animal. Por ejemplo, cámaras térmicas y sensores de CO₂ han sido utilizados para detectar acumulación microbiana en ambientes cerrados, condiciones de estrés térmico o presencia de lesiones dérmicas que podrían predisponer a infecciones.

Una aplicación emergente es la detección de biomarcadores ópticos en tejidos animales que puedan indicar procesos infecciosos tempranos. Esta técnica, aún en desarrollo, permitirá construir modelos que anticipen enfermedades microbianas antes de la aparición de síntomas visibles.

7.5. Modelos híbridos con redes neuronales, aprendizaje automático y algoritmos genéticos

La microbiología predictiva ha evolucionado desde sus bases deterministas hacia una integración con herramientas de inteligencia artificial (IA) que permiten abordar la complejidad y variabilidad de los sistemas pecuarios. En este contexto, los modelos híbridos que combinan redes neuronales artificiales (ANN), algoritmos de aprendizaje automático (machine learning) y técnicas evolutivas como los algoritmos genéticos (GA), representan una revolución metodológica para la predicción y el control de fenómenos microbiológicos en producción animal.

Tradicionalmente, los modelos utilizados en microbiología predictiva han sido de naturaleza mecanicista o empírica, como los modelos de Gompertz, Baranyi o Arrhenius. Si bien estos modelos permiten representar con precisión cinéticas microbianas bajo condiciones controladas, presentan limitaciones ante sistemas altamente dinámicos y con interacciones no lineales entre múltiples variables, como los que caracterizan a las explotaciones pecuarias intensivas (Buyrukoğlu, 2021).

En este escenario, el aprendizaje automático aporta la capacidad de inferir patrones complejos a partir de grandes volúmenes de datos, sin necesidad de establecer una ecuación explícita. Las redes neuronales artificiales son una de las herramientas más utilizadas en este ámbito. Su estructura de capas de entrada, ocultas y de salida permite modelar relaciones no lineales entre las variables ambientales (entrada) y los parámetros microbianos (salida), como tasas de crecimiento, supervivencia o inactivación.

Las ANN han demostrado ser especialmente eficaces en la predicción de variables difíciles de modelar con métodos clásicos. Por ejemplo, se han utilizado para estimar el tiempo de latencia (lag phase) y la tasa máxima de crecimiento microbiano (μ_{max}) en fermentaciones lácticas, producción de biogás y estabilidad de alimentos balanceados en climas tropicales.

Un aspecto clave en el diseño de modelos híbridos es la integración de datos provenientes de sensores, imágenes, bases históricas y simulaciones. Los datos se preprocesan, se dividen en conjuntos de entrenamiento, validación y prueba, y se utilizan para ajustar los pesos sinápticos de la red neuronal mediante algoritmos de retropropagación o técnicas de optimización como Adam o RMSprop (Guamán-Lozada et al., 2025).

Sin embargo, el ajuste óptimo de los hiperparámetros de una ANN (número de capas, neuronas, función de activación, tasa de aprendizaje) no siempre es trivial. Para resolver este problema, se han incorporado algoritmos genéticos, los cuales simulan procesos evolutivos como la selección natural, la mutación y el cruce genético, para encontrar combinaciones de hiperparámetros que maximicen el desempeño del modelo.

Este enfoque de “redes neuronales optimizadas con algoritmos genéticos” ha sido aplicado exitosamente en la predicción del riesgo microbiológico en leche cruda, detección de contaminación cruzada en salas de sacrificio, y evaluación de la actividad de agua crítica en ensilajes.

Otra familia de algoritmos ampliamente utilizada en microbiología predictiva moderna es la de los métodos de árbol de decisión, como Random Forest, Gradient Boosting o XGBoost. Estos métodos permiten una interpretación más clara de la importancia relativa de las variables de entrada y han sido utilizados para clasificar muestras como seguras o no seguras según sus características microbiológicas y ambientales (Pampoukis et al., 2022).

En la práctica, los modelos híbridos no sustituyen a los modelos clásicos, sino que los complementan. En muchos casos, se parte de un modelo matemático determinista al cual se le incorporan módulos inteligentes que ajustan sus parámetros en función del entorno. Por ejemplo, una ANN puede ajustar el parámetro μ_{max} de un modelo de Gompertz en función de la temperatura, el pH y la concentración de oxígeno en tiempo real.

Además, se han desarrollado enfoques de ensamble que combinan múltiples modelos (mecanicistas y basados en IA) para obtener una

predicción ponderada o un rango de incertidumbre más preciso. Estos sistemas aprovechan las fortalezas de cada modelo y mitigan sus debilidades individuales.

Un caso interesante en sistemas acuícolas ha sido el uso de redes neuronales recurrentes (RNN) y sus variantes modernas, como LSTM (Long Short-Term Memory), para modelar la evolución temporal de parámetros microbiológicos en sistemas de recirculación, donde las condiciones varían constantemente (Sharma & Singh, 2025).

En aplicaciones prácticas, estos modelos híbridos se han implementado en plataformas computacionales como Python (TensorFlow, Keras, Scikit-learn), R (caret, mlr), y MATLAB. El uso de notebooks interactivos y dashboards visuales facilita la interpretación de resultados por parte de técnicos y productores.

La validación de estos modelos requiere técnicas específicas como el análisis de curvas ROC, el coeficiente de determinación (R^2), el error cuadrático medio (RMSE), y la matriz de confusión, en el caso de modelos clasificadores. También se aplican técnicas de validación cruzada k-fold para evitar el sobre ajuste.

Los modelos híbridos también han sido utilizados para simular escenarios futuros bajo distintos supuestos, lo cual es útil para diseñar estrategias de intervención ante riesgos microbiológicos emergentes o estacionales.

Un aspecto prometedor es la integración de estos modelos con sistemas ciberfísicos, en los cuales los modelos alimentan decisiones automáticas en dispositivos como ventiladores, válvulas, sistemas de enfriamiento o aplicación de antimicrobianos. Esto permite una gestión autónoma y en tiempo real del riesgo microbiológico.

Desde el punto de vista de la sostenibilidad, los modelos híbridos permiten optimizar el uso de insumos, reducir el desperdicio de alimento, minimizar el uso de antimicrobianos y anticipar fallas sanitarias, contribuyendo a sistemas pecuarios más resilientes y responsables (Pampoukis et al., 2022).

En la formación profesional, el uso de estos modelos ofrece una oportunidad para capacitar a los estudiantes en ciencia de datos, inteligencia artificial y biología computacional, integrando conocimientos que serán cada vez más demandados en el sector agropecuario del siglo XXI.

Sin embargo, los modelos híbridos también enfrentan desafíos: requieren grandes volúmenes de datos de calidad, conocimientos avanzados en programación y estadística, y deben ser transparentes y auditables para su aceptación regulatoria y operativa.

A nivel institucional, se han desarrollado programas colaborativos entre universidades, centros de investigación y empresas tecnológicas para crear modelos abiertos, validados en condiciones reales y accesibles para diferentes actores del sector pecuario (Sharma & Singh, 2025).

7.6. Big Data y sistemas expertos aplicados al análisis microbiológico

El avance de la microbiología predictiva hacia una integración profunda con las tecnologías de la información ha dado lugar a nuevas formas de comprender y gestionar los sistemas microbiológicos en producción animal. En este contexto, el análisis de grandes volúmenes de datos (Big Data) y el uso de sistemas expertos representan herramientas clave para enfrentar los desafíos actuales de complejidad, variabilidad y rapidez en la toma de decisiones (figura 22).

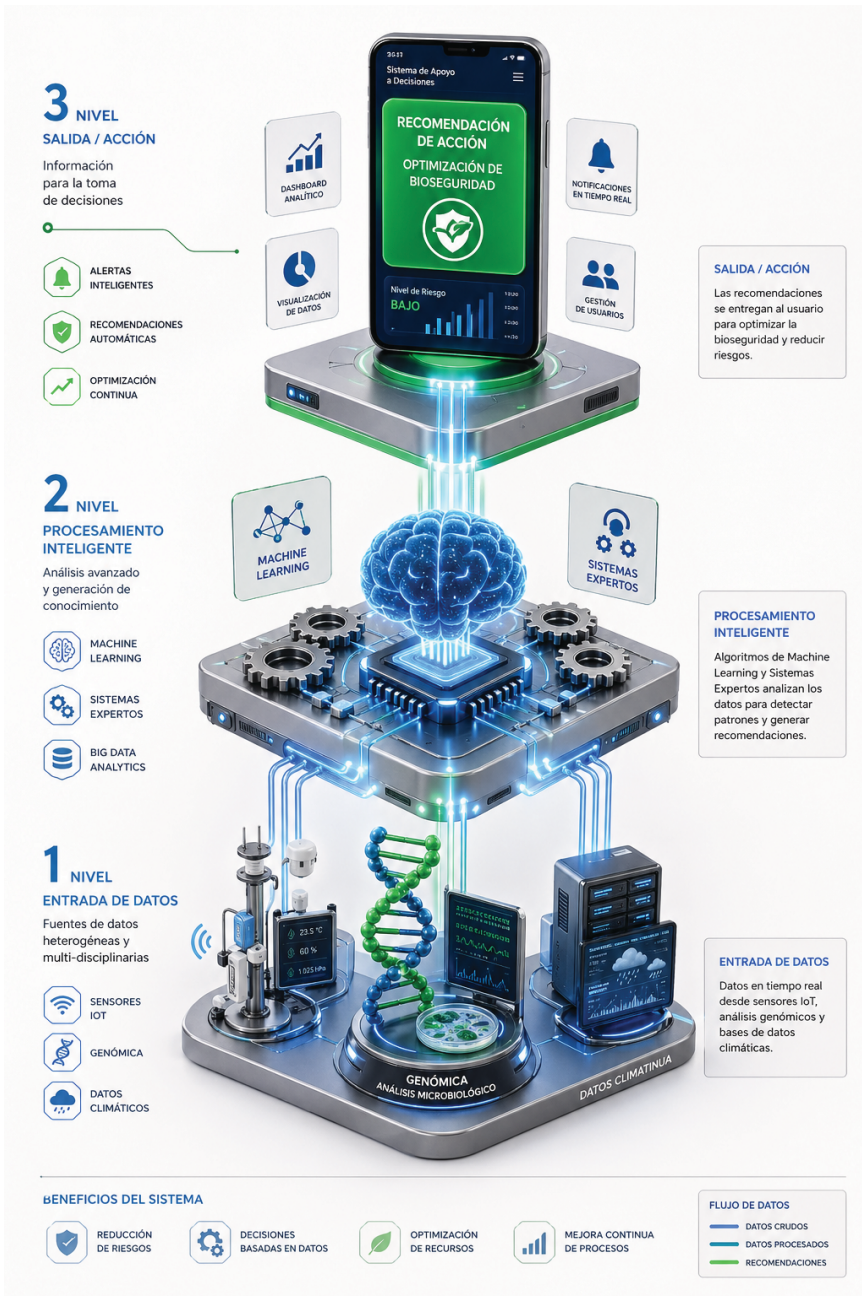


Figura 22. Diagrama de flujo de la integración de Big Data y Sistemas Expertos.

Big Data se refiere al manejo y procesamiento de conjuntos de datos que, por su volumen, velocidad y variedad, superan las capacidades de los sistemas tradicionales. En microbiología predictiva, esto incluye datos de sensores ambientales, cámaras térmicas, bases de datos microbiológicas, historiales de salud animal, datos genómicos y registros meteorológicos, entre otros. Su análisis permite identificar patrones ocultos, correlaciones inesperadas y relaciones no lineales entre variables que afectan la dinámica microbiana (Jiang et al., 2022).

Los sistemas pecuarios generan constantemente datos en múltiples formatos y frecuencias. Por ejemplo, sensores instalados en galpones avícolas pueden registrar temperatura, humedad, niveles de amoníaco y densidad animal cada minuto. Simultáneamente, cámaras inteligentes capturan imágenes de la superficie de los alimentos, mientras que registros de calidad de agua, consumo de alimento y tratamientos sanitarios se almacenan en sistemas de gestión. La integración de estas fuentes a través de plataformas Big Data posibilita una visión holística del ecosistema microbiano.

Una de las principales ventajas del enfoque Big Data en microbiología predictiva es su capacidad de alimentar modelos con información actualizada en tiempo real. Esto no solo mejora la precisión de las predicciones, sino que permite ajustar automáticamente los parámetros de los modelos conforme cambian las condiciones del entorno, lo cual es fundamental en contextos dinámicos como los sistemas intensivos o tropicales.

Además, el análisis de Big Data permite el uso de técnicas como minería de datos (data mining), análisis de componentes principales (PCA), reducción de dimensionalidad y aprendizaje profundo (deep

learning), que son esenciales para identificar variables críticas y simplificar modelos sin pérdida significativa de información (Thayyib et al., 2023).

Por otro lado, los sistemas expertos son herramientas computacionales que emulan la toma de decisiones de un experto humano en un dominio específico. En microbiología predictiva, estos sistemas integran bases de conocimiento (reglas microbiológicas, umbrales de riesgo, normativas), motores de inferencia y módulos de interacción con el usuario. Su función es recomendar acciones, anticipar eventos o diagnosticar situaciones microbiológicas en sistemas de producción.

En la práctica, un sistema experto puede sugerir ajustes en la ventilación de un galpón cuando detecta una combinación peligrosa de temperatura y humedad, prediciendo el crecimiento de *Salmonella*. Otro sistema puede proponer el descarte de un lote de leche si el tiempo y condiciones de almacenamiento superan los parámetros establecidos para el crecimiento de *Listeria monocytogenes*.

La construcción de un sistema experto requiere tres componentes fundamentales: una base de datos con información validada (experiencia formalizada), un motor lógico que relacione las variables de entrada con las conclusiones posibles, y una interfaz que permita al usuario interactuar con el sistema de forma intuitiva. Estas estructuras pueden codificarse en lenguajes como Prolog, Python o mediante herramientas como CLIPS y Jess (Ngo et al., 2023).

El uso conjunto de Big Data y sistemas expertos permite el desarrollo de sistemas de apoyo a la toma de decisiones (DSS), que no solo describen el estado actual del sistema, sino que proyectan escenarios futuros y recomiendan intervenciones. Estos sistemas están comenzando a implementarse en producción porcina, lechera y acuícola, con resultados positivos en eficiencia, sostenibilidad y bioseguridad.

En términos técnicos, el procesamiento de Big Data microbiológico se realiza a través de arquitecturas distribuidas como Hadoop, Spark o Flink, que permiten analizar grandes volúmenes de datos en paralelo. Estos sistemas se complementan con bases de datos no relacionales (NoSQL) como MongoDB o Cassandra, que facilitan el almacenamiento flexible de datos heterogéneos (Guamán-Lozada et al., 2025).

La visualización de resultados es otro componente crucial. Dashboards dinámicos, mapas de riesgo, gráficas interactivas y alertas en dispositivos móviles permiten que técnicos, veterinarios y productores comprendan rápidamente la situación microbiológica y actúen en consecuencia.

Un ejemplo concreto es el análisis de datos provenientes de múltiples granjas porcinas para detectar patrones estacionales de aparición de *E. coli* enterotoxigénica. A través del análisis de miles de registros de salud, clima y manejo, se pudo predecir con antelación los periodos de mayor riesgo y ajustar los programas de vacunación y limpieza.

Los sistemas expertos también son útiles para asegurar la trazabilidad microbiológica. Al integrar información desde la producción hasta la distribución, permiten reconstruir la cadena de eventos ante un incidente sanitario y prevenir su repetición.

En acuicultura, el uso de Big Data ha permitido modelar la aparición de *Vibrio parahaemolyticus* en estanques de camarón, relacionando la salinidad, temperatura, oxígeno disuelto y uso de antibióticos. Estas predicciones han sido fundamentales para reducir mortalidades y mejorar la sostenibilidad (Chaturvedi et al., 2024).

Uno de los principales desafíos es garantizar la calidad de los datos. La presencia de datos faltantes, errores de digitación o registros no estandarizados puede comprometer los modelos. Por ello, se requiere un

proceso riguroso de limpieza, validación y normalización de datos antes de su análisis.

Otro reto importante es la seguridad informática. Al manejar datos sensibles sobre producción, sanidad y trazabilidad, las plataformas deben implementar protocolos de ciberseguridad que protejan la confidencialidad e integridad de la información.

La escalabilidad también es relevante. Las soluciones deben poder adaptarse al crecimiento de las operaciones, ya sea en número de sensores, volumen de datos o complejidad de las predicciones, sin comprometer su desempeño.

Desde el punto de vista educativo, estos sistemas ofrecen oportunidades únicas para el aprendizaje. Estudiantes de zootecnia, microbiología y ciencias de datos pueden desarrollar competencias interdisciplinarias utilizando simuladores, bases de datos abiertas y proyectos colaborativos con productores (Ngo et al., 2023).

El uso de Big Data también permite incorporar el componente espacial al análisis microbiológico. Mediante sistemas de información geográfica (GIS), se pueden mapear brotes, identificar zonas críticas y diseñar estrategias de control territorializadas.

Además, los sistemas expertos permiten formalizar el conocimiento tácito de técnicos experimentados, transformándolo en reglas explícitas que pueden ser reutilizadas, compartidas y auditadas.

En el contexto de la ganadería de precisión, la integración de Big Data, sistemas expertos y microbiología predictiva permite avanzar hacia sistemas autónomos que ajustan las condiciones ambientales, activan sistemas de desinfección o modifican la formulación de dietas en tiempo real.

7.7. Aplicaciones móviles para monitoreo de calidad microbiológica

El avance vertiginoso de la tecnología móvil ha propiciado el desarrollo de herramientas digitales capaces de transformar significativamente el monitoreo microbiológico en sistemas de producción animal. En el marco de la microbiología predictiva, las aplicaciones móviles (apps) se posicionan como instrumentos estratégicos para el seguimiento en tiempo real de variables críticas, la toma de decisiones basada en datos y la democratización del acceso a modelos predictivos complejos.

Estas aplicaciones constituyen interfaces portátiles que integran sensores, algoritmos predictivos y bases de datos para evaluar y predecir el comportamiento microbiano en alimentos, ambientes y productos pecuarios. El crecimiento en conectividad rural, el acceso a teléfonos inteligentes de bajo costo y la creciente alfabetización digital de los actores agropecuarios han facilitado su implementación en diversas escalas productivas.

Entre las funcionalidades más comunes de las apps en microbiología predictiva destacan: la recolección de datos en campo, la visualización de curvas de crecimiento o inactivación microbiana, la consulta de modelos validados, la generación de alertas automatizadas ante condiciones de riesgo y la integración con plataformas de trazabilidad (Sujatha et al., 2023).

Un ejemplo es el uso de apps que, conectadas a sensores de temperatura y humedad en galpones avícolas, estiman el crecimiento de *Salmonella spp.* mediante modelos de Baranyi o Gompertz, notificando al

operario si se supera un umbral de riesgo en tiempo real. Este tipo de funcionalidad reduce la dependencia de laboratorios externos y permite intervenciones tempranas.

Algunas aplicaciones permiten capturar imágenes de productos como carne, leche o queso, que luego son analizadas mediante algoritmos de visión artificial para detectar cambios de color, presencia de mohos o indicadores visuales de contaminación microbiológica. Estas imágenes pueden ser correlacionadas con modelos de deterioro para estimar la vida útil restante del producto (Tajouri et al., 2021).

La conexión con servicios en la nube permite que los datos recolectados por la app sean almacenados, procesados y analizados remotamente, facilitando su acceso por parte de asesores técnicos, veterinarios o investigadores. Esta infraestructura digital favorece la gestión colectiva del conocimiento microbiológico y fortalece las redes de monitoreo sanitario.

Un aspecto crucial en el diseño de estas aplicaciones es la usabilidad. Las interfaces deben ser intuitivas, multilingües, con gráficos comprensibles y con funcionalidades adaptadas al contexto productivo. Esto permite que sean utilizadas por operarios con distintos niveles de formación técnica, promoviendo su apropiación efectiva.

Algunas apps, como ComBase Predictor Mobile o MicroHUB, han sido desarrolladas con base en plataformas reconocidas y permiten seleccionar matrices alimentarias, condiciones ambientales y cepas microbianas para simular comportamientos esperados. Estas herramientas son particularmente útiles en formación académica y en análisis de escenarios.

En América Latina, han surgido iniciativas locales como Leche Segura en Colombia, que permite registrar temperaturas de almacenamiento en tiempo real y comparar los valores con modelos predictivos de crecimiento de *Listeria monocytogenes*, generando informes automáticos de cumplimiento sanitario.

La integración con tecnologías emergentes como códigos QR, blockchain y GPS amplía las funcionalidades de las apps, permitiendo rastrear productos desde su origen, registrar condiciones microbiológicas en puntos críticos de la cadena y asegurar la integridad de los datos recolectados (Sujatha et al., 2023).

Además, el uso de apps móviles facilita la participación de pequeños productores en sistemas de control sanitario y calidad, reduciendo barreras de acceso tecnológico y promoviendo la equidad digital en el sector pecuario.

Desde la perspectiva educativa, estas herramientas representan una oportunidad para fortalecer competencias prácticas en microbiología predictiva. Estudiantes pueden simular escenarios, aplicar modelos en campo y comprender de forma tangible los principios teóricos aprendidos en aula.

El desarrollo de estas aplicaciones requiere colaboración interdisciplinaria entre microbiólogos, desarrolladores de software, expertos en experiencia de usuario (UX) y profesionales del sector agropecuario. Esta sinergia garantiza que las herramientas sean científicamente rigurosas y operativamente útiles.

En términos de arquitectura, muchas apps están desarrolladas bajo esquemas híbridos, utilizando lenguajes como JavaScript (React Native),

Python o Kotlin, y se conectan mediante APIs a bases de datos como ComBase o PMP (Pathogen Modeling Program) (Huang & Juneja, 2025).

