

Modelación de la concentración de coliformes fecales en el río Bermúdez, municipio de Chachagüí, Nariño

Cristian Farid Chamorro Vallejo

Juan Camilo Jurado Castro

Estudiantes del Programa de Ingeniería Ambiental

Universidad Mariana

Introducción

La presente investigación se basa en una serie de experimentos de campo, que proporcionaron evidencia empírica para mejorar la comprensión de la dispersión de coliformes fecales dentro del río Bermúdez, por lo cual se propuso un modelo conceptual de dinámica de coliformes basado en el modelo QUASAR (Whitehead, Williams y Lewis, 1997) y en las apreciaciones de Wilkinson et al. (1995) para la programación del modelo matemático. Así pues, se presentan resultados teóricos de modelado en el tramo de influencia del vertimiento de aguas residuales provenientes de POFRESCOL LTDA., empresa donde se realiza sacrificio y procesamiento de aproximadamente 6.000 aves diarias y su efluente es vertido al cauce principal del río Bermúdez, el cual es el único abastecedor para la microcuenca a la que pertenece.

El modelo se basa en la dinámica ocurrida en procesos de arrastre y almacenamiento de organismos, donde el río es tratado como sistema de reactores de mezcla completa (CSTR), compuesto de una serie de subunidades de almacenamiento que sedimentan organismos a medida que aumenta el flujo, al mismo tiempo que se agota de estos, después del inicio del arrastre.

Los datos modelados permiten determinar valores teóricos de concentración de coliformes fecales con respecto al tiempo y al espacio donde se requiere determinar variables experimentales adicionales para confirmar los resultados y adecuar el modelo teórico al comportamiento real del sistema estudiado, con el fin de presentar datos y predicciones veraces pertinentes para la toma de decisiones en cuanto a la calidad del agua.

1. Resumen de la propuesta

1.1. Problema de investigación

Descripción de la situación actual y formulación del problema.

El río Bermúdez se encuentra ubicado en la parte alta del municipio de Pasto y en la parte baja del municipio de Chachagüí, según el Plan de Ordenamiento del Recurso Hídrico del río

Bermúdez (Corporación Autónoma Regional de Nariño [Corporariño], 2011) es abastecedor de siete veredas, pertenecientes en su totalidad a población rural, además, es receptor de un total de 12 vertimientos a lo largo de su cauce, de los cuales solamente 3 cuentan con los permisos necesarios.

Adicionalmente, se especificó como principal responsable de la carga contaminante de patógenos el vertimiento de aguas residuales de la empresa procesadora de aves *Pollo Fresco de Colombia POFRESCOL LTDA*, ubicada en el mismo corregimiento, en la vereda de Daza, la cual realiza sacrificio y procesamiento de aproximadamente 6.000 aves diarias, no obstante cuenta con una Planta de Tratamiento de Aguas Residuales (PTAR) y su efluente es vertido al cauce principal del río Bermúdez (Corporariño, 2011).

Ahora bien, si un efluente residual no se trata adecuadamente causa gran deterioro en el agua, debido al alto contenido de contaminantes que, sumado a la variabilidad en el tiempo, hacen que su tratamiento se dificulte y no sea totalmente efectivo (Giraldo 2001). Del mismo modo, las aguas que han sido contaminadas por desechos o sangre de animales o humanos contienen una gran cantidad de patógenos, que a menudo son los responsables de la propagación de enfermedades transmitidas por el agua (Liu, Chan y Young, 2015; Servais, Billen, Goncalves y Garcia, 2007). Es conveniente mencionar que hubo dificultades para determinar la medición directa de patógenos, por ello, fueron utilizadas comúnmente las coliformes fecales como microorganismos indicadores de la calidad del agua (Chan, Thoe y Lee 2013; Liu et al., 2006; Sanders, Arega, y Sutula, 2005; Zhu, Broersma, y Mazumder 2011).

