

Sistemas de generación de energía eléctrica basados en biogás

Digestión anaerobia, generación de biogás
e implementación computacional

Sistemas de generación de energía eléctrica basados en biogás

Digestión anaerobia, generación de biogás
e implementación computacional

Laura Andrea Morales García, Ángel David Rodríguez Vargas,
Herbert Enrique Rojas Cubides





UNIVERSIDAD DISTRITAL
FRANCISCO JOSÉ DE CALDAS



© Universidad Distrital Francisco José de Caldas
© Centro de Investigaciones y Desarrollo Científico
© Laura Andrea Morales García, Ángel David Rodríguez Vargas,
Herbert Enrique Rojas Cubides

ISBN: 978-958-787-317-7
Primera edición, marzo de 2022

Dirección Sección de Publicaciones

Rubén Eliécer Carvajalino C.

Coordinación editorial

Edwin Pardo Salazar

Corrección de estilo

Proceditor

Diagramación y montaje de carátula

Sonia Lucía Güiza Ariza

Editorial UD

Universidad Distrital Francisco José de Caldas
Carrera 24 N°. 34-37
Teléfono: 3239300 ext. 6202
Correo electrónico: publicaciones@udistrital.edu.co

Catalogación en la publicación – Biblioteca Nacional de Colombia

Morales García, Laura Andrea

Sistemas de generación de energía eléctrica basados en biogás:
digestión anaerobia, generación de biogás e implementación computacional / Laura Andrea Morales García, Ángel David Rodríguez Vargas, Herbert Enrique Rojas Cubides. -- 1a ed. -- Bogotá : Universidad Distrital Francisco José de Caldas, 2022.
p. 176

Contiene referencias bibliográficas.

ISBN 978-958-787-317-7

1. Generación de energía 2. Energía eléctrica - Aspectos ambientales
I. Rodríguez Vargas, Ángel David II. Rojas Cubides, Herbert Enrique
III. Título

CDD: 621.3121 ed. 23

CO-BoBN- a1089196

Todos los derechos reservados.

Esta obra no puede ser reproducida sin el permiso previo escrito de la
Sección de Publicaciones de la Universidad Distrital Francisco José de Caldas.
Hecho en Colombia

Contenido

Prólogo	11
1. Introducción	15
2. Digestión anaerobia	19
2.1. Generalidades y conceptos básicos de la DA	19
2.1.1. Crecimiento microbiano	21
2.1.2. Microbiología y bioquímica del proceso de DA	23
2.1.3. Etapas de la digestión anaerobia	24
2.2. Reactores y generación de biogás	26
2.2.1. Parámetros de operación en el proceso de DA	26
2.2.1.1. Tasa de dilución	26
2.2.1.2. Tasa de carga orgánica (TCO)	27
2.2.1.3. Tiempo de retención hidráulica (TRH)	28
2.2.1.4. Tiempo de retención de sólidos (TRS)	29
2.2.1.5. Tiempo de inicio o puesta en marcha del biodigestor	29
2.2.1.6. Agitación	31
2.2.2. Biodigestor	31
2.2.2.1. Biodigestores continuos y semicontinuos	32
2.2.2.2. Biodigestor tipo chino	33
2.2.2.3. Biodigestor tipo hindú	34
2.2.2.4. Biodigestores horizontales	35
2.2.2.5. Biodigestores tipo bolsa	36
2.2.2.6. Biodigestor de mezcla completa o continuamente agitado (CSTR)	36
2.2.2.7. Biodigestores de flujo ascendente (UASB)	37
2.2.2.8. Biodigestor o reactor de lecho expandido (RLE) y fluidizado (RLF)	38

2.2.2.9. Biodigestor de membrana anaerobia (BMA)	39
2.2.2.10. Biodigestores discontinuos o de régimen estacionario	39
2.2.2.11. Sistemas compuestos	40
2.3. Beneficios y limitantes del proceso de DA	41
2.3.1. Temperatura	42
2.3.2. Relación carbono nitrógeno (C/N)	43
2.3.3. Inhibición y toxicidad	43
2.3.3.1. Inhibición por pH	44
2.3.3.2. Inhibición por amoniaco	45
2.3.3.3. Inhibición por ácidos grasos volátiles (AGV)	45
2.4. Usos y manejo del biogás como combustible	46
2.4.1. Obtención de biogás	46
2.4.1.1. Poder calorífico del biogás	47
2.4.1.2. Aplicaciones del biogás	47
2.4.1.3. Pretratamiento del biogás	50
2.4.2. Métodos de filtrado y purificación para el biogás	50
2.4.2.1. Purificación del biogás	51
2.4.2.2. Biometanización (remoción de CO ₂)	52
2.4.2.3. Adsorción por variación de presión	52
2.4.2.4. Separación por membrana	53
2.4.2.5. Separación criogénica	53
2.4.2.6. Secado	53
2.4.2.7. Métodos de filtrado artesanales	54
2.4.3. Métodos de reformado para el biogás	55
3. Modelos matemáticos de la digestión anaerobia	57
3.1. Modelos lineales	57
3.1.1. Modelo lineal de emisiones de metano producidas por gestión de estiércol	58
3.1.2. Modelo del atlas de potencial energético	59
3.1.3. Modelo lineal de la UPME para producción de biogás	60
3.1.4. Modelo de potencial energético simplificado	62
3.2. El modelo ADM1	63
3.2.1. Balance de masa	67

3.2.2. Reacciones bioquímicas	68
3.2.2.1. Tasas de producción de biomasa	70
3.2.2.2. Matriz Petersen	71
3.2.3. Reacciones fisicoquímicas	72
3.2.3.1. Reacciones líquido-líquido	72
3.2.3.2. Transferencia líquido gas	74
3.2.4. Procesos de inhibición	75
3.3. Estructura matemática completa del modelo ADM1	77
3.3.1. Ecuaciones de la fase líquida	77
3.3.2. Ecuaciones de la fase gaseosa	78
3.3.3. Estructura completa de la matriz Petersen y su relación con el ADM1	79
3.3.4. Ecuaciones del ADM1 con implementación DAE	83
3.3.4.1. Tasas cinéticas	83
3.3.4.2. Tasas cinéticas de la transferencia de gas	85
3.3.4.3. Factores de inhibición en los procesos bioquímicos	85
3.3.4.4. Factores de inhibición no competitiva y de limitación de nitrógeno	86
3.3.4.5. Inhibición por variación de pH	87
3.3.4.6. Ecuaciones diferenciales de concentraciones solubles	88
3.3.4.7. Ecuaciones diferenciales de concentraciones particuladas	92
3.3.4.8. Ecuaciones algebraicas para el cálculo de pH	93
3.3.4.9. Ecuaciones diferenciales de cationes y aniones	94
3.3.4.10. Ecuaciones de los estados iónicos para la implementación con DAE	94
3.3.4.11. Ecuaciones diferenciales de la fase gaseosa	95
3.3.4.12. Ecuaciones algebraicas de la fase gaseosa	96
3.3.5. Ecuaciones del modelo ADM1 con implementación ODE	96
3.3.5.1. Tasas cinéticas de las reacciones ácido base para la implementación con ODE	97
3.3.5.2. Ecuaciones diferenciales de los estados iónicos para la implementación con ODE	97
3.4. Simplificación del modelo ADM1	98
4. Implementación computacional del proceso de digestión anaerobia	105
4.1. Subrutina para el cálculo del pH	105
4.2. Subrutina para el cálculo de la concentración de hidrógeno SH ₂	107

4.3. Algoritmos de cómputo para la DA	109
4.4. Variables de entrada y condiciones iniciales para implementar el modelo ADM1	112
4.5. Validación de modelo ADM1	123
4.5.1. Validación de datos para residuo bovino	123
4.5.2. Validación de datos para residuo porcino	130
4.6. Análisis de sensibilidad para los modelos de DA	134
5. Herramienta de software para el estudio de DA	137
5.1. Estructura del <i>software</i>	137
5.1.1. Descripción general	137
5.1.2. Librerías	138
5.1.3. Interfaz gráfica principal	140
5.1.3.1. Inicio: pestaña de información complementaria	140
5.1.3.2. Módulo producción de biogás	140
5.1.4. Modelos de digestión anaerobia	143
5.1.4.1. Modelo de digestión anaerobia número 1 (ADM1)	143
5.1.4.2. Modelo de digestión anaerobia más matriz de transformación	147
5.1.4.3. Modelo lineal que sigue la metodología del atlas de potencial de biomasa residual	149
5.1.4.5. Módulo tecnologías de conversión biogás electricidad	150
5.1.5.1. Ciclo Otto	151
5.1.5.2. Ciclo Brayton	152
5.1.5.3. Modelo de Rowen para una turbina a gas	153
5.1.5.4. Modelo de una celda de combustible de óxido sólido (SOFC)	154
5.2. Ejemplo de uso de la herramienta	155
5.3. Tutorial	159
Referencias	161
Autores	173

Prólogo

Debido a la problemática ambiental que se vive a nivel mundial es necesario plantear soluciones sostenibles y amigables con el medio ambiente. Promover el uso de energías limpias permite reducir la emisión de gases de efecto invernadero (GEI) al sustituir combustibles fósiles por fuentes no convencionales de energía renovable (FNCER) tales como: geotérmica, eólica, solar y biomasa, entre otras. Es importante también diversificar la matriz energética en Colombia, ya que en alto grado depende de la generación hidroeléctrica y térmica convencional.

En sintonía con esta iniciativa, la Ley 1715 de 2014 del Congreso de la República de Colombia busca promover el desarrollo y la utilización de las FNCER para mejorar la calidad de vida y aportar al fortalecimiento y desarrollo de las zonas rurales apartadas y en las Zonas No Interconectadas (ZNI) del país. Por esto, es necesario adquirir conocimientos sólidos y desarrollar herramientas de análisis que permitan afrontar los retos que conlleva la aplicación de esta regulación para aprovechar de manera óptima el potencial energético disponible en dichas regiones.

La biomasa residual es ejemplo de un recurso renovable capaz de generar electricidad para crear soluciones energéticas a nivel local y se presenta, de hecho, como una muy buena alternativa para la producción de energía eléctrica en algunas ZNI donde los sectores pecuario y agrícola son los más representativos. Esta idea se vuelve aún más interesante cuando se ha estimado que en Colombia se genera anualmente 105 mil toneladas de residuos como subproducto de la industria pecuaria en todo el país. Adicionalmente, diversos

estudios impulsados por la Unidad de Planeación Minero Energética (UPME), el Instituto de Planificación y Promoción de Soluciones Energéticas para las Zonas No Interconectadas (IPSE) y el Ministerio de Minas y Energía plantean soluciones sostenibles donde la biomasa residual puede ser transformada en biogás con ayuda de un biodigestor (reactor) y luego, en electricidad.

En los últimos años se ha enfocado la energización de las zonas rurales apartadas y las ZNI con esquemas completos que integran actividades productivas en las regiones e impulsan un desarrollo rural. En esta línea de acción los biodigestores son una excelente opción de desarrollo limpio: sirven para tecnificar el campo mientras disminuyen el atraso social y económico en el que se encuentran las zonas rurales y las ZNI gracias a la disponibilidad de residuos pecuarios o agrícolas. Sin embargo, en la actualidad, la generación de electricidad a partir de biogás no es atractiva para los inversionistas ya que se asocia con bajos rendimientos y considerables costos de inversión en equipos e infraestructura necesaria para su explotación.

Para reducir los costos de inversión en las etapas iniciales de un proyecto de generación de energía eléctrica basada en biogás se realizan estudios de viabilidad para definir cuál sistema y qué configuración son los más adecuados para suprir parcial o totalmente las necesidades eléctricas de una población o una instalación específica. Esto permite evaluar los proyectos antes de tomar decisiones y reducir riesgos económicos. En este aspecto, una de las alternativas para realizar estudios de viabilidad y diseño técnico es el uso de modelos robustos de los procesos, lo cual proporciona una buena aproximación al comportamiento real de los sistemas.

El principal obstáculo del modelamiento de biodigestores es que la digestión anaerobia (DA) es un proceso complejo y no lineal. Esto se debe en buena medida a la sensibilidad de sus parámetros con respecto a las condiciones ambientales, lo que hace difícil estimar el comportamiento de la DA bajo circunstancias particulares. Además, la DA depende de subprocesos secuenciales y a veces simultáneos que se ven afectados por una gran cantidad de variables tales como: temperatura, relación carbono nitrógeno, pH, presión, velocidad de carga orgánica, tiempo de retención, entre otras. Todos estos parámetros impactan en mayor o menor proporción la cantidad de biogás producido.

Por esta razón, se recurre a modelos matemáticos o físicos que son agrupados e implementados en aplicativos computacionales especializados.

Es posible encontrar en el mercado algunas herramientas de *software* bajo licencia privada y algunos manuales de uso público que facilitan el dimensionamiento de los biodigestores, pero estos se basan en relaciones y ecuaciones lineales simples que son definidas bajo condiciones ideales de operación que no varían en el tiempo, lo cual, al igual que en el modelamiento de otros sistemas puede restar credibilidad a los análisis y resultados obtenidos. Por otro lado, en el ámbito académico colombiano existen pocas investigaciones que incorporen todas las etapas del proceso de conversión de biogás en electricidad, que describan el proceso de producción del biogás, su conversión a energía térmica, luego mecánica y, por último, eléctrica, por lo que su verdadero potencial es subestimado.

El presente libro —resultado del trabajo de investigación y la experiencia de sus autores— involucra una juiciosa revisión bibliográfica enfocada en el estudio del proceso bioquímico de la digestión anaerobia. En Colombia son pocos los trabajos enfocados en explicar no solo la fundamentación teórica de este proceso, que incluyan una descripción detallada de su modelado matemático y respectiva implementación computacional, incluyendo el desarrollo de una herramienta *software* que facilite el cálculo y análisis de la DA. Con el conocimiento adecuado de la DA y una buena aplicación de sus modelos será posible evaluar el potencial eléctrico de una región o lugar específico, establecer las tecnologías de conversión biogás-electricidad más apropiadas y determinar la eficiencia de conversión de los sistemas de generación de energía eléctrica a partir de biogás (SGEB).

Agradecemos de antemano al lector por recurrir a este libro para ampliar sus conocimientos acerca de la digestión anaerobia y el uso de biodigestores. Hemos querido brindar un documento con herramientas suficientes que permitan dar el primer paso —o profundizar en estas temáticas—. Aunque la formulación matemática pueda parecer extensa, una vez asimilados algunos conceptos y aproximaciones, notará la simplicidad de su estructura y las alternativas para su implementación computacional. Finalmente, hacemos una invitación a la comunidad en general a que se vincule al desarrollo y promoción

Laura Andrea Morales García, Ángel David Rodríguez Vargas, Herbert Enrique Rojas Cubides

de actividades orientadas a la aplicación de estos conceptos. Instamos a todos los actores —gobierno, sector privado, entidades mixtas, comunidades y personas, en general— a impulsar iniciativas públicas o privadas orientadas al aprovechamiento del potencial energético, no solo de la biomasa residual de origen pecuario y agrícola, sino de todas aquellas FNCER con las que cuentan las zonas rurales y apartadas de Colombia.

Los autores

Marzo, 2022

Bogotá, Colombia

1. Introducción

La imposibilidad de llevar energía eléctrica a algunas zonas rurales en Colombia ha hecho que dichos lugares presenten un rezago social, económico y tecnológico alarmante si se tiene en cuenta que las Zonas No Interconectadas (ZNI) son, aproximadamente, la mitad de la extensión del territorio nacional [1]. Para solventar el déficit eléctrico de algunas zonas rurales y de las ZNI se ha recurrido a generación distribuida, la cual se basa en el uso de motores diésel que impulsan generadores eléctricos, arreglos fotovoltaicos dispersos en áreas de superficie moderada y algunos proyectos de generación eólica. Para 2018 estas fuentes de energía constituyan poco más del 90% de la capacidad instalada en las ZNI. Esta situación crea una gran oportunidad para el uso de tecnologías basadas en FNCER que aprovechen los recursos renovables disponibles en las ZNI y las regiones rurales [2], [3]; los motores diésel —que son la tecnología más común de estas zonas— producen emisiones contaminantes y poseen costos elevados asociados con el transporte y consumo del combustible, sumado al mantenimiento de los generadores [2].

La biomasa es fuente de energía renovable por excelencia, siendo usada, tradicional y especialmente en países subdesarrollados o en vías de desarrollo. En este contexto la leña —uno de sus principales representantes— ha sido empleada como energético de consumo primario para cocción e iluminación en zonas rurales y de bajos recursos en todo el planeta. En 2017 la biomasa tradicional participaba con 6,5% del consumo mundial de energía final, mientras que sumada con las otras fuentes de energía renovable (incluyendo usos modernos de la bioenergía y los biocombustibles) alcanzan entre todas un 12,4% [4]. De manera particular, según la Unidad de Planeación Minero Energética (UPME), para 2013, la biomasa en Colombia tenía un potencial

de generación de energía eléctrica (energía disponible) de 2630 MW [5]. No obstante, de la energía eléctrica total generada en el país, solo 1,3% corresponde al uso de biomasa, especialmente centrada en el uso energético de la caña de azúcar [2].

De manera particular, la biomasa residual, como insumo para la generación de energía eléctrica, contaba para 2013 con un potencial de 741 MW [5], y actualmente, solo se explota un pequeño porcentaje de este potencial. Esto se debe, en buena medida, a que este recurso y sus aplicaciones han sido poco investigadas y documentadas en Colombia a comparación de varios países europeos y asiáticos. Esto puede deberse a la falta de experiencia, al desconocimiento de la tecnología y del recurso, y también, a los costos de su implementación [6]. Aún bajo estas condiciones, obtener energía de esta clase de residuos es posible de manera eficiente usando la digestión anaerobia (AD) o biodigestión [7], la cual es un proceso bioquímico capaz de transformar residuos con alta carga orgánica en biogás y permite usar el digestato (efluente) que se produce como fertilizante [8]. Este proceso ocurre en un reactor sellado llamado biodigestor. El biogás resultante puede ser usado como combustible para suplir necesidades energéticas y reemplazar el diésel —combustible preferido para la generación de electricidad en las ZNI [9]—. Esta tecnología ayuda a reducir la huella de carbono que tienen productos de origen pecuario (avícola, bovino y porcino) —se estima que el ganado produce aproximadamente 37% de todo el metano que llega a la atmósfera¹ [10] y es responsable de 14% de las emisiones de gases de efecto invernadero (GEI) superando, incluso, al sector transporte [11]—. Adicionalmente, el uso de biodigestores puede aportar en la reducción de la demanda química de oxígeno (DQO)² y controlar patógenos de aguas residuales [12]. Estas razones, sumadas al potencial para aprovechar en mayor porcentaje los residuos pecuarios y agrícolas, han proyectado a la biodigestión como una tecnología viable para apoyar el desarrollo rural en varias partes del mundo [13], [17].

1 Se estima que el metano es hasta 23 veces más contaminante que el dióxido de carbono [10].

2 Es un parámetro que sirve para medir el grado de contaminación del agua.

Aunque las perspectivas del uso de biodigestores son favorables, en Colombia su aplicación ha tenido baja penetración debido a costos en su implementación, falta de experiencia y desconocimiento del aprovechamiento de la biomasa residual pecuaria y sus beneficios [6]. Sin embargo, para solventar los problemas que trae consigo el sobredimensionamiento de instalaciones y la errónea selección de equipos se hace indispensable ejecutar estudios de viabilidad técnica y económica en los que se muestre la utilidad ambiental y rentabilidad que generarían proyectos relacionados con la construcción de un sistema de generación de energía eléctrica a partir de biogás (SGEB).

En este tipo de proyectos es importante definir si la tecnología aplicada es la adecuada para suplir parcial o totalmente las necesidades eléctricas de una instalación, facilitando la evaluación de los proyectos antes de tomar decisiones y realizar algún tipo de inversión económica. De esta forma, el desarrollo de aplicativos computacionales que incluyan diversos modelos reconocidos por la comunidad académica, sumado a la implementación de entornos gráficos, mejoran la comprensión del sistema; permiten la validación de las hipótesis planteadas, predicen el comportamiento del sistema de DA y hacen posible cuantificar el proceso de conversión (biogás-electricidad) bajo diferentes condiciones. Esto claramente reduce costos, riesgos de inversión y tiempos de estudios de prefactibilidad [18].

Adicionalmente, la integración de modelos matemáticos y diversas herramientas computacionales han demostrado ser muy útiles para estudiar casos específicos y facilitar la comprensión de procesos complejos a través de simulaciones. En conclusión, un modelado matemático adecuado, sumado a la creación de entornos de simulación y la evaluación de diversos escenarios, permite modificar de manera simple los componentes y las topologías de un "SGEB", y de esta manera, estimar el potencial eléctrico y la eficiencia de conversión en sistemas de este tipo. Todo esto, con el fin de ser implementados en ZNI o zonas rurales que tengan disponibilidad de residuos pecuarios y/o agrícolas.

La primera parte de este conjunto presenta una visión integral sobre el proceso bioquímico de la digestión anaerobia y la producción de biogás a partir de residuos pecuarios, incluyendo su modelado matemático e implementación computacional y el *software* "*Sistemas de generación de energía eléctrica a partir de*

biogás (Interfaz SGEB)" —entorno de simulación desarrollado en MATLAB/Simulink®, cuya función es facilitar el proceso de implementación de modelos matemáticos para la estimación de la producción de biogás y su posterior conversión a energía eléctrica—.

Es importante mencionar que este documento ha sido desarrollado en el marco del proyecto titulado *Metodología para la evaluación del potencial eléctrico y la eficiencia de sistemas de generación de energía eléctrica basado en biodigestores para zonas rurales y zonas no interconectadas de Colombia*, el cual fue institucionalizado ante el Centro de Investigaciones y Desarrollo Científico (CIDC) de la Universidad Distrital Francisco José de Caldas. Dicho proyecto sigue la línea de investigación en *fuentes alternativas de energía y desarrollo sostenible*, la cual es impulsada por el Grupo de investigación en Sistemas Eléctricos y Eficiencia Energética (GISE3) y el Grupo de investigación en Compatibilidad e Interferencia Electromagnética (GCEM), ambos de la Universidad Distrital.

2. Digestión anaerobia

2.1. Generalidades y conceptos básicos de la DA

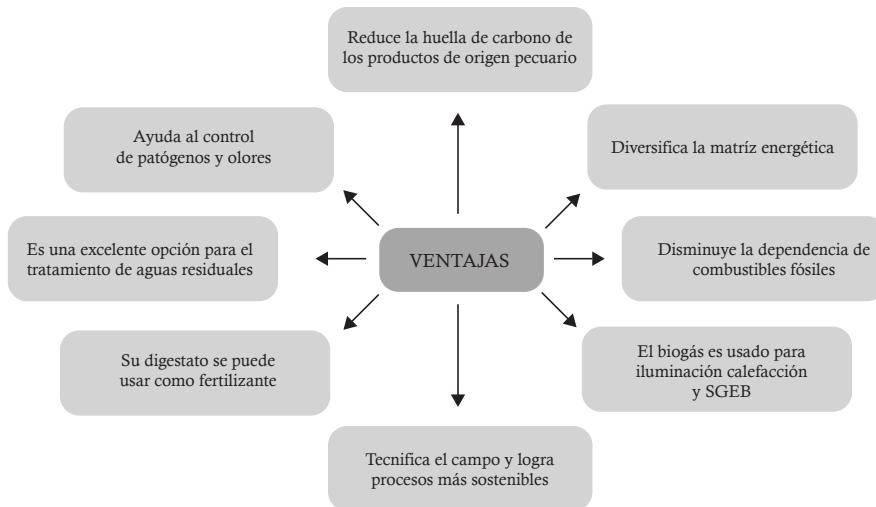
La DA comprende una red de reacciones secuenciales y paralelas de naturaleza bioquímica y fisicoquímica desarrolladas en un ambiente sin oxígeno [19], [20]. Estas reacciones se dan como producto del metabolismo de bacterias específicas que se interrelacionan para descomponer y transformar la materia orgánica biodegradable en un combustible gaseoso compuesto principalmente por metano (CH_4) y dióxido de carbono (CO_2) llamado biogás [21]. De la misma manera, es posible generar como subproducto del proceso un fango efluente (digestato) rico en minerales (nitrógeno [N], fósforo [P], potasio [K], calcio [Ca], etc.) que lo convierten en un fertilizante natural [22].

La DA es muy útil para el tratamiento de aguas residuales ya que reduce la demanda química de oxígeno (DQO)³ y tiene gran capacidad para tratar sustratos lentamente degradables, con altas concentraciones de sólidos suspendidos [20], [23], [24]. Así mismo, ayuda al control de patógenos, reducción de olores, y posibilita la generación de energía mecánica o eléctrica a partir de la combustión de CH_4 producido.

De igual forma, al comparar la DA y los procesos aerobios en el tratamiento de aguas residuales, la DA resulta ser mucho más eficiente, ya que no necesita energía para el suministro de aire en el proceso (ventilación forzada) [21]. En la figura 2.1 se observan otras ventajas de la DA como proceso de conversión de biomasa en energía.

³ Medida del oxígeno requerido por las bacterias para la oxidación de la materia orgánica presente en aguas contaminadas.

Figura 2.1. Ventajas en la aplicación de la DA



Fuente: elaboración propia

Existen varios tipos de materia orgánica que se pueden utilizar para la producción de biogás, algunos ejemplos son: residuos agrícolas [9], cultivos energéticos [25], plantas acuáticas [26], [27], aguas residuales [28], [29], residuos sólidos urbanos [30], [31], desperdicios de comida [32] y residuos de la industria ganadera [33], porcina [34] y avícola [35]. Así mismo, es posible usar la codigestión de residuos que consiste en la descomposición simultánea de dos o más sustratos para aumentar la concentración de CH_4 en el biogás [36], [39].

Aunque estas consideraciones lo hacen atractivo para su aplicación, el proceso de DA presenta varios retos para su expansión comercial. Uno de estos retos es el tiempo de arranque del sistema, donde se debe esperar a que las poblaciones microbianas alcancen condiciones de estado estable. Este tiempo depende directamente del inóculo usado y de la cantidad y tipo de residuo a tratar (puede variar desde semanas a meses) [40]. Además, los microorganismos son muy sensibles a sobrecargas y perturbaciones del proceso afectando en gran medida su productividad global. En consecuencia, es necesario desarrollar un sistema de control y supervisión que permita mantener los principales parámetros en valores donde el proceso funcione.

Este control es complejo debido a la gran cantidad de microorganismos involucrados en el proceso y al gran número de variables para monitorear y controlar [20]. Aun así, la interpretación de la DA y los procesos de operación y diseño han avanzado en los últimos 20 años gracias a una mayor comprensión de los procesos microbianos y químicos que se dan en la DA [21]. Este avance se refleja en el aumento del número de plantas de biogás y en el desarrollo y aplicación de modelos matemáticos para describirlas.

2.1.1. Crecimiento microbiano

Los microorganismos juegan un papel crucial en la DA. Por esto es importante tener modelos biológicos que representen los ciclos de vida y muerte de las poblaciones microbianas que participan en el proceso. Los ciclos microbianos varían dependiendo el tipo de microorganismo, medio de crecimiento y las condiciones del cultivo [41]. De esta manera, las cinéticas de crecimiento permiten predecir el comportamiento de un cultivo microbiano en un tiempo determinado. Una de las funciones que describe el crecimiento exponencial microbiano es presentada en las ecuaciones (2.1), (2.2) y (2.3).

$$N = N_0 * 2^n \quad (2.1) \qquad \log N = \log N_0 + n \log 2 \quad (2.2)$$

$$n = \frac{\log N - \log N_0}{\log 2} \quad (2.3) \qquad g = \frac{t}{n} [h] \quad (2.4)$$

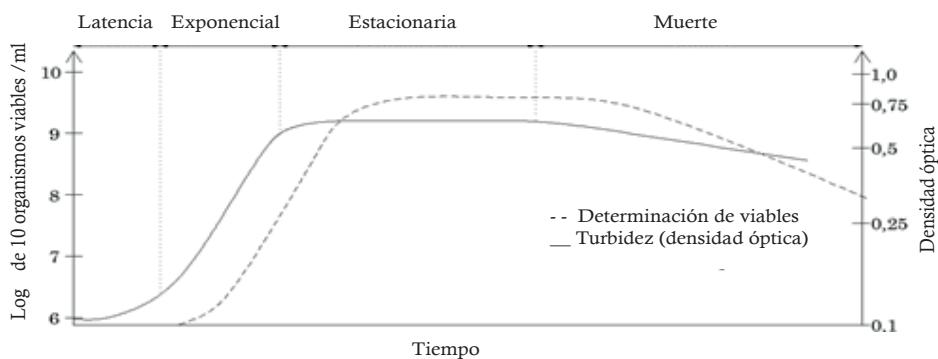
Donde N_0 es el número de células inicial; N el número de células final y n el número de generación. En estas relaciones matemáticas se evalúa el consumo de nutrientes de un sustrato, la síntesis de los componentes y la división celular luego de que estas han logrado duplicar su masa y material genético en un tiempo determinado —tiempo de generación (g) de una población microbiana en crecimiento exponencial [41]—. Por otro lado, la ecuación (2.4) determina el tiempo de generación donde t es el tiempo de crecimiento exponencial a partir de N y N_0 , las cuales son variables medibles en laboratorio [41].

Una población microbiana inicialmente tiene un comportamiento exponencial gracias a su proceso de fisión binaria —división celular en la que a partir de una célula se producen dos—. Sin embargo, en sistemas tipo Batch —cerrado o con medio no renovado— la población no puede crecer indefinidamente porque existen restricciones físicas que llevan al sistema a un punto de saturación. En la tabla 2.1 se describen las cuatro fases de crecimiento microbiano —latencia, exponencial, estacionaria y de muerte—, presentadas gráficamente en la figura 2.2, donde adicionalmente se compara el crecimiento teórico de una población microbiana con una curva obtenida en el laboratorio mediante el método de densidad óptica para el conteo de células totales o viables [41].

Tabla 2.1. Fases del crecimiento microbiano

Fases	Descripción
Fase de latencia (<i>lag</i>)	Se relaciona con el tiempo que tarda una población microbiana inoculada en iniciar su crecimiento. Este tiempo depende de las condiciones y la cantidad del inoculo usado. Puede ser breve si el cultivo microbiano usado como inoculo fue desarrollado bajo las mismas condiciones de su nuevo medio o puede ser prolongado si el inoculo está en su fase estacionaria o presenta deterioro por tóxicos, calor o radiación.
Fase exponencial	Al inicio, los microorganismos se multiplican usando la fisión binaria durante un período de tiempo que depende de los recursos disponibles en el medio. La velocidad de esta fase depende de la capacidad que tengan los microorganismos para metabolizar los nutrientes, sus características genéticas, el medio en el que se desarrolle y la temperatura.
Fase estacionaria	Cuando en el medio se acumulan componentes que pueden resultar tóxicos en grandes cantidades o cuando el consumo excesivo de algún nutriente del sustrato hace que este escasee, se presenta un efecto inhibitorio que detiene y estabiliza el crecimiento de los microorganismos. Aunque el crecimiento sea casi nulo, el metabolismo energético y los procesos biosintéticos continúan.
Fase de muerte	La fase de muerte o decaimiento se presenta cuando las condiciones son muy agresivas para los microorganismos. También puede tener un comportamiento exponencial, aunque es más lento en comparación con la velocidad de crecimiento en fase exponencial.

Fuente: adaptado de [41]

Figura 2.2. Crecimiento de poblaciones microbianas

Nota: las células viables son aquellas capaces de reproducirse.

Fuente: adaptado de [41]

2.1.2. Microbiología y bioquímica del proceso de DA

Las células son estructuras formadas principalmente por una mezcla de componentes químicos llamados macromoléculas —proteínas, ácidos nucleicos, lípidos y polisacáridos— y un conjunto de precursores de las macromoléculas y de iones inorgánicos, necesarios para el metabolismo de los microorganismos [41]. El metabolismo es un comportamiento físico en el que los microorganismos adquieren nutrientes del medio en el que se desarrollan y los transforman químicamente para producir energía y desechos a través de diferentes reacciones químicas [41]. La energía requerida para que los microorganismos desarrollen su metabolismo puede ser obtenida a partir de la luz, compuestos orgánicos —glucosa, acetato, etc.— o compuestos inorgánicos —amonio (NH_4^+), ácido sulfídrico (H_2S), hidrógeno (H_2), entre otros—. Esta energía se produce a partir de la oxidación de un compuesto determinado como el oxígeno para microorganismos aerobios y se conserva en la célula como un compuesto de alta energía, llamado trifosfato de adenosina (ATP) [41]. En el caso de microorganismos anaerobios estrictos, el proceso se desarrolla con aceptores de electrones distintos al oxígeno (SO_4^{2-} , S^0 y CO_2) [41].