Es importante considerar los aspectos éticos y de privacidad. Las apps deben cumplir con normas de protección de datos, especialmente cuando recolectan información de salud animal, ubicación geográfica o registros productivos sensibles.

La validación de estas aplicaciones incluye pruebas de usabilidad, precisión predictiva, confiabilidad de datos y resistencia en entornos rurales. Estas evaluaciones son fundamentales para garantizar su aceptación y sostenibilidad en el tiempo.

En contextos de emergencia sanitaria, como brotes de zoonosis o contaminaciones masivas, las apps móviles pueden actuar como herramientas de alerta temprana, facilitando la recolección masiva de datos y la coordinación de respuestas interinstitucionales (Middleton & Larremore, 2024).

Algunas herramientas móviles también integran sistemas de aprendizaje automático que mejoran sus predicciones a medida que recolectan nuevos datos, adaptándose a las particularidades del sistema productivo local.

En ganadería intensiva, se han desarrollado apps conectadas a plataformas de gestión integral que no solo monitorean calidad microbiológica, sino que también cruzan esta información con datos de alimentación, reproducción y salud, permitiendo una gestión holística del hato.

Las apps móviles también pueden incluir módulos de capacitación, con videos, fichas técnicas, y recomendaciones de buenas prácticas

sanitarias basadas en modelos predictivos, reforzando la formación continua de los usuarios.

La digitalización y las tecnologías emergentes han convertido a la microbiología predictiva en una herramienta de vigilancia activa y autónoma. Se concluye que la verdadera potencia de la modernización pecuaria no reside en las tecnologías por separado, sino en su convergencia: la unión de sensores que "sienten" el ambiente, el IoT que "comunica" las variaciones y la Inteligencia Artificial que "aprende" de la complejidad biológica.

El paso de modelos deterministas a modelos híbridos (redes neuronales y algoritmos genéticos) permite hoy gestionar la incertidumbre propia de los ambientes tropicales y sistemas intensivos con una precisión sin precedentes. Esta revolución digital no solo optimiza la rentabilidad al reducir el desperdicio y el uso de antimicrobianos, sino que establece un nuevo estándar de bioseguridad donde el profesional zootécnico y de enfermería puede intervenir antes de que un riesgo microbiológico se materialice, consolidando una producción animal inteligente, transparente y altamente segura.

CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 7.

Tecnologías emergentes y digitalización

- 1. ¿Qué define la transición de la microbiología predictiva hacia la era digital según el texto?**
 - a) El abandono total de las matemáticas clásicas para usar solo observación visual.
 - b) La integración de sensores, inteligencia artificial y plataformas en la nube para la toma de decisiones en tiempo real.
 - c) La obligatoriedad de usar microscopios electrónicos en todas las granjas.
 - d) El reemplazo de los microbiólogos por ingenieros de sistemas en las plantas de beneficio.

- 2. ¿Cuáles la función principal de los sensores de gases (como CO₂ y NH₃) en galpones avícolas o silos?**
 - a) Medir el peso exacto de los animales sin necesidad de básculas.
 - b) Actuar como indicadores indirectos del metabolismo microbiano y del bienestar animal.
 - c) Cambiar el color de la cama de las aves para mejorar la estética.
 - d) Eliminar automáticamente la necesidad de ventilación mecánica.

- 3. ¿En qué consiste el concepto de "Edge Computing" aplicado a los sensores pecuarios?**
 - a) En enviar todos los datos a un servidor central en otro país para su análisis.
 - b) En procesar los datos localmente en el sensor o dispositivo cercano, reduciendo la latencia.
 - c) En utilizar satélites para medir la temperatura de un solo animal.
 - d) En imprimir los resultados en papel antes de subirlos a una plataforma digital.

4. ¿Qué ventaja ofrece el Internet de las Cosas (IoT) en la gestión de la cadena de frío láctea?

- a) Permite recolectar datos continuos en tanques y transporte, vinculándolos a modelos de riesgo de patógenos como *Listeria*.
- b) Garantiza que la leche nunca se agríe, independientemente de la temperatura.
- c) Reemplaza los sistemas de refrigeración por conexiones Wi-Fi de alta velocidad.
- d) Permite que las vacas se ordeñen solas mediante comandos de voz.

5. ¿Qué es ComBase en el contexto de la microbiología predictiva?

- a) Una marca de sensores inalámbricos para medir pH en tiempo real.
- b) Una base de datos y herramienta de modelado internacional para el crecimiento e inactivación bacteriana.
- c) Un software exclusivo para la detección de mastitis en ganado de carne.
- d) Una red social para productores pecuarios latinoamericanos.

6. ¿Cómo se utiliza la termografía infrarroja (imágenes térmicas) en la microbiología predictiva pecuaria?

- a) Para contar el número de animales en un potrero durante la noche.
- b) Para detectar focos de fermentación descontrolada en silos o zonas de actividad microbiana elevada en camas avícolas.
- c) Para medir la velocidad del viento dentro de un galpón.
- d) Para identificar el tipo de hongo presente en un alimento basándose solo en su brillo.

7. En acuicultura, ¿qué tecnología se menciona para monitorear grandes lagunas y predecir brotes de *Vibrio spp.*?

- a) Sensores de presión atmosférica colocados en el fondo del estanque.
- b) Drones equipados con cámaras multiespectrales y sensores de calidad del agua.

- c) Uso de buzos para recolectar muestras de agua cada hora.
- d) Modelos matemáticos basados únicamente en el calendario lunar.

8. ¿Cuál es el objetivo de los "Sistemas de Alerta Temprana" integrados en plataformas digitales?

- a) Notificar a los operadores cuando las variables superan umbrales críticos de riesgo microbiológico.
- b) Predecir el precio del dólar para la compra de insumos veterinarios.
- c) Avisar cuando un animal ha alcanzado su peso de mercado.
- d) Generar informes automáticos para el pago de nómina de la granja.

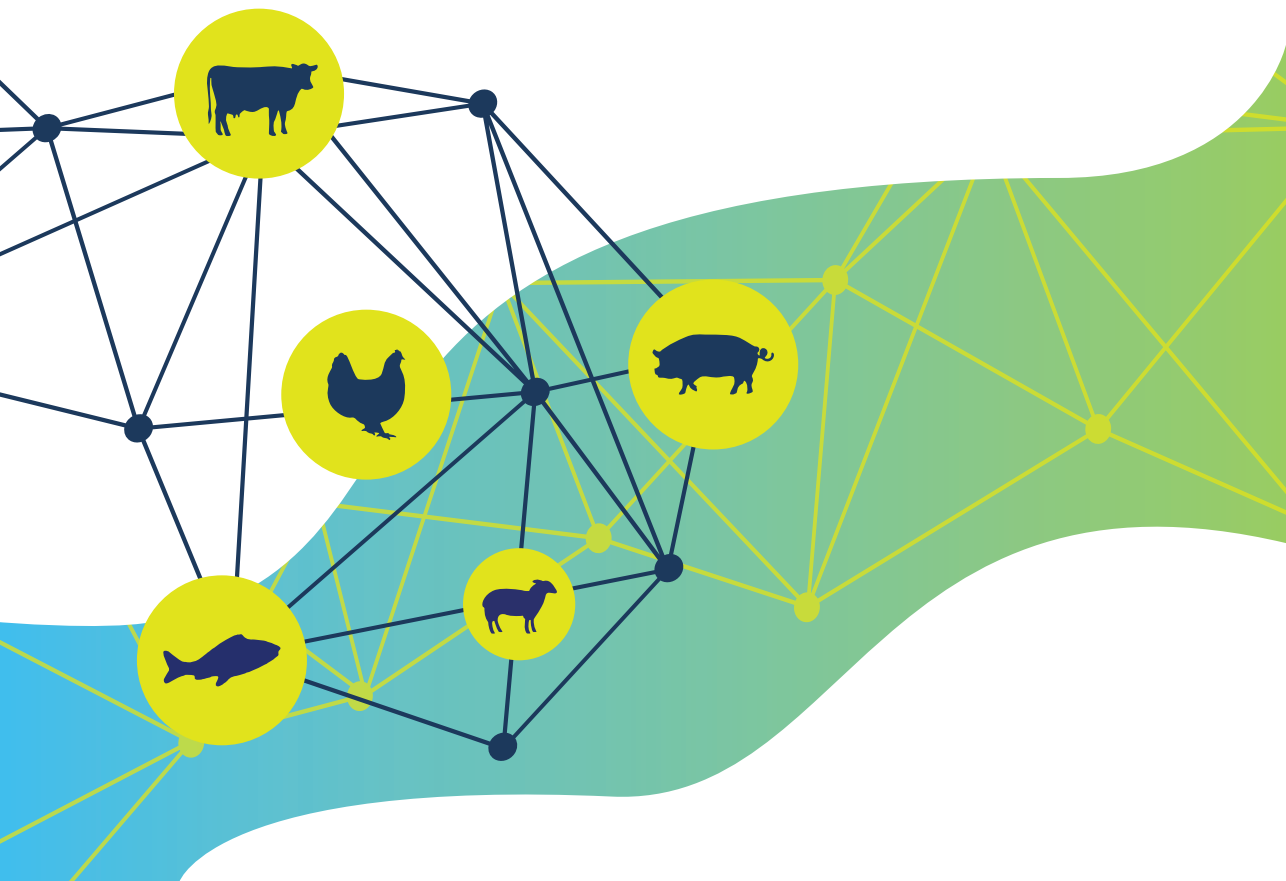
9. La integración de cámaras RGB y NIR permite la detección no invasiva de:

- a) El contenido de calcio en los huesos de los cerdos.
- b) Patrones espectrales únicos de mohos y levaduras en superficies de quesos o embutidos.
- c) La cantidad de agua que consume un ave por día.
- d) El estado de ánimo de los operarios de la planta de procesamiento.

10. ¿Qué desafío importante menciona el texto respecto a la implementación de IoT en zonas rurales de América Latina?

- a) La falta de interés de los productores en la inocuidad alimentaria.
- b) La conectividad limitada, que requiere el uso de protocolos como LoRaWAN o procesamiento local.
- c) La prohibición legal de usar sensores en animales de consumo humano.
- d) La inexistencia de modelos matemáticos adaptados al clima tropical.

Capítulo 8. Microbiología predictiva y sostenibilidad en la producción pecuaria



Introducción

La sostenibilidad en la producción pecuaria contemporánea exige enfoques científicos capaces de integrar eficiencia productiva, seguridad alimentaria y responsabilidad ambiental. En un contexto marcado por el crecimiento de la demanda mundial de alimentos de origen animal, la presión sobre los recursos naturales y el aumento de riesgos sanitarios, resulta necesario desarrollar herramientas que permitan optimizar los procesos productivos sin comprometer la inocuidad ni la estabilidad ecológica de los sistemas agropecuarios.

En este escenario, la microbiología predictiva se ha consolidado como una disciplina clave para comprender y anticipar el comportamiento de los microorganismos en matrices alimentarias, ambientes productivos y sistemas biológicos asociados a la producción animal. Mediante el uso de modelos matemáticos y estadísticos, esta área del conocimiento permite describir y predecir la dinámica de crecimiento, supervivencia o inactivación de microorganismos en función de variables ambientales, fisicoquímicas y de manejo.

Más allá de su aplicación tradicional en la evaluación de la vida útil y la inocuidad de los alimentos, la microbiología predictiva posee un potencial significativo para mejorar la eficiencia de los sistemas pecuarios. La capacidad de anticipar procesos microbiológicos críticos

permite optimizar decisiones relacionadas con el almacenamiento, el transporte, el procesamiento y el manejo sanitario de los animales, reduciendo pérdidas productivas y mejorando la calidad de los productos de origen animal.

En este contexto surge el concepto de eficiencia microbiológica del sistema productivo, entendido como la capacidad de gestionar y predecir los procesos microbianos de manera que contribuyan al aumento del rendimiento productivo, la reducción de desperdicios y el fortalecimiento de la inocuidad alimentaria. La microbiología predictiva permite cuantificar esta eficiencia al relacionar variables microbiológicas con indicadores productivos como la vida útil de los alimentos, la estabilidad de los forrajes conservados, la incidencia de enfermedades infecciosas y la calidad sanitaria de los productos pecuarios.

Asimismo, esta disciplina contribuye de manera directa a la sostenibilidad económica y ambiental de la producción pecuaria. La reducción de pérdidas postcosecha, la optimización del uso de antimicrobianos, el control de patógenos y la mejora de los procesos de conservación permiten disminuir el desperdicio de recursos como agua, energía, alimento y tierra, lo que repercute positivamente en la huella ambiental de los sistemas productivos.

En los últimos años, el desarrollo de tecnologías digitales, sensores ambientales y plataformas de análisis de datos ha ampliado significativamente las posibilidades de aplicación de la microbiología predictiva. La integración de modelos matemáticos con sistemas de monitoreo en tiempo real permite generar herramientas de apoyo para la toma de decisiones en granjas, plantas de procesamiento y cadenas de suministro de productos pecuarios.

8.1. Reducción de pérdidas postcosecha por predicción microbiana

Las pérdidas postcosecha representan uno de los principales desafíos para la sostenibilidad de los sistemas pecuarios a nivel global. Una proporción significativa de los productos de origen animal se pierde durante las etapas de almacenamiento, transporte, procesamiento o comercialización debido al deterioro microbiológico, lo que genera impactos económicos, sanitarios y ambientales. Se estima que entre el 20 % y el 30 % de los alimentos producidos a nivel mundial se pierde o desperdicia a lo largo de la cadena de suministro, siendo la actividad microbiana uno de los factores determinantes de este fenómeno (FAO, 2019).

En el caso de los productos pecuarios, el deterioro microbiano no solo afecta la inocuidad de los alimentos, sino también su calidad sensorial, valor nutricional y vida útil comercial. La proliferación de bacterias, levaduras y mohos puede provocar cambios en el pH, producción de metabolitos indeseables, degradación de proteínas y lípidos, así como alteraciones en olor, color y textura. Estas transformaciones reducen la aceptación del producto por parte del consumidor y generan pérdidas económicas para productores, procesadores y distribuidores.

En este contexto, la microbiología predictiva se posiciona como una herramienta científica de gran valor para anticipar el comportamiento de los microorganismos en productos pecuarios durante las etapas postcosecha. Mediante el uso de modelos matemáticos y estadísticos, es posible describir y predecir el crecimiento, supervivencia o inactivación de microorganismos en función de variables ambientales como

temperatura, actividad de agua, pH, disponibilidad de nutrientes y condiciones de almacenamiento.

La aplicación de modelos predictivos permite identificar puntos críticos en la cadena de suministro y optimizar las estrategias de conservación y manejo. De esta manera, los sistemas productivos pueden adoptar decisiones basadas en datos para minimizar el deterioro microbiológico, prolongar la vida útil de los productos y reducir el desperdicio de recursos asociados a la producción animal (Velasquez-Camacho et al., 2022).

En la producción lechera, por ejemplo, el crecimiento de bacterias psicrotróficas como *Pseudomonas spp.* durante el almacenamiento de la leche cruda constituye una de las principales causas de deterioro. Estas bacterias producen enzimas proteolíticas y lipolíticas termoestables que afectan la calidad de la leche incluso después de procesos de pasteurización. La microbiología predictiva permite modelar la dinámica de crecimiento de estos microorganismos en función de la temperatura de almacenamiento y el tiempo transcurrido desde el ordeño. Modelos primarios como el modelo de Gompertz modificado o el modelo de Baranyi permiten estimar la fase de latencia y la velocidad de crecimiento bacteriano, lo que facilita determinar el momento crítico en el cual la carga microbiana alcanza niveles que comprometen la calidad del producto.

En sistemas de producción cárnica, el deterioro microbiológico también constituye un factor determinante de la vida útil del producto. Bacterias psicrotróficas como *Brochothrix thermosphacta*, *Pseudomonas spp.* y *Shewanella putrefaciens* son responsables de la aparición de olores desagradables, cambios en el color de la carne y acumulación de

compuestos volátiles asociados al deterioro. Mediante modelos predictivos que incorporan variables como temperatura, pH, actividad de agua y condiciones de envasado, es posible estimar el tiempo máximo de almacenamiento seguro y optimizar la rotación de inventarios en plantas de procesamiento y cadenas de distribución (Yasruddin et al., 2025).

En la producción avícola, la calidad de los huevos también se ve afectada por procesos microbiológicos durante el almacenamiento. Factores como la temperatura, la humedad relativa y el tiempo de almacenamiento influyen en la penetración y proliferación de microorganismos a través de la cáscara, lo que puede comprometer la calidad interna del huevo y su inocuidad. Los modelos predictivos permiten estimar la evolución de la carga microbiana y definir condiciones óptimas de almacenamiento que prolonguen la vida útil del producto y reduzcan la proporción de huevos descartados por deterioro.

Los forrajes conservados, especialmente los ensilajes, representan otro ejemplo relevante de cómo la microbiología predictiva puede contribuir a la reducción de pérdidas en sistemas pecuarios. Durante el almacenamiento del ensilaje, la estabilidad del material depende del equilibrio entre diferentes grupos microbianos, particularmente bacterias ácido-lácticas, levaduras y mohos. Tras la apertura del silo, la exposición al oxígeno favorece el crecimiento de levaduras y hongos que consumen ácido láctico y elevan el pH del ensilaje, lo que reduce su estabilidad aeróbica y su valor nutritivo. Mediante modelos predictivos que incorporan variables como temperatura, humedad, actividad de agua y disponibilidad de oxígeno, es posible estimar la velocidad de deterioro del ensilaje y optimizar prácticas de manejo como la velocidad de extracción del silo o el uso de inoculantes microbianos.

Otra aplicación relevante de la microbiología predictiva en la reducción de pérdidas postcosecha es el monitoreo de condiciones ambientales mediante sensores y tecnologías digitales. La incorporación de sensores de temperatura, humedad y gases en sistemas de almacenamiento y transporte permite registrar datos en tiempo real que pueden integrarse a modelos predictivos de crecimiento microbiano. Estos sistemas permiten estimar el crecimiento microbiano acumulado a lo largo de la cadena de suministro y generar alertas tempranas cuando se superan condiciones críticas que favorecen el deterioro.

En sistemas de producción pecuaria de pequeña y mediana escala, las plataformas digitales y aplicaciones móviles también han comenzado a utilizarse para registrar condiciones de almacenamiento y estimar el riesgo de deterioro microbiológico. Estas herramientas permiten a productores y técnicos tomar decisiones oportunas sobre transporte, comercialización o procesamiento de productos animales, reduciendo pérdidas económicas y mejorando la eficiencia del sistema productivo.

Desde una perspectiva económica, la reducción del deterioro microbiológico se traduce en un aumento del rendimiento efectivo de la producción pecuaria. Al disminuir los rechazos comerciales, las devoluciones y el descarte de productos no conformes, se mejora la rentabilidad de la cadena agroalimentaria y se fortalece la confianza del consumidor en la calidad microbiológica de los alimentos de origen animal.

Asimismo, la disminución de pérdidas postcosecha contribuye de manera directa a la sostenibilidad ambiental de los sistemas pecuarios. Cada producto animal que se pierde representa una pérdida indirecta de recursos naturales utilizados durante su producción, incluyendo agua, energía, tierra y alimento. En este sentido, la microbiología predictiva

puede considerarse una herramienta estratégica para mejorar la eficiencia en el uso de recursos y reducir la huella ambiental de la producción animal.

La integración de modelos predictivos en sistemas de aseguramiento de la calidad, como los programas de Análisis de Peligros y Puntos Críticos de Control (HACCP) o normas internacionales de inocuidad alimentaria, también fortalece la gestión sanitaria de los productos pecuarios. Al proporcionar estimaciones cuantitativas del comportamiento microbiano bajo diferentes condiciones, estos modelos permiten diseñar estrategias de control más precisas y basadas en evidencia científica.

8.2. Optimización del uso de antimicrobianos mediante predicción del riesgo

El uso racional de antimicrobianos en la producción pecuaria constituye uno de los principales desafíos contemporáneos para la salud pública, la sostenibilidad agropecuaria y la seguridad alimentaria. Durante décadas, los antimicrobianos han sido utilizados ampliamente en sistemas de producción animal con fines terapéuticos, profilácticos e incluso como promotores de crecimiento. Sin embargo, el uso excesivo o inadecuado de estos compuestos ha contribuido a la emergencia y diseminación de bacterias resistentes, lo que representa una amenaza significativa para la eficacia de los tratamientos tanto en medicina veterinaria como en medicina humana.

En este contexto, la optimización del uso de antimicrobianos se ha convertido en una prioridad global dentro del enfoque One Health, que reconoce la interconexión entre la salud animal, la salud humana y la salud ambiental. Organismos internacionales como la Organización

Mundial de la Salud (OMS), la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) y la Organización Mundial de Sanidad Animal (WOAH) han enfatizado la necesidad de reducir el uso innecesario de antimicrobianos en la producción animal y promover estrategias de manejo sanitario basadas en la prevención y la evaluación del riesgo.

La microbiología predictiva ofrece herramientas valiosas para contribuir a este objetivo mediante el desarrollo de modelos capaces de anticipar la aparición, persistencia o propagación de microorganismos patógenos en sistemas pecuarios. A partir del análisis de variables ambientales, productivas y microbiológicas, estos modelos permiten estimar la probabilidad de ocurrencia de infecciones bacterianas y orientar decisiones sanitarias más precisas y oportunas.