A partir de la situación actual se formuló como problema ¿Cuál es la variación de la concentración de coliformes fecales en un tramo del río Bermúdez comprendido entre dos puntos, antes y después del vertimiento de agua residual de POFRESCOL LTDA?

Objetivo general. Modelar la variación de la concentración de coliformes fecales a lo largo del tramo de influencia del vertimiento de agua residual de POFRESCOL LTDA., al río Bermúdez.

Objetivos específicos.

- Realizar la programación de un modelo matemático para representar la variación de coliformes fecales.
- Obtener las variables necesarias para el desarrollo del modelo programado.
- Ejecutar la calibración del modelo, teniendo en cuenta los datos reales de las concentraciones de coliformes fecales y los parámetros cinéticos necesarios obtenidos en la investigación.

1.2. Marco Contextual.

El río Bermúdez se encuentra ubicado en la parte alta dentro de la jurisdicción del municipio de Pasto (coordenadas N 980766 w 632247) y en la parte baja del municipio de Chachagüí (N 975764 w 642396), finalizando con la confluencia del río Pasto; tiene una longitud de 16,17 km y 3580.15 hectáreas. La temperatura presente en la región y teniendo en cuenta los datos de la estación del aeropuerto Antonio Nariño, promedio anual medio 19,1 °C, máximo 22 °C y mínimos 16 °C temperatura (Corponariño, 2011).

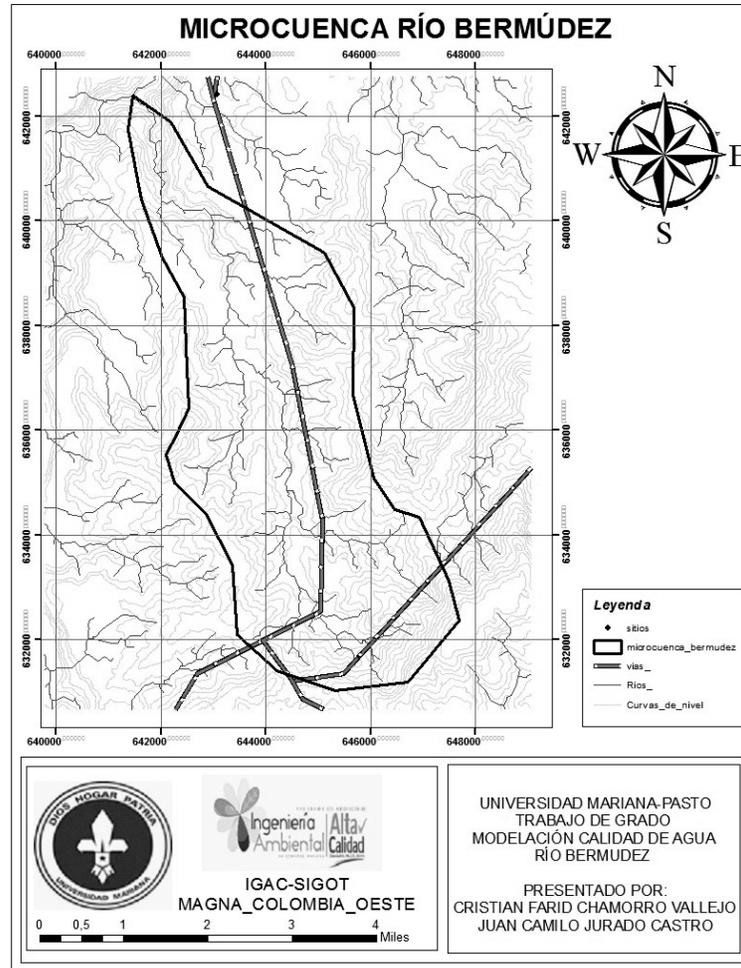


Figura 1. Mapa de ubicación.

Diseño metodológico de la investigación.

