

AVANCES Y PERSPECTIVAS PARA MODELOS DE DECAIMIENTO DE PATÓGENOS EN RÍOS Y CUENCAS

ADVANCES AND PERSPECTIVES FOR PATHOGEN FATE MODELS IN RIVERS AND BASINS

Margarita I. Viloria¹, Julio E. Cañón²

Artículo de revisión

Keywords: pathogen modeling, *Escherichia coli* or *E. coli*, decay equations.

Palabras clave: modelación de patógenos, *Escherichia coli* o *E. coli*, ecuaciones de decaimiento.

Viloria, M. I. y Cañón, J. E. Avances y perspectivas para modelos de decaimiento de patógenos en ríos y cuencas. *Revista Científica en Ciencias Ambientales y Sostenibilidad (CAS)*. 3(2), 1-15. julio-diciembre 2016, <http://aprendeonline.udea.edu.co/revistas/index.php/CAA>

URL: <http://aprendeonline.udea.edu.co/revistas/index.php/CAA>

Resumen: Este trabajo analiza algunos modelos de decaimiento de patógenos en sistemas de agua superficial, 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), EFDC (Environmental Fluid Dynamics Code), OO-SD (Object Oriented and System Dynamics Code), Qual2Kw, Slim-EC, SWAT (Soil and Water Assessment Tool) y WAM (Watershed Assessment Model). De la revisión hecha se concluye que se requiere mayor investigación sobre el comportamiento de los patógenos en relación con los sedimentos en el agua y los fenómenos de transporte, y también se hace necesario tener en cuenta la amplia gama de patógenos, como virus y protozoarios, que no se pueden relacionar fácilmente con los indicadores de contaminación fecal que se utilizan comúnmente.

Abstract: This paper analyzes some pathogen decay models in surface water systems, especially in high mountain environments, in order to determine the modeling parameters, data requirements, assumptions, fundamental concepts and equations. Application cases are presented for each of the studied models, highlighting major experiences and limitations. The models in this review include the BMQM (Bacterial Water Quality Model), EFDC (Environmental Fluid Dynamics Code), OO-SD (Object Oriented and System Dynamics Code), Qual2Kw, Slim-EC, SWAT (Soil and Water Assessment Tool) and WAM (Watershed Assessment). This review points out the need for more research on pathogens behavior in relation to water and sediment transport phenomena, and the need to consider a broad range of pathogens, such as viruses and protozoans, that can not be easily related to commonly used fecal contamination indicators.

1. Introducción

La modelación de patógenos en el agua desempeña un papel importante en la gestión del recurso hídrico y es un tema de interés público por la incidencia de enfermedades por consumo o contacto con estos microorganismos (Jamieson *et al.*, 2005; Tsakiris *et al.*, 2012).

Cada vez aparecen nuevos modelos para definir el comportamiento de patógenos en el agua que se basan en supuestos, conceptos y propósitos diferentes; por tanto, según Wang *et al.* (2013), surge la necesidad

Recibido: 23 de febrero de 2015
Aprobado: 21 de octubre de 2015
Publicado: 20 de junio de 2016

¹Ingeniera ambiental, especialista en Manejo y Gestión del Agua, Facultad de Ingeniería, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia. Correo electrónico: margy003@gmail.com
²Ingeniero civil, M. Sc., Ph. D. en Hidrología, Investigador del Grupo de Investigación en Gestión y Modelación Ambiental (GAIA), profesor asociado, Escuela Ambiental, Facultad de Ingeniería, Universidad de Antioquia. Correo electrónico: julio.canon@udea.edu.co
Tel.: (574) 2198580

de estandarizarlos para hacer posible la comparación de sus resultados. Estos autores manifiestan que los desafíos para normalizar la modelación de calidad de agua superficial son: identificar cuáles modelos están siendo aplicados; desarrollar un banco de información que colecte casos, resultados y seguimiento en terreno; y comparar los diferentes modelos, datos de entrada, archivos de salida, ecuaciones y teorías.

En respuesta al anterior planteamiento, el objetivo de este artículo es caracterizar algunos modelos de decaimiento de patógenos en sistemas de agua superficial, específicamente para cuencas de alta montaña, las cuales son características del sistema

andino colombiano. Como se verá en el contenido del artículo, las cuencas de montaña, a pesar de que tienen una gran capacidad de autodepuración por las altas tasas de reaireación asociadas a los flujos turbulentos (Holguín *et al.*, 2003), exhiben importantes factores de deterioro de su calidad microbiológica como consecuencia de los aportes de materia orgánica asociados a actividades productivas ganaderas.

En la primera sección se explica cómo los patógenos se relacionan con otros parámetros de calidad de agua, factores climáticos e hidrológicos. Posteriormente se presentan los ríos y cuencas de alta montaña y finalmente se muestran los modelos teóricos de decaimiento de patógenos y algunos casos de aplicación particular de modelos comerciales, destacando las experiencias obtenidas y las limitaciones expresadas en los diferentes estudios.

2. Sobre los patógenos y su comportamiento

En esta sección se relacionan los patógenos como un tema importante de salud pública y también se explica el uso de indicadores de contaminación fecal que facilitan la identificación de patógenos en el agua. Al final se explican algunas características del comportamiento de estos indicadores.

A. Un tema de salud pública

El agua es un medio importante para transmisión de enfermedades como diarrea, gastroenteritis, infecciones respiratorias y cutáneas, conjuntivitis, hepatitis, meningitis, encefalitis y parálisis, entre otras (Fong *et al.*, 2005). Por tanto, su deterioro tiene repercusiones en la salud humana y en la calidad de vida (Jamieson *et al.*, 2005). Pese a que actualmente no se ha completado un control completo de las enfermedades asociadas al consumo de aguas contaminadas por patógenos (Chowdhury, 2012), hay varios avances que arrojan luz sobre la gran problemática que se enfrenta en todo el mundo.

A los patógenos se les atribuye un papel protagónico en el deterioro de la calidad microbiológica del agua (Wu *et al.*, 2009) ya que estos microorganismos representan un riesgo biológico asociado directamente con contaminación fecal. Entre los patógenos se encuentran bacterias (EC O157:H7, *Salmonella*, *Shigella* y *Vibrio cholerae*), virus entéricos (Enterovirus, Rotavirus, Hepatitis A y Reovirus), protozoos (*Cryptosporidium*, *Giardia lamblia* y *Entamoeba histolytica*) y parásitos helmintos (Jamieson *et al.*, 2004; Kim *et al.*, 2005; Chowdhury, 2012; Jimmy *et al.*, 2013).

Chowdhury (2012) menciona un grupo de bacterias patógenas primarias y secundarias que se han denotado como heterotróficas y oportunistas: *Escherichia*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Serratia*, *Helicobacter*, que pueden causar efectos adversos en la salud humana, y Fong *et al.* (2005) añaden que los virus entéricos, por su resistencia a procesos de tratamiento, son considerados como patógenos causantes de enfermedades por consumo de agua incluso ya tratada.

Pese a lo anterior, el riesgo de contraer enfermedades por contacto o consumo de aguas contaminadas por patógenos no es el mismo en todo el curso del agua. Robles *et al.* (2012) mostraron que el riesgo por contacto con aguas contaminadas cambia de acuerdo a la variación espaciotemporal de las descargas en los ríos, o sea que después de un tiempo y una distancia el riesgo puede disminuir debido a fenómenos de difusión y dispersión que ocurren en el río.

B. Indicadores de contaminación fecal

Debido a que se presenta dificultad para enumerar los organismos patógenos en el agua, se han establecido organismos indicadores de contaminación fecal. La connotación de indicadores se refiere a que si estos están ausentes en una muestra, los organismos patógenos también lo estarán (Pachepsky *et al.*, 2006; Servais *et al.*, 2007).

Daly *et al.* (2013) encontraron que los microorganismos patógenos *Enterococci* y *E. coli* están correlacionados, es decir, que hay una relación proporcional entre las concentraciones de ambas bacterias en el agua. Wilkes *et al.* (2009) observaron que cuando los patógenos estaban presentes en las muestras de agua también lo estaban los indicadores bacterianos.

Los coliformes fecales (CF) son los indicadores más usados y las organizaciones de protección de la salud pública los utilizan para evaluar la calidad microbiológica en sistemas de agua dulce (Hellweger *et al.*, 2008; Servais *et al.*, 2007; Zhu *et al.*, 2011). Entre ellos es utilizada en particular la EC O157:H7, que genera serios riesgos a la salud humana (Jamieson *et al.*, 2004; Robles *et al.*, 2012; Vermeulen *et al.*, 2013).

Otras características por las cuales *E. coli* se utiliza como indicador de contaminación fecal son: su capacidad de vivir varios días en el agua y en los sedimentos (Yakirevich *et al.*, 2013); su capacidad para naturalizarse y proliferar en otros hábitats; su abundancia y presencia en los animales vertebrados de sangre caliente como bacteria comensal; su manejabilidad en laboratorio, donde se puede sembrar,

identificar y contar con facilidad (Wilkes *et al.*, 2009; Kim *et al.*, 2010); y su mayor resistencia comparada con otros patógenos, teniendo en cuenta que hay algunos aún más resistentes, como los virus, pero complejos de identificar en el laboratorio (Fong *et al.*, 2005).