Tradicionalmente, el uso de antimicrobianos en producción animal ha respondido a un enfoque reactivo, en el cual los tratamientos se aplican después de la aparición de síntomas clínicos o brotes infecciosos. En contraste, la microbiología predictiva promueve un enfoque preventivo basado en la anticipación de riesgos microbiológicos. Mediante la identificación de condiciones que favorecen el crecimiento o la transmisión de patógenos, es posible implementar medidas de manejo que reduzcan la probabilidad de infección y, en consecuencia, la necesidad de tratamientos antimicrobianos.

Los modelos predictivos utilizados en microbiología pueden describir la dinámica de crecimiento, supervivencia o inactivación de bacterias patógenas en diferentes ambientes productivos. Estos modelos integran variables como temperatura ambiental, humedad, densidad animal, calidad del agua de bebida, condiciones de ventilación, manejo

de estiércol y prácticas de bioseguridad. Al analizar la interacción entre estos factores, es posible estimar escenarios de riesgo y establecer estrategias preventivas adaptadas a cada sistema productivo.

En sistemas avícolas y porcinos, por ejemplo, se han desarrollado modelos predictivos para describir la dinámica poblacional de bacterias como *Escherichia coli*, *Salmonella spp.* y *Clostridium perfringens*. Estos modelos permiten identificar condiciones de manejo que favorecen la proliferación de patógenos entéricos, tales como temperaturas elevadas, deficiencias en la calidad del agua, densidades animales excesivas o deficiencias en los programas de limpieza y desinfección. La identificación temprana de estos factores permite implementar medidas correctivas antes de que se produzcan brotes clínicos, reduciendo la necesidad de tratamientos antibióticos masivos.

En sistemas de producción lechera, la microbiología predictiva también puede contribuir a la prevención de infecciones bacterianas como la mastitis. La integración de datos históricos de incidencia de mastitis, recuento de células somáticas, condiciones ambientales y prácticas de ordeño permite construir modelos que estiman la probabilidad de aparición de infecciones intramamarias. Estos modelos pueden utilizarse como herramientas de apoyo para la toma de decisiones en programas de control sanitario, permitiendo dirigir el uso de antimicrobianos únicamente a los animales o situaciones que realmente lo requieren.

Otra aplicación relevante de la microbiología predictiva es el modelado de la persistencia de bacterias resistentes en ambientes agropecuarios. Los microorganismos resistentes pueden sobrevivir durante periodos prolongados en estiércol, camas de animales, superficies

de instalaciones y sistemas de agua. Mediante modelos de supervivencia y dispersión microbiana, es posible estimar la duración de la viabilidad de estas bacterias en diferentes matrices ambientales y diseñar estrategias más eficaces de limpieza, desinfección y manejo de residuos.

Asimismo, la microbiología predictiva puede aplicarse al análisis de la cinética de eliminación de residuos antimicrobianos en tejidos animales destinados al consumo humano. A partir de modelos farmacocinéticos y datos experimentales, es posible predecir la velocidad de degradación o eliminación de determinados antimicrobianos en carne, leche o huevos, lo que permite establecer periodos de retiro adecuados y evitar la presencia de residuos por encima de los límites máximos permitidos.

Una herramienta particularmente importante en este ámbito es el Análisis Cuantitativo del Riesgo Microbiológico (QMRA), que integra información sobre prevalencia de patógenos, niveles de contaminación, patrones de exposición y consecuencias sanitarias para estimar el riesgo asociado al consumo de alimentos contaminados. Estos modelos probabilísticos permiten evaluar el impacto potencial de diferentes estrategias de control sanitario y apoyar la toma de decisiones en políticas de salud pública y gestión de riesgos alimentarios.

Desde una perspectiva productiva, la predicción del riesgo microbiológico permite optimizar los programas de manejo sanitario y mejorar la eficiencia del uso de antimicrobianos. La implementación de estrategias basadas en riesgo puede reducir significativamente el número de tratamientos innecesarios, disminuir los costos asociados al uso de medicamentos veterinarios y mejorar la sostenibilidad de los sistemas pecuarios.

Además, la integración de modelos predictivos con tecnologías digitales y sistemas de monitoreo en tiempo real abre nuevas oportunidades para la gestión sanitaria de las explotaciones pecuarias. Sensores ambientales, registros automatizados de producción y plataformas de análisis de datos permiten alimentar modelos dinámicos que actualizan continuamente las estimaciones de riesgo microbiológico. Estos sistemas pueden generar alertas tempranas cuando se detectan condiciones que favorecen la aparición de enfermedades infecciosas, facilitando intervenciones oportunas.

La microbiología predictiva también contribuye al desarrollo de estrategias alternativas al uso de antimicrobianos, como el empleo de probióticos, prebióticos, acidificantes y vacunas. Mediante modelos que evalúan la interacción entre microbiota intestinal, ambiente y patógenos, es posible identificar intervenciones que favorezcan el equilibrio microbiano y reduzcan la incidencia de infecciones bacterianas.

En sistemas de producción porcina, por ejemplo, los modelos predictivos que analizan la aparición de enteritis bacteriana en lechones han permitido identificar factores de riesgo asociados a cambios en la dieta, estrés térmico y condiciones de manejo. La implementación de estrategias preventivas basadas en estos modelos, como el ajuste de la formulación alimenticia o el uso de aditivos funcionales, ha contribuido a reducir el uso profiláctico de antibióticos sin comprometer la salud animal ni el desempeño productivo.

De manera similar, en sistemas de engorde de bovinos, el modelado de enfermedades respiratorias ha permitido identificar momentos críticos asociados al transporte, el manejo de corrales y la adaptación de los animales al nuevo ambiente. La adopción de medidas preventivas

basadas en estas predicciones ha demostrado reducir la incidencia de enfermedades y, por ende, la necesidad de tratamientos antimicrobianos.

En países de América Latina, donde los sistemas de vigilancia de resistencia antimicrobiana aún presentan limitaciones, la microbiología predictiva puede representar una alternativa costo-efectiva para anticipar riesgos sanitarios y orientar programas de control basados en evidencia científica. El desarrollo de modelos adaptados a las condiciones climáticas, productivas y epidemiológicas de la región puede contribuir significativamente a mejorar la gestión sanitaria de los sistemas pecuarios.

La microbiología predictiva se consolida como el eje transversal de la sostenibilidad pecuaria al transformar la gestión de riesgos biológicos en una estrategia de eficiencia de recursos y responsabilidad ética. Al integrar modelos matemáticos que anticipan el deterioro de matrices críticas como la leche, la carne y los forrajes ensilados, esta disciplina permite alcanzar la Eficiencia Microbiológica del Sistema, reduciendo drásticamente las pérdidas postcosecha que hoy comprometen la seguridad alimentaria global. Bajo el enfoque One Health, la capacidad de modelar el riesgo de brotes infecciosos permite migrar de una sanidad reactiva basada en el uso masivo de antibióticos hacia una vigilancia preventiva de precisión, mitigando la emergencia de la resistencia antimicrobiana y optimizando el bienestar animal. En última instancia, la aplicación de estas herramientas cuantitativas no solo blindará la rentabilidad de los sistemas productivos en América Latina frente a la variabilidad climática, sino que garantiza que cada insumo —agua, energía y alimento— se traduzca en proteína segura, minimizando la huella ambiental y asegurando la resiliencia de la producción animal para las futuras generaciones.

CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 8. Microbiología predictiva y sostenibilidad en la producción pecuaria

- 1. ¿Qué se entiende por "Eficiencia Microbiológica del Sistema" en la producción pecuaria?**
 - a) La eliminación total de todos los microorganismos presentes en la granja mediante químicos.
 - b) La capacidad de gestionar y predecir procesos microbianos para aumentar el rendimiento, reducir desperdicios y fortalecer la inocuidad.
 - c) El uso de modelos matemáticos para aumentar la velocidad de crecimiento de los animales por encima de su límite biológico.
 - d) La sustitución de la higiene manual por sensores de movimiento en las plantas de procesamiento.

- 2. Según la FAO, ¿qué porcentaje aproximado de alimentos se pierde o desperdicia a nivel mundial, siendo el deterioro microbiano un factor clave?**
 - a) Entre el 5 % y el 10 %.
 - b) Entre el 20 % y el 30 %.
 - c) Más del 60 %.
 - d) Menos del 2 %.

- 3. ¿Cómo contribuye la microbiología predictiva a la sostenibilidad ambiental de los sistemas pecuarios?**
 - a) Creando nuevas especies de bacterias que consumen plástico en los corrales.
 - b) Al reducir las pérdidas postcosecha, se evita el desperdicio indirecto de recursos como agua, tierra, energía y alimento usados en la producción.
 - c) Permitiendo que los animales vivan sin necesidad de consumir agua durante el transporte.
 - d) Generando modelos que eliminan la necesidad de utilizar forrajes o pastos.

4. En la producción lechera, ¿qué microorganismos son el principal foco de los modelos predictivos para evitar el deterioro por enzimas termoestables?

- a) Bacterias lácticas termófilas.
- b) Bacterias psicrótróficas como *Pseudomonas spp.*
- c) Hongos y levaduras de fermentación rápida.
- d) Bacterias anaerobias estrictas.

5. ¿Cuál es el principal beneficio de aplicar modelos predictivos en el manejo de ensilajes tras la apertura del silo?

- a) Determinar el color exacto que tendrá el forraje al final del año.
- b) Estimar la velocidad de deterioro aeróbico por levaduras y mohos para optimizar la velocidad de extracción.
- c) Reemplazar por completo el uso de plásticos para sellar el silo.
- d) Calcular el peso del tractor necesario para compactar el material.

6. predictiva en el uso de antimicrobianos?

- a) Pasar de un enfoque reactivo (tratar el brote) a un enfoque preventivo basado en la anticipación de riesgos.
- b) Aumentar las dosis de antibióticos preventivos basándose en el clima.
- c) Utilizar antimicrobianos solo cuando el modelo matemático indica que el precio del mercado es alto.
- d) Sustituir todas las vacunas por algoritmos de aprendizaje automático.

7. ¿Qué herramienta integra prevalencia de patógenos, niveles de contaminación y patrones de exposición para estimar el riesgo al consumidor?

- a) El modelo de Gompertz modificado.
- b) El Análisis Cuantitativo del Riesgo Microbiológico (QMRA).
- c) La regresión lineal simple.
- d) El conteo manual de unidades formadoras de colonia (UFC).

8. En sistemas porcinos, ¿cómo han ayudado los modelos predictivos a reducir el uso de antibióticos en lechones?

- a) Identificando factores de riesgo como estrés térmico y dieta para aplicar aditivos funcionales en lugar de fármacos profilácticos.
- b) Prediciendo el día exacto en que nacerán los lechones para desinfectar la sala.
- c) Eliminando la necesidad de limpiar las instalaciones si el modelo indica "bajo riesgo".
- d) Seleccionando genéticamente animales que no tienen bacterias en su intestino.

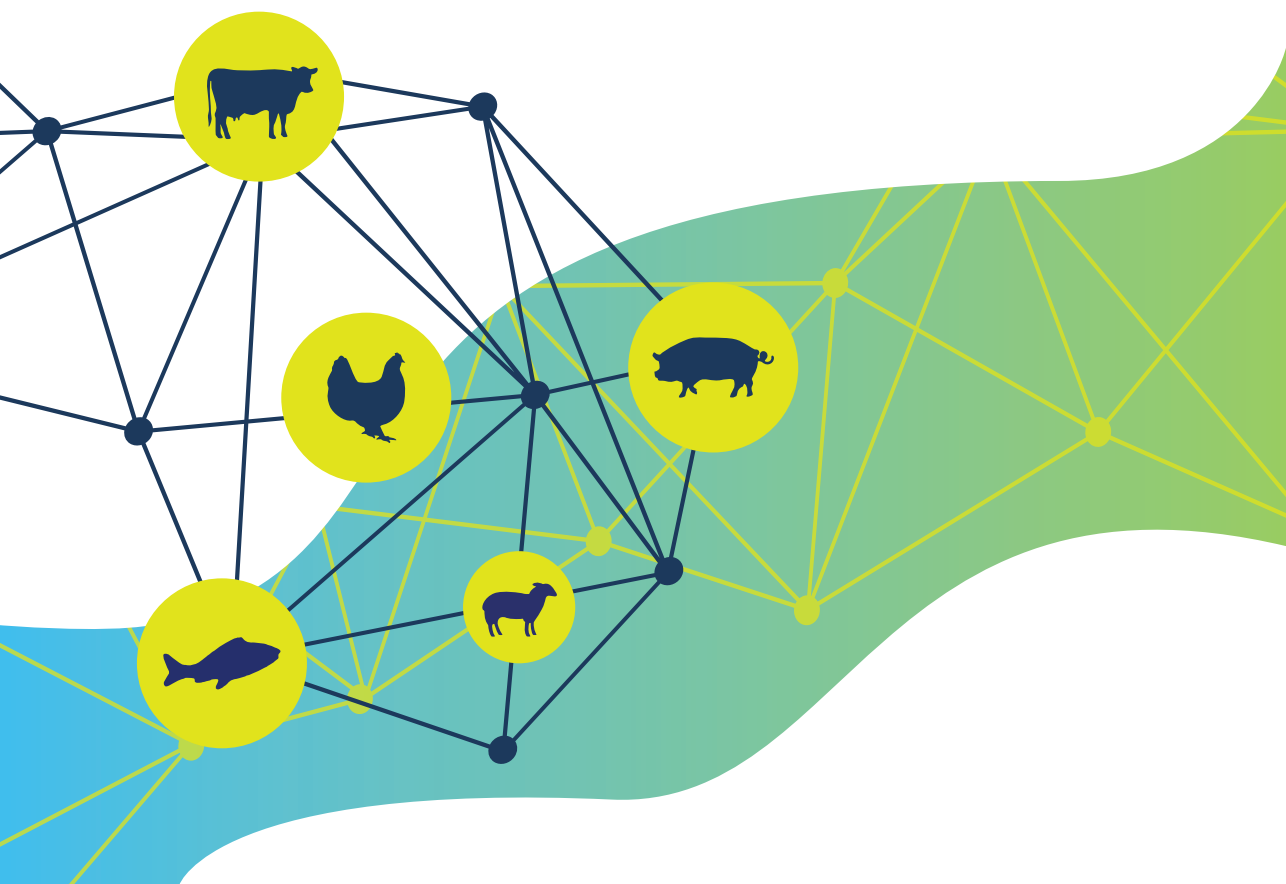
9. Bajo el enfoque "One Health", la microbiología predictiva actúa como un puente entre:

- a) La salud animal, la salud humana y la salud ambiental.
- b) El precio de los granos y el costo del transporte internacional.
- c) La genética de las plantas y la velocidad de los sensores IoT.
- d) La producción de carne y la exportación de cueros.

10. ¿Cuál es el papel de los sensores en tiempo real dentro de la estrategia de sostenibilidad descrita?

- a) Reemplazar a los veterinarios en el diagnóstico de enfermedades infecciosas.
- b) Alimentar modelos dinámicos que generan alertas tempranas, permitiendo intervenciones precisas y oportunas.
- c) Grabar imágenes para auditorías de bienestar animal exclusivamente.
- d) Medir únicamente el consumo de energía eléctrica de la unidad productiva.

Capítulo 9. Bioseguridad y gestión predictiva de la resistencia antimicrobiana



Introducción

La producción animal moderna enfrenta desafíos sanitarios cada vez más complejos derivados de la intensificación de los sistemas productivos, la creciente movilidad de animales y productos, y la interacción constante entre animales, humanos y ambiente. En este contexto, los riesgos microbiológicos asociados a patógenos infecciosos y a la diseminación de genes de resistencia antimicrobiana representan una preocupación central tanto para la sanidad animal como para la salud pública y la seguridad alimentaria. La gestión efectiva de estos riesgos requiere estrategias integradas que combinen prevención, monitoreo y herramientas analíticas capaces de anticipar escenarios epidemiológicos.

La bioseguridad constituye el primer nivel de defensa frente a la introducción y propagación de agentes infecciosos en las unidades pecuarias. Mediante la implementación de barreras físicas, protocolos sanitarios y prácticas de manejo orientadas a limitar la entrada y circulación de patógenos, los programas de bioseguridad buscan reducir la probabilidad de brotes sanitarios y proteger la productividad de los sistemas de producción animal. Sin embargo, la efectividad de estas medidas depende no solo de su diseño estructural, sino también de su correcta implementación y evaluación continua en función de los riesgos específicos de cada sistema productivo.

Paralelamente, el uso de antimicrobianos en la producción animal ha contribuido al control de numerosas enfermedades infecciosas, pero también ha favorecido la selección y diseminación de microorganismos resistentes. La resistencia antimicrobiana se ha convertido en un problema global que trasciende las fronteras entre la medicina humana, la veterinaria y el ambiente, lo que ha impulsado la adopción del enfoque One Health para su estudio y control. En los sistemas pecuarios, la interacción entre prácticas de manejo, uso de antibióticos, microbiomas animales y reservorios ambientales crea condiciones propicias para la emergencia y propagación de genes de resistencia.

En las últimas décadas, el desarrollo de la microbiología predictiva ha ampliado las posibilidades para comprender y gestionar estos procesos complejos. Mediante el uso de modelos matemáticos, análisis estadísticos avanzados y técnicas de aprendizaje automático, es posible integrar información microbiológica, epidemiológica y ambiental para estimar probabilidades de ocurrencia de eventos sanitarios, anticipar tendencias de resistencia antimicrobiana y evaluar el impacto potencial de diferentes estrategias de intervención.

En este contexto, el presente capítulo aborda la gestión del riesgo microbiológico en sistemas pecuarios desde una perspectiva integrada. En primer lugar, se analizan los principios de bioseguridad aplicados a las explotaciones animales y su papel en la prevención de enfermedades infecciosas. Posteriormente, se examina el problema de la resistencia antimicrobiana en producción animal y el papel de los enfoques predictivos en su control. Finalmente, se describen los sistemas de vigilancia microbiológica y los modelos utilizados para evaluar la diseminación de genes de resistencia en ambientes pecuarios, destacando su importancia para el diseño de estrategias de manejo sanitario basadas en evidencia.

9.1 Principios de bioseguridad en unidades pecuarias

La bioseguridad en las unidades pecuarias constituye un componente esencial en la prevención, control y mitigación de enfermedades infecciosas que afectan la productividad, el bienestar animal y la inocuidad de los productos de origen animal. En el contexto de la microbiología predictiva, estos principios adquieren una dimensión adicional, ya que permiten integrar estrategias preventivas con modelos cuantitativos capaces de anticipar la probabilidad de introducción, persistencia y diseminación de agentes patógenos en los sistemas productivos. En este sentido, la bioseguridad no solo busca evitar el ingreso de patógenos, sino también limitar su propagación interna y reducir su persistencia ambiental dentro de las explotaciones pecuarias (Ferraz et al., 2024).

Desde una perspectiva conceptual, la bioseguridad pecuaria se divide en dos componentes complementarios: la bioseguridad externa y la bioseguridad interna. La bioseguridad externa se centra en impedir la entrada de agentes infecciosos al sistema productivo mediante el control del ingreso de animales, vehículos, personal, insumos y materiales. Por su parte, la bioseguridad interna tiene como objetivo evitar la propagación de patógenos una vez que estos han ingresado a la explotación, a través de medidas como la separación física de lotes, la limpieza y desinfección de equipos, la gestión diferenciada de flujos de trabajo y el manejo adecuado de residuos (Jiang et al., 2022). La aplicación simultánea de ambas dimensiones resulta indispensable, ya que una falla en cualquiera de ellas puede comprometer la efectividad del sistema sanitario en su conjunto.

Un ejemplo ilustrativo de evaluación estructurada de bioseguridad es el sistema Biocheck, desarrollado por la Universidad de Gante, el cual permite valorar cuantitativamente las prácticas de bioseguridad interna

y externa en granjas pecuarias. Este modelo ha demostrado que las deficiencias en la bioseguridad externa incrementan significativamente la probabilidad de introducción de patógenos, mientras que las fallas en la bioseguridad interna favorecen su propagación dentro del sistema productivo (Chun et al., 2024). Este tipo de herramientas proporciona indicadores comparables entre explotaciones y facilita la identificación de puntos críticos de mejora en los programas sanitarios.

La bioseguridad se sustenta en una jerarquía de controles que prioriza las medidas estructurales y preventivas sobre aquellas que dependen exclusivamente del comportamiento humano. En este contexto, principios como la exclusión, la implementación de barreras físicas, el saneamiento, el monitoreo sanitario y la capacitación del personal conforman un sistema integrado de defensa sanitaria. Las barreras estructurales incluyen cercas perimetrales, áreas diferenciadas de acceso limpio y sucio, y estaciones de desinfección de vehículos. Las medidas operativas comprenden el control del ingreso de personas y materiales, la cuarentena de animales de reemplazo, la restricción de visitantes y el uso de ropa y calzado exclusivos dentro de la unidad productiva. Finalmente, los programas de higiene y saneamiento abarcan procedimientos sistemáticos de limpieza, desinfección y secado de instalaciones y equipos, acompañados de evaluaciones periódicas de su eficacia mediante indicadores microbiológicos o pruebas rápidas de contaminación superficial.

Comprender los mecanismos de transmisión de patógenos dentro de las explotaciones pecuarias es fundamental para diseñar programas de bioseguridad eficaces. Las rutas de transmisión más comunes incluyen el movimiento de animales vivos, el transporte de insumos y residuos, la circulación del personal, el uso compartido de equipos, el agua o alimento contaminados, los vectores biológicos y la dispersión de aerosoles (figura 23).