Para la ejecución del objetivo general se planteó 3 objetivos específicos y un marco lógico, los cuales se explica a continuación:

Objetivo 1. Realizar la programación de un modelo matemático para representar la variación de coliformes fecales. Se realizó revisión primaria y secundaria de referencias bibliográficas con el fin de obtener un conjunto de ecuaciones para ser sinteti-

zadas en una ecuación de la forma dX/dt , la cual se programa en un modelo para ser implementado en esta investigación, con la capacidad de representar la variación de las coliformes fecales, como resultado de esto se determinó realizar el modelo a partir de un balance de materia, donde se tuvo en cuenta las apreciaciones hechas por Wilkinson et al. (1995).

Posteriormente, se tomó la forma básica del modelo QUASAR al cual se le incorporó los cambios producidos por los procesos de arrastre y de sedimentación, para luego ser sintetizadas jun-

to con el balance de materia en una ecuación de la forma dx/dt , para obtener una ecuación que represente la variación de la concentración de coliformes fecales con respecto al tiempo y al espacio como un balance de procesos de sedimentación, decaimiento, dispersión, transporte de flujos de entrada y salida, y arrastre en el canal. Después de lo anterior, al momento de sintetizar una ecuación la cual representa el modelo, se hizo uso de la herramienta Simulink perteneciente al software Matlab, teniendo en cuenta cuáles son las constantes y las variables para su correcto uso.

Objetivo 2. Obtener los parámetros y variables necesarias para el desarrollo del modelo programado. Se hizo una salida de campo con el fin de señalar el lugar de estudio, el cual es un tramo de influencia del vertimiento proveniente de POFRESCOL LTDA., siendo este el punto intermedio. Así las cosas, al realizar revisión de las fórmulas mencionadas, la estimación de la longitud de la zona de mezcla se realizó mediante la aplicación de la ecuación empírica de Dingman (2015), debido a que ésta depende de las características del canal. Además, para la determinación de dicha longitud, se procedió a determinar los valores de ancho y profundidad del cauce promedios, midiendo puntos aleatorios en el río Bermúdez mediante el uso de una cinta métrica para el ancho, y una vara para la profundidad, K_{mix} , y el factor C de Chézy se tomaron según referencias bibliográficas.

Seguidamente y según lo establecido anteriormente en la programación del modelo, éste toma el tramo de estudio como un sistema de reactores de mezcla completa, por lo tanto se dividió el tramo cada 130 metros, los cuales serán los puntos de referencia para la toma de datos. Del mismo modo, teniendo en cuenta el tramo seleccionado, se elaboró un plan de medición para definir el caudal, volumen, temperatura y pH.

Después de lo anteriormente mencionado y siguiendo el plan de medición, una vez determinados los puntos de toma de datos se realizó una medición de la sección transversal con ayuda de una cinta métrica para medir el ancho y una vara para medir profundidad, seguidamente se utilizó un molinete hidrométrico, donde se tomó 3 mediciones en cada punto de referencia y un valor promedio para determinar la velocidad; por último, se calculó el caudal, esta metodología esta descrita en un diagrama de flujo. Por otra parte, para la medición de temperatura y pH se utilizó un medidor multiparámetro para cada punto de referencia directamente en el agua, en el mismo instante que se realiza el aforo mencionado anteriormente.

De igual manera, para obtener las concentraciones iniciales para el modelo se procedió a tomar muestras de agua en cada punto de referencia, para posteriormente determinar la concentración de coliformes en el laboratorio de Análisis Ambiental de la Universidad Mariana, para ello, se hizo uso de la guía: *Determinación de Escherichia Coli y Coliformes totales en agua por el método de filtración por membrana en Agar Chromocult* (IDEAM, 2007a), la toma se realizó directamente sin purgar el recipiente, teniendo en cuenta no llenar el recipiente completamente, se dejó una cá-

mara de aire dentro del mismo y se evitó contacto con superficies contaminadas.