C. Comportamiento de los patógenos y necesidades de estudio

El sistema biológico de los patógenos es complejo y debe comprenderse para enfrentar la contaminación asociada a ellos y lograr simular su comportamiento. Para ello es necesario conocer las causas y fuentes de contaminación, los factores que afectan su concentración en el agua, la relación con otros parámetros de calidad de agua y los mecanismos de transporte que los afectan (Wilcox *et al.*, 2005).

El primer paso para comprender el comportamiento de los patógenos y para la gestión y remediación del recurso hídrico es identificar las fuentes de contaminación (Fong *et al.*, 2005). Estas fuentes pueden ser puntuales o no puntuales, siendo las no puntuales o difusas más complejas de identificar por presentarse de maneras dispersas y bajo comportamientos impredecibles (Jamieson *et al.*, 2004; Kim *et al.*, 2010).

Las fuentes puntuales o difusas pueden ser naturales (como lluvias, bosques plantados y vida silvestre) o antrópicas (como sistemas de tratamiento de aguas residuales, descargas directas, sistemas sépticos, agricultura por aplicación de estiércol y ganadería por pastoreo y excretas animales) (Jamieson *et al.*, 2004; Fong *et al.*, 2005; Elshorbagy *et al.*, 2006b; Servais *et al.*, 2007; Maillard *et al.*, 2008; Kang *et al.*, 2010; Nasir *et al.*, 2012).

Se ha pensado que en zonas rurales y de alta montaña la ganadería es la principal fuente de contaminación fecal debido a que el manejo del ganado y su estiércol tiene un impacto significativo en la calidad del agua (Zhu *et al.*, 2011). Algunos patógenos comunes en el estiércol son bacterias como *Campylobacter*, varias especies de *E. coli*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella*, *Yersinia enterocolitica*, y protozoarios como *Cryptosporidium parvum* y *Giardia* (Pachepsky *et al.*, 2006; Maillard *et al.*, 2008; Oliver *et al.*, 2012). Por ejemplo, Coffey *et al.* (2010b) observaron que entre 70 y 80% de los coliformes fecales en una fuente de agua superficial fueron transferidos desde una granja ganadera.

a. Factores que afectan la concentración de patógenos

Después del análisis de las fuentes posibles de contaminación por patógenos se deben comprender

los factores que afectan su concentración en el agua, entre los que se destacan el clima, la hidrología, la geomorfología, los usos del suelo y las coberturas vegetales en las cuencas.

- **Factores climáticos:** la temperatura, la precipitación, la humedad y la radiación solar son algunos de los factores climáticos que afectan las concentraciones de patógenos en el agua. Vermeulen *et al.* (2013) hicieron un estudio en los ríos europeos Rhine, Meuse y Drentse y encontraron que la temperatura afecta negativamente a *E. coli*, es decir, que a mayor temperatura del agua menor concentración de estas bacterias. Por otro lado, se genera un incremento de concentraciones por causa del aumento en las precipitaciones, lo cual se relaciona directamente con la escorrentía superficial de las áreas agrícolas y la resuspensión de los sedimentos. Se asume que otros patógenos pueden responder de manera similar a *E. coli*. Adicionalmente, Kang *et al.* (2010) encontraron que en el clima húmedo aumentan las contribuciones de *E. coli* y *Enterobacter*.
- La radiación solar es otro factor climático que afecta el coeficiente de degradación de *E. coli*. Cea *et al.* (2011) observaron que este coeficiente es más alto de día, ya que en la noche el parámetro de radiación solar es cero.
- De esta manera se demuestra que el clima y sus variaciones pueden significar un incremento en el riesgo de contraer enfermedades asociadas al consumo de aguas contaminadas con patógenos (Vermeulen *et al.*, 2013).
- **Factores geomorfológicos e hidrológicos:** las características topográficas de la cuenca, como la pendiente, el tamaño y la permeabilidad, afectan las contribuciones por uso del suelo respecto a la calidad de agua. Cuando la cuenca comienza a ser más larga, la contribución del uso del suelo a los parámetros de calidad de agua disminuye. Este fenómeno se presenta para contaminantes no conservativos como *E. coli* y *Enterobacter* (Kang *et al.*, 2010).
- **Usos del suelo:** los usos del suelo también inciden considerablemente sobre la calidad microbiológica del agua, principalmente los asociados a sistemas de producción pecuarios y al modo de manejo de sus efluentes. Se presume que a mayor intensidad de uso de la tierra se tendrán más efectos negativos sobre la calidad del agua (Miserendino, *et al.* 2011). Para el caso de las cuencas de montaña, las actividades ganaderas son agentes detonantes de la calidad microbiológica del agua debido al

manejo inadecuado de las excretas animales y la remoción de cobertura vegetal para establecer pasturas (Jamieson *et al.*, 2004) (Zhu *et al.*, 2011)

- **Coberturas vegetales en la cuenca:** Maillard *et al.* (2008) y Collins *et al.* (2004) mencionan que uno de los factores que pueden evitar la contaminación microbiológica de las corrientes superficiales es la presencia de bosques de ribera o de galería. Esta vegetación riparia actúa como un colchón o escudo protector que retiene y filtra sedimentos antes de su llegada al cuerpo de agua, es decir, como un sumidero propiamente dicho (Giraldo, 2002; Rodríguez *et al.*, 2008).

b. Relación de los patógenos con otros parámetros de calidad de agua

También se ha estudiado cómo los patógenos, en especial *E. coli*, se relacionan con otros parámetros de calidad de agua. Por ejemplo, las concentraciones de fósforo (P) y *E. coli* se correlacionan positivamente (para Daly *et al.*, 2013, ambos provienen de fuentes comunes y tienen dinámicas similares). A este respecto se ha mostrado que los sedimentos ricos en nutrientes tienen que ver con los patrones de declinación bacteriana y con la distribución, ocurrencia y supervivencia de virus entéricos en el ambiente (Jamieson *et al.*, 2004; Fong *et al.*, 2005).

La turbiedad también se relaciona con altas concentraciones de coliformes debido a que la acción de la luz solar se atenúa y genera el ambiente propicio para la proliferación de estas bacterias (Astel *et al.*, 2008).

c. Mecanismos de transporte de los patógenos en el agua

Los microorganismos patógenos poseen formas, densidades, tamaños y actividades biológicas que facilitan que su transporte en aguas superficiales (Pachepsky *et al.*, 2006). El transporte de los patógenos en el agua superficial se basa comúnmente en la adsorción, advección, dispersión, interacción de los sedimentos en la columna de agua, almacenamiento transitorio, resuspensión y mortandad (que depende de la temperatura, el pH, los nutrientes, las toxinas, la salinidad, la intensidad de la luz solar y la depredación) (Jamieson *et al.*, 2005; Hellweger *et al.*, 2008; Yakirevich *et al.*, 2013).

A continuación se explican algunos de los mecanismos de transporte mencionados:

- **Adsorción:** este mecanismo se refiere al atrapamiento de los patógenos en superficies. Jamieson *et al.* (2005) dicen que la adsorción de *E. coli* a los sedimentos en aguas puede ser modelada como un proceso irreversible.
- **Advección-dispersión:** la advección se refiere al transporte a través del flujo principal de agua, y la dispersión a los movimientos aleatorios de los contaminantes (Jamieson *et al.*, 2004).
- **Asociación sedimento/microorganismo:** anteriormente solo se tenía en cuenta lo que pasaba en la columna de agua, pero las interacciones con los sedimentos también afectan los procesos de transporte y supervivencia de los microorganismos presentes en este medio. En el fondo de los cuerpos de agua los sedimentos pueden almacenar microorganismos y, a su vez, los microorganismos se pueden unir a los sedimentos en la columna de agua y acelerar el proceso de sedimentación (Wu *et al.*, 2009). Yakirevich *et al.* (2013) encontraron que a distancias relativamente cortas en un tramo de río, los resultados de concentración de *E. coli* pueden variar debido en parte a la asociación con sedimentos y al efecto de resuspensión posterior a incrementos significativos de caudal.
- **Almacenamiento transitorio:** este concepto se ha incluido recientemente y consiste en la asociación sedimento/microorganismo pero de manera temporal (Ghimire *et al.*, 2013).
- **Resuspensión:** otro fenómeno que ha recibido poca atención es el de la resuspensión de sedimentos hacia la columna de agua (Jamieson *et al.*, 2004). Uno de los retos del futuro es la modelación de la resuspensión del material suspendido con contenidos de indicadores fecales (De Brawere *et al.*, 2011). La resuspensión de sedimentos contribuye con la concentración de *E. coli* en el agua, principalmente de quebradas (Kim *et al.*, 2010).
- **Transporte subsuperficial:** se deben incluir además los procesos de transporte subsuperficial en los estudios futuros. Si bien el flujo superficial es el principal proceso de transporte, no se debe descuidar el subsuperficial, sobre todo para el tema de fuentes no puntuales o difusas que, como consecuencia de precipitaciones, se infiltran en el suelo y llegan a los cuerpos de agua (Jamieson *et al.*, 2004).

