



UNIVERSIDAD  
DE PIURA

REPOSITORIO INSTITUCIONAL  
PIRHUA

# MODELAMIENTO Y CONTROL DE PROCESO DE DIGESTIÓN ANAEROBIA PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOGÁS A PARTIR DE RESIDUOS ORGÁNICOS Y/O AGUAS RESIDUALES

Lenin Núñez-Pintado

Piura, abril de 2017

FACULTAD DE INGENIERÍA

Máster en Ingeniería Mecánico-Eléctrica con Mención en Automática y  
Optimización

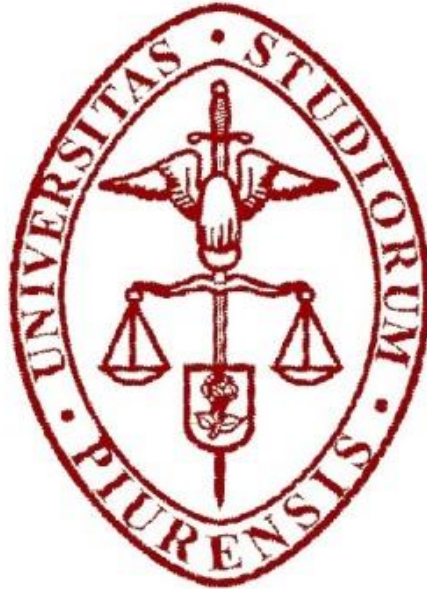
Núñez, L. (2017). *Modelamiento y control de proceso de digestión anaerobia para la producción de biogás a partir de residuos orgánicos y/o aguas residuales* (Tesis de Máster en Ingeniería Mecánico-Eléctrica con Mención en Automática y Optimización). Universidad de Piura. Facultad de Ingeniería. Piura, Perú.



Esta obra está bajo una [licencia](#)  
[Creative Commons Atribución-](#)  
[NoComercial-SinDerivadas 2.5 Perú](#)

[Repositorio institucional PIRHUA – Universidad de Piura](#)

UNIVERSIDAD DE PIURA  
FACULTAD DE INGENIERÍA



MODELAMIENTO Y CONTROL DE PROCESO DE DIGESTIÓN ANAEROBIA  
PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOGÁS A PARTIR DE RESIDUOS ORGÁNICOS  
Y/O AGUAS RESIDUALES

Tesis para optar el Grado de  
Magister en Ingeniería Mecánico-Eléctrica con mención en Automática y Optimización

LENIN FRANCHESCOLETH NÚÑEZ PINTADO

Asesor: Dr. Ing. William Ipanaqué Alama

Piura, Abril 2017

*A mis amorosos padres Fely y Leo, a mi inspiradora novia Brenda y a los niños del Perú que por diversas razones están trabajando y han dejado de ir a la escuela.*

## Prólogo

La ausencia de implementación de políticas tan básicas para una sociedad como las de gestión de residuos, es un problema que nos está pasando factura hoy en día a todos los peruanos, afectando nuestra salud, economía y obstaculizando nuestro camino para convertirnos en un país no solamente desarrollado, si no también sustentable con el medio ambiente y el bienestar en general. Esta ausencia puede deberse a razones culturales, económicas, o de falta de conocimiento. En tal sentido, para atacar una de estas razones, se presenta esta tesis como una herramienta para conocer mejor una de las tecnologías más difundidas a nivel mundial para el tratamiento de residuos orgánicos: la digestión anaerobia. En este estudio se ha desarrollado el modelamiento matemático y control de este proceso con la finalidad profundizar su estudio y optimizar su performance complementando los conceptos básicos presentados en mi tesis de pregrado.

El desarrollo de esta tesis de maestría es una realidad gracias al Programa de Becas de Maestrías en Universidades Peruanas del CONCYTEC, institución del Estado Peruano que en los últimos años ha dado un apoyo sin precedentes a la investigación, la ciencia, la tecnología y la innovación en nuestro país.

La formación en una tecnología poco estudiada en nuestro país, hubiese sido muy complicada sin la oportunidad de aprender en entornos internacionales. En este contexto se asistió al *14th Anaerobic World Congress and Courses on Anaerobic Digestion* en Chile, gracias a las facilidades brindadas por el proyecto Fyncit PIAP-3-P-1054-14 de la Universidad de Piura e Innóvate Perú, marco dentro del cual se ha desarrollado esta tesis. También es enorme el agradecimiento al Programa de Movilizaciones Nacionales e Internacionales del CONCYTEC, gracias al cual se realizó una pasantía de tres meses en el Laboratorio de Biotecnología Medioambiental del INRA en Narbonne, Francia. Se agradece infinitamente a esta institución, a su equipo humano y especialmente a Jérôme Harmand y Jean-Philippe Steyer por su formación en el modelamiento y control del proceso de digestión anaerobia. Es gratificante mencionar que como fruto de este estudio se ha elaborado el *paper* “*Adaptive Feedback Linearizing Control of the Anaerobic Digestion Process*”, aceptado en dos conferencias internacionales sobre tratamiento de aguas residuales: ICA2017 en Quebec, Canadá y FICWTM2017 en Palermo, Italia. También se ha participado como co-autor en el *paper* “*Modelación matemática de la producción de biogás a partir de cáscara de cacao en un ensayo de potencial bioquímico de metano (BMP)*” aceptado en el VIII Encuentro de la Red Biolac en Costa Rica.

Es infinito el agradecimiento al Dr. Ing. William Ipanaqué Alama por su asesoramiento y gestiones brindadas, al Laboratorio de Sistemas Automáticos de Control de la Universidad de Piura y al equipo humano que lo conforman. Es impasable también el agradecimiento a los profesores Ulf Jeppsson, Christian Rosen y Darko Vrecko de la Universidad de Lund por el acceso al *package* del modelo *Anaerobic Digestion Model N°1* (ADM1), sin el cual no hubiese sido posible el desarrollo del presente estudio.

## Resumen

Se ha desarrollado el modelamiento matemático del proceso de digestión anaerobia y se ha implementado una estrategia de control para los modelos obtenidos.

Para propósitos de simulación y representación del proceso se utilizó el ampliamente conocido modelo *Anaerobic Digestion Model N° 1* (ADM1) [1]. Fue implementado como planta virtual en el software Simulink de MatLab y validado con respecto a una implementación referente en el campo académico e industrial, desarrollada por la Universidad de Lund. A partir de la planta virtual se ha identificado y validado el modelo simple AM2HN [2], el cual es aplicable para materias primas particuladas como los residuos orgánicos agrícolas o municipales abundantes en nuestro país.

El proceso no lineal fue controlado con la estrategia *Adaptive Feedback Linearization Control* [3], la cual requiere de variables de estado no medibles en una planta real, por lo que el modelo AM2HN fue usado como observador, y a partir de la planta virtual a controlar sólo se necesitó una variable de estado: la producción de metano o la concentración de ácido grasos volátiles.

Se confirma la buena performance del control a través de un análisis de robustez introduciendo variaciones en las concentraciones de entrada e incertidumbres en los parámetros más sensibles de la planta virtual.

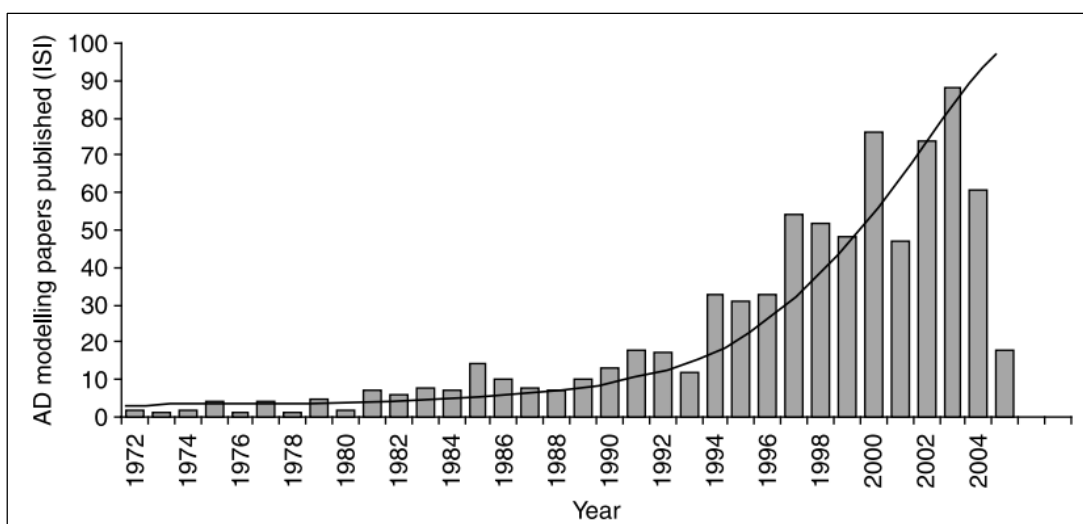
Prólogo	
Resumen	
Índice	
Introducción.....	1
Capítulo 1: Aspectos generales del proceso de digestión anaerobia: etapas y parámetros para modelamiento matemático.....	3
1.1 ¿Qué es la digestión anaerobia y por qué modelarla y controlarla? .....	3
1.2 Materia prima o sustrato .....	4
1.3 Etapas de la digestión anaerobia.....	5
1.3.1 Hidrólisis .....	6
1.3.2 Acidogénesis.....	7
1.3.3 Acetogénesis .....	10
1.3.4 Metanogénesis .....	11
1.4 Parámetros de monitoreo de proceso de digestión anaerobia.....	13
1.4.1 Parámetros de caracterización del proceso .....	13
1.4.1.1 Temperatura.....	13
1.4.1.2 Nivel de pH.....	14
1.4.1.3 Reducción de materia orgánica.....	15
1.4.1.4 Producción y calidad del biogás .....	15
1.4.1.5 Nitrógeno de amonio (NH <sub>4</sub> -N).....	16
1.4.2 Indicadores temprano de inestabilidad del proceso .....	16
1.4.2.1 Ácido grasos volátiles (volatile fatty acids - VFA) .....	17
1.4.2.2 Alcalinidad y Relación de alcalinidad (FOS/TAC).....	18
1.4.2.3 Hidrógeno .....	19
1.4.2.4 Potencial Redox (ORP) .....	21
1.4.3 Parámetros operacionales del proceso. ....	21
1.4.3.1 Agitación .....	21
1.4.3.2 Tiempo de retención hidráulica (HRT) .....	22
1.4.3.3 Tasa de carga orgánica (OLR).....	22
1.4.3.4 Tasa de dilución (D) .....	22
Capítulo 2: Modelamiento matemático del proceso de digestión anaerobia.....	25
2.1 Introducción al modelamiento de digestión anaerobia .....	25
2.2 Modelamiento general del proceso.....	27
2.2.1 Tasa total de generación (rc) .....	28
2.2.2 Tasa de crecimiento específico.....	29
2.3 Modelamiento de la digestión anaerobia .....	32
2.3.1 Modelo Anaerobic Digestion Model N° 1 (ADM1).....	32
2.3.1.1 Procesos bioquímicos .....	33
2.3.1.2 Procesos fisicoquímicos .....	40

2.3.2	Implementación del modelo ADM1 en Simulink -MatLab® .....	48
2.3.2.1	Validación dinámica de implementación en Simulink de modelo ADM1.....	51
2.3.3	Modelo AM2 para propósitos de control.....	57
2.3.3.1	Modificación de modelo AM2 para su utilización con sustratos particulados: Obtención de modelo AM2HN .....	60
2.3.3.2	Generación de data para identificación del modelo AM2HN ....	62
2.3.3.3	Identificación de modelo AM2HN a partir de modelo ADM1 ..	63
2.3.3.4	Implementación de modelo AM2HN .....	66
Capítulo 3: Diseño de controlador para proceso de digestión anaerobia .....		73
3.1	Introducción a control de digestión anaerobia.....	73
3.2	Diseño de controlador Adaptive Feedback Linearization (AFL) .....	74
3.3	Control de sustratos solubles (S1) en modelo AM2HN .....	76
3.4	Control de concentración de ácidos grasos volátiles (S2 o VFA) .....	78
3.5	Control de concentración de ácidos grasos volátiles por medición de producción de metano. ....	81
3.6	Control de producción de metano.....	83
3.7	Estrategia de control por Modelo Observador.....	86
Capítulo 4: Análisis de resultados y conclusiones.....		89
4.1	Análisis de proceso de digestión anaerobia.....	89
4.1.1	Comportamiento del proceso de digestión anaerobia.....	89
4.1.2	Modificación de modelo ADM1 para consideración de variaciones en función de la temperatura .....	94
4.2	Análisis de robustez de controlador .....	97
4.2.1	Análisis de robustez con respecto a variaciones en las concentraciones del sustrato de entrada .....	98
4.2.2	Análisis de robustez con respecto a incertidumbres en los parámetros del modelo .....	99
4.2.3	Análisis con respecto a variaciones en la concentración de entrada e incertidumbres de parámetros del proceso. ....	103
4.3	Control PID de modelo AM2HN .....	104
Conclusiones.....		107
Bibliografía.....		109



## Introducción

La creciente aplicación industrial y/o doméstica de la digestión anaerobia ha motivado también el aumento de su modelamiento matemático. Esto se ha visto reflejado en el aumento de los artículos científicos referidos a este tema, ver figura 1, los cuales tratan de explicar este complejo proceso que tiene como protagonistas a cientos de poblaciones microbiológicas.



**Figura 1. Publicaciones ISI por año respecto al modelamiento de la digestión anaerobia, Fuente: Extraído de [4].**

El modelamiento del proceso de digestión anaerobia tiene como fines: el análisis operacional, desarrollo de tecnología, y diseño de planta basado en modelos [5]. Por lo tanto, la complejidad y estructura del modelo matemático va a depender de la finalidad que se le vaya a dar.

Con el objetivo de adaptar el modelamiento matemático de la digestión anaerobia a la realidad nacional, en el capítulo dos, se ha visto adecuada la obtención de un modelo matemático que sea capaz de trabajar con sustratos particulados como residuos orgánicos municipales o residuos agrícolas. El modelo que satisface estos requisitos es el modelo de tres etapas limitantes AM2HN [2], el cual ha sido identificado mediante regresión lineal a

partir de datos obtenidos del modelo *Anaerobic Digestion Model N°1* (ADM1) [1], que ha sido utilizado como una planta virtual.

En el capítulo tres, esta planta virtual ha sido controlada utilizando el control adaptativo *Adaptive feedback Linearization* (AFL) [3], el cual impone la condición de lazo cerrado al proceso para obtener una ley de control que se adapta en función del comportamiento de sus variables. Debido a que el proceso presenta variables de estado que no son factibles o son imposibles de medir en una planta real, se utilizó para el control el modelo AM2HN como un modelo observador que proporciona valores en tiempo real al controlador, el cual por tanto sólo requiere los valores de parámetros que son factibles de medición en una planta real.

El modelo ADM1 no contempla la influencia de la temperatura en el proceso, lo cual es una desventaja, pues en la teoría y en la práctica, las tasas cinéticas de los procesos bioquímicos están directamente influenciados por la temperatura [6], [7], [8], y [9], lo cual finalmente determina la performance de todo el proceso. Además es imprescindible considerar este factor para modelar plantas que operan sometidas a las variaciones de la temperatura ambiente, como la tecnología de los biodigestores ampliamente difundida en países en vías de desarrollo como el nuestro. Es por esto que en el capítulo cuatro se introduce exitosamente una modificación al modelo ADM1 y se muestra cómo influye la temperatura en el proceso.

En el capítulo cuatro, además, se ha corroborado mediante simulaciones del modelo ADM1 los aspectos más resaltantes de la teoría de digestión anaerobia y se ha mostrado las ventajas y desventajas del uso de uno u otra variable para monitorear el proceso.

En una planta real existen variaciones imprevistas en el proceso, frente a las cuales el controlador debe seguir operando para mantener la producción de la planta. Es por ello que en el capítulo cuatro también se ha comprobado la buena performance de la estrategia de control AFL, a través de pruebas de robustez. Para esto se insertaron variaciones en las concentraciones del sustrato de entrada así como también incertidumbres en los parámetros más sensibles del proceso.

Finalmente en el capítulo cuatro se ha comparado las ventajas que tiene el controlador AFL operando en todo el rango no lineal del proceso en comparación a un clásico controlador PID.

## **Capítulo 1:**

### **Aspectos generales del proceso de digestión anaerobia: etapas y parámetros para modelamiento matemático**

#### **1.1 ¿Qué es la digestión anaerobia y por qué modelarla y controlarla?**

La digestión anaerobia es un conjunto de reacciones biológicas interconectadas, mediante el cual, materia orgánica es convertida en biogás por la acción degradativa de un consorcio de microorganismos sensibles al oxígeno [8], [10]. En este proceso más del 90% de la energía disponible por oxidación directa en la materia orgánica es transformada en metano, y los microorganismos consumen solo el 10% para su crecimiento, en comparación con el 50% que se consume en un proceso aerobio [8]. Puede tratar grandes cantidades de aguas residuales y residuos orgánicos industriales, agrícolas, municipales, etc. ver [9], [7]. El tratamiento de estos residuos reduce la brecha de acceso al agua que va creciendo cada día más a nivel mundial, reduce la contaminación ambiental y mejora la salubridad de la sociedad. El tratamiento de residuos industriales evita un pasivo ambiental para las empresas e incluso mejora la eficiencia de los procesos cuando satisface parte de su demanda energética. El biogás puede ser utilizado en sistemas combinados de producción de calor y electricidad. Está compuesto en un 55 a 70% por metano, 30-45% por dióxido de carbono, así como trazas de otros gases, en los que destaca la presencia de sulfuro de hidrógeno y vapor de agua. Mediante un tratamiento adicional del biogás se puede obtener biometano el cual puede ser inyectado en la redes de gas natural doméstico o vehicular [11].

Este conjunto de reacciones se pueden agrupar en cuatro principales etapas: hidrólisis, acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis, las cuales serán explicadas en el apartado 1.3. Cuando mayor es el número de etapas que se consideran en el modelo matemático mayor es su complejidad, pero a la vez mejora la representatividad del proceso.

Por ser un proceso complejo, el modelamiento de la digestión anaerobia mejora el entendimiento del mismo y permite formular o validar ciertas hipótesis que se tengan respecto al proceso en sí. Un modelo matemático permite predecir el comportamiento de este proceso complejo cuando es sometido a diferentes condiciones de sus variables manipulables como temperatura, concentración, composición y flujo de los sustratos de entrada, nivel de pH, oxigenación, etc. Reduciendo de esta manera los requerimientos de información experimentales, costos, riesgos y tiempo [10].

Un control adecuado de los estados del proceso nos permite incrementar la productividad del proceso, es decir aumentar la producción de biogás, sin correr ningún riesgo de inestabilidad o inhibición, para finalmente incrementar la eficiencia del proceso [9]. El control del proceso requiere de la medición de los parámetros más influyentes en el proceso, lo cual será explicado a lo largo de este capítulo.

## **1.2 Materia prima o sustrato**

Como dice [11], la materia prima es el componente más importante en el proceso de digestión anaerobia, pues es éste el que se va a degradar y convertirse finalmente en biogás. Por lo tanto la caracterización del sustrato es una de las tareas previas más importantes antes de la puesta en marcha de una planta de digestión anaerobia. En [11], se detallan los parámetros y análisis que se deben conocer para la caracterización de la materia prima.

Si se desea realizar un control basado en modelo de una planta de digestión anaerobia, o simplemente simular su funcionamiento en diferentes condiciones, entonces se debe caracterizar la materia prima para evitar disturbios en el control o predicción del proceso.

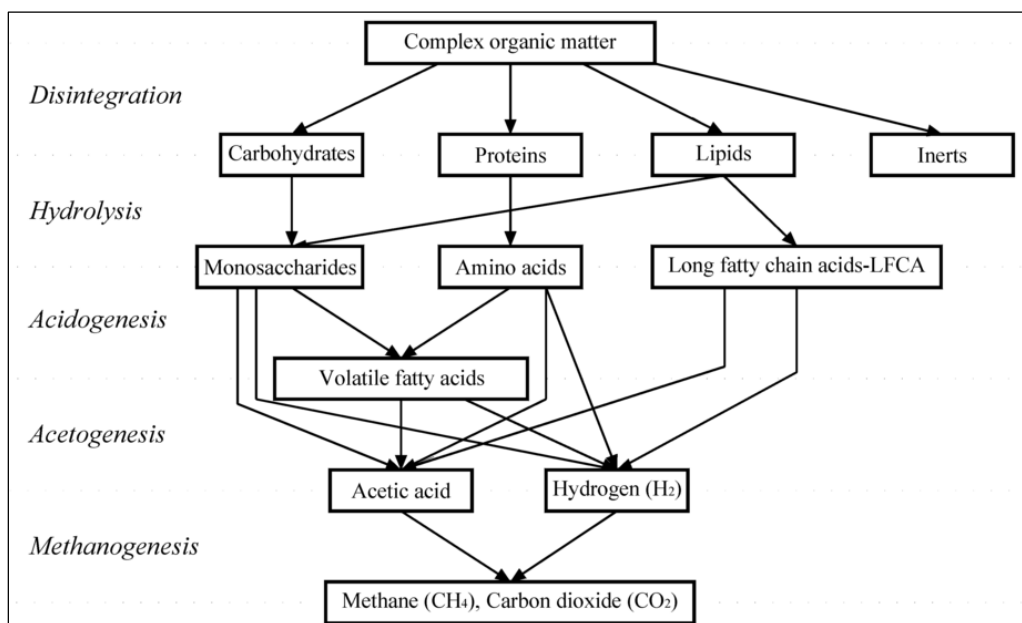
Conocer las concentraciones de materia seca orgánica o sólidos volátiles nos permite calcular la concentración de los compuestos complejos que serán convertidos en biogás a través del proceso de digestión anaerobia. También al conocer la fracción biodegradable del sustrato, a través del porcentaje de lignina (relación de Chandler) o a través de ensayos de potencial bioquímico de metano (BMP) nos va a permitir conocer el rendimiento de producción de componentes previos al metano como lípidos, proteínas y carbohidratos a partir de los compuestos complejos [12].

El conocimiento del nivel de pH, así como las concentraciones de otros componentes patógenos o inhibidores nos ayudará a decidir por la aplicación de pretratamientos a la materia prima.

El tipo de materia prima es tan influyente en el proceso de digestión anaerobia que determina cual es la etapa limitante en el proceso, lo cual influye directamente en el modelamiento del proceso. Para sustratos particulados, en el que la degradación de los componentes se desarrolla lentamente, la etapa limitante en el proceso es la hidrólisis. Mientras que para sustratos solubles la etapa limitante es la acetogénica, pues en este caso las tasas máximas de crecimiento específico de estos microorganismos son menores en comparación con las tasas de las otras etapas.

### 1.3 Etapas de la digestión anaerobia

El proceso se desarrolla básicamente en 4 etapas. Estas etapas se van desarrollando de manera paralela y secuencial a la vez [11]. Sin embargo, el modelo Anaerobic Digestion Model N° 1 (ADM1), desarrollado por las Asociación Internacional del Agua (IWA) [1], propone el flujo de la materia orgánica través de cinco etapas mostradas en la figura 2. Indica la descomposición de la materia prima, las etapas del proceso y la producción de intermedios hasta la obtención del biogás.



**Figura 2. Etapas del proceso de digestión anaerobia de acuerdo al modelo ADM1.**

**Fuente: Extraído de [1]**

Debido a que el modelo ADM1 [1] es el que mejor representa el proceso de digestión anaerobia, es el que se ha usado como referencia en este estudio para describir las cuatro etapas del proceso. La inhibición del proceso es un factor muy importante. A continuación se repasa cada una de las etapas tomando como referencia el estudio [11]. Se explica los factores de inhibición de cada etapa usando la representación matemática del modelo ADM1, más detalles se encontrarán en el capítulo 2 de este estudio así como en [1] y [13].

### 1.3.1 Hidrólisis

En esta etapa los componentes orgánicos de la materia prima, principalmente: carbohidratos, proteínas y grasas son desintegrados a componentes más simples. En unas pocas horas los carbohidratos son descompuestos a monosacáridos, y en unos cuantos días las proteínas y grasas son descompuestos en aminoácidos y ácidos grasos de cadena larga respectivamente. Esta tarea es realizada por las enzimas de los microorganismos que intervienen en la digestión anaerobia. Entre los carbohidratos, la materia prima puede contener estructuras orgánicas complejas como la celulosa o hemicelulosa, incluso lignina [11].

La hidrólisis puede llegar a ser la etapa limitante del proceso de digestión anaerobia, pues la lignocelulosa, hemicelulosa, celulosa y lignina son resistentes a la degradación anaerobia y su descomposición se produce de manera lenta e incompleta. La hidrólisis de estos compuestos puede llegar a demorar incluso semanas [11].

Es afectada por niveles de pH alejados del neutro, la alta concentración de amonio y presencia de inhibidores en los mismos subproductos de la hidrólisis. La velocidad de la hidrólisis aumenta con la temperatura. Se favorece con el aumento del área superficial de la materia prima, por lo que la tasa aumenta con los pretratamientos de reducción del tamaño de la materia prima [11].

Si se aplica pretratamientos a la materia prima, podremos aumentar la velocidad de la etapa limitante del proceso de digestión anaerobia, por tanto los tiempos de retención hidráulica del sistema implementado serán menores, entonces el volumen del reactor será menor lo cual incide directamente en los costos de inversión, operación y mantenimiento del mismo [11].

La hidrólisis de compuestos complejos, es descrita basada en reacciones de primer orden según el modelo matemático ADM1 [1]. A continuación la representación matemática.

$$\begin{aligned}\rho_{dis} &= k_{dis} \cdot X_c \\ \rho_i &= k_{hyd,i} \cdot X_i\end{aligned}$$

Donde:

$\rho_{dis}$ : Tasa de proceso de desintegración de compuestos complejos [kgCOD/m<sup>3</sup>/día]

$k_{dis}$ : Tasa de desintegración [1/d]

$X_c$ : Concentración de compuesto complejo

$\rho_i$ : Tasa de hidrólisis del i-ésimo sustrato [kgCOD/m<sup>3</sup>/día]

$k_{hyd,i}$ : Tasa de hidrólisis del i-ésimo sustrato.

$X_i$ : Concentración del i-ésimo sustrato [kgCOD/m<sup>3</sup>]

$i$ : Sustrato específico: carbohidratos, proteínas o lípidos.

El modelo ADM1 considera la etapa de desintegración de tal modo que se considere la degradación de los compuestos complejos, mientras que la hidrólisis representa la degradación en sí de los componentes bien definidos como carbohidratos, proteínas y lípidos [14]. Los valores de las tasas de hidrólisis y de desintegración varían para cada tipo de sustrato. En las tablas 1 y 2 se presentan algunos ejemplos tomados de la bibliografía.

**Tabla 1.** Ejemplos de tasas de desintegración para diversos sustratos

Substrate	Disintegration rate [d <sup>-1</sup> ]	Reference
Grass	$3.5 \cdot 10^{-2} - 2.66 \cdot 10^{-1}$	Veeken and Hamelers 1999
Leaves	$6.8 \cdot 10^{-2} - 3.86 \cdot 10^{-1}$	Veeken and Hamelers 1999
Nettle	$3 \cdot 10^{-2} - 7.6 \cdot 10^{-2}$	Lehtomäki et al. 2005
Newsprints	$5.6 \cdot 10^{-2} / 5.68 \cdot 10^{-2}$	Jokela et al. 2005/Vavilin et al. 2004
Orange peelings	$1.45 \cdot 10^{-1} - 4.74 \cdot 10^{-1}$	Veeken and Hamelers 1999
Red clover	$2.8 \cdot 10^{-2} - 3.9 \cdot 10^{-2}$	Lehtomäki et al. 2005

**Fuente:** Tomado de [14].

**Tabla 2.** Rangos para tasa de hidrólisis de carbohidratos, proteínas y lípidos

Substrate	Hydrolysis rate [d <sup>-1</sup> ]	Reference
Carbohydrates	$2.5 \cdot 10^{-2} - 1.06 \cdot 10^2$	Angelidaki et al. 1998; Christ et al. 2000; Miron et al. 2000; Batstone et al. 2002; Rosen and Jeppsson 2002; Feng et al. 2006
Proteins	$9.6 \cdot 10^{-3} - 1 \cdot 10^1$	Angelidaki et al. 1998; Christ et al. 2000; Miron et al. 2000; Tzouvaras 2001; Batstone et al. 2002; Rosen and Jeppsson 2002; Feng et al. 2006
Lipids	$5 \cdot 10^{-3} - 1 \cdot 10^1$	Miron et al. 2000; Tzouvaras 2001; Batstone et al. 2002; Rosen and Jeppsson 2002; Feng et al. 2006

**Fuente:** Tomado de [14].

### 1.3.2 Acidogénesis

También llamada fermentación. Es un proceso microbiano anaeróbico, por el cual los monosacáridos y aminoácidos se degradan a compuestos más simples. Los productos de este proceso son ácidos grasos volátiles (VFA o ácidos grasos de cadena corta), alcoholes, dióxido de carbono e hidrógeno. Los principales VFA son ácido acético, butírico, valérico y propiónico [11].

Los factores más importantes para esta etapa son el nivel de pH en el digestato y la presión parcial de hidrógeno.

Con un nivel de pH > 5, es mayor la producción de VFA, mientras que para niveles de pH < 5 es mayor la producción de etanol [11].

A bajas presiones parciales de hidrógeno es mayor la formación de acetato e hidrógeno que la de etanol o VFA. Recordemos que el ácido acético es el que posteriormente se convierte en metano por lo que propiciar su producción es imprescindible [11]. La acidogénesis es la etapa más rápida en el proceso de digestión anaerobia [15].

Según el modelo ADM1 [1], los productos de la acidogénesis o fermentación son el valerato, butirato, propianato y acetato.

La acidogénesis de monosacáridos se puede representar a través de la acidogénesis de la glucosa, ya que la estequiometría de su acidogénesis es similar a la de la fructuosa y pentosas, según [1]. En la tabla 3 se puede apreciar las reacciones a las que se somete la glucosa para la obtención de cada producto de la acidogénesis.

**Tabla 3.** Productos de la acidogénesis de la glucosa

	Products	Reaction	ATP/ Mole Glu	Conditions	*
(i)	Acetate	$C_6H_{12}O_6 + 2H_2O \rightarrow 2CH_3COOH + 2CO_2 + 4H_2$	4	low $H_2$	1
(ii)	Propionate	$C_6H_{12}O_6 + 2H_2 \rightarrow 2CH_3CH_2COOH + 2H_2O$	~low	not observed	2
(ii')	Acetate, Propionate	$3C_6H_{12}O_6 \rightarrow 4CH_3CH_2COOH + 2CH_3COOH + 2CO_2 + 2H_2O$	4	any $H_2$	
(iii)	Butyrate	$C_6H_{12}O_6 \rightarrow CH_3CH_2CH_2COOH + 2CO_2 + 2H_2$	3	low $H_2$	1
(iv)	Lactate	$C_6H_{12}O_6 \rightarrow 2CH_3CHOHCOOH$	2	any $H_2$	
(v)	Ethanol	$C_6H_{12}O_6 \rightarrow 2CH_3CH_2OH + 2CO_2$	2	low pH	3

**Fuente:** Tomado de [1]

Existen dos vías para la acidogénesis de aminoácidos [1]. La primera es la reacción Stickland, la cual, es una fermentación emparejada de aminoácidos en la que ninguno de los dos es capaz de fermentarse individualmente; mientras uno de los dos actúa como donador de electrones (oxidándose), el otro actúa como aceptor (reduciéndose) [16]. La segunda vía es la oxidación simple de un aminoácido con iones hidrógeno o dióxido de carbono como aceptor externo de electrones [1].

En el ADM1, la acidogénesis se describe usando la cinética de Monod (ver apartado 2.2.2 para más detalle). Las ecuaciones siguientes describen la acidogénesis de los aminoácidos y monosacáridos [14].

$$\rho_5 = k_{m,su} \cdot \frac{S_{su}}{K_{S,su} + S_{su}} \cdot X_{su} \cdot I_5$$

$$\rho_6 = k_{m,aa} \cdot \frac{S_{aa}}{K_{S,aa} + S_{aa}} \cdot X_{aa} \cdot I_6$$

Donde:

$\rho_5, \rho_6$ : Tasa del proceso para monosacáridos y aminoácidos respectivamente [kgCOD/m<sup>3</sup>/día]

$k_{m,su}, k_{m,aa}$ : Máxima tasa específica de consumo para monosacáridos y aminoácidos [1/día].

$S_{su}, S_{aa}$ : Concentración de monosacáridos y aminoácidos [kgCOD/m<sup>3</sup>]

$K_{S,su}, K_{S,aa}$ : Constante de saturación media [kgCOD/m<sup>3</sup>]

$X_{su}, X_{aa}$ : Concentración de microorganismos degradadores de monosacáridos y aminoácidos [kgCOD/m<sup>3</sup>].

$I_5, I_6$ : Factor de inhibición para monosacáridos y aminoácidos.



En el modelo ADM1, la inhibición de la tasa del proceso de acidogénesis (representadas en  $I_5$  e  $I_6$ ) son funciones de la inhibición por sobrepaso de los límites de los niveles de pH de la fase líquida y de la inhibición por presencia de nitrógeno inorgánico. El primero está relacionado con las condiciones que debe tener el medio para el desarrollo de los microorganismos anaerobios. La segunda inhibición está relacionada con la relación Carbono/Nitrógeno que tiene la fase líquida (lo cual depende del tipo de sustrato que alimenta el proceso), pues los microorganismos requieren una concentración mínima de nitrógeno para el desarrollo de sus funciones anabólicas, revisar [11] para mayor detalles.

La inhibición por nivel de pH de los microorganismos degradadores de aminoácidos se presenta en la siguiente función en el modelo ADM1.

$$I_{pH,aa} = \begin{cases} e^{-3 \cdot \left( \frac{pH - pH_{UL,aa}}{pH_{UL,aa} - pH_{LL,aa}} \right)^2} & : pH < pH_{UL,aa} \\ 1 & : pH > pH_{UL,aa} \end{cases}$$

Donde:

$I_{pH,aa}$ : Factor de inhibición de pH de microorganismos degradadores de aminoácidos.

$pH$ : Nivel de pH de fase líquida.

$pH_{LL,aa}$ : Límite inferior de nivel de pH para inhibición de microorganismos degradadores de aminoácidos.

$pH_{UL,aa}$ : Límite superior de nivel de pH para inhibición de microorganismos degradadores de aminoácidos.

La inhibición por presencia de nitrógeno inorgánico se representa en la siguiente ecuación.

$$I_{IN,lim} = \frac{1}{1 + K_{S,IN}/S_{IN}}$$

Donde:

$I_{IN,lim}$ : Factor de inhibición por límite de concentración de nitrógeno inorgánico.

$K_{S,IN}$ : Constante de saturación media del nitrógeno inorgánico [kgCOD/m<sup>3</sup>].

$S_{IN}$ : Concentración de nitrógeno inorgánico en fase líquida [kgCOD/m<sup>3</sup>].

### 1.3.3 Acetogénesis

La acidogénesis genera ácido acético, hidrógeno, dióxido de carbono, VFA, etanol y compuestos aromáticos. Los tres primeros pueden ser convertidos directamente en metano por los microorganismos metanogénicos. Sin embargo, el etanol, VFA y compuestos aromáticos necesitan de una etapa previa: la acetogénesis [11].

Los productos de la acetogénesis son ácido acético, hidrógeno y dióxido de carbono. Según el modelo ADM1, los componentes sometidos a acetogénesis son los ácidos grasos de cadena larga (LCFA), valerato, butirato y propianato. Sin embargo considera sólo tres tipos de microorganismos degradadores, ya que uno de ellos desarrolla la acetogénesis tanto para a el valerato, como para el butirato. Las ecuaciones siguientes representan las tasas de estos procesos.

$$\rho_{fa} = k_{m,fa} \cdot \frac{S_{fa}}{K_{S,fa} + S_{fa}} \cdot X_{fa} \cdot I_{fa}$$

$$\rho_{pro} = k_{m,pr} \cdot \frac{S_{pro}}{K_{S,pro} + S_{pro}} \cdot X_{pro} \cdot I_{pro}$$

Donde:

$\rho_{fa}, \rho_{pro}$ : Tasa del proceso para LCFA y propianato [kgCOD/m<sup>3</sup>/día]

$k_{m,fa}, k_{m,pr}$ : Máxima tasa de consumo específico de LFCA y propianato [1/día]

$S_{fa}, S_{pro}$ : Concentración de LFCA y propianato [kgCOD/m<sup>3</sup>]

$K_{S,fa}, K_{S,pro}$ : Constante de saturación media [kgCOD/m<sup>3</sup>]

$X_{fa}, X_{pro}$ : Concentración de microorganismos degradadores de LCFA y propianato [kgCOD/m<sup>3</sup>].

$I_{fa}, I_{pro}$ : Factores de inhibición

$$\rho_{va} = k_{m,c4} \cdot \frac{S_{va}}{K_{S,c4} + S_{va}} \cdot X_{c4} \cdot \frac{S_{va}}{S_{bu} + S_{va}} \cdot I_{va}$$

$$\rho_{bu} = k_{m,c4} \cdot \frac{S_{bu}}{K_{S,c4} + S_{bu}} \cdot X_{c4} \cdot \frac{S_{bu}}{S_{va} + S_{bu}} \cdot I_{bu}$$

Donde:

$\rho_{bu}, \rho_{va}$ : Tasa del proceso para valerato y butirato [kgCOD/m<sup>3</sup>/día]

$k_{m,c4}$ : Máxima tasa de consumo específico de valerato y butirato [1/día]

$S_{va}, S_{bu}$ : Concentración de valerato y butirato [kgCOD/m<sup>3</sup>]

$K_{S,c4}$ : Constante de saturación media [kgCOD/m<sup>3</sup>]

$X_{c4}$ : Concentración de microorganismos degradadores de valerato y butirato [kgCOD/m<sup>3</sup>].

$I_{va}, I_{bu}$ : Factores de inhibición

La inhibición en esta etapa va a depender del nivel de pH en la fase líquida, la presencia de nitrógeno inorgánico y la concentración de hidrógeno, pues los microorganismos acetogénicos requieren de bajas presiones parciales de hidrógeno para poder existir (menores a  $10^{-4}$  atm). Si la concentración de hidrógeno aumentase, la actividad de los microorganismos va decreciendo hasta finalmente detenerse, esto causa acumulamiento de ácidos lo cual finalmente inhibe a las bacterias productoras de metano de la siguiente etapa [11]. Esta inhibición es modelada en el ADM1 mediante la ecuación siguiente.

$$I_{h_2,i} = \frac{1}{1 + S_{h_2}/K_{I,h_2,i}}$$

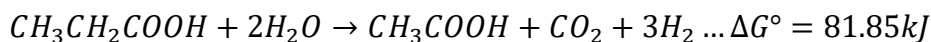
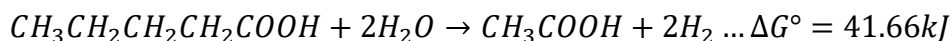
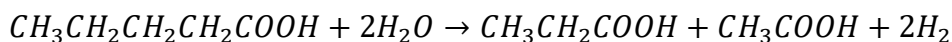
Donde:

$I_{h_2,i}$ : Factor de inhibición por hidrógeno del proceso de acetogénesis del i-ésimo componente: LCFA, butirato, valerato y propionato.

$S_{h_2}$ : Concentración de hidrógeno en fase líquida.

$K_{I,h_2,i}$ : Parámetro de inhibición por hidrógeno del i-ésimo componente.

Para mayor detalles revisar [1] y [13]. Las reacciones estequiométricas de oxidación para valerato, butirato y propionato respectivamente son las siguientes [14].



### 1.3.4 Metanogénesis

En esta etapa los productos de la acetogénesis (acetato,  $H_2$  y  $CO_2$ ) son convertidos en metano y dióxido de carbono [11].

De acuerdo con [14], el metano puede ser formado a partir de  $H_2$ ,  $CO_2$ , ácido fórmico, ácido acético, metanol y metileno, por medio de las siguientes reacciones. A continuación se presentan algunas de estas reacciones.

**Tabla 4.** Reacciones de formación de metano

Substrate type	Chemical reaction	$\Delta G_f'$ (kJ mol <sup>-1</sup> )	Methanogenic species
CO <sub>2</sub> -Type	$4H_2 + HCO_3^- + H^+ \rightarrow CH_4 + 3H_2O$	-135.4	All species
	$CO_2 + 4 H_2 \rightarrow CH_4 + 2H_2O$	-131.0	
CO <sub>2</sub> -Type	$4HCOO^- + H_2O + H^+ \rightarrow CH_4 + 3HCO_3^-$	-130.4	Many species
Acetate	$CH_3COO^- + H_2O \rightarrow CH_4 + HCO_3^-$	-30.9	Some species
Methyl type	$4CH_3OH \rightarrow 3CH_4 + HCO_3^- + H^+ + H_2O$	-314.3	One species
Methyl type	$CH_3OH + H_2 \rightarrow CH_4 + H_2O$	-113.0	
e.g. Methyl type: ethanol	$2CH_3CH_2OH + CO_2 \rightarrow CH_4 + 2CH_3COOH$	-116.3	

**Fuente:** Tomado de [7].

Sin embargo en ADM1, para simplificar la representación de esta etapa, solamente se considera la obtención de metano a partir de hidrógeno y ácido acético. El 70% del metano se produce a través de la transformación del ácido acético (vía acetoclástica) y el resto a través de la transformación del hidrógeno (vía hidrogenotrófica), las tasas de estos procesos se representan en las siguientes ecuaciones.

$$\rho_{ac} = k_{m,ac} \cdot \frac{S_{ac}}{K_{S,ac} + S_{ac}} \cdot X_{ac} \cdot I_{ac}$$

$$\rho_{h2} = k_{m,h2} \cdot \frac{S_{h2}}{K_{S,h2} + S_{h2}} \cdot X_{h2} \cdot I_{h2}$$

Donde:

$\rho_{ac}, \rho_{h2}$  : Tasa para la reacción de metanogénesis acetoclástica e hidrogenotrófica [kgCOD/m<sup>3</sup>/día].

$S_{ac}, S_{h2}$  : Concentración de acetato o hidrógeno en la fase líquida [kgCOD/m<sup>3</sup>].

$K_{S,ac}, K_{S,h2}$  : Constante de saturación media para la metanogénesis acetoclástica e hidrogenotrófica [kgCOD/m<sup>3</sup>].

$X_{ac}, X_{h2}$  : Concentración de microorganismos acetoclásticos e hidrogenotróficos [kgCOD/m<sup>3</sup>].

$I_{ac}, I_{h2}$  : Factor de inhibición acetoclástico e hidrogenotrófico.

La inhibición de la metanogénesis acetoclástica va a depender de la variación de pH de la fase líquida, la concentración de nitrógeno inorgánico y la presencia de amonio en la fase líquida. En cambio la inhibición de la vía hidrogenotrófica depende solamente de la variación de pH y de la presencia de nitrógeno inorgánico. La inhibición por amonio, ADM1 lo representa en la siguiente ecuación.

$$I_{nh3} = \frac{1}{1 + S_{nh3}/K_{I,nh3}}$$

Donde:

$I_{nh3}$ : Factor de inhibición por presencia de amonio.

$S_{nh3}$ : Concentración de amonio en fase líquida [kgCOD/m<sup>3</sup>/día].

$K_{I,h2,i}$ : Parámetro de inhibición por amonio.

Aunque la vía hidrogenotrófica, aunque se da en menor porcentaje, es necesaria para regular el nivel de presión parcial de hidrógeno en el digestato, lo cual es indispensable para la existencia de los microorganismos de la acetogénesis [11].

Los microorganismos metanogénicos son muy sensibles a los cambios de temperatura, nivel de pH y alcalinidad del digestato [11].

## **1.4 Parámetros de monitoreo de proceso de digestión anaerobia**

En la bibliografía estudiada existen diversos puntos de vista acerca de cuáles se deben considerar como los parámetros principales en un proceso de digestión anaerobia, incluso algunos de ellos aún están en estudio. En [11] se presentaron los parámetros para monitorear el proceso desde una perspectiva general. En este estudio se presenta los parámetros desde una perspectiva de monitoreo, automatización y control. En [17] se realiza una clasificación y calificación de los parámetros, rescatando en cada uno su factibilidad para la medición y su importancia en el proceso. Así mismo, clasifica a los parámetros en tres categorías, los de caracterización del proceso, los de indicación temprana de inestabilidad y los de carácter operacional. Debido a que el presente estudio es una continuación de [11], muchos conceptos del apartado 1.4 han sido tomados de este y reordenados en el presente estudio.

### **1.4.1 Parámetros de caracterización del proceso**

Estos parámetros describen el estado del proceso de digestión anaerobia en general. Es necesario monitorearlos para poder identificar las posibles causas de una inestabilidad producida en el sistema. Sin embargo no pueden ser utilizados como indicadores tempranos de la inestabilidad del proceso, pues se manifiestan después de que la inestabilidad ya ha ocurrido.

#### **1.4.1.1 Temperatura**

Es uno de los parámetros más importante para la digestión anaerobia. La temperatura afecta la cinética de los microorganismos, incluyendo la tasa de crecimiento específico, la constante de saturación media, la tasa crecimiento y la tasa de mortandad. A mayor temperatura, mayor es la tasa de crecimiento de los microorganismos y por tanto mayor es la producción de biogás. Es por ello que el control de la temperatura es fundamental en una planta de biogás. La temperatura debe mantenerse lo más constante posible. Variaciones mayores a  $\pm 2$  °C afectan el proceso [5].

De acuerdo a la temperatura los microorganismos de la digestión anaerobia se clasifican en psicófilos ( $< 20$  °C), mesófilos (20 – 40 °C) y termófilos (45 - 70 °C). En el rango psicófilo las producciones de biogás son muy bajas y aún se encuentra en estudio [5].