Por otra parte, para el proceso de preservación de la muestra refrigeró a una temperatura de 2 °C en 24 horas permitidas, para que no se altere la muestra por temperatura ni por cambio de propiedades, cabe resaltar que es recomendable el contacto cero con la luz solar y que los recipientes permanezcan en posición vertical (IDEAM, 2007b).

Objetivo 3. Ajustar el modelo con los datos reales de las concentraciones de coliformes fecales y los parámetros cinéticos necesarios obtenidos en la investigación. Se incluirá al modelo los datos obtenidos en el transcurso de la investigación, de la misma manera se comparará los resultados reales con las variables del modelo, para calibrar los resultados y obtener un modelo funcional que determine la variación espacio-temporal de las concentraciones de coliformes fecales en el río Bermúdez.

2. Presentación, análisis y discusión de resultados

Realizar la programación de un modelo matemático que represente la variación de coliformes fecales

Después de realizar una revisión de referencias bibliográficas y según lo aprendido en las diferentes cátedras recibidas en la Universidad Mariana, para realizar o formular un modelo matemático, el primer paso es partir de un balance de materia y energía, con el fin de especificar las variables de entrada y salida. De esta manera, se planteó el modelo a partir de un balance de materia adoptado por Wilkinson et al. (1995), el cual trata al río como un sistema de dos situaciones que se presentan simultáneamente, el comportamiento de organismos en el flujo y el de los organismos que se almacenan en el canal, el balance está representado por las siguientes ecuaciones:

$$x = I + E - S - D \quad (2.1)$$

$$N = S - E - D \quad (2.2)$$

Donde, x es la concentración de coliformes fecales, I son las entradas en el río, E y S son el arrastre y asentamiento desde y hacia el canal respectivamente, D son las pérdidas por mortalidad y N es el número de organismos. Entonces, las entradas en el río se asumen como un valor constante, ya que son las variables de entrada del modelo.

Ahora bien, debido al comportamiento variado que presentan los organismos a lo largo de la extensión del río se supone que el número total de organismos se distribuye en subunidades, así que, se divide el sistema en j subunidades, es decir el número total de organismos será distribuido en cada subunidad, entonces:

$$N_j = \frac{N}{j} \quad (2.3)$$

De lo anterior también se tiene que, el caudal irá cambiando en cada subunidad, es decir que, la variación del caudal es:

$$\Delta Q = \frac{Q_m - Q_0}{j} \quad (2.4)$$

A partir de la anterior ecuación es posible conocer el número de subunidades del canal en proceso de arrastre o lavado (n_a), y las subunidades en proceso de sedimentación o almacenamiento (n_s), entonces:

$$n_a = \frac{Q_t - Q_0}{\Delta Q} \quad (2.5)$$

$$n_s = \frac{Q_m - Q_t}{\Delta Q} \quad (2.6)$$

En este contexto, el cambio neto en las subunidades, en número de organismos (N) está dado por:

$$\frac{dN_t}{dt} = V k_s n_s x_t - w \sum_{j=0}^{n_a} N_{t,j} \quad (2.7)$$

Para comprender mejor la anterior ecuación es necesario mencionar que se ha incorporado ya la ecuación básica del modelo QUASAR (Whitehead et al., 1997) dissolved oxygen (DO).

Considerando ahora, la ecuación 2.7 cumple con la función de representar el comportamiento de las coliformes a lo largo del río en un tiempo continuo. Sin embargo, para obtener una ecuación más detallada y con base en referencias bibliográficas se procedió a incorporar a dicha ecuación los procesos de arrastre y sedimentación, que, como se mencionó anteriormente, son los principales procesos que afectan el comportamiento de los patógenos.