3. Corrientes de alta montaña

De acuerdo con lo mencionado en la sección anterior, los patógenos se comportan de maneras diferentes según el sistema hídrico en el que se encuentran, es decir, sus patrones de transporte y decaimiento varían con las características climáticas, topográficas y geomorfológicas. En este aparte se hará referencia a las cuencas de alta montaña.

En el paisaje montañoso de los Andes, la mayoría de los ríos en alguno de sus tramos son de alta montaña. Estos sistemas de montaña cumplen funciones ecológicas y un papel hidrológico especial para las tierras bajas circundantes, incluyendo la producción y regulación del agua (Buytaert *et al.*, 2006). Vivilori *et al.* (2003) indican que en los trópicos y subtropicos el 80% de las aguas frescas se originan en áreas de montaña.

Las cuencas de alta montaña, por medio de sus características de superficie, tipo/densidad de vegetación y topografía se caracterizan por fuertes pendientes, suelos pedregosos y poco profundos y vegetación riparia que protege al suelo contra el impacto de la lluvia, disminuye su capacidad erosiva y aumenta la infiltración (Molina *et al.*, 2007). También sus propiedades hidráulicas, como caudal, velocidad y dispersión, y geométricas, como profundidad, ancho y pendiente, inciden en su capacidad de asimilación y depuración ya que estas afectan los procesos de transporte. Los ríos de montaña tienen zonas de rápidos y zonas de asentamiento y en esto difieren de los ríos de llanura o planicie, lo cual muestra que la capacidad de autopurificación del agua en ríos de montaña es mucho mayor por sus características de turbulencia que propician buen porcentaje de oxígeno disuelto y baja profundidad con mayor incidencia de la luz solar (Torres *et al.*, 2008; Oliveira *et al.*, 2012).

Pese a lo anterior, Moreno *et al.* (2007) señalan que unos de los mayores obstáculos para el desarrollo de la región andina es el fuerte deterioro del suelo y de los recursos hídricos, y lo que pasa en la cuenca alta puede favorecer o no a la cuenca baja. En este sentido, las acciones humanas relacionadas con tala de bosques, destrucción de páramos, ganadería, ampliación de la frontera agrícola y sistemas de cultivos limpios son los principales causantes del deterioro del recurso hídrico. Un gran porcentaje de los vertimientos de aguas residuales sin ningún tipo de tratamiento se hace a ríos o quebradas de montaña, dando como origen ríos contaminados y con varias limitaciones en su uso por altas cargas orgánicas, de nutrientes y de patógenos, y aunque teóricamente estos cuerpos de agua tienen buena capacidad de depuración, se han sobrepasado

en algunos casos los límites de una condición saludable (Camacho *et al.*, 2006; Torres *et al.*, 2008).

4. Modelos y casos de aplicación

A continuación se hace una introducción general a la modelación y su aplicación al recurso hídrico, y posteriormente se comparten algunas experiencias que se han planteado para el modelamiento de patógenos en cuencas y quebradas de alta montaña.

A. Una mirada general a la modelación

La modelación permite representar alternativas y simular las condiciones pasadas, presentes y futuras en un sistema natural o artificial (Cárdenas *et al.*, 2009). Su utilidad principal se manifiesta en lograr entender con facilidad el funcionamiento y la dinámica del sistema de interés, en este caso la cuenca. Como estos sistemas son complejos de entender en la realidad, el modelo se desarrolla por la necesidad de simplificar su comprensión (Bobba *et al.*, 2000; Vieira, *et al.*, 2013).

Los modelos de calidad de agua como instrumentos de gestión son herramientas apropiadas para simular y predecir riesgos en cuerpos de agua (Wang *et al.*, 2013;). A través de ellos se facilita la localización de posibles fuentes de contaminación y segmentos del curso de agua donde se pueden encontrar condiciones adversas para la vida de los organismos. Los modelos proveen además herramientas para establecer causas del deterioro de la calidad del agua (Ziemińska-Stolarska *et al.*, 2012) y se pueden utilizar para estimar la capacidad de asimilación de un cuerpo y para probar hipótesis comparando las predicciones con los datos reales en campo (Fan *et al.*, 2009; Bucci *et al.*, 2012; Oliveira *et al.*, 2012).

La clasificación de modelos es amplia, pero lo esencial es que se logre entender el sistema y controlar sus respuestas (Bobba *et al.*, 2000). Elshorbagy *et al.* (2006b) recomiendan que un modelo debe permitir lo siguiente: 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 proporcione un sistema de retroalimentación con el fin de manejar procesos intuitivos; que tenga la capacidad de simular la intervención humana y otras que puedan ser encontradas en el sistema; y que ofrezca la posibilidad de probar diferentes escenarios para tomar decisiones.

Para el caso de modelación de microorganismos patógenos se identifican seis etapas: 1) Planteamiento del problema y selección del modelo; 2) Construcción preliminar del modelo; 3) Calibración; 4) Análisis de sensibilidad; 5) Validación y/o verificación; 6) Inclusión en la toma de decisiones.

Para la *selección del modelo* se establece el objetivo y alcance, es decir, en dónde va a ser aplicado y a qué problema de contaminación se enfrenta (Chapra, 2003; Ziemińska-Stolarska *et al.*, 2012). El ejercicio de seleccionar un modelo y que este sea apropiado es una tarea fundamental. Si se selecciona el modelo adecuado se puede decir que ya se ha hecho un gran trabajo en el proceso de análisis (Bobbá *et al.*, 2000).

La *construcción preliminar* del modelo se hace con datos existentes si los hay, o mediante muestreos. Los resultados de modelación serán equivalentes a la calidad de información que sirve de base (Chapra, 2003). Para la modelación de patógenos se deben definir dos modelos: el de transporte y el de decaimiento por medio de caracterización hidráulica y microbiológica. Estos dos modelos deben finalmente acoplarse para lograr la interpretación completa (Torres *et al.*, 2008).

El muestreo hidrológico se hace para definir el modelo de transporte y se alimenta de datos de caudal y mediciones de campo con trazadores para conocer las características hidráulicas del cuerpo. De acuerdo con las condiciones topográficas se establece el mecanismo de transporte, que varía dependiendo de si es llanura o montaña. Después de los ensayos en campo se procede con el muestreo de calidad de agua. Cuando se han definido ambos modelos (de transporte y de decaimiento) se continúa con el acople, que consiste en definir la concentración del patógeno de interés en términos del decaimiento y el transporte (Torres *et al.*, 2008).

Otra de las etapas es la *calibración*, que tiene como objetivo encontrar los valores para los parámetros que mejor se adaptan al sistema que se modela (Oliveira *et al.*, 2012) y que consiste en correr el modelo con datos reales y compararlo con los datos predichos (Ziemińska-Stolarska *et al.*, 2012).

Posterior a la calibración se hace el *análisis de sensibilidad*, en el que se buscan los parámetros críticos (Ziemińska-Stolarska *et al.*, 2012), es decir, se cuantifica el error asociado a los parámetros que tienen mayor influencia sobre los resultados del modelo (Coffey *et al.*, 2010, I; Oliveira *et al.*, 2012).

Después de haber identificado los parámetros críticos se continúa con la *verificación* o *validación* con el fin de aumentar la confianza en los resultados y cálculos.

Lo recomendable es usar datos diferentes a los de calibración y volver a correr el modelo. Otra forma es que el modelo sea probado por otras personas (Ziemińska-Stolarska *et al.*, 2012).

El paso final, según Chapra (2003), es la integración del modelo al sistema de soporte para la *toma de decisiones*.

Teniendo en cuenta los anteriores conceptos sobre la modelación y las diferentes etapas, a continuación se presentan algunos modelos y su formulación para calcular la tasa de decaimiento de patógenos en el agua.

B. Modelo clásico de decaimiento de patógenos

Como se mencionaba en la sección inicial sobre los patógenos y su comportamiento, se ha asumido un decaimiento de primer orden en el que la concentración de bacterias C en el tiempo t está dada por (Chapra, 1997):

$$C = C_0 e^{-k_b t} \quad (1)$$

donde C_0 es la concentración inicial de bacterias y k_b es la tasa de decaimiento, que depende de factores como la luz solar, la temperatura y la salinidad, entre otros.

Partiendo de esta base conceptual, se han desarrollado varias fórmulas para la tasa de decaimiento k_b , en la que sus desarrolladores han establecido que esta depende de diferentes factores.

C. Casos de aplicación para modelos de decaimiento de patógenos

A continuación se presentan algunos modelos que se han desarrollado para el decaimiento de patógenos en sistemas acuáticos, sobre todo a escala de cuenca.

a. Modelo BWQM

El modelo BWQM (Bacterial Water Quality Model) asume que las aguas de quebrada son influenciadas principalmente por la temperatura del agua (Zhu *et al.*, 2011):

$$D_{SW} = W_{SW} (1 - T)(1 - L_{SL}) B_{SW} \quad (2)$$

donde D_{SW} corresponde al decaimiento de bacterias (UFC/día), W_{SW} es un parámetro de la ecuación en d^{-1} , T es el parámetro que refleja la acción de la temperatura, L_{SL} es la longitud de la quebrada y B_{SW} es el número de bacterias en la quebrada en CFU (Zhu *et al.*, 2011).