Es importante recordar lo indicado en [5] con respecto a la temperatura, pues el dióxido de carbono es mucho más soluble que el metano. La solubilidad de los gases en líquidos decrece con el aumento de temperatura, por tanto a mayores temperaturas mayor cantidad de CO<sub>2</sub> abandonará el líquido dando lugar a un mayor porcentaje de CO<sub>2</sub> en el biogás producido, afectando a la eficiencia del proceso [9].

El incremento de la temperatura aumenta la presencia de amoníaco libre en el digestato lo cual produce inhibición en los microorganismos [15].

Para la medición de la temperatura normalmente se utiliza sensores termoresistivos, como los PT100, los cuales son usados normalmente en la industria alimentaria y en biotecnología [17].

#### 1.4.1.2 Nivel de pH

La digestión anaerobia se ve perjudicada con pequeñas variaciones del nivel de pH. Cada consorcio de microorganismos posee diferentes rangos óptimos de pH. El nivel de pH óptimo para los acidogénicos oscila entre 5.5 – 6.5, para los acetogénicos y metanogénicos oscila entre 7.8 y 8.2. Siendo los primeros los menos sensibles y los últimos los más sensibles a las variaciones del nivel de pH [11].

Según [11], a bajos valores de pH se reduce la actividad de los microorganismos metanogénicos, esto produce la acumulación de ácido acético e hidrógeno, el aumento de la presión parcial de hidrógeno inhibe la actividad de los microorganismos acetogénicos. Esto incrementa la acumulación de los VFA, ya que no son convertidos a ácido acético, e inhiben a los microorganismos metanogénicos, además esto reduce aún más el nivel de pH, con lo cual el proceso de digestión anaerobia llega a detenerse. Una de las primeras opciones ante la elevada concentración de VFA es reducir la carga orgánica que alimenta al reactor de tal modo que los VFA se consuman con mayor velocidad de la que se producen hasta que el exceso de VFA se haya agotado. Como consecuencia el pH llegará a condiciones normales de operación y la metanogénesis se reestablecerá. Si la situación no se mejora con la regulación de la carga orgánica, entonces se puede adicionar químicos como hidróxido de sodio, carbonato de calcio, cal, etc. [8].

Cuando el nivel de pH es elevado, se favorece la acumulación de amoníaco, el cual en concentraciones elevadas es un inhibidor del crecimiento de los microorganismos.

Dentro de los rangos óptimos, el pH del proceso de digestión anaerobia está controlado por la alcalinidad natural del sistema, es decir por su capacidad tampón (*buffer capacity*). El nitrógeno orgánico está contenido, con mayor concentración en la materia prima rica en proteínas. Tras la descomposición de las proteínas, el nitrógeno es convertido en amoníaco. Este último, al reaccionar con el dióxido de carbono forma bicarbonato de amonio, el cual aumenta la alcalinidad del sistema y lo hace capaz de neutralizar los cambios bruscos de pH, debido por ejemplo al acumulamiento de VFA [8].

Lamentablemente, debido a la capacidad buffer, un cambio detectable del nivel de pH se da luego de que la inestabilidad en el proceso ya ha ocurrido. Por tanto, el nivel de pH no es un indicador temprano adecuado para detectar la inestabilidad del proceso. Sin embargo su monitoreo es muy importante, pues los microorganismos necesitan un medio con un nivel de pH constante y cercano al neutro para que se lleve a cabo su actividad enzimática [17].

El control externo del nivel de pH en el reactor se puede lograr ajustando el pH de la materia prima o regulando la carga orgánica de alimentación, esto requiere un conocimiento previo de la composición y nivel de pH de la materia prima. La segunda opción es mediante la adición de sustancias químicas, lo cual necesita una medición online del nivel de pH en el reactor y un sistema automático de adición de la sustancia ácida o básica para la regulación del pH deseado. Obviamente la segunda opción es más costosa [15].

#### 1.4.1.3 Reducción de materia orgánica

Este parámetro se puede medir mediante la materia seca orgánica (ODM) o mediante la demanda química de oxígeno (COD). Para ello se realizan los análisis a la materia prima antes del ingreso al reactor y al digestato a la salida del reactor. También se tiene que tener en cuenta el porcentaje de materia seca (DM) [11].

Una mayor presencia de sólidos (DM) en el digestato implica una mayor viscosidad que afecta la movilidad de los microorganismos, de manera que retrasa la digestibilidad de la materia prima y la conversión a biogás, es decir afecta la eficiencia del proceso. Para biodigestores continuos el máximo nivel de DM en el digestato debe oscilar entre 8 y 12%. Una viscosidad excesiva también afecta los equipos de bombeo y de agitación [11].

La comparación entre la ODM (sólidos volátiles) de la materia prima al ingreso del reactor y la ODM del digestato a la salida del reactor nos da el porcentaje de reducción de la sólidos volátiles que ha sufrido la materia prima en el proceso de digestión anaerobia [11]. Este porcentaje de reducción de sólidos volátiles oscila entre 30 y 42% para reactores que sólo usan estiércol como materia prima. A mayor porcentaje de reducción de sólidos volátiles, menor es la presencia de sólidos y mayor es la reducción de olores en el digestato [18].

#### 1.4.1.4 Producción y calidad del biogás

La producción es la cantidad de biogás producido por unidad de tiempo ( $m_{gas}^3/día$ ) o por unidad de materia prima ( $m_{gas}^3/kg_{materia\text{prima}}$ ), mientras la calidad está representada por la concentración volumétrica o másica de metano en el biogás. Estos dos parámetros determinan la eficiencia del proceso de digestión anaerobia [11].

La producción de biogás es el parámetro más comúnmente medido y es un indicador de la situación global del proceso. Sin embargo la información que nos proporciona es solamente respecto al producto final, mas no acerca de la situación de las etapas internas del proceso bioquímico. Un decremento en la cantidad de biogás ocurre después de que el proceso ya ha sido severamente inhibido o ya ha colapsado, por tanto no es un indicador temprano efectivo de la situación del proceso.

Para garantizar que el biogás sea capaz de combustionar el porcentaje de metano debe ser del 50% como mínimo. El ratio  $CH_4/CO_2$  por lo general es constante durante el proceso y una variación significativa se da solamente después de que un disturbio en el proceso ya ha ocurrido. Este ratio depende, entre otros factores, de la composición de sustrato, de la temperatura, del nivel de pH y de la cantidad de materia seca orgánica (ODM) que ha sido descompuesta en el proceso. Por lo que para encontrar las causas de las variaciones se las debe analizar conjuntamente con los demás parámetros del proceso[11].

También es recomendable medir las concentraciones de  $H_2S$  presentes en el biogás, pues altas concentraciones de este componente indican inestabilidad en el proceso, ya que el  $H_2S$  es un gas venenoso que causa inhibición en los microorganismos. Además, de cara a la utilización del biogás, es corrosivo para tuberías y motores [11].

Además, es recomendable medir la concentración de  $H_2$ , pues ante una inhibición de los microorganismos metanogénicos, la conversión del  $H_2$  en metano se detiene, por tanto su concentración en el biogás aumenta.

#### **1.4.1.5 Nitrógeno de amonio ( $NH_4-N$ )**

La cantidad de amoníaco que se produzca durante la digestión anaerobia depende de la concentración de la materia prima, de su relación Carbono/Nitrógeno (C/N) que tenga, de la alcalinidad del digestato y de la temperatura del proceso.

Los cambios repentinos de materia prima pobre en nitrógeno a materia prima rica en nitrógeno causan problemas en el proceso de digestión anaerobia. Para poder realizar estos cambios sin dañar el proceso se tiene que procurar un buen nivel de adaptación de los microorganismos, una adecuada relación C/N y baja concentración de sulfuro de hidrógeno.

Los niveles de nitrógeno amoniacal total pueden ser medidos según las norma americana “*APHA 4500-NH3-Nitrogen*” (APHA, 1998) o la norma alemana “*DIN 38406-5:1983-10*” (1983).

#### **1.4.2 Indicadores temprano de inestabilidad del proceso**

Indican si alguna inestabilidad inminente se va dar en el proceso. Aunque por si solas no dan información sobre la causa del problema, en complemento con los parámetros de caracterización, son capaces de proporcionar las causas de las inestabilidad para que la parte operativa del proceso pueda tomar las medidas preventivas o correctivas y salvaguardar el proceso.

Por lo general la concentración de VFA es el parámetro más usado en monitoreo y control de procesos de digestión anaerobia.



#### 1.4.2.1 Ácido grasos volátiles (volatile fatty acids - VFA)

También conocidos como ácidos grasos de cadena corta (SCFA). En el proceso de digestión anaerobia, este grupo de ácidos está compuesto predominantemente (en orden descendente) por ácido acético, ácido butírico, ácido propiónico, y en menores cantidades por los ácidos isobutírico, valérico, isovalérico y capriónico. Son producidos en la etapa de acidogénesis y usados como sustratos en las etapas de acetogénesis y metanogénesis [11].

La concentración de VFA es el parámetro más sugerido y utilizado para monitorear y controlar el proceso de digestión anaerobia. Hasta ahora se lo presenta como el mejor parámetro para indicar la estabilidad de un sistema de digestión anaerobia ya que la concentración de VFA es una señal acerca del medio interno y del desarrollo del proceso de digestión anaerobia [11].

La acumulación de VFA en un proceso de digestión anaerobia tiene dos posibles causas. La primera es que se deba a la sobrecarga orgánica, es decir, el flujo de materia prima a la entrada del reactor es muy elevado, por lo que la cantidad de VFA que se generan durante la acidogénesis es mayor a la que pueden asimilar los microorganismos acetogénicos y metanogénicos en un tiempo determinado. La segunda interpretación es que la acumulación de VFA se deba a la inhibición de los organismos metanogénicos provocada por otros factores, como por ejemplo una elevación de temperatura, lo cual aumenta la concentración de amoníaco y produce inhibición en los organismos metanogénicos [11].

La alcalinidad de un sistema anaerobio es la capacidad que este tiene para neutralizar la acumulación de los VFA y mantener fijo su nivel de pH. Por tanto, el nivel de pH no variará hasta que la concentración de VFA haya aumentado a tal punto que venza la capacidad de neutralización del sistema. Sin embargo la inestabilidad del sistema, debido a la acumulación de VFA, ya se ha producido mucho antes de que el nivel de pH varié, por tanto la producción y calidad del biogás generado habrá disminuido y el proceso ya está encaminado a detenerse.

Es por lo anterior que en sistemas con una capacidad buffer baja el monitoreo de la estabilidad del proceso se puede hacer mediante la medición de pH y alcalinidad y/o la medición de la concentración de VFA. Pero en un sistema con capacidad buffer media o elevada, el monitoreo de la estabilidad del sistema sólo es capaz de realizarse mediante la medición de la alcalinidad y la concentración de VFA [11].

La concentración individual de cada ácido nos da información más específica de lo que está sucediendo en el proceso de digestión anaerobia. Diversos investigadores han sugerido diversos grupos de VFA como indicadores del nivel de estrés que produce inestabilidad en el proceso. Por ejemplo una moderada acumulación de ácido acético es normal debido a que es un precursor del metano. Una leve acumulación de ácido propiónico es tolerable. Pero la acumulación de ácido butírico o valérico y

especialmente de sus isómeros ramificados es un signo de futura inestabilidad severa en el proceso. Durante la sobrecarga orgánica, cuando la presión parcial de hidrógeno incrementa, la concentración de ácido propiónico se ve afectada más rápidamente que la de los demás ácidos, por lo que monitorear la concentración individual de este ácido también es clave. Recientes estudios, como [9], demuestran que la relación ácido propiónico/ácido acético es un indicador más viable y sensible para la inestabilidad del proceso.

De acuerdo a la bibliografía estudiada existen niveles de concentración de VFA que no deben ser excedidos. La concentración de ácido propiónico debe ser menor que 1000 mg/litro, las concentraciones de ácido propiónico mayores a 3000 mg/litro indican que el proceso ya se está deteniendo debido a inhibición. La relación ácido acético/ácido propiónico debe ser de 2:1 para ser considerado un valor óptimo. Además el resto de VFA debe tener una concentración menor a 500 mg/litro. A pesar de esto, es difícil establecer un valor para la concentración de VFA que se debe respetar. Sin embargo una repentina o mantenida variación de la concentración de VFA en el efluente, durante la operación normal, es un signo de que algo está mal en el proceso.

#### 1.4.2.2 Alcalinidad y Relación de alcalinidad (FOS/TAC)

La alcalinidad es la medida de la capacidad tampón que tiene una solución para resistirse a las variaciones de pH. Mientras mayor es la alcalinidad del medio, mayor cantidad de ácido se le tiene que agregar para apreciar un cambio considerable de pH.

En digestión anaerobia lo que provee resistencia a los cambios rápidos y significantes de pH es el equilibrio de los iones de dióxido de carbono y bicarbonato. Los iones de bicarbonato ( $HCO_3^-$ ) son la mayor fuente de capacidad tampón para mantener el pH del sistema alrededor del neutro. La concentración de iones  $HCO_3^-$  en solución, está relacionada con el porcentaje de dióxido de carbono en la fase gaseosa. Por ejemplo en un reactor, que usa estiércol vacuno como materia prima, con un pH de 7.4 y un porcentaje de  $CO_2$  de 35% en la fase gaseosa, la alcalinidad de bicarbonato está alrededor de 5500 mg/L como carbonato de calcio ( $Ca_2CO_3$ ).

La alcalinidad es una mejor alternativa que el pH para prever inestabilidades en el medio del reactor, pues la acumulación de los VFA consumirá primero la alcalinidad del medio antes que los cambios de pH sean notables en sistemas con una capacidad tampón alta o moderada.

El aumento de la capacidad tampón de un digestato se consigue mediante la reducción de la carga orgánica (reducción del flujo de ingreso de materia prima), aunque la adición directa de bicarbonato es una solución más rápida. También se consigue mediante el incremento de temperatura, pues la concentración de amoníaco, que le da capacidad tampón al medio, aumentará. Sin embargo concentraciones de amoníaco fuera de los rangos admisibles del medio van a inhibir a los microorganismos metanogénicos. Esto provocará mayor acumulación de ácido acético [11].

### **Relación de alcalinidad (FOS/TAC, VFA/TA, IA/PA, VFA/ALK o VFA/Bicarbonato)**

Este parámetro se obtiene mediante una titulación de dos puntos. El primero es la alcalinidad intermedia, y lo que indica es el nivel de acumulación de VFA, por tanto es un indicador relevante de la situación del proceso. El segundo es la alcalinidad parcial, representa la alcalinidad del bicarbonato en el medio y es una medida de la capacidad tampón del reactor. Por tanto, con estos valores se puede tener una relación entre la acumulación de los VFA y la capacidad tampón que tiene el digestato para neutralizar esta acumulación. De acuerdo al ratio que se calcule corresponde un diagnóstico de carácter empírico de la situación del proceso de digestión anaerobia. Esto se muestra en la tabla 5.

**Tabla 5:** Reglas empíricas para ratio de alcalinidad -Instituto DEULA – NIENBURG

<b>FOS/TAC ratios</b>	<b>Background</b>	<b>Measure</b>
<b>&gt;0.6</b>	<b>Highly excessive biomass input</b>	<b>Stop adding biomass</b>
<b>0.5-0.6</b>	<b>Excessive biomass input</b>	<b>Add less biomass</b>
<b>0.4-0.5</b>	<b>Plant is heavily loaded</b>	<b>Monitor the plant more closely</b>
<b>0.3-0.4</b>	<b>Biogas production at a maximum</b>	<b>Keep biomass input constant</b>
<b>0.2-0.3</b>	<b>Biomass input is too low</b>	<b>Slowly increase the biomass input</b>
<b>&lt;0.2</b>	<b>Biomass input is far too low</b>	<b>Rapidly increase the biomass input</b>

Fuente: Tomado de [17]

#### **1.4.2.3 Hidrógeno**

El hidrógeno es un componente intermedio producido en varias etapas del proceso de digestión anaerobia, y últimamente su estudio como indicador temprano de inestabilidad se ha incrementado.

Su concentración en el digestato debe ser balanceada. Esto porque el hidrógeno es necesario para la metanogénesis hidrogenotrófica, pero a la vez su exceso inhibe a los microorganismos acetogénicos, con lo cual se produce la acumulación de VFA, los que inhiben a los microorganismos metanogénicos y consecuentemente se detiene el proceso.

La concentración máxima de hidrógeno depende del tipo de microorganismos y de la materia prima que se esté usando [7]. Es por esto que no existe un rango general para todas las plantas de digestión anaerobia. Por ejemplo, según [17], la concentración de hidrógeno para un proceso estable debe ser menor a 100 ppm. De acuerdo con [19], la concentración en el biogás, en un proceso con una buena operación, debe estar en un rango comprendido desde 20-30 ppm hasta 400-600.

La concentración de hidrógeno disuelto en el digestato, tiene una buena correlación con la concentración de ácido propiónico [20].

De acuerdo con [20], la concentración de hidrógeno, ya sea en el digestato o en el biogás, funciona como un buen indicador temprano, pues responde rápidamente ante una sobrecarga orgánica, siempre y cuando, se use materia prima fácilmente biodegradable.

Cuando en los experimentos de sobrecarga orgánica señalados por [20] se usó materia prima compleja (lignina, celulosa, hemicelulosa), la concentración de hidrógeno en el biogás varió mucho después de producida sobrecarga y la concentración de hidrógeno disuelto en el digestato no varió ante la sobrecarga.

Sin embargo [20] señala, que si bien es cierto que la concentración hidrógeno sí es muy sensible a las sobrecargas, su incremento no es acumulativo, es decir se eleva al momento de la sobrecarga, pero rápidamente vuelve a normalizarse aunque la sobrecarga se mantenga. Si se produce otra sobrecarga adicional nuevamente se incrementa y vuelve a normalizarse. Es por esto que, de acuerdo a los experimentos, los incrementos repentinos de hidrógeno por sobrecarga orgánica no producen acumulación de VFA.

Actualmente la medición de la concentración de hidrógeno en las planta de biogás es algo muy complicado, por lo que el monitoreo del proceso no debe estar basado solamente en este parámetro. Esta complejidad se debe a la sensibilidad cruzada que tienen los sensores de hidrógeno con el sulfuro de hidrógeno, al mayor tiempo de respuesta debido al gran volumen de los reactores, a la indeterminada reducción de hidrógeno provocada por actividad microbiana, al escape de hidrógeno a través del aislamiento del reactor, a la baja presión parcial de hidrógeno debido al retraso en la transferencia de la masa de hidrógeno desde el digestato hasta la fase gaseosa del reactor [17].

En las plantas en las que se monitorea la concentración de hidrógeno se mide a través de sensores electroquímicos en la fase gaseosa (biogás), pero también se realizan mediciones más precisas en laboratorio y en algunos prototipos de laboratorio se está empezando a usar sensores de hidrógeno disuelto muy sofisticados y costosos [17].

#### **1.4.2.4 Potencial Redox (ORP)**

Los microorganismos anaeróbicos requieren de un potencial redox negativo para poder desarrollarse. Específicamente los metanogénicos requieren de un medio fuertemente reductor para su metabolismo (entre -300 mV y -350 mV). La alta eficiencia de un proceso de digestión anaerobia está relacionada con un bajo potencial redox [21].

Un bajo potencial redox en el reactor se logra si se evita el ingreso de agentes oxidantes como oxígeno, sulfatos, nitratos o nitritos [21].

La medición del ORP se realiza mediante un electrodo que determina el voltaje entre las sustancias oxidantes (dona electrones) y las sustancias reductoras (captadores de electrones) que están disueltas en el digestato [17].

El ORP está clasificado como un indicador temprano por que varía más rápido que el ratio de alcalinidad, ante una inestabilidad inminente en el proceso. Sin embargo el ORP también varía ante situaciones que no implican una inestabilidad inminente, como por ejemplo un cambio en la composición de la materia prima, o en el nivel de pH.

El potencial redox es poco medido en reactores industriales pues los electrodos que deben estar sumergidos requieren de un mantenimiento frecuente y una instalación más sofisticada.

#### **1.4.3 Parámetros operacionales del proceso.**

Estos parámetros, por lo general, si una planta está funcionando a plena carga, no son alterados. Pues lo que se busca en una planta es una tasa de producción de biogás constante y un rendimiento máximo de la materia prima. Son alterados, solamente si se va a producir un cambio en la mezcla de la materia prima o si se necesita reducir la carga orgánica debido a una inestabilidad en el proceso.

##### **1.4.3.1 Agitación**

Actualmente no existe un consenso unánime y general entre los investigadores con respecto al modo, intensidad y patrón de agitación. Pues, así como existen estudios que señalan que la agitación aumenta la producción de biogás, existen estudios que reportan lo contrario [11].

Sin embargo, las investigaciones recomiendan que durante la puesta en marcha del proceso, la intensidad de la agitación debe ser baja, para permitir el crecimiento de los microorganismos anaerobios y aliviar el proceso de inestabilidades [11].

A pesar de los desacuerdos con respecto a este tema, se puede decir que la agitación aumenta la eficiencia del proceso y disminuye el tiempo de retención hidráulica por lo

siguiente: previene la estratificación de la materia prima en el reactor, la formación de espumas y de incrustaciones [11]. Todo esto propicia un contacto activo entre la materia prima y los microorganismos, distribuye efectivamente la materia prima y diluye las sustancias inhibidores. En plantas de gran escala la sedimentación en el fondo reduce el volumen eficaz del reactor, aumenta la carga orgánica requerida y reduce el tiempo de retención hidráulica [9].

#### 1.4.3.2 Tiempo de retención hidráulica (HRT)

Es el tiempo teórico de permanencia de la materia prima en el reactor. En la realidad no siempre se cumple este tiempo, porque en sistemas como los de CSTR muchas veces la nueva materia prima que ingresa inmediatamente sale del sistema [11].

$$HRT \text{ [días]} = \frac{Volume_{neto_{reactor}}[m^3]}{Ingreso \text{ de materia prima}[m^3/day]}$$

La velocidad de degradación de los microorganismos aumenta con el incremento de la temperatura, así que a mayor temperatura menor HRT. Esto se verifica en biodigestores sin un control de temperatura, pues en zonas tropicales los HRTs oscilan entre 30 a 50 días, mientras que en zonas frías el HRT llega hasta los 100 días [21]. Se han obtenido resultados satisfactorios con HRTs comprendidos entre 30 a 40 días [Jacobs].

Las materias primas de origen industrial, doméstico y animal requieren de HRTs cortos para su completa degradación (15 – 30 días), mientras que las materias primas de composición lignocelulósica, celulósica y/o hemicelulósica requiere de un HRT de incluso 100 días para una degradación completa [21].

#### 1.4.3.3 Tasa de carga orgánica (OLR)

Es la medida de la cantidad de ODM o de COD (demanda química de oxígeno) que ingresa al reactor por unidad de volumen reactor por unidad de tiempo [11].

$$OLR \left[ \frac{kg_{ODM}}{m^3 \cdot d} \right] = \frac{Masamatprima_{día}[kg/día] \times DM_{masprim}[\%] \times ODM_{DM}[\%]}{Volume_{reactor}[m^3]}$$

Cuando la OLR es baja la producción de biogás también será baja, si la OLR es elevada se corre el riesgo de que se produzcan sobrecarga y como consecuencia acidificación en el reactor. Por lo que para cada planta existe un OLR óptimo. En el arranque de la planta el OLR debe ser bajo, luego se debe incrementar gradualmente para permitir que los microorganismos se adapten a la nueva carga en el medio [11].

#### 1.4.3.4 Tasa de dilución (D)

Se ha considerado también este parámetro debido a su importancia para propósitos de control, pues debido que es una de las entradas del proceso de digestión anaerobia, ha

sido tomado como señal de control tanto en plantas de escala de laboratorio y plantas industriales.

Se define como la relación entre el flujo de entrada del sustrato y el volumen de líquido del reactor. Es un parámetro directamente proporcional al flujo de entrada siempre y cuando el volumen del reactor sea constante.

$$D[1/días] = \frac{Flujo_{entrada}[m^3/día]}{Volumen_{neto_{reactor}}[m^3]}$$





## Capítulo 2: Modelamiento matemático del proceso de digestión anaerobia

### 2.1 Introducción al modelamiento de digestión anaerobia

Como se explicó en el capítulo anterior, la digestión anaerobia tiene básicamente 4 etapas: hidrólisis, acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis. Es así que la estructura y complejidad depende del número de etapas que se consideren, como se puede comparar en la figura 3.

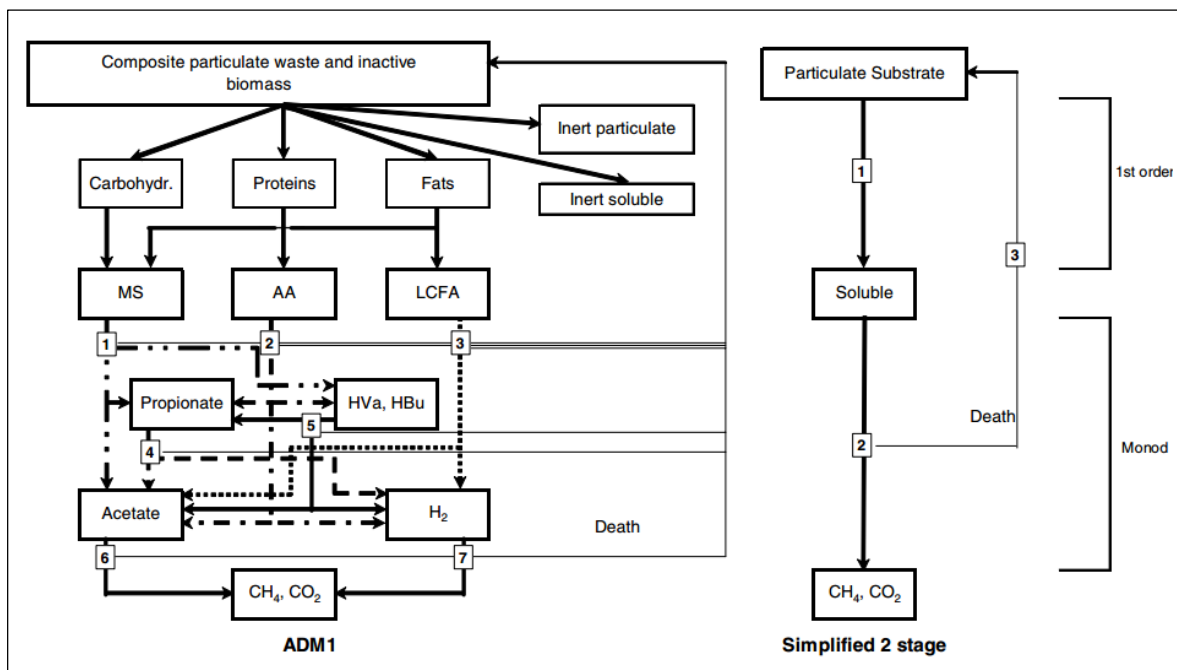


Figura 3: Izquierda: Modelo ADM1 considera 5 etapas, posee 19 procesos y 26 variables de estado. Derecha: Modelo simplificado de 2 etapas, posee tres procesos (hidrólisis, consumo y decaimiento) y alternativamente 3 o 4 variables de estado.

Fuente: Tomado de [4].

Con respecto a los tipos de modelos, [5] los clasifica en 3 tipos.

1. **Exclusivos:** Estos modelos tienen solamente una etapa limitante, por tanto son muy simples y similares entre sí, ya que poseen una cinética de primer orden o de Monod [5].
2. **Minimalistas:** Poseen un mínimo número de etapas requeridas para un propósito específico. Están destinados para aplicaciones analíticas y de control (como el modelo AM2 [22]) o para fines de desarrollo de instrumentación.
3. **Inclusivos:** Estos modelos incluyen todos los procesos y componentes encontrados en la digestión anaerobia de un sustrato sea simple o complejo. En el caso de tratamiento de aguas residuales existen principalmente dos modelos de este tipo: el modelo ADM1 [1] y el modelo de Siegrist [23].

El diseño como finalidad del modelamiento está relacionado a los costos de capital de una planta, así que esto lo convierte en una razón importante para los modeladores. Para esta aplicación se han venido usando modelos con cinética de primer orden de una sola etapa (exclusivos). Sin embargo, los procesos de tasa alta requieren que estos modelos contemplen como mínimo dos etapas para evaluar la hidrólisis y la bioconversión de los microorganismos. Estos modelos de dos etapas no predicen la concentración de metano o el nivel de pH sin efectuar un gran número de supuestos. Sin embargo, son capaces de predecir los ácidos grasos volátiles y la mezcla entre la fracción soluble y particulada del efluente [5].

El análisis operacional y desarrollo de nuevas tecnologías está ligado a la optimización de la estabilidad del reactor y a la predicción de subproductos indeseables. Por tanto se debe usar un modelo complejo (inclusivos), que contemple la mayor parte de procesos y variables de estado. Asimismo existen extensiones para los modelos inclusivos, por ejemplo cuando se desea analizar los solubles inertes en el sustrato o la sulfato reducción del sulfuro de hidrógeno ( $H_2S$ ). Sin embargo cuando la finalidad va más destinada al control del proceso y a su instrumentación, entonces se debe optar por modelos un poco más simples como los modelos minimalistas [5].

En este estudio se modelará el proceso de digestión anaerobia de residuos de origen agrícola. Un primer modelo estará destinado al análisis del proceso y el segundo modelo al control del proceso de digestión anaerobia. Por tanto se utilizará como modelo inclusivo el ADM1 y como modelo minimalista una modificación del modelo AM2. A continuación veremos aspectos generales del modelamiento de procesos de digestión anaerobia y posteriormente cada uno de los modelos mencionados.

## 2.2 Modelamiento general del proceso

La digestión anaerobia se modela mediante un balance de masa en el recipiente (reactor) donde se lleva a cabo el proceso. A continuación se hace el análisis para un proceso continuo, el cual se representa en la figura 4.

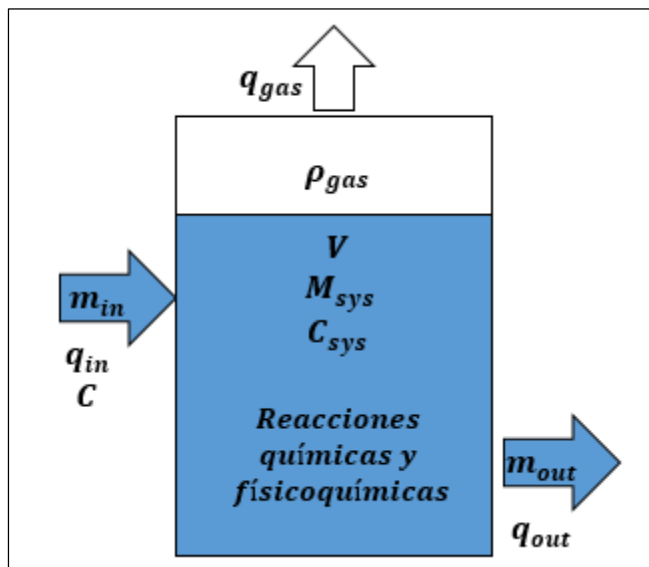


Figura 4: Balance de masa de reactor de digestión anaerobia.  
Fuente: Adaptada de [1].

Dentro del reactor existen dos fases, la fase líquida, en la cual se encuentra el sustrato y los microorganismos y la fase gaseosa en la cabecera del reactor, en la que se encuentra el biogás producido.

Existen un flujo de entrada y salida de sustrato ( $q_{in}$ ,  $q_{out}$ ). Dependiendo de la naturaleza del sustrato, este posee concentraciones de componentes solubles y/o particulados. Así también existe un flujo de salida del biogás ( $q_{gas}$ ).

El sustrato que ingresa al reactor es sometido a la cadena de procesos bioquímicos y fisicoquímicos descritos en el apartado 1.3, mediante los cuales son convertidos en biogás y en materia orgánica degradada. Teniendo en cuenta esto, el balance de masa, más elemental, para el reactor donde se da el proceso de digestión anaerobia se puede representar en la ecuación 2.1.

$$\frac{dM_{sys}}{dt} = m_{in} - m_{out} + r \dots (2.1)$$

Donde:

$M_{sys}$ : Masa en el reactor

$m_{in}, m_{out}$ : Flujo másico a la entrada y a la salida.

$r$ : Tasa total de generación.

Esta ecuación describe la variación de masa en el reactor, la que es igual al flujo másico a la entrada, menos el flujo másico a la salida y a esto se adiciona la tasa total de generación/consumo, que resulta de las reacciones del proceso de digestión anaerobia. Esta tasa total de generación es la suma de todas las diferentes tasas que influyen en el componente que está siendo modelado [5].

$$r = \sum_1^n \rho_i \dots\dots(2.2)$$

Donde  $\rho_i$  es la i-ésima tasa de conversión.

Si consideramos que la fase líquida está completamente diluida y que los cambios en la concentración de los componentes no tienen ninguna influencia en el volumen, además, teniendo en cuenta que el reactor está perfectamente mezclado, se puede asumir que la concentración de un componente a la salida es la misma que la del componente dentro de la fase líquida del reactor. Entonces, a partir de la ecuación 2.1 se deduce el balance de masa para cada uno de los componentes del sustrato.

$$\frac{dV S_{sys}}{dt} = q_{in} \cdot S - q_{out} \cdot S_{sys} + V \cdot r_c \dots\dots(2.3)$$

Donde:

$V$ : Volumen de la fase líquida.

$S$ : Concentración del componente del sustrato a la entrada del reactor

$S_{sys}$ : Concentración del componente en la fase líquida.

$r_c$ : Tasa total de generación de componente (es negativa si el componente es consumido)

### 2.2.1 Tasa total de generación ( $r_c$ )

Es este componente el que le da complejidad al modelo. Y el que convierte el proceso en no-lineal.

La forma matemática de este componente depende del grado de precisión que se quiera tener en el modelo, del nivel de conocimiento que se tenga acerca de la naturaleza de los procesos bioquímicos que se llevan a cabo, y del nivel de sofisticación tecnológica que se tenga para la validación de los coeficientes de estos parámetros.

Cabe tener en cuenta también que cada uno de los procesos vistos en el apartado 1.3 tiene una tasa de generación y que cada tasa puede ser representada de una forma matemática diferente. Siendo la tasa total la sumatoria de todas estas tasas (ver ecuación 2.2). Por ejemplo en el modelo ADM1[1], el cual será estudiando más adelante, la tasa total de generación para los monosacáridos se representa como la sumatoria de las tasas de la hidrólisis de carbohidratos, la tasa de hidrólisis de los lípidos y la tasa de consumo de azúcares, ver ecuación 2.4.

$$r_{monosach} = \underbrace{k_{hyd,ch} \cdot X_{ch}}_{\text{Hidrólisis de carbohidratos}} + \underbrace{(1 - f_{fa,li}) \cdot k_{hyd,li} \cdot X_{li}}_{\text{Hidrólisis de lípidos}} - \underbrace{k_{m,su} \cdot \mu \cdot X_{su} \cdot I_{ms}}_{\text{Consumo de azúcares}} \dots (2.4)$$

Donde:

$k_{hyd,ch}$ : Coeficiente bioquímico de hidrólisis de carbohidratos

$X_{ch}$ : Concentración de carbohidratos particulados

$f_{fa,li}$ : Coeficiente estequiométrico de la generación de ácidos grasos a partir de lípidos

$k_{hyd,li}$ : Coeficiente bioquímico de hidrólisis de lípidos

$k_{m,su}$ : Coeficiente bioquímico del consumo de azúcares

$X_{su}$ : Concentración de azúcares particulados

$I_{ms}$ : Coeficiente de inhibición de monosacáridos

$\mu$ : Tasa de crecimiento específico

A continuación nos vamos a enfocar en la forma del tercer sumando de la ecuación. Esta forma es la más usada para representar la tasa total de generación. En este sumando analizaremos la tasa de crecimiento específico de los microorganismos ( $\mu$ ), porque es el que le da la no linealidad a los modelos de digestión anaerobia. Los demás elementos se atenderán más adelante en el desarrollo del modelo ADM1.

### 2.2.2 Tasa de crecimiento específico

Esta tasa es la velocidad con la que evoluciona la población de microorganismos anaerobios, responsables del consumo o producción del componente en estudio del sustrato. Existen numerosos modelos para esta tasa. El primer modelo para describir la no-linealidad entre la tasa de crecimiento específico y la concentración del sustrato, fue propuesto por Jackes Monod en 1940, la ecuación que formuló es la 2.5.

$$\mu = \mu_{max} \cdot \frac{S}{k_s + S} \dots (2.5)$$

Donde:

$\mu$ : Tasa de crecimiento específico

$\mu_{max}$ : Tasa máxima de crecimiento específico

$k_s$ : Coeficiente de velocidad media

$S$ : Concentración del componente en estudio

De acuerdo con la ecuación 2.5, la tasa aumenta rápidamente para bajas concentraciones del componente y más lentamente a altas concentraciones, hasta alcanzar un límite, la máxima tasa de crecimiento específico ( $\mu_{max}$ ). La constante de Monod o coeficiente de velocidad media ( $k_s$ ), es la concentración del componente del sustrato a la cual la tasa de crecimiento es la mitad de la tasa máxima [24]. Esto se ilustra en la figura 5.

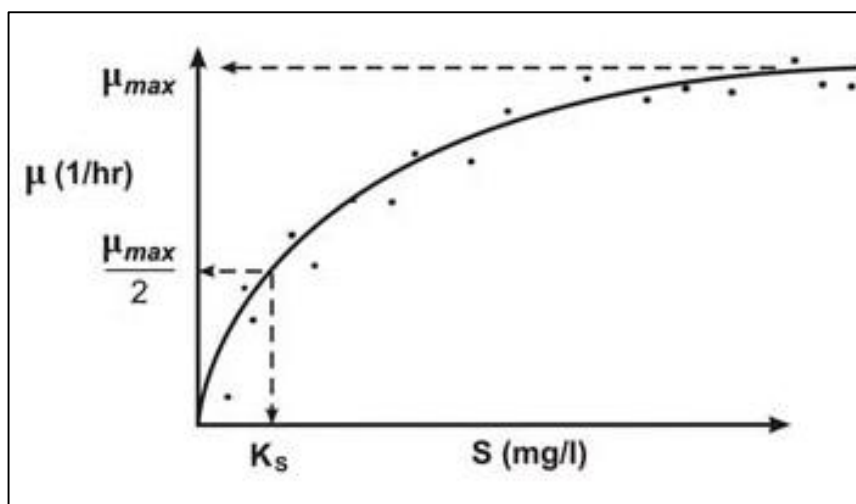


Figura 5: Tasa de crecimiento específico de microorganismos, según Monod.  
Fuente: Tomada de [www.cs.montana.edu](http://www.cs.montana.edu)

En el modelo de Monod la tasa aumenta hasta alcanzar un máximo, sin embargo, en un proceso real esta tasa disminuye debido a inhibiciones. Un modelo de este tipo muy aceptado es el modelo de Haldane, el cual contempla inhibición por elevada concentración del mismo componente del sustrato en estudio, ver ecuación 2.6.

$$\mu = \frac{\mu_{max} \cdot S}{k_s + S + \frac{S^2}{K_i}} \dots (2.6)$$

Donde:

- $\mu$ : Tasa de crecimiento específico
- $\mu_{max}$ : Tasa máxima de crecimiento específico
- $k_s$ : Coeficiente de velocidad media
- $S$ : Concentración del componente en estudio
- $k_i$ : Coeficiente de inhibición

En este modelo, la tasa de crecimiento específico ( $\mu$ ) alcanza un máximo ( $\mu_{max}$ ) a una determinada concentración, pero al incrementar la concentración del componente, este se comporta como un inhibidor provocando la disminución progresiva de la tasa de crecimiento, ver figura 6.

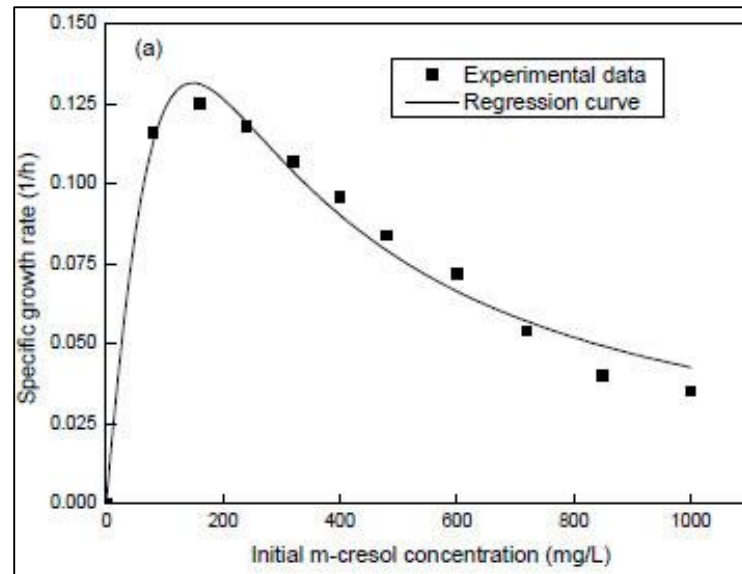


Figura 6: Tasa de crecimiento específico, según Haldane.  
Fuente: Tomada de <http://www.scielo.org.za>

Otros modelos de tasa de crecimiento resaltantes son los que se muestran en la tabla 6. Para un mayor estudio acerca de las tasas de crecimiento revisar [24], [6].

**Tabla 6.** Modelos cinéticos de tasa de crecimiento específico usados en tratamiento anaerobio

<b>First-order</b>	$\mu = \frac{kS}{S_0 - S} - b; \quad \frac{-dS}{dt} = kS; \quad S = \frac{S_0}{1 + k\theta_0}$
<b>Grau et al.</b>	$\mu = \frac{\hat{\mu}S}{S_0} - b; \quad \frac{-dS}{dt} = \frac{\hat{\mu}XS}{YS_0}; \quad S = \frac{S_0(1 + b\theta_0)}{\hat{\mu}\theta_0}$
<b>Monod</b>	$\mu = \frac{\hat{\mu}S}{K_s + S} - b; \quad \frac{-dS}{dt} = \frac{\hat{\mu}XS}{Y(K_s + S)}; \quad S = \frac{K_s(1 + b\theta_0)}{\theta_0(\hat{\mu} - b) - 1}$
<b>Contois</b>	$\mu = \frac{u_m S}{BX + S} - b; \quad \frac{-dS}{dt} = \frac{u_m XS}{Y(BX + S)}$ $S = \frac{BYS_0(1 + b\theta_0)}{BY(1 + b\theta_0) + \theta_0(u_m - b) - 1}$
<b>Chen and Hashimoto</b>	$\mu = \frac{\hat{\mu}S}{KS_0 + (1 - K)S} - b; \quad \frac{-dS}{dt} = \frac{\hat{\mu}XS}{KX + YS}$ $S = \frac{KS_0(1 + b\theta_0)}{(K - 1)(1 + b\theta_0) + \hat{\mu}\theta_0}$

Fuente: Tomado de [6].

### 2.3 Modelamiento de la digestión anaerobia

En este apartado en primer lugar se hará una descripción del modelo ADM1, el cual es ampliamente difundido y utilizado como referencia a nivel internacional para la digestión anaerobia, tanto en el mundo académico, como industrial [1].

Posteriormente se ha realizado la implementación en Simulink (MatLab®) del modelo ADM1.

A continuación se realizó una validación dinámica de manera gráfica de la implementación en Simulink con respecto al *package* implementado por Christian Rosen y Ulf Jeppsson [13]. Este *package* es usado como referencia cuando se desea comparar nuevas implementaciones del modelo ADM1. Cabe mencionar que a diferencia del *package* de Rosen and Jeppsson, la implementación de este estudio posee entradas variables.

Finalmente con el objetivo de la aplicación de técnicas de control se obtuvo un modelo simple a partir de la implementación del ADM1 en Simulink y se realizó la validación, siguiendo el procedimiento sugerido por [2].

#### 2.3.1 Modelo Anaerobic Digestion Model N° 1 (ADM1)

Este es el modelo más completo sobre el proceso de digestión anaerobia. Fue elaborado por el *IWA Task Group for Mathematical Modelling of Anaerobic Digestion Processes* en el año 2012. El modelo es estructurado con las etapas de desintegración, hidrólisis, acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis. La solubilización extracelular está dividida en dos etapas subsecuentes: desintegración e hidrólisis. La primera es en gran parte no biológica y convierte el sustrato particulado compuesto en componentes inertes, carbohidratos particulados, proteínas y lípidos. La segunda es una hidrólisis enzimática de los carbohidratos particulados, proteínas y lípidos a monosacáridos, aminoácidos y LCFA respectivamente. La desintegración describe la degradación de material particulado compuesto con características agrupadas, mientras la hidrólisis describe la degradación de sustratos bien definidos o relativamente puros como celulosa, almidón y proteínas alimenticias. Tanto la hidrólisis como la desintegración son representados por ecuaciones cinéticas de primer orden [1].