En consecuencia, se tiene que el arrastre se produce de 0 a n_a subunidades, entonces el cambio ocurrido para cada subunidad es:

$$\frac{dN_{t,j}}{dt} = -(w + k_b) N_{t,j} \quad (2.8)$$

También, la adición de organismos por sedimentación se produce en n_s subunidades individuales a una tasa constante, entonces el cambio ocurrido para cada subunidad es:

$$\frac{dN_{t,j}}{dt} = V k_s x_t - k_b N_{t,j} \quad (2.9)$$

Donde x , es la concentración de coliformes fecales, V es el volumen del canal, k_s es la tasa de sedimentación, w es la tasa de arrastre o lavado y k_b es la tasa neta de decaimiento bacteriano. Sin embargo, en el proceso de sedimentación, según Verstraete y Voets (1977) en el artículo *Soil microbial and biochemical cha-*

racteristics in relation to soil management and fertility, se asume que k_b tiene una velocidad constante, es decir, se puede prescindir, debido a que la importancia de este dato se considera que genera cambios en la estabilidad del modelo para períodos más largos de datos, por esta razón, en este caso se realizó la misma estimación, debido a que el tramo estudiado contiene un número limitado de datos.

Después de determinar los cambios que se da en la dispersión bacteriana, para la realización del modelo, se tomó como base el modelo QUASAR, puesto que éste permite determinar los efectos de dispersión, ya que se considera al río como un sistema de CSTR en serie, en el que se simula procesos de degradación química de las sustancias y de los procesos biológicos que ocurren en la masa de agua. Dicho modelo ha sido tomado como base para realizar modelos dinámicos e integrados, por ejemplo, Lees, Camacho y Whitehead (1998) realizaron un modelo extendido del QUASAR y afirmaron que el modelo revisado produce predicciones precisas de las curvas de concentración-tiempo observadas para sustancias conservadoras.

Por lo anterior, para desarrollar el modelo se tomó la forma básica del modelo QUASAR escrita como un balance de materia, después se agregó el cambio neto por procesos de arrastre y sedimentación conceptualizados anteriormente. Esto con el fin de sintetizar una ecuación unificada con los procesos mencionados, para modelar el cambio en las concentraciones de coliformes fecales, entonces se obtuvo lo siguiente:

$$V \frac{dx_t}{dt} = Qu - Qx_t - V k_w x_t \quad (2.10)$$

$$V \frac{dx_t}{dt} = Qu - Qx_t - V k_w x_t - V k_s n_s x_t - \left(-w \sum_{j=0}^{n_a} N_{t,j} \right) \quad (2.11)$$

$$\frac{dx_t}{dt} = \frac{Q}{V} u - \left(\frac{Q}{V} + k_s n_s + k_w \right) x_t + \frac{w}{V} \sum_{j=0}^{n_a} N_{t,j} \quad (2.12)$$

Donde Q es el caudal, u la concentración de coliformes fecales aguas arriba y k_w la tasa de decaimiento bacteriano, sin embargo, esta última según la revisión bibliográfica en la investigación acerca de la supervivencia de las bacterias de coliformes fecales (Crane y Moore 1986) donde la finalidad es obtener un modelo matemático más acercado a la realidad.

Resulta importante destacar que las tasas de decaimiento bacteriano son muy variables, ya que se abarca varias órdenes de magnitud; en este caso las coliformes fecales dependen de factores correspondientes a las condiciones ambientales; los parámetros que afectan negativamente la supervivencia de las bacterias son el pH y la temperatura (McFeters y Stuart, 1972). En este propósito, se tomó las siguientes apreciaciones para mejorar la eficiencia del modelo:

$$k_w = k_w + \Delta k_{pH} + \Delta k_T; \quad (2.13)$$

$$\Delta k_{pH} = 0,135 \cosh(-0,445(6,5 - pH)); \quad (2.14)$$

$$\Delta k_T = k_w (1 - 10^{\theta(T_2 - T_1)}) \quad (2.15)$$

Finalmente, se programó el modelo como un balance de materia en el programa Matlab, con ayuda de la herramienta Simulink y basándose en la estructura propuesta por Wilkinson et al. (1995) como se mencionó anteriormente. A continuación, se presenta el diagrama

de bloques de sistemas de tiempo continuo que muestra la estructura interna del modelo de coliformes fecales (por conveniencia, solo se muestra seis subcanales de almacenamiento).