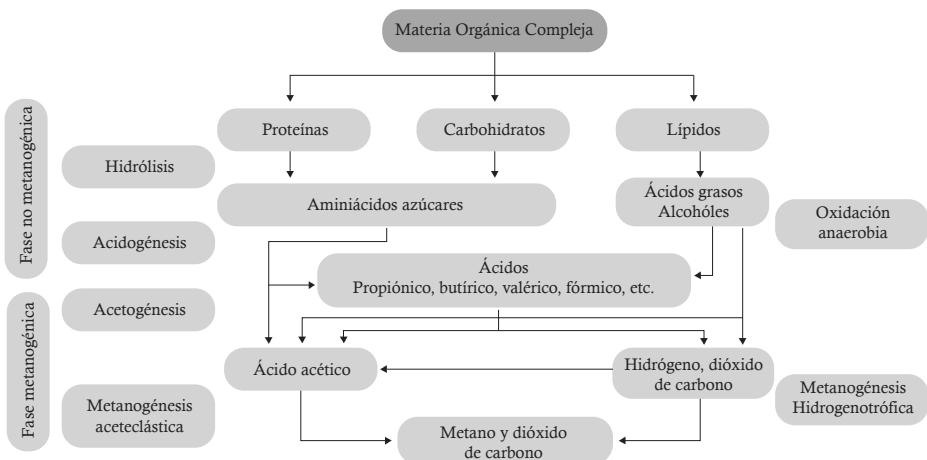
Como resultado de la actividad metabólica y de las complejas interacciones desarrolladas por varios grupos de microorganismos aerobios facultativos (desarrollan su metabolismo en un ambiente con o sin oxígeno) y anaerobios

estrictos, se produce la DA, la cual se ha estudiado a profundidad desde el punto de vista bioquímico y microbiológico [20], [38]. Estos estudios han permitido establecer cuatro etapas principales en el proceso de DA: hidrólisis, acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis.

2.1.3. Etapas de la digestión anaerobia

La DA controlada se desarrolla en diferentes tipos de biodigestores: tanques o reactores sellados donde se deposita materia orgánica que es transformada en biogás mediante la interacción de diferentes poblaciones microbianas siguiendo el proceso descrito en la figura 2.3.

Figura 2.3. Transformación bioquímica del proceso de DA



Fuente: [38]

En general, las etapas del proceso de DA pueden ser clasificadas en dos fases: la no metanogénica y metanogénica. En la primera, ocurre de manera secuencial la hidrólisis (ruptura) y la acidogénesis mientras que en la segunda ocurre de manera paralela la acetogénesis y la metanogénesis. En la hidrólisis el material orgánico compuesto por carbohidratos, proteínas y lípidos (compuestos poliméricos de difícil degradación), es dividido en moléculas más simples como aminoácidos, azúcares y ácidos grasos, gracias a la liberación

de exoenzimas desarrolladas por poblaciones bacterianas facultativas como Enterobacteriaceae, Bacillus, Bacteroides, Micrococcus, Peptostreptococcus, Clostridium y Propionibacterium [38], [40]. El proceso de hidrólisis permite el paso de moléculas más simples a través de la membrana celular de las bacterias fermentativas pertenecientes a la siguiente etapa de la fase no metanogénica, denominada acidogénesis o fermentación, en la cual estas bacterias usan su metabolismo para transformar los compuestos solubles producidos durante la hidrólisis en hidrógeno, dióxido de carbono, ácidos grasos volátiles (AGV: ácido acético, propiónico, butírico y valérico) y pequeñas cantidades de etanol [38], [42].

Cabe resaltar que el tiempo en el que ocurre la fase no metanogénica puede verse afectado por la presencia de altos contenidos de lignina en la materia orgánica residual utilizada en el proceso de DA, debido a que la lignina es un polímero tridimensional que da rigidez a la pared celular de las células vegetales, lo cual restringe el proceso de hidrólisis [21]. El tiempo de la fase no metanogénica también puede ser reducido al realizar pretratamientos a la biomasa —térmicos, químicos o mecánicos (trituración y ultrasonido)— antes de que esta sea ingresada al biodigestor, haciendo más eficiente el proceso global [38].

La siguiente fase es la metanogénica, donde acetogénesis y metanogénesis ocurren de manera paralela. Debido a que gran parte del carbono orgánico generado en la acidogénesis no puede ser metabolizado por organismos metanógenos este permanece en forma de AGV y alcoholes, compuestos que son utilizados por microorganismos acetógenos en el desarrollo de su metabolismo [41].

En la acetogénesis las bacterias anaerobias acetogénicas reducen el CO₂ (aceptor de electrones) a acetato (CH₃ COOH) empleando como donador de electrones el H₂ para el desarrollo de su metabolismo energético [41]. De igual manera, en otras reacciones estos microrganismos utilizan como donador de electrones azúcares, ácidos orgánicos, aminoácidos, alcoholes y algunas bases nitrogenadas, entre otros [41]. De igual manera, en la acetogénesis los alcoholes y los AGV se oxidan convirtiéndose en ácido acético, hidrógeno y dióxido de carbono [42], [43].

Por su parte, en la metanogénesis se pueden establecer dos grandes grupos de microorganismos en función del sustrato principal que metabolizan, los hidrogenotróficos que consumen H_2 y CO_2 y los acetoclásticos que consumen compuestos metílicos y acetato [38], [41]. El primer grupo de microorganismos es un grupo de arqueas (microorganismos unicelulares de morfología procarionta) anaerobias estrictas que desarrollan la reducción del CO_2 a CH_4 utilizando como aceptor de electrones H_2 de forma semejante a las bacterias acetogénicas. No obstante, algunos metanógenos pueden utilizar formiato, monóxido de carbono y hasta alcoholes como donadores de electrones para la reducción del CO_2 [41]. El segundo grupo cataboliza el metanol y el acetato convirtiéndolo en CH_4 y CO_2 . En la reducción de metanol se produce en mayor proporción CH_4 [41].

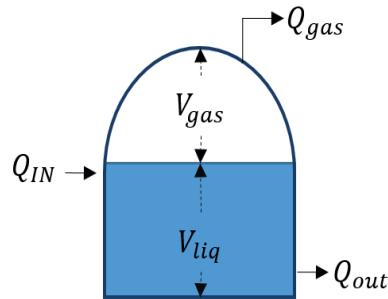
2.2. Reactores y generación de biogás

En esta sección se presentan los parámetros de operación más relevantes del proceso de digestión anaerobia, incluyendo la tasa de dilución, la tasa de carga orgánica y los tiempos de retención asociados. Así mismo, se describen los tipos de biodigestores (reactores) más comunes, junto con sus características más relevantes.

2.2.1. Parámetros de operación en el proceso de DA

2.2.1.1. Tasa de dilución

La tasa de dilución (D) es un parámetro operacional que brinda la relación existente entre el máximo caudal de entrada (Q_{IN}) [$m^3/día$] y el volumen líquido (V_{liq}) del biodigestor [m^3] (ver figura 2.4), aspecto a tener en cuenta al diseñar un cuidadoso control, evitando una posible inhibición por lavado de biomasa (salida de un grupo microbiano activo). Por tanto, se tiene como condición de operación que D sea menor a la tasa de crecimiento de la especie más lenta, dando el tiempo suficiente a esta población microbiana para que pueda reproducirse dentro del biodigestor. De lo contrario, el proceso se verá inhibido por falta de microorganismos [44]. La tasa de dilución está definida matemáticamente por la ecuación (2.5).

Figura 2.4. Esquema general de un biodigestor tipo

Fuente: elaboración propia

$$D = \frac{Q_{IN}}{V_{liq}} \left[\text{día}^{-1} \right] \quad (2.5)$$

2.2.1.2. Tasa de carga orgánica (TCO)

La tasa de carga orgánica TCO es un parámetro operacional que indica la cantidad de materia orgánica seca o de sólidos volátiles (SV) del afluente con respecto al volumen del reactor y el tiempo transcurrido. Esta relación se muestra en la ecuación (2.6).

$$TCO = \frac{Q_{IN} * \rho_{IN} * SV_{IN}}{V_{liq}} \left[\frac{\text{kg}_{SV}}{\text{m}^3 \text{día}} \right] \quad (2.6)$$

Donde, ρ_{IN} es la densidad aparente del afluente $\left[\text{kg}_{\text{dematerias frescas}} / \text{m}^3 \right]$ y SV_{IN} son los sólidos volátiles contenidos en el afluente $\left[\text{kg}_{SV} / \text{kg}_{\text{dematerias frescas}} \right]$ [44]. Valores bajos de TCO conllevan una concentración baja de carga orgánica en el afluente, así como un elevado tiempo de retención. Mientras que un incremento en la TCO significa una reducción en la producción de biogás con respecto al material orgánico del afluente [22].

Por otro lado, la TCO también indica el esfuerzo ejercido por los microorganismos que hacen parte del proceso de DA para metabolizar los componentes orgánicos del sustrato. Esto afecta la DQO, la alcalinidad del efluente y la

producción de biogás y su composición (porcentaje de CH₄ y CO₂) [45]. Parte de este comportamiento se debe a que una elevada carga orgánica requiere alta actividad de los microorganismos y si existe aumento de carga orgánica repentina, es muy probable que no sean capaces de biodegradarla generando inhibición e incluso un daño irreversible en el proceso de DA [46].

2.2.1.3. Tiempo de retención hidráulica (TRH)

El tiempo de retención hidráulica —TRH— es el tiempo promedio de permanencia del sustrato dentro del biodigestor [22], [43]. Matemáticamente, la TRH es el cociente entre el volumen líquido del biodigestor y el caudal de salida de este (Q), como se muestra en la ecuación (2.7) [44]. Sin embargo, si se desarrolla la aproximación mostrada en la ecuación (2.8) y la masa del biogás es menor a la masa del afluente ($m_{gas} \ll m_{afluente}$), se puede relacionar el TRH con como se observa en la ecuación (2.9), donde el TRH está en [días] y Q es la tasa de flujo volumétrico del efluente [$m^3 / \text{día}$].

$$\text{TRH} = \frac{V_{liq}}{Q} \quad (2.7)$$

$$Q \approx Q_{IN} * \left(1 - \frac{m_{gas}}{m_{afluente}} \right) \quad (2.8)$$

$$\text{TRH} = \frac{V_{liq}}{Q_{IN} * \left(1 - \frac{m_{gas}}{m_{afluente}} \right)} \approx \frac{V_{liq}}{Q_{IN}} \quad (2.9)$$

Durante el proceso, se debe asegurar que la cantidad de microorganismos presentes en el sustrato interno del biodigestor sea mayor a la cantidad de microorganismos presentes en el efluente de este. En otras palabras, se debe garantizar que la población microbiana dentro del biodigestor no sea expulsada con el efluente, ya que podría llegar a disminuir la eficiencia del biodigestor e incluso podría llegar a detener la DA. Esto se logra garantizando un TRH lo suficientemente largo para que los microorganismos se dupliquen [43].

Adicionalmente, el TRH depende en gran medida de la temperatura de funcionamiento del biodigestor, pero no cuenta con un criterio unificado de cálculo. Debido a esto, en [23] se tuvo en cuenta una curva de tendencia logarítmica para obtener un valor aproximado del TRH con respecto a la temperatura de funcionamiento (T) llegando a 88,17% de correlación. Esta relación se muestra en la ecuación (2.10).

$$TRH \approx -51,227 * \ln T + 206,72 \quad (2.10)$$

2.2.1.4. Tiempo de retención de sólidos (TRS)

El TRS —al igual que la TRH— es un parámetro importante a la hora de diseñar y mantener el buen funcionamiento de un biodigestor ya que controla el tiempo en el que la masa microbiana debe permanecer en el reactor para alcanzar la estabilización de los residuos, logrando mantener estándares específicos junto con una velocidad adecuada para la buena biodegradación del afluente [45]. Entre más tiempo permanezcan los sólidos en el reactor más tiempo tendrán los microorganismos para degradarlos completamente.

Niveles altos de TRS o de TRH generan mayor estabilidad y tolerancia a componentes tóxicos y una rápida recuperación ante componentes de este tipo [45]. No obstante, altos niveles de TRS o de TRH conllevan una mayor inversión al hacer necesario un reactor de gran volumen [45]. En muchos sistemas de DA se ha preferido asumir altos costos de inversión en la construcción del reactor para garantizar un alto TRS con un TRH bajo y sin riesgo de lavado de biomasa. Esto es posible instalando un tanque de sedimentación de lodos transitorio, para luego ser devuelto al reactor [45].

Debe tenerse en cuenta que en reactores que cuentan con agitación continua se supone que dentro del reactor la biomasa está distribuida de manera homogénea, por lo que el TRS y el TRH son iguales y pueden ser calculados de la misma forma que el TRH mostrado en la ecuación (2.9) [38].

2.2.1.5. Tiempo de inicio o puesta en marcha del biodigestor

La puesta en marcha es el período en el que los microorganismos de un cultivo previamente formado (inoculo) logran biodegradar el sustrato hasta

alcanzar condiciones de estado estable [45], [47]. Este parámetro es indicado por la tasa de crecimiento de los microorganismos que serán capaces de desarrollar el proceso de DA en el reactor, tasa que es bastante baja y depende directamente del tipo de materia orgánica que será utilizada como inoculo [45]. Durante el período de puesta en marcha se deben tener más precauciones que durante el resto del proceso de DA, ya que en esta etapa el proceso es altamente sensible a condiciones de inhibición y compuestos tóxicos [47].

Un período de puesta en marcha común es de dos o cuatro meses, en un rango de temperatura mesófila, mientras que en condiciones psicrófilas puede llegar a necesitar un período de hasta un año [45]. Sin embargo, este período puede ser disminuido si se tiene un gran porcentaje de inoculo (biomasa activa) en el sustrato inicial, ya que el inoculo contiene microorganismos necesarios en el proceso que inducen una velocidad más alta en la reacción de arranque del biodigestor [45], [47]. Un escenario ideal para el arranque de un sistema sería contar con un llenado completo de sustrato en estado estable (fase estacionaria de crecimiento microbiano) de un reactor que ya se encuentre en operación. El inoculo es tomado generalmente de los lodos de un reactor de aguas residuales que ya esté en funcionamiento [47].

Si no se cuenta con inoculo suficiente en algunas ocasiones se considera su dilución en agua, no obstante en este caso los sistemas *buffer* (ver sección 3.2.3.1) se reducen a medida que aumenta la dilución, generando mayor probabilidad de inhibición por desbalances y variación en el pH [40], [47]. Otra opción para utilizar como sustrato en la etapa de arranque es el estiércol bovino, ya que contiene arqueas metanógenas que hacen que el proceso se estabilice por sí mismo de forma rápida. El estiércol de cerdos también es una buena opción como inoculo, pero no tiene la misma cantidad de arqueas metanógenas que el bovino [47].

Para garantizar que la etapa de arranque del sistema de DA haya finalizado primero se debe asegurar que estén los niveles de pH en neutro, el porcentaje de producción de CH_4 por encima de 50% y los ácidos grasos de cadena corta por debajo de 2000 mg/l. En condiciones prácticas se tiene como referencia que el estado estable del proceso se logra después de un tiempo igual a tres veces el tiempo de retención del sustrato dentro del reactor [47].

2.2.1.6. Agitación

La agitación estimula el contacto directo de los microorganismos que desarrollan el proceso de DA con el sustrato, previene la separación térmica y la formación de nata dentro del biodigestor [48]. También permite que los sólidos se mantengan suspendidos evitando la formación de sólidos inorgánicos en el fondo que pueden llegar a generar zonas muertas en el reactor (sin poblaciones microbianas) [48]. A menudo se usan agitadores mecánicos para que el contenido del reactor sea homogéneo, lo que facilita y acelera el proceso de DA. Estos sistemas electromecánicos suelen ser uno de los mayores gastos energéticos en la operación del reactor por detrás de los sistemas de calentamiento y bombeo [49].

2.2.2. Biodigestor

Un biodigestor es un reactor hermético en el que ocurre el proceso de DA, el cual genera como productos principales digestato y biogás. Los biodigestores pueden presentar diferentes niveles de complejidad. En Europa, por ejemplo, tienen modernas plantas de biogás que cuentan con sistemas de calefacción que incluyen aislamiento térmico, mezclado mecánico y sistemas de control con monitoreo continuo de varios parámetros [50]. En estas plantas el biogás es utilizado para la producción de energía eléctrica o para la inyección de biogás refinado (biometano) en redes de gas natural (ver figura 2.5.a).

Por su parte los países que están en vía de desarrollo cuentan con plantas a escala familiar mucho más austeras. Estas son usadas en pequeñas actividades agrícolas o del hogar donde el biogás generado es usado principalmente para cocción y/o para iluminación. De esta forma, se establecen niveles operativos muy simples y materiales más baratos que permiten obtener bajos costos de construcción, operación y mantenimiento [43]. Estos biodigestores familiares no necesitan sistemas de control de la temperatura muy robustos, debido a que muchos de estos se encuentran localizados en zonas que tienen una temperatura cálida y estable, permitiendo mantener temperaturas en el rango mesófilo (ver figura 2.5.b) [43].

Figura 2.5. Ejemplos de biodigestores modernos: (a) reactor en una planta de biogás (b) reactor de bajo costo



(a)

(b)

Fuente: (a) <http://www.hidritec.com/hidritec/plantas-de-biogas>
(b) <http://www.aqualimpia.com/proyectos.htm>

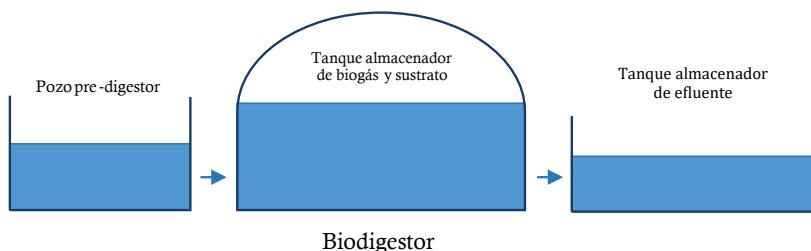
Los biodigestores se pueden clasificar según su TCO —baja o alta velocidad—, tipo de mezclado o proceso de carga (continuo o discontinuo) [22]. Los biodigestores de baja velocidad no cuentan con un sistema de mezclado, ni control de parámetros como la temperatura y el TRS. Por otro lado, los biodigestores de alta velocidad son diseñados para mantener un alto nivel de carga orgánica (TCO entre 5 y 30 $kgDQO / m^3\ dia$ o superiores), pero se hace necesario mantener las condiciones ambientales adecuadas para mejorar el rendimiento del reactor [51]. A continuación, se describen los tipos de biodigestor más comunes que son usados en la actualidad.

2.2.2.1. Biodigestores continuos y semicontinuos

Estos reactores presentan continuamente ingreso y salida de materia orgánica, pero se caracterizan por mantener a lo largo del tiempo la misma cantidad de sustrato en su interior. En estos biodigestores, el volumen del sustrato que ingresa (afluente) es igual a la cantidad de sustrato que sale (efluente), tal y como se puede observar en la figura 2.6 [47]. Algunas de las ventajas en la implementación de este sistema de alimentación es que permite tener una generación elevada y continua de biogás y bioabono [22]. Debido a esto, son utilizados normalmente en grandes industrias que cuentan con una elevada cantidad de residuos que deben o pueden ser tratados de manera anaerobia.

En este tipo de sistemas siempre existe la posibilidad de que se extraiga el sustrato que acaba de ingresar llegando a entorpecer el proceso [47], lo que hace necesario un sistema de alimentación y control que permita mantener niveles adecuados del sustrato al interior del reactor evitando la inhibición del proceso de DA por lavado de biomasa activa [51]. De igual forma, si el pozo de predigestión no se encuentra sellado, los gases generados pueden ser liberados al medio y ocasionar problemas ambientales.

Figura 2.6. Biodigestor con funcionamiento continuo



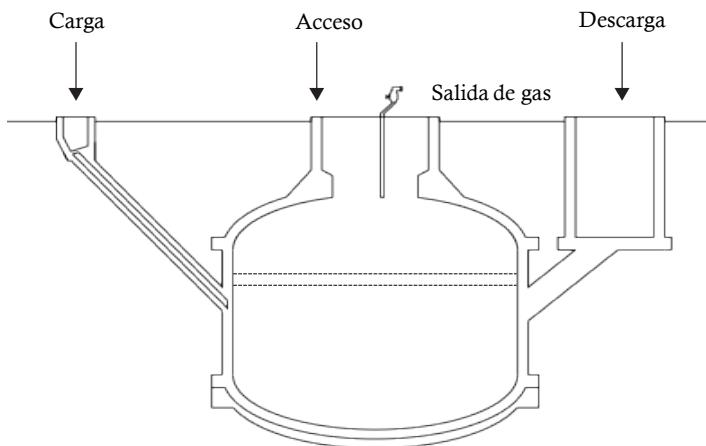
Fuente: adaptado de [47]

Por otro lado, existen los biodigestores semicontinuos en los cuales inicialmente se hace una gran carga de materia orgánica en el biodigestor y luego es recargado dependiendo del TRH, el volumen del reactor y las necesidades del proceso [51]. Dentro de esta categoría se pueden mencionar diferentes tipos de reactores simples como los de campana fija (tipo chino) o reactores más complejos como los de lecho fluidizado [51].

2.2.2.2. Biodigestor tipo chino

Los biodigestores tipo chino son también llamados tipo campana o de techo fijo. Es un tipo de reactor propicio para climas fríos y aplicaciones rurales ya que cuenta con una sola estructura rígida que debe ser construida bajo tierra [22], [43] (ver figura 2.7). Generalmente, se alimenta con aguas residuales domésticas y agrícolas de forma semicontinua, es decir, son alimentados una vez al día, pero con proporciones líquidas similares después de eliminar el sustrato decantado en un tanque de predigestión [43].

Figura 2.7. Biodigestor tipo chino

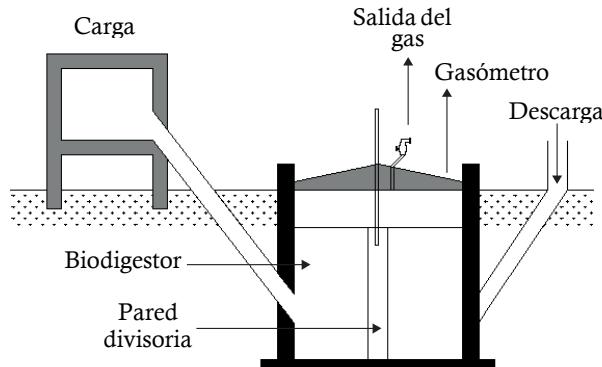


Fuente: adaptado de [51]

De igual forma, este tipo de biodigestores no cuenta con un sistema de agitación, lo que hace necesario la remoción de sedimentación de sólidos suspendidos dos o tres veces por año. Sin embargo, se debe asegurar que dentro del reactor quede aproximadamente un quinto de biomasa activa para que esta sirva luego como inoculo [43]. Adicionalmente, este reactor no cuenta con gasómetro, lo que genera aumento de presión cuando se acumula mucho biogás. Esta condición hace que el sustrato líquido del reactor se vea forzado a salir del mismo, generando variaciones en la presión del biogás, dificultando su uso directo en sistemas de conversión biogás electricidad [51]. El biodigestor tipo chino es muy útil si se quiere obtener bioabono, poco eficiente para producir biogás, ya que una reducción de 50% de materia orgánica necesita un tiempo de retención orgánica largo (30 a 60 días) [51].

2.2.2.3. Biodigestor tipo hindú

Los biodigestores tipo hindú son también llamados de campana flotante o techo móvil. Estos son muy similares al tipo chino en su parte inferior, pero en la parte superior cuenta con una campana flotante, la cual se comporta como depósito de gas móvil y permite que la presión sobre el sustrato sea muy baja y constante [22], [51] (ver figura 2.8).

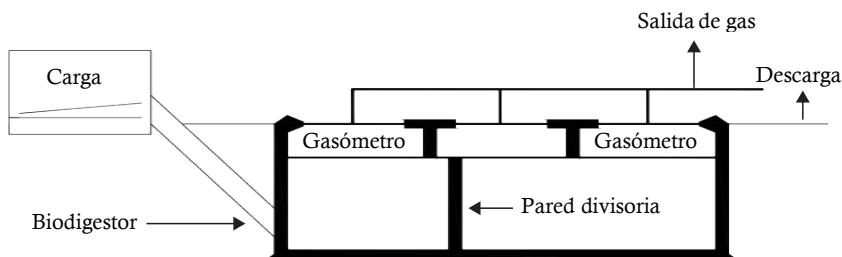
Figura 2.8. Biodigestor tipo hindú

Fuente: adaptado de [51]

Estos biodigestores son cargados por efecto de la gravedad una vez al día. Esta carga provoca movimiento dentro del biodigestor y una salida en igual proporción de efluente [51]. En general, este tipo de biodigestores son verticales y tienen buenas tasas de producción de biogás, ya que si presentan condiciones favorables son capaces de generar entre 50 y 100 % del volumen del reactor [51].

2.2.2.4. Biodigestores horizontales

Al igual que el tipo chino e hindú, el biodigestor horizontal opera en un régimen semicontinuo, pero son enterrados de manera horizontal y a poca profundidad. Para su dimensionamiento se recomienda una relación de largo y ancho entre 5:1 a 8:1, y su sección transversal puede ser circular, cuadrada o triangular (ver figura 2.9) [51]. Estos biodigestores se usan cuando las excavaciones profundas para reactores tipo chino o hindú son difíciles [51].

Figura 2.9. Biodigestores tipo horizontal

Fuente: [51]

2.2.2.5. Biodigestores tipo bolsa

En la década de los ochenta estos biodigestores de estructura flexible fueron construidos con plástico en países como Colombia y Etiopía [52]. Posteriormente, se decidió mejorar el diseño y el plástico fue reemplazado por membranas de polietileno que demostraron ser más resistentes y económicas [53]. Estos biodigestores tienen una estructura alargada al igual que los biodigestores horizontales y son diseñados en general para grandes cantidades de sustrato. Se caracterizan por su bajo costo y por su fácil instalación que reduce los problemas constructivos y la inversión inicial. Estas razones hacen que en países en vías de desarrollo sean preferidos por encima de los tipo chino e hindú [22].

Los biodigestores tipo bolsa son instalados en zanjas o excavaciones y generalmente son resguardados por techos que impiden el ingreso de radiación UV lo que garantiza su vida útil. La misma membrana o bolsa sirve como gasómetro para almacenar el biogás generado, el cual es conducido por tubos de PVC que desembocan en una válvula de seguridad que impide el ingreso del aire [53].

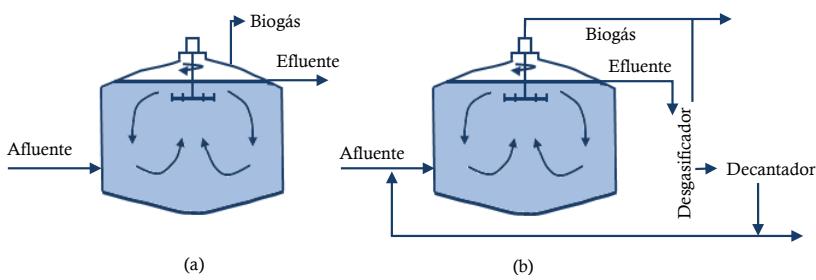
2.2.2.6. Biodigestor de mezcla completa o continuamente agitado (CSTR)

Comúnmente llamado CSTR (*Continuous Stirred Tank Reactor*). Estos biodigestores cuentan con un sistema de agitación que idealmente permite mantener la mezcla dentro del reactor en condiciones homogéneas, es decir que las concentraciones de las sustancias sean de igual valor en todo el volumen del reactor. Esto facilita el modelamiento del reactor y aumenta la producción de metano, por lo cual es uno de los reactores más usados en el mundo para la DA [44], [54].

Un CSTR tiene una fase líquida en el fondo y una fase gaseosa en la parte superior. Además, pueden clasificarse en sistemas con recirculación o no, donde los primeros (figura 2.10.b) cuentan con sistemas de agitación a baja velocidad permitiendo un contacto constante entre el sustrato y los microorganismos. Así mismo, su sistema de recirculación hace que poblaciones microbianas presentes en el efluente entren de nuevo al sistema, haciendo más eficiente el proceso de DA.

Por otro lado, los sistemas sin recirculación (figura 2.10.a) generan regímenes estacionarios en los microorganismos, lo que a su vez hace necesario TRS muy altos que permitan mantener durante el mayor tiempo posible las poblaciones microbianas activas dentro del reactor [51]. Adicionalmente, los biodigestores de tipo chino, hindú y bolsa pueden convertirse en CSTR si se les agrega agitación continua para mejorar la producción de biogás.

Figura 2.10. Biodigestores de mezcla completa (a) sin recirculación, (b) con recirculación



Fuente: adaptado de [51]

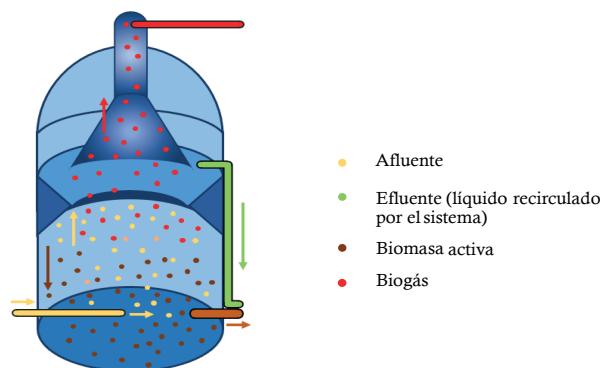
2.2.2.7. Biodigestores de flujo ascendente (UASB)

Los UASB (*Up flow Anaerobic Sludge Blanket*) son reactores continuos utilizados en su mayoría en plantas de tratamiento de aguas residuales [21]. Este tipo de reactores están compuestos principalmente por un cilindro vertical y un precipitador ubicado en la parte superior del reactor que se usa para分离 el líquido dentro del reactor, los sólidos (lodos) y el biogás (ver figura 2.11) [50]. El afluente ingresa por la parte inferior del reactor y circula de forma ascendente con la ayuda de un sistema de bombeo exterior, esto hace que el líquido afluente tenga contacto continuo y directo con las poblaciones microbianas que se encuentran sedimentadas en la parte inferior del reactor. Estas poblaciones microbianas son llamadas biomasa activa y son las encargadas de realizar el proceso de DA [50].

Los reactores UASB son usados para afluentes con alta concentración de sólidos y carga orgánica debido a su alta velocidad de sedimentación [51]. Además, la DA es más completa en estos reactores ya que su tiempo de retención de sólidos es mayor al tiempo de retención hidráulica (TRH), dando

más tiempo a los microorganismos de descomponer la materia orgánica. En algunos casos el líquido dentro del reactor es recirculado por el sistema para aumentar la eficiencia global del proceso de DA [50]. Estas características hacen posible implementar estrategias de control y optimizar la cantidad de biogás producido.

Figura 2.11. Reactor UASB

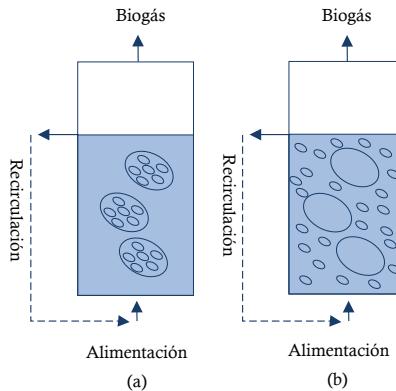


Fuente: adaptado de [50]

2.2.2.8. Biodigestor o reactor de lecho expandido (RLE) y fluidizado (RLF)

Este tipo de sistemas también son llamados de cultivo adherido ya que cuentan con un sistema interno de pequeño tamaño que sirve como soporte de un cultivo de microorganismos (biomasa activa) en el interior del reactor [38]. Por su parte, los RLE cuentan con dispositivos que pueden ser de arena, carbón activado granular y medios plásticos sintéticos, los cuales presentan una concentración elevada de biomasa. La expansión del lecho se da gracias al flujo generado por la recirculación del sistema, como se muestra en la figura 2.12.a, en donde se mantiene la velocidad ascendente hasta permitir una expansión del lecho entre un 15 y 30% [51].

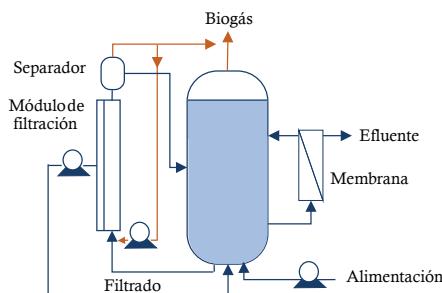
Por otro lado, en la figura 2.12.b se muestra biodigestor RLF o de película fija, en donde la biomasa activa suspendida puede ser retirada de los reactores debido a altas velocidades del lecho ascendente. En este caso, se debe tener cuidado de no extraer demasiada biomasa activa que cause un déficit de microorganismos [51].

Figura 2.12. Biodigestores de cultivo adherido: (a) lecho expandido y (b) lecho fluidizado

Fuente: adaptado de [51]

2.2.2.9. Biodigestor de membrana anaerobia (BMA)

Estos biodigestores son sistemas que cuentan con una membrana dentro o fuera del reactor, como se muestra en la figura 2.13. Esta membrana separa y retiene la biomasa de sustrato permitiendo una operación del sistema con un largo TRS, con un TRH muy corto, haciendo el sistema más eficiente y estable.

Figura 2.13. Biodigestor de membrana anaerobia

Fuente: adaptado de [51]

2.2.2.10. Biodigestores discontinuos o de régimen estacionario

En los biodigestores de régimen estacionario (también llamados tipo Batch) se realiza una sola carga de materia orgánica. Luego de un tiempo determinado, cuando el volumen de biomasa ha disminuido y la producción de biogás ha cesado, el reactor es vaciado para iniciar nuevamente con el ciclo de operación

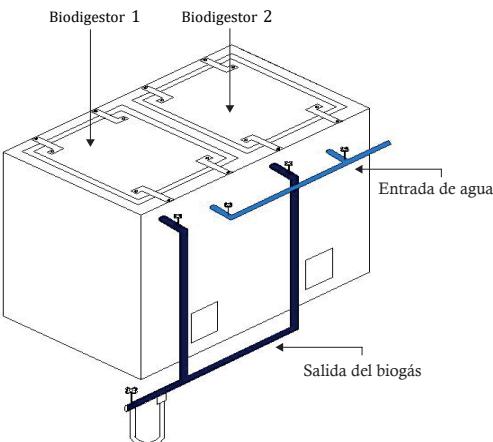
[51], [55]. Una de sus condiciones operativas es que debe existir un lugar de almacenamiento para el sustrato de entrada y otro lugar de mayor capacidad para la reserva de gas [55].