La estructura del modelo se basa en la dinámica de las bacterias en general, y las ecuaciones se formulan sobre el balance de masas. El modelo tiene tres módulos: 1) Hidrología: intercambio de agua entre aguas superficiales y subterráneas en la cuenca y balance hídrico del ciclo hidrológico; 2) Temperatura: transferencia de energía; 3) Bacterias: concentración y carga de bacterias.

Los procesos para cuantificar la dinámica de bacterias son la deposición de sedimentos y arrastre (se producen simultáneamente a la velocidad de flujo). El arrastre neto se produce cuando el caudal de la corriente es mayor (se determina por una reacción de primer orden) y la mortandad es influenciada principalmente por la temperatura, como se mostró en la ecuación (2) (Zhu *et al.*, 2011).

El modelo BWQM divide la cuenca en vegetación, hojarasca, suelo, subsuelo, agua corriente, fondo de arroyo y aguas subterráneas. La escala del tiempo es diaria, la temperatura es un dato correlacionado con la tasa de supervivencia bacteriana y la transferencia se debe al flujo de bacterias. Los parámetros que modela son *E. coli*, *Streptococcus faecalis* y coliformes fecales (CF). Se alimenta de datos diarios de temperatura del aire, precipitación, caudal, concentración y carga de CF; los datos antes de la calibración para la cuenca son: ubicación, tipo de vegetación, propiedades del suelo, temperatura diaria del aire, precipitación diaria, valores iniciales de los parámetros, flujo de corriente diario y concentración de coliformes fecales (Zhu *et al.*, 2011).

Zhu *et al.* (2011) corrieron el modelo BWQM en la cuenca del río Salmon en Columbia Británica en Canadá con el fin de evaluar los impactos de la ganadería y el cambio climático por contaminación fecal en una corriente de agua y desarrollar un modelo de calidad de agua bacteriano basado en procesos de BWQM. Los resultados obtenidos muestran una precisión para la concentración de coliformes fecales entre 0,55 y 0,60 y para carga entre 0,85 y 0,89. La concentración de coliformes fecales coincide con el valor observado y la simula apropiadamente.

Una limitante encontrada es que las bacterias de vida silvestre son tomadas como constante de entrada en la cuenca, lo cual limita la aplicación del modelo a condiciones complejas relacionadas con procesos de migración, en donde esta entrada realmente es variable (Zhu *et al.*, 2011).

b. Modelo EFDC

El modelo EFDC (Environmental Fluid Dynamics Code) 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):

$$k(z, t) = (k_b + k_s * S(z, t))\theta^{T-20} + k_l * I(t)\exp(-e_l z) \quad (3)$$

donde k_b es la tasa de decaimiento básica en completa oscuridad, k_s es la constante empírica para salinidad, S es salinidad, T es temperatura, $\theta=1.07$, k_l es la constante de radiación solar, I es radiación solar y e_l es el coeficiente de extinción de la luz (Chan *et al.*, 2013).

El modelo fue desarrollado por el Instituto de Ciencia Marina en Virginia (Estados Unidos) y la versión actual es el EFDC 1.0. Se conocen aplicaciones en 1D, 2D y 3D para ríos, lagos, estuarios, humedales, embalses y aguas costeras.

Las ecuaciones del modelo se basan en los principios de movimiento, conservación del volumen y conservación de la masa. Su estructura incluye un modelo hidrodinámico, un modelo de calidad de agua, un modelo de transporte de sedimentos y un modelo de tóxicos. Los parámetros que modela son salinidad, temperatura, transporte de sedimentos, transporte y destino de contaminantes tóxicos, nutrientes, oxígeno disuelto y patógenos, y los datos de entrada son velocidad, elevación superficial, viscosidad vertical, difusividad, temperatura, salinidad y densidad.

En cuanto a requerimientos de software, está escrito en FORTRAN90, compatible con Macintosh, Windows y con la interfaz WASP7, que es otro modelo de calidad de agua recomendado por la Agencia de Protección Ambiental de los Estados Unidos (EPA).

Bai *et al.* (2005) utilizaron el modelo EFDC para determinar la cantidad de bacterias adheridas a las partículas de sedimentos en la quebrada Topehaeche (Waikato, Nueva Zelanda). Encontraron que el modelo provee un acercamiento para determinar la asociación sedimento/microorganismos y concluyeron que en estudios futuros se debe incluir la distribución variable de bacterias en el lecho de sedimentos para mejorar la predicción del modelo.

c. Modelo OO-SD

En el modelo orientado a objetos y sistemas dinámicos (Object Oriented and System Dynamics model) se asume la tasa de decaimiento de primer orden formulada por Thomann y Mueller en 1987, donde k_b es la tasa de decaimiento en d^{-1} y T es la temperatura en grados centígrados:

$$k_b = (0.8 + 0.006 * \% \text{ agua de mar}) 1.07^{T-20} \quad (5)$$

El modelo de sistemas dinámicos es una propuesta de gestión que permite evaluar escenarios potenciales por medio de relaciones simples y puede analizar el comportamiento del sistema con información escasa. Usando este modelo se puede evaluar la contribución relativa de contaminantes de diferentes subcuencas (Elshorbagy *et al.*, 2006a).

La modelación orientada a objetos es una forma de pensar acerca de los problemas en forma organizada alrededor de conceptos reales. La información se organiza de manera discreta por entidades reconocibles llamadas objetos. Los objetos pueden ser concretos, como un tramo de río, o conceptuales, como una decisión normativa. El modelo enfatiza en las interrelaciones y simula/cuantifica los elementos del sistema, permite identificar las variables clave estableciendo representaciones de los procesos físicos, las variables mediante relaciones matemáticas y la cartografía estructural del modelo (Elshorbagy *et al.*, 2006a).

Las ecuaciones que lo rigen se representan por expresiones de diferencias finitas y se resuelven mediante esquemas numéricos estándar. El modelo comercial STELLA® es la interfaz con la que se ha computarizado (Elshorbagy *et al.*, 2006a).

Elshorbagy *et al.* (2006b) estudiaron el destino y transporte de los patógenos en la corriente de la cuenca del río Kentucky (Estados Unidos) y encontraron que el modelo no es capaz de optimizar por sí solo pero sí con la ayuda de programas como STELLA o a través del acoplamiento con una hoja de cálculo como Excel, que puede mejorar el rendimiento del modelo, por ejemplo para su calibración. Según estos autores, una de las mayores limitaciones y retos del OO-SD es la posibilidad de establecer un vínculo con sistemas de información geográfica para estudiar la relación entre la variable de estado y su distribución espacial, algo que el modelo no contempla actualmente (Elshorbagy *et al.*, 2006b).

d. Modelo Qual2Kw

Para este modelo la tasa de decaimiento es la planteada por Chapra en 1997:

$$k_b = (0.8 + 0.02S) 1.07^{T-20} + \frac{\alpha I_0}{k_e H} (1 - e^{k_e H}) + F_p \frac{V_s}{H} \quad (6)$$

donde S es salinidad (ppt o g/L), T es temperatura (°C), α es la constante de proporcionalidad, I_0 es la energía lumínica superficial (ly/hora), k_e es el coeficiente de extinción (m^{-1}), H es la profundidad total (m), F_p es la fracción de bacterias adheridas y V_s es la velocidad de sedimentación (m/s).

El modelo Qual2Kw versión 6 (beta) fue desarrollado por Greg Pelletier, Steven Chapra y Hua Tao, y es una adaptación del Qual2k, que a su vez es la versión moderna del Qual2E. Qual2Kw añade dos cosas: la opción para simular aguas detríticas y el sistema de autocalibración basada en un algoritmo genético (Pelletier *et al.*, 2006; Cárdenas *et al.*, 2009; Holguín *et al.*, 2013).

El *software* es de distribución gratuita, aplicado a arroyos y ríos a los que representa como un canal o segmento de agua dividido en porciones de flujo constante no uniforme simulando el impacto de cargas contaminantes puntuales y no puntuales. Los procesos de simulación se ocupan de la reaireación, la respiración y el crecimiento de algas, la degradación de materia orgánica, la mineralización, la nitrificación, la desnitrificación, la sedimentación y la actividad bentónica. Se asume flujo constante o variado, estado estacionario o dinámico y completamente mezclado en una dimensión. Modela contaminantes no tóxicos: temperatura, demanda bioquímica de oxígeno carbonácea (DBO_C), oxígeno disuelto, fitoplancton, varias formas de fósforo, nutrientes, nitrógeno, pH, alcalinidad, sólidos suspendidos inorgánicos, bacterias patógenas y algas de fondo (Pelletier *et al.*, 2006).