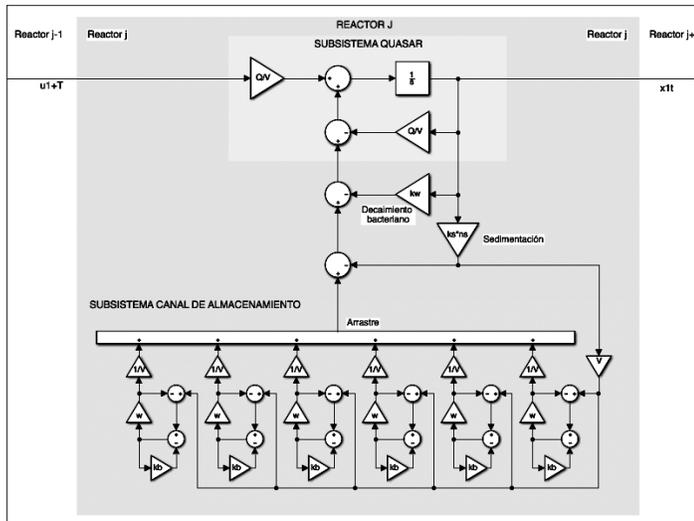


Figura 3. Estructura del modelo de coliformes fecales.

Como se puede observar, la Figura 3 es un diagrama de bloques de un sistema de tiempo continuo que muestra los componentes principales del modelo y la relación entre las ecuaciones mencionadas anteriormente, las cuales pueden ser evidenciadas a excepción de los resultados del tipo "l/s". Además, en el modelo se señala los procesos de arrastre y de sedimentación y el decaimiento bacteriano, los cuales afectan directamente la concentración de coliformes fecales, cabe resaltar que la base del modelo (QUASAR model) es una herramienta general para la resolución de problemas en estándares de efluentes, escorrentía rural, difusa y agrícola, descargas puntuales, control en tiempo real, destino de sustancias e incidentes de contaminación (Whitehead et al., 1997) dissolved oxygen (DO).

En este contexto y con el fin de mejorar el funcionamiento de la simulación se implementó los procesos de arrastre y de sedimentación al modelo básico, esto permitió representar un comportamiento y predicción más acertadas del comportamiento de los patógenos en un punto determinado a lo largo del río; por su parte, es pertinente mencionar que debido a que el modelo se toma como una ecuación diferencial lineal no se dificulta la implementación de los procesos mencionados al modelo básico.

Ahora bien, según las recomendaciones de Elshorbagy, Teegavarapu, y Ormsbee (2006) un modelo debe permitir que el sistema hídrico sea descrito y simulado de manera simple; que comience de forma sencilla, que se base en los datos disponibles y que sea flexible a expandirse cuando haya mayor cantidad de datos; que se adecúe a las dinámicas de los sistemas hidrológicos y que ofrezca la posibilidad de probar diferentes escenarios para tomar decisiones.

Existen modelos específicos para patógenos, por ejemplo, el modelo clásico de decaimiento de patógenos (Chapra, 1997); el modelo BWQM (*Bacterial Water Quality Model*) (Zhu, et al., 2011); el modelo EFDC (*Environmental Fluid Dynamics Code*) desarrollado por la EPA (*U.S. Environmental Protection Agency*), entre otros. Estos y muchos otros cumplen con algunas de las recomendacio-

nes propuestas por Elshorbagy et al. (2006), sin embargo, la mayoría dependen de muy pocas variables o también de variables que no están disponibles en su totalidad (Viloria y Barriga, 2016) especialmente cuencas de alta montaña, con el fin de conocer los parámetros de modelación, los datos de alimentación, los supuestos, los conceptos fundamentales básicos y las ecuaciones para el cálculo del decaimiento de patógenos. Para cada uno de los modelos estudiados se presentan casos de aplicación, destacando experiencias y limitaciones. Los modelos revisados son BMQM (*Bacterial Water Quality Model*).