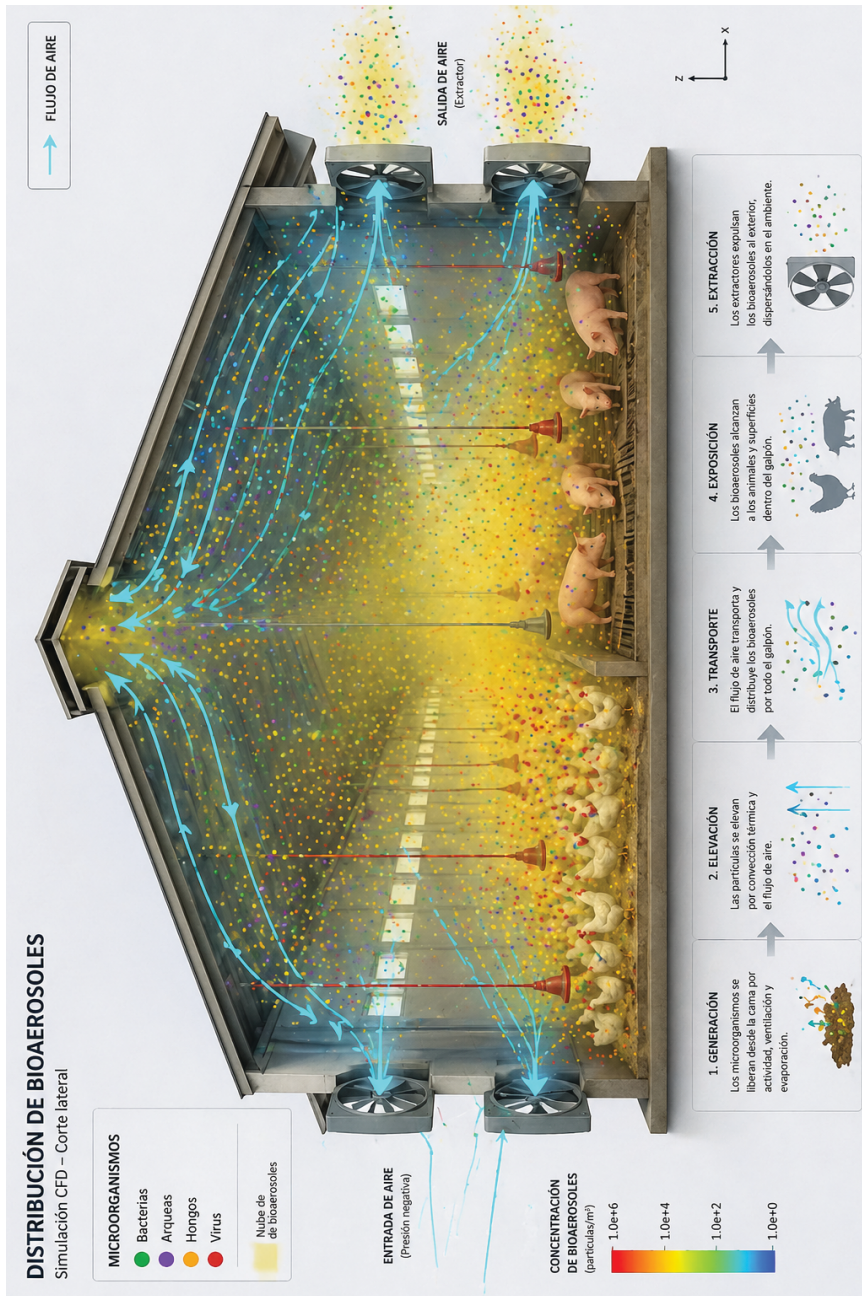


Figura 23. Diseminación de microorganismos mediante bioaerosoles en galpones.

Un ejemplo ampliamente documentado es el virus del síndrome reproductivo y respiratorio porcino (PRRSv), que puede transmitirse por contacto directo entre animales, a través de aerosoles que alcanzan varios kilómetros de distancia y mediante vehículos o ropa contaminada (Kim et al., 2023). Este tipo de evidencias resalta la importancia de integrar la vigilancia epidemiológica con protocolos rigurosos de limpieza y desinfección adaptados a las rutas de transmisión más relevantes en cada sistema productivo.

No obstante, la implementación efectiva de programas de bioseguridad enfrenta diversas limitaciones. Entre los factores que influyen en su adopción se encuentran el costo percibido de las medidas, el tamaño y tipo de explotación, el nivel de capacitación de los productores, la cultura organizacional de las empresas pecuarias y la existencia de normativas sanitarias o auditorías externas (Kim et al., 2023). Diversos estudios han demostrado que la percepción del riesgo sanitario influye significativamente en la adherencia a las prácticas de bioseguridad: los productores que han experimentado brotes epidémicos tienden a mostrar un mayor compromiso con la implementación de protocolos preventivos (Moradbeikie et al., 2025). Por el contrario, las explotaciones pequeñas o de carácter familiar suelen presentar mayores limitaciones en infraestructura y capacitación, lo que incrementa su vulnerabilidad frente a enfermedades infecciosas.

El diseño e implementación de un plan de bioseguridad efectivo requiere un enfoque sistemático y adaptativo. En primer lugar, se debe realizar un diagnóstico de la situación sanitaria mediante auditorías de riesgo o herramientas estandarizadas de evaluación. Posteriormente, se establecen objetivos de mejora, se priorizan las medidas según su impacto potencial y se implementan planes de acción acompañados de

procesos continuos de capacitación del personal. La evaluación periódica mediante indicadores microbiológicos, monitoreo ambiental o verificación del cumplimiento de protocolos permite valorar la eficacia de las medidas adoptadas y realizar ajustes dinámicos en función de los resultados obtenidos.

En este contexto, la integración de herramientas de microbiología predictiva permite fortalecer significativamente los programas de bioseguridad. A través de modelos epidemiológicos y análisis de riesgo cuantitativos, es posible simular escenarios de introducción de patógenos, identificar puntos críticos de transmisión dentro de las explotaciones y estimar el impacto potencial de diferentes medidas de control. Estas aproximaciones permiten optimizar la asignación de recursos sanitarios y diseñar estrategias preventivas más eficientes para reducir el riesgo microbiológico en los sistemas de producción animal.

9.2 Resistencia antimicrobiana y control microbiológico predictivo

La resistencia antimicrobiana (AMR, por sus siglas en inglés) constituye una amenaza creciente para la salud global, cuya importancia abarca no solo el ámbito humano, sino también los sistemas de producción animal y el ambiente. En el sector pecuario, el uso intensivo o inapropiado de antibióticos, combinado con flujos microbianos entre animales, suelos, aguas y personas, facilita la selección y diseminación de cepas resistentes y genes de resistencia (ARGs). Esta realidad demanda enfoques predictivos que permitan anticipar perfiles de resistencia, adaptar protocolos terapéuticos y orientar medidas de mitigación (Alnimr, 2023).

El contexto del ganado y otras especies de producción animal es especialmente complejo. Se estima que entre el 63 000 y 106 000 toneladas de antibióticos son empleadas anualmente en la ganadería a nivel mundial, principalmente en clases como tetraciclinas, β -lactámicos, macrólidos, sulfonamidas y trimetoprim (Antibiotic Use in Livestock and Environmental Antibiotic Resistance, 2023). Gran parte de esas sustancias no son completamente metabolizadas por los animales, y aproximadamente el 75 % de los antibióticos administrados pueden ser excretados en orina y heces, liberándose al ambiente y ejerciendo presión selectiva en microbiotas externas (Anderson et al., 2023). En consecuencia, los estiércoles, lodos y aguas residuales se convierten en reservorios críticos de ARGs y bacterias resistentes susceptibles de propagación hacia ecosistemas circundantes y humanos.

La vigilancia tradicional de resistencia, basada en aislamiento y pruebas fenotípicas de susceptibilidad, sigue siendo indispensable. No obstante, estos datos por sí solos ofrecen una visión retrospectiva, poco adecuada para anticipar emergencias en sistemas dinámicos. Por ello, la microbiología predictiva complementa la vigilancia fenotípica con modelos estadísticos, de aprendizaje automático y modelos híbridos que integran variables de manejo, ambientales, espaciales y genómicas para predecir la probabilidad futura de resistencia. Resci et al. (2024) desarrollaron modelos estadísticos que integran datos agrícolas y de uso de suelo para pronosticar la propagación de AMR en entornos agrícolas. En el ámbito de la predicción dirigida por genómica, Kim & Ahn (2022) aplicaron machine learning sobre datos de más de 600 granjas para anticipar la carga futura de resistencia en patógenos bacterianos, combinando metadatos clínicos y genómicos.

Los modelos interpretables de predicción de resistencia también han demostrado utilidad práctica. Un trabajo de Chung et al. (2023) construyó un modelo para predecir fenotipos de resistencia en múltiples hospedadores animales, con interpretabilidad que permite identificar mecanismos asociados y variables clave. Tal tipo de modelos contribuye no solo a predecir qué cepas serán resistentes, sino también a sugerir qué variables (por ejemplo, dosis, historial de uso, contexto ambiental) son más determinantes. Estudios más recientes apuntan a la construcción de modelos explicables que fusionan redes neuronales y métodos de ensamble para mejorar el rendimiento predictivo usando secuencias de genomas y SNPs (Costa et al., 2022).

La formulación de modelos predictivos para AMR en zootecnia requiere atención especial a varias dimensiones. Primero, es crucial seleccionar predictores relevantes: uso histórico de antibióticos (tipo, dosis, frecuencia), manejo sanitario (tiempos de retiro, programas de vacunación), factores ambientales (temperatura, humedad, pH del suelo y agua), conectividad ecológica entre unidades de producción, densidad regional de granjas y flujos de residuos. También es esencial incluir datos genómicos o metagenómicos (resistoma) cuando estén disponibles, para capturar variabilidad no observable en cultivos. Segundo, los modelos deben estar sujetos a validación rigurosa: partición de datos temporales y espaciales, validación externa, pruebas cruzadas, análisis de sensibilidad e incertidumbre (por ejemplo mediante bootstrapping o métodos bayesianos). Tercero, la interpretabilidad es vital en contextos agrícolas: los modelos deben proporcionar información accionable, no solo predicciones crudas. En este sentido, técnicas como SHAP (Shapley Additive Explanations), LIME o análisis de importancia variables permiten desentrañar la contribución de cada predictor a la predicción.

Más allá de la resistencia en cepas aisladas, el concepto de resistoma ha ganado protagonismo. Este enfoque considera el conjunto total de genes de resistencia presentes en una comunidad microbiana (incluso en bacterias no cultivables). El análisis metagenómico de resistomas permite cuantificar la abundancia relativa de ARGs en muestras ambientales, estiércoles, suelos y microbiomas animales, y brinda una base más rica para alimentar modelos predictivos. Por ejemplo, recientes estudios han identificado cómo los ARGs móviles compartidos entre microbiomas aviarios y ambientes se correlacionan con prácticas de manejo, revelando conexiones entre uso de antibióticos y diseminación genética (Machine learning and metagenomics reveal shared resistomes, 2023). Además, el análisis de integrones de clase 1 (*intl1*) ha sido propuesto como proxy universal de contaminación antropogénica y capacidad de propagación de resistencia genética.

La predicción de resistencia en animales de producción no es solo una cuestión académica: tiene implicaciones prácticas inmediatas. Por ejemplo, un sistema predictivo puede alertar que en determinadas condiciones de manejo ambiental (por ejemplo temperaturas elevadas, alta humedad, baja ventilación) es probable que algunas cepas con resistencia emergente se vuelvan dominantes, lo que justifica monitoreos puntuales más frecuentes o cambios en las decisiones de antibióticos. También permite diseñar estrategias secuenciales de rotación de antimicrobianos, minimizar la presión selectiva sostenida y optar por terapias guiadas que restrinjan el desarrollo de resistencia. En ciertos escenarios, los modelos pueden sugerir umbrales de abundancia de ARGs en residuos o suelos que accionen medidas de mitigación antes de que la diseminación regional se vuelva incontrolable.

Un caso reciente ejemplar aplicó modelos de difusión espacial al manejo de aguas residuales en lecherías. Todman et al. (2024) modelaron flujos de aguas residuales y prácticas de gestión de efluentes en explotaciones lecheras para cuantificar su impacto sobre la diseminación de *Escherichia coli* resistente a cefalosporinas en el ambiente. Los resultados mostraron fluctuaciones temporales explicables por las actividades de la granja, como la descarga de sustancias de baños de pies en el sistema de purines, enfatizando la necesidad de intervenir en las etapas de disposición de residuos. Este tipo de modelado espacial-interno integrado abre nuevas perspectivas para la predicción de riesgo funcional del entorno inmediato.

Sin embargo, persisten desafíos importantes. En muchos países de ingresos medios y bajos, los datos de uso de antibióticos en ganadería son escasos o de baja calidad, lo que limita la calibración precisa de modelos. Además, en algunos contextos, la calidad de los medicamentos veterinarios no es adecuada, lo que conduce a dosis subterapéuticas que favorecen la difusión de resistencia. Asimismo, la validez de modelos predictivos depende de regular actualizaciones con datos recientes, pues la resistencia evoluciona con el tiempo y puede aparecer resistencias emergentes no contempladas en modelos antiguos.

9.3 Vigilancia de resistencia antimicrobiana

La vigilancia de la resistencia antimicrobiana (AMR) en los sistemas de producción animal constituye un componente fundamental para comprender las tendencias emergentes de resistencia, evaluar el impacto del uso de antimicrobianos y generar información que permita orientar estrategias de control sanitario. Más allá de una actividad meramente

descriptiva, los sistemas de vigilancia deben concebirse como plataformas dinámicas de generación y análisis de datos que apoyen la toma de decisiones en salud animal, salud pública y gestión ambiental.

Tradicionalmente, la vigilancia de AMR se ha basado en el aislamiento de bacterias patógenas o comensales relevantes —como *Salmonella*, *Escherichia coli*, *Campylobacter* y *Enterococcus*— seguido de pruebas fenotípicas de susceptibilidad antimicrobiana mediante métodos de dilución, difusión o técnicas como el E-test. Estos procedimientos permiten estimar la proporción de cepas resistentes en poblaciones animales o en productos de origen animal destinados al consumo humano. No obstante, este enfoque presenta limitaciones importantes, ya que ofrece una visión principalmente retrospectiva del problema y depende de la capacidad de cultivo de los microorganismos analizados, así como de la cobertura y consistencia de los sistemas de muestreo y reporte (Damena et al., 2022).

En muchos países, la vigilancia de resistencia antimicrobiana en producción animal enfrenta desafíos estructurales significativos. Los sistemas veterinarios pueden carecer de infraestructura diagnóstica suficiente, los laboratorios no siempre reportan resultados de manera estandarizada y la disponibilidad de datos sobre uso de antimicrobianos en granjas es frecuentemente limitada. Asimismo, existe una brecha entre los sistemas de vigilancia de resistencia en humanos y aquellos implementados en animales, lo que dificulta la integración de información bajo el enfoque One Health (Davidson et al., 2021). Estas limitaciones restringen la capacidad de los sistemas de vigilancia para detectar oportunamente cambios en los patrones de resistencia y para orientar intervenciones efectivas.

Con el fin de superar estas limitaciones, los enfoques modernos de vigilancia incorporan cada vez con mayor frecuencia herramientas genómicas y metagenómicas que complementan los métodos fenotípicos tradicionales. El análisis del resistoma —entendido como el conjunto total de genes de resistencia presentes en una comunidad microbiana— permite identificar genes de resistencia incluso en bacterias no cultivables. Mediante técnicas de secuenciación de ADN ambiental provenientes de estiércoles, suelos, aguas residuales o microbiomas animales, es posible cuantificar la abundancia relativa de genes de resistencia (ARGs) y evaluar su distribución espacial y temporal en los sistemas productivos. Esta aproximación permite detectar cambios en la composición genética de las comunidades microbianas antes de que se manifiesten aumentos evidentes en las tasas fenotípicas de resistencia.

La vigilancia ambiental de resistencia antimicrobiana ha emergido como un componente particularmente relevante dentro de los sistemas de monitoreo. Diversos estudios han demostrado que compartimentos ambientales como el agua, el suelo, el aire o los residuos orgánicos pueden actuar como reservorios y rutas de dispersión de bacterias resistentes y genes de resistencia. El monitoreo sistemático de estos compartimentos permite identificar rutas potenciales de transmisión fuera de las unidades productivas y proporciona información complementaria para comprender la dinámica ecológica de la resistencia antimicrobiana en los agroecosistemas.

Recientemente, la integración de herramientas de análisis de datos y técnicas de aprendizaje automático ha ampliado las capacidades de los sistemas de vigilancia. Al combinar datos microbiológicos, información sobre uso de antimicrobianos, variables ambientales y prácticas de manejo productivo, es posible construir modelos predictivos que identifiquen

patrones emergentes de resistencia y estimen el riesgo futuro de aparición de cepas resistentes. Estas aproximaciones permiten priorizar sitios de muestreo, optimizar los programas de vigilancia y establecer sistemas de alerta temprana para la detección de resistencias emergentes.

Un ejemplo destacado de integración de vigilancia en el marco One Health es el sistema NARMS (National Antimicrobial Resistance Monitoring System) implementado en Estados Unidos, el cual reúne información proveniente de humanos, animales y alimentos para evaluar tendencias de resistencia antimicrobiana a nivel nacional. Sistemas de este tipo demuestran el valor de las plataformas de vigilancia integradas para generar evidencia científica que respalde decisiones regulatorias y estrategias de manejo sanitario.

9.4 Modelos para evaluar la diseminación de genes de resistencia

La propagación de genes de resistencia antimicrobiana (ARGs) no depende únicamente de la proliferación de bacterias resistentes, sino también de mecanismos de transferencia horizontal de genes (HGT, horizontal gene transfer) que permiten que estos genes salten entre cepas, géneros o incluso entre comunidades microbianas distintas. Por ello, los modelos que buscan evaluar la diseminación de ARGs deben capturar tanto la dinámica poblacional (crecimiento, muerte, competencia) como los procesos de transmisión genética, movilidad de bacterias y flujos ambientales. Este tipo de modelado es esencial para predecir escenarios bajo distintas estrategias de mitigación y para cuantificar riesgos de difusión entre corrales, granjas y su entorno.

En primer lugar, las rutas principales de HGT conjugación plasmídica, transformación (captura de ADN libre), transducción (mediada por bacteriófagos) y difusión vía vesículas (vesiducción)— han sido bien caracterizadas y constituyen el punto de partida para el modelado (Ruzante et al., 2021). Si bien la conjugación plasmídica es la vía más frecuente y relevante para la diseminación de resistencia en ambientes intensivos, otros mecanismos pueden adquirir importancia en ciertos nichos o bajo condiciones especiales. La transformación puede ser relevante en ambientes donde el ADN libre persiste, mientras que la transducción ofrece potencial de transferencia en comunidades bacterianas con bacteriófagos activos.

Para capturar estas dinámicas, los modelos matemáticos utilizados han evolucionado desde enfoques clásicos hasta sistemas sofisticados. Los modelos determinísticos basados en ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO) permiten describir la tasa media de transferencia plasmídica entre poblaciones donantes y receptoras, integrando la segregación del plásmido (pérdida durante la reproducción), la fitness cost del plásmido y la presión selectiva de antibióticos. Al respecto, Pellissery et al. (2025) proponen modelos que incorporan no solo la transferencia plasmídica sino también factores ambientales reguladores —como la disponibilidad de receptores y la expresión génica de conjugación dependiente del contexto— mediante sistemas de ecuaciones con términos de convolución que modelan la detección de receptores alrededor del donante (modulación espacial del proceso). En esos modelos también se incorpora la transferencia vertical al replicar células portadoras, lo que permite comparar la contribución relativa de HGT frente a transmisión clonal cuando se considera el costo de mantenimiento del plásmido.

Los modelos estocásticos, por su parte, permiten capturar la heterogeneidad inherente a los procesos de transferencia, especialmente en poblaciones pequeñas o compartimentos localizados (por ejemplo, dentro de biofilms o nichos microambientales). Estos modelos pueden emplear simulaciones Monte Carlo o procesos de salto (jump processes) para modelar eventos discretos de transferencia genética, desaparición o migración de bacterias portadoras. En entornos espaciales, los modelos de difusión y reacción-difusión (reaction–diffusion) han sido empleados para combinar transporte bacteriano (por movimiento, flujo de agua o aire) con transferencia genética local. En particular, los modelos de plasmidio en biofilms han usado ecuaciones en derivadas parciales para incluir efectos de difusión molecular, limitación de nutrientes y competencia espacial (Ruzante et al., 2021).

Un aspecto crítico es la estructura espacial de la comunidad microbiana. En entornos con estructura espacial fuerte (por ejemplo biofilms, colonias en superficies), la diseminación de plásmidos puede verse frenada por la deriva genética espacial y la separación física entre donantes y receptores. En modelos de población espacial, se ha demostrado que la estructura puede suprimir la conjugación porque los donantes y receptores se aíslan en segmentos distintos y la transferencia solo ocurre en los bordes de contacto (Vincent et al., 2024). Esto sugiere que la heterogeneidad espacial —por ejemplo, segregación de nichos, muros físicos, franjas de competencia microbiana— puede modular fuertemente la diseminación genética.

Más allá de la simple transferencia entre dos poblaciones, los modelos contemporáneos buscan integrar redes de transmisión que conectan múltiples unidades productivas, transporte de animales o equipos, flujos de residuos y dispersión ambiental. En esos meta-

modelos, cada nodo representa una granja, corral o compartimento ambiental, y las aristas representan rutas susceptibles de flujo bacteriano o transferencia de genes (por ejemplo, transporte de estiércol, agua de escorrentía, camiones compartidos). La transferencia dentro de cada nodo es modelada con uno de los modelos descritos (determinístico o estocástico), mientras que los movimientos internodos permiten simular la propagación regional de ARGs. Esta estrategia ha sido aplicada para anticipar cómo un plásmido introducido en una granja puede “infectar” granjas vecinas a través de rutas de transporte y transferencia genética cruzada.