Los ciclos de operación en biodigestores tipo Batch se dividen en cuatro etapas principales [51]:

- Alimentación: ingreso de afluente (mezcla de agua y materia orgánica).
- Reacción: se da el proceso de DA.
- Sedimentación: la biomasa se decanta y es separada del efluente.
- Descarga: el efluente es retirado del reactor.

Generalmente, para aumentar la funcionalidad en un sistema de producción de biogás con biodigestores tipo Batch se recomienda instalar más de uno para tenerlos en diferentes etapas de su ciclo de operación, lo que permite mantener casi constante la producción global de biogás a lo largo del tiempo (ver figura 2.14) [51]. Los biodigestores CSTR, tipo chino, hindú y bolsa también pueden trabajar en modo Batch.

Figura 2.14. Biodigestores tipo Batch



Fuente: adaptado de [51]

2.2.2.11. Sistemas compuestos

Se han realizado diseños híbridos de biodigestores que combinan los conceptos de los reactores anteriormente descritos. Las configuraciones simples

de un solo reactor son llamadas de una etapa y agrupan las anteriormente explicadas. Existen configuraciones que incluyen ciclos de retroalimentación y recirculación que son conocidas como sistemas de dos o más etapas [22].

Estos sistemas cuentan con un reactor principal en el cual ocurre la fase de hidrólisis de la DA y donde se tiene un tiempo de retención elevado. Además, cuenta con un reactor secundario con un tiempo de retención bajo, en el cual se descompone la materia orgánica y los ácidos producidos por el primer reactor. El efluente o líquido ya tratado es recirculado al primer reactor para generar estabilidad en la producción de biogás [22], [51].

Por otro lado, los sistemas de DA constituidos por dos reactores en serie donde el primer reactor se encarga de la fase acidogénica y el segundo de la metanogénica, se denomina sistemas de dos fases. El objetivo principal en la aplicación de este tipo de sistemas es disminuir el TRS global del sistema, haciéndolo más eficiente [22]. Siendo el TRS menor el primer reactor, ya que los microorganismos encargados del proceso de acidogénesis tienen una tasa de crecimiento mayor a los microorganismos de la fase metanogénica [51].

2.3. Beneficios y limitantes del proceso de DA

Los microorganismos que desarrollan el proceso de DA son altamente sensibles por lo que cualquier variación en las condiciones del reactor que los contiene o el residuo que los alimenta podría llegar a inhibir o dañar el proceso de DA [15], [20], [24]. Esto obliga a tener un adecuado control sobre múltiples factores del proceso como la temperatura, el pH, la relación carbono nitrógeno (C/N), la velocidad de carga de carga orgánica, los compuestos tóxicos y el tiempo de retención hidráulica y de sólidos [24], [56].

Para aumentar la velocidad del proceso y reducir el tiempo de arranque una de las principales estrategias es el disminuir el tamaño de la biomasa mediante pretratamientos como la maceración, los ultrasonidos y la combinación de altas presiones y temperaturas [22]. El principal problema con no realizar un pre-tratamiento a la biomasa es el alto contenido de sólidos volátiles que ingresa al reactor, lo que es convertido por la DA en una alta concentración de ácidos grasos volátiles que disminuyen el valor del pH [57]. A continuación, se presenta una revisión más detallada de los factores que afectan el proceso de la DA.

2.3.1. Temperatura

La temperatura tiene un alto impacto tanto en los aspectos fisicoquímicos como biológicos del proceso de DA, entre los cuales se encuentran el aumento de la velocidad de las reacciones bioquímicas y la inhibición o daño irreversible de los microorganismos por fluctuación repentinas en la temperatura [47]. Teniendo en cuenta que cada grupo de microorganismos tiene una temperatura optima diferente, se han establecido temperaturas de operación que ayudan al buen funcionamiento de los reactores anaerobios, dividiéndola en tres rangos, como se observa en la tabla 2.2 [21].

Tabla 2.2. Rangos de temperatura en el proceso de DA

Etapa térmica	Rango de temperatura
Psicrofilico	10 a 30 °C
Mesofilico	De 30 a 40°C
Termofilico	De 40 a 70°C

Fuente: tomado de [21]

Muchas plantas de tratamiento anaerobio modernas funcionan bajo un rango de temperatura mesófila o termófila [43]. Esto se debe a que para temperaturas inferiores a 30°C se obtienen menores eficiencias en el proceso de DA. Así mismo, no se recomiendan los cambios abruptos en la temperatura ya que causan una disminución en el rendimiento del biodigestor, siendo aconsejable mantener los cambios por debajo de los 2°C/día [21].

Aunque el aumento de la temperatura reduce el tiempo de retención y facilita la degradación [43], este implica un control más robusto, un mayor gasto de energía, un aumento en las concentraciones de ácidos orgánicos (lo que disminuye el valor del pH) [21] y hace al proceso más vulnerable ante agentes inhibidores como el amoniaco [22]. Igualmente, la viscosidad del sustrato es inversamente proporcional a las variaciones de temperatura, ya que con bajas temperaturas el sustrato se hace más denso, por lo que se necesitan sistemas de bombeo y mezcla más robustos y costosos [21], [43]. Por otro lado, el aumento de temperatura puede reducir el rendimiento microbiano y aumentar el contenido de vapor de agua en la fase gaseosa, lo que disminuye la calidad del biogás y la solubilidad de este [21].

2.3.2. Relación carbono nitrógeno (C/N)

El carbono y el nitrógeno son nutrientes esenciales para el metabolismo de las bacterias que interactúan en la DA. En este sentido, se debe mantener una relación (C/N) óptima entre 20 y 30, ya que el consumo de carbono es 30 veces mayor al del nitrógeno [42]. Cuando la relación C/N es alta, la producción de biogás puede reducirse debido a un alto consumo de nitrógeno por bacterias metanógenas, cuando es baja puede generarse acumulación de amonio y aumento en el pH llegando a valores superiores a 8,5, lo que causa inhibición en el proceso (ver siguiente subsección). La relación C/N de algunos residuos se puede observar en la tabla 2.3.

Tabla 2.3. Relación C/N típica de algunos residuos

Tipo de residuos	Relación C/N	% de N
Estiércol de vaca, oveja, búfalo, cerdo y caballo	15 – 40	1,4 – 3,8
Gallinaza	5,2	6,3
Estiércol humano	6 – 10	6
Restos de pescado	5,1	6,5
Residuos de mataderos	2 – 4	7 – 14
Aserrín	200 – 511	0,1 – 0,25
Bagazo, paja de trigo y arroz	120 – 150	0,3 – 0,5
Tallos de maíz	60	0,8
Residas vegetales de cocina	16	3,3

Fuente: tomado de [19]

La mejor forma para controlar la relación C/N es tener un sistema de codigestión (digestión simultánea de dos o más residuos) en donde se ingresen residuos que compensen esta relación [42], [58]. No obstante, en muchas ocasiones las plantas de biogás utilizan residuos con una relación C/N nitrógeno diferente a la óptima [24].

2.3.3. Inhibición y toxicidad

Dentro de las restricciones de los procesos biológicos se encuentra el deterioro de la función bacteriana llamada comúnmente inhibición (puede ser reversible o irreversible) y la toxicidad, efecto negativo irreversible ejercido por algunas sustancias sobre el metabolismo de las bacterias [21], [59]. En consecuencia, cuando se diseña una planta de biogás es necesario tener en

cuenta que si algunos productos formados en el proceso de DA alcanzan altas concentraciones pueden llegar a ser inhibitorios e incluso tóxicos [50].

La inhibición en el proceso de DA, depende de la concentración de los inhibidores, de la composición del sustrato, de la adaptación de los diferentes microorganismos y del tipo de ecosistema en el que se encuentren [50]. De igual forma, la inhibición depende muchas veces del tipo de biodigestor que sea utilizado, por ejemplo, en biodigestores discontinuos donde solo existe una carga de materia orgánica; se deben evitar tiempos de exposición muy largos y sobrecargar el reactor, ya que puede causar daños irreversibles al proceso [50].

Algunas sustancias tóxicas (detergentes, desinfectantes, aldehídos, nitro-compuestos, cianuro, antibióticos y electrófilos) pueden llegar a generar una disminución en la producción de biogás, una mala remoción del material orgánico y una afectación global del proceso por la muerte de los microorganismos. Las sustancias tóxicas pueden provenir del material orgánico que será degradado (afluente) o generadas por el metabolismo de los microorganismos [38].

2.3.3.1. Inhibición por pH

El estado de acidez o alcalinidad de cualquier solución está expresada en una escala de pH entre 0 y 14, siendo 7 el valor neutro; las soluciones con valores inferiores a este se definen como ácidas y las superiores alcalinas o básicas. El pH es una función logarítmica, es decir, un cambio en una unidad en su escala representa un cambio de diez veces en la concentración de iones de hidronio [*mol / L*] [41].

La DA es un proceso muy sensible a ambientes muy alcalinos o ácidos. Se ha establecido como rango óptimo de operación un pH entre 6,8 y 7,4 por fuera de este rango se presenta una alta mortandad de microorganismos y un desequilibrio en todo el proceso [45], [58]. Normalmente cuando el proceso supera este umbral, es tarde para tomar medidas correctivas, pero si se detecta a tiempo la caída del pH puede ser controlada con la adición de químicos como carbonato de sodio, bicarbonato de sodio, amonio, potasio e hidróxido de sodio [42].

Se debe tener en cuenta que cada tipo de microorganismo del proceso de DA tiene un pH determinado óptimo para su buen funcionamiento. En la tabla 2.4 se puede observar el pH óptimo y viable del proceso dividido por etapas. La

mayoría de los biodigestores que operan con aguas residuales y altas cargas de hidratos de carbono requieren un dosificador para mantener el pH entre los límites recomendados, generando mayores costos de inversión y operación en las plantas de DA [21]. Además, cuando los residuos se encuentran con bajas concentraciones de ácidos o bases, el pH se ve afectado ya que los microorganismos metanógenos se inhiben, lo que a su vez genera una acumulación de ácido acético, provocando una disminución aún mayor del pH [21].

Tabla 2.4. pH óptimo y factible para cada etapa de la DA

Etapa de DA	pH óptimo	pH factible ^a
Hidrólisis	6	5
Acidogénesis	5,5 – 8	4
Acetogénesis	6,5 – 8	5
Metanogénesis	7 – 8	6

Nota: ^a desde qué valor de pH es posible que los microorganismos desarrollen cada etapa.

Fuente: adaptado de [21]

2.3.3.2. Inhibición por amoniaco

Uno de los compuestos inhibitorios generados en el proceso de DA es el amoniaco [NH_3], que proviene principalmente de las proteínas [43]. Generalmente, un sustrato como el estiércol animal es inhibitorio debido a la alta concentración de amoniaco originada por la orina. Para evitar que la concentración de amoniaco sea tóxica y deteriore el proceso de DA es necesario mantener su valor por debajo de $80\ mg/l$.

La temperatura de operación es un factor que afecta globalmente el proceso de DA, ya que la concentración de amoniaco libre es directamente proporcional a la temperatura, haciendo más riesgosa la inhibición en sistemas termofílicos que en mesofílicos [43]. En un sistema termofílico la solución a la inhibición por amoniaco libre es disminuir la temperatura —si se hace drásticamente, a $50\ ^\circ C$ o menos, la tasa de crecimiento de los microorganismos reduce a su vez, disminuyendo significativamente la productividad del sistema de DA [43]—.

2.3.3.3. Inhibición por ácidos grasos volátiles (AGV)

Los AGV son compuestos intermedios del proceso de DA: acetato, propionato, butirato y lactato. Estos ácidos pueden llegar a acumularse causando

inestabilidad en el proceso de DA al disminuir el pH, aunque existen algunas sustancias que pueden funcionar como amortiguadores del proceso [43]. Por ejemplo, un biodigestor que funciona a partir de estiércol animal presenta un exceso de alcalinidad; se incrementan los AGV a niveles inhibitorios, sin embargo, no se detectan cambios en el pH por estas sustancias amortiguadoras [43]. Los AGV son componentes que dependen totalmente del tipo de sustrato que será ingresado al sistema de DA. Esto puede deberse a que cada biodigestor tiene poblaciones microbianas diferentes, demandando una caracterización propia en cada sistema de DA [43].

2.4. Usos y manejo del biogás como combustible

2.4.1. Obtención de biogás

Como se explicó anteriormente, el biogás es un biocombustible generado por la DA de materia orgánica. Su poder calorífico depende del contenido de CH₄; cuando la composición del biogás es de 60% CH₄ y 40% CO₂, su poder calorífico es aproximadamente 17,8 MJ/kg [60]. Según estimaciones experimentales, 1 m³ de biogás equivale a 0,5 – 0,6 litros de diésel, que son aproximadamente 6 kWh o 0,6 m³ de gas natural [22], [61]. Como se observa en la tabla 2.5, la composición del biogás producido depende en gran medida del sustrato que se elija.

Tabla 2.5. Estimación de la composición del biogás para dos tipos de sustratos

Componentes	Aguas residuales (%)	Biomasa residual agrícola (%)
Metano (CH ₄)	65 – 75	45 – 5
Dióxido de carbono (CO ₂)	20 – 35	25 – 55
Monóxido de carbono (CO)	<0,2	<0,2
Nitrógeno (N ₂)	3,4	0,01 – 5
Oxígeno (O ₂)	0,5	0,01 – 2
Gas de hidrógeno (H ₂)	Trazas	0,5
Ácido sulfídrico (H ₂ S)	Trazas	Trazas

Fuente: adaptado de [50].

2.4.1.1. Poder calorífico del biogás

El poder calorífico de un combustible se define como la cantidad de calor que se desprende por combustión completa de una unidad de volumen. Este poder calorífico depende de la fase en la que se encuentre el agua en los productos de la reacción de combustión. Si el agua está en fase líquida se llama poder calorífico superior (PCS) y si el agua está en fase gaseosa se llama poder calorífico inferior (PCI). Es decir, el PCI es el calor liberado por la combustión una vez se ha descontado el calor necesario para evaporar el agua. Por esta razón, en los estudios termodinámicos se suele usar este valor en los procesos de combustión [62]. El PCI del biogás depende de las concentraciones de CH₄ y la densidad de este —tabla 2.6—, ya que este es el único componente que aporta energía en la combustión.

Tabla 2.6. PCI del biogás para diferentes concentraciones de CH₄

Diferentes composiciones	Densidad a 15,6 °C (kg/m ³)	PCI [kJ/kg]
100 % CH ₄ ^a		50014 ^a
90 % CH ₄ y 10 % CO ₂	0,8	38258,81
70 % CH ₄ y 30 % CO ₂	1,037	22927,41
50 % CH ₄ y 50 % CO ₂	1,275	13319,73

Nota: ^a dato tomado de [63].

Fuente: adaptado de [60], [63]

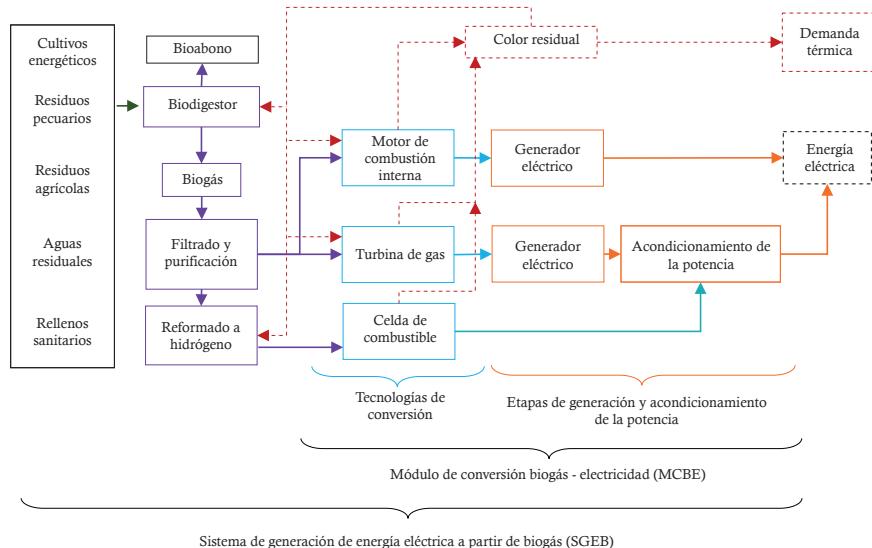
2.4.1.2. Aplicaciones del biogás

El potencial calorífico del biogás lo convierte en un biocombustible que puede sustituir parcialmente los combustibles fósiles y ser aprovechado en la generación de energía térmica en calderas, estufas e incubadoras. Este combustible también ha sido usado en vehículos y es buena materia prima para elaborar productos químicos [64]. Además, si se aumenta la concentración de metano en el biogás se puede igualar el potencial energético del gas natural. Este nuevo gas con muy bajo contenido de CO₂ es llamado biometano y puede ser comprimido e inyectado a las redes de distribución de gas natural [65].

En la actualidad, la principal forma de aprovechar la energía de este biocombustible es la generación de electricidad [66]. Esta aplicación presenta

amplias expectativas de crecimiento en el mundo y puede realizarse mediante módulos de conversión basados en tecnologías como el motor de combustión interna (MCI), turbinas de gas (TG) y celdas de combustible (CC) [47], [67]. Además, la conversión de biogás en electricidad implica la generación de calor residual que es normalmente aprovechado en plantas de cogeneración (CHP), donde se obtienen eficiencias globales —térmica + eléctrica— más altas. Los sistemas de cogeneración modernos alcanzan eficiencias globales de 85 % a 90 % [50]. En la figura 2.15 se pueden observar diferentes caminos para transformar el biogás en electricidad.

Figura 2.15. Procesos de conversión de biogás a electricidad



Fuente: elaboración propia

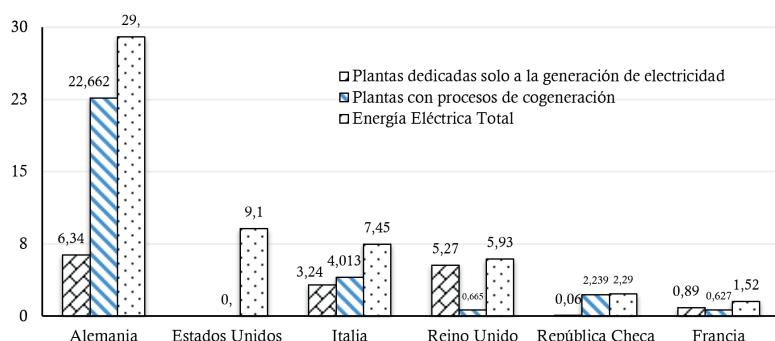
Note que la definición de un SGEB engloba todo el proceso desde la recolección del residuo, incluyendo la DA, la producción de biogás, los procesos de purificación y filtrado, hasta el módulo de conversión biogás electricidad (MCBE). Este último módulo a su vez está compuesto por las tecnologías de conversión y una etapa de generación y acondicionamiento de la potencia que normaliza la frecuencia de trabajo al valor de la red.

La configuración típica para el MCBE es la de un MCI que usa el biogás como combustible sustituto o complementario acoplado directamente, o por

medio de bandas, a un generador eléctrico para producción de electricidad [68], [69]. Los MCI que funcionan con biogás están disponibles comercialmente en países como Alemania, China y Estados Unidos. Por su parte, tecnologías más modernas como las CC y las microturbinas de gas están limitadas a pequeñas potencias y ubicaciones experimentales debido a que requieren una mayor inversión inicial, pero se espera que a largo plazo se conviertan en las tecnologías dominantes [70].

Por otro lado, se estima que en 2012 la producción mundial de electricidad usando biogás como combustible estuvo entre 47 y 95 TWh de electricidad [71]. En la figura 2.16 se presentan los principales productores de electricidad usando biogás con plantas que están dedicadas exclusivamente a la generación de energía eléctrica y las que hacen parte de plantas de cogeneración. En esta figura se observa que Europa es la región del mundo donde más se ha avanzado en el tema, allí sobresale Alemania con un mercado consolidado y una producción de 29 TWh de electricidad [66]. Sin embargo, en los últimos años países como China han modernizado sus plantas de producción de biogás y han orientado su comercialización a proyectos de gran escala donde la producción de electricidad ha demostrado mejorar la sostenibilidad de las plantas [67]; lamentablemente no se tiene un dato consolidado de la producción total de este país, por lo que no fue incluido en la figura 2.16.

Figura 2.16. Principales productores de electricidad a partir de biogás en 2013



Nota: para Estados Unidos solo se incluyó la producción total de electricidad.

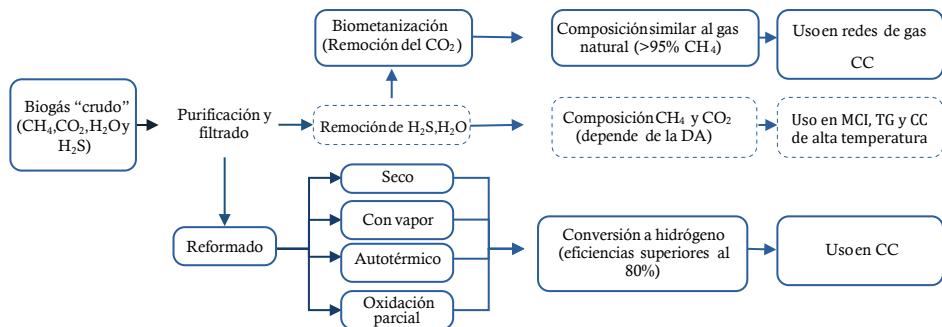
Fuente: datos tomados de [66], [71]

En contraste la producción de energía usando biogás en Colombia es mínima comparada con los países de la figura 2.16. No se cuenta, incluso, con datos consolidados de la producción de energía eléctrica a partir de biogás. Sin embargo, existen varias industrias como la palma de cera y las plantas de tratamiento de aguas residuales que han incursionado en la aplicación de esta fuente de energía.

2.4.1.3. Pretratamiento del biogás

Antes de usar el biogás es necesario someterlo a una etapa de purificación y filtrado (desulfuración y secado) para eliminar algunos contaminantes como el vapor de agua y el ácido sulfídrico que disminuyen su poder calorífico y pueden causar corrosión en las tecnologías de conversión biogás electricidad [72]. Si la aplicación requiere que el biogás sea muy puro (contenido de CH₄ por encima de 90 %), este puede someterse a procesos complementarios como la biometanización o el reformado a hidrógeno (ver figura 2.17). Sin embargo, estas etapas extra de purificación necesitan equipos e infraestructura adicional que aumentan el costo en la producción del biogás [73].

Figura 2.17. Pretratamientos del biogás



Fuente: elaboración propia

2.4.2. Métodos de filtrado y purificación para el biogás

El biogás que sale directamente del digestor es llamado biogás crudo. Antes de usarlo en tecnologías de conversión a electricidad es necesario remover sus impurezas ya que del grado de purificación depende directamente su uso final. Adicionalmente, para algunas aplicaciones como la inyección a redes de

gas natural o como combustible para vehículos es importante potencializar y estandarizar su poder calorífico. Esto se realiza mediante un proceso enriquecimiento de metano (CH_4) que remueve el (CO_2) llamado biometanización [64].

En tecnologías de conversión como el MCI y la TG es posible usar el biogás luego de remover el H_2S y los siloxanos (comúnmente llamado biogás purificado), pero se recomienda convertir el biogás en biometano para aumentar su densidad energética [60], [74]. En contraste, si la aplicación incluye CC de baja temperatura es indispensable realizar un proceso externo de reformado a hidrógeno. En el caso de que sean CC de alta temperatura se puede realizar un reformado interno, por lo que se puede alimentar la celda con biogás purificado [50]. Existen varios métodos disponibles comercialmente; los más importantes son:

2.4.2.1. Purificación del biogás

El H_2S es tóxico; cuando se combina con el vapor de agua es altamente corrosivo para las partes metálicas de las tecnologías de conversión por lo que es muy importante eliminar este compuesto. Para no afectar negativamente la vida útil de los MCI y las TG se deben revisar los límites permisibles dados por los fabricantes para las impurezas del biogás —como punto de comparación en [50] se recomienda que el H_2S no exceda los 100mg/Nm³ o el 0,05 % en volumen—.

Entre los métodos de desulfuración se encuentran el biológico y el químico que a menudo se combinan para lograr una mayor remoción del H_2S [40]. La desulfuración biológica se puede desarrollar en el interior del reactor ingresando una leve cantidad de oxígeno, lo que activa una bacteria (*Sulfobacter oxydans*) que convierte el H_2S en sulfuro elemental, el cual es descargado en el digestato. Sin embargo, este método es riesgoso ya que se puede inhibir la fase metanogénica de la DA [40].

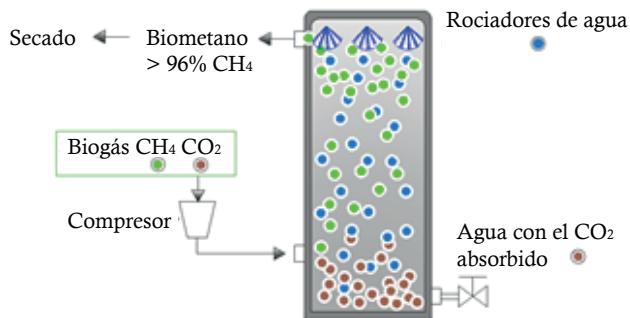
La desulfuración también puede ser externa si se usa un filtrado por goteo (*trickling filter*). En este procedimiento el biogás se mezcla con aire (8-12%) y luego se introduce por la parte inferior a un recipiente externo donde circulan nutrientes diluidos en agua. Los microorganismos que consumen sulfuro y viven en los nutrientes circulados fijan el H_2S dentro del recipiente. No obstante, esto no es conveniente si se desea obtener biometano ya que inyecta mucho oxígeno al gas que luego debe ser removido [50].

Por su parte, la desulfuración química puede darse por precipitación de sulfuro que consiste en agregar en otro reactor sales de hierro al biogás para que se forme sulfuro de hierro (FeS), lo que disminuye la concentración de H_2S . La limitante de este método suele ser el costo de las sales de hierro [50].

2.4.2.2. Biometanización (remoción de CO_2)

Debido a que el CO_2 es más soluble en agua que el CH_4 se puede usar un depurado con agua (*Water scrubbing*) para remover el CO_2 . Este método de absorción es el más usado en plantas europeas para procesar el biogás; consiste en comprimir el biogás y llevarlo a una columna donde es rociado con gran cantidad de agua a alta presión (ver figura 2.18) [40]. El agua absorbe el CO_2 y cae al fondo de la columna, mientras el CH_4 sube hasta la salida donde posteriormente debe ser secado. También se pueden usar otros solventes orgánicos en vez de agua para optimizar el tamaño de la planta [64]. El H_2S puede ser removido con este método, sin embargo, se aconseja removerlo antes de entrar a la columna ya que al mezclarlo con agua aumenta su poder corrosivo y se vuelve un residuo difícil de tratar [73].

Figura 2.18. Depurador de agua para la remoción de CO_2 del biogás



Fuente: elaboración propia

2.4.2.3. Adsorción por variación de presión

Este método de adsorción utiliza carbono activado y tamices moleculares para la separación física de los gases a alta presión. La PSA (*Pressure Swing Adsorption*) funciona debido a que el CH_4 es más grande que las otras moléculas del biogás, por lo que son retenidas en las cavidades del carbón activado, mientras el CO_2 pasa libremente a través de la estructura. Para regenerar el

material basta con reducir la presión para que el CH₄ se libere del carbón activado (desorción) y aplicar un vacío ligero para vaciar el recipiente. Estas variaciones de presión le dan su nombre al método, el cual se aplica frecuentemente en plantas de biogás con varios adsorbedores en paralelo, donde se alcanza a obtener un biometano con un 97% de CH₄ en volumen [40].

Este método también puede usarse para remover H₂S agregando catalizadores como el yoduro de potasio o el permanganato de potasio. Por otro lado, el uso de carbón activado de alta calidad sin impregnar permite remover los siloxanos (compuestos de silicona, óxidos y alcanos) que al ser quemados dentro de las tecnologías de conversión se adhieren a la maquinaria y crean depósitos de silicatos que afectan el rendimiento de los equipos.

2.4.2.4. Separación por membrana

Este método de baja presión tiene varias ventajas como su sencillez, bajo costo y eficiencia energética. En este caso el CO₂ pasa a través de la membrana, mientras que el CH₄ queda retenido en el lado de la entrada. Dado que algunas moléculas de CH₄ también pueden pasar a través de la membrana se obtienen pérdidas de CH₄ [73]. La pureza del gas puede seleccionarse ajustando el tipo de membrana, su número y superficie total. Sin embargo este proceso conlleva pérdidas considerables de CH₄ en la corriente de permeado [64].

2.4.2.5. Separación criogénica

Dado que el CH₄ tiene un punto de ebullición de 160°C y el CO₂ de 78°C, el CO₂ puede ser separado como un líquido si se disminuye la temperatura a presiones elevadas. Este método logra alta pureza en el biometano, sin embargo, debido a su gran consumo de energía todavía es muy costoso para un desarrollo industrial a gran escala [73].

2.4.2.6. Secado

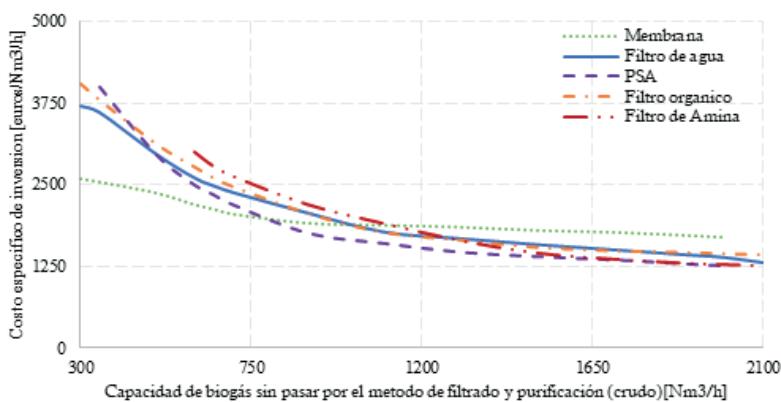
Debido al contenido de vapor de agua en el biogás es necesario desarrollar procesos de secado que permitan utilizar el biogás en diferentes procesos de conversión. Son métodos de secado del biogás: por condensación, adsorción y absorción [40]. El más común es el secado por condensación que ocurre cuando se enfriá el biogás usando aire o agua hasta llevarlo por debajo de su punto de rocío para que se condense (trampa de agua).

2.4.2.7. Métodos de filtrado artesanales

Los métodos anteriores suelen usarse solamente en grandes plantas productoras de biogás debido a su alto costo de inversión (ver figura 2.19). Por esta razón, las pequeñas plantas (comúnmente unifamiliares) recurren a métodos de filtrado más rudimentarios y baratos tales como [34], [72]:

- **Filtros de óxido de hierro (FeO_2):** este tipo de sistema de limpieza parte de una adsorción química hecha por una esponja de hierro que remueve el gas sulfídrico del biogás. La adsorción se da mediante la reacción del ácido sulfídrico (H_2S) con el óxido férrico donde se forma sulfuro férrico y agua. Este método no es costoso y tiene resultados aceptados internacionalmente.
- **Trampas de agua:** en este método se condensa el vapor de agua presente en el biogás en estructuras tipo T, lo que adicionalmente permite absorber grandes cantidades de ácido sulfídrico (hasta 40%); esta agua condensada debe ser retirada periódicamente.
- **Burbujeo alcalino:** esta técnica es un poco más sofisticada ya que utiliza sustancias alcalinas como el hidróxido de sodio, de calcio o de potasio para producir reacciones químicas que permitan remover el CO_2 y el H_2S del biogás.

Figura 2.19. Costo específico de algunos métodos de purificación y filtrado del biogás a 2014



Fuente: adaptado de [64], [75]

2.4.3. Métodos de reformado para el biogás

Como se mencionó en la sección 2.4.1, las CC de baja temperatura necesitan hidrógeno de alta pureza para funcionar; si se quieren usar para generar electricidad primero se debe convertir el CH_4 en H_2 mediante procesos termoquímicos de reformado (ver tabla 2.7). Todos los métodos de reformado tienen un procedimiento similar: el biogás purificado se calienta a altas temperaturas ($>750^\circ\text{C}$) y dependiendo del proceso se mezcla con oxígeno o vapor de agua dentro de un contenedor con catalizadores (generalmente aleaciones de metales) originando la reacción mostrada en tabla 2.7. Este gas es conocido como gas de síntesis y es una mezcla, principalmente, de H_2 y monóxido de carbono (CO). Posteriormente, el CO producido en la etapa anterior se convierte en hidrógeno a través de la reacción de desplazamiento por agua (*water shift reaction*) con la ayuda de otro catalizador [76]. Esta última reacción transforma el CO y el H_2O en H_2 y CO_2 , el cual debe ser retirado antes de entrar en las CC de baja temperatura.

Por otro lado, las CC de alta temperatura (SOFC y MCFC) pueden realizar un reformado interno lo que elimina la necesidad de usar un procesador de combustible externo donde se realice el reformado a hidrógeno. En este caso ocurre un reformado con vapor donde se le agrega agua al biogás de entrada y gracias a la reacción exotérmica de la celda se libera calor que es usado en la reacción endotérmica del reformado, de esta manera no es necesario incluir intercambiadores de calor. Este enfoque es una alternativa eficiente, simple y rentable para el uso de CC (a gran escala), donde procesos de purificación y reformado son alimentados con la energía liberada por la reacción en la celda [77].