Para ser más específicos, el primer modelo mencionado depende solamente de dos (2) variables, la constante de decaimiento de patógenos y de la concentración; el modelo BWQM por su parte depende de cuatro (4) variables, entre ellas el número de coliformes y la tasa de decaimiento de las mismas, entonces, al no tomar procesos que afectan directamente el comportamiento de dichos patógenos se puede asumir que son menos acertados en la representación de los procesos que ocurren en un cuerpo de agua con respecto a otros modelos. Por otra parte, el modelo EFDC propone el decaimiento de bacterias como altamente dependiente de la radiación solar y puede ser modelado por una reacción de primer orden en función de la salinidad, la temperatura y la radiación solar (Chan et al., 2013), donde la radiación o la salinidad son variables que no se encuentran disponibles o su medición es más complicada, como lo es en esta investigación en particular.

Según lo aclarado al principio del análisis, el modelo obtenido es de fácil programación, acceso de datos, e interpretación de resultados, además, se tiene en cuenta procesos y efectos que varían el comportamiento de los patógenos a estudiar como lo son: las características morfológicas del cauce del río, caudal, los procesos de arrastre y sedimentación y efectos de temperatura y pH, todo esto, sin dificultar la puesta en marcha del modelo. En cuanto a la asertividad de los resultados con respecto al sistema real, se puede asumir que son de gran valor, ya que, a pesar de que se basa en un modelo teórico, la mayoría de las variables de entrada son experimentales, es decir, son datos reales obtenidos por diferentes métodos de campo y en tiempo real. De igual modo para la verificación de los datos se procederá a realizar una calibración, la cual se explicará y se llevará a cabo más adelante.

Conclusiones

La elevación de la temperatura aumenta el decaimiento bacteriano por incremento de la actividad metabólica, lo que origina mayor susceptibilidad a las sustancias tóxicas.

Los valores extremos de pH desempeñan un papel importante para la supervivencia de la población bacteriana, en estas condiciones el decaimiento bacteriano es mayor.

Un modelo debe permitir que el sistema hídrico sea descrito y simulado de manera simple, que comience de forma sencilla, basándose en los datos disponibles y que sea flexible a expandirse cuando haya mayor cantidad de datos, que se adecúe a las dinámicas de los sistemas hidrológicos, que ofrezca la posibilidad de probar diferentes escenarios para tomar decisiones, etc.

El modelo obtenido es de fácil programación, acceso de datos, e interpretación de resultados, además, tiene en cuenta procesos y

efectos que varían el comportamiento de los patógenos.

La mayoría de las variables de entrada son experimentales, es decir, son datos reales obtenidos por diferentes métodos de campo y en tiempo real.