Los requerimientos de *software* son Microsoft Windows y Excel, que se utiliza como la interfaz gráfica de usuario para entrada, ejecuta el modelo y permite la visualización de salidas. Se alimenta de datos de información meteorológica (temperatura, velocidad del viento y radiación solar), características hidráulicas del río (pendiente de canal, anchura del canal, pendiente lateral y coeficiente de rugosidad de Manning) y caracterización cualitativa/cuantitativa de las descargas (Santos *et al.*, 2012; Oliveira *et al.*, 2012).

Cárdenas *et al.* (2009) utilizaron el modelo en la cuenca del río Pasto (Colombia) para evaluar diferentes alternativas o escenarios con el fin de pronosticar el cumplimiento de los objetivos de calidad del agua y de la normatividad vigente y planear actividades y obras, como la construcción de una o más plantas de tratamiento de aguas residuales, tiempo, nivel y tipo de tratamiento, y concluyeron que el *software* es una herramienta útil en el marco de la modelación.

Santos *et al.* (2012) lo usaron para predecir el impacto de las condiciones de caudal, descargas y tributarios

en la calidad de agua y para establecer propósitos para la gestión y planeación del río Minho entre España y Portugal, que tiene como problemas de contaminación principales la presencia de coliformes fecales, coliformes totales y *Streptococcus faecalis*. El trabajo consistió en evaluar los recursos naturales de la cuenca del río Miño, identificando los riesgos naturales causados por el cambio climático y proponer el manejo, la gestión y el mejoramiento de la cuenca. Las etapas desarrolladas en este estudio fueron la determinación de los parámetros de calidad de agua, la recolección de información sobre el río, la evaluación del impacto de tributarios y las descargas industriales/domésticas en la calidad del agua, y la predicción de la calidad del agua en diferentes escenarios. De acuerdo con los autores, el modelo funcionó bien para predecir los diferentes escenarios.

Este modelo también fue corrido en el río Cuenca (Ecuador) para desarrollar un modelo completo de calidad de agua usando bioindicadores y orientar la gestión del recurso. Se modelaron OD, DBO₅, coliformes fecales y caudal. Los resultados de los procesos de calibración y verificación del modelo Qual2Kw mostraron que reproduce con buena precisión las tendencias de máximos y mínimos para coliformes fecales en las estaciones de monitoreo de dicho río (Holguín *et al.*, 2013).

De esta manera se demuestra que el modelo Qual2Kw se puede aplicar razonablemente en pequeñas cuencas para evaluar los efectos de diferentes modificadores en un ambiente acuático. Este modelo matemático requiere parámetros de entrada simples y es un buen marco para simular la calidad del agua cuando los datos de vigilancia son escasos o cuando la evaluación no requiere gran precisión. El modelo también es flexible, ya que puede ser utilizado sin conocer todos los parámetros implicados (asume valores por defecto); sin embargo, la calidad de los resultados de los modelos está muy influenciada por la calidad de los datos de entrada (Oliveira *et al.*, 2012).

e. Modelo SLIM-EC

El modelo SLIM-EC asume también decaimiento de primer orden (Outtara *et al.*, 2012). No considera la acción de la luz porque está pensado para aguas de quebradas en condición de alta turbiedad (De Brawere *et al.*, 2011):

$$K_{ECF(T)} = K_{ECF\ 20^{\circ}\text{C}} \times \frac{e^{\left(\frac{-(T-25)^2}{400}\right)}}{e^{\left(\frac{-25}{400}\right)}} \quad (7)$$

donde K_{ECF} es la tasa de decaimiento para *E. coli* libre y T es la temperatura ($^{\circ}\text{C}$).

Muchos modelos describen las dinámicas de FIB (Fecal Indicator Bacteria: bacteria indicadora fecal) en sistemas acuáticos y solo consideran el comportamiento de bacteria fecal (Pandey *et al.*, 2014; De Brauwere *et al.*, 2014). En este modelo se tuvieron en cuenta ECF (*E. coli* libre), ECA (*E. coli* en los SS de la columna de agua) y ECS (*E. coli* depositada en los sedimentos). Los tres estados son afectados por tres tasas de mortalidad diferentes, ECA puede sedimentarse y ECS puede resuspenderse (Ouattara *et al.*, 2012).

El modelo SLIM es una versión de segunda generación del modelo Louvain-la-Neuve-hielo-océano. Este modelo se centra en los procesos físicos en el medio ambiente acuático, y lo hace mediante la resolución de ecuaciones utilizando el método de elementos finitos en mallas no estructuradas. Este modelo se combina con trazadores para simular las concentraciones de *E. coli*, dando como resultado el SLIM-EC, que es único para modelación de esta bacteria.

En la parte ribereña el modelo es 1D (sección transversal), y el resto del río se modela con 2D de acuerdo a la profundidad promedio. Las bacterias se modelan como un solo reactivo trazador bajo los fenómenos de advección, difusión y reacción (De Brawere *et al.*, 2011).

La primera vez que se aplicó el modelo se hizo con el fin de tener una idea de los diferentes factores observados en el río Scheldt (Francia), centrando la atención en la comprensión de las concentraciones a largo plazo (De Brawere *et al.*, 2011). Posteriormente se desarrollaron dos modelos que hacen parte del proyecto macro de modelar los patógenos en el mar: uno fue desarrollado para el mar (SENEQUE-EC) y el otro fue desarrollado para un río grande que entra al mar. En un río de orden 7 el modelo fue el SLIM-EC₂, en la cuenca del río Scheldt (Ouattara *et al.*, 2012).

Este modelo innovó en cuanto a los efectos a largo plazo de *E. coli*, de lo cual no había precedente y es interesante para estudios a largo plazo de evaluación de riesgos. Es capaz de reproducir las concentraciones medias medidas y el rango de concentración. La parte más pobre del modelo desarrollado es que la dinámica de *E. coli* se modela como independiente de la materia orgánica suspendida y se sabe que las bacterias se adhieren a esta materia. Tampoco tiene en cuenta fuentes difusas y no es capaz de simular con precisión la disminución de concentración de *E. coli* debido a la falla en la dinámica para sedimentos relacionados con ella (De Brawere *et al.*, 2011).

f. Modelo SWAT

El SWAT es un modelo que permite predecir el impacto del manejo del suelo en la generación de sedimentos y la regulación del agua en cuencas hidrográficas. Fue desarrollado por Jeff Arnold para el Departamento de Agricultura de los Estados Unidos, es de distribución gratuita y la versión más reciente es el SWAT 2012, que se puede aplicar a cuencas y ríos, especialmente con actividad agrícola y pecuaria.

El SWAT permite calcular la calidad del agua por efecto de la utilización de herbicidas y fertilizantes en las prácticas agronómicas de los cultivos. Asume cuatro tasas de decaimiento bacteriano: en el suelo adjunta al sedimento, $K_{sed} = 0.1$; en la solución del suelo, $K_{sol} = 0.1$; en el estiércol, $K_{man} = 0.2$; y en el agua, $K_{wat} = 0.4$. El modelo asume decaimiento de primer orden (Jamieson *et al.*, 2004):

$$C_t = C_0 * e^{-kt\theta(T-20)} \quad (8)$$

donde C_t es la concentración en el tiempo t , C_0 es la concentración inicial, k es la tasa de decaimiento (d^{-1}) y T es el factor de ajuste de la temperatura (Jamieson *et al.*, 2004; Parajuli *et al.*, 2009; Coffey *et al.*, 2010a).

Para el transporte de bacterias, SWAT utiliza la ecuación universal de pérdida de suelo, y para el proceso de transporte en el agua simula el movimiento de contaminantes a través de redes de canales y aproximaciones al volumen real (Jamieson *et al.*, 2004). Su base conceptual opera dividiendo el curso de agua en subcuencas. Cada subcuenca es conectada a través de un canal y es dividida en unidades de respuesta hidrológica (HRU: Hydrologic Response Units), para las que simula hidrología, crecimiento vegetal y prácticas de manejo.

El SWAT se basa en los siguientes supuestos: hay distribución uniforme de las fuentes no puntuales y las fuentes agrícolas; todos los animales salen en primavera y se guardan en invierno; las operaciones agrícolas están definidas en fechas preestablecidas que no cambian en el modelo; la muerte de los quistes en el estiércol no se considera; todo se almacena en el lodo líquido y el estiércol; no se tiene en cuenta la filtración; no hay crecimiento de patógenos; la vida silvestre no se considera en los cálculos; y las plantas de tratamiento están funcionando eficientemente (Coffey *et al.*, 2010b). El modelo considera el transporte y destino de microorganismos en función de la concentración de bacterias (Parajuli *et al.*, 2009).

SWAT modela flujo, sedimentos y nutrientes en la cuenca, y las áreas de investigación incluyen evaluación hidrológica, decaimiento y transporte de contaminantes, impacto del cambio climático, sensibilidad, calibración y análisis de incertidumbre (Zhang *et al.*, 2011; Niazi *et al.*, 2015). Los datos de entrada son: clima, topografía, suelo, vegetación, usos del suelo, procesos físicos del movimiento del agua, movimiento de sedimentos, crecimiento de plantas y ciclo de nutrientes (Kaini *et al.*, 2012).