En la etapa de acidogénesis, dos grupos de microorganismos degradan por separado los monosacáridos y aminoácidos para obtener una combinación de ácidos orgánicos, hidrógeno y dióxido de carbono. Subsecuentemente, en la acetogénesis los ácidos orgánicos son convertidos en acetato, hidrógeno y dióxido de carbono por grupos de microorganismos acetogénicos que utilizan LCFA, butirato, valerato y propionato. Posteriormente, en la última etapa llamada metanogénesis, el hidrógeno producido en la etapa anterior es consumido por microorganismos hidrogenotróficos y el acetato por microorganismos acetoclásticos para producir metano. La cinética de Monod para el consumo basado en sustrato es usada como base para todas las reacciones bioquímicas intracelulares. La mortalidad de los microorganismos está representada por ecuaciones cinéticas de primer orden y los microorganismos muertos son mantenidos en el sistema



como un material particulado compuesto. El modelo incluye inhibición por pH (para todos los grupos de microorganismos), inhibición por hidrógeno (para microorganismos acetogénicos) e inhibición por amonio libre para el grupo de microorganismos acetoclásticos. La inhibición por pH es implementada mediante ecuaciones empíricas, mientras que la inhibición por hidrógeno y amoniaco libre son representadas por funciones no competitivas. Otras funciones inhibitoras reguladoras del consumo son ecuaciones con la cinética de Monod para el nitrógeno inorgánico (amoniaco y amonio), para prevenir el crecimiento cuando el nitrógeno es limitado y son de la forma competitiva para el grupo de microorganismos que consume de butirato y valerato al mismo tiempo [1].

Los procesos físico-químicos son descritos mediante reacciones ácido-base (para calcular concentraciones de iones hidrógeno, amoniaco libre y dióxido de carbono) y tasas de transferencia líquido-gas. No están incluida la precipitación de sólidos [1].

El modelo ADM1 fue concebido como un modelo genérico, por tanto trata de ser lo más aplicable posible para los procesos de digestión anaerobia, sin embargo no será tan preciso como ciertos modelos desarrollados para alguna aplicación específica. Además ha sido limitado a los subprocesos más relevante que ocurren en el proceso de digestión anaerobia. Esto hace que ciertos aspectos del proceso natural no hayan sido incluidos. Sin embargo la concepción de un modelo genérico para un proceso tan complejo nos da las siguientes ventajas [1] :

- Incremento de la aplicación de modelamiento para el diseño de plantas en gran escala, operación y optimización.
- Promoción del desarrollo de trabajos en optimización y control del proceso con el objetivo de implementación en plantas de gran escala.
- Bases comunes para el posterior desarrollo de modelos y estudios de validación para hacer los resultados más comparables y compatibles.
- Transferencia de asistencia tecnológica desde el campo académico al industrial.

A continuación describiremos los procesos agrupados en bioquímicos y fisicoquímicos, tal como lo presenta [1], sin embargo, en la representación matemática se considerarán las modificaciones al modelo ADM1 realizadas en [13].

### **2.3.1.1 Procesos bioquímicos**

Ocurren en la fase líquida. La concentración de cada componente de la fase líquida es una variables de estado dinámico. El modelo contempla 24 variables dinámicas de estado en la fase líquida.

**Tabla 7.** Variables de estado dinámico de la fase líquida

Componentes solubles			Componentes particulados		
i	Estado	Descripción	i	Estado	Descripción
1	S <sub>su</sub>	Concentración de monosacáridos	13	X <sub>c</sub>	Concentración de compuestos
2	S <sub>aa</sub>	Concentración de aminoácidos	14	X <sub>ch</sub>	Concentración de carbohidratos
3	S <sub>fa</sub>	Concentración de LCFA	15	X <sub>pr</sub>	Concentración de proteínas
4	S <sub>va</sub>	Concentración de valerato	16	X <sub>li</sub>	Concentración de lípidos
5	S <sub>bu</sub>	Concentración de butirato	17	X <sub>su</sub>	Concentración de microorganismos degradadores de azúcares
6	S <sub>pro</sub>	Concentración de propianato	18	X <sub>aa</sub>	Concentración de microorganismos degradadores de aminoácidos
7	S <sub>ac</sub>	Concentración de acetato	19	X <sub>fa</sub>	Concentración de microorganismos degradadores de LCFA
8	S <sub>h2</sub>	Concentración de hidrógeno	20	X <sub>c4</sub>	Concentración de microorganismos degradadores de butirato y valerato
9	S <sub>ch4</sub>	Concentración de metano	21	X <sub>pro</sub>	Concentración de microorganismos degradadores de propianato
10	S <sub>IC</sub>	Concentración de carbono inorgánico	22	X <sub>ac</sub>	Concentración de microorganismos degradadores de acetato
11	S <sub>IN</sub>	Concentración de nitrógeno inorgánico	23	X <sub>h2</sub>	Concentración de microorganismos degradadores de hidrógeno
12	S <sub>I</sub>	Concentración de solubles inertes	24	X <sub>I</sub>	Concentración de particulados inertes

**Fuente:** Adaptado de [9]

Cada estado es sometido a la ecuación de balance de masa 2.3. Con la condición de que el sistema tiene flujo de entrada igual al flujo de salida y además el sistema es de volumen constante. Por tanto 2.3 se modifica.

$$\frac{dC_i}{dt} = \frac{q_{input}}{V_{liq}} \cdot (C_{i,input} - C_i) + \sum_{j=1-19} v_{i,j} \cdot \rho_j \dots (2.7)$$

Donde:

$C_i$ : Concentración del i-ésimo componente en fase líquida del reactor.

$q_{input}$ : Flujo de entrada en reactor.

$V_{liq}$ : Volumen de fase líquida.

$C_{i,input}$ : Concentración de entrada del i-ésimo componente.

$v_{i,j}$ : Coeficiente estequiométrico del i-ésimo componente en el j-ésimo proceso cinético.

$\rho_j$ : J-ésimo proceso cinético.

Como se mencionó en el apartado 2.2, la variación de la concentración de uno de los componentes en un sistema continuo y cerrado está determinado por la masa de ingreso del componente, la presencia de masa en el sistema y la generación/consumo del componente dentro del sistema a través de la sumatoria de reacciones a las que es sometido. Las reacciones de generación/consumo de cada componente de la tabla 7, implican tasas de reacción y procesos de inhibición. Estas tasas y proceso de inhibición se presentan en las tablas de 8 a 13.

**Tabla 8:** Ecuaciones de tasas cinéticas

<b>j</b>	<b>Proceso</b>	<b>Tasa cinética del proceso</b>
1	Desintegración	$\rho_1 = k_{dis} \cdot X_c$
2	Hidrólisis de carbohidratos	$\rho_2 = k_{hyd,ch} \cdot X_{ch}$
3	Hidrólisis de proteínas	$\rho_3 = k_{hyd,pr} \cdot X_{pr}$
4	Hidrólisis de lípidos	$\rho_4 = k_{hyd,li} \cdot X_{li}$
5	Degradación de azúcares	$\rho_5 = k_{m,su} \cdot \frac{S_{su}}{K_{S,su} + S_{su}} \cdot X_{su} \cdot I_5$
6	Degradación de aminoácidos	$\rho_6 = k_{m,aa} \cdot \frac{S_{aa}}{K_{S,aa} + S_{aa}} \cdot X_{aa} \cdot I_6$
7	Degradación de LCFA	$\rho_7 = k_{m,fa} \cdot \frac{S_{fa}}{K_{S,fa} + S_{fa}} \cdot X_{fa} \cdot I_7$
8	Degradación de valerato	$\rho_8 = k_{m,c4} \cdot \frac{S_{va}}{K_{S,c4} + S_{va}} \cdot X_{c4} \cdot \frac{S_{va}}{S_{bu} + S_{va} + 10^{-6}} \cdot I_8$
9	Degradación de butirato	$\rho_9 = k_{m,c4} \cdot \frac{S_{bu}}{K_{S,c4} + S_{bu}} \cdot X_{c4} \cdot \frac{S_{bu}}{S_{va} + S_{bu} + 10^{-6}} \cdot I_9$
10	Degradación de propianato	$\rho_{10} = k_{m,pro} \cdot \frac{S_{pro}}{K_{S,pro} + S_{pro}} \cdot X_{pro} \cdot I_{10}$
11	Degradación de acetato	$\rho_{11} = k_{m,ac} \cdot \frac{S_{ac}}{K_{S,ac} + S_{ac}} \cdot X_{ac} \cdot I_{11}$
12	Degradación de hidrógeno	$\rho_{12} = k_{m,h2} \cdot \frac{S_{h2}}{K_{S,h2} + S_{h2}} \cdot X_{h2} \cdot I_{12}$
13	Decaimiento de degradadores de azúcares	$\rho_{13} = k_{dec,xsu} \cdot X_{su}$
14	Decaimiento de degradadores de aminoácidos	$\rho_{14} = k_{dec,xaa} \cdot X_{aa}$
15	Decaimiento de degradadores de LCFA	$\rho_{15} = k_{dec,xfa} \cdot X_{fa}$
16	Decaimiento de degradadores de butirato y valerato	$\rho_{16} = k_{dec,xc4} \cdot X_{c4}$
17	Decaimiento de degradadores de propianato	$\rho_{17} = k_{dec,xpro} \cdot X_{pro}$
18	Decaimiento de degradadores de acetato	$\rho_{18} = k_{dec,xac} \cdot X_{ac}$
19	Decaimiento de degradadores de hidrógeno	$\rho_{19} = k_{dec,xh2} \cdot X_{h2}$

**Fuente:** Adaptado de [13]

**Tabla 9.** Factores de inhibición para procesos bioquímicos en fase líquida

Inhibición para acidogénesis	$I_{5,6} = I_{pH,aa} \cdot I_{IN,lim}$
Inhibición de acetogénesis de LCFA	$I_7 = I_{pH,aa} \cdot I_{IN,lim} \cdot I_{h2,fa}$
Inhibición de acetogénesis de butirato y valerato	$I_{8,9} = I_{pH,aa} \cdot I_{IN,lim} \cdot I_{h2,c4}$
Inhibición de acetogénesis de propianato	$I_{10} = I_{pH,aa} \cdot I_{IN,lim} \cdot I_{h2,pro}$
Inhibición de metanogénesis acetoclástica	$I_{11} = I_{pH,ac} \cdot I_{IN,lim} \cdot I_{nh3}$
Inhibición de metanogénesis hidrogenotrófica	$I_{12} = I_{pH,h2} \cdot I_{IN,lim}$

**Fuente:** Adaptado de [13].**Tabla 10.** Factores de inhibición por variación de pH en fase líquida

Inhibición de degradadores de aminoácidos	$I_{pH,aa} = \frac{pH^{11}}{pH^{11} + 10^{-11} \left( \frac{pH_{LL} + pH_{UL}}{2} \right)}$
Inhibición de degradadores de acetato	$I_{pH,ac} = \frac{pH^{22}}{pH^{22} + 10^{-22} \left( \frac{pH_{LL} + pH_{UL}}{2} \right)}$
Inhibición de degradadores de hidrógeno	$I_{pH,h2} = \frac{pH^{22}}{pH^{22} + 10^{-22} \left( \frac{pH_{LL} + pH_{UL}}{2} \right)}$

**Fuente:** Adaptado de [13].**Tabla 11.** Factores de inhibición no competitiva por presencia de hidrógeno

Inhibición de degradadores de LCFA	$I_{h2,fa} = \frac{1}{1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,fa}}}$
Inhibición de degradadores de butirato y valerato	$I_{h2,c4} = \frac{1}{1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,c4}}}$
Inhibición de degradadores de propianato	$I_{h2,pro} = \frac{1}{1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,pro}}}$

**Fuente:** Adaptado de [13].

**Tabla 12.** Factores de inhibición por presencia de amoniaco libre y por nitrógeno orgánico limitante

Inhibición no competitiva por amoniaco libre	$I_{nh3} = \frac{1}{1 + \frac{S_{nh3}}{K_{I,nh3}}}$
Inhibición por nitrógeno inorgánico limitante	$I_{IN,lim} = \frac{1}{1 + \frac{K_{S,IN}}{S_I}}$

**Fuente:** Adaptado de [13].

La ecuaciones diferenciales que satisfacen el balance de masa de 2.7 para cada estado de la tabla 7, se presentan mediante matrices de Peterson en [1]. Para una mejor comprensión del modelo se presentan estas 24 ecuaciones diferenciales en las tablas 14 y 15.

**Tabla 13.** Ecuaciones diferenciales para sustratos solubles en fase líquida.

Azúcares:	$\frac{dS_{su}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{su,in} - S_{su}) + \rho_2 + (1 - f_{fa,li}) \cdot \rho_4 + \rho_5$
Aminoácidos:	$\frac{dS_{aa}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{aa,in} - S_{aa}) + \rho_3 - \rho_6$
LCFA:	$\frac{dS_{fa}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{fa,in} - S_{fa}) + f_{fa,li} \cdot \rho_4 - \rho_7$
Valerato:	$\frac{dS_{va}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{va,in} - S_{va}) + (1 - Y_{aa}) \cdot f_{va,aa} \cdot \rho_4 - \rho_8$
Butirato:	$\frac{dS_{bu}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{bu,in} - S_{bu}) + (1 - Y_{su}) \cdot f_{bu,su} \cdot \rho_5 + (1 - Y_{aa}) \cdot f_{bu,aa} \cdot \rho_6 - \rho_9$
Propionato:	$\frac{dS_{pro}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{pro,in} - S_{pro}) + (1 - Y_{su}) \cdot f_{pro,su} \cdot \rho_5 + (1 - Y_{aa}) \cdot f_{pro,aa} \cdot \rho_6 + (1 - Y_{c4}) \cdot (0.58) \cdot \rho_8 - \rho_{10}$

**Tabla 14.** Ecuaciones diferenciales para sustratos solubles en fase líquida (continuación)

<p>Acetato:</p> $\frac{dS_{ac}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{ac,in} - S_{ac}) + (1 - Y_{su}) \cdot f_{ac,su} \cdot \rho_5 + (1 - Y_{aa}) \cdot f_{ac,aa} \cdot \rho_6 + (1 - Y_{fa}) \cdot (0.7) \cdot \rho_7 + (1 - Y_{c4}) \cdot (0.31) \cdot \rho_8 + (1 - Y_{c4}) \cdot (0.31) \cdot \rho_9 + (1 - Y_{pro}) \cdot (0.57) \cdot \rho_{10} - \rho_{11}$
<p>Hidrógeno:</p> $\frac{dS_{h2}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{h2,in} - S_{h2}) + (1 - Y_{su}) \cdot f_{h2,su} \cdot \rho_5 + (1 - Y_{aa}) \cdot f_{h2,aa} \cdot \rho_6 + (1 - Y_{fa}) \cdot (0.3) \cdot \rho_7 + (1 - Y_{c4}) \cdot (0.15) \cdot \rho_8 + (1 - Y_{c4}) \cdot (0.2) \cdot \rho_9 + (1 - Y_{pro}) \cdot (0.43) \cdot \rho_{10} - \rho_{12} - \rho_{T,8}$
<p>Metano:</p> $\frac{dS_{ch4}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{ch4,in} - S_{ch4}) + (1 - Y_{ac}) \cdot \rho_{11} + (1 - Y_{h2}) \cdot \rho_{12} - \rho_{T,9}$
<p>Carbón Inorgánico</p> $\frac{dS_{IC}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{IC,in} - S_{IC}) - \sum_{j=1}^{19} \left( \sum_{i=1-9,11-24} C_i \cdot v_{i,j} \cdot \rho_j \right) - \rho_{T,10}$ <p>Donde:</p> $\sum_{j=1}^{19} \left( \sum_{i=1-9,11-24} C_i \cdot v_{i,j} \cdot \rho_j \right) = \sum_{k=1}^{12} s_k \cdot \rho_k + s_{13} \cdot (\rho_{13} + \rho_{14} + \rho_{15} + \rho_{16} + \rho_{17} + \rho_{18} + \rho_{19})$ <p>Además:</p> $s_1 = -C_{cx} + f_{sl,xc} \cdot C_{sl} + f_{ch,xc} \cdot C_{ch} + f_{pr,xc} \cdot C_{pr} + f_{li,xc} \cdot C_{li} + f_{xl,xc} \cdot C_{xl}$ $s_2 = -C_{ch} + C_{su}$ $s_3 = -C_{pr} + C_{aa}$ $s_4 = -C_{li} + (1 - f_{fa,li}) \cdot C_{su} + f_{fa,li} \cdot C_{fa}$ $s_5 = -C_{su} + (1 - Y_{su}) \cdot (f_{bu,su} \cdot C_{bu} + f_{pro,su} \cdot C_{pro} + f_{ac,su} \cdot C_{ac}) + Y_{su} \cdot C_{bac}$ $s_6 = -C_{aa} + (1 - Y_{aa}) \cdot (f_{va,aa} \cdot C_{va} + f_{bu,aa} \cdot C_{bu} + f_{pro,aa} \cdot C_{pro} + f_{ac,aa} \cdot C_{ac}) + Y_{aa} \cdot C_{bac}$ $s_7 = -C_{fa} + (1 - Y_{fa}) \cdot (0.7) \cdot C_{ac} + Y_{fa} \cdot C_{bac}$ $s_8 = -C_{va} + (1 - Y_{c4}) \cdot (0.54) \cdot C_{pro} + (1 - Y_{c4}) \cdot (0.31) \cdot C_{ac} + Y_{c4} \cdot C_{bac}$ $s_9 = -C_{bu} + (1 - Y_{c4}) \cdot (0.8) \cdot C_{ac} + Y_{c4} \cdot C_{bac}$ $s_{10} = -C_{pro} + (1 - Y_{pro}) \cdot (0.57) \cdot C_{ac} + Y_{pro} \cdot C_{bac}$ $s_{11} = -C_{ac} + (1 - Y_{ac}) \cdot C_{ch4} + Y_{ac} \cdot C_{bac}$ $s_{12} = (1 - Y_{h2}) \cdot C_{ch4} + Y_{h2} \cdot C_{bac}$ $s_{13} = -C_{bac} + C_{xc}$
<p>Nitrógeno Inorgánico:</p> $\frac{dS_{IN}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{IN,in} - S_{IN}) - Y_{su} \cdot N_{bac} \cdot \rho_5 + (N_{aa} - Y_{aa} \cdot N_{bac}) \cdot \rho_6 - Y_{fa} \cdot N_{bac} \cdot \rho_7 - Y_{c4} \cdot N_{bac} \cdot \rho_8 - Y_{c4} \cdot N_{bac} \cdot \rho_9 - Y_{pro} \cdot N_{bac} \cdot \rho_{10} - Y_{ac} \cdot N_{bac} \cdot \rho_{11} + Y_{h2} \cdot N_{bac} \cdot \rho_{12} + (N_{bac} - N_{xc}) \cdot \sum_{i=1}^{19} \rho_i + (N_{xc} - f_{xl,xc} \cdot N_l - f_{pr,xc} \cdot N_{aa}) \cdot \rho_1$
<p>Solubles Inertes:</p> $\frac{dS_I}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{I,in} - S_I) - f_{sl,xc} \cdot \rho_6$

**Fuente:** Adaptado de [13].

**Tabla 14:** Ecuaciones diferenciales para sustratos particulados en fase líquida

Compuestos:	$\frac{dX_c}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{c,in} - X_c) - \rho_1 + \sum_{i=13}^{19} \rho_i$
Carbohidratos:	$\frac{dX_{ch}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{ch,in} - X_{ch}) + f_{ch,xc} \cdot \rho_1 - \rho_2$
Proteínas:	$\frac{dX_{pr}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{pr,in} - X_{pr}) + f_{pr,xc} \cdot \rho_1 - \rho_3$
Lípidos:	$\frac{dX_{li}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{li,in} - X_{li}) + f_{li,xc} \cdot \rho_1 - \rho_4$
Degradadores de azúcares:	$\frac{dX_{su}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{su,in} - X_{su}) + Y_{su} \cdot \rho_5 - \rho_{13}$
Degradadores de aminoácidos:	$\frac{dX_{aa}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{aa,in} - X_{aa}) + Y_{aa} \cdot \rho_6 - \rho_{14}$
Degradadores de LCFA:	$\frac{dX_{fa}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{fa,in} - X_{fa}) + Y_{fa} \cdot \rho_7 - \rho_{15}$
Degradadores de butirato y valerato:	$\frac{dX_{c4}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{c4,in} - X_{c4}) + Y_{c4} \cdot \rho_8 + Y_{c4} \cdot \rho_9 - \rho_{16}$
Degradadores de propionato:	$\frac{dX_{pro}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{pro,in} - X_{pro}) + Y_{pro} \cdot \rho_{10} - \rho_{17}$
Degradadores de acetato:	$\frac{dX_{ac}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{ac,in} - X_{ac}) + Y_{ac} \cdot \rho_{11} - \rho_{18}$
Degradadores de hidrógeno:	$\frac{dX_{h2}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{h2,in} - X_{h2}) + Y_{h2} \cdot \rho_{12} - \rho_{19}$
Particulados Inertes:	$\frac{dX_I}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (X_{I,in} - X_I) + f_{xI,xc} \cdot \rho_1$

**Fuente:** Adaptado de [13]

### 2.3.1.2 Procesos fisicoquímicos

Son procesos en los que no intervienen microorganismos. Pueden ser agrupados en tres grandes tipos [1].

1. Procesos líquido-líquido (asociación/disociación de iones: velocidad rápida)
2. Procesos líquido-base (Transferencia líquido-gas: velocidad rápida/media)
3. Procesos líquido-sólido (precipitación/solubilización: velocidad media/lenta)

Sin embargo en el modelo ADM1 solamente los dos primeros han sido considerados. La importancia de la inclusión de los procesos fisicoquímicos en el modelamiento de digestión anaerobia radica en lo siguiente.

- Los factores de inhibición biológica pueden ser expresados, como por ejemplo pH, concentración de ácidos y bases libres, concentraciones de gases solubles en la fase líquida.
- Las principales variables de rendimiento, como flujo de gas y alcalinidad dependen de la correcta estimación de los procesos fisicoquímicos.
- Frecuentemente el mayor costo de operación es el control de pH con adición de ácidos o bases fuertes, por tanto el control del *setpoint* y las entradas son calculadas a partir de la estimación fisicoquímica.

#### **Proceso líquido-líquido: reacciones ácido-base**

Debido a que los procesos de asociación/disociación son muy rápidos, frecuentemente están referidos como procesos en equilibrio y pueden ser representados mediante ecuaciones algebraicas [1]. Es por ello que la concentración de los iones hidrogenión, el balance de carga, así como otros componentes son representados mediante ecuaciones algebraicas, ver tabla 16.

**Tabla 15.** Ecuaciones algebraicas de fase líquida-líquida

Balace de cargas	$\sum S_{C^+} - \sum S_{A^-} =$ $S_{cat^+} + S_{nh4^+} + S_{H^+} - S_{hco3^-} - \frac{S_{ac^-}}{64} - \frac{S_{pro^-}}{112} - \frac{S_{bu^-}}{160} - \frac{S_{va^-}}{208} - \frac{K_w}{S_{H^+}} - S_{an^-} = 0$
Concentración de hidrogeniones	$S_{H^+} = -\frac{\theta}{2} + \frac{\sqrt{\theta^2 + 4K_w}}{2}$ <p>Donde:</p> $\theta = S_{cat^+} + S_{nh4^+} - S_{hco3^-} - \frac{S_{ac^-}}{64} - \frac{S_{pro^-}}{112} - \frac{S_{bu^-}}{160} - \frac{S_{va^-}}{208} - S_{an^-}$
Concentración de amonio	$S_{nh4^+} = S_{IN} - S_{nh3}$
Concentración de dióxido de carbono	$S_{co2} = S_{IN} - S_{hco3^-}$

**Fuente:** Adaptado de [13]



Los estados dinámicos de las concentraciones de los aniones y cationes presentes en el balance de carga son tasas de reacciones ácido-base y han sido implementados mediante ecuaciones diferenciales, como se muestran en la tabla 17.

**Tabla 16.** Tasas de reacciones ácido/base

Concentración de ion valerato	$\frac{dS_{va^-}}{dt} = -k_{A,Bva} \cdot (S_{va^-} \cdot (K_{a,va} + S_{H^+}) - K_{a,va} \cdot S_{va})$
Concentración de ion butirato	$\frac{dS_{bu^-}}{dt} = -k_{A,Bbu} \cdot (S_{bu^-} \cdot (K_{a,bu} + S_{H^+}) - K_{a,bu} \cdot S_{bu})$
Concentración ion propionato	$\frac{dS_{pro^-}}{dt} = -k_{A,Bpro} \cdot (S_{pro^-} \cdot (K_{a,pro} + S_{H^+}) - K_{a,pro} \cdot S_{pro})$
Concentración ion acetato	$\frac{dS_{ac^-}}{dt} = -k_{A,Bac} \cdot (S_{ac^-} \cdot (K_{a,ac} + S_{H^+}) - K_{a,ac} \cdot S_{ac})$
Concentración de bicarbonato	$\frac{dS_{hco3^-}}{dt} = -k_{A,Bco2} \cdot (S_{hco3^-} \cdot (K_{a,co2} + S_{H^+}) - K_{a,co2} \cdot S_{IC})$
Concentración de amoníaco	$\frac{dS_{nh3}}{dt} = -k_{A,BIN} \cdot (S_{nh3} \cdot (K_{a,IN} + S_{H^+}) - K_{a,IN} \cdot S_{IN})$
Concentración de cationes	$\frac{dS_{cat^+}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{cat^+,in} - S_{cat^+})$
Concentración de aniones	$\frac{dS_{an^-}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \cdot (S_{an^-,in} - S_{an^-})$

**Fuente:** Adaptado de [13]

### **Proceso líquido-gas: transferencia entre fases**

El modelo considera tres componentes principales en el biogás (metano, dióxido de carbono e hidrógeno), debido a que también son productos intermedios y tiene un mayor impacto en los procesos biológicos y en las salidas del proceso [1]. En la tabla siguiente se presentan sus solubilidades.

**Tabla 17.** Componentes del biogás en modelo ADM1

H <sub>2</sub>	Solubilidad relativamente baja	0.00078 M <sub>liq</sub> /bar <sub>gas</sub>
CH <sub>4</sub>	Solubilidad relativamente baja	0.0014 M <sub>liq</sub> /bar <sub>gas</sub>
CO <sub>2</sub>	Solubilidad relativamente alta	0.035 M <sub>liq</sub> /bar <sub>gas</sub>

**Fuente:** Adaptado de [13]

El efecto corrosivo del sulfuro de hidrógeno (H<sub>2</sub>S) no ha sido considerado en el sistema; debido a que la reacción de sulfato reducción no fue incluida como proceso bioquímico, ya que su concentración es muy baja comparada con los demás componentes debido a la alta solubilidad del amoníaco [1].

La resistencia para la transferencia de estos gases está impuesta principalmente por la fase líquida, pues son relativamente insolubles. La transferencia líquido-gas es descrita por ecuaciones dinámicas, que siguen la teoría de doble capa de Whitman [1], ver tabla 19.

**Tabla 18:** Tasas de transferencia de gases

Hidrógeno	$\rho_{T,8} = k_L a. (S_{h2} - 16. K_{H,h2} \cdot p_{gas,h2})$
Metano	$\rho_{T,9} = k_L a. (S_{ch4} - 64. K_{H,ch4} \cdot p_{gas,ch4})$
Dióxido de carbono	$\rho_{T,10} = k_L a. (S_{co2} - K_{H,co2} \cdot p_{gas,co2})$

**Fuente:** Adaptado de [13]

Las ecuaciones para estos estados dinámicos son similares a las de la fase líquida, con la excepción de que no existen gases a la entrada del sistema. Se los representa mediante ecuaciones diferenciales.

**Tabla 19.** Ecuaciones diferenciales para concentraciones de componentes del biogás

Concentración de H <sub>2</sub> en fase gaseosa	$\frac{dS_{gas,h2}}{dt} = \frac{S_{gas,h2} \cdot q_{gas}}{V_{gas}} + \rho_{T,8} \cdot \frac{V_{liq}}{V_{gas}}$
Concentración de CH <sub>4</sub> en fase gaseosa	$\frac{dS_{gas,ch4}}{dt} = \frac{S_{gas,ch4} \cdot q_{gas}}{V_{gas}} + \rho_{T,9} \cdot \frac{V_{liq}}{V_{gas}}$
Concentración de CO <sub>2</sub> en fase gaseosa	$\frac{dS_{gas,co2}}{dt} = \frac{S_{gas,co2} \cdot q_{gas}}{V_{gas}} + \rho_{T,10} \cdot \frac{V_{liq}}{V_{gas}}$

**Fuente:** Adaptado de [13]

El flujo del biogás a presión atmosférica es calculado mediante las presiones parciales de los componentes.

**Tabla 20:** Flujo de biogás y presiones parciales de componentes

Flujo de biogás	$q_{gas} = k_p \cdot (P_{gas} - P_{atm}) \cdot \frac{P_{gas}}{P_{atm}}$
Presión de gas	$P_{gas} = p_{gas,h2} + p_{gas,ch4} + p_{gas,co2} + p_{gas,h2o}$ <p>Donde:</p> $p_{gas,h2} = S_{gas,h2} \cdot \frac{RT_{op}}{16}$ $p_{gas,ch4} = S_{gas,ch4} \cdot \frac{RT_{op}}{64}$ $p_{gas,co2} = S_{gas,co2} \cdot RT_{op}$ $p_{gas,h2o} = 0.0313 \cdot e^{5290 \cdot (\frac{1}{298} - \frac{1}{T})}$

**Fuente:** Adaptado de [13]

Los valores de los parámetros y condiciones iniciales para el modelo ADM1 son los proporcionados por la implementación [13] y que se presentan en las tablas siguientes.

**Tabla 21.** Valores de parámetros estequiométricos

Parameter	Value	Unit	Process(es)	Comment
$f_{sl,xc}$	0.1	–	1	
$f_{xl,xc}$	0.2	–	1	
$f_{ch,xc}$	0.2	–	1	
$f_{pr,xc}$	0.2	–	1	
$f_{li,xc}$	0.3	–	1	
$N_{xc}$	0.0376/14	kmole N (kg COD) <sup>-1</sup>	1, 13-19	Note: $1 - f_{ch,xc} - f_{pr,xc} - f_{sl,xc} - f_{xl,xc} - f_{li,xc} = 0$ to maintain N mass balance for disintegration
$N_f$	0.06/14	kmole N (kg COD) <sup>-1</sup>	1	6% on weight basis in benchmark ASM
$N_{aa}$	0.007	kmole N (kg COD) <sup>-1</sup>	1,6	
$C_{xc}$	0.02786	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	1,13-19	$C_{13}$ in Eq. 10
$C_{sl}$	0.03	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	1	$C_{12}$ in Eq. 10
$C_{ch}$	0.0313	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	1,2	$C_{14}$ in Eq. 10
$C_{pr}$	0.03	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	1,3	$C_{15}$ in Eq. 10
$C_{li}$	0.022	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	1,4	$C_{16}$ in Eq. 10
$C_{xl}$	0.03	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	1	$C_{24}$ in Eq. 10
$C_{su}$	0.0313	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	2,5	$C_1$ in Eq. 10
$C_{aa}$	0.03	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	3,6	$C_2$ in Eq. 10
$f_{fa,li}$	0.95	–	4	
$C_{fa}$	0.0217	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	4,7	$C_3$ in Eq. 10
$f_{h2,su}$	0.19	–	5	
$f_{bu,su}$	0.13	–	5	
$f_{pro,su}$	0.27	–	5	
$f_{ac,su}$	0.41	–	5	
$N_{bac}$	0.08/14	kmole N (kg COD) <sup>-1</sup>	5-19	8% on weight basis in benchmark ASM
$C_{bu}$	0.025	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	5,6,9	$C_5$ in Eq. 10
$C_{pro}$	0.0268	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	5,6,8,10	$C_6$ in Eq. 10
$C_{ac}$	0.0313	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	5-11	$C_7$ in Eq. 10
$C_{bac}$	0.0313	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	5-19	$C_{17-23}$ in Eq. 10
$Y_{su}$	0.1	–	5	kg COD <sub>x</sub> (kg COD <sub>s</sub> ) <sup>-1</sup>
$f_{h2,aa}$	0.06	–	6	
$f_{va,aa}$	0.23	–	6	
$f_{bu,aa}$	0.26	–	6	
$f_{pro,aa}$	0.05	–	6	
$f_{ac,aa}$	0.40	–	6	
$C_{va}$	0.024	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	6,8	$C_4$ in Eq. 10
$Y_{aa}$	0.08	–	6	kg COD <sub>x</sub> (kg COD <sub>s</sub> ) <sup>-1</sup>
$Y_{fa}$	0.06	–	7	kg COD <sub>x</sub> (kg COD <sub>s</sub> ) <sup>-1</sup>
$Y_{c4}$	0.06	–	8,9	kg COD <sub>x</sub> (kg COD <sub>s</sub> ) <sup>-1</sup>
$Y_{pro}$	0.04	–	10	kg COD <sub>x</sub> (kg COD <sub>s</sub> ) <sup>-1</sup>
$C_{ch4}$	0.0156	kmole C (kg COD) <sup>-1</sup>	11,12	$C_9$ in Eq. 10
$Y_{ac}$	0.05	–	11	kg COD <sub>x</sub> (kg COD <sub>s</sub> ) <sup>-1</sup>
$Y_{h2}$	0.06	–	12	kg COD <sub>s</sub> (kg COD <sub>x</sub> ) <sup>-1</sup>

Note that  $C_{h2}$  and  $C_{IN}$ , i.e.  $C_8$  and  $C_{11}$ , are equal to zero in Equation 10.

**Fuente:** Tomado de [13]

**Tabla 22.** Valores de parámetros bioquímicos

Parameter	Value	Unit	Process(es)	Comment
$k_{dis}$	0.5	d <sup>-1</sup>	1	
$k_{hyd,ch}$	10	d <sup>-1</sup>	2	
$k_{hyd,pr}$	10	d <sup>-1</sup>	3	
$k_{hyd,li}$	10	d <sup>-1</sup>	4	
$K_{S,IN}$	1e-4	M	5-12	
$k_{m,su}$	30	d <sup>-1</sup>	5	
$K_{S,su}$	0.5	kg COD m <sup>-3</sup>	5	
$pH_{UL,aa}$	5.5	-	5-10	in $I_{5-10}$
$pH_{LL,aa}$	4	-	5-10	in $I_{5-10}$
$k_{m,aa}$	50	d <sup>-1</sup>	6	
$K_{S,aa}$	0.3	kg COD m <sup>-3</sup>	6	
$k_{m,fa}$	6	d <sup>-1</sup>	7	
$K_{S,fa}$	0.4	kg COD m <sup>-3</sup>	7	
$K_{Ih2,fa}$	5e-6	kg COD m <sup>-3</sup>	7	in $I_7$
$k_{m,c4}$	20	d <sup>-1</sup>	8,9	
$K_{S,c4}$	0.2	kg COD m <sup>-3</sup>	8,9	
$K_{Ih2,c4}$	1e-5	kg COD m <sup>-3</sup>	8,9	in $I_8$ and $I_9$
$k_{m,pro}$	13	d <sup>-1</sup>	10	
$K_{S,pro}$	0.1	kg COD m <sup>-3</sup>	10	
$K_{Ih2,pro}$	3.5e-6	kg COD m <sup>-3</sup>	10	in $I_{10}$
$k_{m,ac}$	8	d <sup>-1</sup>	11	
$K_{S,ac}$	0.15	kg COD m <sup>-3</sup>	11	
$K_{I,nh3}$	0.0018	M	11	in $I_{11}$
$pH_{UL,ac}$	7	-	11	in $I_{11}$
$pH_{LL,ac}$	6	-	11	in $I_{11}$
$k_{m,h2}$	35	d <sup>-1</sup>	12	
$K_{S,h2}$	7e-6	kg COD m <sup>-3</sup>	12	
$pH_{UL,h2}$	6	-	12	in $I_{12}$
$pH_{LL,h2}$	5	-	12	in $I_{12}$
$k_{dec,Xsu}$	0.02	d <sup>-1</sup>	13	
$k_{dec,Xaa}$	0.02	d <sup>-1</sup>	14	
$k_{dec,Xfa}$	0.02	d <sup>-1</sup>	15	
$k_{dec,Xc4}$	0.02	d <sup>-1</sup>	16	
$k_{dec,Xpro}$	0.02	d <sup>-1</sup>	17	
$k_{dec,Xac}$	0.02	d <sup>-1</sup>	18	
$k_{dec,Xh2}$	0.02	d <sup>-1</sup>	19	

The unit M is defined as kmole m<sup>-3</sup> according to Batstone *et al.* (2002).

**Fuente:** Tomado de [13]

**Tabla 23.** Valores de parámetros fisicoquímicos

Parameter	Value	Unit	Comment
$R$	0.083145	bar M <sup>-1</sup> K <sup>-1</sup>	
$T_{base}$	298.15	K	
$T_{op}$	308.15	K	user defined
$K_w$	$\exp\left(\frac{55000}{R \cdot 100} * \left(\frac{1}{T_{base}} - \frac{1}{T_{op}}\right)\right)$	M 10 <sup>-14</sup>	≈ 2.08e-14
$K_{a,va}$	10 <sup>-4.86</sup>	M	≈ 1.38e-5
$K_{a,bu}$	10 <sup>-4.82</sup>	M	≈ 1.5e-5
$K_{a,pro}$	10 <sup>-4.88</sup>	M	≈ 1.32e-5
$K_{a,ac}$	10 <sup>-4.76</sup>	M	≈ 1.74e-5
$K_{a,co2}$	10 <sup>-6.35</sup> $\exp\left(\frac{7646}{R \cdot 100} \left(\frac{1}{T_{base}} - \frac{1}{T_{op}}\right)\right)$	M	≈ 4.94e-7
$K_{a,IN}$	10 <sup>-9.25</sup> $\exp\left(\frac{51965}{R \cdot 100} \left(\frac{1}{T_{base}} - \frac{1}{T_{op}}\right)\right)$	M	≈ 1.11e-9
$k_{A,Bva}$	1e10	M <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	set to be at least three orders of magnitude higher than the fastest time constant of the system
$k_{A,Bbu}$	1e10	M <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	
$k_{A,Bpro}$	1e10	M <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	
$k_{A,Bac}$	1e10	M <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	
$k_{A,Bco2}$	1e10	M <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	
$k_{A,BIN}$	1e10	M <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	
$P_{atm}$	1.013	bar	
$p_{gas,h2o}$	0.0313 $\exp\left(5290 \left(\frac{1}{T_{base}} - \frac{1}{T_{op}}\right)\right)$	bar	≈ 0.0557
$k_p$	5e4	m <sup>3</sup> d <sup>-1</sup> bar <sup>-1</sup>	
$k_{L,a}$	200	d <sup>-1</sup>	
$K_{H,co2}$	0.035 $\exp\left(\frac{-19410}{R \cdot 100} \left(\frac{1}{T_{base}} - \frac{1}{T_{op}}\right)\right)$	M <sub>liq</sub> bar <sup>-1</sup>	≈ 0.0271
$K_{H,ch4}$	0.0014 $\exp\left(\frac{-14240}{R \cdot 100} \left(\frac{1}{T_{base}} - \frac{1}{T_{op}}\right)\right)$	M <sub>liq</sub> bar <sup>-1</sup>	≈ 0.00116
$K_{H,h2}$	7.8e-4 $\exp\left(\frac{-4180}{R \cdot 100} \left(\frac{1}{T_{base}} - \frac{1}{T_{op}}\right)\right)$	M <sub>liq</sub> bar <sup>-1</sup>	≈ 7.38e-4

Fuente: Tomado de [13].

**Tabla 24.** Valores de parámetros físicos

Parameter	Value	Unit
$V_{liq}$	3400	m <sup>3</sup>
$V_{gas}$	300	m <sup>3</sup>

Fuente: Tomado de [13].

**Tabla 25.** Valores de variables de entrada en estado estacionario

State No.	Variable	Value	Unit
1	$S_{su,in}$	0.01	kg COD m <sup>-3</sup>
2	$S_{aa,in}$	0.001	kg COD m <sup>-3</sup>
3	$S_{fa,in}$	0.001	kg COD m <sup>-3</sup>
4	$S_{va,in}$	0.001	kg COD m <sup>-3</sup>
5	$S_{bu,in}$	0.001	kg COD m <sup>-3</sup>
6	$S_{pro,in}$	0.001	kg COD m <sup>-3</sup>
7	$S_{ac,in}$	0.001	kg COD m <sup>-3</sup>
8	$S_{h2,in}$	1.0E-8	kg COD m <sup>-3</sup>
9	$S_{ch4,in}$	1.0E-5	kg COD m <sup>-3</sup>
10	$S_{IC,in}$	0.04	kmole C m <sup>-3</sup>
11	$S_{IN,in}$	0.01	kmole N m <sup>-3</sup>
12	$S_I,in$	0.02	kg COD m <sup>-3</sup>
13	$X_{xc,in}$	2.0	kg COD m <sup>-3</sup>
14	$X_{ch,in}$	5.0	kg COD m <sup>-3</sup>
15	$X_{pr,in}$	20.0	kg COD m <sup>-3</sup>
16	$X_{li,in}$	5.0	kg COD m <sup>-3</sup>
17	$X_{su,in}$	0.0	kg COD m <sup>-3</sup>
18	$X_{aa,in}$	0.01	kg COD m <sup>-3</sup>
19	$X_{fa,in}$	0.01	kg COD m <sup>-3</sup>
20	$X_{c4,in}$	0.01	kg COD m <sup>-3</sup>
21	$X_{pro,in}$	0.01	kg COD m <sup>-3</sup>
22	$X_{ac,in}$	0.01	kg COD m <sup>-3</sup>
23	$X_{h2,in}$	0.01	kg COD m <sup>-3</sup>
24	$X_I,in$	25.0	kg COD m <sup>-3</sup>
25	$S_{cat,in}$	0.04	kmole m <sup>-3</sup>
26	$S_{an,in}$	0.02	kmole m <sup>-3</sup>
-	$q_{in}$	170.0	m <sup>3</sup> d <sup>-1</sup>
-	$T_{op}$	35.0	°C

**Fuente:** Tomado de [13].

**Tabla 26:** Valores de variables de salida en estado estacionario

State No.	Variable	Value	Unit
1	$S_{su}$	0.0119548297170	kg COD m <sup>-3</sup>
2	$S_{aa}$	0.0053147401716	kg COD m <sup>-3</sup>
3	$S_{fa}$	0.0986214009308	kg COD m <sup>-3</sup>
4	$S_{va}$	0.0116250064639	kg COD m <sup>-3</sup>
5	$S_{bu}$	0.0132507296663	kg COD m <sup>-3</sup>
6	$S_{pro}$	0.0157836662845	kg COD m <sup>-3</sup>
7	$S_{ac}$	0.1976297169375	kg COD m <sup>-3</sup>
8	$S_{h2}$	0.0000002359451	kg COD m <sup>-3</sup>
9	$S_{ch4}$	0.0550887764460	kg COD m <sup>-3</sup>
10	$S_{IC}$	0.1526778706263	kmole C m <sup>-3</sup>
11	$S_{IN}$	0.1302298158037	kmole N m <sup>-3</sup>
12	$S_I$	0.3286976637215	kg COD m <sup>-3</sup>
13	$X_{xc}$	0.3086976637215	kg COD m <sup>-3</sup>
14	$X_{ch}$	0.0279472404350	kg COD m <sup>-3</sup>
15	$X_{pr}$	0.1025741061067	kg COD m <sup>-3</sup>
16	$X_{li}$	0.0294830497073	kg COD m <sup>-3</sup>
17	$X_{su}$	0.4201659824546	kg COD m <sup>-3</sup>
18	$X_{aa}$	1.1791717989237	kg COD m <sup>-3</sup>
19	$X_{fa}$	0.2430353447194	kg COD m <sup>-3</sup>
20	$X_{c4}$	0.4319211056360	kg COD m <sup>-3</sup>
21	$X_{pro}$	0.1373059089340	kg COD m <sup>-3</sup>
22	$X_{ac}$	0.7605626583132	kg COD m <sup>-3</sup>
23	$X_{h2}$	0.3170229533613	kg COD m <sup>-3</sup>
24	$X_I$	25.6173953274430	kg COD m <sup>-3</sup>
25	$S_{cat}$	0.0400000000000	kmole m <sup>-3</sup>
26	$S_{an}$	0.0200000000000	kmole m <sup>-3</sup>
–	$Q$	170.000000000000	m <sup>3</sup> d <sup>-1</sup>
–	$T_{op}$	35.0000000000000	°C
–	$pH$	7.4655377698929	
–	$S_{H+}$	0.0000000342344	kmole H <sup>+</sup> m <sup>-3</sup>
27	$S_{va-}$	0.0115962470726	kg COD m <sup>-3</sup>
28	$S_{bu-}$	0.0132208262485	kg COD m <sup>-3</sup>
29	$S_{pro-}$	0.0157427831916	kg COD m <sup>-3</sup>
30	$S_{ac-}$	0.1972411554365	kg COD m <sup>-3</sup>
31	$S_{hco3-}$	0.1427774793921	kmole C m <sup>-3</sup>
–	$S_{co2}$	0.0099003912343	kmole C m <sup>-3</sup>
32	$S_{nh3}$	0.0040909284584	kmole N m <sup>-3</sup>
–	$S_{nh4+}$	0.1261388873452	kmole N m <sup>-3</sup>
33	$S_{gas,h2}$	0.0000102410356	kg COD m <sup>-3</sup>
34	$S_{gas,ch4}$	1.6256072099814	kg COD m <sup>-3</sup>
35	$S_{gas,co2}$	0.0141505346784	kmole C m <sup>-3</sup>
–	$p_{gas,h2}$	0.0000163991826	bar
–	$p_{gas,ch4}$	0.6507796328232	bar
–	$p_{gas,co2}$	0.3625527133281	bar
–	$p_{gas}$	1.0690164904089	bar
–	$q_{gas}$	2955.70345419378	Nm <sup>3</sup> d <sup>-1</sup>

Note that the gas flow,  $q_{gas}$ , is the flow rate at atmospheric pressure and **not** at the pressure of the head space.

Fuente: Tomado de [13].

### 2.3.2 Implementación del modelo ADM1 en Simulink -MatLab®

Se realizó la implementación el modelo ADM1 en Simulink, por ser una herramienta de software muy difundida y conocida en el mundo académico, posee una interfaz gráfica amigable con el usuario y presta mayores facilidades para modificaciones posteriores en el modelo.