Como se observa en la tabla 2.7 cada método de reformado presenta sus propios beneficios y desafíos; se espera que con la mejora de catalizadores y optimización de procesos el costo de producción de hidrógeno disminuya. Por el momento las celdas de alta temperatura (en especial las SOFC por su resistencia a los contaminantes) son la opción más prometedora para la generación de energía eléctrica usando celdas de combustible alimentadas con biogás [78].

Tabla 2.7. Métodos de reformado

Método de reformado	Reacción	$\eta^a[\%]$	Ventajas / Desventajas
En seco	$\text{CH}_4 + \text{CO}_2 \rightarrow 2\text{CO} + 2\text{H}_2$ $\Delta H^b = 247 \text{ kJ/mol}$		Puede usar biogás purificado, pero tiende a formar depósito de carbón que bloquea las tuberías y desactiva los catalizadores. El tamaño del reformador es muy grande por lo que se tiene una experiencia comercial limitada.
Con vapor	$\text{CH}_4 + \text{H}_2\text{O} \rightarrow \text{CO} + 3\text{H}_2$ $\Delta H = 206,2 \text{ kJ/mol}$	94,99	Es el método más usado en plantas de biogás ya que se obtienen más moles de H_2 por mol de CH_4 . Produce H_2 de alta pureza, pero es necesario someter el biogás a un proceso previo de biometanización.
Por oxidación parcial	$\text{CH}_4 + \frac{1}{2}\text{O}_2 \rightarrow \text{CO} + 2\text{H}_2$ $\Delta H = 36,2 \text{ kJ/mol}$	96,75	Esta reacción es exotérmica por lo que no necesita adición de calor. Suele usarse para hidrocarburos pesados pero la formación de hollín aumenta la complejidad del proceso.
Auto térmico	$\text{CH}_4 + (x/2)\text{O}_2 + y\text{CO}_2 + (1-x-y)\text{H}_2\text{O} \rightarrow (y+1)\text{CO} + (3-x-y)\text{H}_2$	95,39	Es una combinación de reformado con vapor y de oxidación parcial. Gracias a la reacción exotérmica que se da en la oxidación parcial, el calor liberado puede ser usado para suplir la energía requerida por el reformado con vapor. Puede usar biogás purificado, pero requiere varios catalizadores y un complejo proceso de control.

Nota: ^a Eficiencia de conversión de CH_4 a 800 °C [79], ^b hace referencia al calor liberado o absorbido por la reacción química.

Fuente: adaptado de [78], [80]

3. Modelos matemáticos de la digestión anaerobia

Obtener resultados adecuados al implementar un proceso de digestión anaerobia depende en buena medida de los modelos elegidos. Por esta razón, este capítulo presenta una descripción teórica de los más utilizados en estudios de producción de biogás. Inicia con una exposición de modelos lineales básicos y en la parte final presenta el modelo ADM1 —más complejo que los lineales—, además proporciona buenos resultados en función de un conocimiento más detallado del insumo principal del biodigestor, la biomasa residual.

3.1. Modelos lineales

En la literatura existe un grupo de modelos que representa de manera específica el proceso de DA para diferentes aplicaciones [81]. Este es el caso de los modelos que incluyen ecuaciones simples de primer orden que permiten realizar una estimación rápida de la producción de biogás de algunos sustratos [81]. No obstante, aunque su simplicidad es mayor y los tiempos de cómputo son cortos, no permiten estimar el estado de algunas variables que deben ser monitoreadas, como el pH, para desarrollar sistemas de control.

Es importante mencionar que las relaciones matemáticas en que se basan estos modelos se obtuvieron después de realizar experimentos de laboratorio con diferentes residuos. Sin embargo, se hace énfasis en que su aplicación es limitada ya que no considera la mayoría de los procesos internos de la DA y los coeficientes que soportan estos modelos fueron obtenidos bajo condiciones muy particulares que no se encuentran en todas las plantas de biogás y además son de difícil reproducción. Así mismo, estos modelos no permiten evaluar el comportamiento dinámico del proceso de DA, ni simular cambios en la composición y cantidad del residuo de entrada en el tiempo.

3.1.1. Modelo lineal de emisiones de metano producidas por gestión de estiércol

El grupo Intergubernamental de Expertos sobre el Cambio Climático (IPCC por sus siglas en inglés) desarrolló la ecuación (3.1) para estimar la producción de CH₄ mediante el tratamiento del estiércol (bosta y orina) bajo condiciones anaerobias [82]:

$$CH_{4(M)} = \left(SV_{(M)} * 365 * H_{(M)} \right) * \left[B_{o(M)} * 0,67 \frac{kgCH_4}{m^3} * MCF_{DA} \right] \quad (3.1)$$

El coeficiente B_o es obtenido de varios análisis realizados por el IPCC alrededor del mundo y los SV son características propias del residuo que será tratado [83]. Los datos de SV y B_o para los diferentes tipos de ganado (M) en Latinoamérica son presentados en la Tabla 3.1. Si se requiere información sobre otras ubicaciones se puede acceder a las directrices del IPCC para los Inventarios Nacionales de Gases de Efecto Invernadero, vol. 4, presentado en 2006 [84].

La principal desventaja de este modelo radica en la selección del término MCF_(DA), el cual varía de 0 a 100 % y debe ser cuidadosamente establecido para cada caso, ya que este determina la eficiencia del sistema de DA para convertir la materia orgánica en biogás. Esta estimación es bastante difícil si se tiene en cuenta que la digestión anaerobia es un proceso no lineal altamente dependiente de las condiciones del reactor y del residuo.

Tabla 3.1. Valores predeterminados de SV y Bo para diferentes especies pecuarias en Latinoamérica

Parámetro	Vacas lecheras	Otros bovinos	Porcinos de cría	Porcinos de carne	Aves ponedoras de corral	Aves de engorde
Peso promedio [Kg]	400	305	28	28	1,8	0,9
SV [kg/cabezas día]	2,9	2,5	0,3	0,3	0,02	0,01
Bo [m ³ CH ₄ /kg SV]	0,13	0,1	0,29	0,29	0,39	0,36

Fuente: adaptado de [84]

3.1.2. Modelo del atlas de potencial energético

Esta investigación es la más relevante que se ha realizado a nivel local para estimar el potencial energético de la biomasa residual colombiana. En este se incluyen los residuos producidos por todas las agroindustrias del país. Con respecto a los residuos pecuarios formulan un modelo lineal que es función directa del número de animales, sus deyecciones y una tasa de producción de biogás obtenida de [85] (ver ecuación 3.2).

$$PE = \sum_{i=1}^n NA_i * MS_i * SV * Bo_i * PCI_{CH_4} \quad (3.2)$$

Donde PE es el potencial energético de la biomasa pecuaria [TJ/año]; NA es el número de animales [cabezas], MS es la materia seca [kg MS/cabeza año], SV son los sólidos volátiles [kg SV/kg MS], Bo es la producción de biogás [m³/kg SV] y PCI el poder calorífico inferior del metano [TJ/m³]. Se debe tener en cuenta que no todo el volumen de biogás generado está compuesto por CH₄. Por esta razón, la ecuación (3.2) introduce un error en la estimación del potencial energético (por ejemplo, en una composición de biogás de 60% de CH₄ el error sería de 40% ya que no todo el volumen del biogás está compuesto por CH₄).

El modelo no diferencia entre diferentes etapas de crecimiento de los animales suponiendo que todas las cabezas producen la misma cantidad de estiércol. Supone, además, una tasa de producción de biogás constante siempre con el mismo contenido de CH₄, lo cual es sumamente difícil en un proceso no lineal como la DA. Estas simplificaciones son realizadas para mantener la complejidad del análisis en términos manejables dada la gran cantidad de información recolectada. No obstante, estas consideraciones introducen un error inherente en la estimación del potencial teórico. Estar caracterizado con mediciones reales de biomasa residual pecuaria colombiana ha convertido este modelo en una importante herramienta para comparar resultados de investigaciones similares y ajustar otras propuestas. Por esta razón, se implementó en el entorno de simulación presentado en la sección 5.1.4.

3.1.3. Modelo lineal de la UPME para producción de biogás

El modelo lineal utilizado por la Unidad de Planeación Minero Energética (UPME) en la *Guía para la implementación de sistemas de producción de biogás* [23] ofrece una metodología matemática organizada y sencilla para obtener un valor aproximado del volumen de biogás generado por la DA de diferentes tipos de residuos. En la aplicación de este modelo sobresale el potencial de producción de residuos por animal y su peso vivo promedio, el cual se puede observar en la tabla 3.2. Posteriormente, se debe seguir la metodología descrita en la tabla 3.3. Este modelo surgió en el marco de un programa que buscaba fomentar y normalizar la aplicación del biogás como fuente de energía renovable para Colombia.

Tabla 3.2. Valores y características del estiércol de algunos animales

Clase de animal	% por peso vivo		% del material de digestión		Relación C/N	P – producción de biogás m ³ de gas/kg SO
	PE Estiércol	PO Orina	% EST sólidos	% SO sólidos orgánicos		
Vacuno	5	4	15 16	13	20	0,25
Cerdos	2	3	16	12	13	0,35
Caprino, ovejas	3	1,5	30	20	30	0,2
Caballos	5	4	25	15	20	0,25
Avícola, gallinas	4,5	4,5	25	17	5,0 – 8,0	0,4
Humano	1	2	20	15	8	0,3

Nota: PE: producción de estiércol, PO: producción de orina, EST: porcentaje de sólidos en el estiércol y SO: porcentaje de materia orgánica del estiércol según la especie.

Fuente: [23]

Tabla 3.3. Metodología del modelo lineal para estimar la producción de biogás UPME

Paso	Función	Unidad	No
1 Cálculo de la cantidad de estiércol en kg/día	$E = NA * PVP * PE / 100$	[Kg/día]	(3.3)
2 Cálculo de la cantidad de orín por día en Kg (se asume que 1 l de orín pesa 1 kg)	$O = NA * PVP * PO / 100$	[Kg/día]	(3.4)
3 Cálculo de la materia prima para cargar	$MPC = E + O$	[Kg/día]	(3.5)
4 Cálculo del porcentaje de sólidos totales	$\%ST = E * \%EST / MPC$	[%]	(3.6)
5 Cálculo de sólidos totales	$ST = \%ST * MPC / 100$	[Kg/día]	(3.7)
6 Cálculo de masa de agua para mezcla (solo se calcula cuando el porcentaje de sólidos totales es superior a 10%)	$MH_2O = \left(MPC * \frac{ST}{10} \right) - MPC$	[Kg/día]	(3.8)
7 Cálculo de la carga diaria para alimentar un biodigestor (se asume que un litro pesa un kilogramo)	$C = MPC + MH_2O$	[Kg/día]	(3.9)
8 Cálculo del tiempo de retención	$TR = -51,227 * \ln t + 206,72$	[día]	(3.10)
9 Cálculo del volumen del digestor	$Vd = C * TR * 1,2$	[l]	(3.11)
10 Cálculo de la posible producción de biogás	$PG = MPC * SO * P$	[l/día]	(3.12)

Fuente: adaptado de [23]

Donde 1,2 es un factor que tiene en cuenta el volumen adicional necesario para almacenar el biogás y:

NA Número de animales por una especie (vacas, cerdos o gallinas)

PVP Peso vivo promedio por animal [kg]

PE	Producción de estiércol por animal y día [% de peso vivo]
PO	Producción de orín por animal y día [% de peso vivo]
E	Estiércol [kg/día]
O	Orín [kg/día]
MPC	Materia prima para carga [kg/día]
%EST	Porcentaje de sólidos en el estiércol [%]
%ST	Porcentaje de sólidos totales contenidos en la materia prima para carga [%]
ST	Cantidad de sólidos contenidos en la materia prima para carga [kg/día]
T	Temperatura promedio en grados centígrados del sitio donde se instalará el biodigestor [°C]
C	Carga diaria para alimentar el digestor [l/día]
%SO	Porcentaje de materia orgánica del estiércol según la especie [%]
P	Producción aproximada biogás [m ³ /kg de masa orgánica seca total]

3.1.4. Modelo de potencial energético simplificado

En [85] se plantea un modelo simple para estimar el potencial energético de los residuos mediante la ecuación (3.13).

$$PE = (NA * 365 * E / 1000) * FR * PMS * PB * FC \quad (3.13)$$

Donde:

- PE Potencial energético del biogás generado por estiércol [PJ].
- NA Número de animales [millones].
- E Estiércol producido por cada animal diariamente [kg/día] (generalmente 2, 20 y 0,1 para porcino, bovino y avícola respectivamente).
- FR Fracción recuperable de estiércol, normalmente 1 para residuos porcinos y 0,6 para bovinos y avícolas.

- PMS Proporción de materia seca por kg de estiércol a utilizar (0,2, 0,18 y 0,2 para estiércol porcino, bovino y avícola, respectivamente).
- PB Factor de producción de biogás por kg de materia seca [$m^3 kg^{-1}$] (0,3, 0,2 y 0,36 para estiércol porcino, bovino y avícola, respectivamente).
- FC Factor de conversión de gigámetros cúbicos (Gm^3) a petajoules (PJ)= 20,9033936.

El principal inconveniente con los modelos lineales es su precisión, ya que cuando se usa una relación lineal para estimar la producción de metano de un proceso dinámico y no lineal como la DA, en ocasiones se obtienen resultados que no son confiables. Además, se debe tener en cuenta que la tasa de producción de biogás varía con el tiempo y con las condiciones operativas del biodigestor y del afluente. Por esta razón, referencias como [19], [24], [49], [86] concuerdan en que se debe realizar una cuidadosa caracterización del residuo que será usado como materia prima para la DA y producción de biogás, por lo que recomiendan el uso de modelos matemáticos más complejos para una correcta estimación de la producción de biogás y de otros parámetros de importancia (temperatura, pH, AGV, entre otros) para la optimización del proceso.

3.2. El modelo ADM1

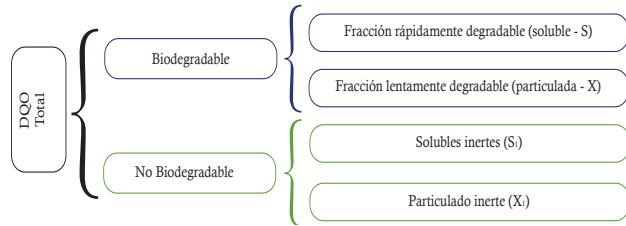
Como ya se mencionó, la DA es un proceso no lineal susceptible a varios parámetros operacionales (temperatura, pH, relación C/N, entre otros), lo que genera a menudo problemas de estabilidad que solo pueden minimizarse mediante estrategias de control adecuadas [87]. En general, estas estrategias requieren el desarrollo de modelos matemáticos que sean capaces de estimar el comportamiento de la DA dentro de un amplio rango de condiciones de operación y que sirvan para optimizar y monitorear el proceso [24], [49], [88]. Los modelos pueden simular las condiciones reales de operación de las instalaciones a escala de laboratorio o escala de planta piloto, minimizando el riesgo económico con una reducción notable del tiempo y de la energía requerida para la obtención de resultados [89].

Los primeros modelos del proceso de DA estaban compuestos por un número de ecuaciones limitadas que permitían estimar el comportamiento de

los grupos de microorganismos de forma general con tasas cinéticas sencillas [38]. La siguiente generación de modelos tenía una estructura más compleja, basada en las etapas del proceso (hidrólisis, acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis) [19], [90], [91]. En estos modelos se definieron las relaciones estequiométricas con las que se logró describir detalladamente los procesos de bioconversión de la DA, así como las tasas de crecimiento microbiano y sus inhibiciones [92]. De estos modelos, el más usado y extendido es el ADM1 que fue desarrollado en el 2002 bajo el auspicio de la IWA (*International Water Association*) [19].

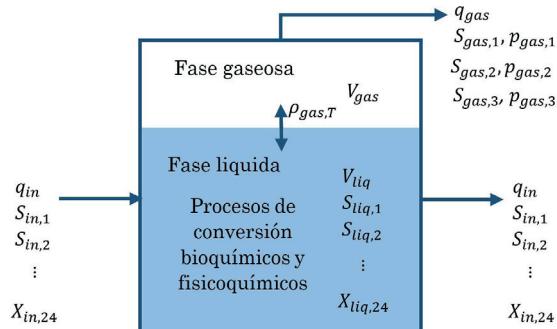
El ADM1 ha sido usado ampliamente alrededor del mundo para simular la DA [89], [93], [96], gracias a su capacidad de representar condiciones transitorias, cambios en el pH, equilibrios ácido base y varios tipos de inhibiciones presentes en el proceso [97]. De igual forma, el modelo tiene una correlación de 95 % entre los valores simulados y los obtenidos mediante mediciones de laboratorio, siempre y cuando se realice una adecuada caracterización del residuo de entrada y una buena calibración de sus parámetros [37]. Estas razones convierten al ADM1 en un modelo que facilita la comprensión del proceso de la DA, la validación de modelos simples, el desarrollo de diseños experimentales óptimos y la formulación de estrategias de control [24]. Además, el modelo permite tener una base común de validación y desarrollo, obteniendo resultados comparables y compatibles con medidas experimentales, por lo que se ha convertido en una herramienta muy importante para la academia y la industria [98]. Sin embargo, el modelo desprecia algunos procesos y especies de microorganismos para no exceder la complejidad de los cálculos [38].

El ADM1 usa como base común la demanda química de oxígeno (DQO) para modelar las diferentes concentraciones de biomasa, ya que esta permite relacionar el sustrato orgánico, la biomasa activa y el oxígeno utilizado manteniendo los balances de masa. Además, la prueba para estimar la DQO es rápida y repetible, lo cual permite monitorear el proceso de DA más fácilmente [99]. La DQO total es dividida en biodegradable y no-biodegradable, tal y como se observa en la figura 3.1. Esto permite representar eficientemente las diferentes tasas de degradación de la materia orgánica.

Figura 3.1. Divisiones de la DQO

Fuente: adaptado de [99]

Un esquema simplificado del modelo ADM1 es mostrado en la figura 3.2, donde q_{in} es el caudal de entrada, q_{out} es el efluente y q_{gas} es el flujo de biogás producido. En su estructura, el modelo se divide en una fase líquida y otra gaseosa las cuales se relacionan mediante tasas de transferencia de masa líquido-gas ($\rho_{gas,T}$). La fase líquida reúne las concentraciones de los componentes fisicoquímicos del residuo de entrada y las que se encuentran dentro del reactor, mientras que la fase gaseosa agrupa los gases producidos por la DA de la biomasa al interior del biodigestor.

Figura 3.2. Esquema del ADM1 en un biodigestor tipo de un solo tanque

Fuente: adaptado de [19]

Adicionalmente, el modelo se basa en dos tipos de reacciones: bioquímicas y fisicoquímicas. Las primeras describen tres pasos biológicos generales (acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis) e incluyen dos pasos extracelulares:

uno de desintegración y otro de hidrólisis. Aunque las reacciones bioquímicas por sí solas pueden describir un sistema anaerobio [19], es necesario adicionar las funciones fisicoquímicas en el modelo. Estas reacciones describen fenómenos que no son mediados por los microorganismos pero que afectan directa o indirectamente el crecimiento de las poblaciones bacterianas (pH, equilibrio ácido base y las concentraciones de gases) [19].

El ADM1 posee 29 variables de estado que se calculan mediante balances de masa y están divididas en 26 variables para la fase líquida (ver tabla 3.4) y 3 para la fase gaseosa (ver tabla 3.5). Todas estas variables se relacionan con las concentraciones de diferentes compuestos que integran cada residuo y son agrupadas en una matriz de procesos (matriz *Peterson*) donde interactúan con los 19 procesos bioquímicos presentes en el modelo. En la tabla 3.4 se presentan las concentraciones solubles (S) y las concentraciones particuladas (X) que sirven como vector de entrada al ADM1 y en las que se tienen en cuenta las diferentes velocidades de degradación de la biomasa [100].

Para la fase gaseosa, el ADM1 supone que el biogás producido está compuesto por cuatro gases: metano, hidrógeno dióxido de carbono y vapor de agua. El modelo considera que la suma de las presiones parciales de los gases es igual a la presión total del biogás (ver ecuación 3.32) [100]. Sin embargo, el vapor de agua no es considerado como variable de estado ya que se calcula con una sencilla ecuación algebraica donde se ajusta a la temperatura de operación (ver ecuación 3.31). Para facilitar su comprensión, y mejorar el entendimiento de las ecuaciones que lo componen, a continuación, se describirán de forma básica los términos, conceptos y parámetros del modelo ADM1.

Tabla 3.4. Concentraciones del flujo de entrada y del flujo de salida

Solubles			Particuladas o insolubles		
z *	Variable	Descripción	z *	Variable	Descripción
1	S_{su}	Monosacáridos	13	X_c	Sustratos compuestos
2	S_{aa}	Aminoácidos	14	X_{ch}	Carbohidratos
3	S_{fa}	Ácidos grasos de cadena larga (AGCL)	15	X_{pr}	Proteínas
4	S_{va}	Valerato total	16	X_{li}	Lípidos

Solubles			Particuladas o insolubles		
z *	Variable	Descripción	z *	Variable	Descripción
5	S_{bu}	Butirato total	17	X_{su}	Consumidores de azúcar
6	S_{pro}	Propionato total	18	X_{ua}	Consumidores de aminoácidos
7	S_{ac}	Acetato total	19	X_{fa}	Consumidores de LCFA
8	S_{h2}	Hidrógeno gas	20	X_{c4}	Consumidores de valerato y butirato
9	S_{ch4}	Metano gas	21	X_{pro}	Consumidores de propionato
10	S_{IC}	Carbono inorgánico	22	X_{ac}	Consumidores de acetato
11	S_{IN}	Nitrógeno inorgánico	23	X_{h2}	Consumidores de hidrógeno
12	S_I	Solubles inertes	24	X_I	Partículas inertes
25	S_{cat}	Cationes de base fuertes			
26	S_{an}	Aniones de ácidos fuertes			

Nota: z* hace referencia a la posición de la variable dentro del vector de entrada. Todas las unidades están expresadas en Kg DQO/m³, excepto S_{IC} , S_{IN} , S_{cat} y S_{an} que son expresadas en Kmol/m³.

Fuente: adaptado de [97], [101]

Tabla 3.5. Concentraciones del flujo de biogás producido

Variable	Descripción	Unidades
S_{h2}	Concentración de hidrógeno	(kg DQO / m ³)
S_{CH4}	Concentración de metano	(kg DQO / m ³)
S_{CO2}	Concentración de dióxido de carbono	(k mole C / m ³)

Fuente: adaptado de [97], [101]

3.2.1. Balance de masa

Los balances de masa son fundamentales para el ADM1, ya que pueden formular el consumo o producción de una especie química o biológica determinada y estimar su concentración en cualquier instante de tiempo [45]. Todas las

variables de estado poseen un balance de masa representado por una ecuación diferencial ordinaria (ODE) que tiene en cuenta el flujo másico de entrada ($m_{x,in}$), el flujo másico de salida ($m_{x,out}$) y una tasa de generación de masa neta al interior del sistema (\dot{r}), como se muestra en la ecuación 3.14 [45].

$$\frac{dm_x}{dt} = \dot{m}_{x,in} - \dot{m}_{x,out} + \dot{r} \quad (3.14) \quad \frac{dS_x}{dt} = \frac{q_{in}S_{x,in}}{V_{reactor}} - \frac{q_{out}S_x}{V_{reactor}} + \dot{\rho}_x \quad (3.15)$$

$$0 = \frac{q_{in}S_{x,in}}{V_{reactor}} - \frac{q_{out}S_x}{V_{reactor}} + \dot{\rho}_x \quad (3.16) \quad \frac{dS_x}{dt} = \dot{\rho}_x \quad (3.17)$$

Cuando el balance másico se aplica a un reactor anaerobio con agitación continua se puede asumir que la concentración del efluente es igual a la concentración del sustrato en el interior del sistema (S_x). De esta manera, el balance de masa descrito en la ecuación 3.14 se convierte en la expresión mostrada en la ecuación 3.15, donde $S_{x,in}$ es la concentración del sustrato en el afluente; $\dot{\rho}_x$ es la razón volumétrica de generación de masa, q_{in} y q_{out} son los caudales de entrada y salida, respectivamente. Con la ecuación 3.15 se busca conocer la concentración del material S_x en cualquier instante y es válida bajo las restricciones de que el volumen líquido del reactor ($V_{reactor}$) no cambie con el tiempo y la mezcla del sustrato sea homogénea [38].

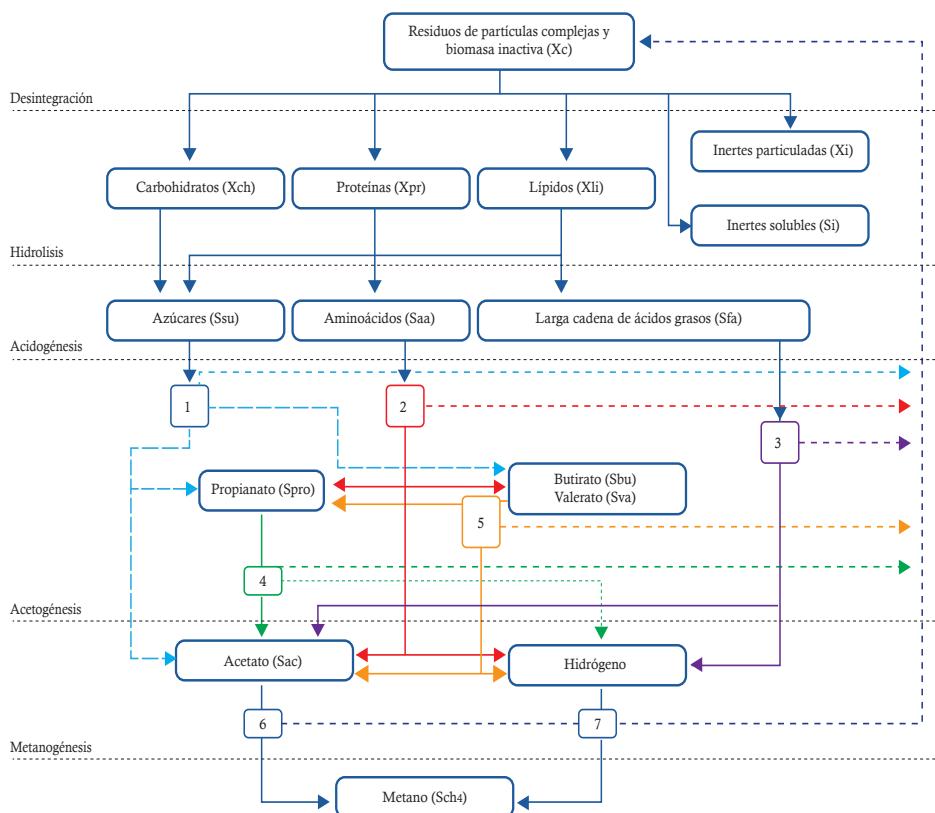
Para calcular el balance de masa inicialmente se debe determinar $\dot{\rho}_x$ que depende de varios parámetros como inhibiciones, constantes de saturación media, tasas de producción de biomasa y tasas de crecimiento y decaimiento microbiano [38]. Además, cuando el sistema alcanza el estado estacionario, la razón de cambio del sustrato (dS_x / dt) se vuelve cero y la ecuación puede ser solucionada algebraicamente (ver ecuación 3.16). Por otro lado, si el balance se aplica a un sistema cerrado con una concentración inicial dada (biodigestor tipo Batch), la expresión 3.15 puede reducirse a la ecuación 3.17, donde dS_x / dt dependerá únicamente de $\dot{\rho}_x$ [38].

3.2.2. Reacciones bioquímicas

Como se mencionó anteriormente las reacciones bioquímicas describen los pasos biológicos de la DA y están estructurados siguiendo los procesos mostrados en la figura 3.3 donde se presenta la transformación de compuestos

complejos a biogás. Estos procesos están definidos a partir de funciones que representan la dinámica de las poblaciones microbianas y su efecto en las diferentes concentraciones de sustrato en un sistema anaerobio. Para esto, se debe describir el crecimiento global de los microorganismos, apoyándose en conceptos como la tasa de crecimiento global de una población microbiana que depende de su concentración (x) y su tasa específica de crecimiento (μ) (ver ecuación 3.18) [38].

Figura 3.3. Proceso de DA para el ADM1



Nota: reacciones bioquímicas del proceso de DA: (1) acidogenesis de azúcares, (2) acidogenesis de aminoácidos, (3) acidogenesis de ácidos grasos de cadena larga, (4) acetogenesis del propionato, (5) acetogenesis del butirato y valerato, (6) metanogenesis acetocláctica y (7) metanogenesis hidrogenotrófica.

Fuente: adaptado de [19], [92]

La tasa de crecimiento microbiana puede ser escrita en función de la concentración del sustrato que consume usando la cinética de Monod (ver ecuación 3.19), la cual considera la limitación del crecimiento microbiano cuando se consume en exceso algún sustrato. En esta cinética de crecimiento, representa la tasa máxima de crecimiento específico y la constante de saturación (K_s) describe la correlación entre el grupo microbiano y el sustrato consumido, es decir, que esta relación explica cuánto afecta la falta o exceso de determinando sustrato el crecimiento de un grupo microbiano [19].

Adicionalmente, para definir la razón de crecimiento global de una población es necesario incluir la tasa de decaimiento del grupo microbiano, la cual es expresada en función del coeficiente de respiración endógeno (K_{dec}) (ver ecuación 3.20) [38]. Al combinar los parámetros de crecimiento y decaimiento microbiano, junto con la concentración del sustrato consumido, es posible determinar la razón neta de crecimiento de los microorganismos, mostrado en la ecuación 3.21 [38].

Tabla 3.6. Ecuaciones que describen las tasas de crecimiento poblacional microbiano

Tasas de crecimiento poblacional microbiano	Ecuaciones que la describen	Numeración
Razón de crecimiento global microbiano	$\frac{dx}{dt} = \mu * x$	(3.18)
Función de relación entre el crecimiento microbiano y la concentración del sustrato (cinética de Monod)	$\mu = \mu_{max} * \frac{S}{K_s + S}$	(3.19)
Tasa de decaimiento microbiano	$\frac{dx_{dec}}{dt} = k_{dec} * x$	(3.20)
Razón de crecimiento global	$\frac{dx}{dt} = \mu_{max} * \frac{S}{K_s + S} * x - K_{dec}x$	(3.21)

Fuente: adaptado de [38]

3.2.2.1. Tasas de producción de biomasa

Dentro del ADM1 el término biomasa se utiliza para especificar la masa de los organismos biológicos y enzimas que cohabitan en el biodigestor [44]. La cinética microbiana del modelo también tiene en cuenta el metabolismo de

los microorganismos mediante el coeficiente de producción de biomasa (Y), que se relaciona con el consumo de un sustrato con la ecuación 3.22, donde también se incluye el decaimiento de las poblaciones microbianas [38]. Al combinar y reordenar las ecuaciones 3.21 y 3.22 se obtiene la tasa de utilización del sustrato que es usada en todos los procesos consumidores de biomasa agrupados en la matriz Petersen, donde S y x son las concentraciones solubles y particuladas respectivamente (ver ecuación 3.23).

$$\frac{dx}{dt} = Y * \frac{dS}{dt} - K_{dec}x \quad (3.22)$$

$$\frac{dS}{dt} = \mu_{max} * \frac{S}{K_s + S} * \frac{x}{Y} \quad (3.23)$$

3.2.2.2. Matriz Petersen

Esta matriz es una estructura usada con frecuencia para modelar interacciones químicas y biológicas. En el caso del ADM1, cada fila de la matriz (j) representa un proceso bioquímico y cada columna (i) representa los componentes solubles y particulados incluidos en la tabla 3.4, excluyendo a S_{an} y S_{cat} que son usados para calcular el pH. La matriz incluye una columna con la razón cinética de cada proceso (ρ_j) (ver sección 3.3.3). Además, las filas y columnas se relacionan mediante coeficientes estequiométricos (V_{ij}) que describen la velocidad con la que se realizan los procesos bioquímicos de las concentraciones solubles y particuladas [101]. Dentro del ADM1 la estequioometría es considerada constante y representa de manera simplificada los procesos bioquímicos de la DA [19].

La matriz Petersen cuenta con 19 procesos bioquímicos que están divididos según la descripción dada en la figura 3.3. Los cuatro primeros procesos ($j=1$ a 4) describen la desintegración e hidrólisis de las macromoléculas (carbohidratos, lípidos y proteínas). Los procesos cinco a doce tienen en cuenta las etapas de acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis donde se transforman productos intermedios (azúcares, AGCL y aminoácidos) en CH_4 y CO_2 . Por último, los procesos 13 a 19 tienen en cuenta el decaimiento de las poblaciones bacterianas, que para el caso del ADM1 original son siete [19]. Es importante resaltar que en versiones posteriores este modelo fue modificado para incluir n

poblaciones bacterianas haciéndolo más robusto y preciso [102]. La estructura completa de la matriz Petersen será presentada en la sección 3.3.3.

3.2.3. Reacciones fisicoquímicas

El ADM1 considera dos tipos de procesos o reacciones fisicoquímicas, las líquido-líquido (asociación y disociación de iones) y la transferencia de masa en los intercambios líquido-gas. Estas reacciones fisicoquímicas sirven para describir los equilibrios ácido base y los factores de inhibición biológica debido a variaciones en el pH y a concentraciones de gases disueltos [19], [100]. Las funciones que representan estos procesos pueden ser descritas a partir de ecuaciones diferenciales algebraicas debido a que son más rápidos en comparación con las reacciones bioquímicas [19].