El modelo también interactúa con el *software* ArcGIS, que ayuda a adaptar los procesos a la modelación hidrológica y a automatizar los datos de entrada, comunicación y edición con los SIG y el modelo hidrológico. Esta aplicación, conocida como ArcSWAT, permite un fácil preprocesamiento de datos de entrada distribuidos espacialmente. ArcSWAT provee representación gráfica y creación de mapas digitales que incluyen topografía, suelos, uso del suelo, información meteorológica y censo agrícola (Coffey *et al.*, 2010a).

Respecto a los patógenos se incluye un submodelo microbiano desarrollado por Sadegi y Arnolf, que simula la supervivencia de organismos entéricos persistentes (protozoarios y EC O157:H7) y no persistentes. El modelo permite especificar las tasas de inactivación y recrecimiento para cada población, y también permite la opción de diferentes tasas para las bacterias solubles y las adheridas a partículas de suelo (Jamieson *et al.*, 2004; Coffey *et al.*, 2010a).

Un caso de aplicación tuvo como objetivo aplicar SWAT para modelar el transporte de patógenos y simular las prácticas de gestión que afectan la calidad de agua y las cargas de patógenos en las captaciones del río Fergus (Irlanda), y se concluyó que puede ser aplicado a cualquier río y usado para cuantificar el impacto de las prácticas de manejo del suelo sobre la calidad de agua a lo largo de un período continuo, ya que las concentraciones de *E. coli* muestran resultados aceptables entre los datos observados y los predichos. Los resultados sugieren que aunque existe capacidad para simular el transporte de patógenos en zonas de captación, la capacidad de precisión para tener en cuenta todos los factores que pueden contribuir a la degradación del agua es incierta (Coffey *et al.*, 2010a).

Adicionalmente, en la quebrada Cove (Pensilvania) se desarrolló un modelo parcial de transporte de bacterias asociado al sedimento en quebradas, que evaluó la significancia de la posible cama de *E. coli* en la liberación y deposición mediante simulaciones microbianas con SWAT, teniendo como resultado que las principales fuentes de bacteria en SWAT son el pastoreo y el estiércol. Los resultados muestran

también que las bacterias pueden dividirse entre solución follaje y suelo, donde la bacteria puede crecer o morir dependiendo de la temperatura, y que uno de los próximos desarrollos de este modelo debe ser los aportes de la vida silvestre al lecho de sedimentos en las quebradas (Kim *et al.*, 2010).

Una de las principales limitaciones se refleja en la partición de microorganismos entre fracción absorbida y no absorbida. Sin embargo, se requieren más estudios sobre las características de absorción de los microorganismos en suelos y sedimentos heterogéneos y aún no se ha clarificado si la adsorción es o no un proceso reversible (Jamieson *et al.*, 2004).

Debido a que los resultados del modelo se basan en concentraciones, cuando el caudal baja aumentan las predicciones de presencia, y cuando el caudal sube, bajan. Se requiere que el modelo se base por tanto en caudal y no en concentraciones (Coffey *et al.*, 2010b).

Se revelan áreas en donde se requiere más investigación, sobre todo la evaluación de la concentración inicial de *E. coli* en los residuos humano/animales. El modelo desarrollado es capaz de ser una herramienta para proteger a las fuentes de agua y a la salud humana de los agentes patógenos transmitidos por el agua (Coffey *et al.*, 2010a).

g. Modelo WAM

El modelo hidrológico WAM (Water Assessment Model) usa ecuaciones en serie para simular el transporte de *E. coli* de celda a celda. El curso del agua es dividido en subcursos. Se basa en procesos dinámicos y en la formulación del balance de masas en donde se conserva la masa de *E. coli*. Se asume que esta bacteria entra de manera directa al agua. El modelo es espacialmente distribuido y las simulaciones son conducidas célula por célula (Collins *et al.*, 2004).

En cuanto a la simulación del decaimiento bacteriano, se hace en función de la temperatura y la radiación solar (Collins *et al.*, 2004):

$$W_d = \left(\frac{R}{k_R} + \frac{T}{k_T} \right) W \quad (9)$$

donde R es la radiación principal (MJ/m²d), T es la temperatura (°C), k_R es el coeficiente de radiación y k_T es el coeficiente de temperatura.

El modelo WAM fue aplicado en la cuenca Mangaotama en North Island (Nueva Zelanda) con el fin de predecir las concentraciones de bacterias indicadoras fecales,

en especial *E. coli* en las corrientes, y evaluar los efectos del uso del suelo sobre la contaminación, encontrándose que las zonas que producen grandes cantidades de *E. coli* son las regiones montañosas con pastoreo de ganado, con una incertidumbre considerable con respecto a la comprensión de la relación entre fuentes puntuales y no puntuales (Collins *et al.*, 2004).

h. Modelos econométricos de decaimiento

Algunos estudios se han aproximado estadísticamente al problema de la definición de la variación de los patógenos utilizando modelos econométricos con variables de diverso origen para determinar qué tan significantes son en la ocurrencia de los patógenos en ambientes fluviales. Por ejemplo, Rao *et al.* (2015) analizaron la presencia de *E. coli* en tres corrientes de Ecuador utilizando un modelo econométrico de la forma:

$$\begin{aligned} (\text{Log}_{10} E. coli)_{ij} &= \beta_0 + \beta_1 Dcosta_{1ij} + \\ &+ e_{ij} \\ &\beta_2 Turbidez_{2ij} + \beta_3 (DO_2)_{3ij} + \beta_4 Velocidad_{4ij} \end{aligned}$$

para incluir en una misma relación variables como distancia a la línea de costa, turbidez, y velocidad de la corriente en distintos puntos geográficamente referenciados (ij). Aunque estos modelos de correlación pueden ser útiles para identificar relaciones de aspectos que normalmente no se consideran en ecuaciones físicamente basadas, no pueden utilizarse por fuera del contexto de la investigación en la que se usan.

i. Modelo de decaimiento bifásico

Basados en resultados de laboratorio, los modelos existentes asumen que las bacterias mueren típicamente en primer orden y exponencialmente (Robles *et al.*, 2012), pero un estudio reciente sugiere que las bacterias pueden mutar relativamente rápido a una cepa adaptada al medio ambiente de agua superficial y así esta descomposición se manifiesta de manera bifásica: primero más rápido y luego más lento (Bucci *et al.*, 2012).

Para este modelo, al igual que para el modelo WAM mencionado anteriormente, la inactivación en aguas naturales estaría dada por (Bucci *et al.*, 2012):

$$\mu = \frac{T}{aT} + \frac{I}{aI} \quad (10)$$

donde T es la temperatura inicial, I es la radiación solar diaria, y aI y aT son parámetros empíricos (Pachepsky *et al.*, 2006).

Y el número de bacterias indicadoras N (Pachepsky *et al.*, 2006):

$$N = \begin{cases} N_0 \exp(-\mu_1 t), & t < t_1 \\ N_0 \exp(-\mu_1 t_1) \exp(-\mu_2 (t - t_1)), & t > t_1 \end{cases} \quad (11)$$

donde μ es tasa de decaimiento y θ es el factor de corrección de la temperatura. Adicionalmente, asumen un modelo de decaimiento en dos estados, donde N es el número de bacterias indicadoras, N_0 es el número original de bacterias, μ_1 es la constante de decaimiento en el primer estadio, μ_2 es la constante de decaimiento en el segundo estadio y t_1 es el tiempo de la inactivación del primer estadio.

Bucci *et al.* (2012) hicieron un estudio en el río Charles (Boston) con el fin de simular el crecimiento de bacterias en condiciones ambientales normales, y demostraron que la tasa de decaimiento no es de primer orden sino que obedece a dos tiempos ya que algunas cepas se adaptan a las condiciones ambientales, lo que les permite resistir y morir más lentamente. Esto explicaría que la fase estacionaria, dentro de las fases de crecimiento bacteriano, no es realmente estacionaria; por el contrario, es dinámica ya que surge el mecanismo de ventaja de crecimiento en fase estacionaria (GASP, por sus siglas en inglés: Growth Advantage in Stationary Phase), también llamada mutación de bacterias en fase estacionaria.

5. Comentarios finales

La modelación de calidad de agua se traduce en oportunidades para mejorar la calidad de vida, prevenir enfermedades y generar desarrollo en comunidades afectadas por la alteración de los recursos hídricos, siendo estas mismas comunidades en muchas ocasiones las responsables de su deterioro. Por lo anterior se puede concluir que los patógenos representan un aspecto importante de salud pública como causantes de enfermedades. Estos microorganismos se encuentran distribuidos en el ambiente en cantidades y ubicaciones que no se conocen completamente y, aunque el conocimiento sobre su comportamiento en el agua ha evolucionado, Jamieson *et al.* (2004) dicen que el desarrollo de modelos de calidad de agua con respecto a contaminación microbiana no ha llegado a responder todas las preguntas, sobre todo las relacionadas con su comportamiento y sobre la asociación sedimento/microorganismo.

Elshorbagy *et al.* (2006b) y Bucci *et al.* (2012) mencionan que hay campos en donde se requiere mayor investigación y se hace importante actualizar los modelos a medida que avanzan el conocimiento y las maneras de percibir la realidad. Existe también una fuerte necesidad de explorar herramientas de simulación que puedan representar sistemas complejos de manera realista y que permitan a los administradores y operadores de los recursos hídricos participar en el desarrollo del modelo.