Se implementó el modelo, como se lo describió en el apartado 2.3.1, es decir incluyendo las modificaciones realizadas en [13]. La implementación en Simulink-MatLab obedece a un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE). En la figura 7 se muestra una parte del subsistema principal y las entradas modificables en bloques “steps”.

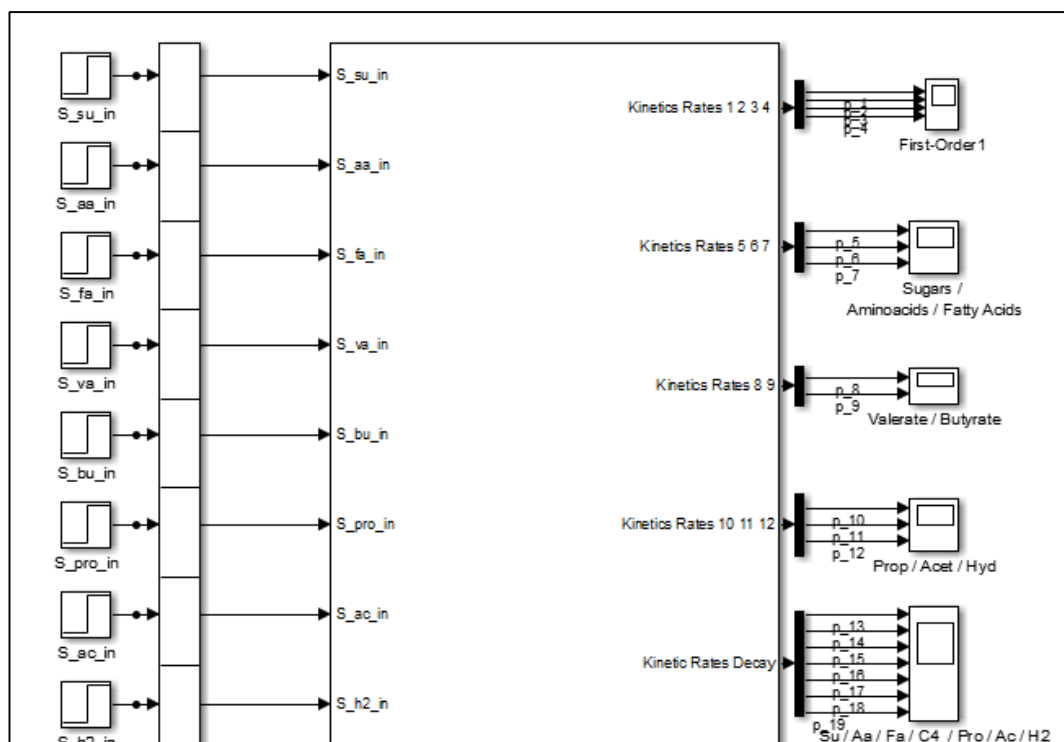


Figura 7. Implementación de modelo ADM1 en MatLab Simulink.

Fuente: Elaboración propia.

Debido al gran número de ecuaciones se crearon subsistemas que agrupan las ecuaciones por afinidad de procesos, como por ejemplo los que se muestran en las figuras 8, 9 y 10.



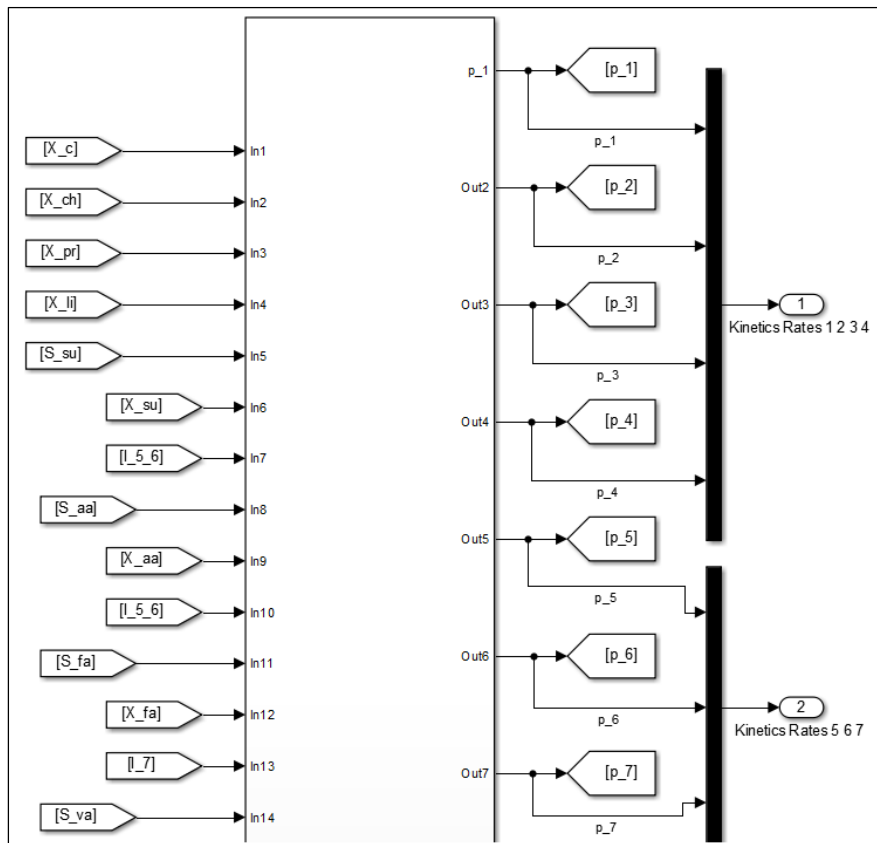


Figura 8: Parte del subsistema que contiene las ecuaciones de las tasas cinéticas de los procesos bioquímicos  
Fuente: Elaboración propia.

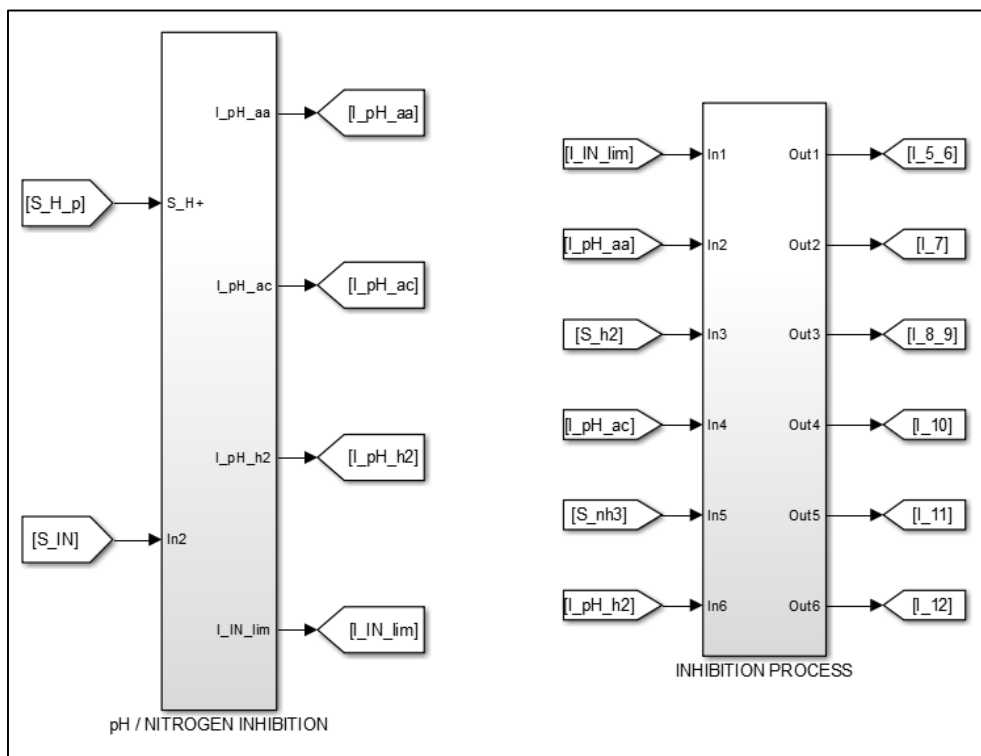


Figura 9. Subsistema para ecuaciones de inhibición

Fuente: Elaboración propia.

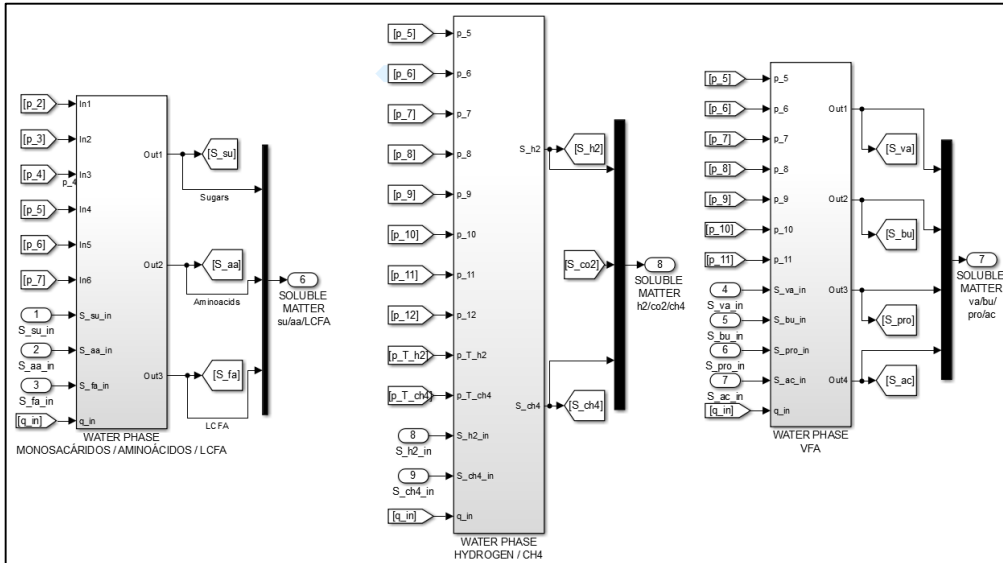


Figura 10. Subsistema para ecuaciones de fase soluble

Fuente: Elaboración propia.

Algunos ejemplos de las ecuaciones en el Simulink se muestran en las figuras 11 y 12. La totalidad de los subsistemas y bloques de ecuaciones pueden verse en el archivo de Simulink adjunto a esta tesis.

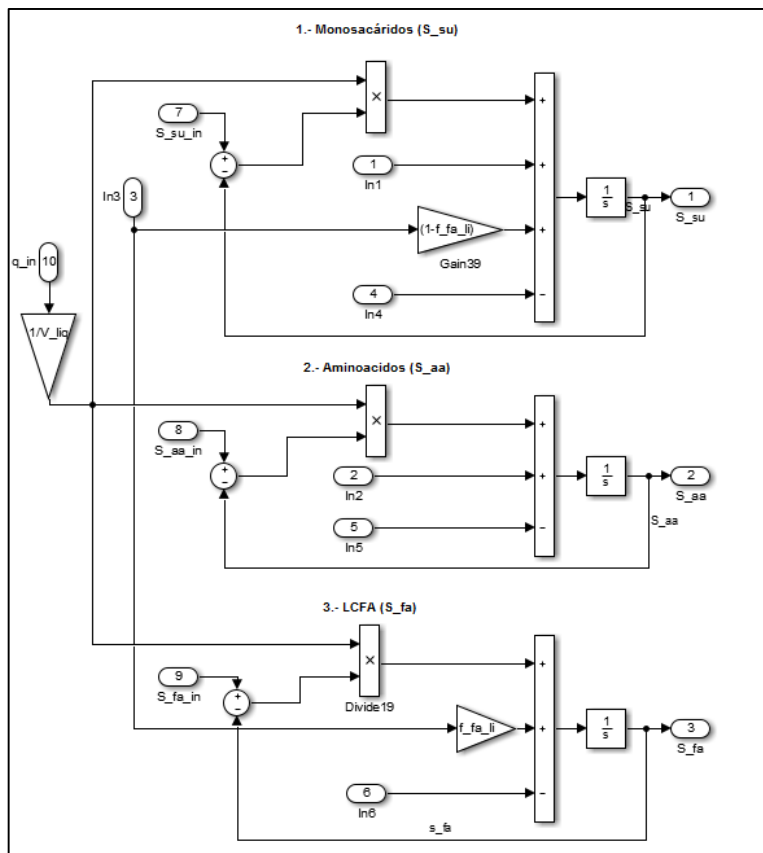


Figura 11. Bloques de ecuaciones para las concentraciones de componente solubles (en la figura monosacáridos, aminoácidos y ácidos grasos de cadena larga).

Fuente: Elaboración propia.

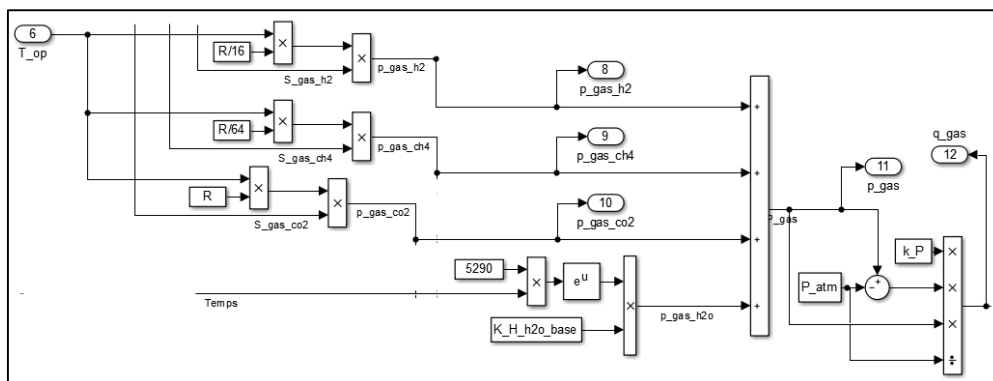


Figura 12. Ecuaciones de fase gaseosa, en este diagrama podemos ver presiones parciales, presión total y flujo del biogás producido.

Fuente: Elaboración propia.

### 2.3.2.1 Validación dinámica de implementación en Simulink de modelo ADM1

La implementación de Rossen y Jeppsson [13] contempla tres versiones para resolver las ecuaciones del modelo ADM1. La primera es un modelo tradicional basado en ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE). La segunda versión es un modelo con ecuaciones diferenciales algebraicas (DAE1), pero con solución algebraica del nivel de pH. La tercera versión también es un modelo con ecuaciones diferenciales algebraicas (DAE2), pero contempla la solución algebraica del nivel de pH y de la concentración de hidrógeno soluble.

El simulador ha sido validado con respecto a la implementación ODE del *package* de Rossen y Jeppsson. Los valores usados para los parámetros, entradas y salidas en el estado estacionario del modelo fueron las proporcionadas por [13]. La validación dinámica requiere la variación simultánea de las entradas tanto para el nuevo simulador como para el *package* de referencia. Para lograr esto se realizaron algunas modificaciones en el código ODE del *package*. Se utilizó la implementación ODE como referencia porque esa misma implementación fue usada como referencia por Rossen y Jeppsson para comparar los resultados obtenidos con las implementaciones DAE1 y DAE2. Así mismo en ODE se pueden realizar modificaciones del código con mayor facilidad.

Se realizó la simulación para un periodo de 200 días. El *solver* utilizado en Simulink fue ODE15s (stiff/NDF), el cual tiene un paso variable y es indicado para procesos que comprende tanto subprocesos muy rápidos, así como también subprocesos que pueden tomar días. Para la primera variación de la entrada se duplicó el flujo de entrada de sustrato al reactor después de los primeros 100 días, ver figura 13.

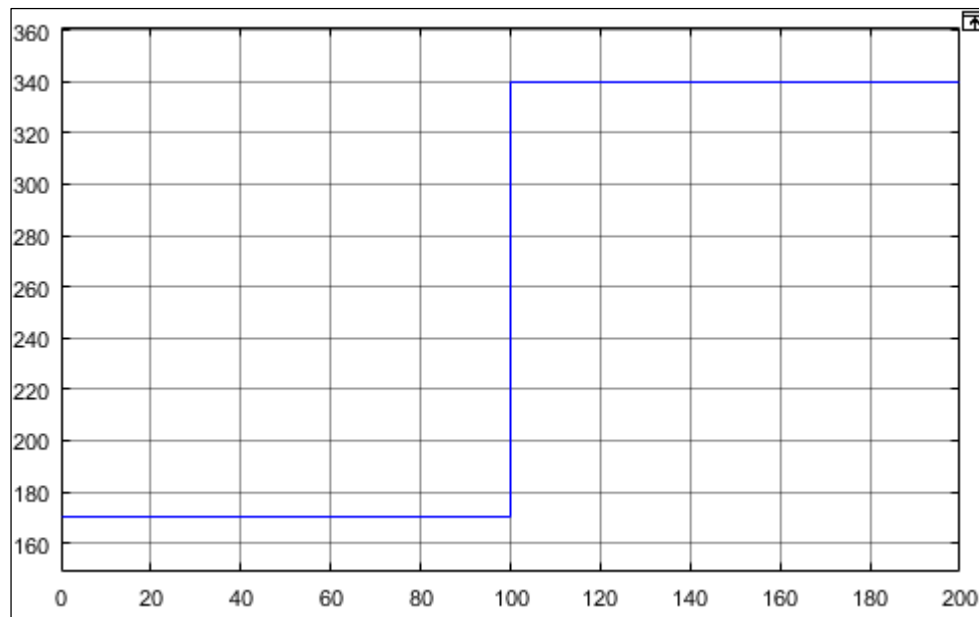


Figura 13. Flujo de entrada a reactor  
Fuente: Elaboración propia.

A continuación en las figuras 14 a 18 se aprecia los cambios que se producen como efecto de este cambio en el flujo de entrada del sustrato. Además se comparan las respuestas del *package* y del nuevo simulador implementado.

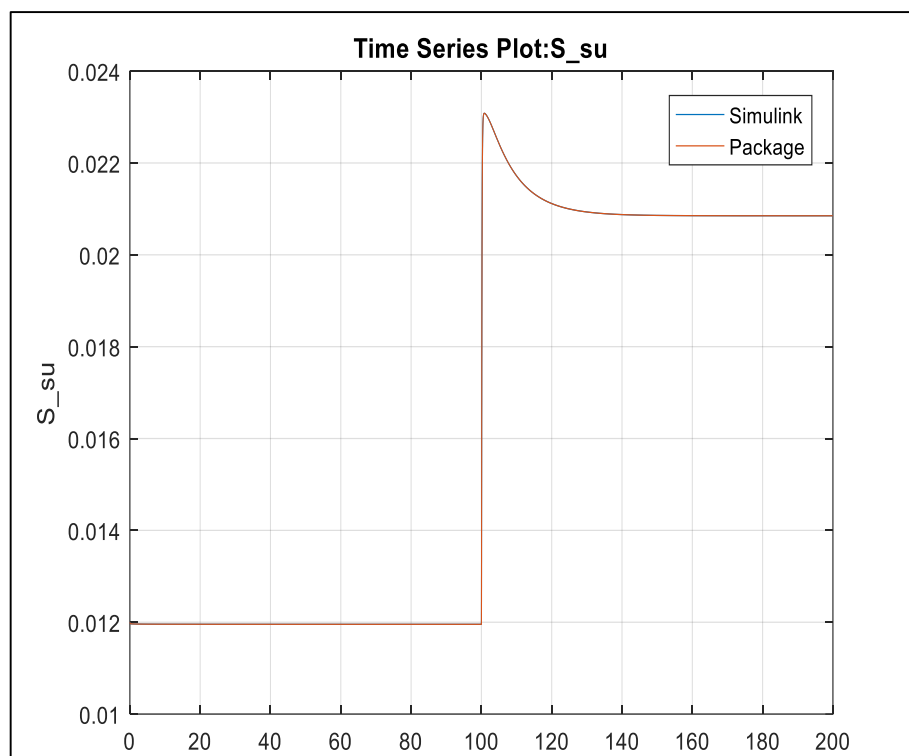


Figura 14. Concentración de azúcares en la fase líquida (en rojo la respuesta del *package* Rossen-Jeppsson y en azul la respuesta del Simulink implementado).

Fuente: Elaboración propia.

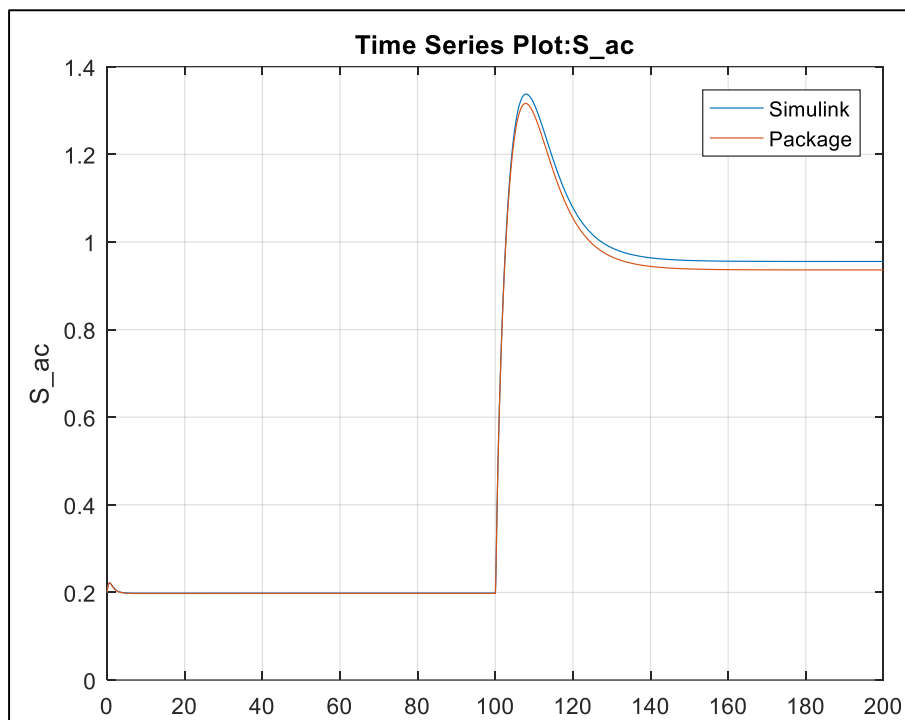


Figura 15. Concentración de acetato en la fase líquida (en rojo la respuesta del *package* Rossen-Jeppsson y en azul la respuesta del Simulink implementado).  
Fuente: Elaboración propia.

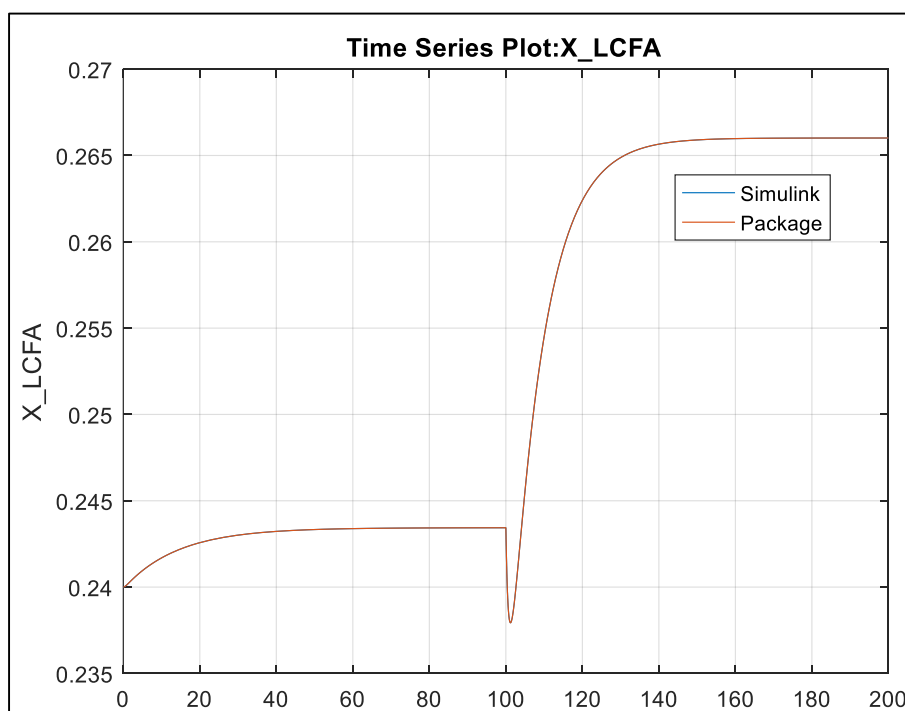


Figura 16. Concentración de biomasa degradadora de ácidos grasos de cadena larga (en rojo: Rossen-Jeppsson, en azul: implementación Simulink)  
Fuente: Elaboración propia.

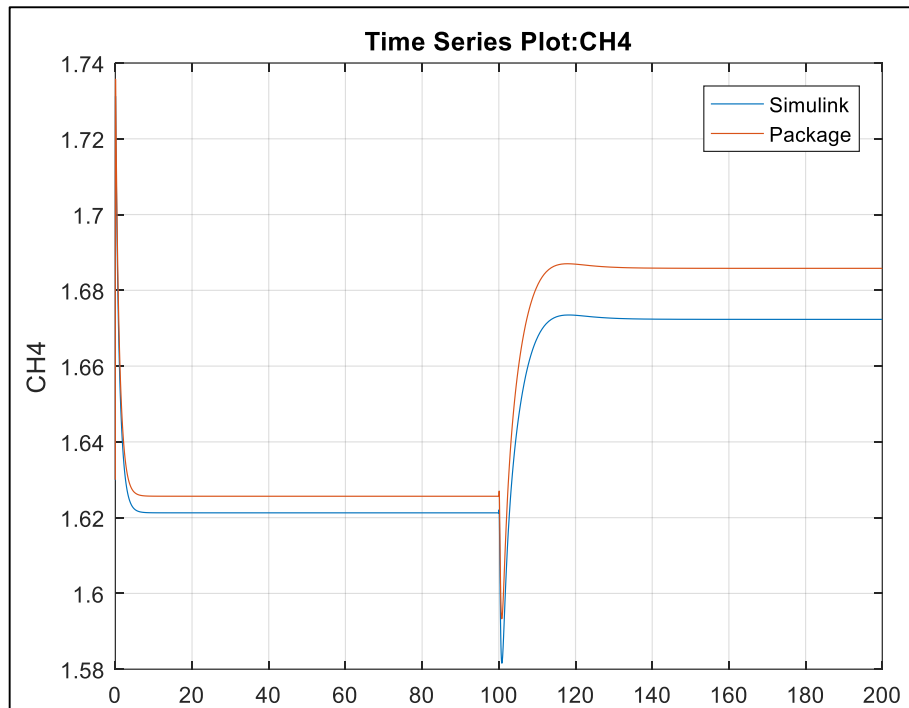


Figura 17. Concentración del metano en la fase gaseosa (en rojo: Rossen-Jeppsson, en azul: implementación Simulink).  
Fuente: Elaboración propia.

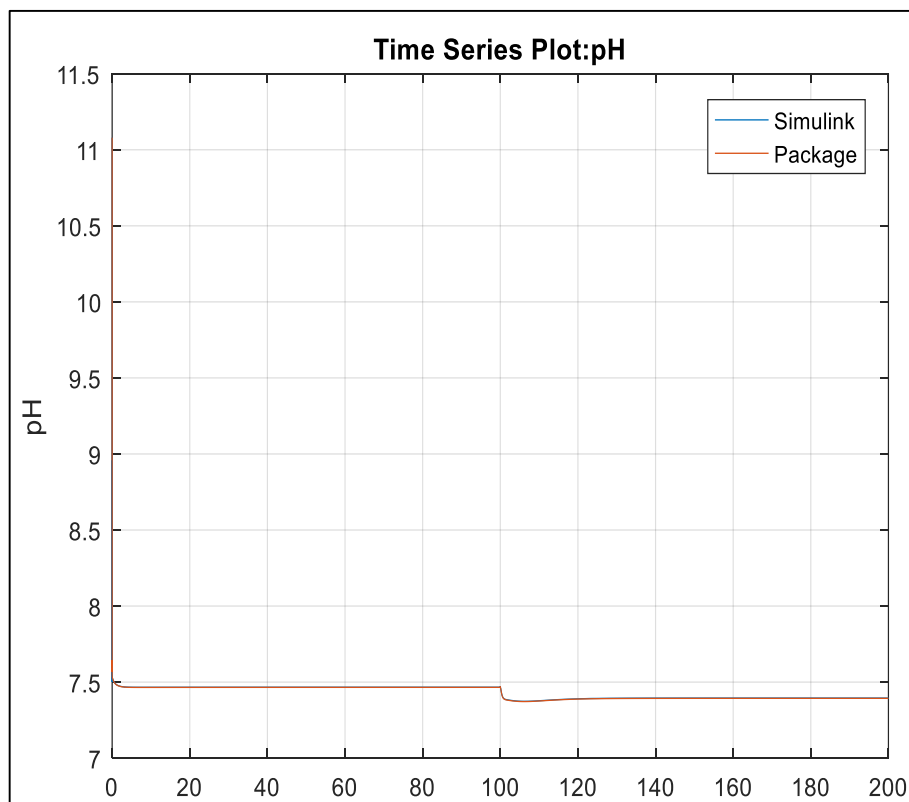


Figura 18. Nivel de pH en el reactor (en rojo: Rossen-Jeppsson, en azul: implementación en Simulink).  
Fuente: Elaboración propia.

Como otra variación se redujo a la mitad la concentración de azúcares a la entrada del reactor (ver figura 19).

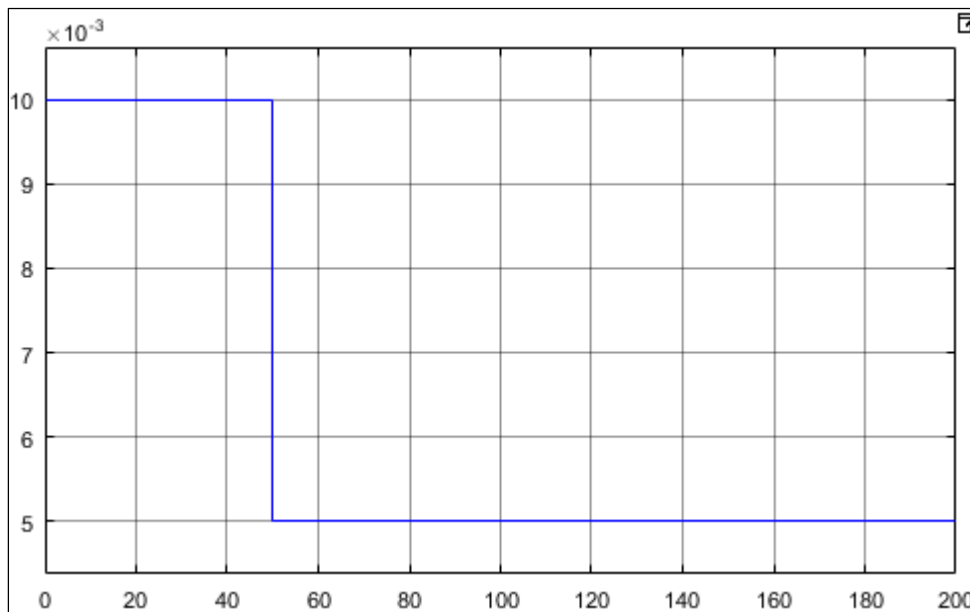


Figura 19. Concentración de azúcares al ingreso del reactor.  
Fuente: Elaboración propia.

En las figuras 20, 21 y 22 se puede ver el impacto de estas modificaciones y las respuestas de ambas implementaciones como en el caso anterior.

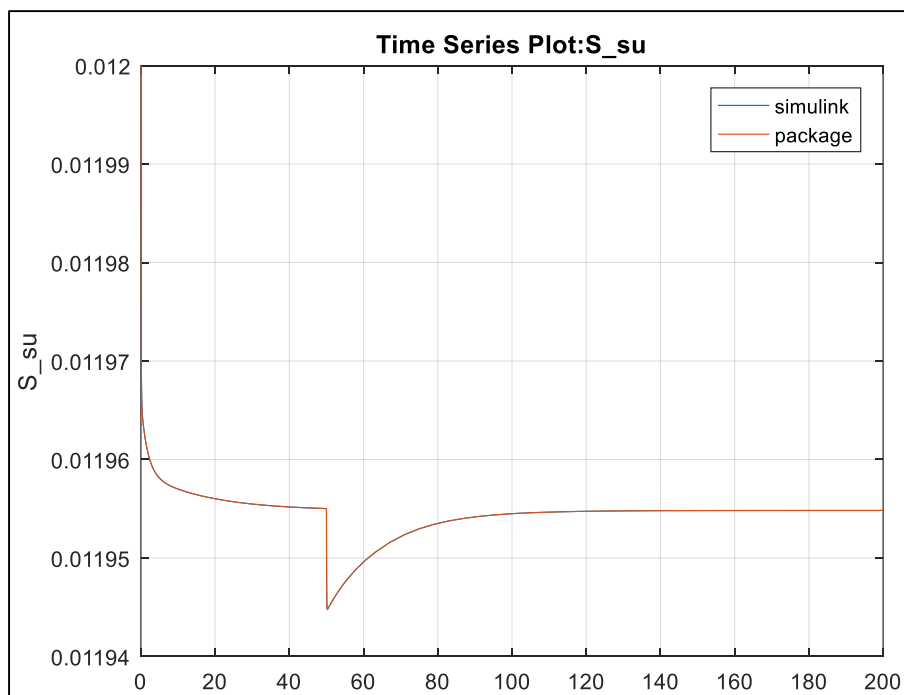


Figura 20. Concentración de azúcares en la fase líquida (en rojo la respuesta del *package* de Rosen-Jeppsson y en azul la respuesta del Simulink implementado).  
Fuente: Elaboración propia.

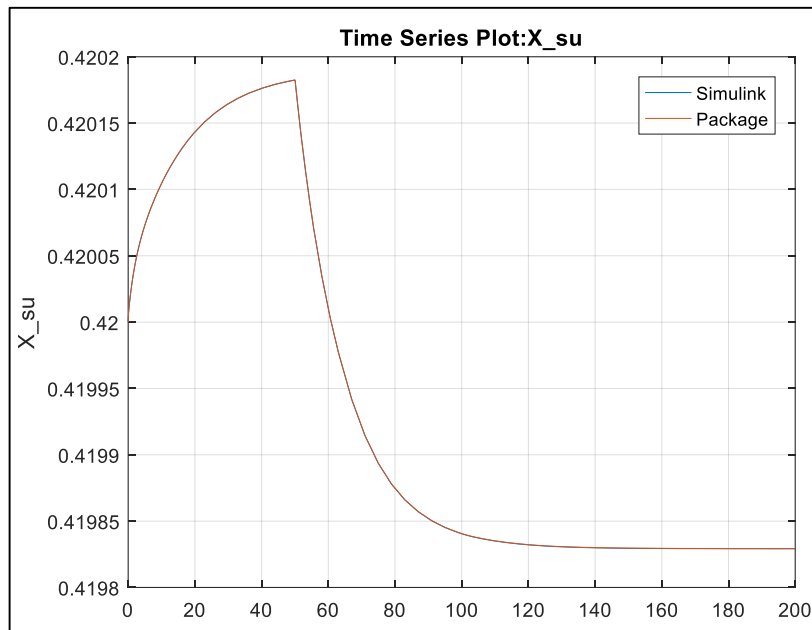


Figura 21: Concentración de biomasa degradadora de azúcares (en rojo: Rossen-Jeppsson, en azul: implementación Simulink).  
Fuente: Elaboración propia.

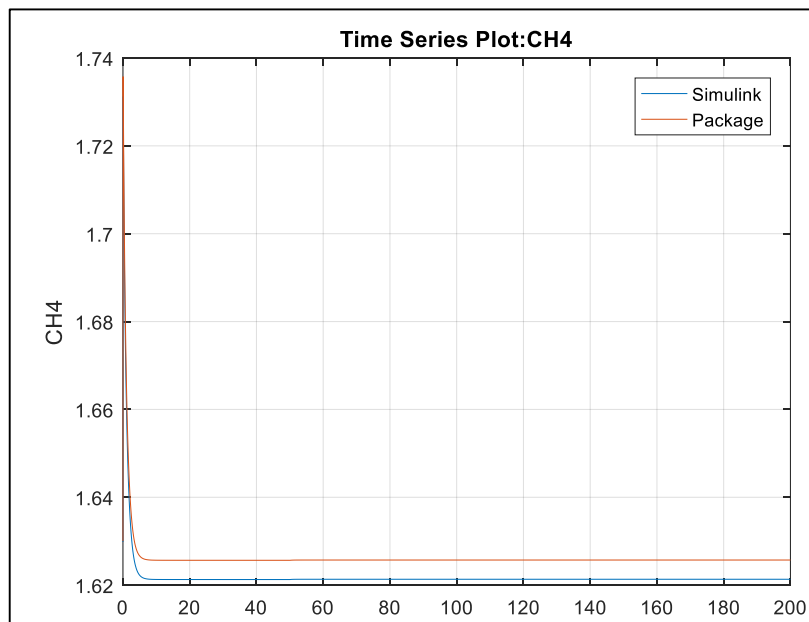


Figura 22: Concentración del metano en la fase gaseosa (en rojo: Rossen-Jeppsson, en azul: implementación Simulink).  
Fuente: Elaboración propia.

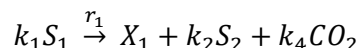
Como se puede ver en las figuras las respuestas del simulador son casi iguales a las del *package* en el estacionario. Además las formas de las curvas también son iguales en los transitorios, por lo que se puede decir que el simulador sí está representando correctamente la dinámica del proceso.



### 2.3.3 Modelo AM2 para propósitos de control.

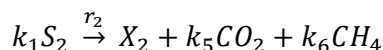
Es un modelo diseñado para utilizar como sustrato aguas residuales industriales que posean materia orgánica soluble y composición basada en carbohidratos, para que su etapa de desintegración y/o hidrólisis sea irrelevante (por ejemplo vinazas de industria vinera). Solamente considera dos pasos limitantes: acidogénesis y metanogénesis por ello está destinado para propósitos de control y monitoreo [22], a continuación se representan sus reacciones.

*Primera etapa: Acidogénesis.*



Los microorganismos acidogénicos ( $X_1$ ) consumen el sustrato orgánico ( $S_1$ ) produciendo  $CO_2$  y VFA ( $S_2$ ).

*Segunda etapa: Metanogénesis:*



Los microorganismos metanogénicos consumen los VFA ( $S_2$ ) y producen dióxido de carbono ( $CO_2$ ) y metano.

El sustrato orgánico ( $S_1$ ), está caracterizado por su COD (g/l). Para este modelo, los VFA están compuestos principalmente por acetato, propianato y butirato, pero su comportamiento es como el de acetato puro.

El modelo AM2 incorpora un equilibrio electroquímico que incluye la alcalinidad como variable de estado, pues juega un papel importante en el control y monitoreo de las plantas de tratamiento. Otra particularidad es que modela los flujos de metano y dióxido de carbono con respecto a especies biológicas y químicas presentes en el reactor. Describe el crecimiento específico de la biomasa acidogénica mediante la cinética de Monod y el crecimiento de la biomasa metanogénica mediante la cinética de Haldane, para más detalles revisar [22]. A continuación se presentan el balance de masa del modelo AM2.

#### ***Balance de masa de la biomasa***

$$\frac{dX_1}{dt} = [\mu_1(S_1) - \alpha D]. X_1 \dots (2.10)$$

$$\frac{dX_2}{dt} = [\mu_2(S_2) - \alpha D]. X_2 \dots (2.11)$$

Donde:

$\alpha$  ( $0 \leq \alpha \leq 1$ ): Parámetro de heterogeneidad del reactor. Igual a la unidad cuando el CSTR es ideal e igual a cero para un reactor de lecho fijo ideal.

$D$ : La tasa de dilución es la relación entre el flujo de entrada de sustrato y el volumen del reactor [ $1/d$ ].

**Balance de masa de sustratos**

$$\frac{dS_1}{dt} = D \cdot (S_{1,in} - S_1) - k_1 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 \dots (2.12)$$

$$\frac{dS_2}{dt} = D \cdot (S_{2,in} - S_2) + k_2 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 - k_3 \cdot \mu_2(S_2) \cdot X_2 \dots (2.13)$$

Donde:

$S_1, S_{1,in}$ : Concentración del sustrato orgánico en el reactor y en la entrada del reactor respectivamente [ $g/L$ ].

$S_2, S_{2,in}$ : Concentración de VFA en el reactor y en la entrada del reactor respectivamente [ $mmol/L$ ].

$\mu_1(S_1)$ ,  $\mu_2(S_2)$ : Tasa de crecimiento específico de biomasa acidogénica y metanogénica respectivamente [ $1/d$ ].

$$\mu_1(S_1) = u_{1,max} \cdot \frac{S_1}{S_1 + K_{S1}} \dots (2.14)$$

$$\mu_2(S_2) = u_{2,max} \cdot \frac{S_2}{S_2 + K_{S2} + \frac{S_2^2}{K_I}} \dots (2.15)$$

Donde:

$k_1$ : Coeficiente de rendimiento de la degradación del COD

$k_2$ : Rendimiento de la producción de VFA [ $mmol/g$ ]

$k_3$ : Rendimiento del consumo de VFA [ $mmol/g$ ]

**Balance de masa de alcalinidad y carbón inorgánico**

$$\frac{dZ}{dt} = D \cdot (Z_{in} - Z) \dots (2.16)$$

$$\frac{dC}{dt} = D \cdot (C_{in} - C) - q_c + k_4 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 + k_5 \cdot \mu_2(S_2) \cdot X_2 \dots (2.17)$$

Donde:

$Z, Z_{in}$ : Alcalinidad en el reactor y a la entrada del reactor respectivamente [ $mmol/L$ ].

$C, C_{in}$ : Concentración de carbón inorgánico en el reactor y en la entrada del reactor [ $mM$ ].

$k_4$ : Rendimiento de producción de CO<sub>2</sub> [ $mmol/g$ ]

$k_5$ : Rendimiento de consumo de CO<sub>2</sub> [ $mmol/g$ ]

Luego el modelo puede ser escrito de manera general en forma matricial:

$$\frac{d\varepsilon}{dt} = K \cdot r(\varepsilon) - D \cdot \varepsilon - Q + F \dots (2.18)$$

Donde:

$$\varepsilon = \begin{bmatrix} X_1 \\ X_2 \\ Z \\ S_1 \\ S_2 \\ C \end{bmatrix}, r(\varepsilon) = \begin{bmatrix} \mu_1(\varepsilon) \cdot X_1 \\ \mu_2(\varepsilon) \cdot X_2 \end{bmatrix}, K = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 0 \\ -k_1 & 0 \\ k_2 & -k_3 \\ k_4 & k_5 \end{bmatrix}, F = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ D \cdot Z_1 \\ D \cdot S_{1,in} \\ D \cdot S_{2,in} \\ D \cdot C_{in} \end{bmatrix}, Q = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ q_c \end{bmatrix},$$

$$D = \begin{bmatrix} \alpha D & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha D & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha D & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha D & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \alpha D & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \alpha D \end{bmatrix}$$

Además el modelo proporciona ecuaciones algebraicas de las siguientes variables de estado:

### Flujos de gases y pH

$$q_c = k_L a \cdot [C + S_2 - Z - K_H \cdot P_C] \dots (2.19)$$

$$P_C = \frac{\emptyset - \sqrt{\emptyset^2 - 4K_H P_T (C + S_2 - Z)}}{2K_H}; \emptyset = C + S_2 - Z + K_H P_T + \frac{k_6}{k_L a} \mu(S_2) X_2$$

$$q_M = k_6 \cdot \mu(S_2) \cdot X_2 \dots (2.20)$$

$$pH = -\log_{10} \left( K_b \cdot \frac{C - Z + S_2}{Z - S_2} \right) \dots (2.21)$$

Donde

$q_c$ : Tasa de flujo de CO<sub>2</sub> [*mmol/L. d*]

$K_H$ : Constante de Henry [*mmol/L. atm*]

$P_T$ : Presión total en el reactor [*atm*]

$k_L a$ : Coeficiente de transferencia líquido – gas [*1/d*]

$q_M$ : Tasa de flujo de metano [*mmol/L. d*]

$pH$ : Nivel de pH

$K_b$ : Constante de afinidad de reacción química de bicarbonato y CO<sub>2</sub> disuelto [*mol/L*]

$K_6$ : Rendimiento de producción de metano [*mmol/g*]

Este es un modelo simple, pero proporciona la información suficiente para el control del proceso de digestión anaerobia, siempre y cuando el sustrato este compuesto por aguas residuales con bajo contenido de particulados.

### 2.3.3.1 Modificación de modelo AM2 para su utilización con sustratos particulados: Obtención de modelo AM2HN

Además de los residuos orgánicos en forma de aguas residuales, en nuestro país, un buen porcentaje de residuos orgánicos provienen de la agroindustria, los cuales son de naturaleza particulada. Es por ello que es necesario concebir un modelo matemático adecuado a este tipo de sustratos.

Hassam et al. presentan en [2] un modelo llamado AM2HN, el cual es una modificación del modelo AM2 para ser utilizado con sustratos particulados. Está basado en el ampliamente conocido modelo AM2, que posee bibliografía disponible para su estudio, posteriores modificaciones o aplicaciones. Es un modelo diseñado para propósitos de control, por su simpleza ya que sólo posee tres etapas limitantes.