Al mismo tiempo, estas reacciones son indispensables para calcular las concentraciones de los gases generados por la DA (CO_2 , CH_4 , H_2 y H_2O). Con el fin de obtener resultados más precisos, el modelo incluye los efectos generados por los cambios de temperatura en los parámetros fisicoquímicos (constantes de la ley de Henry y constantes de equilibrio ácido base) [100].

3.2.3.1. Reacciones líquido-líquido

Dentro de estas reacciones, el ADM1 incluye los equilibrios ácido base que determinan el equilibrio químico de la DA y se calculan mediante la asociación y disociación de iones que pueden ser modelados con ecuaciones diferenciales algebraicas (DAE) (ver sección 3.3.4) o con ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE) (ver sección 3.3.5). Además, describen los efectos causados por sistemas *buffer* (sistemas de amortiguamiento) sobre la concentración del ion de hidronio (S_{H^+}), relacionado directamente con el valor de pH mediante la ecuación 3.24 [38].

$$pH = -\log(S_{\text{H}^+}) \quad (3.24)$$

Los sistemas *buffer* están encargados de mantener el pH relativamente constante mediante el ingreso de sustancias amortiguadoras en los cultivos de microorganismos en ambientes cerrados como los biodigestores [41]. En el modelo se incluyen como sustancias amortiguadoras cuatro ácidos grasos de

cadena corta: valérico, butírico, propiónico y acético; y tres ácidos inorgánicos: carbónico (H_2CO_3), bicarbonato (HCO_3^-) y amonio (NH_4^+) [38].

Si se usa una implementación ODE, es necesario calcular las tasas cinéticas de la sección 3.3.5 con las que se puede determinar los estados iónicos, mostrados también en dicha sección. Posteriormente, se estima el balance de carga de las sustancias amortiguadoras presentado en la ecuación 3.25. En este balance de carga se incluyen S_{cat^+} y S_{an^-} que representan la disociación de iones cargados positivamente de las bases fuertes y la disociación de iones cargados negativamente de los ácidos fuertes respectivamente. Los coeficientes que acompañan a los ácidos grasos de cadena corta cumplen la función de convertir las unidades de gDQO/L a mol/L. Después de calcular θ , se puede obtener el valor de S_{H^+} mediante la ecuación 3.26, donde K_w es un coeficiente de equilibrio [100].

$$\theta = S_{cat^+} + (S_{IN} - S_{NH_3^+}) - S_{HCO_3^-} - \frac{S_{ac^-}}{64} - \frac{S_{pro^-}}{112} - \frac{S_{bu^-}}{160} - \frac{S_{va^-}}{208} - S_{an^-} \quad (3.25)$$

$$S_{H^+} = -\frac{\theta}{2} + \frac{\sqrt{\theta^2 + 4K_w}}{2} \quad (3.26)$$

Por el contrario, si la implementación de los equilibrios ácido base y el cálculo de S_{H^+} se realiza con DAE, los estados iónicos deben calcularse como se muestra en la sección 3.3.4. Estas relaciones son no lineales, por lo que se usa un método iterativo como el Newton Raphson, donde el valor de S_{H^+} es calculado para cada iteración k como se muestra en la ecuación (3.27) [100].

$$S_{H^+,k+1} = S_{H^+,k} - \frac{E(S_{H^+,k})}{(dE(S_{H^+})/dS_{H^+})_{SH^+,k}} \quad (3.27)$$

Donde el valor de $E(S_{H^+,k})$ es igual a θ en el paso k y $S'_{H^+,k}$ es la primera derivada del balance de carga con respecto a S_{H^+} (ver ecuación 3.28). Normalmente se requieren solo dos o tres iteraciones para resolver la ecuación en un instante de tiempo determinado [100].

$$\begin{aligned}
 S_{H^+,k} = & 1 + \frac{K_{a,IN} * S_{IN}}{\left(K_{a,IN} + S_{H^+}\right)^2} + \frac{K_{a,CO_2} * S_{IC}}{\left(K_{a,CO_2} + S_{H^+}\right)^2} + \frac{1}{64} * \frac{K_{a,ac} * S_{ac}}{\left(K_{a,ac} + S_{H^+}\right)^2} + \frac{1}{112} * \frac{K_{a,pro} * S_{pro}}{\left(K_{a,pro} + S_{H^+}\right)^2} + \frac{1}{160} \\
 & * \frac{K_{a,bu} * S_{bu}}{\left(K_{a,bu} + S_{H^+}\right)^2} + \frac{1}{208} * \frac{K_{a,va} * S_{va}}{\left(K_{a,va} + S_{H^+}\right)^2} + \frac{K_w}{\left(S_{H^+}\right)^2}
 \end{aligned} \tag{3.28}$$

3.2.3.2. Transferencia líquido gas

Las transferencias líquido gas están basadas en la ley de Henry que establece que la concentración de un gas en un líquido es proporcional a la presión parcial que origina el gas sobre este líquido [45]. En el ADM1 se supone que el gas producido solo está compuesto por CH₄, CO₂ y H₂, por lo que la suma de estos tres gases más un porcentaje de vapor de agua conforman el biogás generado dentro del reactor. La ley de Henry se expresa de forma general como se muestra en la ecuación 3.29, mediante tasas cinéticas de transferencia de masa para un gas $i(\rho_{T,i})$ (ver sección 3.3.4.2).

$$\rho_{T,i} = K_L a * (S_{liq,i} - K_{H,i} P_{gas,i}) \tag{3.29}$$

Donde $K_L a$ es el producto del coeficiente global de transferencia de masa — K_L — y el área específica de transferencia — a —; $S_{liq,i}$ es la concentración del gas en la fase líquida, $K_{H,i}$ es el coeficiente de la ley de Henry para el gas i y $P_{gas,i}$ es la presión parcial del gas en la fase gaseosa. Las presiones parciales pueden ser calculadas usando la ley del gas ideal como se muestra en la ecuación 3.30 [38].

$$P_{gas,i} = S_{gas,i} * RT_{op} \tag{3.30}$$

Donde $S_{gas,i}$ es la concentración del gas i en la fase gaseosa, R es la constante de los gases ideales y T es la temperatura del gas [38]. También se debe calcular la presión del vapor de agua (ecuación 3.31) para obtener la presión total del gas (ecuación 3.32).

$$p_{gas,H_2O} = 0,0313 \exp \left(5290 * \left[\frac{1}{298} - \frac{1}{T_{op}} \right] \right) \quad (3.31)$$

$$p_{gas,total} = p_{gas,h2} + p_{gas,ch4} + p_{gas,co2} + p_{gas,H_2O} \quad (3.32)$$

Por otro lado, se encuentra el flujo volumétrico de gas generado (q_{gas}), el cual puede ser calculado a partir de la ecuación (3.33) o de la ecuación (3.34). La primera, puede arrojar problemas numéricos por lo que la implementación hecha en [100] recomienda usar la segunda ecuación.

$$q_{gas} = \frac{RT_{op}}{P_{atm} - p_{gas,H_2O}} * V_{liq} \left(\frac{\rho_{T,8}}{16} + \frac{\rho_{T,9}}{64} + \rho_{T,10} \right) \quad (3.33)$$

$$q_{gas} = K_p \left(p_{gas,total} - P_{atm} \right) * \frac{P_{gas,total}}{P_{atm}} \quad (3.34)$$

Donde $\rho_{T,i}$ es la tasa de transferencia líquido gas del modelo; R es la constante de los gases, T_{op} es la temperatura de operación, P_{gas} es la presión dentro del biodigestor, P_{atm} es la presión externa y k_p es la constante que considera la fricción de las moléculas en el gas de salida y debe ser calibrada para cada caso [19]. La ecuación (3.34) para q_{gas} incluye una compensación de la sobrepresión al interior del reactor con el factor P_{gas} / P_{atm} , es decir que q_{gas} se encuentra a presión atmosférica. Note que esta compensación hace que el caudal de gas de salida esté normalizado, es decir en unidades de [Nm³/día].

3.2.4. Procesos de inhibición

La inhibición es un término usado cuando el metabolismo microbiano se reduce por diversas afectaciones en su entorno (ver sección 2.3.3). La tabla 3.7 presenta tres tipos de inhibición que son considerados por el ADM1: inhibición por variaciones de pH fuera del rango permitido (6,5-8) (ecuaciones 3.35 y 3.36), inhibición por captación no competitiva (ecuación 3.37) e inhibición por limitación de nitrógeno (ecuación 3.38) [19], [103].

Tabla 3.7. Funciones que describen las tres inhibiciones que el ADM1 tiene en cuenta

Descripción	Ecuación
Limitación por valores de pH basada en la concentración de iones de hidrógeno, con = aa, ac y h ₂ (Función de Hill)	$I_{pH,w} = \frac{pH_{lim,w}^{n_w}}{(SH_+)^{n_w} + pH_{lim,w}^{n_w}}$ <p>Con: $pH_{lim,w} = 10^{\frac{pH_{UL,w} - pH_{LL,w}}{2}}$</p> $n_w = 3 / (pH_{UL,w} - pH_{LL,w})$ (3.35)
Limitación por valores de pH inferiores	$I_{pH,w} = \begin{cases} \exp\left(-3\left(\frac{pH - pH_{UL,j}}{pH_{UL,j} - pH_{LL,j}}\right)^2\right) & : pH < pH_{UL,j} \\ 1 & : pH > pH_{UL,j} \end{cases}$ (3.36)
Donde:	$I_{pH,w}$ Indica la función de inhibición por pH en un proceso w , pH_{LL} y pH_{UL} representan el nivel inferior y superior del pH, respectivamente, donde el proceso es inhibido un 50%.
Inhibición no competitiva	$I_{i_j} = \frac{K_{I,i_j}}{K_{I,i_j} + S_i}$ (3.37)
Donde:	I_{i_j} , indica la inhibición generada por la especie química en el proceso j , K_{I,i_j} es la concentración de la especie inhibitoria i que inhibe el proceso j en un 50%.
Inhibición por falta de S_{IN}	$I_{IN,lim} = \frac{S_{IN}}{S_{IN} + K_{S,IN-j}}$ (3.38)
Donde:	Donde I_{IN} es el factor de inhibición generado por defecto del sustrato nitrógeno inorgánico S_{IN} y $K_{S,IN}$ es la concentración del sustrato S_{IN} inhibitoria en un 50% del proceso j .

Fuente: adaptado de [19], [38], [100]

La inhibición no competitiva se da con altas concentraciones de sustancias inhibitorias como el amoníaco y el hidrógeno [104]. Por su parte, la inhibición por nitrógeno limitado se da cuando la concentración de nitrógeno inorgánico (S_{IN}) es muy baja, lo que impide a las poblaciones microbianas desarrollarse completamente [49]. Las inhibiciones por variación del pH y por falta de nitrógeno inorgánico afectan todos los procesos de consumo de productos intermedios incluidos en la matriz Petersen ($j=5:12$). Los diferentes

tipos de inhibición son combinados con la tasa de utilización de sustrato para determinar las tasas cinéticas de los procesos bioquímicos presentes en la matriz Petersen (sección 3.3.4.3).

3.3. Estructura matemática completa del modelo ADM1

La implementación DAE del ADM1 se compone de 29 ecuaciones diferenciales divididas de la siguiente forma: doce son balances de masa de concentraciones solubles; 12 de particuladas, tres de los componentes gaseosos y las últimas dos pertenecen a los cationes y aniones. Además, posee ecuaciones algebraicas para cálculo de pH y estados iónicos [19]. En las siguientes subsecciones se presentan de manera general las ecuaciones del modelo.

3.3.1. Ecuaciones de la fase líquida

La fase líquida del proceso incluye los balances de masa de las concentraciones solubles y particuladas, los equilibrios ácido base y los estados iónicos (aniones y cationes) [101]. El balance de masa de la fase líquida del proceso está descrito por la ecuación 3.40. Sobre esta ecuación se pueden realizar las mismas simplificaciones descritas en la sección 3.2.1. De esta manera, si el sistema es tipo Batch el balance de masa se convierte en la ecuación (3.41) [19], [101]. Adicionalmente, los balances de masa tienen en cuenta la razón volumétrica de generación de masa al interior del sistema (r_i), la cual para una concentración i es la sumatoria de los coeficientes estequiométricos $V_{i,j}$ multiplicados por las tasas cinéticas (ρ_j) presentes en la matriz Petersen (ver ecuación 3.39). Todas las ecuaciones de la fase líquida presentes en el ADM1 se pueden ver en la sección 3.3.4.6 y la sección 3.3.4.7.

$$\dot{\rho}_x = r_i = \sum_{j=1-19} \rho_j V_{i,j}, \text{ con } i = 1:24 \quad (3.39)$$

$$\frac{dS_{liq,i}}{dt} = \frac{q_{in} S_{in,i}}{V_{liq}} - \frac{S_{liq,i} q_{out}}{V_{liq}} + \sum_{j=1-19} \rho_j V_{i,j} \quad (3.40)$$

$$\frac{dS_{liq,i}}{dt} = \sum_{j=1-19} \rho_j V_{i,j} \quad (3.41)$$

Donde q_{in} y q_{out} son el caudal de entrada y salida del biodigestor, respectivamente; V_{liq} es el volumen de la fase líquida en el interior del biodigestor, $S_{liq,i}$ es la concentración del compuesto i en la fase líquida (dentro del reactor) y $S_{in,i}$ es la concentración del compuesto i en el afluente.

En el caso de $i = 10$ y 11 , que corresponden a las concentraciones de carbono (S_{IC}) y de nitrógeno inorgánico (S_{IN}), se tienen en cuenta algunas consideraciones adicionales para mantener el balance de carbono y de nitrógeno en todo el sistema (ver sección 3.3.4.6). Las ecuaciones ácido base también hacen parte de la fase líquida del proceso y están compuestas por los estados iónicos del balance de carga (ecuación 3.25). Estos estados iónicos pueden ser implementados con DAE (ver sección 3.3.4.10) o con ODE (ver sección 3.3.5.2). Aunque con los dos tipos de ecuaciones se llega al mismo resultado, la implementación DAE logra tiempos de simulación considerablemente más cortos [100].

3.3.2. Ecuaciones de la fase gaseosa

Como se mencionó anteriormente las tres variables de estado de la fase gaseosa son la concentración de CH_4 , CO_2 y H_2 , las cuales se relacionan con la fase líquida mediante las tasas de transferencia líquido gas ($\rho_{T,i}$). Las concentraciones de los gases de salida también están representadas por balances de masa (ver ecuación 3.40), no obstante, al inicio del proceso las concentraciones gaseosas del afluente son cero por lo que se puede eliminar el primer término (ver ecuación 3.42). Las tres ecuaciones completas son mostradas en la sección 3.3.4.11.

$$\frac{dS_{gas,i}}{dt} = 0 - \frac{q_{gas} * S_{gas,i}}{V_{gas}} + \rho_{T,i} * \frac{V_{liq}}{V_{gas}}, \text{ con } i = 8, 9 \text{ y } 10 \quad (3.42)$$

Por otro lado, una de las ventajas del ADM1 es que permite estimar la composición del biogás (porcentaje de CH_4 , CO_2 y H_2) mediante las presiones parciales de los gases generados, útil para determinar con mayor precisión el potencial energético de los residuos sometidos a la DA (ver sección 3.3.4.12) [63]. A partir de estos porcentajes es posible calcular el volumen de los gases producidos. Sin embargo, las unidades volumétricas en algunas ocasiones no son parámetros de comparación directa, ya que es necesario normalizar la presión y la temperatura del gas de trabajo.

Por esta razón, se recomienda convertir la cantidad de CH₄ dentro del biogás a unidades de masa [kg] usando la ecuación 3.43 presentada en [63], ya que así es más fácil comparar la cantidad generada y determinar su poder calorífico sin depender del volumen y de la presión al interior de la cúpula de gas. Al tener el CH₄ en unidades de masa es mucho más fácil y preciso calcular el poder calorífico teórico con el que cuenta el gas producido por la DA, ya que se sabe que el contenido de energía de 1 kg de CH₄ es de 50014 kJ [63].

$$CH_4 \left[\frac{KgCH_4}{dia} \right] = \frac{1_{molCH_4}}{0,064_{kgDQO}} * \frac{0,016_{kgCH_4}}{1_{molCH_4}} * S_{gas,CH_4} * \left(q_{gas} * \frac{P_{atm}}{p_{gas,total}} \right) \quad (3.43)$$

Donde S_{gas,CH_4} se encuentra en [kg DQO/día] por lo que es necesario transformar sus unidades para obtener la producción de CH₄ en unidades de masa. Recuerde que 1 mol de CH₄ es igual a 64 g DQO y que el peso molecular del CH₄ es 16 g/mol. Note que el factor $P_{atm} / P_{gas,total}$ es usado para desnormalizar el valor de q_{gas} .

De igual forma, la concentración de CO₂ y de H₂ del biogás pueden ser convertidos a unidades de masa [kg/día] aplicando las ecuaciones (3.44) y (3.45), respectivamente [63]. Tomando como referencia que la concentración de CO₂ (S_{gas,CO_2}) está en [kmol C/m³] y que un mol de CO₂ pesa 44 g. Mientras que un mol de H₂ pesa 2,01588 g y corresponde a 16 g de DQO [63].

$$CO_2 \left[\frac{KgCO_2}{dia} \right] = \frac{44_{kgCO_2}}{1_{kmolCO_2}} * S_{gas,CO_2} * \left(q_{gas} * \frac{P_{atm}}{p_{gas,total}} \right) \quad (3.44)$$

$$H_2 \left[\frac{KgH_2}{dia} \right] = \frac{1_{molH_2}}{0,016_{kgDQO}} * \frac{0,00201588_{kgH_2}}{1_{molH_2}} * S_{gas,H_2} * \left(q_{gas} * \frac{P_{atm}}{p_{gas,total}} \right) \quad (3.45)$$

3.3.3. Estructura completa de la matriz Petersen y su relación con el ADM1

Los sistemas DAE son sistemas que combinan ecuaciones diferenciales ordinarias y ecuaciones algebraicas. Estos sistemas suelen usarse cuando existen muchas ecuaciones y algunas de ellas se ven afectadas en diferentes lapsos de tiempo. Este es el caso del ADM1 donde las ecuaciones algebraicas son usadas para reacciones consideradas instantáneas (tiempo en el orden de

milisegundos) como los equilibrios ácido-base y el cálculo del pH, mientras que las ecuaciones diferenciales se utilizan en los balances de masa de las concentraciones que componen el modelo (tiempo en el orden de días) [100].

Como se mencionó previamente en la sección 3.2.2.2, la matriz Petersen es una herramienta usada ampliamente en interacciones biológicas y químicas. Dentro del ADM1 se usa para representar las razones de reacción (r_i) del balance de masa mediante la siguiente ecuación:

$$r_i = \sum_{j=1-19} \rho_j V_{i,j}, \text{ con } i = 1:24$$

Donde cada fila de la matriz (j) representa un proceso bioquímico y cada columna (i) representa los componentes solubles y particulados. La estructura básica de la matriz se muestra en la tabla 3.8 y su forma completa se muestra en la tabla 3.9 y 3.10. La información presentada en dichas tablas fue revisada y adaptada por los autores de [105] y ha sido organizada en esta sección para facilitar su comprensión.

Tabla 3.8. Estructura simplificada de la matriz Petersen

Componentes (i):		
Concentraciones solubles (S) y Concentraciones particuladas (X)		
Procesos (j) (ver tabla 3.11)	Coeficientes estequiométricos (V_{ij})	Tasas cinéticas (ρ_j) (ver tabla 3.11)

Fuente: elaboración propia.

Los coeficientes estequiométricos incluyen los coeficientes de producción de biomasa ($Y_{i,j}$) (ver sección 3.2.2.1) y sus tasas de formación $f_{i,j}$ (tasa de formación del componente i obtenidos por el proceso de consumo j). Por ejemplo, la reacción de $i=1$ corresponde a la concentración de azúcares S_{su} , donde las tasas cinéticas ρ_2 , ρ_4 y ρ_5 se multiplican con los correspondientes coeficientes estequiométricos de la primera columna y generan la siguiente expresión. Note que $f_{fa,li}$ representa la tasa de formación de los ácidos grasos obtenidos del consumo de los lípidos.

$$r_1 = r_{su} = \rho_2 + [\rho_4 * (1 - f_{fa,li})] - \rho_5$$

Tabla 3.9. Matriz Petersen (I) Componentes solubles

i	Procesos	Componentes i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
		S_{aa}	S_{ac}	S_{aa}	S_{ac}	S_{aa}	S_{ac}	S_{aa}	S_{ac}	S_{aa}	S_{ac}	S_{aa}	S_{ac}	S_{aa}
1	Desintegración													$f_{SI,ac}$
2	Hidrólisis de carbohidratos	1												S_j
3	Hidrólisis de proteínas	1												
4	Hidrólisis de lípidos	$1 - f_{fa,b}$												
5	Consumo de azúcares	1			$(1 - Y_{aa})f_{ba,av}$	$(1 - Y_{aa})f_{ba,av}$	$(1 - Y_{aa})f_{ba,av}$	$(1 - Y_{aa})f_{ba,av}$	$(1 - Y_{aa})N_{bae}$					
6	Consumo de aminoácidos	1			$(1 - Y_{aa})f_{va,av}$	$(1 - Y_{aa})f_{va,av}$	$(1 - Y_{aa})f_{va,av}$	$(1 - Y_{aa})f_{va,av}$	$(1 - Y_{aa})N_{bae}$					
7	Consumo de LCFAs	1												$(1 - f_{fa})N_{bae}$
8	Consumo de valerato			1		$(1 - Y_{e4})0.54$	$(1 - Y_{e4})0.31$	$(1 - Y_{e4})0.15$						$(1 - Y_{e4})N_{bae}$
9	Consumo de butirato				1		$(1 - Y_{e4})0.8$	$(1 - Y_{e4})0.2$						$(1 - Y_{e4})N_{bae}$
10	Consumo de propionato					1	$(1 - Y_{pro4})0.57$	$(1 - Y_{e4})0.43$						$(1 - Y_{pro})N_{bae}$
11	Consumo de acetato						1							$(1 - Y_{ac})N_{bae}$
12	Consumo de hidrógeno							1						$(1 - Y_{h2})N_{bae}$
13	Decaimiento de Xsu								1					$(1 - Y_{ac})N_{bae}$
14	Decaimiento Xaa									1				$(1 - Y_{ac})N_{bae}$
15	Decaimiento Xfa										1			
16	Decaimiento Xc4											1		
17	Decaimiento Xpro													
18	Decaimiento Xac													
19	Decaimiento Xh2													
	Mercaptoácidos	Aminoácidos	LCFA	Valeato Total	Burato Total	Propionato Total	Tot.al.acetato	Gas de Hidrógeno	Gas Metano	Carbón inorgánico(Kmol C/m³)	Gas de Hidrógeno	Nitrógeno inorgánico (Kmol N/m³)	Inertes solubles (KgDQO/m³)	
	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	(KgDQO/m³)	

Fuente: adaptado de [123]

Tabla 3.10. Matriz Petersen (II) Componentes particulados.

j	Componentes S _j	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	Tasa cintética (ρ) f_{kgDQO/m^2d^2}
Procesos	X_c	X_{ch}	X_{pr}	X_{ii}	X_{uu}	X_{ea}	X_{ed}	X_{er}	X_{pro}	X_{h2}	X_t	$f_{x1,xc}$	$k_{dis}X_c$	$k_{hyp,p}X_{pr}$
1 Desintoxicación	1	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$f_{ch,xc}$	$k_{hyp,ea}X_{ea}$	$k_{hyp,p}X_{pr}$
2 Hidrolisis de carbohidratos														$k_{hyp,p}X_{pr}$
3 Hidrolisis de proteinas														$k_{hyp,p}X_{pr}$
4 Hidrolisis de Lipidos														$k_{hyp,p}X_{pr}$
5 Consumo de azucares														$k_{hyp,p}X_{pr}$
6 Consumo de aminoacidos														$k_{hyp,p}X_{pr}$
7 Consumo de LCFA														$k_{hyp,p}X_{pr}$
8 Consumo de valerato														$k_{hyp,p}X_{pr}$
9 Consumo de butirato														$k_{hyp,p}X_{pr}$
10 Consumo de propionato														$k_{hyp,p}X_{pr}$
11 Consumo de acetato														$k_{hyp,p}X_{pr}$
12 Consumo de hidrogeno														$k_{hyp,p}X_{pr}$
13 Decaimiento de X _{eu}	1													$K_{dec,Xu}X_{eu}$
14 Decaimiento X _{ea}	1													$K_{dec,Xu}X_{eu}$
15 Decaimiento X _{ed}	1													$K_{dec,Xu}X_{eu}$
16 Decaimiento X _{c4}	1													$K_{dec,Xu}X_{eu}$
17 Decaimiento X _{h2} O	1													$K_{dec,Xu}X_{eu}$
18 Decaimiento X _e	1													$K_{dec,Xu}X_{eu}$
19 Decaimiento X _{eu}	1													$K_{dec,Xu}X_{eu}$
		Compuestos complejos (KgDQO/m ³)	Carbohidratos (KgDQO/m ³)	Proteinas (KgDQO/m ³)	Lipidos (KgDQO/m ³)	Degradores de azucar (KgDQO/m ³)	Degradores de aminoacidos (KgDQO/m ³)	Degradores de la CFA (KgDQO/m ³)	Degradores de valerato y butirato (KgDQO/m ³)	Degradores de propionato de acetato (KgDQO/m ³)	Degradores de hibogeno (KgDQO/m ³)	Degradores de partículado interno (KgDQO/m ³)		

Fuente: adaptado de [123]

3.3.4. Ecuaciones del ADM1 con implementación DAE

La presente sección muestra todas las ecuaciones involucradas en el modelo ADM1. De esta manera, entre la tabla 3.11 y la tabla 3.23 se incluyen dichas ecuaciones siguiendo la implementación realizada en [100], donde el ADM1 es estructurado con un sistema de ecuaciones diferenciales algebraicas (DAE, por sus siglas en inglés).

3.3.4.1. Tasas cinéticas

Tabla 3.11. Tasas cinéticas

Proceso (j)		Tasa cinética ρ_j
1	Desintegración	$\rho_1 = k_{dis} * X_c$
2	Hidrólisis de carbohidratos	$\rho_2 = k_{hyd,ch} * X_{ch}$
3	Hidrólisis de proteínas	$\rho_3 = k_{hyd,pr} * X_{pr}$
4	Hidrólisis de lípidos	$\rho_4 = k_{hyd,li} * X_{li}$
5	Consumo de azúcares	$\rho_5 = k_{m,su} * \frac{S_{su}}{K_{S,su} + S_{su}} * X_{su} * I_5$
6	Consumo de aminoácidos	$\rho_6 = k_{m,aa} * \frac{S_{aa}}{K_{S,aa} + S_{aa}} * X_{aa} * I_6$
7	Consumo de LCFA	$\rho_7 = k_{m,fat} * \frac{S_{fa}}{K_{S,fa} + S_{fa}} * X_{fa} * I_7$
8	Consumo de valerato	$\rho_8 = k_{m,c4} * \frac{S_{va}}{K_{S,c4} + S_{va}} * X_{c4} * \frac{S_{va}}{S_{bu} + S_{va}} * I_8$
9	Consumo de butirato	$\rho_9 = k_{m,c4} * \frac{S_{bu}}{K_{S,c4} + S_{bu}} * X_{c4} * \frac{S_{bu}}{S_{bu} + S_{va}} * I_9$

10	Consumo de propionato	$\rho_{10} = k_{m,pr} * \frac{S_{pro}}{K_{S,pro} + S_{pro}} * X_{pro} * I_{10}$
11	Consumo de acetato	$\rho_{11} = k_{m,ac} * \frac{S_{ac}}{K_{S,ac} + S_{ac}} * X_{ac} * I_{11}$
12	Consumo de hidrógeno	$\rho_{12} = k_{m,h2} * \frac{S_{h2}}{K_{S,h2} + S_{h2}} * X_{h2} * I_{12}$
13	Descomposición de X_{su}	$\rho_{13} = k_{dec,Xsu} * X_{su}$
14	Descomposición de X_{aa}	$\rho_{14} = k_{dec,Xaa} * X_{aa}$
15	Descomposición de X_{fa}	$\rho_{15} = k_{dec,Xfa} * X_{fa}$
16	Descomposición de X_{c4}	$\rho_{16} = k_{dec,Xc4} * X_{c4}$
17	Descomposición de X_{pro}	$\rho_{17} = k_{dec,Xpro} * X_{pro}$
18	Descomposición de X_{ac}	$\rho_{18} = k_{dec,Xac} * X_{ac}$
19	Descomposición de X_{H2}	$\rho_{19} = k_{dec,Xh2} * X_{h2}$

Fuente: adaptado de [100]

Las tasas cinéticas son necesarias para calcular la razón volumétrica de generación de masa (ρ_x) de los balances de masa y representan la razón de crecimiento microbiano. Note que las tasas cinéticas con $j=1:4$ son de primer orden (procesos de desintegración e hidrólisis), las de $j=5:12$ son cinéticas de Monod (procesos de consumo de biomasa) y las $j=13:19$ son cinéticas de decaimiento o muerte.

Donde k_{dis} es la tasa de desintegración de los compuestos complejos, k_{hyd} son las tasas de hidrólisis de las macromoléculas (carbohidratos, proteína y lípidos)

para la formación de compuestos más simples como azúcares, aminoácidos y ácidos grasos de cadena larga, k_m son las tasas máximas de crecimiento microbiano y k_{dec} es la constante de respiración endógena la cual hace referencia a la tasa de descomposición de los microorganismos en tasas cinéticas de primer orden [101]. Estas tasas cinéticas se integran al modelo mediante la última columna de la matriz Petersen. En los procesos de consumo (con $i=5:12$), la variable es la concentración del grupo microbiano que consume el sustrato y que se ve afectado por la inhibición I_j .

3.3.4.2. Tasas cinéticas de la transferencia de gas

Como se mencionó previamente, estas tasas simulan la generación del hidrógeno, el metano y el dióxido de carbono como producto de la DA. Para las ecuaciones mostradas en la tabla 3.12, $K_L a$ es el coeficiente de transferencia de masa multiplicado por el área específica de transferencia (por defecto 200 d¹), K_H son las constantes de Henry para los tres gases (H_2 , CH_4 y CO_2) y P_{gas} hace referencia a sus presiones parciales.

Tabla 3.12. Tasas cinéticas de la transferencia de gas

$$\rho_{T,8} = K_L a \left(S_{h2} - 16 * K_{H,h2} P_{gas,h2} \right)$$

$$\rho_{T,9} = K_L a \left(S_{ch4} - 64 * K_{H,ch4} P_{gas,ch4} \right)$$

$$\rho_{T,10} = K_L a \left(S_{co2} - K_{H,co2} P_{gas,co2} \right)$$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.4.3. Factores de inhibición en los procesos bioquímicos

Los factores de inhibición afectan directamente a los procesos de consumo de biomasa $j=5:12$ presentados en la tabla 3.13 y en la matriz Petersen. Estos a su vez incluyen diferentes tipos de inhibiciones como por variación del pH fuera del rango recomendado (I_{pH}), por limitación de nitrógeno ($I_{IN,lim}$) y

por procesos no competitivos de concentraciones muy altas de especies inhibitorias como el amoniaco (I_{nh3}) o el hidrógeno (I_{h2}).

Tabla 3.13. Factores de inhibición en los procesos de consumo de biomasa

Descripción	Inhibición
Inhibiciones I_j usadas en la matriz Petersen	$I_{5,6} = I_{pH,aa} * I_{IN,lim}$
	$I_7 = I_{pH,aa} * I_{IN,lim} * I_{h2,fa}$
	$I_{8,9} = I_{pH,aa} * I_{IN,lim} * I_{h2,c4}$
	$I_{10} = I_{pH,aa} * I_{IN,lim} * I_{h2,pro}$
	$I_{11} = I_{pH,ac} * I_{IN,lim} * I_{nh3}$
	$I_{12} = I_{pH,h2} * I_{IN,lim}$

Fuente: adaptado de [100]

Como se puede observar en la tabla 3.13, los factores de I_{pH} y de $I_{IN,lim}$ afectan los procesos 5 a 12 de la matriz Petersen, es decir, los de consumo de biomasa. La inhibición por altas concentraciones de hidrógeno (I_{h2}) impacta en los procesos de consumo de ácidos grasos de cadena larga, valerato, butirato y propionato. Por su parte, el amoniaco libre (I_{nh3}) solo afecta el proceso de consumo del acetato (j=11). La definición de estos factores puede ser consultada en las siguientes subsecciones.

3.3.4.4. Factores de inhibición no competitiva y de limitación de nitrógeno

Para las ecuaciones mostradas en la tabla 3.14, $K_{I,h2,fa}$, $K_{I,h2,pro}$ y $K_{I,h2,c4}$ son los parámetros para los cuales el hidrógeno inhibe en un 50% a los procesos consumidores de ácidos grasos, propionato y valerato, respectivamente. Mientras que $K_{I,nh3}$ es el parámetro para la inhibición por presencia de amoniaco.