Los sistemas de información geográfica (SIG) son herramientas prometedoras que se espera den la pauta para modelar la calidad de agua ya que permiten caracterizar patrones temporales y espaciales de la disposición de residuos a un cuerpo receptor. Sin embargo, estas herramientas no son suficientes ya que lo esencial para un modelador es que pueda leer los “espacios en blanco” (lo que no está especificado) y que no se encuentra en las ecuaciones. También se hace importante que el modelador use la herramienta computacional para mejorar su intuición y simulación mental, y que comprenda las reacciones dentro del sistema y los conceptos fundamentales básicos (Sterman, 2002; Jamieson *et al.*, 2004; Tsakiris *et al.*, 2012).

Sumado a los retos tecnológicos e informáticos en torno a la modelación, se encuentra el desafío de involucrar el concepto de modelación integrada del agua, en el que no solo se evalúa el agua desde los puntos de vista físicoquímico y microbiológico, sino también el ecológico, donde se incluyan factores de uso del suelo y topografía e hidrología de toda una cuenca (Coffey *et al.*, 2010a; Holguín *et al.*, 2013).

Como resultado de lo anterior, se propone la modelación en quebradas como una perspectiva de gestión en cuenca. Se ha demostrado que no es suficiente modelar el tramo de un río o quebrada y que el proceso de planificación del territorio (teniendo en cuenta la cuenca como unidad funcional) estaría enmarcado idóneamente dentro de la gestión integrada del recurso hídrico y la toma de decisiones (Jamieson *et al.*, 2004; Elshorbagy *et al.*, 2006b).

Otro aspecto a tener en cuenta es que, para fuentes distribuidas y puntuales de contaminación, se han estudiado principalmente los organismos indicadores fecales y se han entendido pobremente otros patógenos de interés, como los virus entéricos y los protozoarios. Este campo de la investigación es hoy un campo del conocimiento que requiere ser explorado, incluyendo mayor detalle sobre el comportamiento de bacterias, virus, protozoarios y patógenos helmintos.

En relación con el conocimiento de las variedades de patógenos y su asociación con enfermedades, la modelación es una herramienta para predecir cómo irán transcurriendo en la corriente, para lo cual se requiere no solo modelar la calidad de agua en términos de contaminación sino en términos de su gestión, ya que la clave está en las fuentes de contaminación y en prevenir que los patógenos lleguen al agua y entren en contacto con el hombre, por lo que se hace necesario implementar medidas como la protección de las rondas hídras a través de cordones de vegetación riparia o de galería.

Como lo demuestran Maillard et al. (2008), algunos inhibidores o controles de la contaminación por patógenos en el agua son los bosques de ribera y la sabana, que ayudan a mejorar la capacidad de autodepuración y de asimilación de un cuerpo receptor. O como lo describen Collins et al. (2004), las franjas de protección ribereña pueden mejorar la calidad del agua por el efecto de captura y eliminación de las bacterias, tanto de la defecación del ganado como de su depósito en los arroyos. Se requiere por tanto gestión desde la fuente. El reto, por supuesto, está principalmente en prevenir que los patógenos lleguen al agua, y no solo en saber cómo, cuándo y dónde llegan a ella.

6. Agradecimientos

Los autores agradecen a la Especialización en Manejo y Gestión del Agua de la Universidad de Antioquia, en el marco de la cual se desarrolló el presente artículo.

7. Referencias bibliográficas

- Astel, A., Tsakovski, S., Simeonov, V., Reisenhofer, E., Piselli, S. y Barbieri, P. (2008). Multivariate classification and modeling in surface water pollution estimation. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 390(5), 1283-1292.
- Bai, Sen y Lung, W-S. (2005). Modeling sediment impact on the transport of fecal bacteria. *Water Research*, 139(20), 5232-5240.
- Bobba, G., Singh, V. y Bengtsson, L. (2000). Application of environmental models to different hydrological systems. *Ecological Modelling*, 125(1), 15-49.
- Bucci, V., Hoover, S. y Hellweger, F. (2012). Modeling adaptive mutation of enteric bacteria in surface water using agent-based methods. *Water, Air & Soil Pollution*, 223(5), 2035-2049.
- Buytaert, W., Céleri, R., De Bièvre, B., Cisneros, F., Wyseure, G., Deckers, J. y Hofstede, R. (2006). Human impact on the hydrology of the Andean páramos. *Earth Science Reviews*, 79(1-2), 53-72.
- Camacho, L. y Cantor, M. (2006). Calibración y análisis de la capacidad predictiva de modelos de transporte de solutos en un río de montaña colombiano. *Avances en Recursos Hídricos*, 14, 39-52.
- Cárdenas, G., López, M. y Maffla, F. (2009). La planificación del río Pasto a partir de una modelación hidrodinámica. *Revista Unimar*, 52, 58-76.
- Cea, L., Bermúdez, M. y Puertas, J. (2011). Uncertainty and sensitivity analysis of a depth-averaged water quality model for evaluation of *E. coli* concentration in shallow estuaries. *Environmental Modelling and Software*, 26(12), 1526-1539.
- Chan, S. N., Thoe, W. y Lee, J. H. W. (2013). Real-time forecasting of Hong Kong beach water quality by 3D deterministic model. *Water Research*, 47(4), 1631-1647.
- Chapra, S. (2003). Engineering water quality models and TMDLs. *Journal of Water Resources, Planning and Management*, 129(4), 247-256.
- Chapra, S. (1997). *Surface water quality modeling*. Editorial McGraw-Hill.
- Chowdhury, S. (2012). Heterotrophic bacteria in drinking water distribution system: a review. *Environmental Monitoring Assessment*, 184(10), 6087-6137.
- Coffey, R., Cummins, E., O'Flaherty, V. y Cormican, M. (2010). Analysis of the soil and water assessment tool (SWAT) to model *Cryptosporidium* in surface water sources. *Biosystems Engineering*, 106(3), 303-314.
- Coffey, R., Cummins, E., Bhreathnach, N., O'Flaherty, V. y Cormican, N. (2010). Development of a pathogen transport model for Irish catchments using SWAT. *Agricultural Water Management*, 97(1), 101-111.
- Collins, R. y Rutherford, K. (2004). Modelling bacterial water quality in streams draining pastoral land. *Water Research*, 38(3), 700-712.
- Daly, E., Kolotelo, P., Schang, C., Osborne, C. A., Coleman, R., Deletic, A. y McCarthy, D. T. (2013). *E. coli* concentrations and loads in an urbanised catchment: the Yarra river, Australia. *Journal of Hydrology*, 497, 51-61.
- De Brauwere, A., Ouattara, N. K. y Servais, P. (2014). Modeling fecal indicator bacteria concentrations in natural surface waters: a review. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 44(21), 2380-2453.
- De Brauwere, A., De Byre, B., Servais, P., Passerat, J. & Deleersnijder, E. (2011). Modelling *E. coli* concentrations in the tidal Scheldt river and estuary. *Water Research*, 45(9), 2724-2738.
- Elshorbagy, A. y Ormsbee, L. (2006). Object-oriented modeling approach to surface water quality management. *Environmental Modelling &*