Este modelo a diferencia de los modelos ADM1 y AM2, utiliza el parámetro  $S_1$  para representar solamente a las concentraciones de los sustratos solubles del modelo ADM1 (azúcares, aminoácidos, y ácidos grasos), mientras que las concentraciones de los sustratos particulados (compuestos complejos, carbohidratos, proteínas y lípidos) son agrupadas en un nuevo componente llamado  $X_T$ . Este nuevo componente es sometido a una etapa de hidrólisis dando lugar a una nueva variable de estado convirtiendo al modelo AM2 en un modelo de 3 etapas limitantes. Por tanto una nueva ecuación diferencial debe ser insertada en el modelo AM2, de tal manera que describa el nuevo balance de masa de  $X_T$ . También la ecuación del balance de masa de  $S_1$  debe ser modificada.

$$\frac{dX_T}{dt} = D(X_{T,in} - X_T) - k_{hyd} \cdot X_T \dots (2.22)$$

$$\frac{dS_1}{dt} = D(S_{1,in} - S_1) - k_1 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 + k_{hyd} \cdot X_T \dots (2.23)$$

Donde:

$k_{hyd}$ : Constante de hidrólisis [1/d]

$X_T$ : Concentración de sustratos particulados [ $kg/m^3$ ]

La nueva etapa insertada origina amonio como subproducto de la hidrólisis de proteínas lo cual contribuye a la alcalinidad del proceso. Los tres componentes de AM2 que contiene nitrógeno en su composición son: los sustratos solubles ( $S_1$ ) y las biomasas acidogénica/metanogénica, cuyos contenidos de nitrógeno son  $N_{s1}$  y  $N_{bac}$  respectivamente. Esto origina una modificación en la ecuación diferencial 2.16.

$$\frac{dZ}{dt} = D \cdot (Z_{in} - Z) + (k_1 \cdot N_{s1} - N_{bac}) \cdot \mu_1 \cdot X_1 - N_{bac} \cdot \mu_2 \cdot X_2 + k_{d,1} \cdot N_{bac} \cdot X_1 + k_{d,2} \cdot N_{bac} \cdot X_2 \dots (2.24)$$

Donde:

$N_{s1}$ : Contenido en nitrógeno del sustrato  $S_1$  [kmolN/kgCOD].

$N_{bac}$ : Contenido en nitrógeno de la biomasa total [kmolN/kgCOD]

El modelo describe el crecimiento específico de la biomasa acidogénica mediante la cinética de Monod y el de la biomasa metanogénica mediante la cinética de Haldane. Sin embargo a altas tasas de retención hidráulica, el decaimiento de la biomasa llega a ser un factor importante a considerar, por ello se introdujo una tasa de decaimiento de la biomasa en ambas expresiones. La tasa de decaimiento se consideró igual al 10% de la tasa máxima de crecimiento específico.

$$\mu_1(S_1) = u_{1,max} \cdot \frac{S_1}{S_1 + K_{S1}} - k_{d,1} \cdot u_{1,max} \dots (2.25)$$

$$\mu_2(S_2) = u_{2,max} \cdot \frac{S_2}{S_2 + K_{S2} + \frac{S_2^2}{K_I}} - k_{d,2} \cdot u_{2,max} \dots (2.26)$$

Donde:

$u_{1,max}, u_{2,max}$ : Tasa máxima de crecimiento específico de microorganismos acidogénicos/metanogénicos [1/d].

$K_{S1}$ : Constante de saturación media acidogénica [g/L]

$K_{S2}$ : Constante de saturación media metanogénica [mM]

$K_I$ : Constante de inhibición [mM]

$k_{d,1}, k_{d,2}$ : Tasa de decaimiento de biomasa acidogénica/metanogénica igual a 0.1.

Además, [2] propone relaciones algebraicas entre las variables de estado del modelo ADM1 y el nuevo modelo AM2HN. Dichas relaciones también incorporan equivalencias de unidades entre variables. Se presentan en la tabla 28.

**Tabla 27:** Equivalencias entre variables de estado de ADM1 y AM2HN

	Variable	Model	ADM1	Conversion	
State variables	$X_T$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ]	AM2 AM2HN	- $X_c, X_{ch}, X_{pr}, X_{ii}$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ]	- $X_c + X_{ch} + X_{pr} + X_{ii}$	
	$S_1$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ]	AM2 AM2HN	$S_{su}, S_{aa}, S_{fa}, X_c, X_{ch}, X_{pr}, X_{ii}$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ] $S_{su}, S_{aa}, S_{fa}$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ]	$S_{su} + S_{aa} + S_{fa} + X_c + X_{ch} + X_{pr} + X_{ii}$ $S_{su} + S_{aa} + S_{fa}$	
	$S_2$ [mM]	AM2, AM2HN	$S_{va}, S_{bu}, S_{pro}, S_{ac}$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ]	$\left( \frac{S_{va}}{208} + \frac{S_{bu}}{160} + \frac{S_{pro}}{112} + \frac{S_{ac}}{64} \right) \times 1000$	
	$X_1$ [kgVS m <sup>-3</sup> ]	AM2, AM2HN	$X_{su}, X_{aa}, X_{fa}$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ]	$(X_{su} + X_{aa} + X_{fa}) / 1.55$	
	$X_2$ [kgVS m <sup>-3</sup> ]	AM2, AM2HN	$X_{ac}, X_{h_2}, X_{c_4}, X_{pro}$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ]	$(X_{ac} + X_{h_2} + X_{c_4} + X_{pro}) / 1.55$	
	C [mM]	AM2, AM2HN	$S_{ic}$ [M]	$S_{ic} \times 1000$	
	Z [mM]	AM2, AM2HN	$S_{va}, S_{bu}, S_{pro}, S_{ac}$ [kgCOD m <sup>-3</sup> ], $S_{HCO_3}$ [M]	$\left( \frac{S_{va}}{208} + \frac{S_{bu}}{160} + \frac{S_{pro}}{112} + \frac{S_{ac}}{64} + S_{HCO_3} \right) \times 1000$	
	Calculation variables	CO <sub>2</sub> [mM]	AM2, AM2HN	$S_{CO_2}$ [M]	$S_{CO_2} \times 1000$
		B [mM]	AM2, AM2HN	$S_{CO_3}$ [M]	$S_{HCO_3} \times 1000$
		pH [-]	AM2, AM2HN	pH [-]	-
Z <sub>0</sub> [mM]		AM2, AM2HN	$S_{an}$ [M]	$S_{an} \times 1000$	
$q_c$ [mM d <sup>-1</sup> ]		AM2, AM2HN	$\rho_{T,10}$ [M d <sup>-1</sup> ]	$\rho_{T,10} \times 1000$	
$q_{ch4}$ [mM d <sup>-1</sup> ]		AM2, AM2HN	$\rho_{T,9}$ [M d <sup>-1</sup> ]	$\rho_{T,9} \times 1000$	
P <sub>c</sub> [atm]		AM2, AM2HN	$P_{gas,CO_2}$ [bar]	$\frac{P_{gas,CO_2}}{P_{gas,CO_2} + P_{gas,CH_4}}$	

**Fuente:** Tomado de [2]

### 2.3.3.2 Generación de data para identificación del modelo AM2HN

Se utilizó como planta virtual el modelo ADM1 implementado en Simulink. Se le asignaron a la planta virtual los parámetros del modelo, entradas y condiciones iniciales proporcionados en [13], ver tablas de 22 a 27. Luego, con las equivalencias entre variables se obtuvo los datos necesarios para la identificación del modelo, los datos se presentan en la tabla 29.

**Tabla 28.** Datos para identificación de modelo AM2HN obtenidos de la planta virtual

FLOW	D	HRT	S_1	S_2	X_1	X_2	X_T	Z	C	CO2	B	pH	q_c	P_c	q_ch4
680.0	0.200	5	0.92	87.49	1.42	1.11	1.30	146	70.6	12.5	58.2	6.97	42.80	0.41	61.6
618.2	0.182	5.5	0.70	74.79	1.42	1.14	1.21	145	82.5	12.1	70.4	7.07	39.40	0.40	59.0
566.7	0.167	6	0.57	64.20	1.42	1.15	1.13	145	92.5	11.8	80.7	7.14	36.40	0.39	56.3
523.1	0.154	6.5	0.49	54.82	1.41	1.17	1.07	145	101.4	11.5	89.8	7.20	33.80	0.39	53.7
485.7	0.143	7	0.42	46.42	1.40	1.18	1.01	144	109.3	11.3	98.0	7.24	31.60	0.38	51.3
453.3	0.133	7.5	0.38	38.93	1.40	1.19	0.96	144	116.5	11.1	105.4	7.28	29.60	0.38	49.1
425.0	0.125	8	0.34	32.37	1.39	1.19	0.92	144	122.8	10.9	111.8	7.32	27.90	0.37	47.0
377.8	0.111	9	0.28	22.13	1.37	1.20	0.84	144	132.6	10.7	122.0	7.36	25.00	0.37	43.1
340.0	0.100	10	0.25	15.47	1.35	1.19	0.78	144	139.1	10.5	128.7	7.40	22.60	0.36	39.6
309.1	0.091	11	0.22	11.42	1.34	1.18	0.73	144	143.2	10.4	132.8	7.41	20.70	0.36	36.5
283.3	0.083	12	0.20	8.92	1.32	1.17	0.68	144	145.8	10.3	135.5	7.43	19.00	0.36	33.8
226.7	0.067	15	0.15	5.39	1.27	1.13	0.58	145	149.8	10.1	139.7	7.45	15.40	0.36	27.5
200.0	0.059	17	0.13	4.31	1.24	1.11	0.53	146	151.2	10.0	141.2	7.46	13.60	0.36	24.5
170.00	0.05	20	0.12	3.38	1.19	1.06	0.47	146	152.7	9.90	142.8	7.47	11.70	0.36	20.96
154.5	0.045	22	0.11	2.98	1.16	1.04	0.44	147	153.4	9.8	143.6	7.47	10.70	0.36	19.1
136.0	0.040	25	0.10	2.57	1.12	1.00	0.40	147	154.3	9.8	144.5	7.48	9.40	0.36	16.9
121.4	0.036	28	0.09	2.27	1.08	0.97	0.37	148	155.1	9.7	145.3	7.48	8.50	0.36	15.2
113.3	0.033	30	0.08	2.13	1.05	0.95	0.35	148	155.5	9.7	145.8	7.48	7.90	0.36	14.2
100.0	0.029	34	0.08	1.90	1.01	0.90	0.32	148	156.3	9.7	146.6	7.49	7.00	0.36	12.6
89.5	0.026	38	0.07	1.73	0.97	0.87	0.29	149	157.0	9.6	147.3	7.49	6.30	0.36	11.3
81.0	0.024	42	0.07	1.60	0.93	0.83	0.27	150	157.6	9.6	148.0	7.49	5.70	0.36	10.3
73.9	0.022	46	0.06	1.50	0.89	0.80	0.26	150	158.1	9.6	148.5	7.50	5.30	0.36	9.4
68.0	0.020	50	0.06	1.42	0.86	0.77	0.24	150	158.6	9.6	149.0	7.50	4.90	0.36	8.7
63.0	0.019	54	0.06	1.35	0.83	0.74	0.23	151	159.0	9.5	149.5	7.50	4.50	0.36	8.1
58.6	0.017	58	0.06	1.29	0.80	0.72	0.21	151	159.4	9.5	149.9	7.50	4.20	0.36	7.5
54.8	0.016	62	0.05	1.25	0.77	0.69	0.20	152	159.8	9.5	150.3	7.50	4.00	0.36	7.1
51.5	0.015	66	0.05	1.21	0.75	0.67	0.19	152	160.1	9.5	150.6	7.51	3.70	0.36	6.7
48.6	0.014	70	0.05	1.17	0.72	0.65	0.19	152	160.4	9.5	150.9	7.51	3.50	0.36	6.3
45.9	0.014	74	0.05	1.14	0.70	0.63	0.18	152	160.7	9.5	151.2	7.51	3.30	0.36	6.0
43.6	0.013	78	0.05	1.11	0.68	0.61	0.17	153	161.0	9.5	151.5	7.51	3.20	0.36	5.7
41.5	0.012	82	0.05	1.08	0.66	0.59	0.16	153	161.2	9.5	151.8	7.51	3.00	0.36	5.4
39.5	0.012	86	0.05	1.06	0.64	0.58	0.16	153	161.5	9.5	152.0	7.51	2.90	0.36	5.2
37.8	0.011	90	0.05	1.04	0.63	0.56	0.15	153	161.7	9.5	152.2	7.51	2.80	0.36	4.9

Fuente: Elaboración propia

Los datos de la tabla 29 nos servirán para la identificación de los parámetros del modelo AM2HN, la cual se describe en el apartado siguiente.

### 2.3.3.3 Identificación de modelo AM2HN a partir de modelo ADM1

La figura 18 ilustra el procedimiento seguido. Hasta ahora hemos utilizado la implementación en Simulink del modelo ADM1 como una planta virtual de digestión anaerobia. Esta planta funciona con los valores de entrada/salida del estado estacionario, parámetros estequiométricos y bioquímicos de las tablas 22 a 27 que fueron proporcionadas en [13]. Para esta configuración de la planta virtual, y con las equivalencias de variables entre los modelos ADM1 y AM2HN proporcionados por [2], ver tabla 28, obtenemos los datos de la tabla 29.

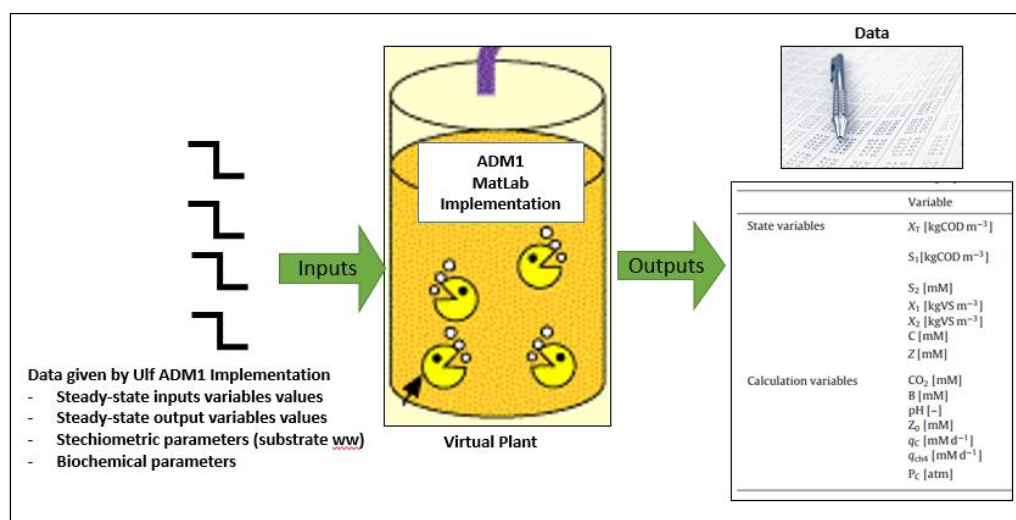


Figura 23. Procedimiento para generación de datos para identificación de modelo AM2HN.  
Fuente: Elaboración propia.

Con los datos obtenidos se identificarán los parámetros en las ecuaciones del modelo AM2HN (de 2.10 a 2.24), ver tabla 30.

**Tabla 29.** Parámetro de modelo AM2HN a identificar

Parámetro	Detalle
$K_{s1}$	Constante acidogénica de saturación media [g/L]
$u_{1,max}$	Tasa máxima de crecimiento de biomasa acidogénica [1/d]
$K_{s2}$	Constante metanogénica de saturación media [mM]
$u_{1,max}$	Tasa máxima de crecimiento de biomasa metanogénica [1/d]
$K_I$	Constante de inhibición [mM]
$K_{hyd}$	Constante de hidrólisis [1/d]
$k_{LA}$	Coefficiente de transferencia líquido – gas [1/d]
$k_1$	Coefficiente de rendimiento de la degradación del COD
$k_2$	Rendimiento de la producción de VFA [mmol/g]
$k_3$	Rendimiento del consumo de VFA [mmol/g]
$k_4$	Rendimiento de producción de CO2 [mmol/g]
$k_5$	Rendimiento de producción de CO2 [mmol/g]
$k_6$	Rendimiento de producción de metano [mmol/g]

Fuente: Elaboración propia.

### ***Estimación de parámetros cinéticos***

Para la estimación se asumieron condiciones de estado estacionario, es decir donde la variación de las variables de estado es nula. A partir de las ecuaciones 2.10 y 2.11 obtenemos lo siguiente:

$$\mu_1(S_1) = \alpha D \dots (2.27)$$

$$\mu_2(S_2) = \alpha D \dots (2.28)$$

Reemplazando las ecuaciones anteriores en 3.22, 3.25 y 3.26 en el estacionario, obtenemos lo siguiente:

$$\bar{S}_1 = \frac{\alpha}{0.9\mu_{1,max}} \cdot \bar{D} \cdot \bar{S}_1 + \frac{\alpha \cdot K_{S1}}{0.9\mu_{1,max}} \cdot \bar{D} + 0.11 \cdot K_{S1}$$

$$\bar{S}_2 = \frac{\alpha}{0.9\mu_{2,max}} \cdot \bar{D} \cdot \bar{S}_2 + \frac{\alpha \cdot K_{S2}}{0.9\mu_{2,max}} \cdot \bar{D} + 0.11 \cdot K_{S2} + \frac{\alpha}{0.9\mu_{2,max} \cdot K_I} \cdot \bar{D} \cdot \bar{S}_2^2 + \frac{0.11\bar{S}_2^2}{K_I}$$

$$\bar{D} \cdot (X_{T,in} - \bar{X}_T) = k_{hyd} \cdot \bar{X}_T$$

Los valores de  $\bar{S}_1$ ,  $\bar{S}_2$ ,  $\bar{D}$  y  $\bar{X}_T$  son datos de la planta virtual presentes en tabla 29. Por tanto, los valores no conocidos solamente son los parámetros cinéticos a estimar:  $\mu_{1,max}$ ,  $K_{S1}$ ,  $\mu_{2,max}$ ,  $K_{S2}$ ,  $K_I$  y  $k_{hyd}$ .

### ***Estimación de coeficiente de transferencia líquido-gas***

De acuerdo con [25] la concentración de dióxido de carbono disuelto es igual a  $CO_2 = C + S_2 - Z = C / (1 + 10^{pH-pK_b})$ . Por tanto al reemplazar en 2.19 obtenemos lo siguiente.

$$\bar{q}_c = k_{La} \cdot \left[ \bar{C} \cdot \frac{1}{1 + 10^{pH-pK_b}} - K_H \cdot \bar{P}_C \right]$$

Donde el único parámetro desconocido es el coeficiente de transferencia líquido-gas ( $k_{La}$ ). Los valores para  $K_H$  y  $pK_b$  son los proporcionados en [25].

### ***Estimación de coeficientes estequiométricos***

Reemplazando 2.26 y 2.27 en las ecuaciones 2.13, 2.17, 2.20, 2.23 obtenemos las siguientes expresiones para el estado estacionario.

$$\bar{D}(S_{2,in} - \bar{S}_2) = k_3 \cdot \alpha \cdot \bar{D} \cdot \bar{X}_2 - k_2 \cdot \alpha \cdot \bar{D} \cdot \bar{X}_1$$

$$\bar{q}_c - \bar{D} \cdot (C_{in} - \bar{C}) = k_4 \cdot \alpha \cdot \bar{D} \cdot \bar{X}_1 + k_5 \cdot \alpha \cdot \bar{D} \cdot \bar{X}_2$$

$$\frac{\bar{q}_M}{\bar{X}_2} = k_6 \cdot \alpha \cdot \bar{D}$$

$$\bar{D}(S_{1,in} - \bar{S}_1) + k_{hyd} \cdot \bar{X}_T = k_1 \cdot \alpha \cdot \bar{D} \cdot \bar{X}_1$$



De las ecuaciones anteriores identificamos los coeficientes estequiométricos  $k_1, k_2, k_3, k_4, k_5$  y  $k_6$ .

De este modo identificamos los parámetros del modelo AM2HN.

### Identificación mediante Regresión Lineal Múltiple

Las regresiones fueron realizadas en el software MatLab. Se utilizó la herramienta *Curve Fitting Toolbox* para las regresiones no lineales que implicaban hasta tres variables conocidas y el comando “*fitnlm*” para las regresiones que implicaban cuatro variables conocidas.

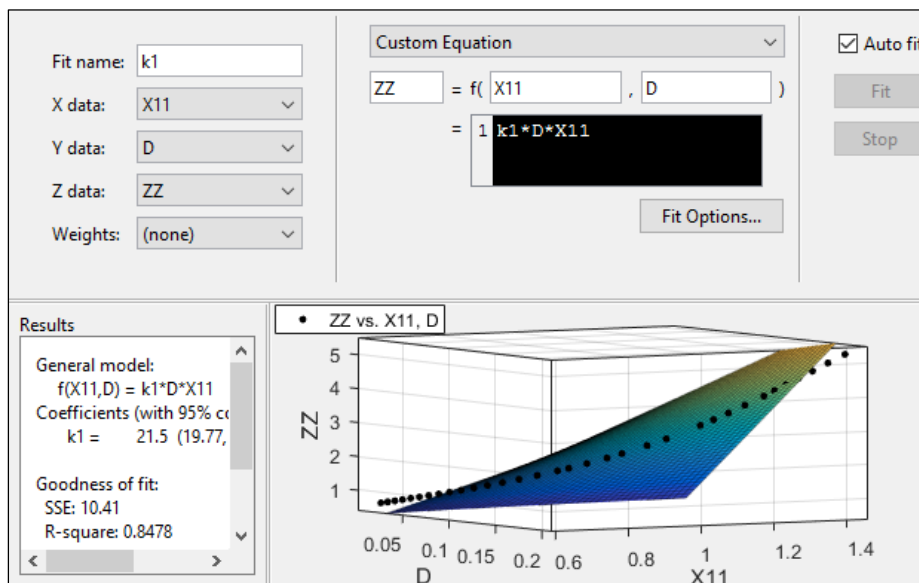


Figura 24. Cálculo de coeficiente estequiométrico  $k_1$  mediante regresión lineal en Curve Fitting Toolbox de MatLab.  
Fuente: Elaboración propia.

```
mdl =

Nonlinear regression model:
  q_c ~ (beta1*(C/(1. + 10^(pH - 6.1)) - 16*P_c))

Estimated Coefficients:

```

	Estimate	SE	tStat	pValue
beta1	23.838	0.65328	36.489	1.1992e-27

```

Number of observations: 33, Error degrees of freedom: 32
Root Mean Squared Error: 2.92
R-Squared: 0.945, Adjusted R-Squared 0.945
F-statistic vs. zero model: 1.33e+03, p-value = 1.2e-27

```

Figura 25. Cálculo de coeficiente de transferencia líquido-gas mediante regresión lineal múltiple utilizando el comando *fitnlm* de MatLab.  
Fuente: Elaboración propia.

En la tabla 31 se resumen los valores identificados para los parámetros. Con estos parámetros se implementó el modelo en Simulink.

**Tabla 30.** Resumen de parámetros identificados

Parámetro	Detalle	Valor	(R <sup>2</sup> )
$K_{s1}$	Constante acidogénica de saturación media [g/L]	0.3396	0.9984
$u_{1,max}$	Tasa máxima de crecimiento de biomasa acidogénica [1/d]	0.3163	
$K_{s2}$	Constante metanogénica de saturación media [mM]	12.37	0.9198
$u_{2,max}$	Tasa máxima de crecimiento de biomasa metanogénica [1/d]	0.2533	
$K_I$	Constante de inhibición [mM]	$8.192 \cdot 10^5$	
$K_{hyd}$	Constante de hidrólisis [1/d]	4.135	0.9199
$k_{LA}$	Coefficiente de transferencia líquido – gas [1/d]	25.641	0.964
$k_1$	Coefficiente de rendimiento de la degradación del COD	21.57	0.8478
$k_2$	Rendimiento de la producción de VFA [mmol/g]	464.9	0.9988
$k_3$	Rendimiento del consumo de VFA [mmol/g]	516.2	
$k_4$	Rendimiento de producción de CO <sub>2</sub> [mmol/g]	361.87	0.997
$k_5$	Rendimiento de producción de CO <sub>2</sub> [mmol/g]	257.54	
$k_6$	Rendimiento de producción de metano [mmol/g]	316	0.96

Fuente: Elaboración propia.

### 2.3.3.4 Implementación de modelo AM2HN

En la tabla 32 se resumen las variables de estado del modelo AM2HN.

**Tabla 31.** Resumen de modelo AM2HN

<b>Balace de masa de la biomasa.</b>	<p><b>Acidogénica:</b></p> $\frac{dX_1}{dt} = [\mu_1(S_1) - D] \cdot X_1 \dots (2.10)$ <p><b>Metanogénica:</b></p> $\frac{dX_2}{dt} = [\mu_2(S_2) - D] \cdot X_2 \dots (2.11)$
<b>Balace de masa de sustratos.</b>	<p><b>Sustratos particulados</b></p> $\frac{dX_T}{dt} = D(X_{T,in} - X_T) - k_{hyd} \cdot X_T \dots (2.22)$ <p><b>Sustratos solubles:</b></p> $\frac{dS_1}{dt} = D(S_{1,in} - S_1) - k_1 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 + k_{hyd} \cdot X_T \dots (2.12)$ <p><b>VFA:</b></p> $\frac{dS_2}{dt} = D \cdot (S_{2,in} - S_2) + k_2 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 - k_3 \cdot \mu_2(S_2) \cdot X_2 \dots (2.13)$
<b>Balace de masa de alcalinidad y carbón orgánico</b>	<p><b>Alcalinidad</b></p> $\frac{dZ}{dt} = D \cdot (Z_{in} - Z) + (k_1 \cdot N_{s1} - N_{bac}) \cdot \mu_1 \cdot X_1 - N_{bac} \cdot \mu_2 \cdot X_2 + k_{d,1} \cdot N_{bac} \cdot X_1 + k_{d,2} \cdot N_{bac} \cdot X_2 \dots (2.24)$ <p><b>Carbón orgánico</b></p> $\frac{dC}{dt} = D \cdot (C_{in} - C) - q_c + k_4 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 + k_5 \cdot \mu_2(S_2) \cdot X_2 \dots (2.17)$

**Tabla 32.** Resumen de modelo AM2HN (continuación)

<p><b>Nivel de pH y flujo de gases</b></p>	<p><b>Nivel de pH</b></p> $pH = -\log_{10} \left( K_b \cdot \frac{C-Z+S_2}{Z-S_2} \right) \dots(2.21)$ <p><b>Tasa de flujo de CO2</b></p> $q_c = k_L a \cdot [C + S_2 - Z - K_H \cdot P_C] \dots(2.19)$ <p><b>Tasa de flujo de metano</b></p> $q_M = k_6 \cdot \mu(S_2) \cdot X_2 \dots(2.20)$
<p><b>Tasa específica de crecimiento cinético de biomasa</b></p>	<p><b>Acidogénico:</b></p> $\mu_1(S_1) = u_{1,max} \cdot \frac{S_1}{S_1+K_{S1}} - k_{d,1} \cdot u_{1,max} \dots(2.25)$ <p><b>Metanogénico:</b></p> $\mu_2(S_2) = u_{2,max} \cdot \frac{S_2}{S_2+K_{S2}+\frac{S_2^2}{K_I}} - k_{d,2} \cdot u_{2,max} \dots(2.26)$

Fuente: Adaptado a partir de [2]

Con los parámetros identificados (ver tabla 31), se realizó la implementación del modelo.

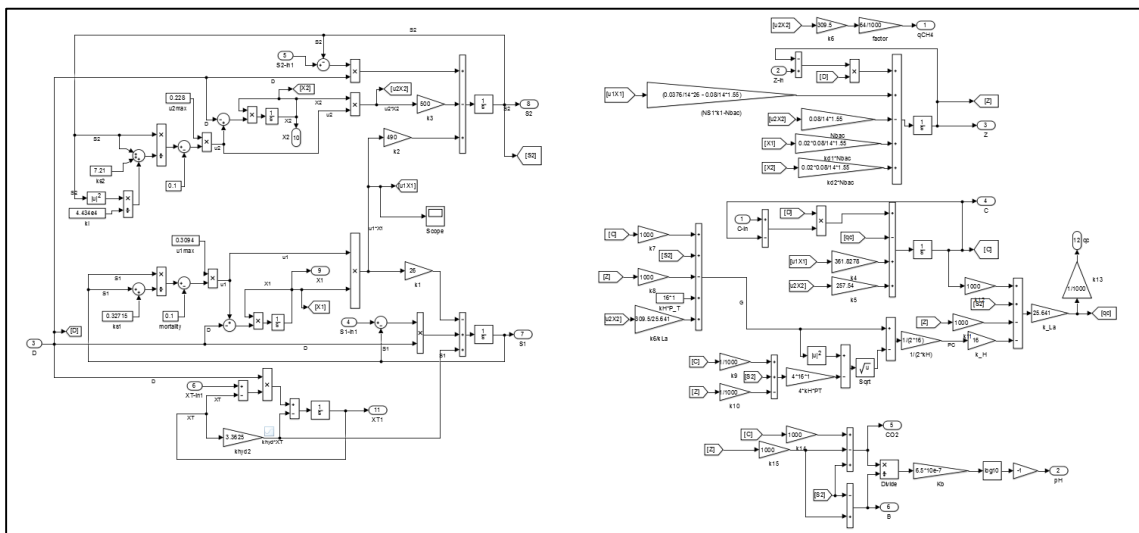


Figura 26. Modelo AM2HN implementado en Simulink

Fuente: Elaboración propia

Luego de implementado el modelo AM2HN, se realizó una validación dinámica con respecto al modelo ADM1. Los valores de los parámetros obtenidos en la identificación fueron ajustados hasta conseguir la mejor validación posible con respecto al modelo ADM1. Los parámetros finales se muestran en la tabla 33.

**Tabla 32.** Valores ajustados para parámetros de modelo AM2HN

Parámetro	Detalle	Valor
$K_{s1}$	Constante acidogénica de saturación media [g/L]	0.3109
$u_{1,max}$	Tasa máxima de crecimiento de biomasa acidogénica [1/d]	0.3014
$K_{s2}$	Constante metanogénica de saturación media [mM]	7.238
$u_{2,max}$	Tasa máxima de crecimiento de biomasa metanogénica [1/d]	0.2051
$K_I$	Constante de inhibición [mM]	$4.43 \cdot 10^4$
$K_{hyd}$	Constante de hidrólisis [1/d]	4.135
$k_{LA}$	Coefficiente de transferencia líquido – gas [1/d]	23.64
$k_1$	Coefficiente de rendimiento de la degradación del COD	21.97
$k_2$	Rendimiento de la producción de VFA [mmol/g]	483.7
$k_3$	Rendimiento del consumo de VFA [mmol/g]	537.4
$k_4$	Rendimiento de producción de CO2 [mmol/g]	316.87
$k_5$	Rendimiento de producción de CO2 [mmol/g]	257.54
$k_6$	Rendimiento de producción de metano [mmol/g]	309.5

Fuente: Elaboración propia.

Para la validación dinámica ambos modelos se sometieron a la misma variación en el flujo de entrada. Después de 100 días el caudal decrece de 170 m<sup>3</sup>/d a 85 m<sup>3</sup>/d, ver figura 27.

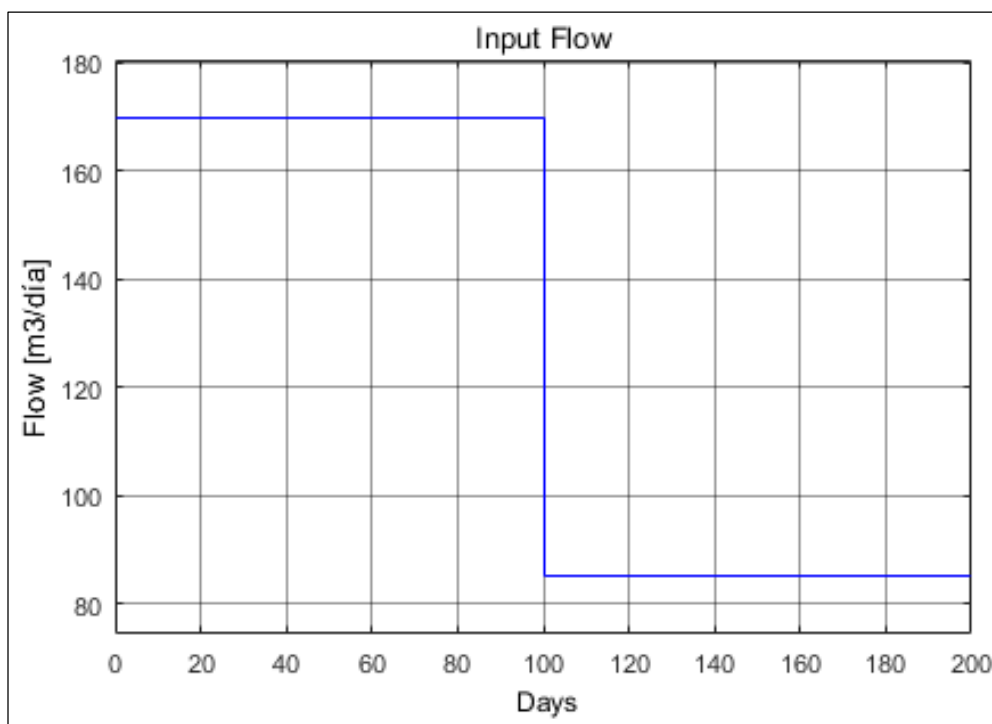


Figura 27. Flujo de entrada en función del tiempo

Fuente: Elaboración propia.

En las figuras siguientes se comparan las respuestas.

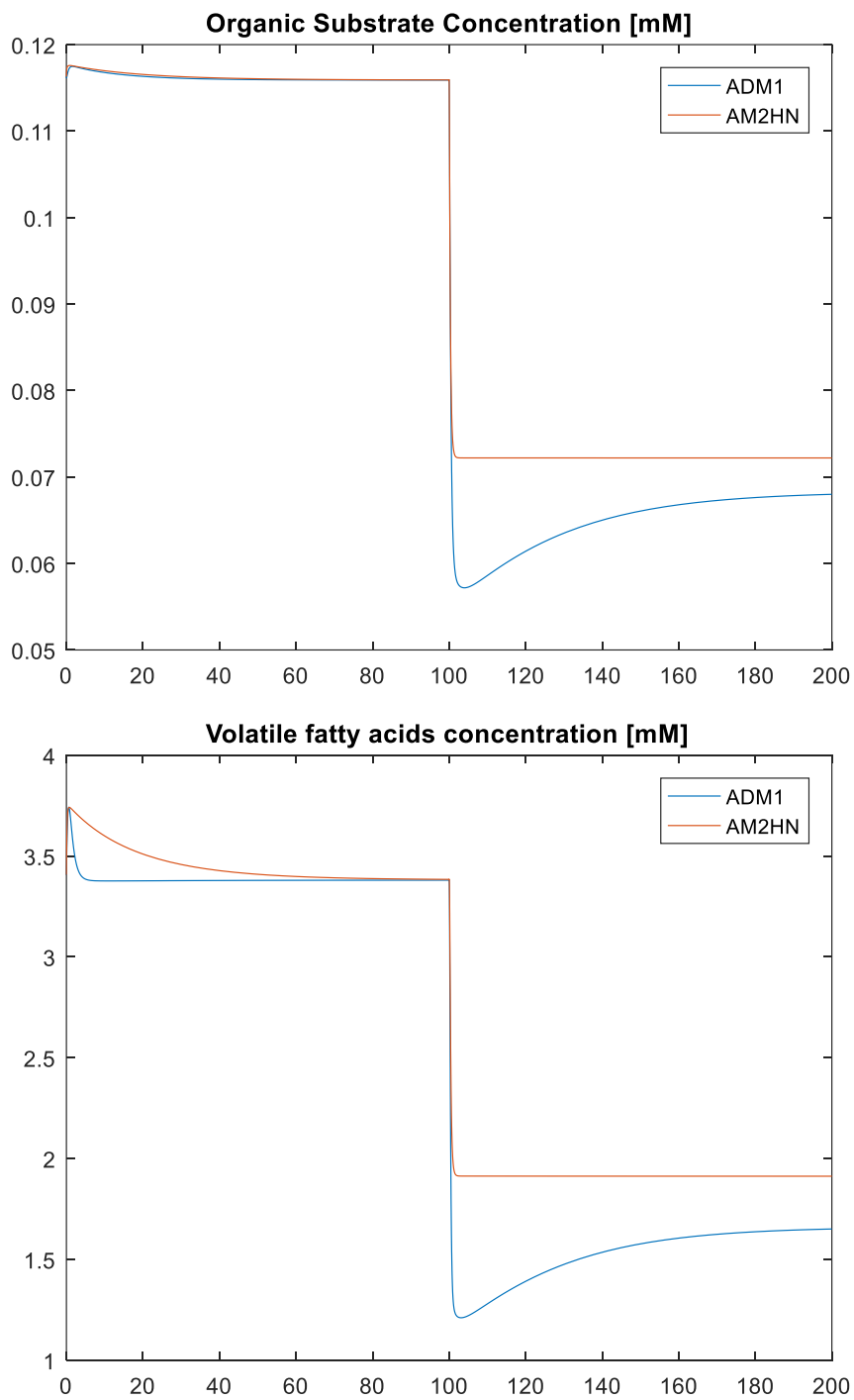


Figura 28: Concentración de sustratos solubles ( $S_1$ ) y de VFA ( $S_2$ ).  
Fuente: Elaboración propia.

La dinámica de  $S_1$  antes del cambio es bastante similar, sin embargo después del cambio hay una diferencia en el transitorio.

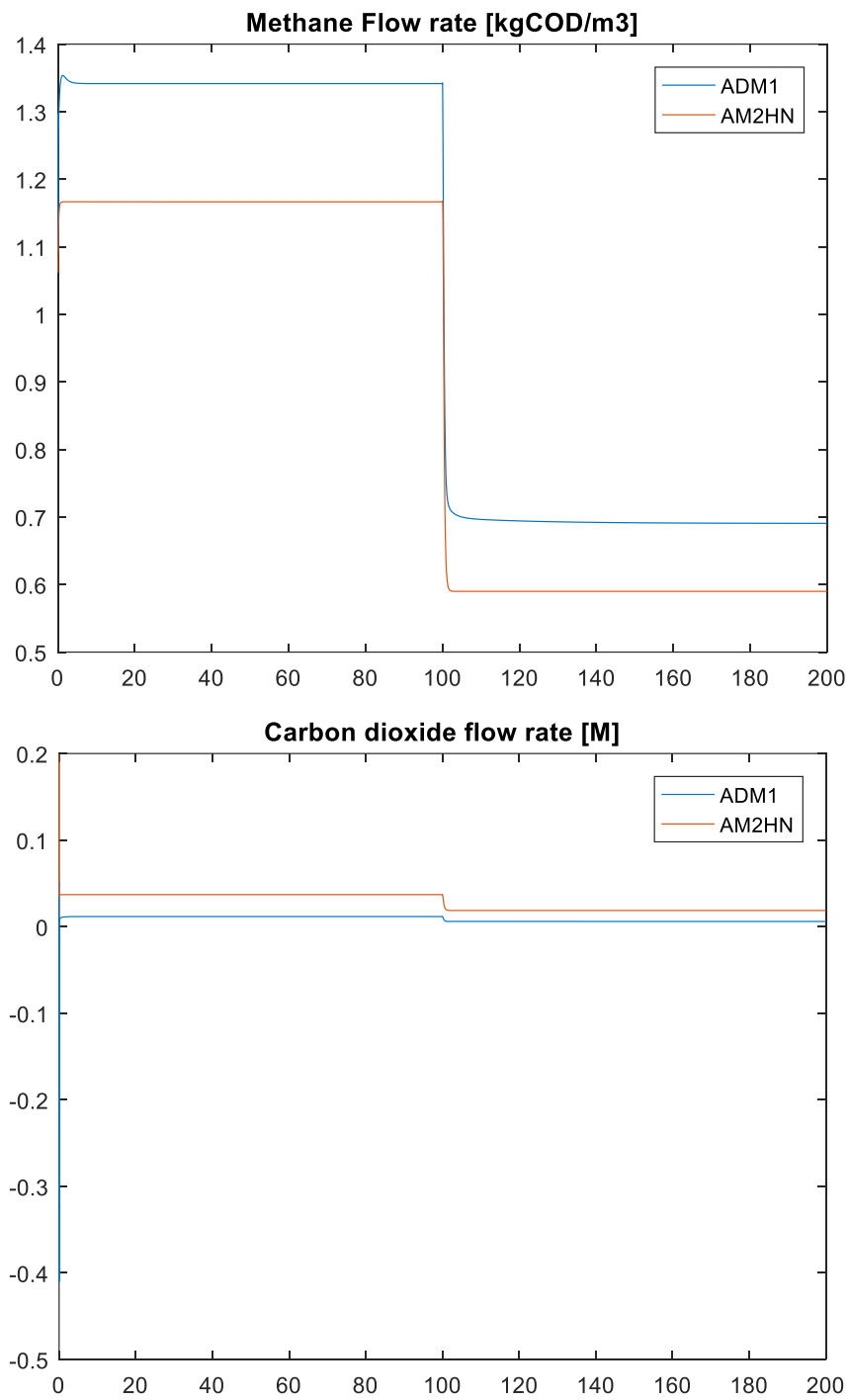


Figura 29. Flujos de metano y dióxido de carbono  
Fuente: Elaboración propia.

La dinámica en los flujos son muy similares, pero existe un desfase que puede ser corregido proporcionalmente.

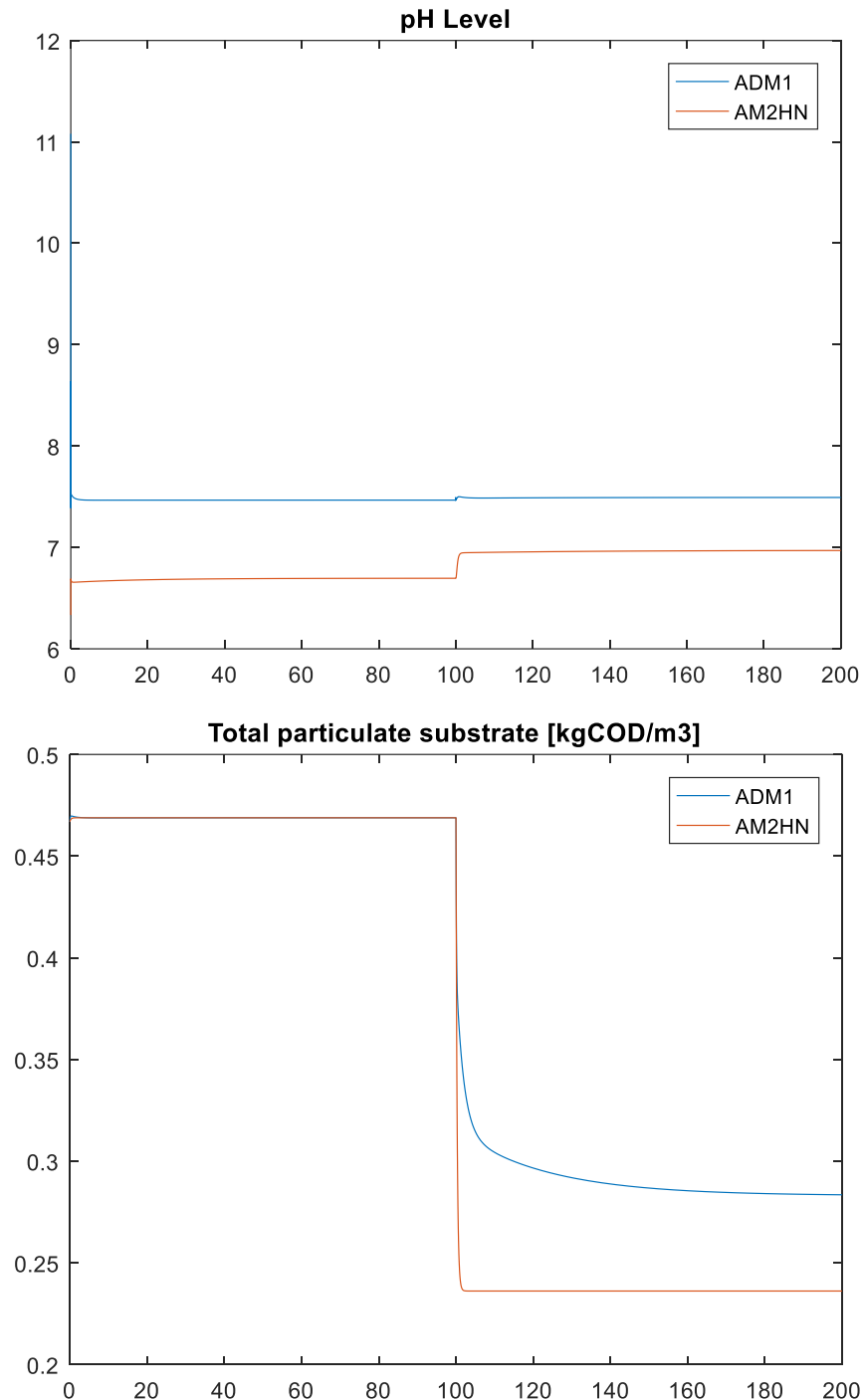


Figura 30: Nivel de pH y concentración de sustratos particulados (XT)  
Fuente: Elaboración propia.

La dinámica para el nivel de pH y la concentración de sustratos particulados presenta una dinámica similar.

Aunque existan diferencias en el estado estacionario, cabe señalar que para propósitos de control lo que más nos interesa es que el nuevo modelo represente la dinámica del proceso.