Tabla 3.14. Factores de inhibición en los procesos bioquímicos

Descripción	Inhibición
Inhibición por limitación de nitrógeno	$I_{IN,lim} = \frac{1}{1 + \frac{K_{S,IN}}{S_{IN}}}$
Procesos inhibitorios no competitivos por acumulación de hidrógeno	$I_{h2,fa} = \frac{1}{1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,fa}}}$
Procesos inhibitorios no competitivos por acumulación de hidrógeno	$I_{h2,c4} = \frac{1}{1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,c4}}}$
Proceso inhibitorio no competitivo por amoniaco	$I_{nh3} = \frac{1}{1 + \frac{S_{nh3}}{K_{I,nh3}}}$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.4.5. Inhibición por variación de pH

La implementación realizada en [100] usa la función Hill de inhibición basada en la concentración del ion hidronio (SH_+) para calcular $I_{pH,w}$ (con $w = aa, ac$ y h_2) y establecer la inhibición cuando el pH es inferior al rango propuesto. Esta función reduce el riesgo de inestabilidades numéricas y en la tabla 3.15 $pH_{UL,w}$ es el límite superior de inhibición por pH en el proceso de consumo de w (siendo $w = aa, ac$ y h_2) y $pH_{LL,w}$, el inferior.

Tabla 3.15. Factores de inhibición por variación de pH

Inhibición
$pH_{lim,aa} = 10^{-(pH_{UL,aa} - pH_{LL,aa})/2}$
$pH_{lim,ac} = 10^{-(pH_{UL,ac} - pH_{LL,ac})/2}$
$pH_{lim,h2} = 10^{-(pH_{UL,h2} - pH_{LL,h2})/2}$
$n_{aa} = 3 / (pH_{UL,aa} - pH_{LL,aa})$
$n_{ac} = 3 / (pH_{UL,ac} - pH_{LL,ac})$
$n_{h2} = 3 / (pH_{UL,h2} - pH_{LL,h2})$
$I_{pH,aa} = \frac{pH_{lim,aa}^{n_{aa}}}{(SH_+^{n_{aa}}) + pH_{lim,aa}^{n_{aa}}}$
$I_{pH,ac} = \frac{pH_{lim,ac}^{n_{ac}}}{(SH_+^{n_{ac}}) + pH_{lim,ac}^{n_{ac}}}$
$I_{pH,h2} = \frac{pH_{lim,h2}^{n_{h2}}}{(SH_+^{n_{h2}}) + pH_{lim,h2}^{n_{h2}}}$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.4.6. Ecuaciones diferenciales de concentraciones solubles

Estas ecuaciones mostradas en la tabla 3.16 corresponden a los balances de masa de las concentraciones solubles presentadas en la matriz Petersen, donde se incluyen las razones de reacción de cada componente.

Tabla 3.16. Ecuaciones diferenciales concentraciones solubles

<i>i</i>	Concentración	Ecuación
1	Monosacáridos	$\frac{dS_{su}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{su,in} - S_{su}) + \rho_2 + ((1 - f_{fa,li})\rho_4) - \rho_5$
2	Aminoácidos	$\frac{dS_{aa}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{aa,in} - S_{aa}) + \rho_3 - \rho_6$
3	Ácidos grasos de cadena larga	$\frac{dS_{fa}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{fa,in} - S_{fa}) + f_{fa,li}\rho_4 - \rho_7$
4	Valerato total	$\frac{dS_{va}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{va,in} - S_{va}) + ((1 - Y_{aa})f_{va,aa}\rho_6) - \rho_8$
5	Butirato total	$\begin{aligned} \frac{dS_{bu}}{dt} = & \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{bu,in} - S_{bu}) + ((1 - Y_{su})f_{bu,su}\rho_5) \\ & + ((1 - Y_{aa})f_{va,aa}\rho_6) - \rho_9 \end{aligned}$
6	Propionato total	$\begin{aligned} \frac{dS_{pro}}{dt} = & \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{pro,in} - S_{pro}) + ((1 - Y_{pro})f_{pro,su}\rho_5) \\ & + ((1 - Y_{aa})f_{pro,aa}\rho_6) + ((1 - Y_{c4})0,54\rho_8) - \rho_{10} \end{aligned}$
7	Acetato total	$\begin{aligned} \frac{dS_{ac}}{dt} = & \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{ac,in} - S_{ac}) + ((1 - Y_{su})f_{ac,su}\rho_5) + \\ & ((1 - Y_{aa})f_{ac,aa}\rho_6) + ((1 - Y_{fa})0,7\rho_7) + ((1 - Y_{c4})0,31\rho_8) \\ & + ((1 - Y_{c4})0,8\rho_9) + ((1 - Y_{pro})0,57\rho_{10}) - \rho_{11} \end{aligned}$
8	Gas de hidrógeno	$\begin{aligned} \frac{dS_{h2}}{dt} = & \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{h2,in} - S_{h2}) + ((1 - Y_{su})f_{h2,su}\rho_5) + \\ & ((1 - Y_{aa})f_{h2,aa}\rho_6) + ((1 - Y_{fa})0,3\rho_7) + ((1 - Y_{c4})0,15\rho_8) \\ & + ((1 - Y_{c4})0,2\rho_9) + ((1 - Y_{pro})0,43\rho_{10}) - \rho_{12} - \rho_{T,8} \end{aligned}$

9	Metano	$\frac{dS_{ch4}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{ch4,in} - S_{ch4}) + ((1 - Y_{ac}) \rho_{11}) + ((1 - Y_{h2}) \rho_{12}) - \rho_{T,9}$
10	Carbono inorgánico	$\frac{dS_{IC}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{IC,in} - S_{IN}) - \sum_{j=1}^{19} \left(\sum_{i=1-9,11-24} C_i v_{i,j} \rho_j \right) - \rho_{T,10}$
11	Nitrógeno inorgánico	$\begin{aligned} \frac{dS_{IN}}{dt} &= \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{IN,in} - S_{IN}) - Y_{su} N_{bac} \rho_5 + (N_{aa} - Y_{aa} N_{bac}) \\ &\quad \rho_6 - Y_{fa} N_{bac} \rho_7 - Y_{c4} N_{bac} \rho_8 - Y_{c4} N_{bac} \rho_9 - Y_{pro} N_{bac} \rho_{10} \\ &\quad - Y_{ac} N_{bac} \rho_{11} - Y_{h2} N_{bac} \rho_{12} + (N_{bac} - N_{xc}) \sum_{i=13}^{19} \rho_i + \\ &\quad (N_{xc} - f_{xI,xc} N_I - f_{sl,xc} N_I - f_{pr,xc} N_{aa}) \rho_1 \end{aligned}$
12	Inertes solubles	$\frac{dS_I}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} (S_{I,in} - S_I) - f_{sl,xc} \rho_1$

Fuente: adaptado de [100]

Note que para las concentraciones de carbono (S_{IC}) y de nitrógeno inorgánico (S_{IN}) se realizan cálculos adicionales [100]. Esto se debe a que el carbono puede ser producido como subproducto del metabolismo de los microrganismos o puede ser ingresado directamente al sistema (ver tabla 3.17), donde C_i es el contenido de carbono del componente i , $v_{i,j}$ es el coeficiente estequiométrico y ρ_j la tasa cinética. Dentro de cada proceso bioquímico el componente S_{IC} compensa la diferencia en los contenidos de carbono y mantiene el balance de masa.

Tabla 3.17. Ecuaciones adicionales para cerrar el balance de carbono

$\sum_{j=1}^{19} \left(\sum_{i=1-9,11-24} C_i v_{i,j} \rho_j \right) = \sum_{k=1}^{12} s_k \rho_k + s_{13} (\rho_{13} + \rho_{14} + \rho_{15} + \rho_{16} + \rho_{17} + \rho_{18} + \rho_{19})$
<p>La primera sumatoria $\sum_{k=1}^{12} s_k \rho_k$ hace referencia al carbono consumido por los microorganismos (se debe recordar que hasta el proceso $j=12$ en la matriz Petersen los procesos son de consumo de biomasa) y la segunda parte está relacionada con el carbono liberado por la muerte o decaimiento de las poblaciones bacterianas.</p>
$s_1 = -C_{xc} + f_{xl,xc} C_{sl} + f_{ch,xc} C_{ch} + f_{pr,xc} C_{pr} + f_{li,xc} C_{li} + f_{xl,xc} C_{xl}$
$s_2 = -C_{ch} + C_{su}$
$s_3 = -C_{pr} + C_{aa}$
$s_4 = -C_{li} + (1 - f_{fa,li}) C_{su} + f_{fa,li} C_{fa}$
$s_5 = -C_{su} + (1 - Y_{su}) + (f_{bu,su} C_{bu} + f_{pro,su} C_{pro} + f_{ac,su} C_{ac}) + Y_{su} C_{bac}$
$s_6 = -C_{aa} + (1 - Y_{aa}) + (f_{va,aa} C_{va} + f_{bu,aa} C_{bu} + f_{pro,aa} C_{pro} + f_{ac,aa} C_{ac}) + Y_{aa} C_{bac}$
$s_7 = -C_{fa} + (1 - Y_{fa}) 0,7 C_{ac} + Y_{fa} C_{bac}$
$s_8 = -C_{va} + (1 - Y_{c4}) 0,54 C_{pro} + (1 - Y_{c4}) 0,31 C_{ac} + Y_{c4} C_{bac}$
$s_9 = -C_{bu} + (1 - Y_{c4}) 0,8 C_{ac} + Y_{c4} C_{bac}$
$s_{10} = -C_{pro} + (1 - Y_{pro}) 0,57 C_{ac} + Y_{pro} C_{bac}$
$s_{11} = -C_{ca} + (1 - Y_{ac}) C_{ch4} + Y_{ac} C_{bac}$
$s_{12} = (1 - Y_{h2}) C_{ch4} + Y_{h2} C_{bac}$
$s_{13} = -C_{bac} + C_{xc}$

Fuente: adaptado de [100]

Con el nitrógeno inorgánico es necesario hacer el mismo procedimiento. No obstante, este resulta más sencillo que en el caso del carbono, ya que las especies que contienen nitrógeno en el modelo son solamente las proteínas, los

aminoácidos y la biomasa generada. En consecuencia, los coeficientes para el balance de nitrógeno se obtienen de la siguiente expresión:

$$V_{IN,j} = v_{aa,j} N_{aa} - Y_j N_{bac}$$

Donde $V_{IN,j}$ es el coeficiente de los procesos j que contienen nitrógeno; $v_{aa,j}$ es el coeficiente de los aminoácidos en los procesos j , Y_j es la biomasa producida en el proceso j , N_{bac} es el contenido de nitrógeno en los siete grupos de bacterias que tiene en cuenta el modelo y N_{aa} el contenido de nitrógeno de los aminoácidos.

3.3.4.7. Ecuaciones diferenciales de concentraciones particuladas

Las ecuaciones de la tabla 3.18 son los balances de masa de las concentraciones particuladas presentadas en la matriz Petersen, donde se incluyen las razones de reacción de cada componente.

Tabla 3.18. Ecuaciones diferenciales de las concentraciones particuladas

i	Componentes	Ecuación
13	Compuestos complejos	$\frac{dX_c}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{c,in} - X_c) - \rho_1 + \sum_{i=13}^{19} \rho_i$
14	Carbohidratos	$\frac{dX_{ch}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{ch,in} - X_{ch}) + f_{ch,xc}\rho_1 - \rho_2$
15	Proteínas	$\frac{dX_{pr}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{pr,in} - X_{pr}) + f_{pr,xc}\rho_1 - \rho_3$
16	Lípidos	$\frac{dX_{li}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{li,in} - X_{li}) + f_{li,xc}\rho_1 - \rho_4$
17	Consumidores de azúcares	$\frac{dX_{su}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{su,in} - X_{su}) + Y_{su}\rho_5 - \rho_{13}$
18	Consumidores de aminoácidos	$\frac{dX_{aa}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{aa,in} - X_{aa}) + Y_{aa}\rho_6 - \rho_{14}$

<i>i</i>	Componentes	Ecuación
19	Consumidores de LCFA	$\frac{dX_{fa}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{fa,in} - X_{fa}) + Y_{fa}\rho_7 - \rho_{15}$
20	Consumidores de valerato y butirato	$\frac{dX_{c4}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{c4,in} - X_{fa}) + Y_{c4}\rho_8 + Y_{c4}\rho_9 - \rho_{16}$
21	Consumidores de propionato	$\frac{dX_{pro}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{pro,in} - X_{pro}) + Y_{pro}\rho_{10} - \rho_{17}$
22	Consumidores de acetato	$\frac{dX_{ac}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{ac,in} - X_{ac}) + Y_{ac}\rho_{11} - \rho_{18}$
23	Consumidores de hidrógeno	$\frac{dX_{h2}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{h2,in} - X_{h2}) + Y_{h2}\rho_{12} - \rho_{19}$
24	Particulados inerte	$\frac{dX_I}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(X_{I,in} - X_I) + f_{xI,xc}\rho_1$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.4.8. Ecuaciones algebraicas para el cálculo de pH

En la tabla 3.19, θ es la ecuación de balance de carga; S_{cat^+} y S_{an^-} son las concentraciones de cationes y aniones, respectivamente (ver tabla 3.20). $S_{nh4^+}, S_{HCO_3^-}, S_{ac^-}, S_{pro^-}, S_{bu^-}, S_{va^-}$ son los estados iónicos que deben ser determinados de acuerdo con la implementación realizada —con DAE ver tabla 3.21; con ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE) ver tabla 3.25—.

Tabla 3.19. Ecuaciones algebraicas para el cálculo de pH y de los procesos ácido base

$\theta = S_{cat^+} + S_{nh4^+} - S_{HCO_3^-} - \frac{S_{ac^-}}{64} - \frac{S_{pro^-}}{112} - \frac{S_{bu^-}}{160} - \frac{S_{va^-}}{208} - S_{an^-}$
$S_{H^+} = \frac{-\theta}{2} + \frac{1}{2}\sqrt{\theta^2 + 4K_w}$
$S_{nh4^+} = S_{IN} - S_{nh3}$
$S_{co2} = S_{IC} - S_{hco^-}$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.4.9. Ecuaciones diferenciales de cationes y aniones

Tabla 3.20. Ecuaciones diferenciales de cationes y aniones

$\frac{S_{cat^+}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \left(S_{cat^+,in} - S_{cat^+} \right)$
$\frac{S_{an^-}}{dt} = \frac{q_{in}}{V_{liq}} \left(S_{an^-,in} - S_{an^-} \right)$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.4.10. Ecuaciones de los estados iónicos para la implementación con DAE

En caso de usar DAE es necesario calcular los estados iónicos de la siguiente manera para luego determinar la ecuación de balance de carga $E(S_{H^+,k})$.

Tabla 3.21. Ecuaciones de los estados iónicos para la implementación con DAE

$S_{OH^-} = \frac{K_w}{S_{H^+}}$
$S_{va^-} - \frac{K_{a,va} * S_{va,total}}{K_{a,va} + S_{H^+}} = 0$
$S_{bu^-} - \frac{K_{a,bu} * S_{bu,total}}{K_{a,bu} + S_{H^+}} = 0$
$S_{pro^-} - \frac{K_{a,pro} * S_{pro,total}}{K_{a,pro} + S_{H^+}} = 0$
$S_{ac^-} - \frac{K_{a,ac} * S_{ac,total}}{K_{a,ac} + S_{H^+}} = 0$
$S_{HCO_3^-} - \frac{K_{a,co_2} * S_{IC}}{K_{a,co_2} + S_{H^+}} = 0$
$S_{NH_4^+} - \frac{S_{H^+} * S_{IN}}{K_{a,NH_4} + S_{H^+}} = 0$

$$\boxed{\begin{aligned} S_{CO_3^{2-}} - \frac{K_{a,HCO_3^-} * S_{HCO_3^-}}{K_{a,HCO_3^-} + S_{H^+}} &= 0 \\ S_{IC} - S_{CO_2} - S_{HCO_3^-} - S_{CO_3^{2-}} &= 0 \\ S_{IN} - S_{NH_3} - S_{NH_4^+} &= 0 \end{aligned}}$$

Fuente: adaptado de [100]

Se debe tener en cuenta que estos estados iónicos son derivados con respecto a S_{H^+} para realizar el método iterativo de Newton Raphson (ver sección 4.1). Para ilustrar el procedimiento se presentan ejemplos de las primeras derivadas de las concentraciones de S_{va^-} y S_{OH^-} , respectivamente

$$(S_{va^-})' = -\frac{K_{a,va} * S_{va,total}}{(K_{a,va} + S_{H^+})^2}$$

$$(S_{OH^-})' = -\frac{K_w}{(S_{H^+})^2}$$

3.3.4.11. Ecuaciones diferenciales de la fase gaseosa

Las ecuaciones de la fase gaseosa se dividen en diferenciales (tabla 3.22) y algebraicas (tabla 3.23):

Tabla 3.22. Ecuaciones diferenciales de la fase gaseosa

Descripción	Ecuación
Gas de hidrógeno	$\frac{dS_{gas,h2}}{dt} = -\frac{S_{gas,h2}q_{gas}}{V_{gas}} + \rho_{T,8} * \frac{V_{liq}}{V_{gas}}$
Metano	$\frac{dS_{gas,ch4}}{dt} = -\frac{S_{gas,ch4}q_{gas}}{V_{gas}} + \rho_{T,9} * \frac{V_{liq}}{V_{gas}}$
Dióxido de carbono	$\frac{dS_{gas,co2}}{dt} = -\frac{S_{gas,co2}q_{gas}}{V_{gas}} + \rho_{T,10} * \frac{V_{liq}}{V_{gas}}$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.4.12. Ecuaciones algebraicas de la fase gaseosa

Tabla 3.23. Ecuaciones algebraicas de la fase gaseosa

Descripción	Ecuación
Presión parcial del gas de hidrógeno	$p_{gas,h2} = S_{gas,h2} * \frac{RT_{op}}{16}$
Presión parcial del metano	$p_{gas,ch4} = S_{gas,ch4} * \frac{RT_{op}}{64}$
Presión parcial del dióxido de carbono	$p_{gas,co2} = S_{gas,co2} * \frac{RT_{op}}{1}$
Presión parcial vapor	$p_{gas,H2O} = 0,0313 \exp \left(5290 * \left[\frac{1}{298} - \frac{1}{T} \right] \right)$
Presión total del gas	$P_{gas,total} = p_{gas,h2} + p_{gas,ch4} + p_{gas,co2} + p_{gas,H2O}$
Flujo volumétrico normalizado del gas de salida	$q_{gas} = K_p \left(P_{gas,total} - P_{atm} \right) * \frac{P_{gas,total}}{P_{atm}}$
Cálculo de la composición del biogás	$\%CH_4 = p_{gas,ch4} / P_{gas,total}$ $\%CO_2 = p_{gas,co2} / P_{gas,total}$ $\%H_2O = p_{gas,H2O} / P_{gas,total}$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.5. Ecuaciones del modelo ADM1 con implementación ODE

En esta sección se describen las ecuaciones que componen el ADM1 cuando es estructurado con un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE, por sus siglas en inglés). En este caso, la tabla 3.24 y la tabla 3.25 muestran las ecuaciones de este tipo que se han desarrollado para estimar las tasas cinéticas de las reacciones ácido base y para los estados iónicos, respectivamente.

3.3.5.1. Tasas cinéticas de las reacciones ácido base para la implementación con ODE

Tabla 3.24. Tasas cinéticas de las reacciones ácido base para la implementación con ODE

$\rho_{A,4} = K_{A,Bva} \left(S_{va} - (K_{a,va} + S_{H^+}) - K_{a,va} S_{va} \right)$
$\rho_{A,5} = K_{A,Bbu} \left(S_{bu} - (K_{a,bu} + S_{H^+}) - K_{a,bu} S_{bu} \right)$
$\rho_{A,6} = K_{A,Bpro} \left(S_{pro} - (K_{a,pro} + S_{H^+}) - K_{a,pro} S_{pro} \right)$
$\rho_{A,7} = K_{A,Bac} \left(S_{ac} - (K_{a,ac} + S_{H^+}) - K_{a,ac} S_{ac} \right)$
$\rho_{A,10} = K_{A,Bco2} \left(S_{hco3} - (K_{a,co2} + S_{H^+}) - K_{a,co2} S_{IC} \right)$
$\rho_{A,11} = K_{A,BIN} \left(S_{nh3} - (K_{a,IN} + S_{H^+}) - K_{a,IN} S_{IN} \right)$

Fuente: adaptado de [100]

3.3.5.2. Ecuaciones diferenciales de los estados iónicos para la implementación con ODE

Tabla 3.25. Ecuaciones diferenciales de los estados iónicos para la implementación con ODE

$S_{OH^-} = \frac{K_w}{S_{H^+}}$
$\frac{S_{va^-}}{dt} = -\rho_{A,4}$
$\frac{S_{bu^-}}{dt} = -\rho_{A,5}$
$\frac{S_{pro^-}}{dt} = -\rho_{A,6}$

$$\frac{S_{ac^-}}{dt} = -\rho_{A,7}$$

$$\frac{S_{HCO_3^-}}{dt} = -\rho_{A,10}$$

$$\frac{S_{nh3^-}}{dt} = -\rho_{A,11}$$

Fuente: adaptado de [100]

3.4. Simplificación del modelo ADM1

Como se explicó anteriormente, la correcta caracterización de los residuos es una de las principales dificultades para implementar el ADM1. Esto ha llevado a que varias investigaciones se centren en facilitar la caracterización experimental de los residuos mediante metodologías que simplifiquen la implementación del ADM1 y mejoren su difusión [96], [106], [109]. Dentro de estas, sobresale el procedimiento propuesto por Zaher para la caracterización del sustrato de entrada. Este análisis usa una interfaz basada en la continuidad de las variables de estado y una matriz de transformación que permite al modelo simular cambios dinámicos en los parámetros de entrada [106], [110].

Este modelo transforma un conjunto reducido de mediciones realizadas a un substrato (ver tabla 3.26) en el vector de entrada del ADM1 usando ecuaciones algebraicas que se organizan en una matriz compuesta de coeficientes estequiométricos [106]. Estos coeficientes fueron definidos para mantener el balance de carga y de la DQO para todos los macronutrientes (carbono, hidrógeno, nitrógeno, oxígeno y fósforo) presentes en el modelo [86]. La disminución del número de mediciones necesarias para caracterizar el recurso reduce la complejidad de implementar el modelo ADM1.

Tabla 3.26. Parámetros de entrada al modelo de transformación

Parámetros de entrada al modelo de transformación	Abreviaturas	Unidades
DQO particulada	DQOp	(gDQO m ³)
DQO soluble sin ácidos grasos volátiles	DQOs AGV	(gDQO m ³)
Ácidos grasos volátiles	AGV	(gDQO m ³)
Carbono orgánico total	COT	(gC m ³)
Nitrógeno orgánico total	N _{org}	(gN m ³)
Nitrógeno amoniacal total	TAN	(gN m ³)
Fósforo orgánico	TP orthoP	(gP m ³)
Ortofósfonatos	orthoP	(gP m ³)
Carbono inorgánico total	TIC	(mol HCO ₃ m ³)
Alcalinidad total	Scat	(equ m ³)
Sólidos fijos	FS	(g m ³)
Flujo volumétrico de entrada	Q _{in}	(m ³ /día)

Nota: estos parámetros se obtienen a partir de pruebas de laboratorio como el análisis próximo, la determinación de la DQO y el carbono inorgánico total, entre otras.

Fuente: adaptado de [86]

La matriz de transformación está compuesta por cuatro submatrices, las cuales se muestran en la tabla 3.27. Las dos submatrices inferiores muestran la composición de macronutrientes, la continuidad de la demanda teórica de oxígeno (ThOD) y la alcalinidad esperada de las medidas prácticas (izquierda) y

del ADM1 (derecha); las dos superiores presentan la estequiométrica para las conversiones j de los elementos k que pueden corresponder a las mediciones prácticas (izquierda) o a las entradas del ADM1 (derecha) [86].

Tabla 3.27. Esquema simplificado de la matriz de transformación

Componentes (k)	Medidas prácticas (Ver Tabla 3.26) K=1:11	Concentraciones de entrada al ADM1 K=12:39
Conversiones (j) con $j=1:10$	Matriz de coeficientes estequiométricos V_{ij}	Matriz de coeficientes estequiométricos V_{ij}
Composiciones (i)	Matriz de coeficientes de la composición de macronutrientes, ThOD y alcalinidad de las medidas prácticas	Matriz de coeficientes de la composición de macronutrientes, ThOD y alcalinidad esperada en el ADM1

Fuente: adaptado de [86]

Por su parte, la matriz de transformación completa se muestra en la tabla 3.28. Esta matriz presenta diez procesos de conversión (j) que se caracterizan por el uso de tasas de transformación (ρ_j) y coeficientes estequiométricos ($V_{j,k}$), con los que se determina la cantidad del componente k transformado por unidad de tiempo [111].

Tabla 3.28. Matriz de transformación completa

Componentes k	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	18	21	23	24	25	33	34	35	36	37	38	39
j	DQOp AGV	AGV	COT	Norg	TAN orthoP	TIC orthoP	Scat	FS	Su	Suc	XI	Xch	Xpr	Xli	Seat	SIN	SIC	SIP	SOH	SH+	San			
Conversione:	(gDQO / m ³)	(gDQO / m ³)	(gC / m ³)	(gN / m ³)	(gP / m ³)	(gP / m ³)	(mol / m ³)	(kg DQO / m ³)	(kg DQO / m ³)	(Kmol / m ³)	(Kmol / N / m ³)	(Kmol / C / m ³)	(Kmol / P / m ³)	(Kmol / m ³)										
1	Amonio																							
2	Bicarbonato																							
3	Ortofosfato																							
4	Cationes																							
5	AGV																							
6	Azúcares																							
7	Lípidos	6.457862																						
8	Proteinas	6.857743																						
9	Carbohidratos	1																						
10	Inertes orgánicos	0.990615																						

Fuente: [111]

Nota: los componentes k del ADM1 que no son listados en la matriz de transformación tienen coeficientes estequiométricos de cero porque no son usados en el modelo. Para el ADM1 estos valores de entrada son también iguales a cero.

Fuente: [111]

Para usar este modelo simplificado primero se deben obtener los parámetros de entrada mediante pruebas de laboratorio. Después se debe resolver el sistema de ecuaciones algebraicas generado por la ecuación 3.46 para todos los V_{jk} . Luego se calcula ρ_j despejando la ecuación 3.47. Cuando se tienen los valores de V_{jk} y ρ_j se puede calcular las concentraciones del flujo de salida del modelo de transformación, es decir, las entradas del ADM1 (ver ecuación 3.48).

$$\sum_{k=1}^{P+Q} V_{j,k} * i_{comp,k} = 0; \text{ con } i = ThOD, C, N, HyO \quad (3.46)$$

$$\sum_{j=1}^n V_{j,k} * \rho_j = Afluente_k; \text{ Para } k = 1 : P \quad (3.47)$$

$$Efluente_k = \sum_{j=1}^n V_{j,k} * \rho_j; \text{ Para } k = P + 1 : P + Q \quad (3.48)$$

En estas expresiones matemáticas P es el número de medidas prácticas, el número de conversiones, k son los componentes tanto de medidas prácticas como del ADM1, Q es el número de parámetros del ADM1 y V_{jk} son los coeficientes estequiométricos de la matriz de transformación. La funcionalidad de este modelo de transformación fue probada con 19 tipos de residuos distintos. En esas pruebas se obtuvieron resultados positivos de transformación (correlación > 88 %) en las concentraciones de proteínas, lípidos, carbohidratos y contenidos inertes de los residuos [112]. Adicionalmente, este modelo brinda la posibilidad de incluir varios tipos de residuo y a la vez para realizar su digestión simultánea (codigestión) [86].

4. Implementación computacional del proceso de digestión anaerobia

Para la implementación computacional del modelo ADM1 —completo y simplificado—, además de la formulación matemática presentada en la sección 3.3 es necesario crear algunas subrutinas complementarias para el cálculo del pH y la concentración de hidrógeno. En ambos casos, asumiendo estas concentraciones como reacciones instantáneas, al usar ecuaciones algebraicas y con ayuda de métodos iterativos, se reduce el número de derivadas a calcular en cada tiempo de muestreo. De esta manera, se reduce la rigidez del modelo y se mejoran los tiempos de computo sin afectar en gran medida los resultados del ADM1. Bajo estas consideraciones es importante mencionar que los procesos computacionales descritos en este capítulo fueron implementados y validados en MATLAB® y MATLAB-Simulink®.

4.1. Subrutina para el cálculo del pH

La simplificación propuesta por Rosen & Jeppsson en [100] para reducir la rigidez del ADM1 y mejorar el tiempo de simulación sugiere que para calcular el pH se debe solucionar un sistema de ecuaciones algebraicas. Este sistema es no lineal, por lo que se usa un método iterativo como el Newton Raphson, el cual está basado en la ecuación (4.1) para calcular $S_{H^+,k}$ a partir de la suma de todas las cargas:

$$S_{H^+,k+1} = S_{H^+,k} - \frac{E(S_{H^+,k})}{(dE(S_{H^+})/dS_{H^+})/_{SH^+,k}} \quad (4.1)$$

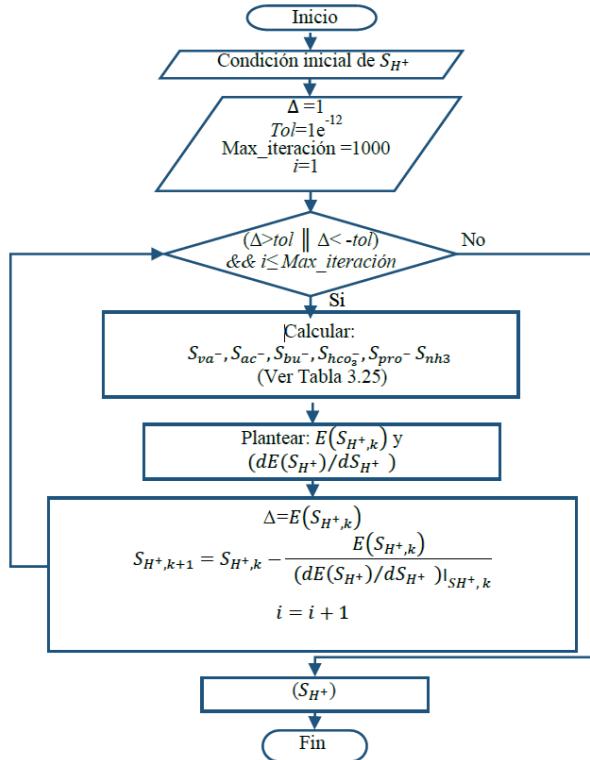
En esta expresión $S_{H^{+},k+1}$ es la concentración del ion hidronio en la iteración, $k+1$, $E(S_{H^{+}})$ es el valor de la ecuación algebraica que debe alcanzar el equilibrio de carga, es decir cuando el balance sea cero. En este caso, para obtener la ecuación (4.2) se despeja la ecuación (3.26) en términos de θ y luego esta se reemplaza en la ecuación (3.25). Por otro lado, $dE(S_{H^{+}})/dS_{H^{+}}$ es la primera derivada de la ecuación (4.2) con respecto a $S_{H^{+}}$ (ver ecuación 4.3) [24].

$$E(S_{H^{+}}) = S_{cat^{+}} + S_{nh4^{+}} + S_{H^{+}} - S_{HCO_3^{-}} - \frac{S_{ac^{-}}}{64} - \frac{S_{pro^{-}}}{112} - \frac{S_{bu^{-}}}{160} - \frac{S_{va^{-}}}{208} - \frac{K_w}{S_{H^{+}}} - S_{an^{-}} \quad (4.2)$$

$$\begin{aligned} dE(S_{H^{+}})/dS_{H^{+}} = & 1 + \frac{K_{a,IN} * S_{IN}}{(K_{a,IN} + S_{H^{+}})^2} + \frac{K_{a,CO2} * S_{IC}}{(K_{a,co2} + S_{H^{+}})^2} + \frac{1}{64} * \frac{K_{a,ac} * S_{ac}}{(K_{a,ac} + S_{H^{+}})^2} + \frac{1}{112} \\ & * \frac{K_{a,pro} * S_{pro}}{(K_{a,pro} + S_{H^{+}})^2} + \frac{1}{160} * \frac{K_{a,bu} * S_{bu}}{(K_{a,bu} + S_{H^{+}})^2} + \frac{1}{208} * \frac{K_{a,va} * S_{va}}{(K_{a,va} + S_{H^{+}})^2} + \frac{K_w}{(S_{H^{+}})^2} \end{aligned} \quad (4.3)$$

Para este caso, normalmente se requieren solo dos o tres iteraciones para resolver la ecuación en un instante de tiempo determinado [100]. El flujo-grama del proceso completo puede verse en la figura 4.1, donde se definen algunos criterios y restricciones adicionales para evitar que las iteraciones sean infinitas, tales como un máximo número de iteraciones y una condición de convergencia con un valor de tolerancia de 1×10^{12} . Todo esto se encuentra definido usando estados discretos y es programado en la S function “Cal_pH.c”, mostrada en la figura 4.1. En esta subrutina el valor de $S_{H^{+}}$ es actualizado en cada tiempo de muestreo de Simulink® y debido a la estructura propia de las S function es necesario volver a asignar los valores del vector “Parámetros” a sus respectivas variables dentro del código y ajustar de nuevo los que lo requieran por temperatura.