- Software*, 21(5), 689-698.
20. Elshorbagy, A., Ramesh, S. V. y Ormsbee, L. (2006). Assessment of pathogen pollution in watersheds using object-oriented modelling and probabilistic analysis. *Journal of Hydroinformatics*, 7, 51-63.
 21. Fan, C., Ko, C-H. y Wang, W-S. (2009). An innovative modeling approach using Qual2K and HEC-RAS integration to assess the impact of tidal effect on river quality simulation. *Journal of Environmental Management*, 90(5), 1824-1832.
 22. Fong, T. T. y Lipp, E. (2005). Enteric viruses of humans and animals in aquatic environments: health risks, detection, and potential water quality assessment tools. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 69(2), 357-371.
 23. Ghimire, B. y Deng, Z. (2013). Hydrograph-based approach to modeling bacterial fate and transport in rivers. *Water Research*, 47(3), 1329-1343.
 24. Giraldo, L. (2002). La influencia de los bosques sobre el clima y los componentes del ciclo hidrológico. Memorias Hidrología Forestal. Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, 5-44.
 25. Hellweger, F. y Masopust, P. (2008). Investigating the fate and transport of *E. coli* in the Charles river, Boston, using high-resolution observation and modeling. *Journal of the American Water Resources Association*, 44(2), 509-522.
 26. Holguín, J. y Camacho, A. (2003). Determinación de la tasa de reaeración en un río de montaña colombiano mediante el uso de trazadores. Seminario Internacional La Hidroinformática en la Gestión Integrada de los Recursos Hídricos, 83-90.
 27. Holguín, J., Boets, P., Alvarado, A., Cisneros, F., Carrasco, M., Wyseure, G., Nopens, I. y Goethlands, P. (2013). Integrating hydraulic, physicochemical and ecological models to assess the effectiveness of water quality management strategies for the river Cuenca in Ecuador. *Ecological Modelling*, 254, 1-14.
 28. Jamieson, R., Gordon, R., Joy, D. y Lee, H. (2004). Assessing microbial pollution of rural surface waters: a review of current watershed scale modeling approaches. *Agricultural Water Management*, 70, 1-17.
 29. Jamieson, R., Joy, D., Lee, H., Kostaschuk, R. y Gordon, R. (2005). Transport and deposition of sediment-associated *E. coli* in natural streams. *Water Research*, 39(12), 2665-2675.
 30. Jimmy, D., Sundufu, A., Malanoski, A., Jacobsen, K., Ansumana, R., Leski, T., Bangura, U., Bockarie, A., Tejan, E., Lin, B. y Strenger, D. (2013). Water quality associated public health risk in Bo, Sierra Leone. *Environmental Monitoring Assessment*, 185(1), 241-151.
 31. Kaini, P., Artita, K. y Nicklow, J. (2012). Optimizing structural best management practices using SWAT and genetic algorithm to improve water quality goals. *Water Resources Management*, 26(7), 1827-1845.
 32. Kang, J-H., Lee, S., Cho, K., Ki, S., Cha, S. y Kim, J. (2010). Linking land-use type and stream water quality using spatial data of fecal indicator bacteria and heavy metals in the Yeongsan river basin. *Water Research*, 44(14), 4243-4157.
 33. Kim, G., Choi, E. y Lee, D. (2005). Diffuse and point pollution impacts on the pathogen indicator organism level in the Geum river, Korea. *Science of the Total Environment*, 350(1-3), 94-105.
 34. Kim, J-W., Pachepsky, Y., Shelton, D. y Coppock, C. (2010). Effect of streambed bacteria release on *E. coli* concentrations: monitoring and modeling with the modified SWAT. *Ecological Modelling*, 221(12), 1592-1604.
 35. Maillard, P. y Pinheiro, N. (2008). A spatial-statistical approach for modeling the effect of non-point source pollution on different water quality parameters in the Velhas river watershed-Brazil. *Journal of Environmental Management*, 86(1), 158-170.
 36. Miserendino, M., Casaux, R., Archangelsky, M., Di Prinzio, C., Brand, C. y Kutschker, A. (2011). Assessing land-use effects on water quality, in-stream habitat, riparian ecosystems and biodiversity in Patagonian northwest streams. *Science of the Total Environment*, 409(3), 612-624.
 37. Molina, A., Govers, G., Vanacker, V., Poesen, J., Zellmaekers, E. y Cisneros, F. (2007). Runoff generation in a degraded Andean ecosystem: interaction of vegetation cover and land use. *Catena*, 71, 357-370.
 38. Moreno, A. y Renner, I. (2007). Gestión integral de cuencas: la experiencia del proyecto regional Cuencas Andinas.
 39. Nasir, M., Zali, M., Juahir, H., Hussain, H., Zain, S. y Ramli, N. (2012). Application of receptor models on water quality data in source apportionment in Kuantan river Basin. *Iranian Journal of Environmental Health Science & Engineering*, 9, 1-12.
 40. Niazi, M., Obropta, C. y Miskewitz, R. (2015). Pathogen transport and fate modeling in the upper Salem river watershed using SWAT model. *Journal of Environmental Management*, 151, 167-177.
 41. Oliveira, B., Bola, J., Quinteiro, P., Nadais, H. y Arroja, L. (2012). Application of Qual2Kw model as a tool for water quality management: Cértima river as a case study. *Environmental Monitoring Assessment*, 184(10), 6197-6210.
 42. Oliver, D., Page, T., Zhang, T., Heathwaite, A., Beven, K., Carter, H., McShane, G., Keenan, P. y Haygarth, P. (2012). Determining *E. coli* burden on pasture in a headwater catchment: combined field and modelling approach. *Environmental International*, 43, 6-12.
 43. Outtara, N., De Brauwere, A., Billen, G. y Servais,

- P. (2012). Modelling faecal contamination in the Scheldt Scheldt land-sea continuum. Part I. The Scheldt drainage network. *Journal of Maryne Systems*, 1-12.
44. Pachepsky, Y., Sadeghi, A., Bradford, S., Shelton, D., Guber, A. y Dao, T. (2006). Transport and fate of manure-borne pathogens: modeling perspective. *Agricultural Water Mangement*, 86(1-2), 81-92.
 45. Pandey, P. K., Kass, P. H., Soupir, M. L., Biswas, S. y Singh, V. P. (2014). Contamination of water resources by pathogenic bacteria. *AMB Express*, 4(1), 51.
 46. Parajuli, P., Mankin, K. y Barnes, P. (2009). Source specific faecal bacteria modeling using soil and water assessment tool model. *Bioresources Technology*, 100(2), 953-963.
 47. Pelletier, G., Chapra, S. y Tao, H. (2006). Qual2Kw: a framework for modeling water quality in streams and rivers using a genetic algorithm for calibration. *Environmental Modelling & Software*, 21, 419-425.
 48. Rao, G., Eisenberg, J. N., Kleinbaum, D. G., Cevallos, W., Trueba, G. y Levy, K. (2015). Spatial variability of *Escherichia coli* in rivers of northern coastal Ecuador. *Water* 7(2), 818-832.
 49. Robles, A., Mayer, A., Auer, M. y Vivoni, R. (2012). Modeling riverine pathogen fate and transport in Mexican rural communities and associated public health implicaciones. *Journal of Environmental Management*, 113(30), 61-70.
 50. Rodríguez, J., Ospina, R. & Gutiérrez, J. (2008). Inputs and transport of organic matter in a tropical mountain stream. *Caldasia*, 30(2), 421-440.
 51. Santos, S., Vilar, V., Alves, P., Boaventura, R. y Botelho, C. (2012). Water quality in Minho/Miño river (Portugal/Spain). *Environmental Monitoring Assessment*, 185(4), 3269-3281.
 52. Servais, P., García, T., George, I. y Billen, G. (2007). Fecal bacteria in the rivers of the Seine drainage network (France): sources, fate and modeling. *Science of the Total Environment*, 375(1-3), 152-167.
 53. Sterman, J. (2002). All models are wrong: reflections on becoming a systems scientist. *Systems Dynamics Review*, 18(4), 501-531.
 54. Thomann, J. A. y Mueller, R. V. (1987). *Principles of surface water quality modeling and control*. Editorial Harper Collins.
 55. Torres, J., Camacho, L. y Rodríguez, E. (2008). Marco de modelación de organismos patógenos en ríos de montaña. XVIII Seminario Nacional de Hidráulica e Hidrología, 1-10.
 56. Tsakiris, G. y Alexakis, D. (2012). Water quality models: an overview. *European Water*, 37, 33-46.
 57. Vermeulen, L. y Hofstra, N. (2013). Influence of climate variables on the concentration of *E. coli* in the Rhine, Meuse, and Drentse Aa during 1985-2010. *Regional Environmental Change*, 1-13.
 58. Vieira, J., Fonseca, A., Vilar, V. y Botelho, C. (2013). Water quality modelling of Lis river, Portugal. *Environmental Science and Pollution Research International*, 20(1), 508-524.
 59. Vivilori, D., Weingartner, R. y Messerli, B. (2003). Assessing the hydrological significance of the world's mountains. *Mountain Research and Development*, 23(1), 32-40.
 60. Wang, Q., Li, S., Jia, P., Qi, C. y Ding, F. (2013). A review of surface water quality models. *The Scientific World Journal*, 2013, 1-7.
 61. Wilcox, B. y Gubler, D. (2005). Disease ecology and the global emergence of zoonotic pathogens. *Environmental Health and Preventive Medicine*, 10(5), 263-272.
 62. Wilkes, G., Edge, T., Gannon, V., Jokinen, Ca., Lyautey, E., Medeiros, D., Neumann, N., Ruecker, N., Topp, E. y Lapen, D. (2009). Seasonal relationships among indicator bacteria, pathogenic bacteria, *Cryptosporidium oocysts*, *Giardia cysts*, and hydrological indices for surface waters within an agricultural landscape. *Water Research*, 43(8), 2209-2223.
 63. Wu, J., Rees, P., Storrer, S., Alderisio, K. y Dorner, S. (2009). Fate and transport modeling of potential pathogens: the contribution from sediments. *Journal of the American Water Resources Association*, 45(1), 35-44.
 64. Yakirevich, A., Pachepsky, Y., Guber, A., Gish, T., Shelton, D. y Cho, K. (2013). Modeling transport of *E. coli* in a creek during and after artificial high-flow events: Three-year study and analysis". *Water Research*, 47(8), 2676-2688.
 65. Zhang, Y., Xia, J., Chen, J. y Zhang, M. (2011). "Water quantity and quality optimization modeling of dams operation based on SWAT in Wenyu river Catchment, China". *Environmental Monitoring Assessment*, 173(1-4), 409-430.
 66. Zhu, Z., Broesma, 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 & Soil Pollution*, 215(1-4), 155-176.
 67. Ziemińska-Stolarska, A. y Skrzypski, J. (2012). Review of mathematical models of water quality. *Ecological Chemistry and Engineering* 19(2), 197-211.