## **Capítulo 3:**

### **Diseño de controlador para proceso de digestión anaerobia**

#### **3.1 Introducción a control de digestión anaerobia**

Cada vez más, la digestión anaeróbica se está aplicando en el tratamiento de aguas residuales debido a sus ventajas en comparación con las técnicas de tratamiento tradicionales. Sin embargo, la complejidad del proceso y el riesgo de desestabilización impulsan tanto a la investigación como al sector industrial a buscar estrategias para optimizar sus resultados. El modelamiento y control es una manera de alcanzar este objetivo. Es por ello que ambos han sido ampliamente estudiados en los últimos veinte años [4], especialmente después de la publicación del modelo ADM1 [1]. Se han publicado muchas técnicas de control para la digestión anaerobia, incluyendo el control clásico (es decir, on / off, PI, PID) y estrategias de control avanzadas (control difuso, no lineal, MPC, etc.). En general, estos últimos permiten obtener mejores resultados que las estrategias simples, pero requieren un mayor tiempo de computación y por lo general necesitan mayor cantidad de mediciones usando sofisticada instrumentación *online* [26].

La técnica de control propuesta es la de *Adaptive Feedback Linearization*. Esta es una estrategia de control para procesos no lineales, pues tiene la ventaja de que la ley de control no tiene un valor fijo, sino que se va modificando de manera *online* en función de la evolución de los parámetros del proceso. Además este estudio propone que la ley de control para el proceso, utilice como observador, el modelo simple de tres etapas AM2HN estudiado en el capítulo 2. La segunda ventaja de esta propuesta es que el controlador sólo requiere de la medición *online* en planta de uno de los parámetros para su retroalimentación y control del proceso, pues los demás parámetros serán tomados desde el modelo observador AM2HN.

El parámetro generalmente usado como variable manipulable es la tasa de dilución [26], la cual es directamente proporcional al flujo de entrada de sustrato cuando el volumen del reactor es constante. Es por esto que en el presente estudio se eligió este parámetro como señal de control.

En los apartados siguientes se va explicando el control desde lo más sencillo a lo más complicado. En un primer lugar se obtiene la ley de control para la concentración de sustratos solubles ( $S_1$ ), posteriormente, al ser éste un parámetro de difícil medición *online* en planta, se obtiene una ley de control para la concentración de ácidos grasos volátiles ( $S_2$ ) a través de la medición *online* de este mismo parámetro. Posteriormente se modifica la ley de control para controlar la concentración de  $S_2$  a través de la medición de la producción de metano, el cual es un parámetro que casi siempre se mide de manera *online* en las plantas, pues proporciona información directa acerca del rendimiento del proceso. Seguidamente se modifica la ley de control para controlar la producción de metano a través de su misma medición *online*. De esta manera se consigue controlar la producción de metano, el cual es el parámetro más importante para el rendimiento del proceso de digestión anaerobia. Lo mencionado anteriormente ha servido para controlar el modelo AM2HN. Posteriormente se controla una planta virtual (modelo ADM1), utilizando como modelo observador el modelo AM2HN. De este modo se controla el proceso mediante la medición online de un único parámetro en la planta virtual, los demás parámetros requeridos por la ley de control son tomados del modelo observador AM2HN.

Finalmente, en el capítulo 4, se realizan pruebas de robustez del controlador para evaluar su comportamiento frente a variaciones en la concentración del sustrato de entrada y frente a incertidumbres en los parámetros internos del proceso.

### **3.2 Diseño de controlador *Adaptive Feedback Linearization* (AFL)**

Según el modelo AM2HN descrito en el capítulo 2, la variable controlada será la concentración de sustratos solubles (carbohidratos, aminoácidos y ácidos grasos), es decir  $S_1$ . Recordemos que son estos compuestos los que posteriormente serán convertidos en VFA, y posteriormente en biogás y metano.

El proceso de digestión anaerobia contiene subprocesos que son extremadamente rápidos, como por ejemplo las reacciones químicas que demoran menos de un segundo, así como también procesos extremadamente lentos, como por ejemplo la producción de biogás que puede tomar días. Debido a esto cuando se produce una inestabilidad, no se manifiesta al mismo tiempo en todas las variables de estado del proceso. Es por ello que si bien la producción de biogás o metano son los parámetros que más nos interesan en el proceso, porque están directamente relacionado con la performance, estos no son indicadores tempranos de inestabilidad, como se explica en 1.4.1. Es decir se verá una disminución en la producción de biogás o metano solamente después de que ya se ha producido una inestabilidad en el proceso. Es importante para la digestión anaerobia monitorear las inestabilidades porque si no son evitadas a tiempo pueden causar inhibición prolongada del proceso o incluso el completo colapso del proceso.

De esta manera, controlando la concentración de los sustratos solubles, se propone controlar de manera indirecta la producción de VFA que es un parámetro de predicción temprano de inestabilidad del proceso, como se explica en el apartado 1.4.2.1; pero cuya medición online es más complicada que la medición de la demanda química de oxígeno con la cual se obtendría  $S_1$ .

La variable de control será la tasa de dilución ( $D$ ), pues es una entrada manipulable en el sistema mediante bombas de caudal. Debido a esto es ampliamente usada como señal de control en reactores de escala industrial. El controlador AFL trabaja muy bien con procesos no lineales, consiste en imponer una dinámica de lazo cerrado a la variable de estado que se desea controlar. De acuerdo a esto, la variación de la concentración de los sustratos solubles también se puede expresar como la siguiente ecuación diferencial.

$$\frac{dS_1}{dt} = \lambda(\bar{S}_1 - S_1) \dots (3.1)$$

Donde:

$\bar{S}_1$ : Es el *set-point* de la concentración de sustratos solubles

$\lambda$ : Parámetro de sintonización del controlador

Igualando la ecuación 3.1 con la ecuación 2.12 de la variación de concentración de los sustratos solubles, obtenemos la ecuación para la tasa de dilución.

$$D = \frac{\lambda(\bar{S}_1 - S_1) + k_1 \mu_1 X_1 - k_{hyd} X_T}{(S_{1,in} - S_1)} \dots (3.2)$$

Sin embargo, cabe notar que en esta ley de control,  $D$  tiende a infinito, tan pronto como  $S_1$  se aproxime a  $S_{1,in}$ . Esto no es implementable en la práctica pues no se pueden tener flujos de caudal infinito. Por tanto esta ley de control sólo será aplicable cuando se cumpla la siguiente condición.

$$S_{1,in} < S_1(0) \& \bar{S}_1 \vee S_{1,in} > S_1(0) \& \bar{S}_1$$

Es decir, cuando  $\bar{S}_1$  y  $S_1(0)$  sean ambos mayores que  $S_{1,in}$  o ambos menores que  $S_{1,in}$ . Lo cual representa un problema de implementación práctica.

En el modelo AM2HN identificado en el capítulo 2, la tasa máxima específica de hidrólisis es 10 veces la máxima tasa de crecimiento específico de la biomasa acidogénica, por lo tanto el modelo AM2HN puede ser considerado como un sistema *slow-fast*. En otras palabras, podemos usar una aproximación de estado cuasi-estático asumiendo que los componentes particulados están en equilibrio, es decir  $dX_T/dt = 0$ . Por tanto, a partir de la ecuación 2.22 obtenemos el pseudo-estado estacionario de  $X_T$ .

$$\frac{dX_T}{dt} = 0 = D(X_{T,in} - X_T) - k_{hyd} X_T$$

$$X_T = D(X_{T,in} - X_T)/k_{hyd} \dots (3.3)$$

Al reemplazar la nueva expresión de  $X_T$  en 3.2 y reordenar encontramos la nueva expresión para la ley de control. De esta manera evitamos que  $D$  llegue a ser infinito incluso si  $S_1$  interseca a  $S_{1,in}$ .

$$D = \frac{\lambda(\bar{S}_1 - S_1) + k_1 \cdot \mu_1 \cdot X_1}{(S_{1,in} - S_1) + (X_{T,in} - X_T)} \dots (3.4)$$

De acuerdo con [3] el primer término de la mano derecha es un término de control proporcional, el cual depende del parámetro de sintonización ( $\lambda$ ), el *set-point*, la concentración de los sustratos de entrada, el valor real de la variable controlada ( $S_1$ ) y la concentración de los sustratos particulados ( $X_T$ ). El segundo término es un término de retroalimentación no-lineal que incluye el consumo de la variable controlada en el proceso.

### 3.3 Control de sustratos solubles ( $S_1$ ) en modelo AM2HN

El controlador fue aplicado en el modelo simple AM2HN. Para esto, el controlador fue implementado en Simulink como se muestra en la figura 31.

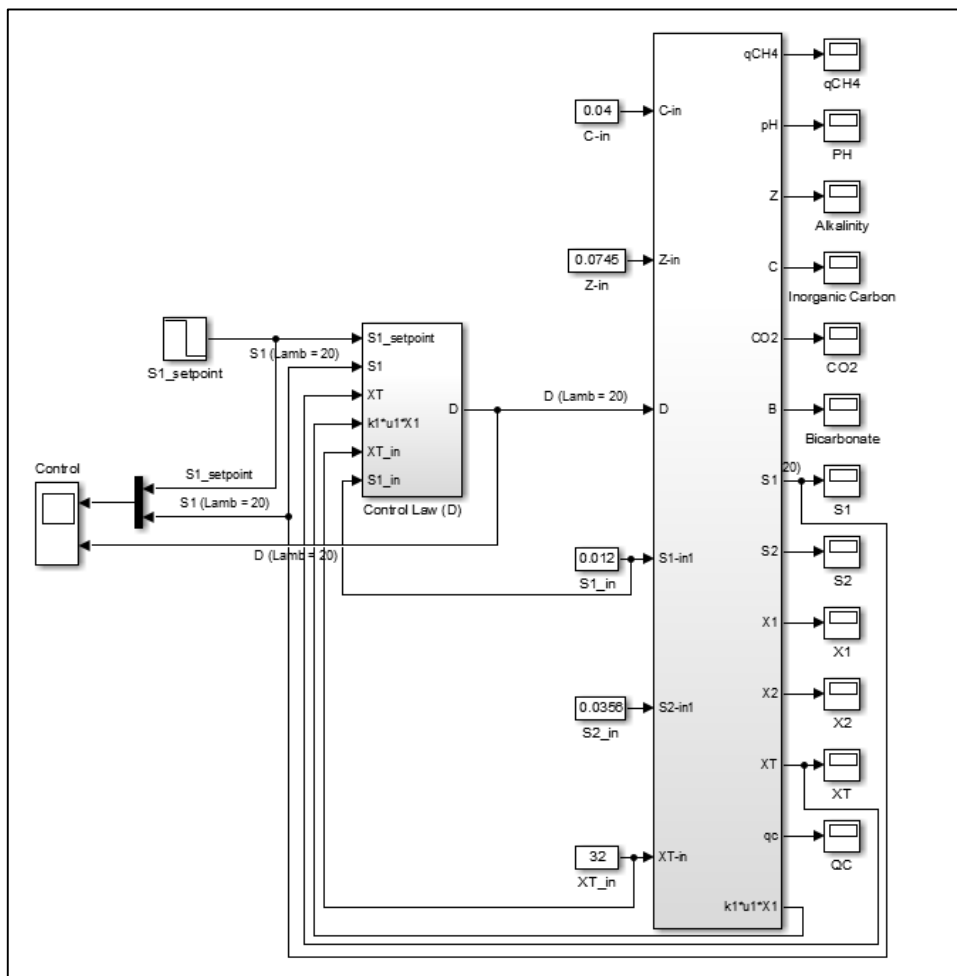


Figura 31: Controlador AFL aplicado a modelo simple AM2HN  
Fuente: Elaboración propia.

El diagrama de la ley de control se muestra en la figura 32, la cual representa la ecuación 3.4.

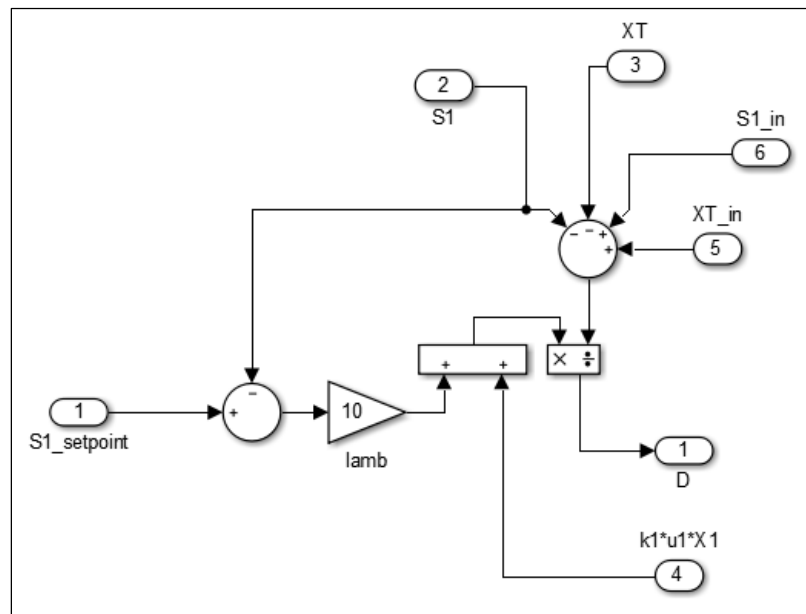


Figura 32: Diagrama de bloques de ley de control (D)  
Fuente: Elaboración propia.

En la figura 33, se aprecia la respuesta del controlador ante la reducción del *set-point*. El valor del parámetro de sintonización ( $\lambda$ ) ha sido seteado en 10.

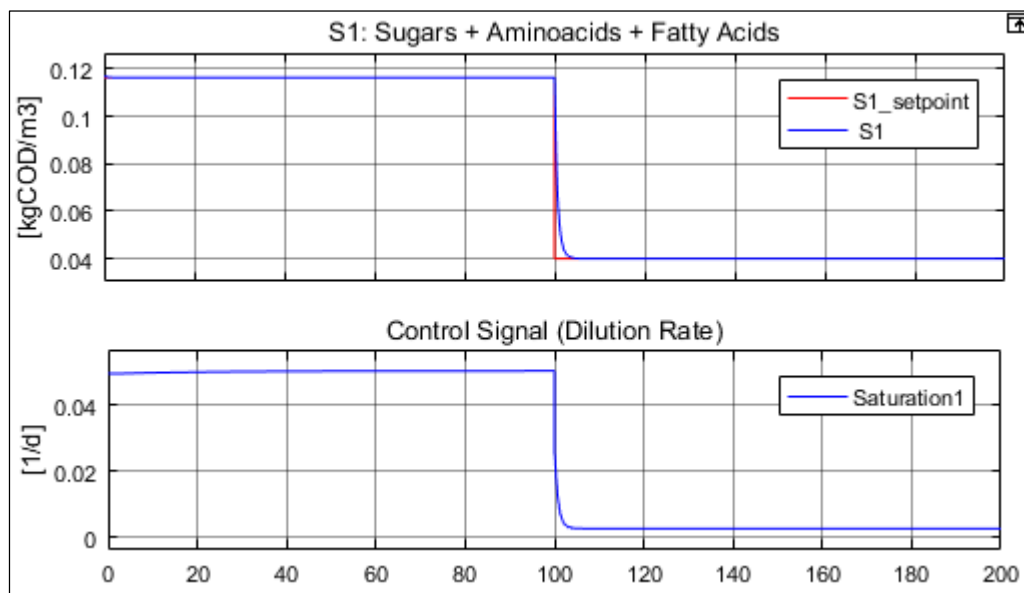


Figura 33. Respuesta de controlador AFL frente a un cambio en el *set-point*  
Fuente: Elaboración propia.

En la figura 35 se realiza una comparación de las dinámicas del controlador frente a varios valores del parámetro de sintonización.

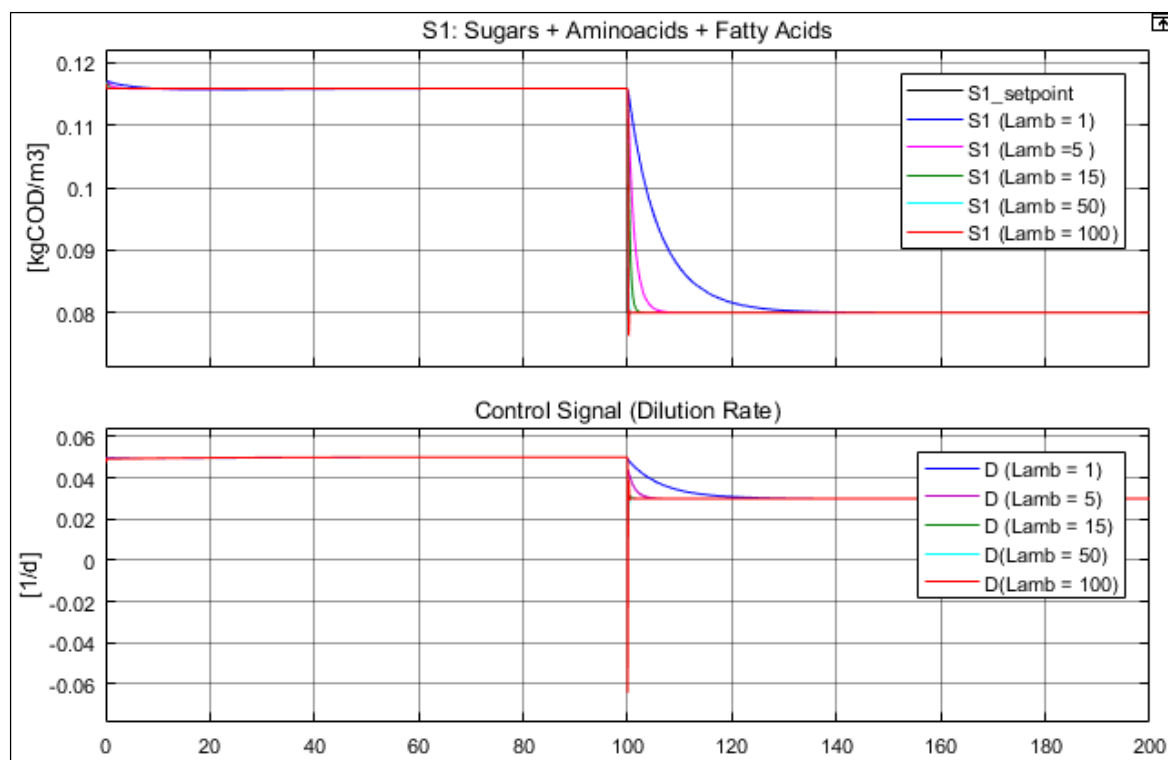


Figura 34. Respuesta de controlador AFL para distintos valores del parámetro de sintonización.  
Fuente: Elaboración propia.

Mientras más alto es el parámetro de sintonización, menor es el tiempo de establecimiento del *setpoint*. Sin embargo como se aprecia en la figura 35, la señal de control puede llegar a ser negativa en los casos extremos, lo cual no es factible en una planta real.

A pesar del buen funcionamiento de este primer controlador, su aplicación no sería tan sencilla en una planta real, pues la medición de la concentración de sustratos solubles a través de la medición de la demanda química de oxígeno requiere de sensores *online* muy sofisticados.

En plantas de digestión anaerobia, los parámetros que más se controlan son la concentración de VFA y la producción de metano. El primero porque está ligado directamente con la estabilidad del proceso y el segundo porque es el producto que más nos interesa del proceso. Es por esto que en plantas industriales estos dos parámetros son los que generalmente son medidos de manera online.

Por lo expuesto anteriormente es que en los apartados siguientes se diseñarán nuevas leyes de control para la concentración de VFA y la producción de metano.

### 3.4 Control de concentración de ácidos grasos volátiles ( $S_2$ o VFA)

Igual que en el apartado 3.3, se impone la dinámica de lazo cerrado a la concentración de VFA ( $S_2$ ) para obtener la ley de control. Por tanto se modifica la ecuación 2.13.

$$\lambda_2 \cdot (\bar{S}_2 - S_2) = D \cdot (S_{2,input} - S_2) + k_2 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 - k_3 \cdot \mu_2(S_2) \cdot X_2 \dots (3.5)$$

Imponiendo también la dinámica de lazo cerrado a la concentración de sustratos solubles ( $S_1$ ), la ecuación 2.12 se modifica.

$$\lambda_1 \cdot (\bar{S}_1 - S_1) = D(S_{1,input} - S_1) - k_1 \cdot \mu_1(S_1) \cdot X_1 + k_{hyd} \cdot X_T$$

Y el término  $\mu_1(S_1) \cdot X_1$  puede ser despejado.

$$\mu_1(S_1) \cdot X_1 = \frac{D}{k_1} (S_{1,input} - S_1) + \frac{k_{hyd}}{k_1} \cdot X_T + \frac{\lambda_1}{k_1} \cdot (\bar{S}_1 - S_1) \dots (3.6)$$

Además recordando que estamos tratando con un sistema *slow-fast*, en el que podemos usar una aproximación de estado cuasi-estático y asumir que los componentes particulados se encuentran en equilibrio, a partir de 3.3 obtenemos el término  $k_{hyd} \cdot X_T$ .

$$k_{hyd} \cdot X_T = D(X_{T,in} - X_T) \dots (3.7)$$

Reemplazamos 3.7 en 3.6.

$$\mu_1(S_1) \cdot X_1 = \frac{D}{k_1} (S_{1,input} - S_1) + \frac{1}{k_1} \cdot D \cdot (X_{T,in} - X_T) + \frac{\lambda_1}{k_1} \cdot (\bar{S}_1 - S_1)$$

Este último en 3.5 y posteriormente despejamos la tasa de dilución para obtener la ley de control.

$$\lambda_2 \cdot (\bar{S}_2 - S_2) = D \cdot (S_{2,input} - S_2) + \frac{k_2}{k_1} \cdot D \cdot (S_{1,input} - S_1) + \frac{k_2}{k_1} \cdot D \cdot (X_{T,in} - X_T) +$$

$$\frac{k_2}{k_1} \cdot \lambda_1 \cdot (\bar{S}_1 - S_1) - k_3 \cdot \mu_2(S_2) \cdot X_2$$

$$D = \frac{\lambda_2 \cdot (\bar{S}_2 - S_2) + k_3 \cdot \mu_2(S_2) \cdot X_2 - \frac{k_2}{k_1} \cdot \lambda_1 \cdot (\bar{S}_1 - S_1)}{(S_{2,input} - S_2) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (S_{1,input} - S_1) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (X_{T,in} - X_T)}$$

Debido a que no se va controlar la concentración de sustratos solubles ( $S_1$ ), entonces su *setpoint* ( $\bar{S}_1$ ) siempre será igual al valor actual ( $S_1$ ). Por tanto se anula el tercer sumando del numerador, y finalmente obtenemos la ley de control.

$$D = \frac{\lambda_2 \cdot (\bar{S}_2 - S_2) + k_3 \cdot \mu_2(S_2) \cdot X_2}{(S_{2,input} - S_2) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (S_{1,input} - S_1) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (X_{T,input} - X_T)} \dots (3.7)$$

Al igual que en el caso anterior, el primer término es proporcional, y está determinado por el parámetro de sintonización ( $\lambda_2$ ) y el error entre el *set-point* y el valor actual de la concentración de VFA. El segundo término representa la retroalimentación no lineal que incluye el consumo de la variable controlada ( $S_2$ ).

### Implementación de controlador

El controlador fue implementado en Simulink de MatLab para controlar el modelo AM2HN. El diagrama de bloques se muestra en la figura 35.

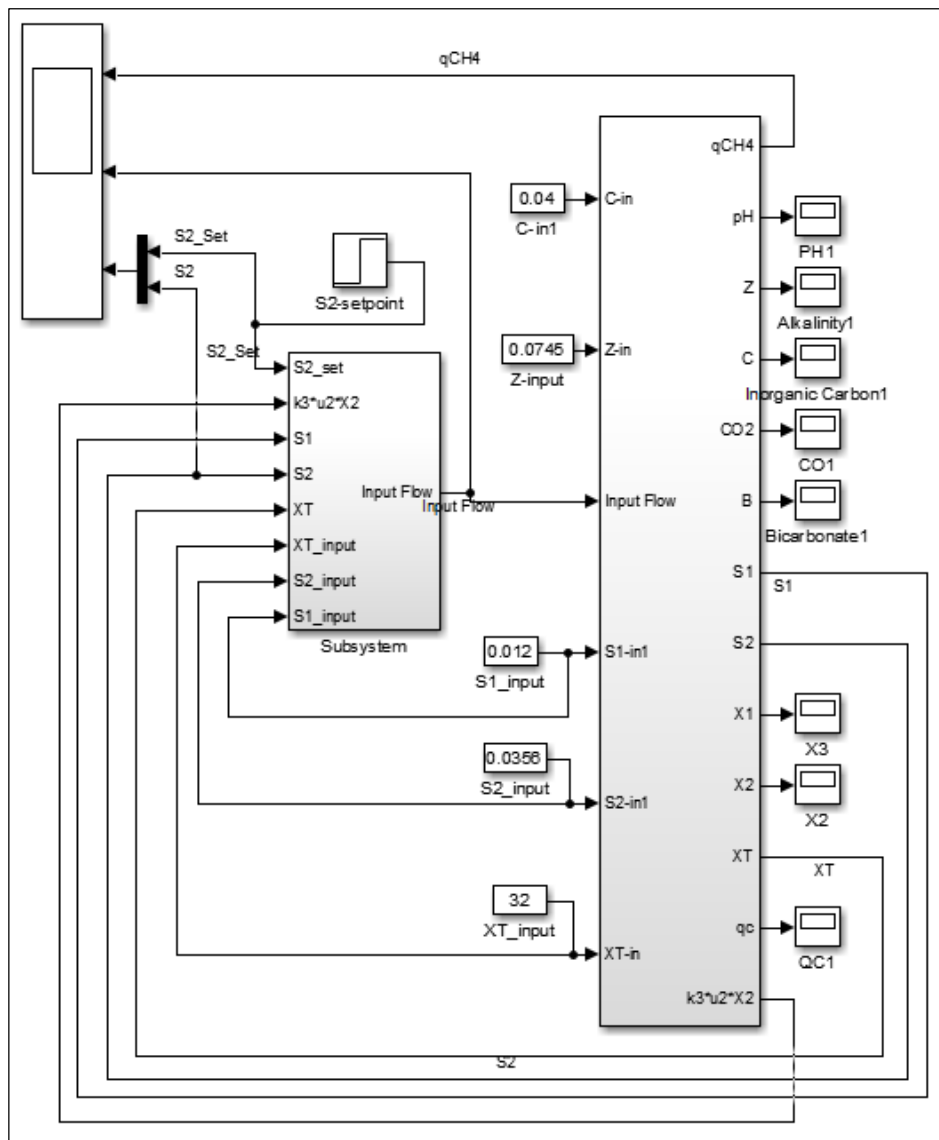


Figura 35. Diagrama Simulink de controlador *Adaptive Feedback Linearization* aplicado al modelo AM2HN

Fuente: Elaboración propia.

En la figura 39 se aprecia la respuesta del controlador frente a un cambio en el *set-point*.



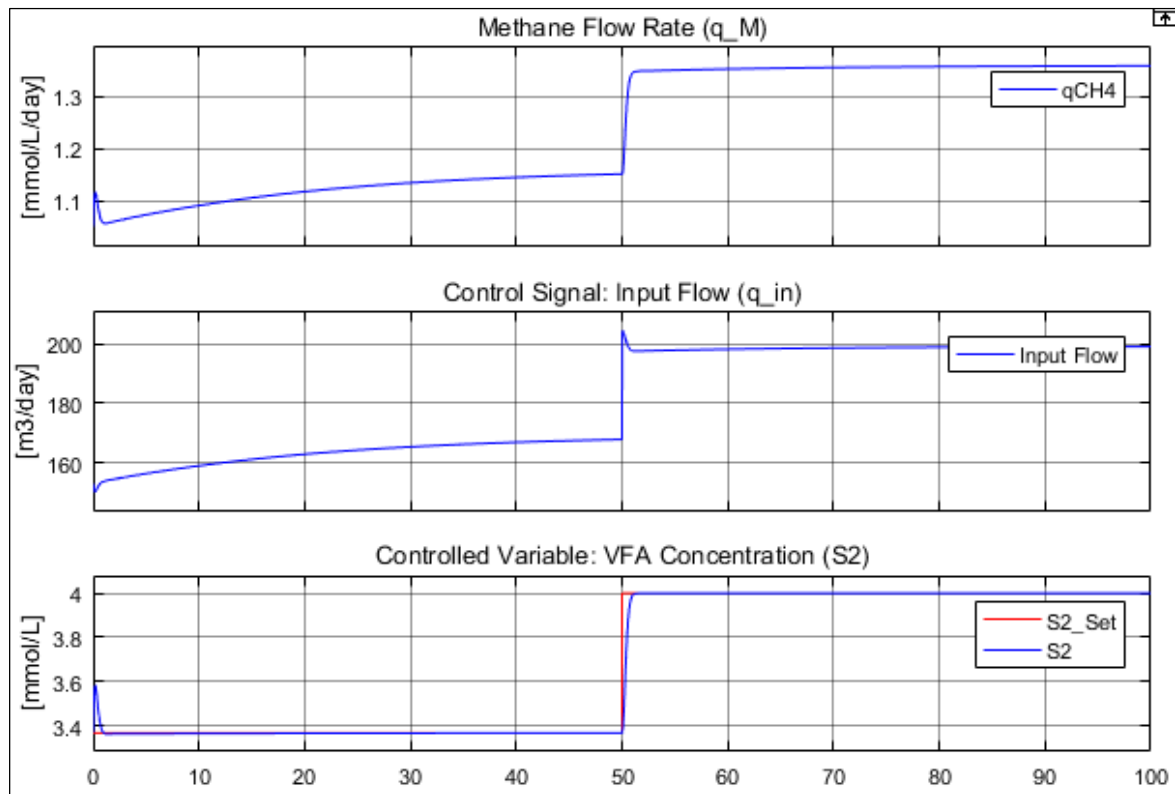


Figura 36. Respuesta de controlador AFL frente a cambio en el *setpoint*. Arriba: evolución de la tasa de flujo de metano. Medio: Evolución de la señal de control. Abajo: respuesta de la variable controlada. Fuente: Elaboración propia.

El controlador responde muy bien ante las variaciones en el *setpoint*. La señal de control también tiene una dinámica suave lo cual beneficia a la evolución del bioproceso de digestión anaerobia.

### 3.5 Control de concentración de ácidos grasos volátiles por medición de producción de metano.

En plantas reales, la medición online de la concentración de ácidos grasos volátiles no resulta ser tan fácil pues requiere de sensores muy sofisticados. Ante esto se propone la medición indirecta de los VFA a través de la medición de la tasa de flujo de metano.

Para ello se hace una modificación de la ley de control. De la ecuación 2.20, se obtiene la siguiente expresión.

$$q_M/k_6 = \mu(S_2) \cdot X_2$$

Al reemplazar este término en 3.7, obtenemos una nueva Ley de Control.

$$D = \frac{\lambda_2 \cdot (\bar{S}_2 - S_2) + k_3 \cdot q_M/k_6}{(S_{2,input} - S_2) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (S_{1,input} - S_1) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (X_{T,input} - X_T)} \dots (3.8)$$

De este modo, se logra controlar la concentración de VFA, mediante la medición de la tasa de flujo de metano.

### Implementación de controlador

Como en el apartado 3.4 el controlador fue implementado en Simulink, ver figura 37.

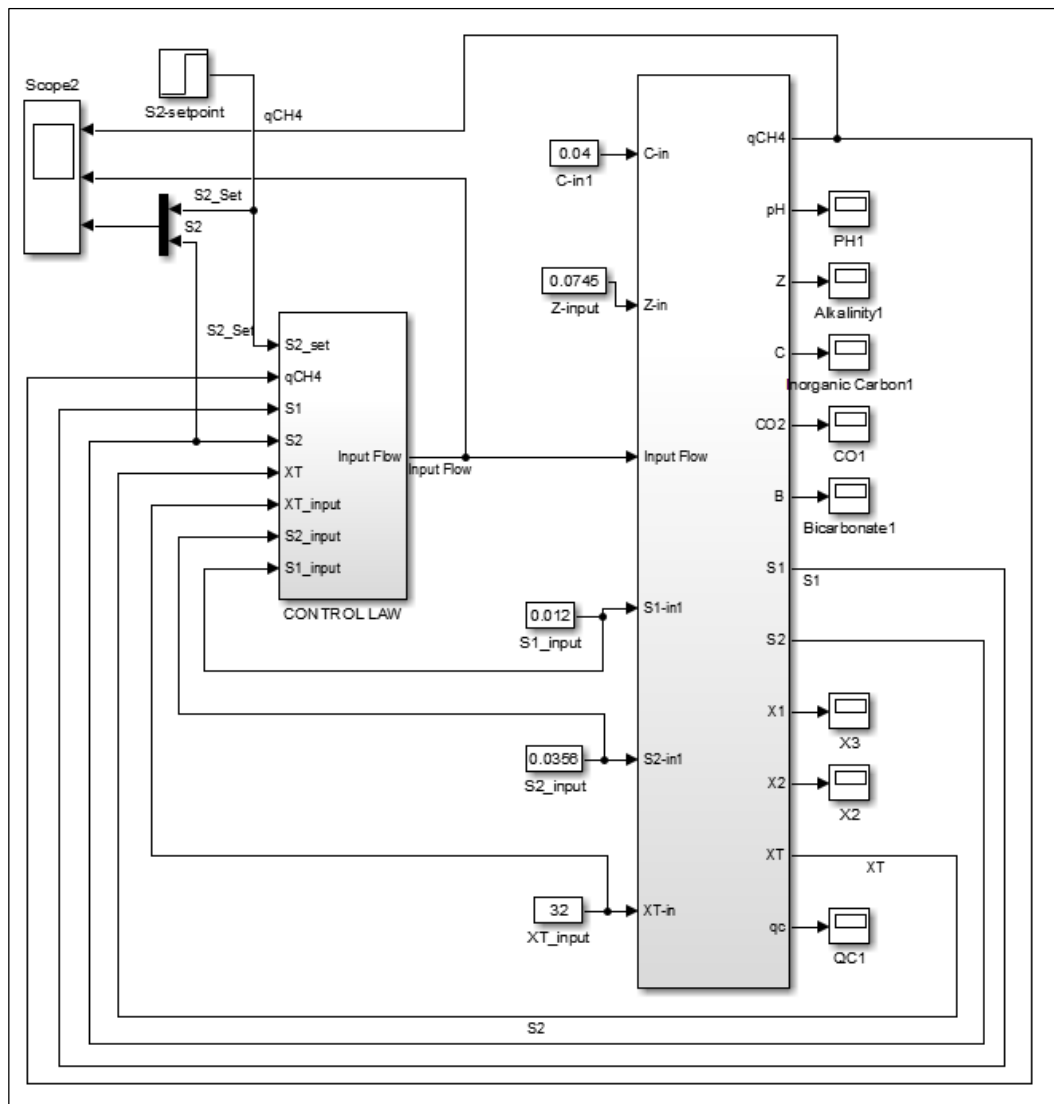


Figura 37. Diagrama Simulink de controlador AFL en modelo AM2HN. Control de la concentración de VFA, a través de la medición de la tasa de flujo de metano.

Fuente: Elaboración propia.

A comparación del diagrama de la figura 39, se puede apreciar que la retroalimentación de la ley de control proviene de la tasa de flujo de metano y no de la concentración de VFA como en el caso anterior.

El comportamiento del controlador frente a un cambio de *set-point* se ve en la figura 38.

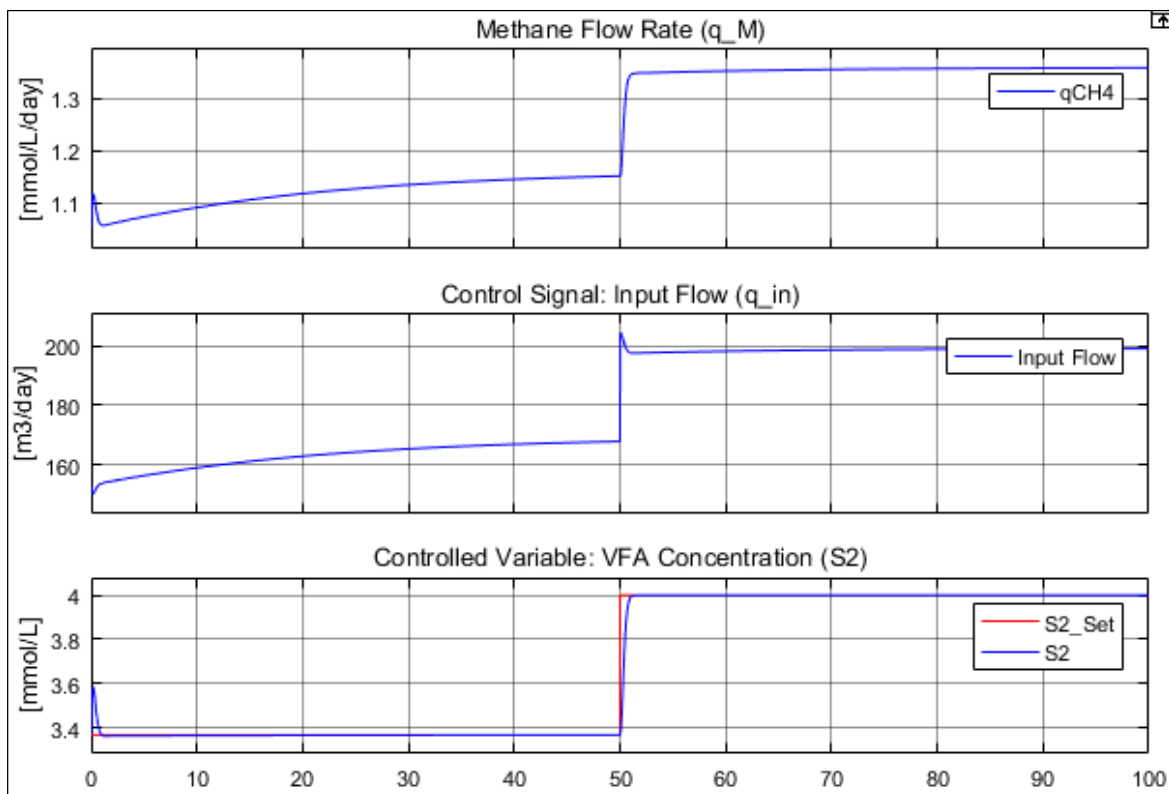


Figura 38. Respuesta de controlador AFL frente a cambio en el *setpoint*. Arriba: evolución de la tasa de flujo de metano. Medio: Evolución de la señal de control. Abajo: respuesta de la variable controlada. Fuente: Elaboración propia.

Como es de esperarse las respuestas son iguales a cuando se utiliza la concentración de VFA para la retroalimentación del controlador. Sin embargo en una planta real lo más probable es que existan diferencias entre las respuestas de estos dos controladores. Esto debido a que la conversión de los VFA en metano no es inmediata, sino que existe un retraso.

### 3.6 Control de producción de metano

El control de los VFA es una estrategia interesante en el control del proceso de digestión anaerobia ya que es un parámetro que está directamente ligado a la estabilidad del sistema. Sin embargo, la producción de metano es el parámetro que más nos importa, ya que en la mayoría de los casos es la principal razón por la cual se ha implementado una planta de digestión anaerobia. Es por ello que se ha implementado este último controlador.

Según la ley de control de la ecuación 3.8, se tiene como variable controlada en el término proporcional a la concentración de VFA ( $S_2$ ), a la cual se asigna el *setpoint* deseado  $\bar{S}_2$ .

$$D = \frac{\lambda_2 \cdot (\bar{S}_2 - S_2) + k_3 \cdot q_M / k_6}{(S_{2,input} - S_2) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (S_{1,input} - S_1) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (X_{T,input} - X_T)} \dots (3.8)$$

Debido a que se desea controlar la producción de biogás, entonces se debe reemplazar  $S_2$ , por la tasa de flujo de metano. Para esto se debe encontrar una relación matemática entre ambos parámetros.

Para encontrar esta relación entre los parámetros  $S_2$  y  $q_M$  se sometió al modelo AM2HN a una entrada rampa a lazo abierto y con los datos obtenidos se encontró una relación matemática mediante regresión lineal. Se utilizó la herramienta *Curve Fitting Tool* de *MatLab*.

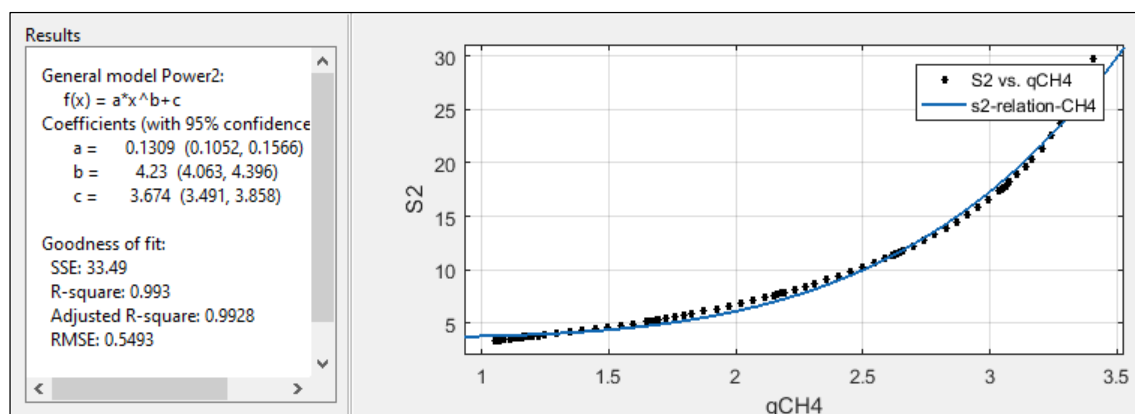


Figura 39. Determinación de relación entre  $S_2$  y  $q_M$  mediante regresión lineal en *Curve Fitting Tool* de *MatLab*.

Fuente: Elaboración propia.

La relación entre ambos parámetros es la siguiente.

$$S_2 = 0.1309 \cdot q_M^{4.23} + 3.674 \dots (3.9)$$

Para el *set-point* tendremos:

$$\bar{S}_2 = 0.1309 \cdot \bar{q}_M^{4.23} + 3.674$$

Al reemplazar  $\bar{S}_2$  y  $S_2$  en 3.8 obtenemos la ley de control para la tasa de flujo de metano.

$$D = \frac{\lambda_3 \cdot (\bar{q}_M^{4.23} - q_M^{4.23}) + k_3 \cdot q_M / k_6}{(S_{2,input} - S_2) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (S_{1,input} - S_1) + \frac{k_2}{k_1} \cdot (X_{T,input} - X_T)} \dots (3.10)$$

El nuevo parámetro de sintonización ( $\lambda_3$ ) incluye el coeficiente de  $q_M$  de la relación 3.9. De este modo se ha determinado una Ley de Control para la tasa de flujo de metano, de modo que ahora el *set-point* no es la concentración de VFA, sino la tasa de flujo de metano que se desea obtener.

### Implementación de controlador de tasa de flujo de metano

Para este control se insertó la relación 3.9 en el diagrama de Simulink del controlador, ver figura 40.

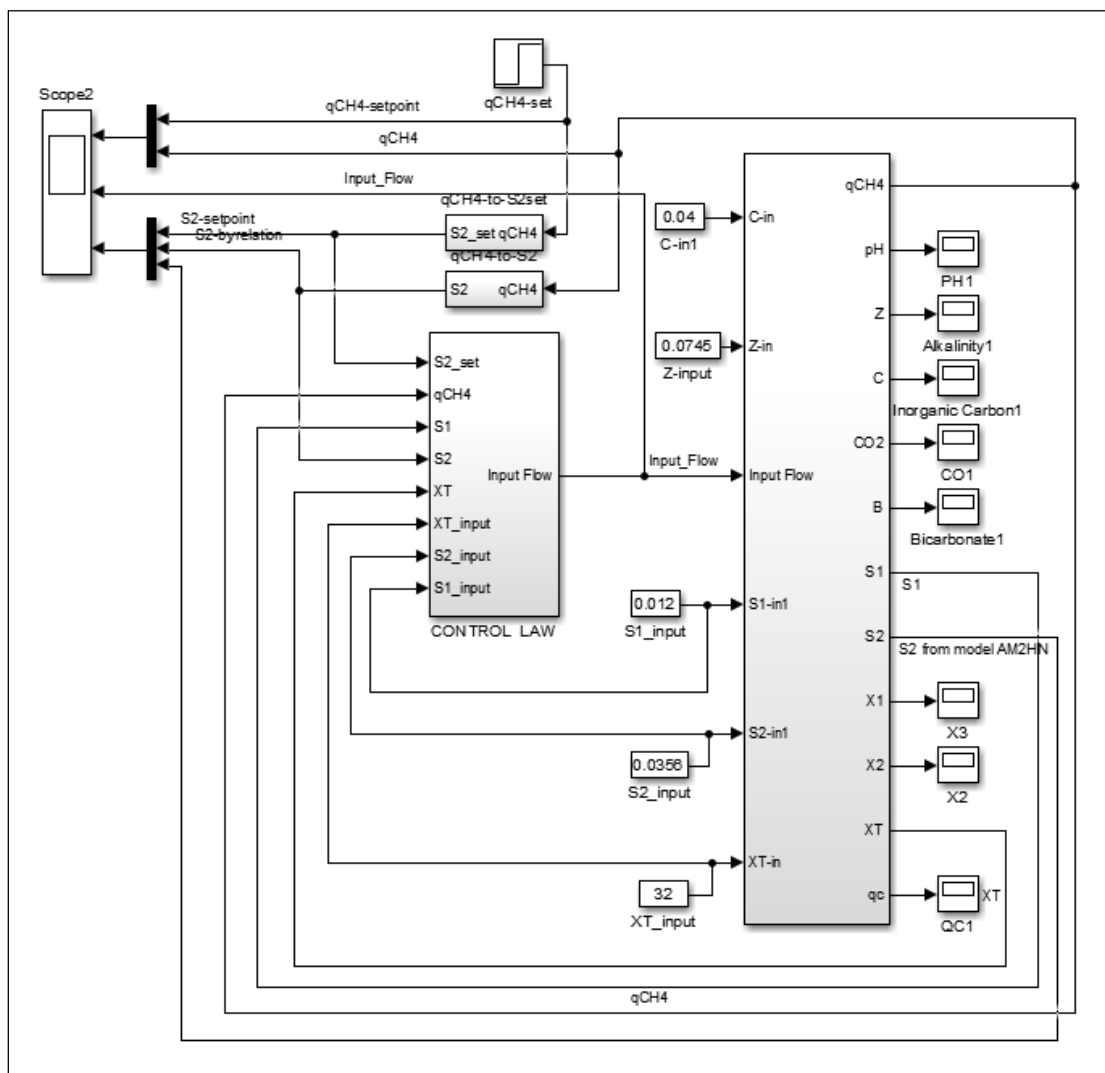


Figura 40. Diagrama Simulink de control AFL aplicado al modelo AM2HN.