Figura 4.1. Diagrama de la subrutina “Cal_pH”. Basado en la implementación de Rosen & Jeppsson [100]



Fuente: elaboración propia

4.2. Subrutina para el cálculo de la concentración de hidrógeno SH_2

De manera similar al cálculo del pH, la concentración de hidrógeno es reducida a ecuaciones algebraicas que se solucionan con métodos iterativos. En este caso el método se basa en la ecuación 4.4 que tiene la misma estructura que la usada para el cálculo del pH:

$$S_{h2,k+1} = S_{h2,k} - \frac{E(S_{h2,k})}{(dE(S_{h2}))/dS_{h2})|_{S_{h2,k}}} \quad (4.4)$$

En este caso el balance de masa de la concentración $i=8$ se convierte en $E(S_{h2,k})$ (ver ecuación 4.5) y $(dE(S_{h2}))/dS_{h2}$ es su primera derivada con

respecto S_{h2} (ver ecuación 4.6). En la ecuación 4.5 las tasas cinéticas ρ_5 y ρ_6 no están relacionadas con S_{h2} por lo que al derivarlas se convierten en cero.

$$E(S_{h2,k}) = \frac{q_{in}}{V_{liq}}(S_{h2,in} - S_{h2}) + ((1 - Y_{su})f_{h2,su}\rho_5) + ((1 - Y_{aa})f_{h2,aa}\rho_6) + ((1 - Y_{fa})0,3\rho_7) \\ + ((1 - Y_{c4})0,15\rho_8) + ((1 - Y_{c4})0,2\rho_9) + ((1 - Y_{pro})0,43\rho_{10}) - \rho_{12} - \rho_{T,8} \quad (4.5)$$

$$dE(S_{h2})/dS_{h2} = -\frac{q_{in}}{V_{liq}} - 0,3 * (1 - Y_{fa}) * K_{m,fa} * \frac{S_{fa} * X_{fa}}{K_{s,fa} + S_{fa}} * \frac{I_{pH,aa}}{1 + \frac{K_{s,IN}}{S_{IN}}} * \frac{1}{\left(1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,fa}}\right)^2} * \frac{1}{K_{I,h2,fa}}$$

$$-0,15 * (1 - Y_{c4}) * K_{m,c4} * \frac{S_{va}^2}{K_{s,c4} + S_{va}} * \frac{X_{c4}}{S_{bu} + S_{va}} * \frac{I_{pH,aa}}{1 + \frac{K_{s,IN}}{S_{IN}}} * \frac{1}{\left(1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,c4}}\right)^2} * \frac{1}{K_{I,h2,c4}}$$

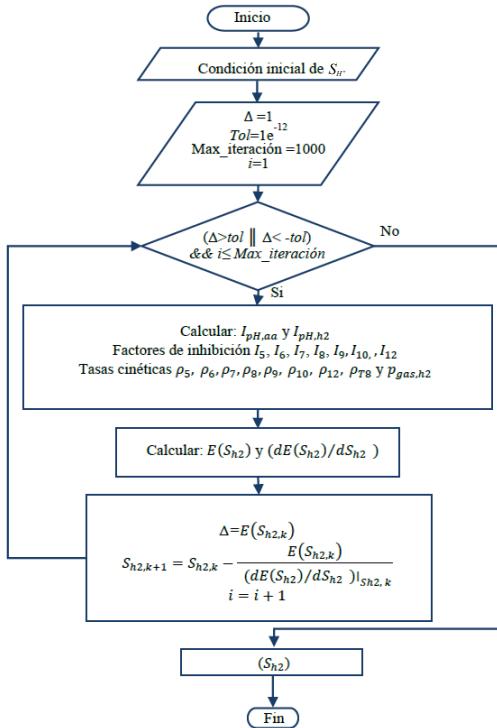
$$-0,2 * (1 - Y_{c4}) * K_{m,c4} * \frac{S_{bu}^2}{K_{s,c4} + S_{bu}} * \frac{X_{c4}}{S_{bu} + S_{va}} * \frac{I_{pH,aa}}{1 + \frac{K_{s,IN}}{S_{IN}}} * \frac{1}{\left(1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,c4}}\right)^2} * \frac{1}{K_{I,h2,c4}} \quad (4.6)$$

$$-0,43 * (1 - Y_{pro}) * K_{m,pro} * \frac{S_{pro} * X_{pro}}{K_{s,pro} + S_{pro}} * \frac{I_{pH,aa}}{1 + \frac{K_{s,IN}}{S_{IN}}} * \frac{1}{\left(1 + \frac{S_{h2}}{K_{I,h2,pro}}\right)^2} * \frac{1}{K_{I,h2,pro}}$$

$$-\frac{K_{m,h2} * X_{h2}}{K_{s,h2} + S_{h2}} * \frac{I_{pH,h2}}{1 + \frac{K_{s,IN}}{S_{IN}}} + \frac{K_{m,h2} * S_{h2}}{\left(K_{s,h2} + S_{h2}\right)^2} * \frac{I_{pH,aa} * X_{h2}}{1 + \frac{K_{s,IN}}{S_{IN}}} - K_{La}$$

La ecuación 4.6 es bastante extensa debido a que $E(S_{h2,k})$ depende de varias tasas cinéticas y estas a su vez incluyen casi todos los factores de inhibición. Este método es programado en la S function “Cal_S_{h2}” donde se deben volver a calcular los factores de inhibición y algunas tasas cinéticas para poder determinar el nuevo valor de S_{h2}. En la figura 4.2 se presenta el diagrama completo de esta subrutina.

Figura 4.2. Diagrama de la subrutina “Cal_Sh2”. Basado en la implementación de Rosen & Jeppsson [100]



Fuente: elaboración propia

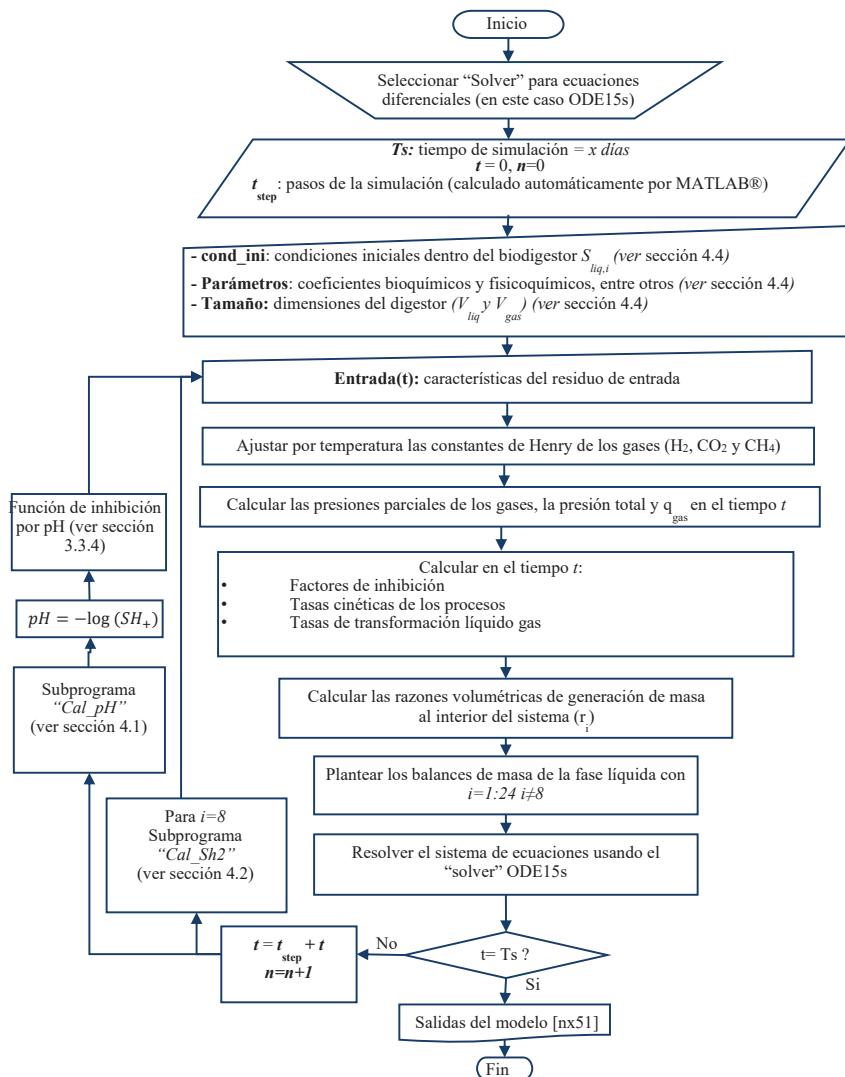
4.3. Algoritmos de cómputo para la DA

El ADM1 fue implementado dentro de una interfaz de usuario (GUI) en MATLAB/Simulink®, basándose en la investigación desarrollada en [100] y con la colaboración de Doctor Ulf Jeppsson, PhD de la Universidad de Lund, Suecia. Al igual que las sub-rutinas presentadas en la sección anterior, esta implementación usa bloques S functions que le permiten a Simulink® acceder a las ecuaciones diferenciales del modelo escritas en lenguaje C y previamente compiladas como archivo “.MEX”. Con esto se logra que el sistema de ecuaciones sea resuelto para cada instante de la simulación [101].

Para la conversión de unidades y el cálculo de la composición del biogás se usaron los bloques tradicionales de Simulink® junto con scripts (archivos.m). Adicionalmente, debido al gran número variables de entrada, condiciones

iniciales y parámetros bioquímicos y fisicoquímicos se decidió crear una máscara y una interfaz para facilitar el ingreso de los datos y la visualización de los resultados. El algoritmo que sigue esta implementación es presentado en la figura 4.3, y la descripción de la interfaz desarrollada se presentará en el siguiente capítulo.

Figura 4.3. Diagrama de la implementación del ADM1



Fuente: elaboración propia

Esta implementación posee cuatro vectores básicos de entrada los cuales se muestran en la sección 4.4. El primer vector es llamado *Entrada* y contiene las concentraciones del residuo de entrada en función del tiempo. El segundo, llamado *Cond_ini*, reúne las concentraciones iniciales del sustrato dentro del biodigestor, asociadas con el inoculo usado (sustrato en estado estable). El tercer vector, llamado *Parámetros*, incluye todos los parámetros estequiométricos, bioquímicos y fisicoquímicos del modelo. Por último, se encuentra el vector llamado *Tamano* en el cual se especifican las dimensiones del biodigestor.

Con todos estos datos de entrada se procede a plantear el sistema de ecuaciones diferenciales que está compuesto por los balances de masa de las 29 variables de estado, por todas las tasas cinéticas de los procesos bioquímicos, por el balance de carga y por las tasas de transferencia líquido gas. Adicionalmente, el solucionador (*Solver*) de MATLAB® elegido para resolver el sistema matemático compuesto de ecuaciones algebraicas y diferenciales es el ODE15s, el cual está diseñado para sistemas que presenten alta rigidez y bajos valores de tolerancia [113].

Teniendo en cuenta el complejo sistema de ecuaciones y el gran número de variables del modelo es necesario tener en cuenta que la implementación del ADM1 requiere un considerable esfuerzo computacional, por lo que se debe simular en un equipo capaz de manejar esta carga numérica. Además, si se tiene en cuenta que las reacciones bioquímicas ocurren lentamente (días) y las fisicoquímicas rápidamente (minutos o segundos), se produce una restricción numérica dentro del sistema que es conocida como rigidez [24], [103]. Esto presenta un problema ya que si se usan pasos de simulación (*step-size*) muy largos, no se tendrá un resultado claro de los procesos más rápidos y si se usan tiempos cortos existirá un nivel de detalle innecesario en los procesos lentos, lo cual generará una carga numérica sobre la plataforma de simulación.

Además de estas consideraciones, el ADM1 presenta algunos obstáculos previos a su implementación, ya que requiere una definición detallada del sustrato de entrada. Sin embargo, esta caracterización es un proceso complejo debido al número de entradas del modelo, a la naturaleza heterogénea de los residuos (especialmente las de carbohidratos, proteínas y lípidos) y a la falta de un protocolo estándar de laboratorio [112], [114]. Por tanto, es necesario establecer las características de los residuos pecuarios, así como los parámetros necesarios para la implementación del ADM1 [38].

4.4. Variables de entrada y condiciones iniciales para implementar el modelo ADM1

En esta sección se sintetizan todas las variables de entrada, las condiciones iniciales y los parámetros definidos para implementar computacionalmente el ADM1. En este sentido, entre la tabla 4.1 y la tabla 4.5 se presentan los datos base extractados de diversas fuentes, en especial [63], [100]. Inicialmente, la tabla 4.1 corresponde al vector entrada del modelo y representa las características del sustrato de entrada.

Tabla 4.1. Características del sustrato de entrada (aguas residuales en el caso base)

Variable	Valor	Unidades	Descripción
Ssu _{in}	0,01	(kg COD/m ³)	Concentración soluble de monosacáridos
Saa _{in}	0,001	(kg COD/m ³)	Concentración soluble de aminoácidos
Sfa _{in}	0,001	(kg COD/m ³)	Concentración soluble LCFA
Sva _{in}	0,001	(kg COD/m ³)	Concentración soluble valerato total
Sbu _{in}	0,001	(kg COD/m ³)	Concentración soluble butirato total
Spro _{in}	0,001	(kg COD/m ³)	Concentración soluble propianato total
Sac _{in}	0,001	(kg COD/m ³)	Concentración soluble acetato total
Sh2 _{in}	1e 8	(kg COD/m ³)	Concentración soluble de hidrógeno
Sch4 _{in}	1e 5	(kg COD/m ³)	Concentración soluble de metano
SIC _{in}	0,04	(KmolC/m ³)	Concentración soluble de carbono inorgánico
SIN _{in}	0,01	(KmolN/m ³)	Concentración soluble de nitrógeno inorgánico
SI _{in}	0,02	(kg COD/m ³)	Concentración soluble de inertes solubles
XC _{in}	2	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de compuestos complejos
Xch _{in}	5	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de carbohidratos
Xpr _{in}	20	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de proteínas
Xli _{in}	5	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de lípidos
Xsu _{in}	0	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de azúcares

Variable	Valor	Unidades	Descripción
Xaa _{in}	0,01	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de aminoácidos
Xfa _{in}	0,01	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de LCFA
Xc4 _{in}	0,01	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de valerato y butirato
Xpro _{in}	0,01	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de propionato
Xac _{in}	0,01	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de acetato
Xh2 _{in}	0,01	(kg COD/m ³)	Concentración particulada de hidrógeno
XI _{in}	25	(kg COD/m ³)	Concentración particulados inertes
Scat _{in}	0,04	(Kmol/m ³)	Concentración de cationes de bases fuertes [equivalentes]
San _{in}	0,02	(Kmol/m ³)	Concentración de cationes de ácidos fuertes [equivalentes]
Qad	170	(m ³ /d)	Caudal de entrada
Top	35	(°C)	Temperatura de operación

Fuente: [63], [100]

Por su parte, la tabla 4.2, compone el vector “Cond_ini” del modelo e incluye los valores iniciales del sustrato dentro del biodigestor.

Tabla 4.2. Condiciones iniciales del sustrato

Variable	Valor	Unidades	Descripción
Ssu ₀	0,012	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble de monosacáridos
Saa ₀	0,0053	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble de aminoácidos
Sfa ₀	0,099	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble LCFA
Sva ₀	0,012	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble valerato total
Sbu ₀	0,013	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble butirato total
Spro ₀	0,016	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble propionato total
Sac ₀	0,2	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble acetato total

Variable	Valor	Unidades	Descripción
Sh2 ₀	0,00000023	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble de hidrógeno
Sch4 ₀	0,055	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble de metano
SIC ₀	0,15	(kmol C/m ³)	Concentración soluble de carbono inorgánico
SIN ₀	0,13	(kmol N/m ³)	Concentración soluble de nitrógeno inorgánico
SI ₀	0,33	(kg DQO/m ³)	Concentración soluble de inertes solubles
Xxc ₀	0,31	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de compuestos complejos
Xch ₀	0,028	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de carbohidratos
Xpr ₀	0,1	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de proteínas
Xli ₀	0,029	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de lípidos
Xsu ₀	0,42	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de azúcares
Xaa ₀	1,18	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de aminoácidos
Xfa ₀	0,24	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de LCFA
Xc4 ₀	0,43	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de valerato y butirato
Xpro ₀	0,14	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de propionato
Xac ₀	0,76	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de acetato
Xh2 ₀	0,32	(kg DQO/m ³)	Concentración particulada de hidrógeno
XI ₀	25,6	(kg DQO/m ³)	Concentración particulados inertes
Scat ₀	0,04	(kmol/m ³)	Concentración de cationes de bases fuertes [equivalentes]
San ₀	0,02	(kmol/m ³)	Concentración cationes de ácidos fuertes [equivalentes]
Sva ₀	0,011	(kg DQO/m ³)	
Sbu ₀	0,013	(kg DQO/m ³)	

Variable	Valor	Unidades	Descripción
Spro ₀	0,016	(kg DQO/m ³)	
Sac ₀	0,2	(kmol C/m ³)	
Sco3 ₀	0,14	(kmol C/m ³)	
Snh3 ₀	0,0041	(kmol N/m ³)	
Sgash2 ₀	0,0000102	(kg DQO/m ³)	
SgasCH ₄₀	1,63	(kg DQO/m ³)	
SgasCO ₂₀	0,014	(kmol C/m ³)	

Fuente: adaptado de [38], [63], [100]

Los siguientes 100 parámetros (tablas 4.3, 4.4 y 4.5) conforman el vector “Parametros” del modelo. Según el reporte original [19], algunos de estos valores varían ligeramente con distintos residuos por lo que aquellos mostrados en estas tablas pueden ser usados en aplicaciones distintas al tratamiento de aguas residuales.

Tabla 4.3. Parámetros estequiométricos usados en la matriz Petersen

Parámetro	Valor	Unidades	Descripción
1 fSI,xc	0,1	-	Tasa de formación de los solubles inertes obtenidos del consumo de los compuestos complejos (Xc)
2 fXI,xc	0,2	-	Tasa de formación de los particulados inertes obtenidos del consumo de los compuestos complejos (Xc)
3 fch,xc	0,2	-	Tasa de formación de los carbohidratos obtenidos del consumo de los compuestos complejos (Xc)
4 fpr,xc	0,2	-	Tasa de formación de las proteínas obtenidas del consumo de los compuestos complejos (Xc)
5 fli,xc	0,3	-	Tasa de formación de los ácidos grasos obtenidos del consumo los lípidos

Parámetro	Valor	Unidades	Descripción
6 Nxc	0,00268571	-	Contenido de nitrógeno de los componentes complejos (Xc)
7 NI	0,00428571	(kmolN DQO/kg)	Contenido de nitrógeno inorgánico
8 Naa	0,007	(kmolN DQO/kg)	Contenido de nitrógeno en los aminoácidos
9 Cxc	0,02786	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono de los componentes complejos (Xc)
10 CSI	0,03	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en los solubles inertes
11 Cch	0,0313	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en el metano
12 Cpr	0,03	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en las proteínas
13 Cli	0,022	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en los lípidos
14 CXI	0,03	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en los particulados inertes
15 Csu	0,0313	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en los monosacáridos
16 Caa	0,03	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en los aminoácidos
17 ffa,li	0,95	-	Tasa de formación de los ácidos grasos obtenidos del consumo de los lípidos
18 Cfa	0,0217	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en LCAG
19 fh2,su	0,19	-	Tasa de formación de hidrógeno obtenidos del consumo de los monosacáridos
20 fbu,su	0,13	-	Tasa de formación del butirato obtenidos del consumo de los monosacáridos

Parámetro	Valor	Unidades	Descripción
21 fpro,su	0,27	-	Tasa de formación del propionato obtenidos del consumo de los monosacáridos
22 fac,su	0,41	-	Tasa de formación del acetato obtenidos del consumo de los monosacáridos
23 Nbac	0,00571429	(kmolN DQO/kg)	Contenido de nitrógeno en los siete grupos bacterianos
24 Cbu	0,025	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en el butirato
25 Cpro	0,0268	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en el propionato
26 Cac	0,0313	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en el acetato
27 Cbac	0,0313	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en los siete grupos bacterianos
28 Ysu	0,1	-	Tasa de producción de biomasa consumidora de monosacáridos
29 fh ₂ ,aa	0,06	-	Tasa de formación de hidrógeno obtenidos del consumo de los aminoácidos
30 fva,aa	0,23	-	Tasa de formación de valerato obtenidos del consumo de los aminoácidos
31 fbu,aa	0,26	-	Tasa de formación de butirato obtenidos del consumo de los aminoácidos
32 fpro,aa	0,05	-	Tasa de formación de propionato obtenidos del consumo de los aminoácidos
33 fac,aa	0,4	-	Tasa de formación de acetato obtenidos del consumo de los aminoácidos

Parámetro	Valor	Unidades	Descripción
34 Cva	0,024	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en el valerato
35 Yaa	0,08	-	Tasa de producción de biomasa consumidora de aminoácidos
36 Yfa	0,06	-	Tasa de producción de biomasa consumidora de ácidos grasos
37 Yc4	0,06	-	Tasa de producción de biomasa consumidora de valerato y butirato
38 Ypro	0,04	-	Tasa de producción de biomasa consumidora de propionato
39 Cch4	0,0156	(kmolN DQO/kg)	Contenido de carbono en el metano
40 Yac	0,05	-	Tasa de producción de biomasa consumidora de acetato
41 Yh2	0,06	-	Tasa de producción de biomasa consumidora de hidrógeno

Nota: M representa un kmol/m³ de acuerdo con [19].

Fuente: adaptado de [38], [100]

Tabla 4.4. Parámetros bioquímicos

Parámetro	Valor	Unidades	Descripción
42 kdis	0,5	(1/d)	Tasa de desintegración de los compuestos complejos
43 khyd,ch	10	(1/d)	Tasa de hidrólisis de carbohidratos para la formación de monosacáridos
44 khyd,pr	10	(1/d)	Tasa de hidrólisis de proteínas para la formación de aminoácidos
45 khyd,li	10	(1/d)	Tasa de hidrólisis de lípidos para la formación de AGCL

Parámetro		Valor	Unidades	Descripción
46	KS,IN	0,0001	M	Constante de saturación media de nitrógeno inorgánico
47	km,su	30	(1/d)	Tasas máximas de crecimiento de biomasa consumidora de monosacáridos
48	KS,su	0,5	(kgDQO/m ³)	Constates de saturación media de biomasa consumidora de monosacáridos
49	pHUL,aa	5,5		Límite superior de inhibición por pH en los procesos de consumo de monosacáridos, aminoácidos, ácidos grasos, valerato y butirato
50	pHLL,aa	4		Límite inferior de inhibición por pH en los procesos de consumo de monosacáridos, aminoácidos, ácidos grasos, valerato y butirato
51	km,aa	50	(1/d)	Tasas máximas de crecimiento de biomasa consumidora de aminoácido
52	KS,aa	0,3	(kgDQO/m ³)	Constates de saturación media de biomasa consumidora de aminoácido
53	km,fa	6	(1/d)	Tasas máximas de crecimiento de biomasa consumidora de ácidos grasos
54	KS,fa	0,4	(kgDQO/m ³)	Constates de saturación media de biomasa consumidora de ácidos grasos
55	KI,h ₂ ,fa	5,00E 06	(kgDQO/m ³)	Parámetro para la inhibición debida a la concentración del H ₂ en bacterias que consumen ácidos grasos
56	km,c ₄	20	(1/d)	Tasas máximas de crecimiento de biomasa consumidora de valerato y butirato
57	KS,c ₄	0,2	(kgDQO/m ³)	Constates de saturación media de biomasa consumidora de valerato y butirato

Parámetro		Valor	Unidades	Descripción
58	KI,h ₂ ,c ₄	1,00E 05	(kgDQO/m ³)	Parámetro para la inhibición debida a la concentración del H ₂ en bacterias que consumen valerato y butirato
59	km,pro	13	(1/d)	Tasas máximas de crecimiento de biomasa consumidora de propionato
60	KS,pro	0,1	(kgDQO/m ³)	Constantes de saturación media de biomasa consumidora de propionato
61	KI,h ₂ ,pro	3,50E 06	(kgDQO/m ³)	Parámetro para la inhibición debida a la concentración del H ₂ en bacterias que consumen propionato
62	km,ac	8	(1/d)	Tasas máximas de crecimiento de biomasa consumidora de acetato
63	KS,ac	0,15	(kgDQO/m ³)	Constantes de saturación media de biomasa consumidora de acetato
64	KI,NH ₃	0,0018	M	Parámetro para la inhibición debida a la concentración de NH ₃ en bacterias que consumen acetato
65	pHUL,ac	7		Límite superior de inhibición por pH en el proceso de consumo de acetato
66	pHLL,ac	6		Límite inferior de inhibición por pH en el proceso de consumo de acetato
67	km,h ₂	35	(1/d)	Tasas máximas de crecimiento de biomasa consumidora de hidrógeno
68	KS,h ₂	7,00E 06	(kgDQO/m ³)	Constantes de saturación media de biomasa consumidora de hidrógeno
69	pHUL,h ₂	6		Límite superior de inhibición por pH en el proceso de consumo de hidrógeno

Parámetro		Valor	Unidades	Descripción
70	pHLL,h ₂	5		Límite inferior de inhibición por pH en el proceso de consumo de hidrógeno
71	kdec,Xsu	0,02	(1/d)	Tasa de decaimiento de la biomasa consumidora de monosacáridos
72	kdec,Xaa	0,02	(1/d)	Tasa de decaimiento de la biomasa consumidora de aminoácidos
73	kdec,Xfa	0,02	(1/d)	Tasa de decaimiento de la biomasa consumidora de ácidos grasos
74	kdec,Xc ₄	0,02	(1/d)	Tasa de decaimiento de la biomasa consumidora de valerato y butirato
75	kdec,X-pro	0,02	(1/d)	Tasa de decaimiento de la biomasa consumidora de propionato
76	kdec,Xac	0,02	(1/d)	Tasa de decaimiento de la biomasa consumidora de acetato
77	kdec,Xh2	0,02	(1/d)	Tasa de decaimiento de la biomasa consumidora de hidrógeno

Nota: M representa un kmol/m³ de acuerdo con [19].

Fuente: adaptado de [38], [100]

Tabla 4.5. Parámetros fisicoquímicos

Parámetro		Valor	Unidades	Descripción
78	R	0,083145	(bar/MK)	Constante universal de los gases
79	Tbase	298,15	(K)	Temperatura base de la ley de Henry
80	Tad	308,15	(K)	Temperatura operacional
81	pKw	14	M	Potencia para el Coeficiente de equilibrio ácido base de H ₂ O/[OH][H ⁺]
82	pKa,va	4,86	M	Potencia para el Coeficiente de equilibrio ácido base de HVa/Va

Parámetro	Valor	Unidades	Descripción
83 pKa,bu	4,82	M	Potencia para el Coeficiente de equilibrio ácido base de HBu/Bu
84 pKa,pro	4,88	M	Potencia para el Coeficiente de equilibrio ácido base de HPro/Pro
85 pKa,ac	4,76	M	Potencia para el Coeficiente de equilibrio ácido base de HAc/Ac
86 pKa,co ₂	6,35	M	Potencia para el Coeficiente de equilibrio ácido base de CO ₂ /HCO ₃
87 pKa,IN	9,25	M	Potencia para el Coeficiente de equilibrio de nitrógeno inorgánico
88 kA,Bva	1E+10	(1/M d)	
89 kA,Bbu	1E+10	(1/M d)	
90 kA,Bpro	1E+10	(1/M d)	
91 kA,Bac	1E+10	(1/M d)	
92 kA,Bco ₂	1E+10	(1/M d)	
93 kA,BIN	1E+10	(1/M d)	
94 Patm	1,013	bar	Presión Atmosférica
95 KLa	200	(1/d)	Coeficiente de transferencia de masa multiplicado por el área específica de transferencia
96 KH,h ₂ O	0,0313	(Mliq/bar)	Base para el cálculo de la presión parcial del vapor de agua
97 KH,co ₂	0,035	(Mliq/bar)	Constante de Henry para el dióxido de carbono
98 KH,ch ₄	0,0014	(Mliq/bar)	Constante de Henry para el gas metano
99 KH,h ₂	0,00078	(Mliq/bar)	Constante de Henry para el gas de hidrógeno
100 kp	50000	(m ³ /d bar)	Constante de proporcionalidad relacionada con la fricción dentro del gas de salida

Nota: M representa un kmol/m³ de acuerdo con [19].

Fuente: adaptado de [38], [100]

4.5. Validación de modelo ADM1

Debido a que el desarrollo de mediciones experimentales está fuera del alcance de este libro, se realizó la validación del ADM1 mediante la réplica de investigaciones previamente realizadas. En consecuencia, se definieron dos casos de validación: uno para el residuo bovino y otro para el porcino. Al igual que en estudios previos [38], [56], [86], [115], los datos base para los parámetros de funcionamiento del modelo fueron tomados en su mayoría del estudio desarrollado por Rosen & Jeppsson [100]. Estos datos fueron resumidos en la sección anterior.

4.5.1. Validación de datos para residuo bovino

La implementación del modelo ADM1 para residuo bovino se realizó tomando como caso base el caso desarrollado por Normak *et al.* en [116]. Este reporte fue seleccionado ya que cuenta con la caracterización del sustrato de entrada en las unidades requeridas por el ADM1, además, tiene una detallada calibración de los parámetros de funcionamiento. Inicialmente, las características del sustrato de entrada se sintetizan en la tabla 4.6 y las variaciones en los parámetros del modelo en la tabla 4.7. Con respecto a las entradas del modelo, el caudal de entrada, la tasa de carga de sólidos volátiles (SV) por día y el tiempo de retención hidráulica (TRH) son presentados en la figura 4.4. Adicionalmente, el reactor usado en [116] es un biodigestor de mezcla completa o continuamente agitado (CSTR) que trabaja a 38°C, con un volumen líquido (Vliq) de 200 litros.

Los resultados de referencia obtenidos por Normak *et al.* son mostrados en las figuras 4.5 y 4.6, mientras aquellos obtenidos con la implementación propia del ADM1 se muestran en la figura 4.7. Adicionalmente, en la tabla 4.8 se presenta el error entre los datos de referencia y los datos obtenidos con la implementación propia. Para este caso, el promedio del error obtenido en la implementación del ADM1 para residuo bovino es de 2,23 %, lo cual indica que el método desarrollado en esta investigación posee un alto grado de confianza.

Tabla 4.6. Características de la biomasa residual pecuaria usadas como entrada en el ADM1

i	Variable	Industria porcícola [39] ^a	Industria bovina				Unidades
			[86] ^b	[117]	[116]	[56]	
1	S _{su}	0	2,52066667	8,208	0	5	(kgDQO/m ³)
2	S _{aa}	7,0004	0	2,052	0	0	(kgDQO/m ³)
3	S _{fa}	7,8625	0	0,608	0	0	(kgDQO/m ³)
4	S _{va}	0	0	0	0,548	1,21	(kgDQO/m ³)
5	S _{bu}	1,4726	0	0	1,148	0,77	(kgDQO/m ³)
6	S _{pro}	3,1302	0	0	2,045	1,3	(kgDQO/m ³)
7	S _{ac}	12,8575	1,146	0	5,566	2,16	(kgDQO/m ³)
10	S _{IC}	0,1961	0,06240052	0	0	0	(kgDQO/m ³)
11	S _{IN}	0,2701	0,02031447	0	0,18	0	(kgDQO/m ³)
12	S _I	1,6502	1,46715477	4,332	0	0	(kgDQO/m ³)
13	X _{xc}	0	0	0	0,5	0	(kgDQO/m ³)
14	X _{ch}	2,257	13,7204476	32,832	13,94	18	(kgDQO/m ³)
15	X _{pr}	10,36	2,03104747	8,284	18,11	31	(kgDQO/m ³)
16	X _{li}	12,0805	0,98499462	2,432	7,49	1,7	(kgDQO/m ³)
17	X _{su}	0	0	0	0,6	0,27	(kgDQO/m ³)
18	X _{aa}	0	0	0	0,6	0,78	(kgDQO/m ³)

i	Variable	Industria porcícola [39] ^a	Industria bovina				Unidades
			[86] ^b	[117]	[116]	[56]	
20	X _{c4}	0	0	0	0,6	0,28	(kgDQO/m ³)
21	X _{pro}	0	0	0	0,6	0,09	(kgDQO/m ³)
22	X _{ac}	0	0	0	0,018	1,2	(kgDQO/m ³)
23	X _{h2}	0	0	0	0,018	0,5	(kgDQO/m ³)
24	X _I	4,5769	5,34635555	17,252	0	35,3	(kgDQO/m ³)
25	S _{cat}	0,04 ^c	0,06	0	0,04 ^c	0	(kmol/m ³)
26	S _{an}	0,02 ^c	0,00706845	0	0,02 ^c	0	(kmol/m ³)

Nota: ^a datos tomados de [39] dados en kg DQO/100 kg ST y en el caso específico de S_{IC} y S_{IN} en kmol/100 kg ST. Para la conversión de unidades se tomó en cuenta que el contenido de sólidos totales (ST) del residuo era de 37 [kg/m³]. ^b Datos tomados de [86] luego de aplicar el modelo de transformación. ^c Modificación realizada de acuerdo con la validación de la implementación propia del ADM1.