Otra dimensión clave en los modelos es la co-selección por metales pesados, biocidas o contaminantes ambientales. Algunos plásmidos portan genes de resistencia múltiple (co-resistencia) que proveen ventajas en presencia de agentes no antibióticos, incentivando su mantenimiento aun en ausencia de presión directa de antibióticos. Los modelos más recientes incorporan esos efectos moduladores, permitiendo simular umbrales de concentración de metales o biocidas que favorecen la persistencia de plásmidos resistentes. Además, las interacciones entre plásmidos (competencia plasmídica) y los mecanismos celulares de defensa —como sistemas CRISPR-Cas o sistemas de restricción-modificación que inhiben la adquisición de plásmidos— pueden integrarse como términos de inhibición en los modelos, reduciendo efectivamente la tasa de transferencia en ciertos contextos.

La calibración y validación de estos modelos exige datos experimentales robustos. Estudios *in vitro* de conjugación en medios líquidos o en superficies permiten estimar las tasas base de transferencia. Experimentos en condiciones más realistas (por ejemplo extractos fecales, co-cultivos complejos) ayudan a ajustar parámetros de densidad,

competencia y segregación (Vincent et al., 2024). En ambientes in vivo —por ejemplo intestino de animales experimentales— los datos de resistoma longitudinal pueden servir para validar predicciones de propagación espacial y temporal. La integración de datos de secuenciación metagenómica, abundancias de ARGs y flujos físicos (agua, viento, transporte) permite ajustar metaparámetros de dispersión y modelos híbridos.

Sin embargo, los modelos para diseminación de genes de resistencia enfrentan desafíos notables. La falta de datos cuantitativos escalables (tasas naturales de transferencia en campo, movimiento bacteriano ambiental, margen de fitness de plásmidos) limita la precisión. Además, la heterogeneidad ecológica de microbiomas y la evolución constante de los plásmidos (mutaciones, ganancias o pérdidas de genes) pueden hacer que los modelos requieran actualizaciones frecuentes o adaptación local. En esa línea, trabajos recientes destacan cómo la heterogeneidad de comunidades microbianas —más allá del costo y beneficio promedio del plásmido— puede favorecer su persistencia incluso sin presión selectiva externa. Y en escenarios donde ocurren mutaciones o transferencia simultánea y mutación (combinar HGT y mutación), modelos como el de Djidjou-Demasse permiten analizar la convivencia de cepas sensibles, mutacionales, plasmídicas y con ambas resistencias dentro del mismo hospedador (Djidjou-Demasse et al., 2023).

La articulación entre bioseguridad y modelos de resistencia antimicrobiana permite concluir que la sanidad pecuaria debe gestionarse como un flujo dinámico de información y no solo como un estado estático de limpieza. Se establece que la bioseguridad externa e interna es el sustrato sobre el cual operan los modelos predictivos; sin

datos de bioseguridad, las predicciones de RAM carecen de contexto, y sin modelos de resistencia, la bioseguridad es ciega ante las amenazas invisibles del intercambio genético horizontal.

Finalmente, el capítulo demuestra que la vigilancia moderna debe trascender el cultivo bacteriano tradicional para integrar el análisis del resistoma ambiental. Los modelos estocásticos y deterministas aquí descritos prueban que la diseminación de genes de resistencia es un fenómeno predecible y, por lo tanto, mitigable. La implementación de estas herramientas permite al zootecnista y al médico veterinario liderar una producción animal responsable, donde la reducción del uso de antibióticos no sea una imposición regulatoria, sino el resultado natural de un sistema bioseguro, inteligente y técnicamente blindado contra la evolución bacteriana.

CUESTIONARIO DE EVALUACIÓN: CAPÍTULO 9. Bioseguridad y gestión predictiva de la resistencia antimicrobiana

- 1. ¿Cuál es la diferencia fundamental entre la bioseguridad externa e interna en una unidad pecuaria?**
 - a) La externa controla el clima de la granja y la interna controla la dieta de los animales.
 - b) La bioseguridad interna es obligatoria para la exportación y la externa es opcional para el mercado local.
 - c) La externa impide la entrada de patógenos al sistema, mientras que la interna limita su propagación una vez dentro.
 - d) La externa se refiere a barreras físicas y la interna a la aplicación de vacunas y antibióticos.

- 2. ¿Qué representa el sistema "Biocheck" mencionado en el texto?**
 - a) Un modelo para valorar cuantitativamente las prácticas de bioseguridad interna y externa.
 - b) Un dispositivo electrónico para detectar bacterias en el agua de bebida en tiempo real.
 - c) Un método de vacunación automatizado para aves y porcinos de exportación.
 - d) Una plataforma para la compra y venta de insumos veterinarios certificados.

- 3. En el contexto de la RAM, ¿qué porcentaje aproximado de los antibióticos administrados puede ser excretado al ambiente por los animales?**
 - a) Cerca del 10%, ya que la mayoría se metaboliza completamente en el hígado.
 - b) Menos del 5%, quedando el resto acumulado permanentemente en el tejido muscular.
 - c) Casi el 100%, porque los animales no poseen enzimas para procesar fármacos.
 - d) Aproximadamente el 75%, a través de la orina y las heces.

4. ¿Qué ventaja principal ofrece la vigilancia metagenómica del "resistoma" frente a la vigilancia fenotípica tradicional?

- a) Es mucho más barata y no requiere equipo especializado ni personal capacitado.
- b) Permite identificar genes de resistencia incluso en bacterias que no pueden ser cultivadas en laboratorio.
- c) Garantiza que el animal se cure más rápido de cualquier infección bacteriana activa.
- d) Sustituye la necesidad de realizar necropsias y diagnósticos clínicos en la unidad productiva.

5. ¿Qué es la "Transferencia Horizontal de Genes" (HGT) y por qué es crítica en sistemas pecuarios?

- a) Es el movimiento de genes de resistencia entre diferentes bacterias, permitiendo una rápida diseminación de la RAM.
- b) Es el paso de genes de padres a hijos durante la reproducción animal convencional.
- c) Es un proceso físico mediante el cual los antibióticos se evaporan en el aire de los galpones.
- d) Es la técnica de mover animales horizontalmente entre corrales para reducir el estrés social.

6. ¿Cuáles es la función de los modelos estocásticos en la predicción de la diseminación de genes de resistencia?

- a) Predecir con exactitud absoluta el día y la hora en que aparecerá un brote sanitario.
- b) Calcular únicamente el costo económico de los desinfectantes por metro cuadrado.
- c) Capturar la heterogeneidad y los eventos aleatorios en poblaciones pequeñas o nichos como biofilms.
- d) Eliminar la necesidad de tomar muestras de campo mediante el uso de inteligencia artificial.

7. ¿Qué técnica de aprendizaje automático se menciona para desentrañar la contribución de diferentes variables a la predicción de resistencia?

- a) El uso de hojas de cálculo simples para promediar datos históricos de mortalidad.
- b) Técnicas como SHAP o LIME para generar modelos explicables e interpretables.
- c) La impresión de gráficos en 3D para la visualización arquitectónica de la granja.
- d) Algoritmos de búsqueda de precios de mercado para la rotación de fármacos.

8. ¿Por qué la estructura espacial (como en los biofilms) puede frenar la diseminación de plásmidos según el texto?

- a) Debido a que la separación física aísla a donantes y receptores, limitando la transferencia a los bordes de contacto.
- b) Porque las bacterias en los biofilms mueren más rápido por la falta crítica de oxígeno.
- c) Porque los plásmidos son demasiado pesados para moverse a través de superficies celulares sólidas.
- d) Porque el biofilm actúa como un antibiótico natural que destruye el ADN extracelular de forma selectiva.

9. En el marco de "One Health", ¿cuál es un ejemplo destacado de sistema de vigilancia integrada mencionado?

- a) El sistema NARMS de Estados Unidos, que reúne información de humanos, animales y alimentos.
- b) La red social de veterinarios rurales encargada de reportar casos clínicos en América Latina.
- c) El censo nacional agropecuario que registra la demografía de las especies productivas.
- d) Los protocolos de limpieza de las oficinas administrativas y áreas comunes de las granjas.

10. ¿Cuál es la conclusión principal sobre la relación entre bioseguridad y modelos predictivos?

- a) La bioseguridad física es suficiente por sí sola y los modelos matemáticos son opcionales.
- b) Los modelos predictivos reemplazan por completo la necesidad de cercas, pediluvios y protocolos de higiene.
- c) Son disciplinas opuestas que generan conflicto en la toma de decisiones del zootecnista.
- d) Ambos deben integrarse: la bioseguridad proporciona el contexto y los modelos permiten gestionar amenazas invisibles.

Referencias Bibliográficas

- Aguirre-Garrido, J. F., Hamdan-Partida, A., Pérez-Ramos, J., González-García, S., Bustos-Hamdan, A., & Bustos-Martínez, J. (2024). Comparison of the bacterial microbiome in the pharynx and nasal cavity of persistent, intermittent carriers and non-carriers of *Staphylococcus aureus*. *Journal of Medical Microbiology*, *73*(12), 001940. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.001940>
- Aguirre-Garrido, J. F., Ramírez-Saad, H. C., Toro, N., & Martínez-Abarca, F. (2016). Bacterial Diversity in the Soda Saline Crater Lake from Isabel Island, Mexico. *Microbial Ecology*, *71*(1), 68–77. <https://doi.org/10.1007/s00248-015-0676-6>
- Ahmed, G., Malick, R. A. S., Akhunzada, A., Zahid, S., Sagri, M. R., & Gani, A. (2021). An Approach towards IoT-Based Predictive Service for Early Detection of Diseases in Poultry Chickens. *Sustainability*, *13*(23), 13396. <https://doi.org/10.3390/su132313396>
- Akinsemolu, A. A., & Onyeaka, H. N. (2025). Microbes and artificial intelligence. In K. David, H. Wang y P. Mus (Eds.). *Green Microbiology* (pp. 201–214). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-443-24040-9.00008-2>
- Alemayehu, S., Abera, F. A., Ayimut, K. M., Darnell, R., Mahroof, R., Harvey, J., & Subramanyam, B. (2023). Effects of Storage Duration and Structures on Sesame Seed Germination, Mold Growth, and Mycotoxin Accumulation. *Toxins*, *15*(1), 39. <https://doi.org/10.3390/toxins15010039>
- Almansour, A. M., Alhadlaq, M. A., Alzahrani, K. O., Mukhtar, L. E., Alharbi, A. L., & Alajel, S. M. (2023). The Silent Threat: Antimicrobial-Resistant Pathogens in Food-Producing Animals and Their Impact on Public Health. *Microorganisms*, *11*(9), 2127. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11092127>

- Alnimr, A. (2023). Antimicrobial Resistance in Ventilator-Associated Pneumonia: Predictive Microbiology and Evidence-Based Therapy. *Infectious Diseases and Therapy*, 12(6), 1527–1552. <https://doi.org/10.1007/s40121-023-00820-2>
- Allen, H. K., Donato, J., Wang, H. H., Cloud-Hansen, K. A., Davies, J., & Handelsman, J. (2010). Call of the wild: antibiotic resistance genes in natural environments. *Nature reviews microbiology*, 8(4), 251-259. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2312>
- Alvarez-Sieiro, P., Montalbán-López, M., Mu, D., & Kuipers, O. P. (2016). Bacteriocins of lactic acid bacteria: extending the family. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 100(7), 2939–2951. <https://doi.org/10.1007/s00253-016-7343-9>
- Amanatidou, E., Hudson, J. A., Jackson, J., Cohen, V., Chobanova, S., James, M., & Axon, A. (2024). An approach to the microbiological risk ranking of cheeses. *Microbial Risk Analysis*, 27–28, 100328. <https://doi.org/10.1016/j.mran.2024.100328>
- Ammann, J., Walter, A., & El Benni, N. (2022). Adoption and perception of farm management information systems by future Swiss farm managers – An online study. *Journal of Rural Studies*, 89, 298–305. <https://doi.org/10.1016/j.jrurstud.2021.12.008>
- Anderson, R. E. V., Chalmers, G., Murray, R., Mataseje, L., Pearl, D. L., Mulvey, M., Topp, E., & Boerlin, P. (2023). Characterization of *Escherichia coli* and Other Enterobacterales Resistant to Extended-Spectrum Cephalosporins Isolated from Dairy Manure in Ontario, Canada. *Applied and Environmental Microbiology*, 89(2), e01869. <https://doi.org/10.1128/aem.01869-22>
- Andrade Velasquez, A., Morales Barrera, L., González-González, C. R., Andrade Velasquez, A., Melgar-Lalanne, G., & Benavente Beltrán, F. J. (2021). Effect of simulated acidic and salty fermentation conditions on kinetic growth parameters and probiotic potential of *Lactobacillus acidipiscis* and *Lactobacillus pentosus*.

International Journal of Food Science & Technology, 56(5), 2146–2155. <https://doi.org/10.1111/ijfs.14871>

- Anzuay, M. S., Prenollio, A., Ludueña, L. M., Morla, F. D., Cerliani, C., Lucero, C., Angelini, J. G., & Taurian, T. (2023). Enterobacter sp. J49: A Native Plant Growth-Promoting Bacteria as Alternative to the Application of Chemical Fertilizers on Peanut and Maize Crops. *Current Microbiology*, 80(3), 85. <https://doi.org/10.1007/s00284-023-03181-8>
- Archie, E. A., & Tung, J. (2015). Social behavior and the microbiome. *Current Opinion in Behavioral Sciences*, 6, 28–34. <https://doi.org/10.1016/j.cobeha.2015.07.008>
- Arroyo-López, F. N., Bautista Gallego, J., Valero, A., García-Gimeno, R. M., & Garrido Fernández, A. (2014). Predictive Microbiology. In V. Zabala, M. Hug y D. Gric. (Eds.). *Practical Food Safety* (pp. 517–534). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781118474563.ch25>
- Aslam, B., Khurshid, M., Arshad, M. I., Muzammil, S., Rasool, M., Yasmeen, N., Shah, T., Chaudhry, T. H., Rasool, M. H., Shahid, A., Xueshan, X., & Baloch, Z. (2021). Antibiotic Resistance: One Health One World Outlook. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 11, 771510. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.771510>
- Asnicar, F., Thomas, A. M., Passerini, A., Waldron, L., & Segata, N. (2024). Machine learning for microbiologists. *Nature Reviews Microbiology*, 22(4), 191-205. <https://doi.org/10.1038/s41579-023-00984-1>
- Augustin, J., & Carlier, V. (2000). Modélisation de la croissance de *Listeria monocytogenes* dans les aliments. *Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France*, 154, 93–104.
- Avery, S. V. (2006). Microbial cell individuality and the underlying sources of heterogeneity. *Nature Reviews Microbiology*, 4(8), 577–587. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1460>

- Avila-Sosa, R., & Nevárez-Moorillón, G. V. (2025). Editorial: Machine learning and predictive microbiology: enhancing food safety models. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 9, 1655908. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2025.1655908>
- Azad, M., Rahman, M., & Hashem, M. (2022). Meat microbiota: A conceptual review. *Meat Research*, 2((3), 1-8. <https://doi.org/10.55002/mr.2.3.20>
- Baird-Parker, A. C. (1963). A Classification of Micrococci and Staphylococci Based on Physiological and Biochemical Tests. *Journal of General Microbiology*, 30(3), 409–427. <https://doi.org/10.1099/00221287-30-3-409>
- Baranyi, J., & Roberts, T. (1995). Mathematics of predictive food microbiology. *International Journal of Food Microbiology*, 26(2), 199–218. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0168-1605\(94\)00121-L](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0168-1605(94)00121-L)
- Baranyi, J., & Roberts, T. A. (1994). A dynamic approach to predicting bacterial growth in food. *International Journal of Food Microbiology*, 23(3–4), 277–294. [https://doi.org/10.1016/0168-1605\(94\)90157-0](https://doi.org/10.1016/0168-1605(94)90157-0)
- Baranyi, J., & Tamplin, M. L. (2004). ComBase: A Common Database on Microbial Responses to Food Environments. *Journal of Food Protection*, 67(9), 1967–1971. <https://doi.org/10.4315/0362-028X-67.9.1967>
- Baranyi, J., Rockaya, M., & Ellouze, M. (2024). From data to models and predictions in food microbiology. *Current Opinion in Food Science*, 57, 101177. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2024.101177>
- Baron, F., Jan, S., & Techer, C. (2023). Microbiology of egg and egg products. In Y. Nys & M. Bain (Eds.), *Egg Science and Technology* (pp. 577–606). CRC Press. <https://doi.org/10.1201/9781003254430-26>

- Beale, D. J., Hutton, M. L., Mileto, S. J., James, M. L., Evans, C., Ghodke, A. B., Shah, R. M., Metcalfe, S. S., Liu, J.-W., Walsh, T., Lyras, D., Palombo, E. A., Beale, D. J., & Karpe, A. V. (2023). Gut Microbial Perturbation and Host Response Induce Redox Pathway Upregulation along the Gut–Liver Axis during Giardiasis in C57BL/6J Mouse Model. *International Journal of Molecular Sciences*, *24*(2), 1636. <https://doi.org/10.3390/ijms24021636>
- Beuchat, L. R. (2002). Ecological factors influencing survival and growth of human pathogens on raw fruits and vegetables. *Microbes and Infection*, *4*(4), 413–423. [https://doi.org/10.1016/S1286-4579\(02\)01555-1](https://doi.org/10.1016/S1286-4579(02)01555-1)
- Bevilacqua, A., De Santis, A., Sollazzo, G., Speranza, B., Racioppo, A., Sinigaglia, M., & Corbo, M. R. (2023). Microbiological risk assessment in foods: Background and tools, with a focus on risk ranger. *Foods*, *12*(7), 1483. <https://doi.org/10.3390/foods12071483>
- Bridier, A., Sanchez-Vizueté, P., Guilbaud, M., Piard, J.-C., Naïtali, M., & Briandet, R. (2015). Biofilm-associated persistence of food-borne pathogens. *Food Microbiology*, *45*, 167–178. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2014.04.015>
- Brown, A. T., Styles, K. M., & Sagona, A. P. (2021). A Review of Using Mathematical Modeling to Improve Our Understanding of Bacteriophage, Bacteria, and Eukaryotic Interactions. *Frontiers in Microbiology*, *12*, 724767. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.724767>
- Brumfield, K. D., Usmani, M., Chen, K. M., Gangwar, M., Jutla, A. S., Huq, A., & Colwell, R. R. (2021). Environmental parameters associated with incidence and transmission of pathogenic *Vibrio* spp. *Environmental Microbiology*, *23*(12), 7314–7340. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15716>
- Buyrukoğlu, S. (2021). New hybrid data mining model for prediction of *Salmonella* presence in agricultural waters based on ensemble

- feature selection and machine learning algorithms. *Journal of Food Safety*, 41(4), e12903 <https://doi.org/10.1111/jfs.12903>
- Buzrul, S. (2022). The Weibull model for microbial inactivation. *Food Engineering Reviews*, 14(1), 45-61. <https://doi.org/10.1007/s12393-021-09291-y>
- Carpentier, B., & Cerf, O. (2011). Review — Persistence of *Listeria monocytogenes* in food industry equipment and premises. *International Journal of Food Microbiology*, 145(1), 1–8. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2011.01.005>
- Carrillo, P., Medina-Sánchez, J. M., Villar-Argaiz, M., Delgado-Molina, J. A., & Bullejos, F. J. (2006). Complex interactions in microbial food webs: stoichiometric and functional approaches. *Limnetica*, 25(1-2), 189-204. <https://ddd.uab.cat/pub/limnetica/02138409v25n1-2/02138409v25n1-2p189.pdf>
- Carvajal-Mejías, Á. (2007). *Evaluación de la efectividad de un agente desinfectante utilizado en plantas procesadoras de carne* [Tesis de pregrado, Universidad de Costa Rica]. Repositorio Institucional de la Universidad de Costa Rica.
- Carvalho, D., Chitolina, G. Z., Wilsmann, D. E., Lucca, V., Emery, B. D. de, Borges, K. A., Furian, T. Q., Santos, L. R. dos, Moraes, H. L. de S., & Nascimento, V. P. do. (2024). Development of Predictive Modeling for Removal of Multispecies Biofilms of *Salmonella* Enteritidis, *Escherichia coli*, and *Campylobacter jejuni* from Poultry Slaughterhouse Surfaces. *Foods*, 13(11), 1703. <https://doi.org/10.3390/foods13111703>
- Castillo-Zamudio, R. I., Soto-Reyes, N., Vargas-Sánchez, R. D., Torres-Martínez, B. del M., Torrescano-Urrutia, G. R., & Sánchez-Escalante, A. (2024). Antioxidant and antibacterial effect of mesquite honey on pork sausages during storage. *Agrociencia*, 2024, 3029. <https://doi.org/10.47163/agrociencia.v58i4.3029>