Referencias

- Chan, S., Thoe, W. y Lee, J. (2013). Real-time forecasting of Hong Kong beach water quality by 3D deterministic model. *Water Research*, 47(4), 1.631-1.647.
- Chen, Wei Bo, y Wen Cheng Liu. 2017. "Investigating the fate and transport of fecal coliform contamination in a tidal estuarine system using a three-dimensional model". *Marine Pollution Bulletin* 116(1-2): 365-84. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2017.01.031>.
- Corporación Autónoma Regional de Nariño - Corponariño. (2011). *Plan de Ordenamiento del Recurso Hídrico – PORH del Río Bermudez*. Recuperado de <http://corponarino.gov.co/expedientes/descontaminacion/porhriobermudez.pdf>
- Crane, S. y Moore, J. (1986). Modeling enteric bacterial die-off: A review. *Water, Air, & Soil Pollution*, 27(3-4), 411-439.
- Dingman, L. (2015). *Physical Hydrology* (3^{ra} ed.). Long Grove: Waveland Press, Inc.
- Elshorbagy, A., Teegavarapu, R. y Ormsbee, L. (2006). Assessment of pathogen pollution in watersheds using object-oriented modeling and probabilistic analysis object-oriented modeling and probabilistic analysis. *Journal of hydroinformatics*, 8(1), 51-63.
- Giraldo, E. (2001). Tratamiento de Lixiviados de Rellenos Sanitarios: Avances recientes. *Revista de Ingeniería*, 14, 44-55.
- IDEAM. (2007a). *Determinación de escherichia coli y coliformes totales en agua por el método de filtración por membrana en agar chromocult*. Recuperado de <http://www.ideam.gov.co/documents/14691/38155/Coliformes+totales+y+E.+coli+en+Agua+Filtraci%C3%B3n+por+Membrana.pdf/5414795c-370e-48ef-9818-ec54a0f01174>
- IDEAM. (2007b). *Determinación de Coliformes totales y E. Coli de aguas mediante la técnica de sustrato definido, colilert por el método de Numero Más Probable*. Recuperado de <http://www.ideam.gov.co/documents/14691/38155/Coliformes+totales+y+E.+coli+en+agua+NMP+M%C3%A9todo+Colilert.pdf/463a6c8d-122c-4f75-8572-81bd64baa2d2>
- McFeters, G. y Stuart, D. (1972). Survival of coliform bacteria in natural waters: field and laboratory studies with membrane-filter chambers. *Applied microbiology*, 24(5), 805-811.
- Lees, M., Camacho, L. y Whitehead, P. (1998). Extension of the QUASAR river water quality model to incorporate dead-zone mixing. *Hydrology and Earth System Sciences*, 2(2-3), 353-365.
- Liu, L., Phanikumar, M., Molloy, S., Whitman, R., Shively, D., Nev-ers, M., Schwab, D. y Rose, J. (2006). Modeling the transport and inactivation of ecoli and enterococci in the near shore region of lake michigan. *Environmental Science & Technology*, 40(16), 5.022-5.028.
- Liu, W., Chan, W. y Young, C. (2015). Modeling fecal coliform contamination in a tidal Danshuei River estuarine system. *Science of the Total Environment*, 502, 632-40. Recuperado de <http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2014.09.065>.
- Sanders, B., Arega, F. y Sutula, M. (2005). Modeling the dry-weather tidal cycling of fecal indicator bacteria in surface waters of an intertidal wetland. *Water Research*, 39(14), 3.394-3.408.
- Servais, P., Billen, G., Goncalves, A. y Garcia, T. (2007). Modeling microbiological water quality in the Seine river drainage network: past, present and future situations. *Hydrology and Earth System Sciences Discussions*, 11, 1.581-1.592.
- Verstraete, W. y Voets, J. (1977). Soil microbial and biochemical characteristics in relation to soil management and fertility. *Soil Biology and Biochemistry*, 9(4), 253-258.
- Viloria, M. y Cañón, J. (2016). Avances y Perspectivas para modelos de decaimiento de patógenos en ríos y cuencas. *Revista Científica en Ciencias Ambientales y Sostenibilidad*, 3(2), 1-15.
- Whitehead, P., Williams, R. y Lewis, D. (1997). Quality simulation along river systems (QUASAR): Model theory and development. *Science of the Total Environment*, 194-195, 447-456.
- Wilkinson, J., Jenkins, A., Wyer, M. y Kay, D. (1995). Modelling faecal coliform concentrations in streams. *Report - UK Institute of Hydrology*, 127. Recuperado de <http://www.scopus.com/inward/record.url?eid=2-s2.0-0029477991&partnerID=40&md5=015d208c443d53cc1362e518a9e372d8>.
- Wilkinson, J., Jenkins, A., Wyer, M. y Kay, D. (1995). Modelling faecal coliform dynamics in streams and rivers. *Water Research*, 29(3), 847-55.
- Zhu, Z., Broersma, K. y Mazumder, A. (2011). Model assessment of cattle and climate impacts on stream fecal coliform pollution in the Salmon river watershed, British Columbia, Canada. *Water, Air, and Soil Pollution*, 215(1), 155-176.