Fuente: Elaboración propia.

La relación S2-qM convierte el *set-point* de la tasa de flujo de metano en un *set-point* para la concentración de VFA. De esta manera se logra el control indirecto de la tasa de flujo de metano.

En la figura 41 se observa la respuesta del proceso frente a una variación en el *set-point*.

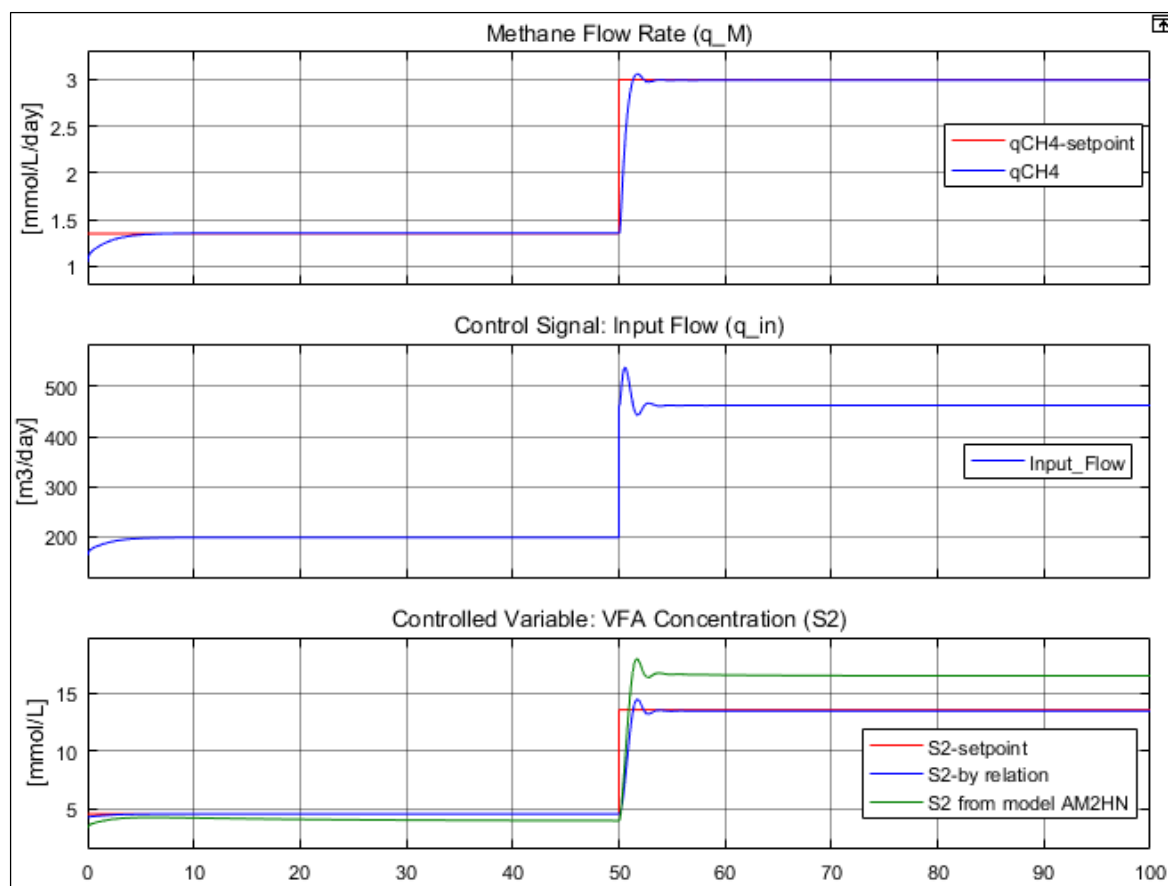


Figura 41. Control de tasa de flujo de metano en modelo AM2HN.  
Fuente: Elaboración propia.

### 3.7 Estrategia de control por Modelo Observador

Como se ha observado en el apartado 3.6, la ley de control necesita de los valores de la tasa de flujo de metano ( $q_M$ ), la concentración de entrada de los sustratos solubles ( $S_{1,input}$ ), concentración de entrada de los VFA ( $S_{2,input}$ ) y concentración de entrada de los sustratos particulados ( $X_{T,input}$ ). Así también requiere de sus valores actuales ( $S_1, S_2$  y  $X_T$ ).

De todos los parámetros necesarios, el más fácil de medir es la tasa de flujo de metano, el cual se puede medir de manera *online* mediante sensores de flujo y de concentración.

Por tanto, lo que se propone a continuación es tomar de la planta virtual (ADM1) solamente la medición de la tasa de flujo de metano ( $q_M$ ). Todos los demás valores serán tomados del modelo reducido AM2HN. De esta manera el modelo AM2HN llega a ser considerado como un observador.

La ley de control (ecuación 3.10) ha sido diseñada en función de las variables del modelo reducido AM2HN, por tanto se debe aplicar la equivalencia entre modelos detalladas en la tabla 31, para obtener el valor de la tasa de flujo de metano ( $q_M$ ) a partir de los valores de las variables del modelo ADM1. Esto se entiende mejor en el diagrama del lazo de control en Simulink de la figura 45.

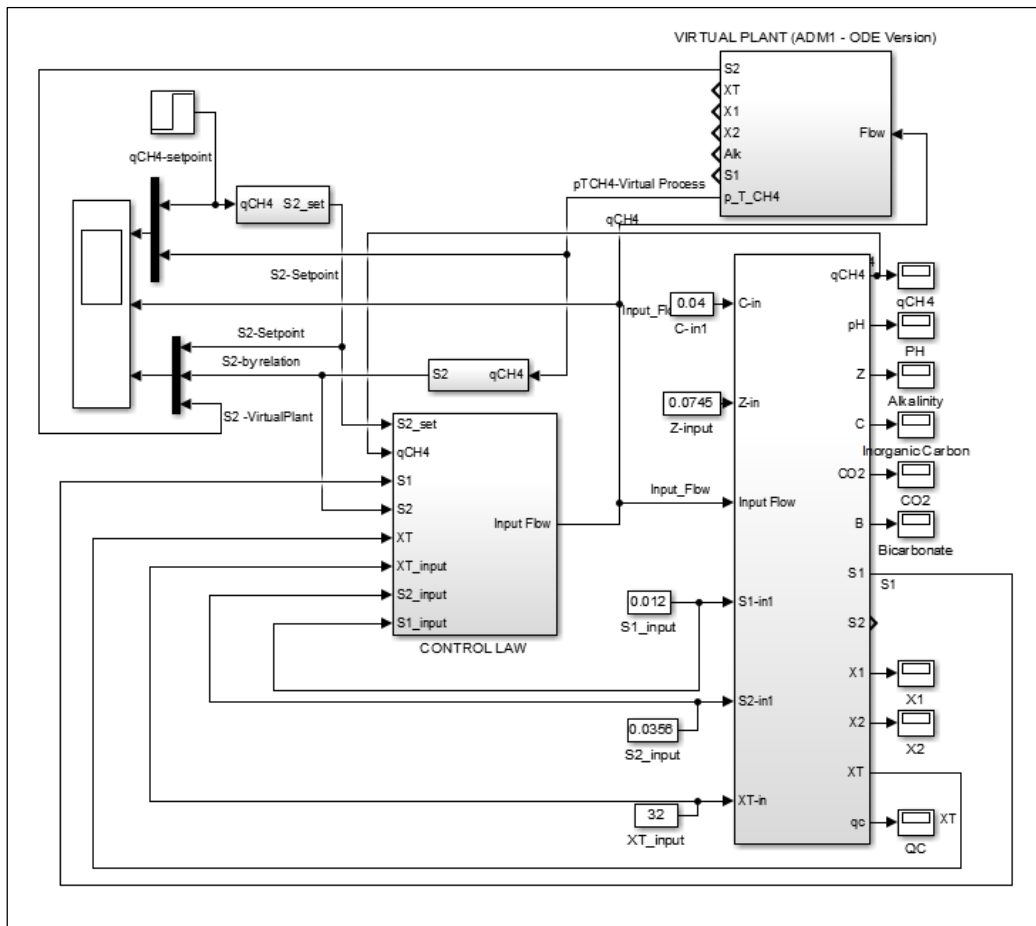


Figura 42: Lazo de control de planta virtual (ADM1) mediante controlador AFLC y modelo observador AM2HN.

Fuente: Elaboración propia.

Como se puede observar en la figura 42, la ley de control sólo recibe una entrada de la planta virtual, la cual corresponde a la concentración de los sustratos solubles.

Para evaluar el comportamiento del controlador se le aplicó una reducción en el *set-point* del proceso después de 50 días operación. Se observó una respuesta muy adecuada por parte del controlador, como se puede ver en la figura 43.

También se evaluó el parámetro de sintonización (ver figura 44), el cual a valores bajos, incrementa el *settling time* y el error en el estado estacionario, mientras que un parámetro alto reduce el *settling time*, pero requiere de picos muy altos en la señal de control (flujo de entrada) lo cual no puede ser factible para los actuadores, o sin embargo pueden dañar el proceso. Como se aprecia en la figura 47, para un parámetro de sintonización igual a 30, la señal de control oscila entre 4000 y -2000 m<sup>3</sup>/día, lo cual no es aplicable en una planta real. Por tanto se debe elegir, de manera ponderada el valor del parámetro lambda. Hay que tener en cuenta, que por tratarse de un bioproceso, la reducción del *settling time* debe ser realizada de manera gradual para evitar la inhibición del proceso.

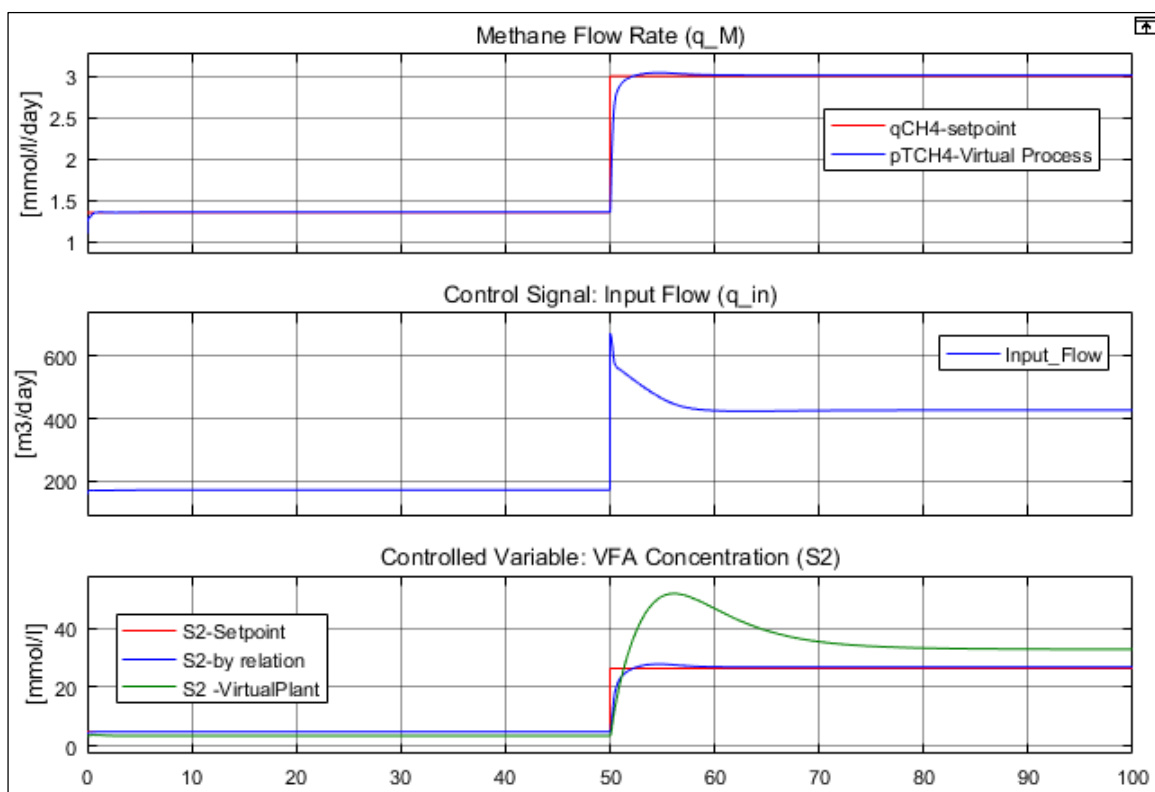


Figura 43: Control de la tasa de flujo de metano en planta virtual mediante AFLC y modelo observador AM2HN. Superior: Evolución de la variable controlada ( $q_M$ ) frente a un cambio de *set-point*. Medio: Evolución de señal de control frente. Inferior: Evolución de la concentración de VFA.

Fuente: Elaboración propia.

También se evaluaron diferentes valores para el parámetro de sintonización.

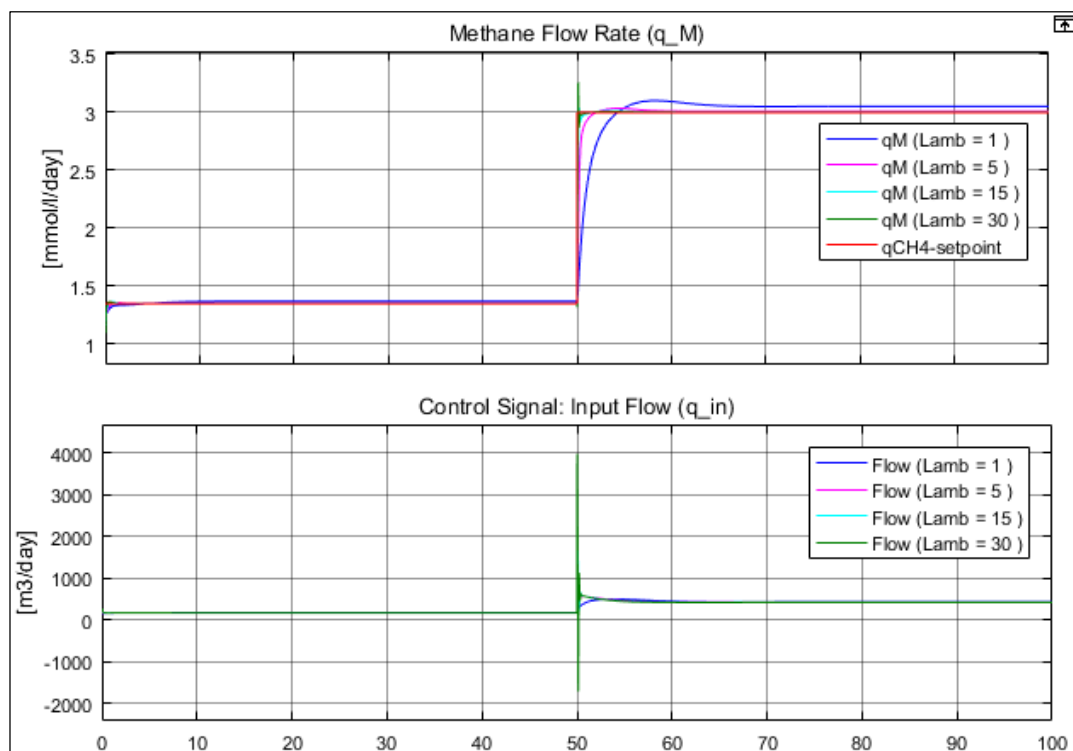


Figura 44. Respuesta de controlador observador para diferentes parámetros de sintonización

Fuente: Elaboración propia.



## **Capítulo 4: Análisis de resultados**

### **4.1 Análisis de proceso de digestión anaerobia**

En este apartado utilizaremos los modelos explicados en el capítulo dos para analizar el comportamiento de las variables más importantes del proceso. Algunas de estas relaciones son explicadas en la teoría de digestión anaerobia, por tanto en este apartado serán corroboradas. Así también se ha modificado el modelo ADM1 para incluir las variaciones en el comportamiento del proceso en función de la temperatura.

#### **4.1.1 Comportamiento del proceso de digestión anaerobia**

##### *No Linealidad del proceso de digestión anaerobia*

Como se explicó en 2.2.2, la no linealidad en las variables de estado se produce debido a la inserción de las tasas de crecimiento específico de los microorganismos (ver ecuaciones 2.5 y 2.6) en las tasas cinéticas de reacción de la fase líquida (ver tabla 8).

Si consideramos el proceso como un sistema SISO con el flujo de entrada de líquido como variable manipulable y la tasa de producción de metano como la salida, su funcionamiento a lazo abierto corrobora que la ganancia del proceso, su constante de tiempo, y su tiempo muerto cambian a medida que cambian el flujo de entrada. Esto lo podemos ver en la figura 45.

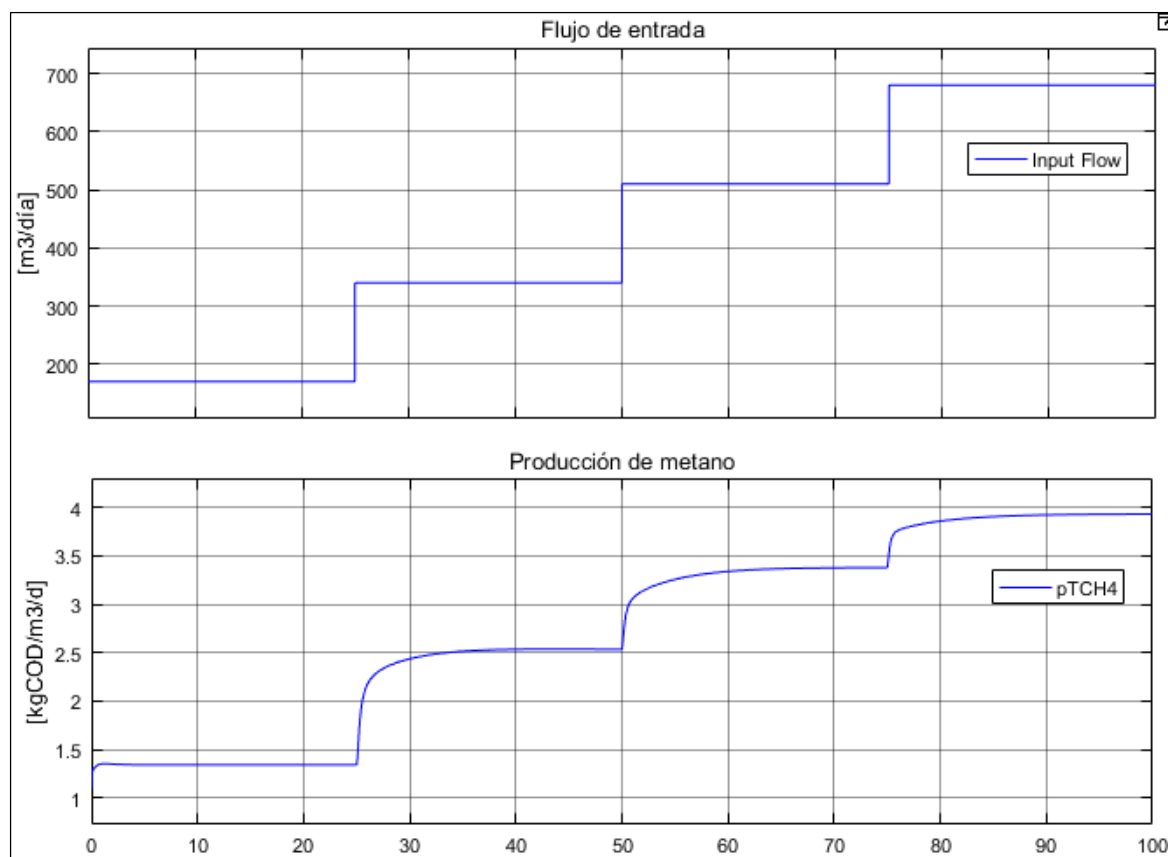


Figura 45. Tasa de producción de metano frente a entradas escalonadas de igual magnitud.  
Fuente: Elaboración propia

Frente a entradas escalón de la misma magnitud a lazo abierto, el sistema responde con diferentes ganancias y constantes de tiempo.

#### ***Inhibición del proceso por acumulación de ácido grasos volátiles (VFA)***

Como se ha explicado en 1.4.2.1 la acumulación de los VFA produce la inhibición del proceso. Esta acumulación puede darse por inhibición de los microorganismos metanogénicos (esto se explicó en 1.3.4) o por que el reactor está siendo alimentado a una tasa de carga orgánica alta, tal que los microorganismos no se abastecen a procesar todos los productos intermedios del proceso, entre ellos los VFA. Esto establece un límite en la tasa de carga orgánica, el cual será distinto para cada planta, dependiendo también de la temperatura de operación (ver apartado 4.1.2). Es por ello que en el arranque inicial de una planta se recomienda aumentar la tasa de carga orgánica (y con ello la producción de biogás) de manera gradual, monitoreando el proceso, para evitar inhibición por acumulación de VFA. En la figura 46 se aprecia como el proceso se inhibe luego de que ha llegado a su tasa de carga orgánica máxima.

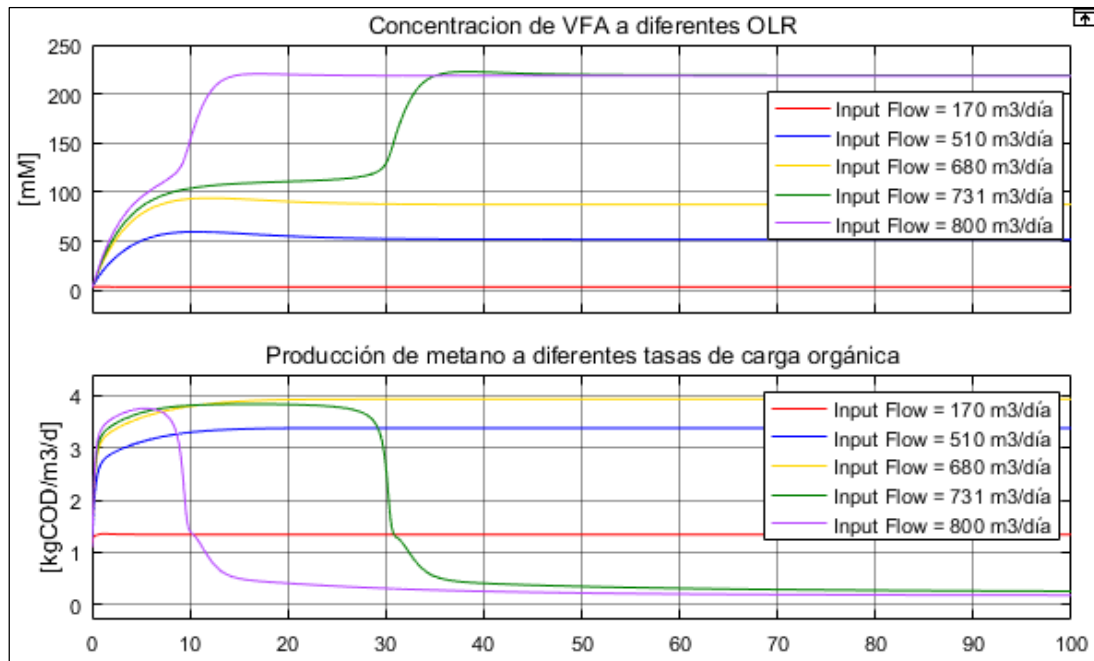


Figura 46. Inhibición del proceso de digestión anaerobia por acumulación de VFA provocado por altas tasas de carga orgánica  
Fuente: Elaboración propia

#### *Nivel de pH, alcalinidad, ácidos grasos volátiles*

El aumento de la concentración de los ácidos grasos volátiles, provoca obviamente una disminución del nivel de pH. Mientras menor es el nivel de pH mayor es la alcalinidad del proceso, pues su necesidad de ácido, para seguir reduciendo el pH, es mayor. El modelo ADM1 contempla estas relaciones, como puede verse en la figura 47.

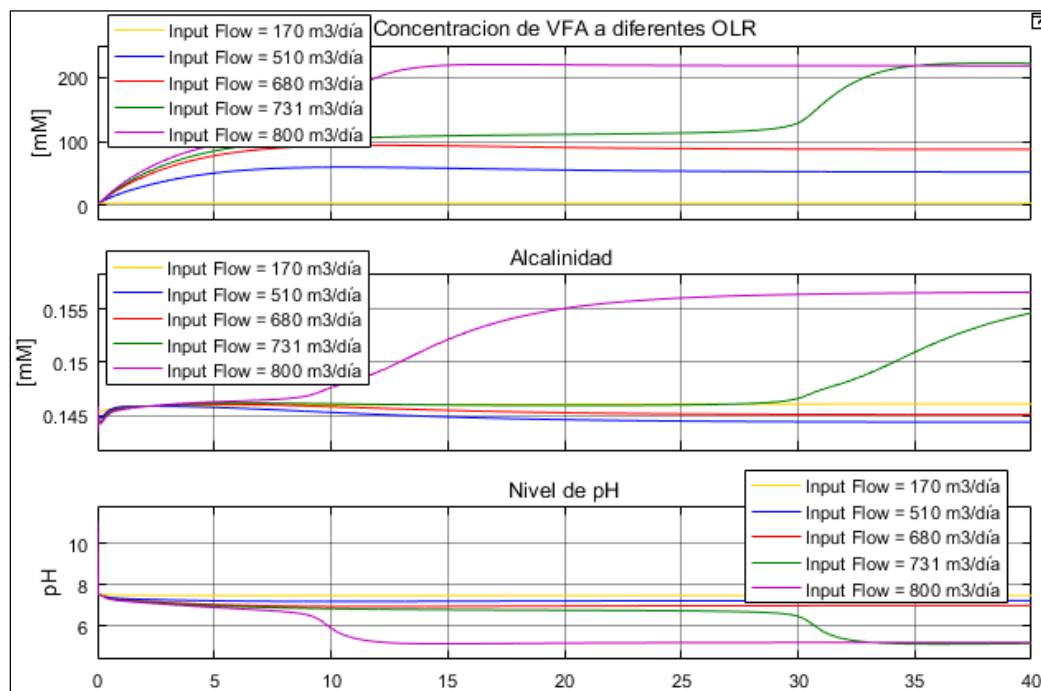


Figura 47: Variación de pH y alcalinidad en función de la acumulación de VFA debido a altas tasas de carga orgánica.  
Fuente: Elaboración propia

Como se ha mencionado en 1.4.1.2, el nivel de pH no es un indicador temprano de inestabilidad en el proceso, pues una variación en el nivel de pH, se aprecia solamente después de que la inestabilidad en el proceso ya se ha dado. Esto debido a que existe un retraso entre el cambio de pH, y el incremento de la concentración de VFA producido por la alcalinidad del líquido. Es por ello que la concentración de VFA sí es considerada como un indicador temprano de inestabilidad, pues sus cambios se aprecian antes de que se produzca la inestabilidad en el proceso, lo cual nos permite tomar acciones sobre el proceso para evitar inhibiciones. Para apreciar estas diferencias se ha comparado la tasa de cambio del pH y de la concentración de VFA, ver figura 48.

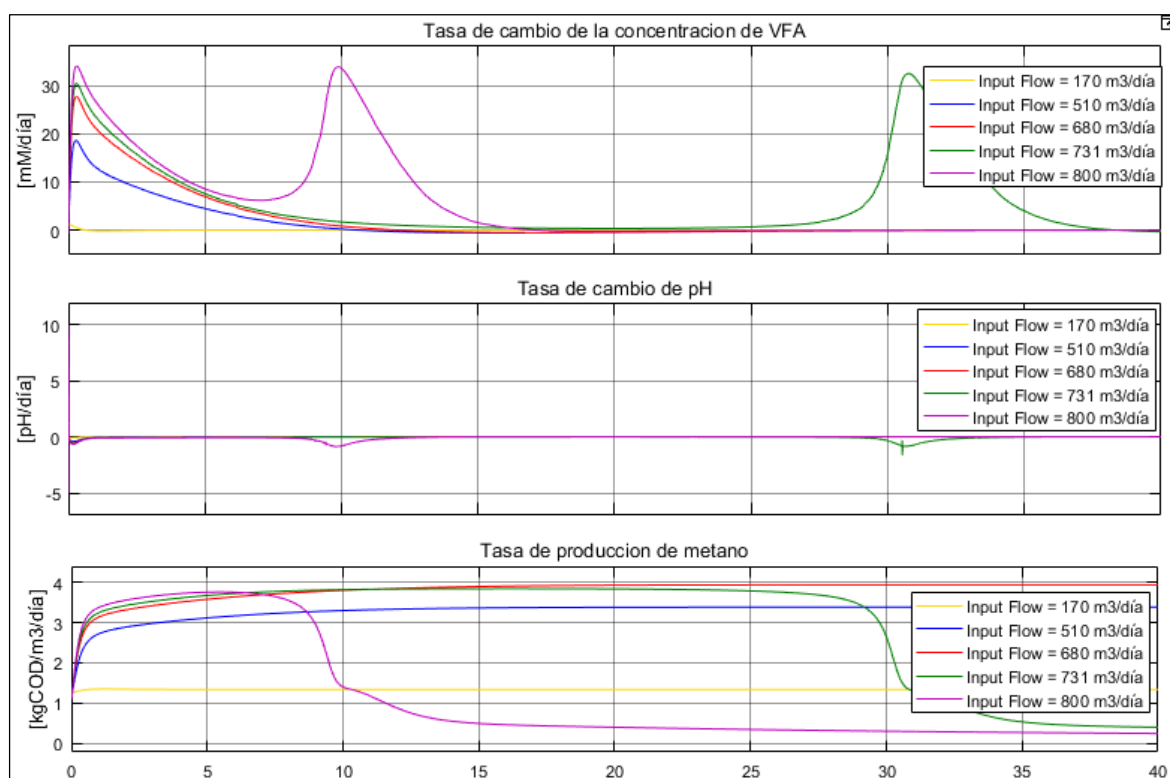


Figura 48. Comparación entre tasas de cambio del nivel de pH y la concentración de VFA

Fuente: Elaboración propia

Evaluando la planta alimentada con un flujo de 800 m<sup>3</sup>/día (línea morada en figura 48), podemos ver que un cambio apreciable en la tasa de cambio de la concentración de VFA se observa a partir del octavo día, sin embargo el cambio apreciable en el nivel de pH aparece en el décimo día cuando la producción de metano ya se ha reducido drásticamente. Sí la tasa de carga orgánica se hubiese reducido en el octavo día al apreciar un aumento en la concentración de VFA, la inhibición del proceso hubiese sido evitada, como se aprecia en la figura 49.

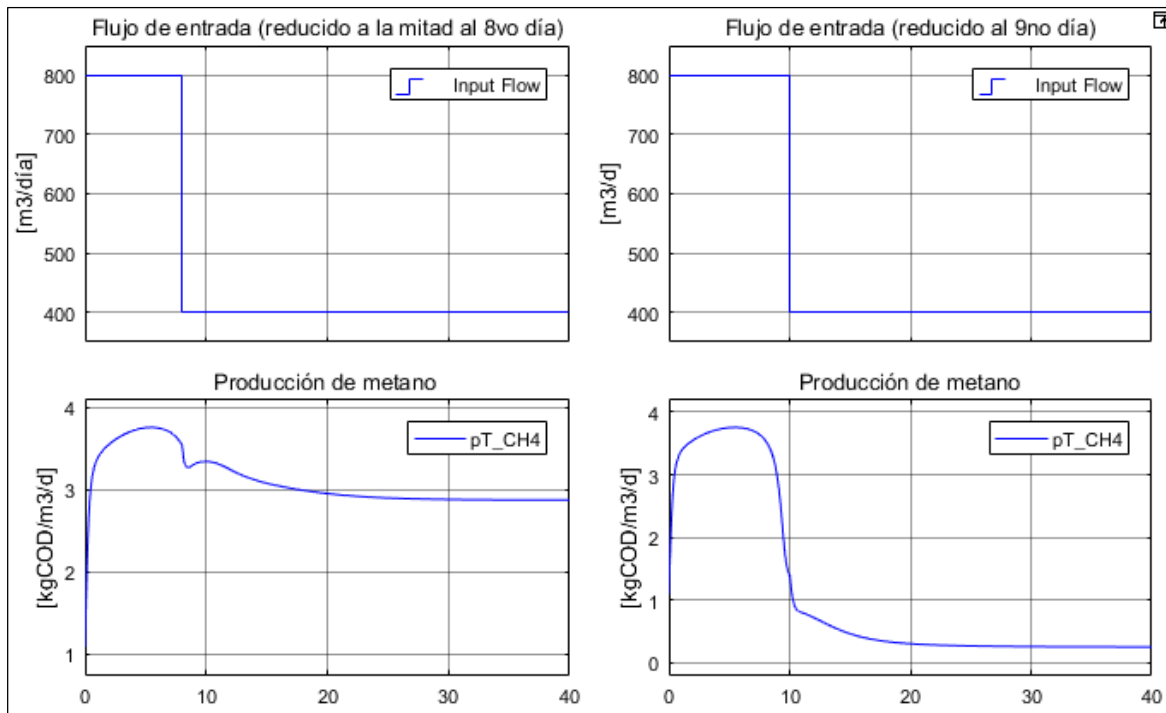


Figura 49: Evolución de la producción de metano cuando la reducción de flujo de entrada se da al octavo y al décimo día.

Fuente: Elaboración propia

**Ratio de alcalinidad (relación FOS/TAC)**

El ratio de alcalinidad es otro indicador temprano de inestabilidad. Este parámetro, explicado en 1.4.2.2 relacionada la alcalinidad parcial (concentración de bicarbonato) con la concentración de ácidos grasos volátiles en la fase líquida. Al igual que la concentración de los VFA, un cambio apreciable en este parámetro se da antes que en el nivel de pH, por tanto permite tomar acciones para evitar la inhibición del proceso.

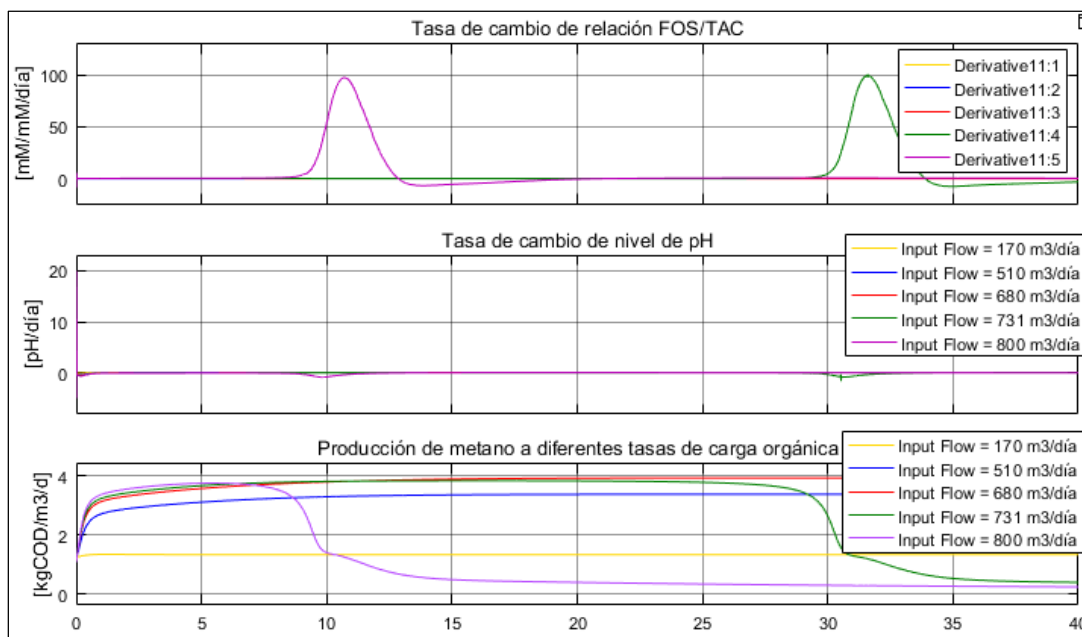


Figura 50. Comportamientos de la tasa de cambio de la relación FOS/TAC y el nivel de pH

Fuente: Elaboración propia

Se puede apreciar en la figura 50, que existe aproximadamente un día de diferencia entre los cambios apreciables de la tasa de cambio de la relación FOS/TAC y la del nivel de pH. Este día puede ser suficiente para tomar acciones y evitar la inhibición del proceso.

#### 4.1.2 Modificación de modelo ADM1 para consideración de variaciones en función de la temperatura

Debido a que modelo ADM1, como se mencionó en el apartado 2.3.1 es de naturaleza genérica, asume que el proceso de digestión anaerobia se desarrolla a temperatura constante, lo cual es lo ideal el proceso. Sin embargo, sobre todo en países subdesarrollados o en vías de desarrollo como el nuestro, debido al nivel de inversión, las plantas de digestión anaerobia pueden carecer de un control de temperatura, y por tanto estar sometido a las variaciones de la temperatura atmosférica (como el caso de los biodigestores).

El modelo ADM1 desarrollado en [1] e implementado en [13] contempla solamente las variaciones por temperatura de los parámetros fisicoquímicos del proceso, pero no en los parámetros bioquímicos. Sin embargo la cinética de crecimiento de los microorganismos de la digestión anaerobia es muy sensible a la variación de temperatura [11]. La actividad de los microorganismos aumenta a medida que aumenta la temperatura hasta alcanzar un óptimo, pero un mayor aumento por encima de la temperatura óptima, resulta en una caída abrupta de la actividad microbiana [6]. En la figura 51, se puede ver la evolución de la actividad cinética de un tipo de bacteria metanogénica en función de la temperatura en el rango mesofílico.

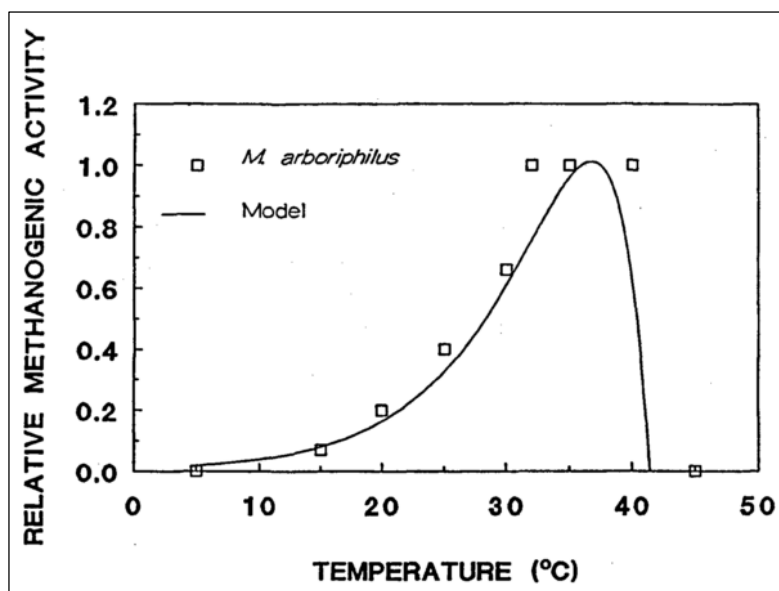


Figura 51. Efecto de la temperatura en la actividad metanogénica  
Fuente: Tomado de [6].

La actividad microbiana y la temperatura están relacionadas por medio de la ecuación de Arrhenius.

$$V = A \cdot e^{\left(\frac{-E_a}{RT}\right)} \dots (4.1)$$

Donde:

- $V$ : Tasa del proceso
- $A$ : Factor de frecuencia
- $E_a$ : Energía de activación aparente
- $R$ : Constante de gases ideales
- $T$ : Temperatura

En este estudio, por razones de aplicabilidad se utilizó una modificación de la ecuación de Arrhenius propuesta en [27] e identificada en [6]. Esta ecuación (4.2), a diferencia de 4.1, contempla las variaciones de la actividad microbiana, sólo en función de la temperatura para el rango mesofílico.

$$k = 0.75e^{0.15(T-30)} - 0.14e^{0.30(T-30)} \dots (4.2)$$

Donde:

- $k$ : Factor relativo de actividad metanogénica
- $T$ : Temperatura

Por tanto, es esta ecuación la que ha sido insertada en la implementación del modelo ADM1 de este estudio. Las tasas cinéticas de cada proceso (ver tabla 8) son afectadas por la temperatura. Específicamente los parámetros de las tasas de hidrólisis ( $k_{hyd}$ ), y en las tasas de crecimiento específico los parámetros que varían en función de la temperatura son las tasas máximas de crecimiento específico ( $k_m$ ) y las constantes de velocidad media ( $K_S$ ).

Por razones de simplicidad sólo se ha aplicado el factor de actividad relativa microbiana (ecuación 4.2) a los dos primeros. Obviamente existe un factor de actividad microbiana para cada tipo de microorganismos (hidrolíticos, acidogénicos, acetogénicos y metanogénicos). Sin embargo, como las diferencias entre estos factores son leves, en este estudio se ha visto conveniente aplicar el mismo factor para todos los tipos de microorganismos involucrados.

Para apreciar como la temperatura afecta el proceso de digestión anaerobia, se ha simulado el modelo ADM1 modificado a diferentes temperaturas, ver figura 52.

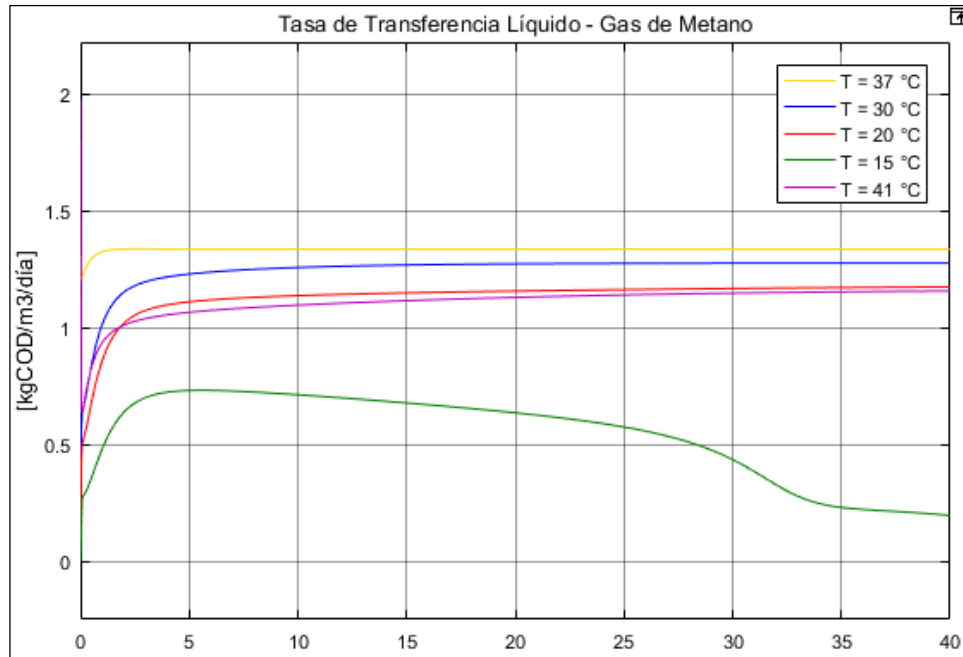


Figura 52: Tasa de transferencia de metano a diferentes temperaturas según modelo ADM1 modificado a tasa de carga orgánica nominal.

Fuente: Elaboración propia.

En la figura 52 apreciamos que la tasa de producción de metano, tiene un máximo que corresponde a la temperatura óptima (37 °C), por debajo de está así como también por encima la producción disminuye. La reducción de la actividad microbiana también se ve reflejada en la acumulación de los subproductos previos al metano, como por ejemplo los ácidos grasos volátiles, ver figura 53. De este modo incorporamos el comportamiento de la actividad microbiana en el modelo ADM1 y verificamos lo visto en plantas reales y en la teoría de digestión anaerobia.

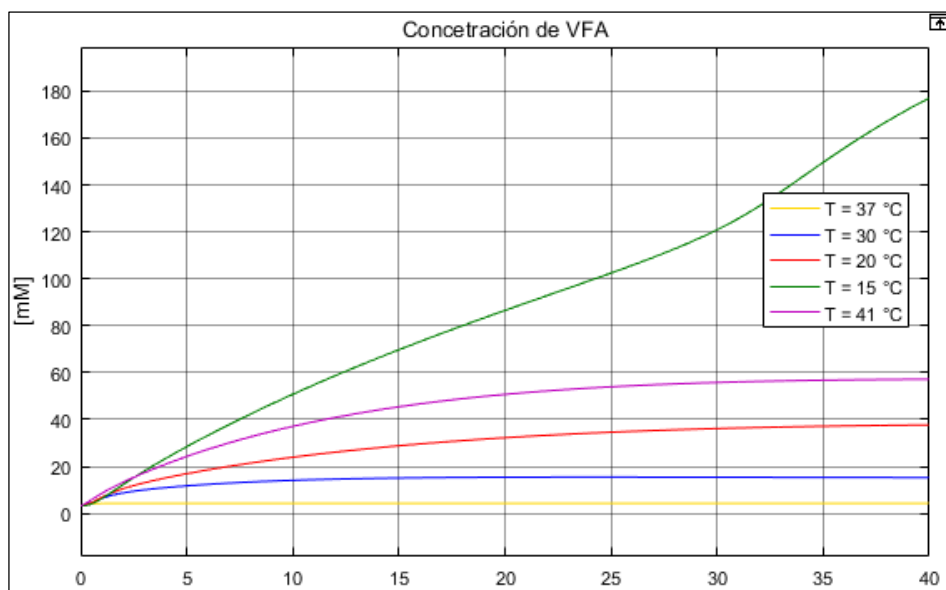


Figura 53. Acumulación de ácidos grasos volátiles según modelo ADM1 modificado a tasa de carga orgánica nominal.