- Castro, V. S., Rosario, D. K. A., Mutz, Y. S., Paletta, A. C. C., Figueiredo, E. E. S., & Conte-Junior, C. A. (2019). Modelling inactivation of wild-type and clinical *Escherichia coli* O26 strains using UV-C and thermal treatment and subsequent persistence in simulated gastric fluid. *Journal of Applied Microbiology*, *127*(5), 1564–1575. <https://doi.org/10.1111/jam.14397>
- Chaturvedi, N., Yadav, M. K., & Sharma, M. (2024). Application of artificial intelligence and machine and machine learning in microbial diagnostics and identification. *Methods in microbiology*, *55*(2024), 213-230.
- Chen, K., Yang, J., Guo, X., Han, W., Wang, H., Zeng, X., Wang, Z., Yuan, Y., & Yue, T. (2024). Microflora structure and functional capacity in Tibetan kefir grains and selenium-enriched Tibetan kefir grains: A metagenomic analysis. *Food Microbiology*, *119*, 104454. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2023.104454>
- Chernukha, I., Kotenkova, E., Pchelkina, V., Ilyin, N., Utyanov, D., Kasimova, T., Surzhik, A., & Fedulova, L. (2023). Pork Fat and Meat: A Balance between Consumer Expectations and Nutrient Composition of Four Pig Breeds. *Foods*, *12*(4), 690. <https://doi.org/10.3390/foods12040690>
- Chernysheva, E., Korobov, D., Khomutova, T., Fornasier, F., & Borisov, A. (2021). Soil microbiological properties in livestock corrals: An additional new line of evidence to identify livestock dung. *Journal of Archaeological Science: Reports*, *37*, 103012. <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2021.103012>
- Christensen, B. B., Haagensen, J. A. J., Heydorn, A., & Molin, S. (2002). Metabolic Commensalism and Competition in a Two-Species Microbial Consortium. *Applied and Environmental Microbiology*, *68*(5), 2495–2502. <https://doi.org/10.1128/AEM.68.5.2495-2502.2002>
- Chung, H. C., Foxx, C. L., Hicks, J. A., Stuber, T. P., Friedberg, I., Dorman, K. S., & Harris, B. (2023). An accurate and interpretable model for

antimicrobial resistance in pathogenic *Escherichia coli* from livestock and companion animal species. *PLOS ONE*, 18(8), e0290473. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0290473>

ComBase. (2024). *Combined Database for Predictive Microbiology*. University of Tasmania & USDA Agricultural Research Service. Recuperado el 5 de diciembre de 2025, <https://www.combase.cc>

Coroller, L. & Le Marc, Y., (2025). *Simulating Bacterial Growth and Thermal Inactivation with the Sym'Previus Tool*. In: Pérez-Rodríguez, F., Valero, A., Bolivar, A. (eds) *Basic Protocols in Predictive Microbiology Softwares*. *Methods and Protocols in Food Science*. Humana, New York, NY. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-4112-5_5

Costa, W. G. da, Celeri, M. de O., Barbosa, I. de P., Silva, G. N., Azevedo, C. F., Borem, A., Nascimento, M., & Cruz, C. D. (2022). Genomic prediction through machine learning and neural networks for traits with epistasis. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 20, 5490–5499. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2022.09.029>

Costerton, J. (1995). Overview of microbial biofilms. *Journal of Industrial Microbiology*, 15(3), 137–140. <https://doi.org/10.1007/BF01569816>

Da Silva Zornitta, C., Ítavo, L. C. V., Ítavo, C. C. B. F., dos Santos, G. T., Dias, A. M., dos Santos Difante, G., & Gurgel, A. L. C. (2021). Kinetics of In Vitro Gas Production and Fitting Mathematical Models of Corn Silage. *Fermentation*, 7(4), 298. <https://doi.org/10.3390/fermentation7040298>

Damena, A., Mikru, A., Adane, M., & Dobo, B. (2022). Microbial Profile and Safety of Chicken Eggs From a Poultry Farm and Small-Scale Vendors in Hawassa, Southern Ethiopia. *Journal of Food Quality*, 2022(1), 7483253. <https://doi.org/10.1155/2022/7483253>

- Davidson, R. S., Benson, L., Green, D. M., Hoyle, A., Hutchings, M. R., & Marion, G. (2021). When and why direct transmission models can be used for environmentally persistent pathogens. *PLOS Computational Biology*, *17*(12), e1009652. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009652>
- Deris, Z. M., Iehata, S., Gan, H. M., Ikhwanuddin, M., Najiah, M., Asaduzzaman, M., Wang, M., Liang, Y., Danish-Daniel, M., Sung, Y. Y., & Wong, L. L. (2022). Understanding the effects of salinity and *Vibrio harveyi* on the gut microbiota profiles of *Litopenaeus vannamei*. *Frontiers in Marine Science*, *9*, 974217. <https://doi.org/10.3389/fmars.2022.974217>
- Djidjou-Demasse, R., Sofonea, M. T., Choisy, M., & Alizon, S. (2023). Within-host evolutionary dynamics of antimicrobial quantitative resistance. *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, *18*, 24. <https://doi.org/10.1051/mmnp/2023019>
- Doltrario, A. B., Gaspar, G. G., Ungari, A. Q., Martinez, R., Pazin Filho, A., Maciel, B. C., Bellissimo-Rodrigues, F., & Santana, R. de C. (2022). Assessment of preauthorization and 24-hour expert consultation as a restrictive antimicrobial stewardship bundle in a Brazilian tertiary-care hospital: An interrupted time series analysis. *Infection Prevention in Practice*, *4*(1), 100201. <https://doi.org/10.1016/j.infpip.2022.100201>
- Domingo-Calap, M. L., Bernabeu-Gimeno, M., M. Aure, C., Marco-Noales, E., & Domingo-Calap, P. (2022). Comparative Analysis of Novel Lytic Phages for Biological Control of Phytopathogenic *Xanthomonas* spp. *Microbiology Spectrum*, *10*(6), e02960-22. <https://doi.org/10.1128/spectrum.02960-22>
- Donaghy, J. A., Danyluk, M. D., Ross, T., Krishna, B., & Farber, J. (2021). Big Data Impacting Dynamic Food Safety Risk Management in the Food Chain. *Frontiers in Microbiology*, *12*, 668196. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.668196>

- Dungan, A. M., van Oppen, M. J. H., & Blackall, L. L. (2021). Short-Term Exposure to Sterile Seawater Reduces Bacterial Community Diversity in the Sea Anemone, *Exaiptasia diaphana*. *Frontiers in Marine Science*, 7, 599314. <https://doi.org/10.3389/fmars.2020.599314>
- Elbashir, S., Jahncke, M., DePaola, A., Bowers, J., Schwarz, J., Punchihewage-Don, A. J., Min, B., Rippen, T., & Parveen, S. (2023). Prevalence and Abundance of Bacterial Pathogens of Concern in Shrimp, Catfish and Tilapia Obtained at Retail Stores in Maryland, USA. *Pathogens*, 12(2), 187. <https://doi.org/10.3390/pathogens12020187>
- Endersen, L., Coffey, A., Neve, H., McAuliffe, O., Ross, R. P., & O'Mahony, J. M. (2013). Isolation and characterisation of six novel mycobacteriophages and investigation of their antimicrobial potential in milk. *International Dairy Journal*, 28(1), 8–14. <https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2012.07.010>
- FAO. (2018). *Shaping the future of livestock*. FAO.
- FAO. (2019). *One health: one health: Food and Agriculture Organization of the United Nations Strategic Action Plan*. FAO.
- FAO. (2020). *The future of food safety*. FAO.
- Faust, K., & Raes, J. (2012). Microbial interactions: from networks to models. *Nature Reviews Microbiology*, 10(8), 538–550. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2832>
- Feliciano, R., Boué, G., Mohssin, F., Hussaini, M. M., & Membré, J.-M. (2021). Probabilistic modelling of *Escherichia coli* concentration in raw milk under hot weather conditions. *Food Research International*, 149, 110679. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2021.110679>
- Fernández Blanco, M. (2025). *Efecto de la aplicación conjunta de radiaciones y aceites esenciales sobre la superficie de carnes bovinas*

refrigeradas [Tesis doctoral, Universidad Nacional de La Plata]. SEDICI - Repositorio Institucional de la UNLP. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/179064>

- Ferraz, F., Ribeiro, D., Lopes, M.B., Pedro, S., Vinga, S., Carvalho, A.M. (2024). Comparative Analysis of Machine Learning Models for Time-Series Forecasting of Escherichia Coli Contamination in Portuguese Shellfish Production Areas. In G. Nicosia, V. Ojha, E. La Malfa, G. La Malfa, P.M. Pardalos y R. Umeton (eds.). *Machine Learning, Optimization, and Data Science*. (pp. 14505-1650). Springer
- Filippitzi, M. E., Goumperis, T., Robinson, T., & Saegerman, C. (2017). Microbiological Zoonotic Emerging Risks, Transmitted Between Livestock Animals and Humans (2007-2015). *Transboundary and Emerging Diseases*, 64(4), 1059–1070. <https://doi.org/10.1111/tbed.12484>
- Flint, J. F., & Garner, M. R. (2009). Feeding beneficial bacteria: A natural solution for increasing efficiency and decreasing pathogens in animal agriculture. *Journal of Applied Poultry Research*, 18(2), 367–378. <https://doi.org/10.3382/japr.2008-00133>
- Franz, E., Rijgersberg, H., Nierop Groot, M., & Tromp, S.-O. (2013). Modeling the impact of the indigenous microbial population on the maximum population density of Salmonella on alfalfa. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 29(7), 1301–1305. <https://doi.org/10.1007/s11274-013-1293-5>
- Frederickson, M. E., & Reese, A. T. (2021). Microbial Ecology and Evolution Are Essential for Understanding Pandemics. *MBio*, 12(5), 2144. <https://doi.org/10.1128/mBio.02144-21>
- Fukayama, M., & Calderone, R. A. (1991). Adherence of cell surface mutants of *Candida albicans* to buccal epithelial cells and analyses of the cell surface proteins of the mutants. *Infection and Immunity*, 59(4), 1341–1345. <https://doi.org/10.1128/iai.59.4.1341-1345.1991>

- Funk, A., Crawford, A., Nickerson, K., Janke, L., Stringer, T., Sun, Y., Marsh, A., Inoue, M., Savage, C., Emmons, J., Henderson, K., Tang, L., & Pisharath, H. (2025). Isolation, Characterization, and Epizootiology of *Clostridioides cuniculi* from Immunodeficient Mice with Enteric Disease. *Journal of the American Association for Laboratory Animal Science*, 64(4), 618–629. <https://doi.org/10.30802/AALAS-JAALAS-25-030>
- Gantois, I., Ducatelle, R., Pasmans, F., Haesebrouck, F., Gast, R., Humphrey, T. J., & Van Immerseel, F. (2009). Mechanisms of egg contamination by *Salmonella* Enteritidis. *FEMS microbiology reviews*, 33(4), 718-738. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2008.00161.x>
- García-Fraile, P., Menéndez, E., & Rivas, R. (2015). Role of bacterial biofertilizers in agriculture and forestry. *AIMS Bioengineering*, 2(3), 183–205. <https://doi.org/10.3934/bioeng.2015.3.183>
- García-Gimeno, R. M., Palomo-Manzano, E., & Posada-Izquierdo, G. D. (2024). *Salmonella* Inactivation Model by UV-C Light Treatment in Chicken Breast. *Microorganisms*, 12(9), 1805. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12091805>
- Gast, R. K., Dittoe, D. K., & Ricke, S. C. (2024). *Salmonella* in eggs and egg-laying chickens: pathways to effective control. *Critical Reviews in Microbiology*, 50(1), 39-63. <https://doi.org/10.1080/1040841X.2022.2156772>
- Geeraert, H., Moanis, R., Van den Brande, N., Hennecke, U., & Peeters, E. (2024). *Paracoccus kondratievae* produces poly3-hydroxybutyrate under elevated temperature conditions. *Environmental Microbiology Reports*, 16(3), e13250. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.13260>
- Georgalis, L., Fernandez, P.S., Garre, A. (2023). A Protocol for Predictive Modeling of Microbial Inactivation Based on Experimental Data.

In VO. Alvarenga. (eds). *Basic Protocols in Predictive Food Microbiology, Methods and Protocols in Food Science* (pp. 3413-3425). Humana

- Gerba, C. P., & Smith, J. E. (2005). Sources of Pathogenic Microorganisms and Their Fate during Land Application of Wastes. *Journal of Environmental Quality*, *34*(1), 42–48. <https://doi.org/10.2134/jeq2005.0042a>
- Gheller, L. S., Ghizzi, L. G., Takiya, C. S., Grigoletto, N. T. S., Silva, T. B. P., Marques, J. A., Dias, M. S. S., Freu, G., & Rennó, F. P. (2021). Different organic acid preparations on fermentation and microbiological profile, chemical composition, and aerobic stability of whole-plant corn silage. *Animal Feed Science and Technology*, *281*, 115083. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2021.115083>
- Gilbert, J. A., & Stephens, B. (2018). Microbiology of the built environment. *Nature Reviews Microbiology*, *16*(11), 661–670. <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0065-5>
- Goodswen, S. J., Barratt, J. L. N., Kennedy, P. J., Kaufer, A., Calarco, L., & Ellis, J. T. (2021). Machine learning and applications in microbiology. *FEMS Microbiology Reviews*, *45*(5), 1-19. <https://doi.org/10.1093/femsre/fuab015>
- Gou, W., Tang, Y., Zhang, M., Mao, N., Lu, G., Li, L., Li, P., & Liao, C. (2025). Ensuring the safety and quality of Phalaris arundinacea silage: The role of wilting and lactic acid bacteria. *Industrial Crops and Products*, *234*, 121589. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2025.121589>
- Gougouli, M., & Koutsoumanis, K. (2016). Modeling microbial responses: Application to food safety. En J.-M. Membré & V. Valdramidis (Eds.), *Modeling in Food Microbiology* (pp. 61–81). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-1-78548-155-0.50004-6>

- Griffin, D., Madigan, G., McDonnell, S., Ramovic, E., Bracken, E., NiGhallchoir, E., Quinless, E., Galligan, A., Egan, J., & Prendergast, D. M. (2020). A pilot study using environmental screening to determine the prevalence of *Mycobacterium avium* subspecies paratuberculosis (MAP) and antimicrobial resistance (AMR) in Irish cattle herds. *Irish Veterinary Journal*, 73(1), 1-13. <https://doi.org/10.1186/s13620-020-0156-2>
- Guamán-Lozada, D. F., Orozco Cantos, L. S., Santillán Lima, G. P., & Arias Arias, F. (2025). Artificial Intelligence Optimization of Polyaluminum Chloride (PAC) Dosage in Drinking Water Treatment: A Hybrid Genetic Algorithm–Neural Network Approach. *Computation*, 13(8), 179. <https://doi.org/10.3390/computation13080179>
- Gutierrez-Rodriguez, E., Young, M., Harden, L., Glaize, A., & Thakur, S. (2021). The effect of vegetation barriers at reducing the transmission of *Salmonella* and *Escherichia coli* from animal operations to fresh produce. *International Journal of Food Microbiology*, 347, 109196. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109196>
- Haro-Moreno, J. M., Coutinho, F. H., Zaragoza-Solas, A., Picazo, A., Almagro-Moreno, S., & López-Pérez, M. (2020). Dysbiosis in marine aquaculture revealed through microbiome analysis: reverse ecology for environmental sustainability. *FEMS Microbiology Ecology*, 96(12), 1-13. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiaa218>
- Hogan, J. S., Bogacz, V. L., Aslam, M., & Smith, K. L. (1999). Efficacy of an *Escherichia coli* J5 Bacterin Administered to Primigravid Heifers. *Journal of Dairy Science*, 82(5), 939–943. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(99\)75312-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(99)75312-9)
- Holah, H., Robert, D. & Lelieveld, H. (2016). *Handbook of Hygiene Control in the Food Industry*. Elsevier.

- Hook, S. E., Steele, M. A., Northwood, K. S., Wright, A.-D. G., & McBride, B. W. (2011). Impact of High-Concentrate Feeding and Low Ruminal pH on Methanogens and Protozoa in the Rumen of Dairy Cows. *Microbial Ecology*, *62*(1), 94–105. <https://doi.org/10.1007/s00248-011-9881-0>
- Huang, L., Juneja, V.K. (2025). The USDA Integrated Pathogen Modeling Program (IPMP) and Pathogen Modeling Program (PMP). In F. Pérez-Rodríguez, A. Valero, A. Bolivar. (eds.). *Basic Protocols in Predictive Microbiology Softwares. Methods and Protocols in Food Science*. Humana
- Huo, D., & Wang, X. (2024). A new era in healthcare: The integration of artificial intelligence and microbial. *Medicine in Novel Technology and Devices*, *23*, 100319. <https://doi.org/10.1016/j.medntd.2024.100319>
- Jami, E., & Mizrahi, I. (2012a). Composition and Similarity of Bovine Rumen Microbiota across Individual Animals. *PLoS ONE*, *7*(3), e33306. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033306>
- Jami, E., & Mizrahi, I. (2012b). Similarity of the ruminal bacteria across individual lactating cows. *Anaerobe*, *18*(3), 338–343. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2012.04.003>
- Jarne, A., Usón, A., & Reiné, R. (2024). Predictive Production Models for Mountain Meadows: A Review. *Agronomy*, *14*(4), 830. <https://doi.org/10.3390/agronomy14040830>
- Jatkauskas, J., Amaral, R. C. do, Witt, K. L., Joergensen, J. N., Eisner, I., & Vrotniakiene, V. (2025). Early Fermentation Dynamics and Aerobic Stability of Maize Silage Improved by Dual-Strain Lactic Acid Bacteria Inoculation. *Fermentation*, *11*(5), 293. <https://doi.org/10.3390/fermentation11050293>
- Jay, J. M. (1998). Intrinsic and extrinsic parameters of foods that affect microbial growth. In M. Jay. (eds.). *Modern Food Microbiology* (pp. 37–63). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4615-7476-7_3

- Jha, R., Foughse, J. M., Tiwari, U. P., Li, L., & Willing, B. P. (2019). Dietary Fiber and Intestinal Health of Monogastric Animals. *Frontiers in Veterinary Science*, 6, 48. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00048>
- Jiang, Y., Luo, J., Huang, D., Liu, Y., & Li, D. (2022). Machine Learning Advances in Microbiology: A Review of Methods and Applications. *Frontiers in Microbiology*, 13, 925454. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.925454>
- Julián-Jiménez, A., Rubio-Díaz, R., González del Castillo, J., & Candel, F. J. (2022). New predictive models of bacteremia in the emergency department: a step forward. *Revista Española de Quimioterapia*, 35(4), 344–356. <https://doi.org/10.37201/req/O15.2022>
- Kalyan, K. V., Polaki, S., Mereddy, S., Marrapu, A. K., Chappa, M., & K, R. (2024). *AI and IoT-enabled biosensors for real-time health monitoring in medical microbiology*. 2024 2nd International Conference on Signal Processing, Communication, Power and Embedded System (SCOPEs), India. <https://doi.org/10.1109/SCOPEs64467.2024.10990878>
- Khurshid, H., Mumtaz, R., Alvi, N., Haque, A., Mumtaz, S., Shafait, F., Ahmed, S., Malik, M. I., & Dengel, A. (2022). Bacterial prediction using internet of things (IoT) and machine learning. *Environmental Monitoring and Assessment*, 194(2), 133. <https://doi.org/10.1007/s10661-021-09698-4>
- Kim, D., Yagi, H., & Kiminami, A. (2023). Exploring information uses for the successful implementation of farm management information system: A case study on a paddy rice farm enterprise in Japan. *Smart Agricultural Technology*, 3, 100119. <https://doi.org/10.1016/j.atech.2022.100119>
- Kim, J., & Ahn, J. (2022). Emergence and spread of antibiotic-resistant foodborne pathogens from farm to table. *Food Science and Biotechnology*, 31(12), 1481–1499. <https://doi.org/10.1007/s10068-022-01157-1>

- Kireta, D., Decarli, P., Riommi, D., Gualandi, N., Greco, S., Pallavicini, A., & Gerdol, M. (2025). Tracing the Evolutionary Expansion of a Hyperdiverse Antimicrobial Peptide Gene Family in *Mytilus* spp.: The MyticalinDB Resource. *Genes*, 16(7), 816. <https://doi.org/10.3390/genes16070816>
- Koutsoumanis, K. P., & Lianou, A. (2013). Stochasticity in Colonial Growth Dynamics of Individual Bacterial Cells. *Applied and Environmental Microbiology*, 79(7), 2294–2301. <https://doi.org/10.1128/AEM.03629-12>
- Koutsoumanis, K., Stamatiou, A., Skandamis, P., & Nychas, G.-J. E. (2006). Development of a Microbial Model for the Combined Effect of Temperature and pH on Spoilage of Ground Meat, and Validation of the Model under Dynamic Temperature Conditions. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(1), 124–134. <https://doi.org/10.1128/AEM.72.1.124-134.2006>
- Koutsoumanis, K., Tsaloumi, S., Aspridou, Z., Tassou, C., & Gougouli, M. (2021). Application of Quantitative Microbiological Risk Assessment (QMRA) to food spoilage: Principles and methodology. *Trends in Food Science & Technology*, 114, 189–197. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2021.05.011>
- Koutsoumanis, Lianou, A., & Gougouli, M. (2016). Latest developments in foodborne pathogens modeling. *Current Opinion in Food Science*, 8, 89–98. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2016.04.006>
- Kumar, V., Ahire, J. J., & Taneja, N. K. (2024). Advancing microbial food safety and hazard analysis through predictive mathematical modeling. *The Microbe*, 2, 100049. <https://doi.org/10.1016/j.microb.2024.100049>
- Labuza, T. P., & Fu, B. (1993). Growth kinetics for shelf-life prediction: Theory and practice. *Journal of Industrial Microbiology*, 12(3–5), 309–323. <https://doi.org/10.1007/BF01584208>