Fuente: Elaboración propia.



Cuando el proceso opera a temperatura alejadas de su temperatura este se vuelve más inestable. Por tanto no se le puede exigir mayores niveles de producción. Por ejemplo si se aumentase la tasa de carga orgánica se produciría la inhibición de los procesos que operen a temperaturas diferentes a la óptima.

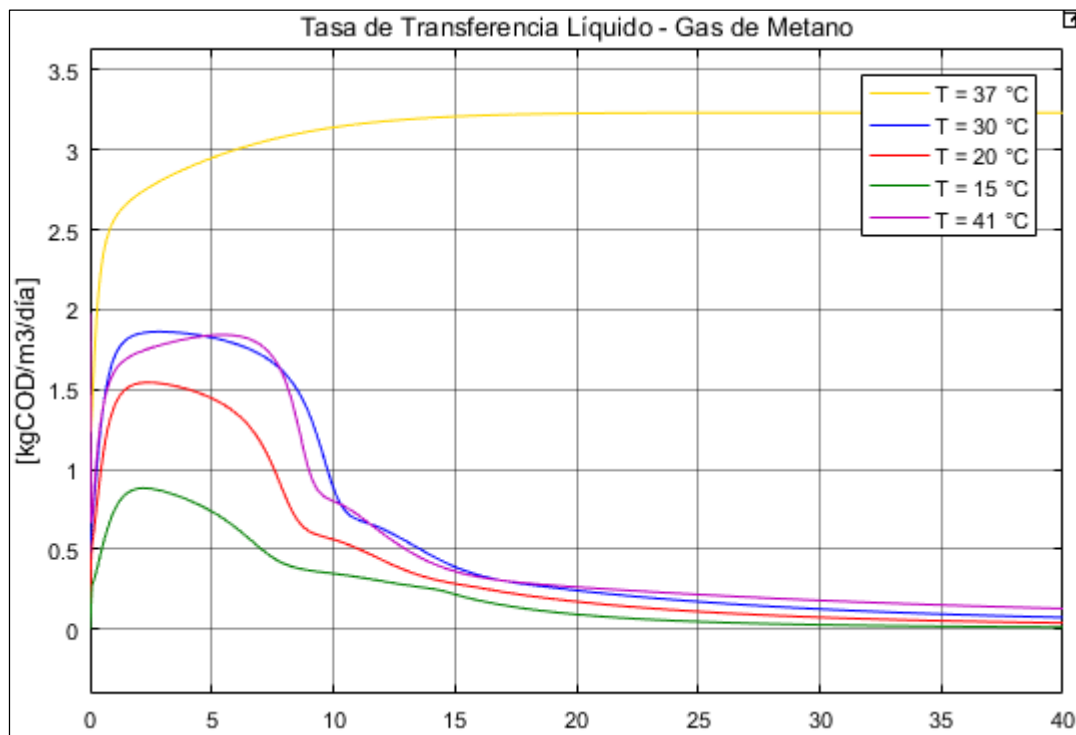


Figura 54: Tasa de transferencia de metano a diferentes temperaturas según modelo ADM1 modificado a tasa de carga orgánica por encima de la nominal.

Fuente: Elaboración propia.

Como se puede ver en la figura 54, solamente se ha mantenido estable el proceso que opera a su temperatura óptima ante un aumento de la tasa de carga orgánica.

#### 4.2 Análisis de robustez de controlador

Este análisis se realizó con la finalidad de comprobar el comportamiento del controlador en condiciones de operación distintas a las nominales.

El sustrato de entrada no siempre va a poseer la misma concentración, esta puede cambiar por razones de almacenamiento, proveedor, cambios estacionales, premezclado, pretratamientos, etc. Y el controlador debe ser capaz de funcionar en situaciones como esta, por ello un primer análisis, comprueba la robustez del controlador ante variaciones en las concentraciones de entrada.

En una planta real, es común que se den variaciones inesperadas en el proceso de digestión anaerobia, ya sea por la misma naturaleza del inóculo de microorganismos utilizados, presencia de agentes inhibidores, entre otros y el controlador debe funcionar correctamente

en estas situaciones. Para representar estas situaciones de incertidumbre se variaron ciertos parámetros en la planta virtual y se verificó la performance del controlador.

#### 4.2.1 Análisis de robustez con respecto a variaciones en las concentraciones del sustrato de entrada

Para esta prueba se insertaron variaciones sinusoidales en las concentraciones de entrada de los sustratos particulados (compuestos, carbohidratos, proteínas y lípidos). La variación temporal de estas concentraciones se ven en la figura 55.

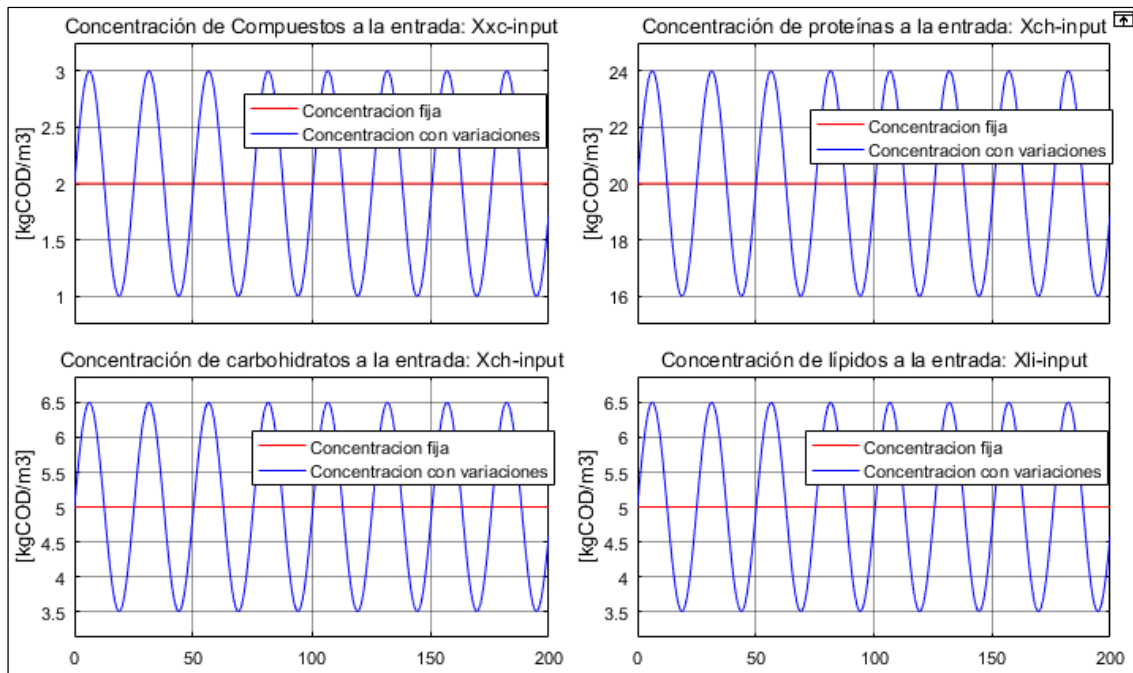


Figura 55. Variación de concentraciones de entrada de los sustratos particulados  
Fuente: Elaboración propia.

En la figura 56, se puede apreciar una buena performance del sistema de control ante estas variaciones. Las variaciones de la tasa de flujo de biogás en la planta controlada son más suaves en comparación a la planta virtual a lazo abierto.

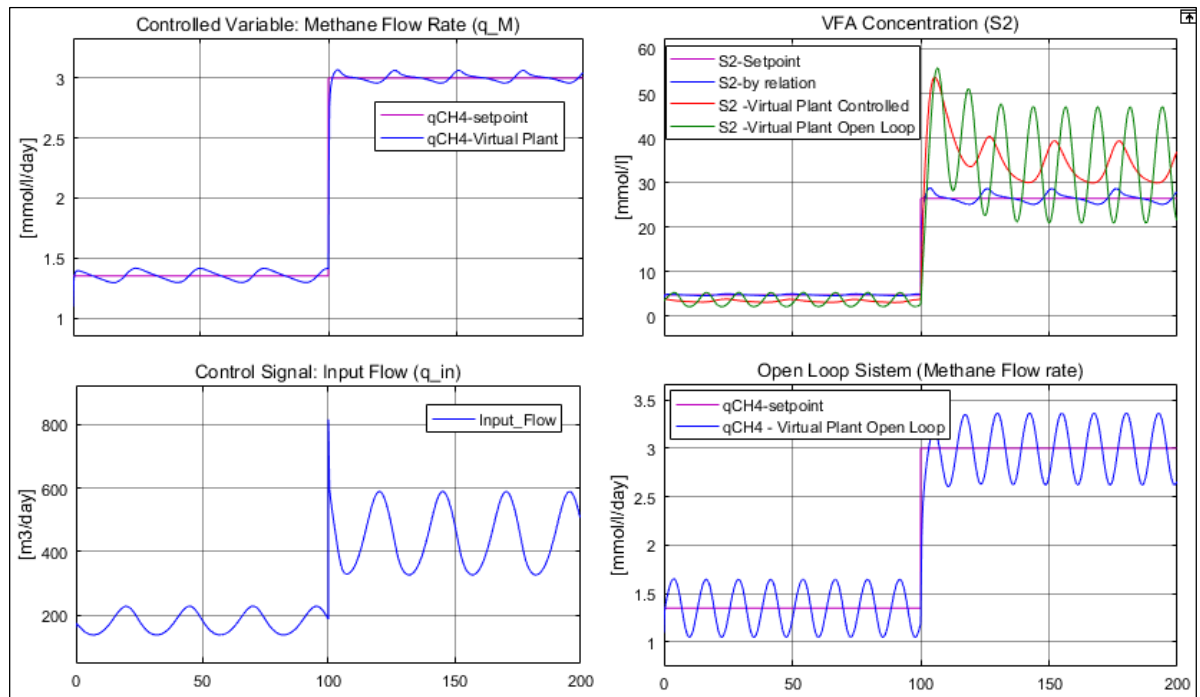


Figura 56. Performance del sistema de control AFL con observador AM2HN ante variaciones en las concentraciones de entrada del sustrato particulado.

Fuente: Elaboración propia.

Se aprecian variaciones muy pronunciadas en la concentración de VFA para la planta virtual en lazo abierto. Estas variaciones en la simulación no detienen el proceso, pero en una planta real podrán inhibir los microorganismos acetogénicos.

#### 4.2.2 Análisis de robustez con respecto a incertidumbres en los parámetros del modelo

De acuerdo con [1] (ver tabla 31), el modelo ADM1 es más sensible (en niveles 2 y 3) a variaciones de grado (2 y 3) en las constantes de las tasas desintegración y de hidrólisis ( $k_{dis}$ ,  $k_{hyd,ch}$ ,  $k_{hyd,pr}$ ,  $k_{hyd,li}$ ). Se aplicó variaciones de tipo sinusoidal (ver figura 57), en los rangos sugeridos por tabla 31.

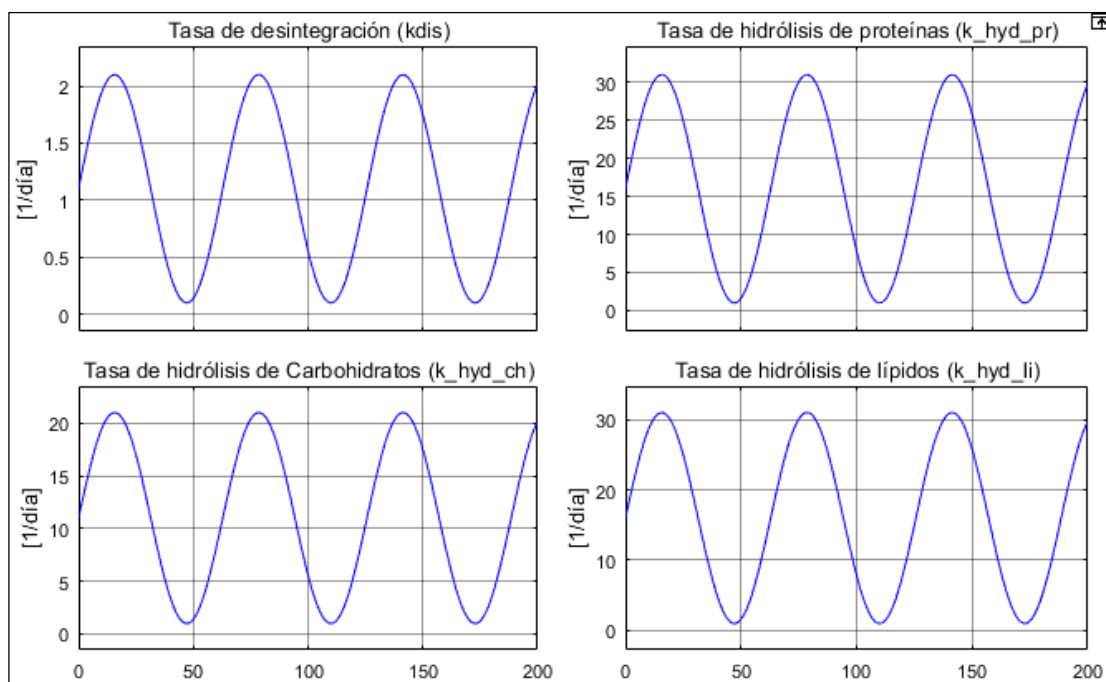


Figura 57: Variación de parámetros de tasas de hidrólisis y desintegración  
Fuente: Elaboración propia.

El modelo también presenta sensibilidad considerable a variaciones a los parámetros de la metanogénesis acetoclástica, específicamente a la tasa máxima de crecimiento específico y a la constante de saturación media ( $k_{m,ac}$ ,  $K_{S,ac}$ ). También se aplicaron variaciones sinusoidales de a estos parámetros, ver figura 58.

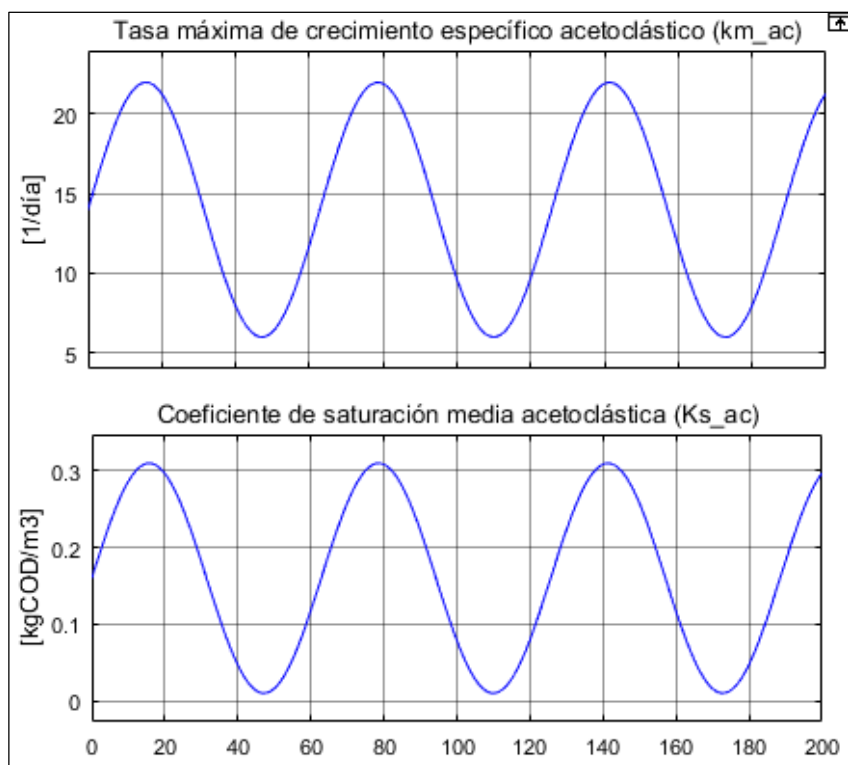


Figura 58: Variación en parámetros de tasa de reacción de metanogénesis acetoclástica  
Fuente: Elaboración propia.

Así mismo el ADM1 presenta sensibilidad considerable a variaciones en los límites de inhibición por pH de los microorganismos acetoclásticos ( $pH_{UL,ac}$ ,  $pH_{LL,ac}$ ). Estos valores no son parámetros en sí, sino más bien límites, fuera de los cuales la reacción acetoclástica tiende a inhibirse. Las variaciones mostradas en la figura 59 fueron aplicadas a estos límites.

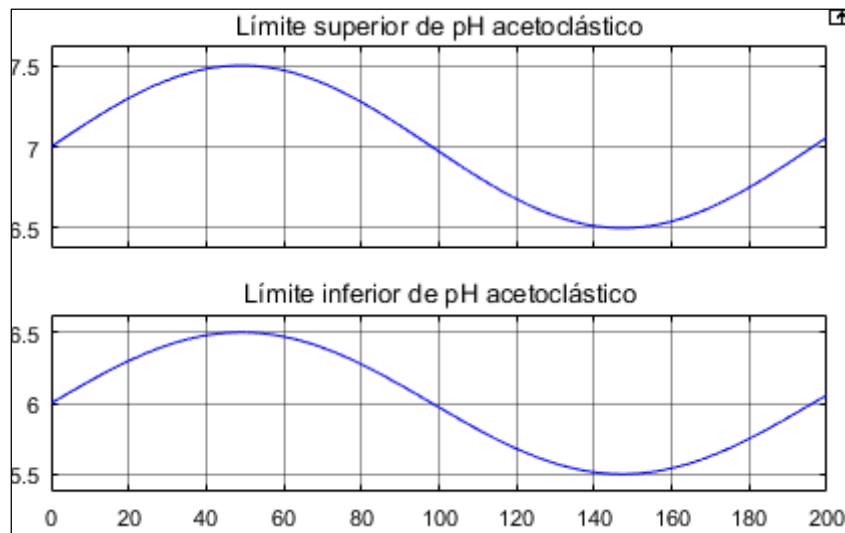


Figura 59: Variación sinusoidal de los límites de pH de la metanogénesis acetoclástica  
Fuente: Elaboración propia.

**Tabla 33:** Valores de parámetros sugeridos, sensibilidad cualitativa y variabilidad

Parameter	Mesophilic high-rate (nom 35°C)	Mesophilic solids (nom 35°C)	Thermophilic solids (nom 55°C)	S	Var	Notes
$k_{dts}$ ( $d^{-1}$ )	0.4	0.5	1.0	3	3	1
$k_{hyd\_CH}$ ( $d^{-1}$ )	0.25	10	10	3	2	2
$k_{hyd\_PR}$ ( $d^{-1}$ )	0.2	10	10	3	2	2
$k_{hyd\_LI}$ ( $d^{-1}$ )	0.1	10	10	2	3	2
$t_{res,X}$ (d)	40	0	0	3	2	
$k_{dec\_all}$ ( $d^{-1}$ )	0.02	0.02	0.04	2	2	3
$K_S_{NH3\_all}$ (M)	$1 \times 10^{-4}$	$1 \times 10^{-4}$	$1 \times 10^{-4}$	1	1	
pH <sub>UL acet/acid</sub>	5.5	5.5	5.5	1	2	4
pH <sub>LL acet/acid</sub>	4	4	4	1	2	4
$K_m_{su}$ (COD COD <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup> )	30	30	70	1	2	
$K_S_{su}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	0.5	0.5	1	1	2	
$Y_{su}$ (COD COD <sup>-1</sup> )	0.10	0.10	0.10	1	1	
$K_m_{aa}$ (COD COD <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup> )	50	50	70	1	2	
$K_S_{aa}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	0.3	0.3	0.3	1	1	
$Y_{aa}$ (COD COD <sup>-1</sup> )	0.08	0.08	0.08	1	1	
$K_m_{fa}$ (COD COD <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup> )	6	6	10	1	3	
$K_S_{fa}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	0.4	0.4	0.4	1	3	
$Y_{fa}$ (COD COD <sup>-1</sup> )	0.06	0.06	0.06	1	1	
$K_{IH2\_fa}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	$5 \cdot 10^{-6}$	$5 \cdot 10^{-6}$	n/a	1	1	
$K_m_{c4+}$ (COD COD <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup> )	20	20	30	1	2	
$K_S_{c4+}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	0.3	0.2	0.4	1	3	
$Y_{c4+}$ (COD COD <sup>-1</sup> )	0.06	0.06	0.06	1	1	
$K_{IH2\_c4+}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	$1 \times 10^{-5}$	$1 \times 10^{-5}$	$3 \times 10^{-5}$	1	1	
$K_m_{pro}$ (COD COD <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup> )	13	13	20	2	2	
$K_S_{pro}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	0.3	0.1	0.3	2	2	
$Y_{pro}$ (COD COD <sup>-1</sup> )	0.04	0.04	0.05	1	1	
$K_{IH2\_pro}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	$3.5 \times 10^{-5}$	$3.5 \times 10^{-5}$	$1 \times 10^{-5}$	2	1	
$K_m_{ac}$ (COD COD <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup> )	8	8	16	3	2	
$K_S_{ac}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	0.15	0.15	0.3	3	2	
$Y_{ac}$ (COD COD <sup>-1</sup> )	0.05	0.05	0.05	1	1	
pH <sub>UL ac</sub>	7	7	7	3	1	5
pH <sub>LL ac</sub>	6	6	6	2	1	5
$K_{I,NH3}$ (M)	0.0018	0.0018	0.011	2	1	
$K_m_{h2}$ (COD COD <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup> )	35	35	35	1	2	
$K_S_{h2}$ (kgCOD m <sup>-3</sup> )	$2.5 \times 10^{-5}$	$7 \times 10^{-5}$	$5 \times 10^{-5}$	2	2	
$Y_{h2}$ (COD COD <sup>-1</sup> )	0.06	0.06	0.06	1	1	
pH <sub>UL_h2</sub>	6	6	6	2	2	5
pH <sub>LL_h2</sub>	5	5	5	1	1	5

S = sensitivity of important output to parameter at average parameter values. 1 = low or no sensitivity of all outputs to parameter; 2 = some sensitivity or significant sensitivity under dynamic conditions; 3 = significant sensitivity under steady-state conditions and critical sensitivity under dynamic conditions.

Var = variability of parameter. 1 = varies within 30%; 2 = varies within factor of 100%; 3 = varies within factor of 300%.

1. Mainly of importance in solids digesters.
2. Mainly of importance for pure or semi-separated solid substrates (such as slaughterhouse or starch). When used with activated sludge digesters,  $k_{dts}$  is rate-limiting.
3. Decay rates can be set equal as a first guess. In many cases, a  $k_{dec}$  double the given values can be used for certain groups, such as acidogens and aceticlastic methanogens.
4. pH<sub>acet/acid</sub> inhibition factors for all acidogenic and acetogenic bacteria. Form 2 is used here (i.e. only low pH inhibition).
5. Notes as for (4), except values are methanogen-specific.

Fuente: Tomado de [1]

La performance del controlador frente a estas variaciones, se puede apreciar en la figura 60.

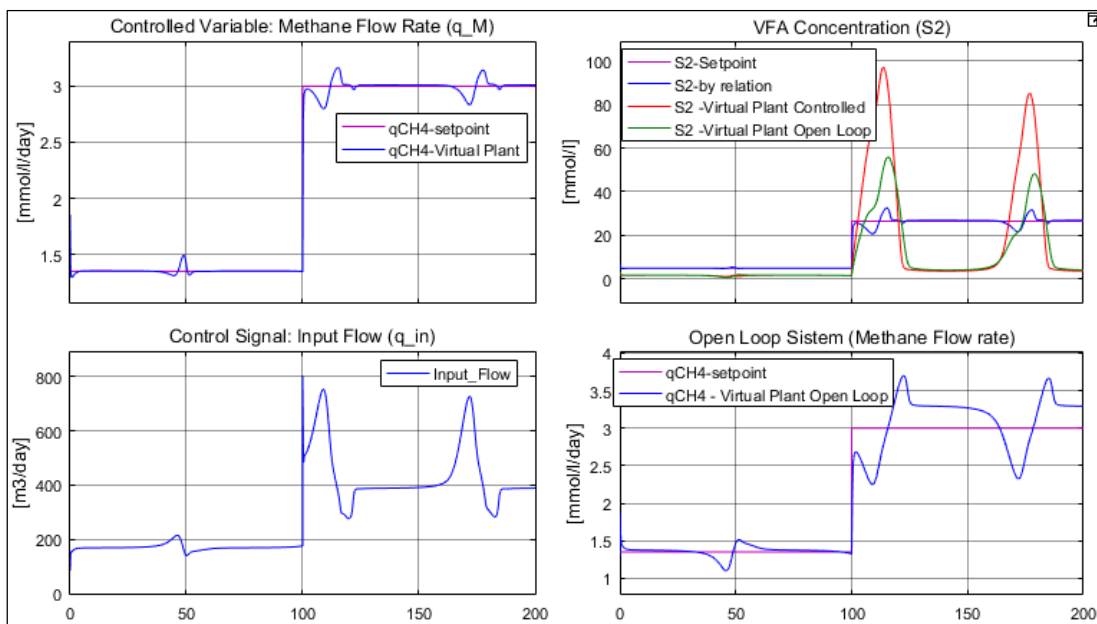


Figura 60: Respuesta de controlador AFL con observador AM2HN frente a incertidumbres en los parámetros del proceso de digestión anaerobia  
 Fuente: Elaboración propia.

Se aprecia una buena performance del controlador, aunque se observan picos en las concentraciones de VFA, los cuales en una planta real, tendrían que ser reducidas.

### 4.2.3 Análisis con respecto a variaciones en la concentración de entrada e incertidumbres de parámetros del proceso.

Para someter al controlador a una situación más real se superpuso las variaciones de las concentraciones de entrada y las incertidumbres en los parámetros del proceso. Una performance aceptable del controlador se puede apreciar en la figura 61.

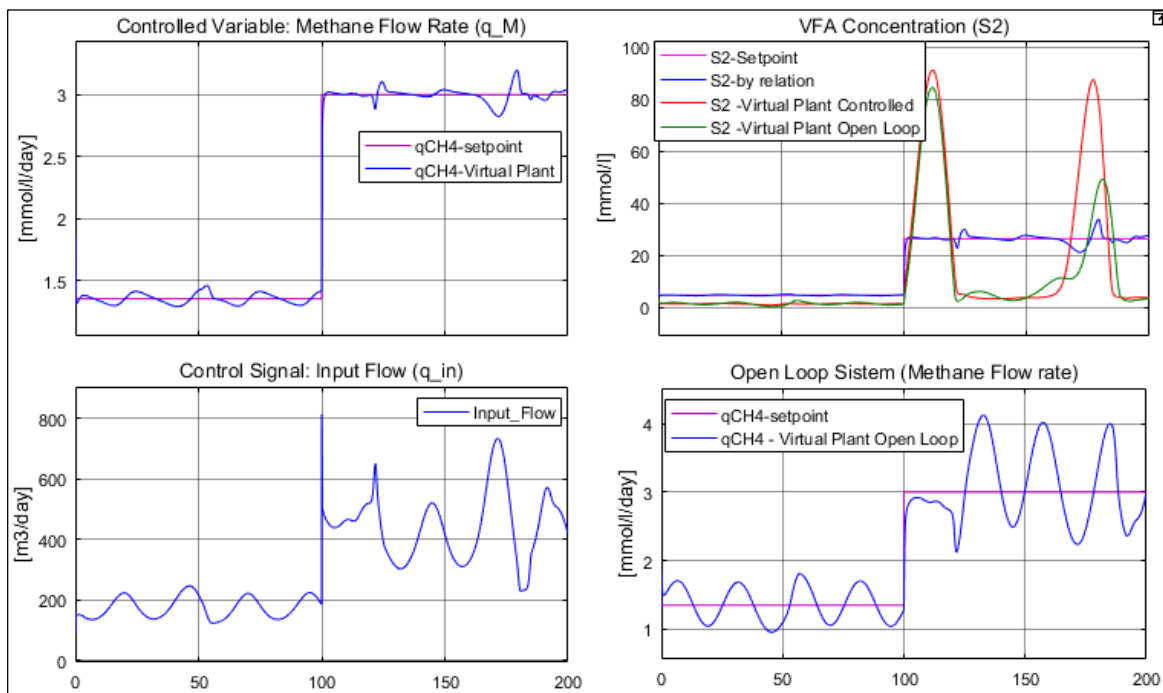


Figura 61. Performance de la estrategia de controlador AFL y modelo observador AM2HN  
 Fuente: Elaboración propia.

### 4.3 Control PID de modelo AM2HN

Como se explicó en el apartado 2.3.3.1, el modelo AM2HN es el recomendado para propósitos de control debido a su simplicidad (pues sólo posee tres etapas limitantes) en comparación con el modelo ADM1. Y debido a la inclusión de un variable adicional, para considerar la hidrólisis de los sustratos particulados, es mejor recomendado para la digestión anaerobia de residuos sólidos como los agrícolas. Además se ha comprobado en 2.3.3.4 que representa la dinámica de un modelo complejo como el ADM1.

Por lo expuesto anteriormente se ha visto conveniente compara el controlador AFL desarrollado en el apartado 3.6 con un controlador clásico como el PID. La sintonización del controlador PID se realizó mediante la herramienta *PID Tunner* de MatLab. En la figura 62 se aprecia el diagrama a lazo cerrado del sistema de control

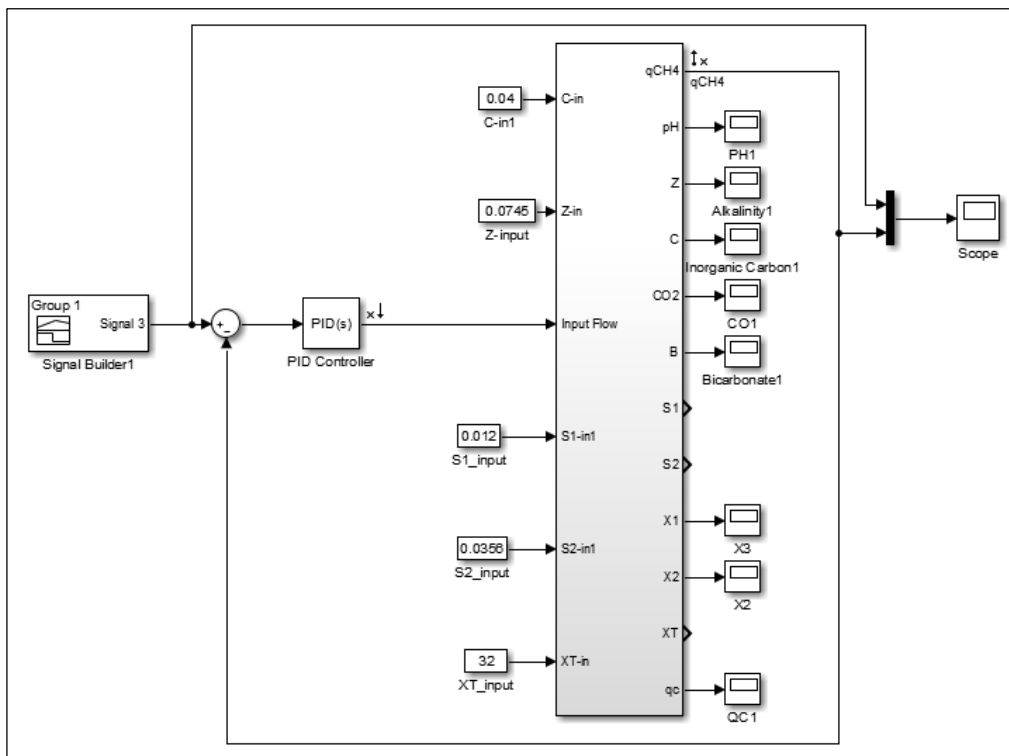


Figura 62. Sistema de control a lazo cerrado para modelo AM2HN  
Fuente: Elaboración propia

La respuesta del controlador PID ideal aplicado a lazo cerrado para una entrada escalonada se aprecia en la figura 63.



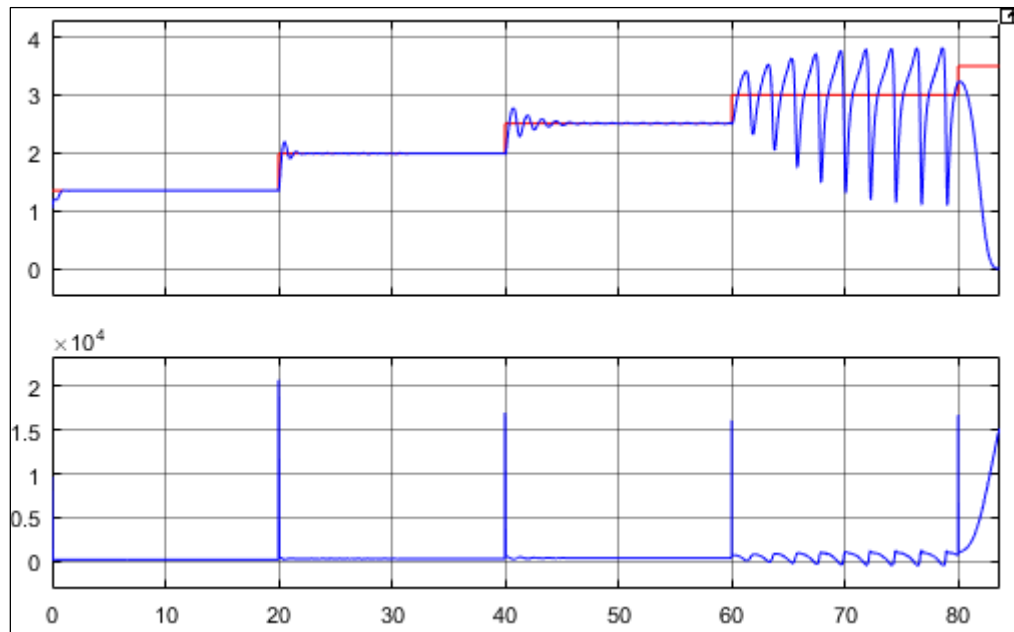


Figura 63. Respuesta de controlador PID  
Fuente: Elaboración propia

En la figura 63 se aprecia que el controlador PID no responde igual a lo largo de todo el rango de producción de metano del proceso. Esto se debe a la no linealidad que presenta el proceso de digestión anaerobia. Sin embargo, el controlador AFL responde mejor a lo largo de todo el rango de producción de metano, como se muestra en la figura 64.

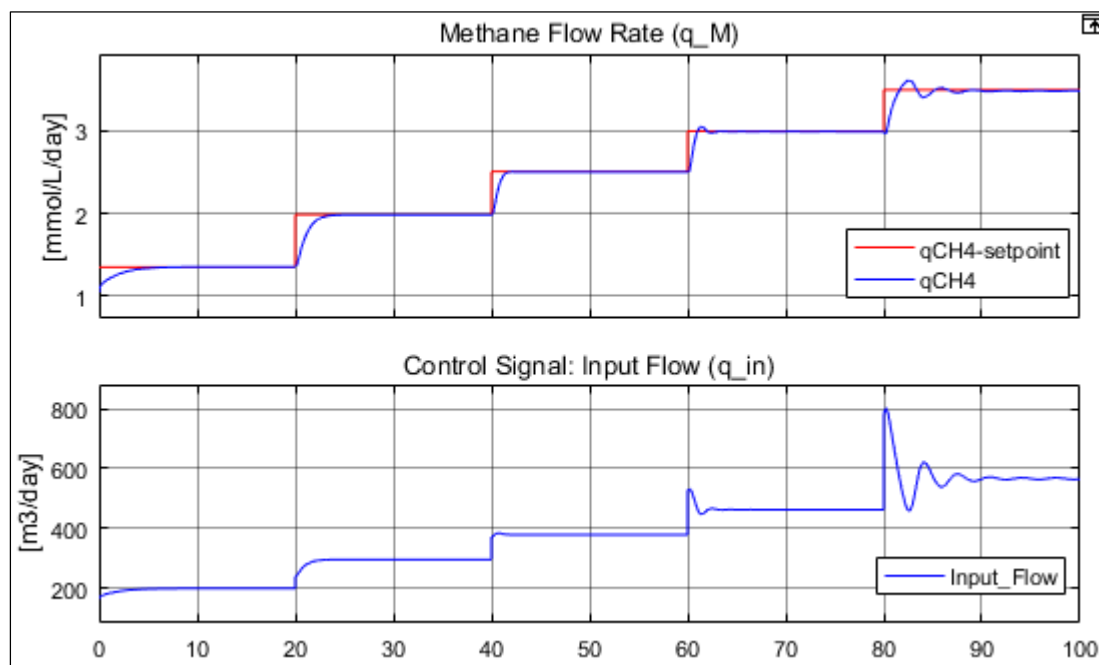


Figura 64. Respuesta de controlador AFL en modelo AM2HN.  
Fuente: Elaboración propia

De esta manera se muestra que la estrategia adaptativa es una buena opción para el proceso no lineal de la digestión anaerobia.



## Conclusiones

La implementación del modelo ADM1 en Simulink de MatLab, a comparación de la implementación de Ulf Jeppsson y Christian Rossen [13], permite modificar más fácilmente las variables de entrada en el proceso, así como también permite analizar los resultados de las simulaciones en un entorno gráfico más intuitivo que puede ser usado por usuarios con bajos conocimientos de programación. Además, esta implementación permite ingresar variaciones en los parámetros del proceso, y evaluar el comportamiento del mismo o de un controlador frente a estas incertidumbres del proceso, tal como se hizo en el análisis de robustez de este estudio.

El modelo simple de tres etapas AM2HN, identificado a partir de la planta virtual (modelo ADM1), representa de manera aceptable la dinámica del proceso, como se puede apreciar en las figuras 28 a 30. Aunque existen diferencias proporcionales en el estado estacionario, respeta la dinámica del proceso que es lo más importante para propósitos de control.

Como se observa en la figura 45 se tiene que encontrar un término medio entre la rapidez del controlador y la capacidad de respuesta del actuador cuando se define el parámetro de sintonización ( $\lambda$ ) para el controlador *Adaptive Feedback Linearization (AFL)*. A esto se tiene que sumar el hecho de que por estar trabajando con un proceso biológico no se puede reducir el *settling time* sin evitar una posible inestabilidad en el sistema por variaciones repentinas en las concentraciones de los sustratos, lo cual puede inhibir a los microorganismos.

Si bien la estrategia de control AFL funciona adecuadamente, su aplicación por sí sola no sería factible, debido a que requiere como entradas mediciones online de variables de estado de difícil o imposible medición, es por ello que la utilización del modelo AM2HN como un observador es fundamental para el funcionamiento de esta estrategia de control.

Las equivalencias entre las variables de estado del modelo complejo ADM1 y el modelo simple AM2HN desarrolladas en [28], son de importancia trascendental para la aplicación de esta estrategia de control. La identificación exitosa del modelo AM2HN por medio de estas equivalencias (ver tabla 26), y el buen funcionamiento de la estrategia de control por

modelo observador, confirman su correcto diseño y su oportuna aplicación en modelamiento y control del proceso de digestión anaerobia.

De acuerdo a las simulaciones realizadas, podemos decir que utilizando la estrategia de control AFL y el modelo observador AM2HN, es posible controlar el proceso de digestión anaerobia solamente midiendo la producción de metano, el cual es un parámetro fácil de medir en planta en comparación con las demás variables de estado. Sin embargo, esto se confirmará mediante una implementación real del controlador.

La modificación del modelo ADM1 para la incluir el efecto de la temperatura sobre el proceso nos permite modelar el funcionamiento de plantas de biogás que trabajan en condiciones de temperatura ambiente, como la de los biodigestores, una tecnología muy difundida en Latinoamérica.

Las pruebas de robustez han sido muy exigentes. Oscilaciones sinusoidales en los parámetros y concentraciones de entrada en los rangos aplicados son muy difíciles de darse en una planta real. A pesar de esto, la estrategia ha respondido muy bien ante estas situaciones. Por lo tanto, un siguiente paso necesario para confirmar completamente la buena performance de esta estrategia, es su implementación en una planta real o en un prototipo.

La no linealidad del sistema (vista en 4.1.1) no permite la aplicación directa de controladores clásicos como el PID en todo el rango de operación del sistema. Por lo que se recomienda la aplicación solamente en un rango de operación determinado para evitar sobre oscilaciones que inhiben al sistema.

## Bibliografía

- [1] D. J. Batstone *et al.*, *Anaerobic Digestion Model N°1*, First Edit., vol. 1, no. 1. Cornwall, UK: IWA Publishing, 2002.
- [2] S. Hassam, E. Ficara, A. Leva, and J. Harmand, "A generic and systematic procedure to derive a simplified model from the anaerobic digestion model No. 1 (ADM1)," *Biochem. Eng. J.*, vol. 99, pp. 193–203, 2015.
- [3] M. Perrier and D. Dochain, "Evaluation of Control Strategies for Anaerobic Digestion Processes," *Int. J. Adapt. Control Signal Process.*, vol. 7, no. March 1992, pp. 309–321, 1993.
- [4] D. J. Batstone, J. Keller, and J. P. Steyer, "A review of ADM1 extensions, applications, and analysis: 2002-2005," *Water Sci. Technol.*, vol. 54, no. 4, pp. 1–10, 2006.
- [5] D. J. Batstone, "Mathematical modelling of anaerobic reactors treating domestic wastewater: Rational criteria for model use," *Rev. Environ. Sci. Biotechnol.*, vol. 5, pp. 57–71, 2006.
- [6] S. G. Pavlostathis and E. G. Gomez, "Kinetics of anaerobic treatment: A critical review," *Crit. Rev. Environ. Control*, vol. 21:5-6, pp. 411–490, 1991.
- [7] D. Deublein, A. S. Editors, W. V. Gmbh, and C. Kгаа, *BIOGAS FROM WASTE AND RENEWABLE RESOURCES: An Introduction*, vol. 7, no. 4. Morlenbach: Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim, 2008.
- [8] M. T. Varnero, *Manual de Biogás*, Primera Ed., vol. 53, no. 9. Santiago de Chile: Ministerio de Energía, 2013.
- [9] A. Wellinger, J. Murphy, and D. Baxter, *The Biogas Handbook*. 2013.
- [10] A. Donoso-Bravo, J. Mailier, C. Martin, J. Rodríguez, C. A. Aceves-Lara, and A. Vande Wouwer, "Model selection, identification and validation in anaerobic digestion: A review," *Water Res.*, vol. 45, no. 17, pp. 5347–5364, 2011.
- [11] L. Núñez, "Diseño e implementación de prototipos de digestión anaerobia para residuos agrícolas," Universidad de Piura, 2017.
- [12] J. Jimenez, "Organic matter characterization with 3D fluorescence spectroscopy for anaerobic digestion modeling of wastewater treatment sludge," Université Montpellier II, 2012.
- [13] C. Rosen and U. Jeppsson, "Aspects on ADM1 Implementation within the BSM2 Framework," *Tech. Rep.*, pp. 1–37, 2006.
- [14] A. Wolfsberger, "Modelling and Control of the Anaerobic Digestion of Energy Crops," Bodenkultur University, 2008.
- [15] M. Schon, "Numerical Modelling of Anaerobic Digestion Processes in Agricultural Biogas Plants," University of Innsbruck, 2009.
- [16] R. Y. Stanier, J. L. Ingraham, M. L. Wheelis, and P. R. Painter - Reverte, *Microbiología*, 2da ed. 2005.
- [17] B. Drogg, *Process monitoring in biogas plants*. 2013.
- [18] R. Labautut and C. Gooch, "Monitoring of anaerobic digestion process to optimize performance and prevent system failure," Ithaca, NY, 2012.
- [19] R. Moletta, "Anaerobic Digestion: Monitoring and Control," Narbonne, 1998.
- [20] K. Boe, "Online monitoring and control of the biogas process," Technical University of Denmark, 2006.

- [21] N. E. Korres, P. O’Kiely, J. Benzie, and J. West, *Bioenergy Production by Anaerobic Digestion: Using agricultural biomass and organic wastes*, First Edit. Abingdon: Routledge, 2013.
- [22] O. Bernard, Z. Hadj-sadok, D. Dochain, A. Genovesi, and J. Steyer, “Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process,” no. 2, pp. 4–6, 2001.
- [23] G.-H. Siegrist, H., Vogt D., “Mathematical model for meso and thermophilic anaerobic sewage sludge digestion,” vol. 36, no. November 2012, pp. 37–41, 2010.
- [24] M. Gerber and R. Span, “An Analysis of Available Mathematical Models for Anaerobic Digestion of Organic Substances for Production of Biogas,” *Int. Gas Union Res. Conf.*, pp. 2–30, 2008.
- [25] O. Bernard *et al.*, “Dynamical Model Development and Parameter Identification for an Anaerobic Wastewater Treatment Process,” 2001.
- [26] J. Jimenez *et al.*, “Instrumentation and control of anaerobic digestion processes: a review and some research challenges,” *Rev. Environ. Sci. Biotechnol.*, vol. 14, no. 4, pp. 615–648, 2015.
- [27] C. N. Hinshelwood, *The Chemical Kinetics Of The Bacterial Cell*. Oxford: Clarendon Press, 1946.
- [28] S. Hassam, B. Cherki, E. Ficara, and J. Harmand, “Towards a systematic approach to reduce complex bioprocess models - Application to the ADM1,” *2012 20th Mediterr. Conf. Control Autom. MED 2012 - Conf. Proc.*, no. 1981, pp. 573–578, 2012.