- Latorre, J. D., Hernandez-Velasco, X., Kuttappan, V. A., Wolfenden, R. E., Vicente, J. L., Wolfenden, A. D., Bielke, L. R., Prado-Rebolledo, O. F., Morales, E., Hargis, B. M., & Tellez, G. (2015). Selection of *Bacillus* spp. for Cellulase and Xylanase Production as Direct-Fed Microbials to Reduce Digesta Viscosity and *Clostridium perfringens* Proliferation Using an in vitro Digestive Model in Different Poultry Diets. *Frontiers in Veterinary Science*, 2, 25. <https://doi.org/10.3389/fvets.2015.00025>
- Lax, S., Abreu, C. I., & Gore, J. (2020). Higher temperatures generically favour slower-growing bacterial species in multispecies communities. *Nature Ecology & Evolution*, 4(4), 560–567. <https://doi.org/10.1038/s41559-020-1126-5>
- Lee, J. Y. Y., Miao, Y., Chau, R. L. T., Hernandez, M., & Lee, P. K. H. (2023). Artificial intelligence-based prediction of indoor bioaerosol concentrations from indoor air quality sensor data. *Environment International*, 174, 107900. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2023.107900>
- Leistner, L., & Gorris, L. G. M. (1995). Food preservation by hurdle technology. *Trends in Food Science & Technology*, 6(2), 41–46. [https://doi.org/10.1016/S0924-2244\(00\)88941-4](https://doi.org/10.1016/S0924-2244(00)88941-4)
- Leistner, R., Genath, A., Gruhl, D., Weber, A., Maechler, F., Kola, A., Schwab, F., Schwarz, S., Lübke-Becker, A., Schneider, T., Gastmeier, P., & Hackmann, C. (2024). The transmission risk of multidrug-resistant organisms between hospital patients and their pets – a case-control study, Germany, 2019 to 2022. *Eurosurveillance*, 29(39), 2300714. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.39.2300714>
- LeJeune, J. T., & Wetzel, A. N. (2007). Preharvest control of *Escherichia coli* O157 in cattle. *Journal of Animal Science*, 85(suppl_13), E73–E80. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-612>
- LeJeune, J. T., Besser, T. E., Merrill, N. L., Rice, D. H., & Hancock, D. D. (2001). Livestock Drinking Water Microbiology and the Factors

Influencing the Quality of Drinking Water Offered to Cattle. *Journal of Dairy Science*, 84(8), 1856–1862. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(01\)74626-7](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(01)74626-7)

- Li, B., Chen, X., Yang, J. Y., Gao, S., & Bai, F. (2024). Intracellular ATP concentration is a key regulator of bacterial cell fate. *Journal of bacteriology*, 206(12), e00208-24. <https://doi.org/10.1128/jb.00208-24>
- Li, C., He, L., Hu, Y., Liu, H., Wang, X., Chen, L., & Zeng, X. (2022). Dimensional Analysis Model Predicting the Number of Food Microorganisms. *Frontiers in Microbiology*, 13, 820539. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.820539>
- Li, F., Kong, X., Khan, M. Z., Wei, L., Wei, J., Zhu, M., Liu, G., Huang, B., Wang, C., & Zhang, Z. (2025). Gut microbiome regulation in equine animals: current understanding and future perspectives. *Frontiers in Microbiology*, 16, 1602258. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1602258>
- Li, X., Wang, H., Zang, Y., Xue, S., Xin, J., Liu, L. & Chen, J. (2025). Exploring the structure and assembly of seagrass microbial communities in rhizosphere and phyllosphere. *Applied and Environmental Microbiology*, 91(3), e02437-24. <https://doi.org/10.1128/aem.02437-24>
- Li, X., Zhang, X., Shi, X., Shi, H., Wang, Z., & Peng, C. (2022). Review in isothermal amplification technology in food microbiological detection. *Food Science And Biotechnology*, 31(12), 1501-1511. <https://doi.org/10.1007/s10068-022-01160-6>
- Li, Y., Cui, X., Yang, X., Liu, G., & Zhang, J. (2024). Artificial intelligence in predicting pathogenic microorganisms' antimicrobial resistance: challenges, progress, and prospects. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 14, 1482186. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1482186>

- Liu, Y., Wang, X., Liu, B., Yuan, S., Qin, X., & Dong, Q. (2021). Microrisk Lab: An Online Freeware for Predictive Microbiology. *Foodborne Pathogens and Disease*, 18(8), 607–615. <https://doi.org/10.1089/fpd.2020.2919>
- Lopardo, H. (2012). Cocos gram positivos catalasa negativos . In H. Lopardo, S. Predari y C. Vay. (eds.). *Manual Bacteriano* (pp. 1–233). Asociación Argentina de Microbiología
- Lopes, H. T. L., Baumann, L. R. F., & Scalize, P. S. (2023). A Contamination Predictive Model for Escherichia coli in Rural Communities *Dug Shallow Wells. Sustainability*, 15(3), 2408. <https://doi.org/10.3390/su15032408>
- Lozupone, C. A., & Knight, R. (2008). Species divergence and the measurement of microbial diversity. *FEMS Microbiology Reviews*, 32(4), 557–578. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2008.00111.x>
- Luesuwan, S., Naradisorn, M., Shiekh, K. A., Rachtanapun, P., & Tongdeesoonorn, W. (2021). Effect of Active Packaging Material Fortified with Clove Essential Oil on Fungal Growth and Post-Harvest Quality Changes in Table Grape during Cold Storage. *Polymers*, 13(19), 3445. <https://doi.org/10.3390/polym13193445>
- Ahmed, S., M.A. Kassem, G., Pérez-Rodríguez, F., & H.S. Abdel-Naeem, H. (2022). Application of Predictive Microbiology in Monitoring *S. aureus* Growth in Raw Chicken Meat. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*, 11(5), 738-746. <https://doi.org/10.17582/journal.aavs/2023/11.5.738.746>
- Mah, T.-F. C., & O’Toole, G. A. (2001). Mechanisms of biofilm resistance to antimicrobial agents. *Trends in Microbiology*, 9(1), 34–39. [https://doi.org/10.1016/S0966-842X\(00\)01913-2](https://doi.org/10.1016/S0966-842X(00)01913-2)
- Mahnert, A., Moissl-Eichinger, C., & Berg, G. (2015). Microbiome interplay: plants alter microbial abundance and diversity within the built environment. *Frontiers in Microbiology*, 6, 887. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00887>

- Malmuthuge, N., & Guan, L. L. (2017). Understanding host-microbial interactions in rumen: searching the best opportunity for microbiota manipulation. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 8(1), 8. <https://doi.org/10.1186/s40104-016-0135-3>
- Marchand, T., Pey, B., Pautot, C., & Lecerf, A. (2024). Mechanical traits as drivers of trophic interaction between macrodetritivores and leaf litter. *Oecologia*, 204(3), 641–651. <https://doi.org/10.1007/s00442-024-05515-0>
- Martínez-Muñoz, D. S., Rivera-Cerón, F., Palacios-Solórzano, I., Ramírez-Martínez, B. A., Molina-Aguilar, C., & Moguel, B. B. (2022). Metagenómica y metatranscriptómica para mitigar las emisiones de metano por animales rumiantes. *TIP Revista Especializada En Ciencias Químico-Biológicas*, 25, 1-18. <https://doi.org/10.22201/fesz.23958723e.2022.430>
- McDonald, K., & Sun, D.-W. (1999). Predictive food microbiology for the meat industry: a review. *International Journal of Food Microbiology*, 52(1–2), 1–27. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(99\)00126-9](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(99)00126-9)
- McMeekin, T., Bowman, J., McQuestin, O., Mellefont, L., Ross, T., & Tamplin, M. (2008). The future of predictive microbiology: Strategic research, innovative applications and great expectations. *International Journal of Food Microbiology*, 128(1), 2–9. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2008.06.026>
- McMeekin, T., Olley, J., Ratkowsky, D., & Ross, T. (2002). Predictive microbiology: towards the interface and beyond. *International Journal of Food Microbiology*, 73(2–3), 395–407. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(01\)00663-8](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(01)00663-8)
- Meinert, C., Bertoli, S. L., Rebezov, M., Zhakupbekova, S., Maizhanova, A., Spanova, A., ... & de Souza, C. K. (2023). Food safety and food security through predictive microbiology tools: a short review. *Slovak Journal of Food Sciences*, 17, 324-342. <https://doi.org/10.5219/1854>

- Membré, J.-M., & Lambert, R. J. W. (2008). Application of predictive modelling techniques in industry: From food design up to risk assessment. *International Journal of Food Microbiology*, *128*(1), 10–15. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2008.07.006>
- Middleton, C., & Larremore, D. B. (2024). Modeling the transmission mitigation impact of testing for infectious diseases. *Science Advances*, *10*(24), adk5108. <https://doi.org/10.1126/sciadv.adk5108>
- Miller, J. M. (2010). Implications of the One Health Paradigm for Clinical Microbiology. *Clinical Microbiology Newsletter*, *32*(7), 51–56. <https://doi.org/10.1016/j.clinmicnews.2010.03.003>
- Mohammed, M. O. E. F., Farghaly, R. M. M., Abdelaziz, N. M., & Mohammed, A. E. (2024). Virulence of *Vibrio* species isolated from some types of fish and shellfish. *International Journal of Comprehensive Veterinary Research*, *2*(2), 21–29. <https://doi.org/10.21608/ijcvr.2024.317213.1003>
- Møller, J., Miller, M., & Kjøller, A. (1999). Fungal–bacterial interaction on beech leaves: influence on decomposition and dissolved organic carbon quality. *Soil Biology and Biochemistry*, *31*(3), 367–374. [https://doi.org/10.1016/S0038-0717\(98\)00138-2](https://doi.org/10.1016/S0038-0717(98)00138-2)
- Moradbeikie, A., Ayub da Costa Barbon, A. P., Grigore, I. M., Barbin, D. F., & Barbon Junior, S. (2025). Process Mining of Sensor Data for Predictive Process Monitoring: A HACCP-Guided Pasteurization Study Case. *Systems*, *13*(11), 935. <https://doi.org/10.3390/systems13110935>
- Moreno, D. S., Śliwka, P., Korzeniowski, P., Milcarz, A., Kuczkowski, M., Kolenda, R., Koziół, S., Narajczyk, M., Roesler, U., Tomaszewska-Hetman, L., & Kuźmińska-Bajor, M. (2025). Avian pathogenic *Escherichia coli*-targeting phages for biofilm biocontrol in the

poultry industry. *Veterinary Microbiology*, 301, 110363. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2024.110363>

- Moxley, R. A. (2022). Enterobacteriaceae. En D. S. McVey, M. Kennedy, M. M. Chengappa & R. Wilkes (Eds.), *Veterinary Microbiology* (4.^a ed., pp. 55–71). Wiley-Blackwell. <https://doi.org/10.1002/9781119650836.ch6>
- Muñoz del Río, A., Casero-Alonso, V., & Amo-Salas, M. (2025). A study on the optimal design of isothermal experiments in predictive microbiology. *Scientific Reports*, 15(1), 30478. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-15810-2>
- Nauta, M. J. (2002). Modelling bacterial growth in quantitative microbiological risk assessment: is it possible? *International Journal of Food Microbiology*, 73(2–3), 297–304. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(01\)00664-X](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(01)00664-X)
- Nayak, S. K. (2010). Role of gastrointestinal microbiota in fish. *Aquaculture Research*, 41(11), 1553–1573. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2109.2010.02546.x>
- Ngo, V. M., Duong, T.-V. T., Nguyen, T.-B.-T., Dang, C. N., & Conlan, O. (2023). A big data smart agricultural system: recommending optimum fertilisers for crops. *International Journal of Information Technology*, 15(1), 249–265. <https://doi.org/10.1007/s41870-022-01150-1>
- Nkosi, M. P., Hoog, K. J., & Lowe, M. (2025). Insights into *Pneumocystis jirovecii* pneumonia in South Africa (2018–2022). *Medical Mycology*, 63(2), 1-6. <https://doi.org/10.1093/mmy/myaf001>
- Oliveira, C. Y. B., Abreu, J. L., Brandão, B. C., Oliveira, D. W. S., de Sena, P. R., da Silva, W. A., Araújo, E. S., Rörig, L. R., de Almeida Costa, G. K., Silva, S. M. B. C., Müller, M. N., Tribuzi, G., & Gálvez, A. O. (2024). A Holistic Approach to Producing Anti-Vibrio Metabolites by an Endosymbiotic Dinoflagellate Using

- Wastewater from Shrimp Rearing. *Microorganisms*, 12(8), 1598. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12081598>
- Oliver, K. M., Smith, A. H., & Russell, J. A. (2014). Defensive symbiosis in the real world – advancing ecological studies of heritable, protective bacteria in aphids and beyond. *Functional Ecology*, 28(2), 341–355. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.12133>
- Ortuno, D. Y., Chen, M. Y., McDonald, K., Gacad, A., Carrillo, J., & Haney, C. H. (2026). Predicting bacterial-mediated entomopathogenicity through comparative genomics and statistical modeling. *Environmental Microbiology*, 14, e03108. <https://doi.org/10.1128/spectrum.03108-25>
- Ortuño-Hernández, C., Ros, J. A., Pérez-Fernández, S., Campillo, J. A., López-Hernández, R., González-López, R., Otálora-Alcaraz, A., Novoa-Bolivar, E. M., Gimeno, L., Ruiz-Lorente, I., Ceballos-Francisco, D., Muro, M., Solana, E., Martínez-Gambor, P., & Minguela, A. (2024). Predictive Value of Flow Cytometry Quantification of BAL Lymphocytes and Neutrophils in ILD. *Cells*, 13(24), 2066. <https://doi.org/10.3390/cells13242066>
- Oscar, T. P. (2020). Validation software tool (ValT) for predictive microbiology based on the acceptable prediction zones method. *International Journal of Food Science & Technology*, 55(7), 2802–2812. <https://doi.org/10.1111/ijfs.14534>
- Oskoueian, E., Jahromi, M. F., Jafari, S., Shakeri, M., Le, H. H., & Ebrahimi, M. (2021). Manipulation of Rice Straw Silage Fermentation with Different Types of Lactic Acid Bacteria Inoculant Affects Rumen Microbial Fermentation Characteristics and Methane Production. *Veterinary Sciences*, 8(6), 100. <https://doi.org/10.3390/vetsci8060100>
- Pacheco-Montealegre, M. E., Dávila-Mora, L. L., Botero-Rute, L. M., Reyes, A., & Caro-Quintero, A. (2020). Fine Resolution Analysis of Microbial Communities Provides Insights Into the Variability

- of Cocoa Bean Fermentation. *Frontiers in Microbiology*, 11, 650. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00650>
- Pampoukis, G., Lytou, A. E., Argyri, A. A., Panagou, E. Z., & Nychas, G.-J. E. (2022). Recent Advances and Applications of Rapid Microbial Assessment from a Food Safety Perspective. *Sensors*, 22(7), 2800. <https://doi.org/10.3390/s22072800>
- Park, J. H., Hwang, D., Kang, M., & Kim, H. J. (2025). Predictive modeling and scenario-based risk estimation of *Escherichia coli* growth in meatball products: A comparison of aerobic and vacuum packaging conditions. *Lwt*, 216, 117271. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2024.117271>
- Pellissery, A. J., Denagamage, T., Pedersen, M., & Kariyawasam, S. (2025). Veterinarians' Perspectives on the Antimicrobial Resistance (AMR) Dashboard: A Survey of Needs and Preferences to Inform Development. *Veterinary Sciences*, 12(10), 940. <https://doi.org/10.3390/vetsci12100940>
- Peñalver-Soto, J. L., Garre, A., Esnoz, A., Fernández, P. S., & Egea, J. A. (2019). Guidelines for the design of (optimal) isothermal inactivation experiments. *Food Research International*, 126, 108714. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.108714>
- Pin, C., & Baranyi, J. (1998). Predictive models as means to quantify the interactions of spoilage organisms. *International Journal of Food Microbiology*, 41(1), 59–72. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(98\)00035-X](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(98)00035-X)
- Pina, M., Gaspar, P., & Lima, T. (2021). Decision Support System in Dynamic Pricing of Horticultural Products Based on the Quality Decline Due to Bacterial Growth. *Applied System Innovation*, 4(4), 80. <https://doi.org/10.3390/asi4040080>
- Pouillot, R., & Lubran, M. B. (2011). Predictive microbiology models vs. modeling microbial growth within *Listeria monocytogenes* risk

assessment: What parameters matter and why. *Food Microbiology*, 28(4), 720-726. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2010.06.002>

- Prescott, J. F., Rycroft, A. N., Boyce, J. D., MacInnes, J. I., Van Immerseel, F., & Vázquez-Boland, J. A. (Eds.). (2022). *Pathogenesis of bacterial infections in animals* (5.th ed.). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781119754862>
- Prosser, J. I., Bohannan, B. J. M., Curtis, T. P., Ellis, R. J., Firestone, M. K., Freckleton, R. P., Green, J. L., Green, L. E., Killham, K., Lennon, J. J., Osborn, A. M., Solan, M., van der Gast, C. J., & Young, J. P. W. (2007). The role of ecological theory in microbial ecology. *Nature Reviews Microbiology*, 5(5), 384–392. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1643>
- Ratkowsky, D., Ratnawati, S. E., Setiawan, H., Murwantoko, M., Ustadi, U., Puspita, I. D., & Tamplin, M. (2023). Bioproduction of Chitin Hydrolysate Containing N-Acetylglucosamine by *Serratia marcescens* PT6 Crude Chitinase and Its Effects on Bacterial Growth Inhibition in Various Temperature. *ASEAN Journal of Chemical Engineering*, 23(1), 1-4. <https://doi.org/10.22146/ajche.69794>
- Reboul, G., Malkowski, A. C., Yu, Y. T., Gu, Y. M., Sams, K. L., Umbarger, J. M., Franklin-Guild, R. J., Jin, Y., Chen, Z., Stanhope, B. J., Wendel, B. R., & Goodman, L. B. (2025). Analysis of the microbiota of raw commercial feline diets to prioritize food safety investigations. *Communications Biology*, 8(1), 1349. <https://doi.org/10.1038/s42003-025-08756-8>
- Resci, I., Zavatta, L., Piva, S., Mondo, E., Albertazzi, S., Nanetti, A., Bortolotti, L., & Cilia, G. (2024). Predictive statistical models for monitoring antimicrobial resistance spread in the environment using *Apis mellifera* (L. 1758) colonies. *Environmental Research*, 248, 118365. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2024.118365>
- Revelou, P.-K., Tsakali, E., Batrinou, A., & Strati, I. F. (2025). Applications of Machine Learning in Food Safety and HACCP Monitoring of

Animal-Source Foods. *Foods*, 14(6), 922. <https://doi.org/10.3390/foods14060922>

- Richards, T. A., Jones, M. D. M., Leonard, G., & Bass, D. (2012). Marine Fungi: Their Ecology and Molecular Diversity. *Annual Review of Marine Science*, 4(1), 495–522. <https://doi.org/10.1146/annurev-marine-120710-100802>
- Ringø, E., Strøm, E., & Tabachek, J.-A. (1995). Intestinal microflora of salmonids: a review. *Aquaculture Research*, 26(10), 773–789. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2109.1995.tb00870.x>
- Rivas-Santisteban, J., Yubero, P., Robaina-Estévez, S., González, J. M., Tamames, J., & Pedrós-Alió, C. (2024). Quantifying microbial guilds. *ISME Communications*, 4(1), ycae042. <https://doi.org/10.1093/ismeco/ycae042>
- Rivera-Gonzalez, R., Imbalzano, A. N., Gu, B., & Deluca, N. A. (1994). The Role of ICP4 Repressor Activity in Temporal Expression of the IE-3 and Latency-Associated Transcript Promoters during HSV-1 Infection. *Virology*, 202(2), 550–564. <https://doi.org/10.1006/viro.1994.1377>
- Rodríguez, E., Gamboa, M., & Vargas, P. (2002). Clostridiumperfringens en carnes crudas y cocidas y su relación con el ambiente en Costa Rica. *Archivos Latinoamericanos de Nutrición*, 52(2), 155–159.
- Rosario, I. L. S., Pia, A. K. R., Rekowsky, B. S. S., Elias, S. O., Noronha, T. B., Cuello, R. E. G., Vieira, C. P., Costa, M. P., & Conte-Junior, C. A. (2024). Predictive model for the growth of Shiga toxin-producing Escherichia coli in Minas Frescal cheese. *Microbial Risk Analysis*, 27, 100308. <https://doi.org/10.1016/j.mran.2024.100308>
- Ross, T. (1996). Indices for performance evaluation of predictive models in food microbiology. *Journal of Applied Bacteriology*, 81(5), 501–508. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.1996.tb03539.x>

- Ross, T., & Dalgaard, P. (2000). Secondary models. In R. McKellar & X. Lu (Eds.), *Modeling microbial responses in food* (pp. 360–520). CRC PRESS.
- Ross, T., Dalgaard, P., & Tienungoon, S. (2000). Predictive modelling of the growth and survival of *Listeria* in fishery products. *International journal of food microbiology*, 62(3), 231-245. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(00\)00340-8](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(00)00340-8)
- Ruzante, J. M., Harris, B., Plummer, P., Raineri, R. R., Loy, J. D., Jacob, M., Sahin, O., & Kreuder, A. J. (2022). Surveillance of antimicrobial resistance in veterinary medicine in the United States: Current efforts, challenges, and opportunities. *Frontiers in Veterinary Science*, 9, 1068406. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.1068406>
- Ruzante, J. M., Olin, K., Munoz, B., Nawrocki, J., Selvarangan, R., & Meyers, L. (2021). Real-time gastrointestinal infection surveillance through a cloud-based network of clinical laboratories. *PLOS ONE*, 16(4), e0250767. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0250767>
- Setlow, P. (2019). Observations on research with spores of Bacillales and Clostridiales species. *Journal of Applied Microbiology*, 126(2), 348–358. <https://doi.org/10.1111/jam.14067>
- Shade, A., Jacques, M.-A., & Barret, M. (2017). Ecological patterns of seed microbiome diversity, transmission, and assembly. *Current Opinion in Microbiology*, 37, 15–22. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2017.03.010>
- Shakweer, M. S., Elshopakey, G. E., Abdelwarith, A. A., Younis, E. M., Davies, S. J., & Elbahnaswy, S. (2023). Comparison of Immune Response of *Litopenaeus vannamei* Shrimp Naturally Infected with *Vibrio* Species, and after Being Fed with Florfenicol. *Fishes*, 8(3), 148. <https://doi.org/10.3390/fishes8030148>

- Sharan, M., Vijay, D., Dhaka, P., Bedi, J. S., & Gill, J. P. S. (2022). Biofilms as a microbial hazard in the food industry: A scoping review. *Journal of Applied Microbiology*, 133(4), 2210–2234. <https://doi.org/10.1111/jam.15766>
- Sharma, D., & Singh, K. (2025). AI-enhanced bioprocess technologies: machine learning implementations from upstream to downstream operations. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 41(8), 278. <https://doi.org/10.1007/s11274-025-04494-5>
- Shrout, J. D., Tolker-Nielsen, T., Givskov, M., & Parsek, M. R. (2011). The contribution of cell-cell signaling and motility to bacterial biofilm formation. *MRS Bulletin*, 36(5), 367–373. <https://doi.org/10.1557/mrs.2011.67>
- Silva, V. F., Pereira, P. K. M., Martins, M. A., Lorenzo, M. A. d., Cella, H., Lopes, R. G., Derner, R. B., Magallón-Servín, P., & Vieira, F. d. N. (2022). Effects of Microalgae Addition and Fish Feed Supplementation in the Integrated Rearing of Pacific White Shrimp and Nile Tilapia Using Biofloc Technology. *Animals*, 12(12), 1527. <https://doi.org/10.3390/ani12121527>
- Simões, M., Simões, L. C., & Vieira, M. J. (2010). A review of current and emergent biofilm control strategies. *LWT-Food Science and Technology*, 43(4), 573-583. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2009.12.008>
- Skandamis, P. N. (2025). “Growth Predictor”: A new predictive modelling and quantitative microbial risk assessment tool. *Food Research International*, 209, 116329. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2025.116329>
- Solana, J., Garrote-Sánchez, E., & Gil, R. (2021). DELEAT: gene essentiality prediction and deletion design for bacterial genome reduction. *BMC Bioinformatics*, 22(1), 444. <https://doi.org/10.1186/s12859-021-04348-5>

- Song, H.-K., Song, W., Kim, M., Tripathi, B. M., Kim, H., Jablonski, P., & Adams, J. M. (2017). Bacterial strategies along nutrient and time gradients, revealed by metagenomic analysis of laboratory microcosms. *FEMS Microbiology Ecology*, 93(10), 1-13. <https://doi.org/10.1093/femsec/fix114>
- Song, Y., Qiao, W., Westerholm, M., Huang, G., Taherzadeh, M. J., & Dong, R. (2023). Microbiological and Technological Insights on Anaerobic Digestion of Animal Manure: A Review. *Fermentation*, 9(5), 436. <https://doi.org/10.3390/fermentation9050436>
- Sossidou, E. N., Dal Bosco, A., Castellini, C., & Grashorn, M. A. (2015). Effects of pasture management on poultry welfare and meat quality in organic poultry production systems. *World's Poultry Science Journal*, 71(2), 375–384. <https://doi.org/10.1017/S0043933915000379>
- Stepanović, S., Hauschild, T., Dakić, I., Al-Doori, Z., Svabić-Vlahović, M., Ranin, L., & Morrison, D. (2006). Evaluation of Phenotypic and Molecular Methods for Detection of Oxacillin Resistance in Members of the *Staphylococcus sciuri* Group. *Journal of Clinical Microbiology*, 44(3), 934–937. <https://doi.org/10.1128/JCM.44.3.934-937.2006>
- Sujatha, K., George, G. V. S., Geetha, S., Latha, B., Bhavani, N. P. G., Janaki, N., Premila, T. R., Lins, A. W., Kavitha, E., & Ganesan, A. (2023). Mobile phone application for identification of nutrients and microbial contamination in fruits and vegetables. *Applied data science and smart systems*, 5, 020007. <https://doi.org/10.1063/5.0178963>
- Taiwo, O. R., Onyeaka, H., Oladipo, E. K., Oloke, J. K., & Chukwugozie, D. C. (2024). Advancements in Predictive Microbiology: Integrating New Technologies for Efficient Food Safety Models. *International Journal of Microbiology*, 2024(1), 1-21. <https://doi.org/10.1155/2024/6612162>

- Tajouri, L., Campos, M., Olsen, M., Lohning, A., Jones, P., Moloney, S., Grimwood, K., Ugail, H., Mahboub, B., Alawar, H., McKirdy, S., & Alghafri, R. (2021). The role of mobile phones as a possible pathway for pathogen movement, a cross-sectional microbial analysis. *Travel Medicine and Infectious Disease*, 43, 102095. <https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2021.102095>
- Tang, X., Liu, X., Zhong, J., & Fang, R. (2021). Potential Application of *Lonicera japonica* Extracts in Animal Production: From the Perspective of Intestinal Health. *Frontiers in Microbiology*, 12, 719877. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.719877>
- Tarlak, F. (2023). The Use of Predictive Microbiology for the Prediction of the Shelf Life of Food Products. *Foods*, 12(24), 4461. <https://doi.org/10.3390/foods12244461>
- Thayyib, P. V., Mamilla, R., Khan, M., Fatima, H., Asim, M., Anwar, I., Shamsudheen, M. K., & Khan, M. A. (2023). State-of-the-Art of Artificial Intelligence and Big Data Analytics Reviews in Five Different Domains: A Bibliometric Summary. *Sustainability*, 15(5), 4026. <https://doi.org/10.3390/su15054026>
- Tirloni, E., Stella, S., Bernardi, C., & Rosshaug, P. S. (2021). A new predictive model for the description of the growth of *Salmonella* spp. in Italian fresh ricotta cheese. *LWT*, 143, 111163. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.111163>
- Todman, H., Helliwell, R., King, L., Blanchard, A., Gray-Hammerton, C. J., Hooton, S. P., Baker, M., Margerison, J., Wilson, P., Dodd, C. E. R., Morris, C., Raman, S., Hudson, C., Kreft, J.-U., Hobman, J. L., Kypraios, T., & Stekel, D. J. (2024). Modelling the impact of wastewater flows and management practices on antimicrobial resistance in dairy farms. *Npj Antimicrobials and Resistance*, 2(1), 13. <https://doi.org/10.1038/s44259-024-00029-4>
- Toldrá, F. (2023). The storage and preservation of meat: III—Meat processing. En F. Toldrá (Ed.), *Lawrie's Meat Science* (pp. 281–314).

Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-85408-5.00002-9>

- Tönz, A., Freimüller Leischtfeld, S., Stevens, M. J. A., Glinski-Häfel, D., Ladner, V., Gantenbein-Demarchi, C., & Miescher Schwenninger, S. (2024). Growth Control of *Listeria monocytogenes* in Raw Sausage via Bacteriocin-Producing *Leuconostoc carnosum* DH25. *Foods*, 13(2), 298. <https://doi.org/10.3390/foods13020298>
- Tsitou, V.-M., Rallis, D., Tsekova, M., & Yanev, N. (2024). Microbiology in the era of artificial intelligence: transforming medical and pharmaceutical microbiology. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 38(1), 2349587. <https://doi.org/10.1080/13102818.2024.2349587>
- Turner, J., Christensen, O. F., Clough, H. E., Diggle, P. J., Hart, C. A., Hazel, S., Kemp, R., Leatherbarrow, A. J. H., Moore, A., Sutherst, J., Brown, P. E., Williams, N. J., Wright, E. J., & French, N. P. (2004). Frequency and Spatial Distribution of Environmental *Campylobacter* spp. *Applied and Environmental Microbiology*, 70(11), 6501–6511. <https://doi.org/10.1128/AEM.70.11.6501-6511.2004>
- Uddandarao, P., Gupta, A., Navya, K., & Bhavya Teja, K. (2023). *Constructing Python Prediction Model for Methyl Orange Degradation Utilizing Light-Driven Aspergillus Niger-Zns Nanobiohybrids*. Available at SSRN 4589070. <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4589070>
- Valderrama, R. (2010). Animales ponzoñosos en Latinoamérica. *Biomédica*, 30(1), 5. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v30i1.145>
- Valdramidis, V. (2016). Introduction to modeling in food microbiology. En J.-M. Membré & V. Valdramidis (Eds.), *Modeling in Food Microbiology* (pp. 1–9). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-1-78548-155-0.50001-0>

- Valero, A., Hervás, C., Garciagimeno, R., & Zurera, G. (2007). Product unit neural network models for predicting the growth limits of *Listeria monocytogenes*. *Food Microbiology*, 24(5), 452–464. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2006.10.002>
- Van Boeckel, T. P., Pires, J., Silvester, R., Zhao, C., Song, J., Criscuolo, N. G., Gilbert, M., Bonhoeffer, S., & Laxminarayan, R. (2019). Global trends in antimicrobial resistance in animals in low- and middle-income countries. *Science*, 365(6459), 1944. <https://doi.org/10.1126/science.aaw1944>
- Van Boeckel. (2007). Experimental design, data processing and model fitting in predictive microbiology. In B. Stanley & V. Suzanne (Eds.), *Modelling Microorganisms in Food* (pp. 22–42). CRC PRESS.
- Van der Fels-Klerx, H. J. (2014). Evaluation of Performance of Predictive Models for Deoxynivalenol in Wheat. *Risk Analysis*, 34(2), 380–390. <https://doi.org/10.1111/risa.12103>
- Van Elsas, J. D., Duarte, G. F., Rosado, A. S., & Smalla, K. (1998). Microbiological and molecular biological methods for monitoring microbial inoculants and their effects in the soil environment. *Journal of Microbiological Methods*, 32(2), 133–154. [https://doi.org/10.1016/S0167-7012\(98\)00025-6](https://doi.org/10.1016/S0167-7012(98)00025-6)
- Vargas-Bello-Pérez, E., Espinoza-Sandoval, O. R., Gonzalez Ronquillo, M., Angeles Hernandez, J. C., Chay-Canul, A. J., Lee-Rangel, H. A., Amaya, G. D., Keim, J. P., Baudracco, J., Mendonça Vieira, R. A., & Ghavipanje, N. (2024). The role of artificial intelligence in Latin American ruminant production systems. *Animal Frontiers*, 14(6), 23–32. <https://doi.org/10.1093/af/vfae034>
- Velasquez-Camacho, L., Otero, M., Basile, B., Pijuan, J., & Corrado, G. (2022). Current Trends and Perspectives on Predictive Models for Mildew Diseases in Vineyards. *Microorganisms*, 11(1), 73. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11010073>

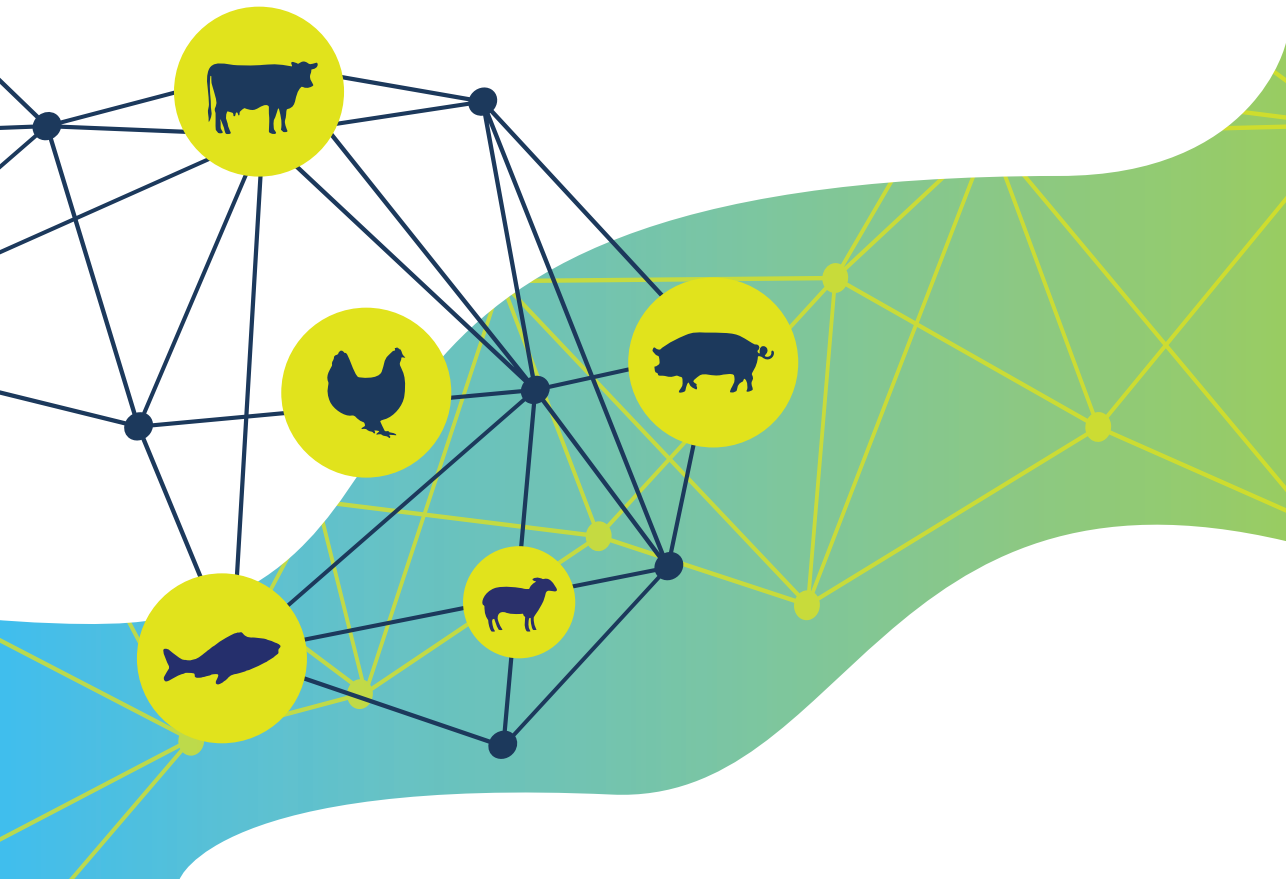
- Vincent, J., Tenore, A., Mattei, M. R., & Frunzo, L. (2024). Modelling Plasmid-Mediated Horizontal Gene Transfer in Biofilms. *Bulletin of Mathematical Biology*, 86(6), 63. <https://doi.org/10.1007/s11538-024-01289-x>
- Wang, L., Sun, Y., Du, L., Wang, Q., Zhan, M., Li, S., & Xiao, X. (2024). Daily koumiss has positive regulatory effects on blood lipids and immune system: A metabolomics study. *Heliyon*, 10(16), e36429. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e36429>
- Wanner, O., & Gujer, W. (1986). A multispecies biofilm model. *Biotechnology and Bioengineering*, 28(3), 314–328. <https://doi.org/10.1002/bit.260280304>
- Whiting, R. C., & Buchanan, R. L. (1997). Development of a quantitative risk assessment model for Salmonella enteritidis in pasteurized liquid eggs. *International Journal of Food Microbiology*, 36(2–3), 111–125. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(97\)01262-2](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(97)01262-2)
- Whon, T. W., Shin, N.-R., Kim, J. Y., & Roh, S. W. (2021). Omics in gut microbiome analysis. *Journal of Microbiology*, 59(3), 292–297. <https://doi.org/10.1007/s12275-021-1004-0>
- Williams, E. J., Fischer, D. P., Pfeiffer, D. U., England, G. C. W., Noakes, D. E., Dobson, H., & Sheldon, I. M. (2005). Clinical evaluation of postpartum vaginal mucus reflects uterine bacterial infection and the immune response in cattle. *Theriogenology*, 63(1), 102–117. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2004.03.017>
- Wingender, J., & Flemming, H.-C. (2011). Biofilms in drinking water and their role as reservoir for pathogens. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 214(6), 417–423. <https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2011.05.009>
- Yanez Ortuno, D., Chen, M. Y., McDonald, K., Gacad, A., Carrillo, J., & Haney, C. H. (2025). Predicting bacterial-mediated entomopathogenicity through comparative genomics and statistical modeling. *Microbiology Spectrum*, 14(1), Article

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Pilares de la microbiología predictiva: integración interdisciplinaria.	19
Figura 2. Parámetros cinéticos del modelo primario en la curva de crecimiento.	21
Figura 3. Características y aplicación de la Microbiología predictiva. .	23
Figura 4. Interacción del microbioma en el sistema animal-ambiente-producto.	60
Figura 5. Impacto de la dieta en las pérdidas de energía por metanogénesis ruminal.	64
Figura 6. Diversidad taxonómica y funcional en sistemas pecuarios.	71
Figura 7. Influencia de la temperatura en la estabilidad de la membrana y enzimas.	75
Figura 8. Mosaico de microhábitats y nichos ecológicos en el entorno pecuario.	84
Figura 9. Arquitectura del ecosistema digestivo comparado: Rumiantes, Monogástricos y Peces.	91
Figura 10. Determinantes nutricionales y microbiota específica de productos pecuarios.	95
Figura 11. Flujo de integración de datos en la jerarquía del modelado predictivo.	115
Figura 12. Morfología de las curvas de crecimiento: Comparativa Gompertz, Baranyi y Logística.	131

Figura 13. Comparativa entre el enfoque determinista y el estocástico en la predicción microbiana.....	149
Figura 14. Visualización exploratoria de los datos.....	158
Figura 15. Ajuste de regresión no lineal (Gompertz).	160
Figura 16. Diagnóstico de residuos (RMSE = 0.203).....	162
Figura 17. Interacción multifactorial en sistemas pecuarios	171
Figura 18. Elementos de los sistemas ganaderos y la microbiología productiva.	173
Figura 19. Microbiología predictiva en producción de huevo.....	192
Figura 20. Comparativa de Aplicaciones por Matriz.	211
Figura 21. Ecosistema Tecnológico en Microbiología Predictiva.	232
Figura 22. Diagrama de flujo de la integración de Big Data y Sistemas Expertos.....	254
Figura 23. Diseminación de microorganismos mediante bioaerosoles en galpones.	288

Acerca de los Autores





Henry Jurado Gámez es Doctor (Ph.D.) en Ingeniería con énfasis en Ingeniería de Alimentos por la Universidad del Valle y Magíster (M.Sc.) en Microbiología Agropecuaria por la Universidad Estadual Paulista (UNESP, Brasil). Complementan su sólida formación académica la Especialización en Microbiología por la Universidad Católica de Manizales y su título de grado como Zootecnista por la Universidad de Nariño.

Actualmente, es Profesor Titular de tiempo completo en el Programa de Zootecnia de la Facultad de Ciencias Pecuarias de la Universidad de Nariño, donde dirige el Grupo de Investigación **PROBIOTEC-FORAPIS**. Como investigador de primer orden, lidera la línea de Procesos Biotecnológicos Aplicados a la Producción Animal. Su vasta trayectoria se encuentra respaldada por la autoría de múltiples libros técnicos y artículos científicos publicados en revistas de alto impacto y reconocimiento internacional.



John Jairo Parreño Salas es Zootecnista egresado de la Universidad de Nariño e investigador del grupo PROBIOTEC-FORAPIS. Su labor científica se desarrolla en las líneas de apicultura y procesos biotecnológicos, con un marcado énfasis en la bioestadística y la biomodelación. Su productividad académica destaca por la publicación de artículos en revistas especializadas y la autoría de tres libros técnicos en el área de las ciencias pecuarias.

Actualmente, se desempeña como docente del Programa de Zootecnia de la Universidad de Nariño en las áreas de Apicultura, Bioestadística y Diseño Experimental. Su perfil profesional integra el rigor de la investigación biotecnológica con la aplicación de modelos estadísticos avanzados, participando activamente en el fortalecimiento académico de la disciplina a través de sus publicaciones y su vinculación con diversos eventos del sector.




Sara Jurado Diaz es profesional en Enfermería con formación académica de pregrado de la Universidad Mariana. Actualmente, pertenece al grupo de Investigación **PROBIOTEC-FORAPIS**, en donde ha participado libros, proyectos investigativos, artículos y ponencias nacionales e internacionales.

èditorial

Universidad de **Nariño**

Año de publicación: 2026
San Juan de Pasto, Nariño, Colombia



Microbiología Predictiva Aplicada a la Zootecnia busca mejorar la gestión de la inocuidad pecuaria al sustituir los análisis reactivos por un enfoque proactivo basado en la modelización matemática. La obra posiciona a la microbiología predictiva como una herramienta estratégica para el zootecnista, permitiendo proyectar el comportamiento microbiano en diversas matrices biológicas y transformar el tiempo de vida útil en una variable controlable dentro de la cadena de valor de la proteína animal.

El núcleo técnico del libro se desglosa en una jerarquía de modelado aplicada al control de poblaciones. Los modelos primarios se centran en la cinética de crecimiento mediante ecuaciones como Baranyi-Roberts y Gompertz modificado. Por su parte, los modelos secundarios evalúan la interacción de factores intrínsecos y extrínsecos sobre dicha cinética, optimizando el diseño de protocolos de conservación. El flujo culmina en los modelos terciarios, donde la integración de software especializado permite una toma de decisiones técnica y ágil en la planta de proceso.

Finalmente, el texto valida su aplicabilidad en escenarios críticos como las líneas cárnicas, lácteas entre otros. Este enfoque no solo mejora los estándares de bioseguridad, sino que impacta directamente en la rentabilidad y sostenibilidad del sistema productivo.

ISBN: 978-628-7864-78-8



9 786287 864788



Universidad de Nariño
FUNDADA EN 1984

ai

Universidad de Nariño

ACREDITADA EN ALTA CALIDAD
RESOLUCIÓN MEN 00022 - ENERO 11 DE 2023

editorial
Universidad de Nariño