Fuente: elaboración propia

Tabla 4.7. Variaciones en parámetros estequiométricos y bioquímicos del modelo ADM1

Tipo de residuo		Aguas residuales	Residuo sec. porcícola	Residuo sec. bovino				Unidades
No	Parámetro	Caso base [100]	[39]	[117]	[116]	[56]		
1	fSI,xc	0,1		0			()	
2	fXI,xc	0,2		0,284			()	
3	fch,xc	0,2		0,54			()	
4	fpr,xc	0,2		0,136			()	

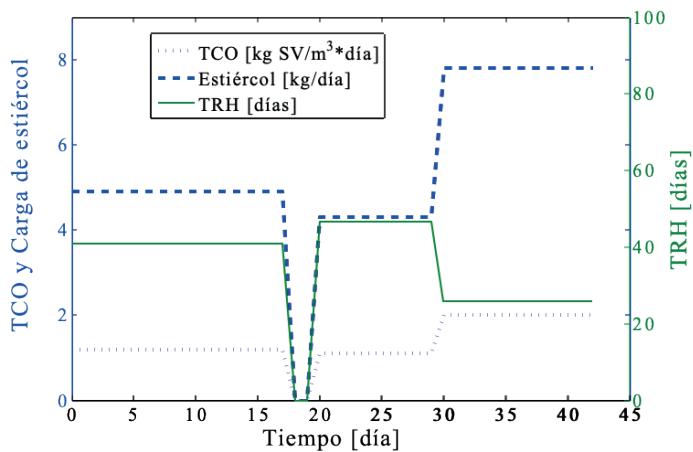
Tipo de residuo		Aguas residuales	Residuo sec. porcícola	Residuo sec. bovino			Unidades
No	Parámetro	Caso base [100]	[39]	[117]	[116]	[56]	
5	fli,xc	0,3		0,04			()
6	Nxc	0,0376/14		2			(kmol N/kg DQO)
7	NI	0,06/14		3,5			(kmol N/kg DQO)
40	Yac	0,05				0,07	()
42	kdis	0,5	0,096 ^a	0,13 ^a	0,13 ^a	0,13 ^a	(1/d)
43	khyd,ch	10	≤		0,31		(1/d)
44	khyd,pr	10	3,00E 03		0,31		(1/d)
45	khyd,li	10	2,80E 04		0,31		(1/d)
49	pHUL,aa	5,5			8		()
50	pHLL,aa	4			6		()
53	km,fa	6	0,93				(1/d)
56	km,c4	20	13,1		13,7		(1/d)
57	KS,c4	0,2			0,357		(kgDQO/m ³)
59	km,pro	13	6,56		5,5		(1/d)
60	KS,pro	0,1		0,3 0,1	0,392		(kgDQO/m ³)
62	km,ac	8	45,02	3,6	10 b	20	(1/d)
63	KS,ac	0,15				0,05	(kgDQO/m ³)
68	KS,h2	7,00E 06			3,00E 05		(kgDQO/m ³)
71	kdec,Xsu	0,02				0,04	(1/d)

Tipo de residuo		Aguas residuales	Residuo sec. porcícola	Residuo sec. bovino			Unidades
No	Parámetro	Caso base [100]	[39]	[117]	[116]	[56]	
72	kdec,Xaa	0,02				0,04	(1/d)
73	kdec,Xfa	0,02				0,04	(1/d)
74	kdec,Xc4	0,02				0,04	(1/d)
75	kdec,Xpro	0,02				0,04	(1/d)
76	kdec,Xac	0,02				0,04	(1/d)
77	kdec,Xh2	0,02				0,04	(1/d)

Nota: a Valores sugeridos por [98]. b Modificación realizada de acuerdo con la validación de la implementación propia. Datos tomados de [39], [56], [98], [100], [116], [117].

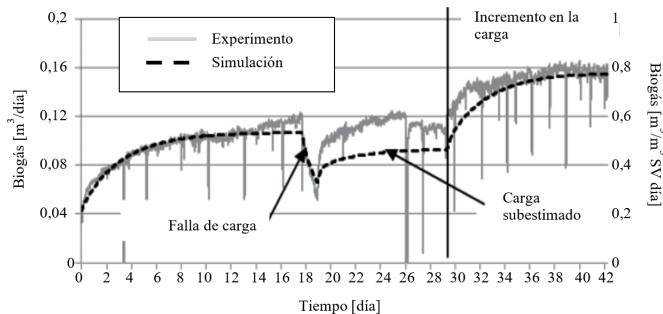
Fuente: elaboración propia

Figura 4.4. TRH, Tasa de carga de SV y caudal de entrada



Fuente: adaptado de [116]

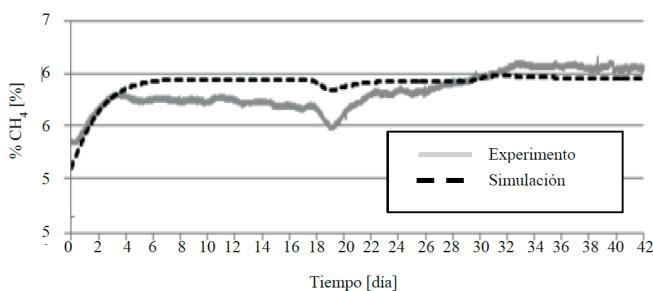
Figura 4.5. Datos de la producción de biogás [$\text{m}^3/\text{día}$] – Referencia



Nota: para determinar el biogás en [$\text{m}^3/\text{día}$] se tuvo en cuenta que el contenido de sólidos totales (ST) es el 6,4% del sustrato y los SV son el 80,6% de los ST.

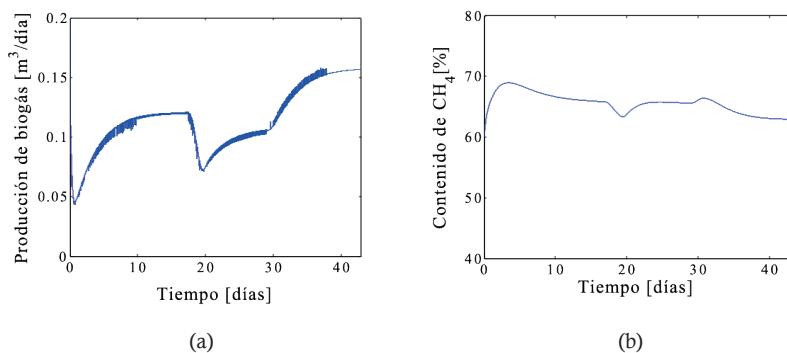
Fuente: adaptado de [116]

Figura 4.6. Contenido de CH_4 en el biogás – Referencia



Fuente: adaptado de [116]

Figura 4.7. Resultados obtenidos de la implementación propia del ADM1 en MATLAB/Simulink®. (a) tasa de producción de biogás [$\text{m}^3/\text{día}$] y (b) contenido de CH_4 en el biogás



Fuente: elaboración propia

Tabla 4.8. Resultados de referencia vs. resultados obtenidos en la implementación propia del ADM1 para residuo bovino

Tiempo [día]	Caudal [kg/ día]	TRH [día]	Caudal de entrada [m ³ /día]	OLR carga kg [SV/ m ³ día]	Aproximación a los datos obtenidos en [116]		Resultados implementación propia del ADM1	Error en la producción de biogás [%]
					Biogás [m ³ / m ³ sustato día]	Biogás referencia [m ³ /día]		
0	4,9	41	0,004878049	1,2	0,2	0,042126933	0,045	6,82
2	4,9	41	0,004878049	1,2	0,37	0,077934827	0,065	16,60
4	4,9	41	0,004878049	1,2	0,448	0,094364331	0,08996	4,67
6	4,9	41	0,004878049	1,2	0,49	0,103210987	0,1045	1,25
8	4,9	41	0,004878049	1,2	0,51	0,10742368	0,112	4,26
10	4,9	41	0,004878049	1,2	0,525	0,1105832	0,1165	5,35
12	4,9	41	0,004878049	1,2	0,5300	0,111636373	0,1185	6,15
14	4,9	41	0,004878049	1,2	0,5350	0,112689547	0,1197	6,22
16	4,9	41	0,004878049	1,2	0,5400	0,11374272	0,12	5,50
18	0	0	0	0	0,5	0,095	0,114	20,00
20	4,3	46,66	0,004286327	1,1	0,41	0,082675084	0,0748	9,53
22	4,3	46,66	0,004286327	1,1	0,44	0,08872448	0,0905	2,00
24	4,3	46,66	0,004286327	1,1	0,451	0,090942592	0,098	7,76
26	4,3	46,66	0,004286327	1,1	0,4515	0,091043415	0,1025	12,58
28	4,3	46,66	0,004286327	1,1	0,452	0,091144239	0,105	15,20
30	7,8	26	0,007692308	2	0,52	0,104612352	0,1093	4,48
32	7,8	26	0,007692308	2	0,65	0,13076544	0,1272	2,73
34	7,8	26	0,007692308	2	0,715	0,143841984	0,14	2,67

Tiempo [día]	Caudal [kg/día]	TRH [día]	Caudal de entrada [m³/día]	OLR carga kg [SV/m³día]	Aproximación a los datos obtenidos en [116]		Resultados implementación propia del ADM1	Error en la producción de biogás [%]
					Biogás [m³/m³ sustato día]	Biogás referencia [m³/día]		
36	7,8	26	0,007692308	2	0,75	0,1508832	0,1486	1,51
38	7,8	26	0,007692308	2	0,76	0,152894976	0,153	0,07
40	7,8	26	0,007692308	2	0,77	0,154906752	0,1552	0,19
42	7,8	26	0,007692308	2	0,775	0,15591264	0,1564	0,31

Fuente: elaboración propia

4.5.2. Validación de datos para residuo porcino

La implementación del modelo ADM1 en la interfaz SGEB para residuo porcino se realizó tomando como caso base el estudio desarrollado por Jurado *et al.* en [39]. Las características del sustrato de entrada pueden ser consultadas en la tabla 4.9 y las variaciones en los parámetros del modelo son las mismas mostradas en la tabla 4.7. Para este caso, el caudal de entrada y la tasa de carga de sólidos totales (ST) por día son presentados en las figuras 4.8 y 4.9. Adicionalmente, el reactor usado durante las pruebas también es un CSTR que trabaja a 38°C con tres (3) litros de volumen útil y un tiempo promedio de retención hidráulica (TRH) de 25 días.

Los resultados esperados (de referencia) son mostrados en las figuras 4.10 y 4.11, mientras los obtenidos con la implementación propia se pueden observar en las figuras 4.12 y 4.13. Al igual que en la validación anterior, la tabla 4.10 muestra una comparación de resultados, incluyendo el error entre lo esperado y la implementación propia del ADM1. En este caso, el error promedio para residuo porcino es de 2,36%. Esto confirma el buen desempeño del método propuesto en este trabajo para implementar el ADM1.

Tabla 4.9. Características de la biomasa residual porcina

i	Variable	Industria porcícola	Unidades	Industria porcícola ^a	Unidades
1	S_{su}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m ³)
2	S_{aa}	18,92	(kgDQO/100kgST)	7,0004	(kgDQO/ m ³)
3	S_{fa}	21,25	(kgDQO/100kgST)	7,8625	(kgDQO/ m ³)
4	S_{va}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m ³)
5	S_{bu}	3,98	(kgDQO/100kgST)	1,4726	(kgDQO/ m ³)
6	S_{pro}	8,46	(kgDQO/100kgST)	3,1302	(kgDQO/ m ³)
7	S_{ac}	34,75	(kgDQO/100kgST)	12,8575	(kgDQO/ m ³)
10	S_{IC}	0,53	(kmol/100kgST)	0,1961	(kgDQO/ m ³)
11	S_{IN}	0,73	(kmol/100kgST)	0,2701	(kgDQO/ m ³)
12	S_I	4,46	(kgDQO/100kgST)	1,6502	(kgDQO/ m ³)
13	X_{xc}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m ³)
14	X_{ch}	6,1	(kgDQO/100kgST)	2,257	(kgDQO/ m ³)
15	X_{pr}	28	(kgDQO/100kgST)	10,36	(kgDQO/ m ³)
16	X_{li}	32	(kgDQO/100kgST)	12,0805	(kgDQO/ m ³)
17	X_{su}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m ³)
18	X_{aa}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m ³)
19	X_{fa}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m ³)

i	Variable	Industria porcícola	Unidades	Industria porcícola ^a	Unidades
20	X_{ct}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m^3)
21	X_{pro}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m^3)
22	X_{ac}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m^3)
23	X_{h_2}	0	(kgDQO/100kgST)	0	(kgDQO/ m^3)
24	X_I	12,37	(kgDQO/100kgST)	4,5769	(kgDQO/ m^3)
25	S_{cat}		(kmol/100kgST)	0,04 ^b	(kmol/ m^3)
26	S_{an}		(kmol/100kgST)	0,02 ^b	(kmol/ m^3)

Nota: ^a Para la conversión de unidades se tomó en cuenta que el contenido de sólidos totales (ST) del residuo es de 37 [kg/m³], ^b Datos base [100].

Fuente: autores, datos tomados de [39], [100]

Figura 4.8. Caudal y ST de entrada

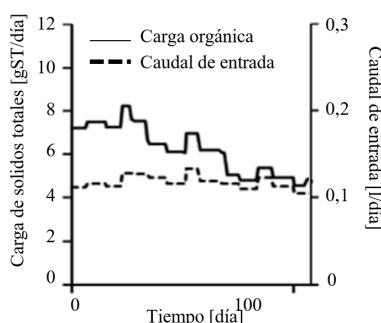
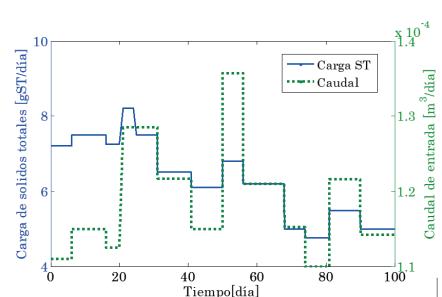


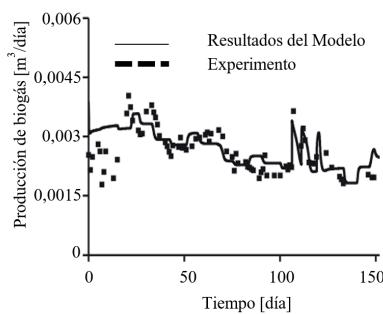
Figura 4.9. Caudal y ST de entrada simulados



Fuente: [39]

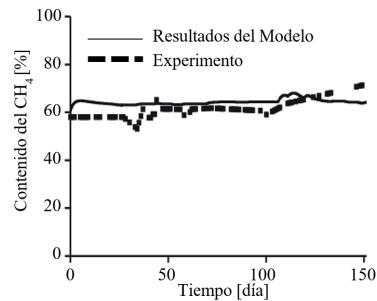
Fuente: elaboración propia

Figura 4.10. Producción de biogás [$\text{m}^3/\text{día}$] esperado



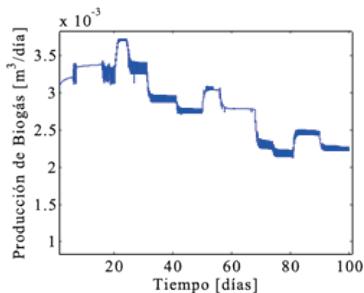
Fuente: [39]

Figura 4.11. Contenido de CH_4 en el biogás esperado



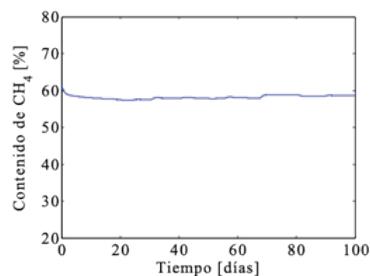
Fuente: [39]

Figura 4.12. Producción de biogás [$\text{m}^3/\text{día}$] obtenido de la implementación del ADM1 en MATLAB/Simulink[®]



Fuente: elaboración propia

Figura 4.13. Contenido de CH_4 en el biogás obtenido de la implementación del ADM1 en MATLAB/Simulink[®]



Fuente: elaboración propia

Tabla 4.10. Resultados esperados y los obtenidos en la producción de biogás y su contenido de CH₄ en la validación de la implementación del ADM1 para residuo porcino

Día	Q _{in} [l/ día]	Tasa de ST [gST/ día]	Aproximación a los datos de las figuras 4.10 y 4.11		Resultados implementación propia del ADM1		Error biogás [%]	Error contenido de CH ₄ [%] ^a
			Producción de biogás [m ³ /día]	Contenido de CH ₄ [%]	Producción de biogás [m ³ /día]	Contenido de CH ₄ [%]		
0	0,109	7,1	0,003	60	0,0031	58,92	3,3	1,5
10	0,11	7,4	0,0033	65	0,00336	57,56	1,8	0,75
20	0,109	7,25	0,0032	63,3	0,0033	57,53	3,1	0,8
30	0,12	6,5	0,0033	63	0,0034	57,55	3,0	0,77
40	0,118	6,5	0,0029	63,5	0,00287	57,89	1,0	0,19
50	0,13	6,8	0,0028	63,5	0,00277	57,93	1,1	3,44
60	0,117	6,2	0,0028	63	0,00279	58,07	0,4	7,5
70	0,116	5	0,0024	63,5	0,002265	58,75	5,6	1,3
80	0,114	4,75	0,0023	65,4	0,002143	58,85	6,8	3,5
90	0,117	5	0,0025	65,4	0,002438	58,51	2,5	4,08
100	0,114	5	0,0023	65	0,002223	58,64	3,3	2,2

Nota: ^a el error en el contenido de metano obtenido por la implementación del ADM1 en la interfaz SGEB es evaluado con respecto a los valores obtenidos en [39] en laboratorio.

Fuente: elaboración propia

4.6. Análisis de sensibilidad para los modelos de DA

Mientras se realizaba una búsqueda de los datos necesarios para implementar y validar el ADM1 se observó un déficit en la información publicada sobre el tema, ya que muy pocas fuentes (artículos o libros) especificaban los valores usados en la caracterización del sustrato y los parámetros del modelo, impidiendo reproducir sus resultados. Adicionalmente, se identificó que en la mayoría de los casos de aplicación se usaban los mismos valores que en el reporte original del modelo [98]. Esta situación limita la aplicación del

ADM1 en áreas distintas a la bioquímica y al tratamiento de aguas residuales, especialmente si se considera que el modelo es capaz de simular la DA en diversas condiciones operativas para cualquier tipo de residuo, incluso con varios residuos a la vez (codigestión) [86].

Por otra parte, durante la revisión bibliográfica se observó que ninguna publicación evaluaba en qué proporción podía verse afectada la producción de biogás y el contenido de CH₄ si una de las concentraciones del residuo de entrada era modificada. Debido a esto, se decidió realizar un análisis de sensibilidad para identificar las concentraciones de entrada que más afectan la DA y la producción de CH₄ y, en consecuencia, determinar en cuales variables se debe centrar la caracterización del residuo.

Este análisis de sensibilidad siguió una metodología simple que consistió en establecer un caso de referencia (el mismo caso base [100]) y cambiar el valor de cada una de las concentraciones de entrada (una a la vez) dejando los otros parámetros iguales. Para ello, se definió un rango específico de variación utilizando los valores encontrados en varias publicaciones. En total, se realizaron 911 simulaciones mediante una rutina desarrollada en MATLAB® y el análisis revela que las variables críticas implicadas en la producción de metano son la temperatura, el caudal volumétrico del sustrato y las concentraciones de proteínas, lípidos y carbohidratos del residuo de entrada. Además, las simulaciones muestran que las concentraciones del sustrato deben ser cuidadosamente estimadas ya que el sobredimensionamiento de estas puede causar resultados erróneos.

Los resultados de estas simulaciones, y del análisis de sensibilidad en general, fueron agrupados y analizados en el artículo “Assessment of the Input Substrate Characteristics Included in the Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)” [118] publicado en la *Revista Ingeniería* de la Universidad Distrital Francisco José de Caldas y realizado por los mismos autores de este libro. Puede ser consultado libremente en la página web de la revista.

5. Herramienta de software para el estudio de DA

En este capítulo se describe el entorno de simulación o *software* para el modelamiento de sistemas de generación de energía eléctrica a partir de biogás (IS-SGEB). La finalidad de esta aplicación computacional es integrar y facilitar el uso de los modelos de digestión anaerobia (DA) presentados anteriormente, incluyendo el uso de modelos para las tecnologías de conversión biogás-electricidad. De esta manera, a lo largo de esta sección, se presentan de forma general los componentes y la estructura de la interfaz y el entorno de simulación creado.

5.1. Estructura del software

5.1.1. Descripción general

El *software* para modelamiento de sistemas de generación de energía eléctrica a partir de biogás (IS-SGEB) es una herramienta computacional basada en la implementación de modelos matemáticos para la estimación de la producción de biogás y su conversión a energía eléctrica. Esta herramienta fue desarrollada en MATLAB/ Simulink® y tiene como finalidad crear una base para el análisis de sistemas de generación de energía eléctrica a partir de biogás. Además, este software tiene propósitos didácticos ya que busca difundir el conocimiento en la producción de biogás y facilitar los análisis de potencial energético.

El entorno de simulación IS-SGEB cuenta con 19 funciones y siete modelos matemáticos implementados en bloques de Simulink® con máscaras que facilitan el ingreso de sus parámetros. Los modelos fueron agrupados en dos

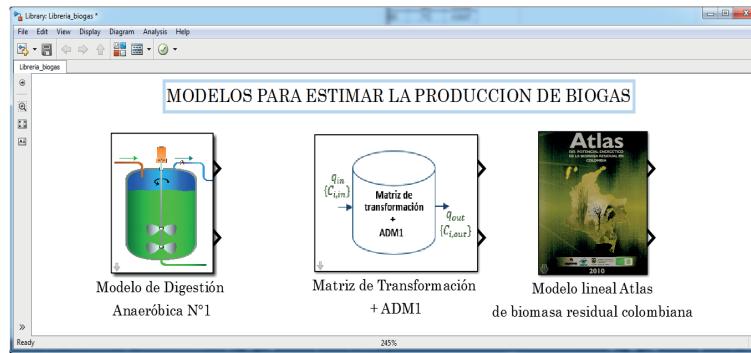
módulos: el primero está compuesto por modelos para la producción de biogás y el segundo reúne los modelos de varias tecnologías de conversión biogás electricidad (motor de combustión interna, turbina de gas y celda de combustible). De manera general, la Interfaz IS-SGEB permite: (a) realizar la estimación del potencial de producción de biogás de diferentes residuos; (b) definir la composición del sustrato de entrada al reactor e ingresar sus condiciones operativas; (c) ejecutar parte de una metodología para determinar el potencial eléctrico de sistemas basados en biodigestores.

5.1.2. Librerías

La interfaz SGEB cuenta con dos librerías principales. En la primera se agrupan tres modelos para estimar la producción de biogás: el *Anaerobic Digestión Model No. 1* (ADM1) [63], [100], el ADM1 + matriz de transformación [112] y el modelo lineal usado en el atlas de biomasa residual colombiano [119]. En la segunda se agrupan los modelos de las tecnologías de conversión biogás electricidad. Estas tecnologías son representadas por sus respectivos ciclos termodinámicos. De esta manera, se usa el ciclo Otto para los motores de combustión interna con encendido provocado y el ciclo Brayton para la turbina a gas [62], [120] (ver figura 5.1). Adicionalmente, se pueden encontrar modelos más complejos para realizar análisis transitorio y de estabilidad ante variaciones en la carga, como el modelo de Rowen para la turbina de gas [121] y el de una celda de combustible de óxido sólido (SOFC) basada en la ecuación de Nernst [122] (ver figura 5.2).

Para simular las diferentes opciones de módulos de conversión biogás electricidad (MCBE) es necesario agrupar los modelos de las tecnologías presentados en la figura 5.2, los bloques de generadores eléctricos y los bloques de electrónica de potencia disponibles en el *toolbox*: *SimPowerSystem* de Matlab®.

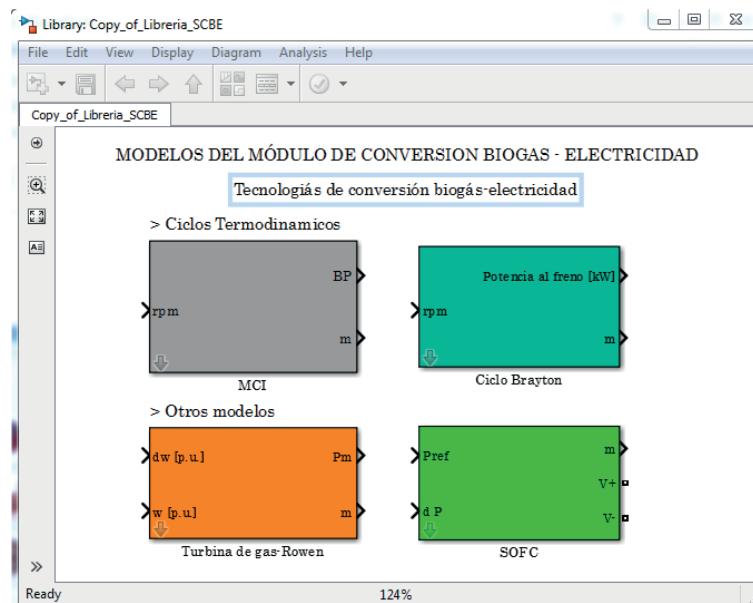
Figura 5.1. Librerías de producción de biogás



Nota: estos bloques son explicados en la sección 5.1.3.2.

Fuente: elaboración propia

Figura 5.2. Librerías de sistema de conversión biogás electricidad



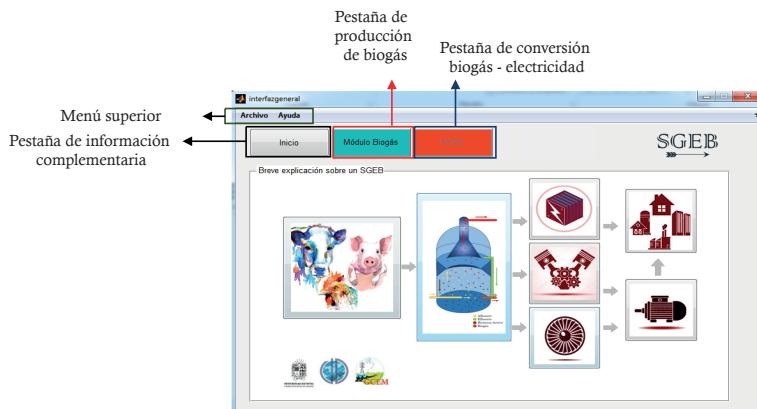
Nota: estos bloques son explicados en la sección 5.1.5.

Fuente: elaboración propia

5.1.3. Interfaz gráfica principal

La interfaz gráfica principal IS-SGEB cuenta con una GUI que está compuesta por un menú general y tres botones (ver figura 5.3).

Figura 5.3. GUI Interfaz general



Fuente: elaboración propia

5.1.3.1. Inicio: pestaña de información complementaria

Esta sección es visible al iniciar la interfaz (ver figura 5.3) y sirve básicamente como introducción a los elementos que componen un SGEB. Al dar clic en cualquiera de las imágenes se abrirá un archivo en PDF que tiene información relevante de cada etapa. Así mismo, las imágenes y botones cuentan con opción *TooltipString* (mensajes que aparecen cuando se ubica el puntero del ratón sobre los elementos) que permite identificar los elementos y obtener información adicional.

5.1.3.2. Módulo producción de biogás

Este módulo permite estimar la producción de biogás y su composición a partir de la descomposición anaerobia de una cantidad determinada de biomasa residual bovina o porcina. Para acceder a este módulo basta con hacer clic en el botón azul que se encuentra en la parte superior de la interfaz llamado *Módulo Biogás*, lo que desplegará el panel visto en la figura 5.4. Adicionalmente, en este panel se encuentra la paleta de opciones que cuenta con tres botones, cuyo aspecto y función se muestran en la tabla 5.1.

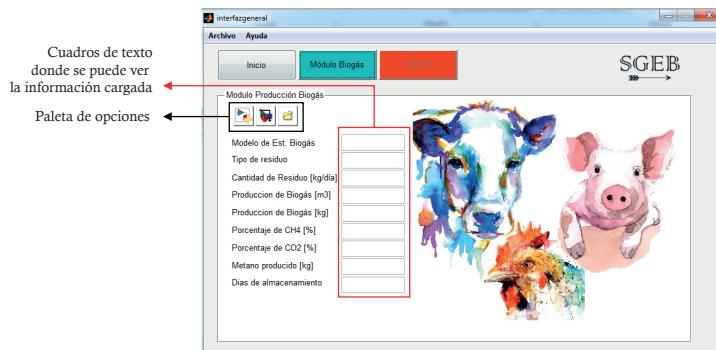
Figura 5.4. Módulo de producción de biogás**Fuente:** elaboración propia**Tabla 5.1.** Botones de la paleta de opciones del módulo de producción de biogás

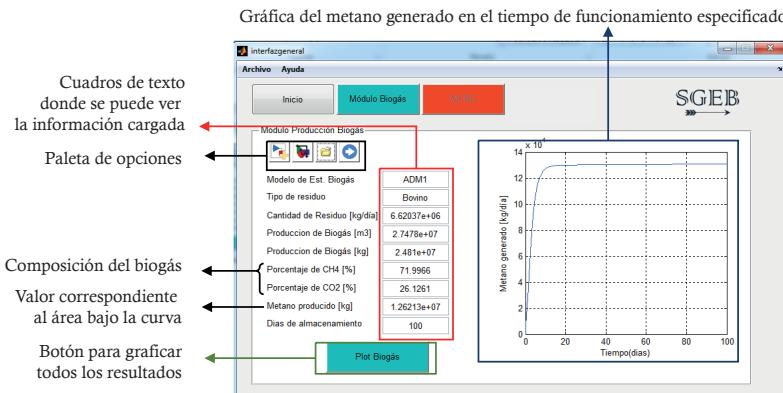
Imagen del botón	Nombre del botón	Descripción
	<i>Nuevo proyecto</i>	Este botón abre la librería de modelos de producción de biogás para iniciar un proyecto desde cero.
	<i>Cargar proyecto</i>	Este botón abre un archivo de Simulink® previamente creado.
	<i>Cargar resultados</i>	Si algún modelo de estimación de la producción de biogás es ejecutado en Simulink® los resultados se generan en el <i>workspace</i> de MATLAB®. Estos resultados se pueden guardar como archivos .mat para usarlos o consultarlos posteriormente. Después de abrir el archivo .mat todos los resultados son puestos en el <i>workspace</i> y algunos son mostrados dentro del mismo módulo como se puede observar en la figura 5.5.

Fuente: elaboración propia

Varias cosas suceden al cargar los resultados en los cuadros de texto: primero aparece una flecha en la paleta de opciones con la que se puede acceder al módulo de conversión biogás electricidad (ver figura 5.5). Posteriormente, se grafica la tasa de producción del metano generado en función del tiempo especificado. Además, aparece el botón *Plot Biogás* (botón azul) que permite abrir una ventana adicional llamada *Graficar* para visualizar los resultados. Esta opción estará disponible solo cuando los resultados sean obtenidos con los modelos ADM1 o ADM1 + Matriz de transformación.

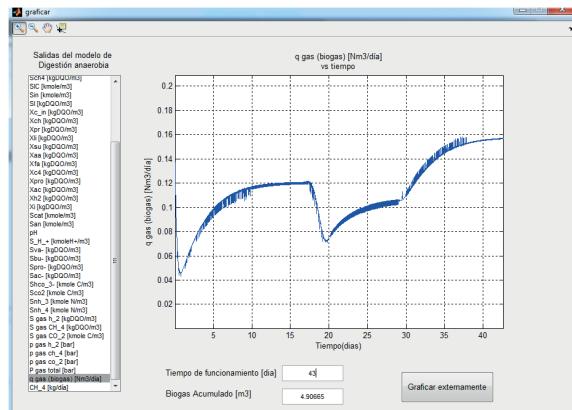
La ventana *Graficar* puede verse en la figura 5.6. En ella se observa un listado de todas las salidas del ADM1 que pueden ser graficadas sobre los ejes que se encuentran a la derecha. En la parte superior de la ventana se encuentran algunas herramientas básicas para interactuar con la gráfica (acerca, alejar, mover y puntero). Además, se puede modificar el tiempo de funcionamiento ajustando el eje x. En dicho caso, se vuelve a calcular el área bajo la curva para estimar la producción de metano y biogás.

Figura 5.5. Módulo de producción de biogás después de cargar algún archivo .mat de resultados



Fuente: elaboración propia

Figura 5.6. GUI para visualizar gráficamente las salidas del ADM1 y del ADM1+Matriz de transformación



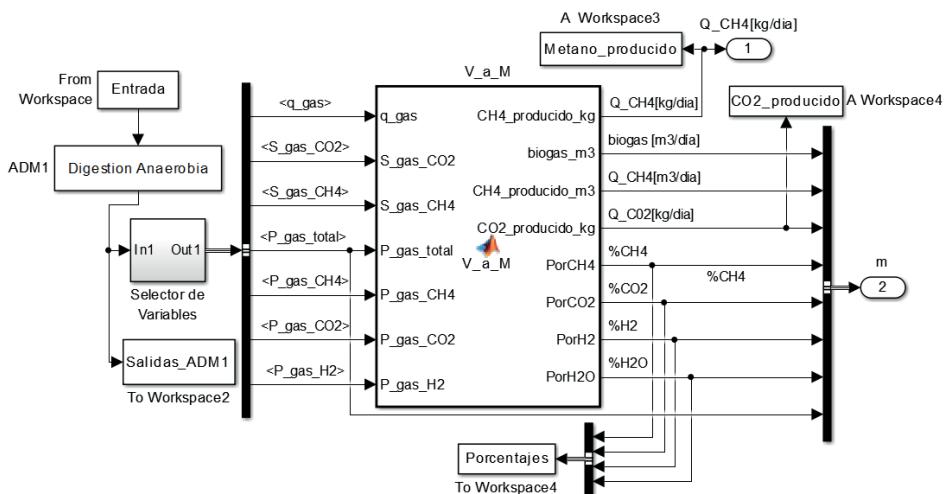
Fuente: elaboración propia

5.1.4. Modelos de digestión anaerobia

5.1.4.1. Modelo de digestión anaerobia número 1 (ADM1)

Esta etapa se basa en el trabajo realizado por Rosen & Jeppsson en [63], [100]. Debido a la carga computacional que implica resolver todas las ecuaciones diferenciales del ADM1, esta parte de la interfaz fue programada en lenguaje C++ usando las *S function* y un compilador MEX, ambos disponibles en Simulink®. Para realizar operaciones entre las salidas del modelo se usó una función que permite convertir la información de los gases resultantes de unidades de volumen a unidades de masa. Adicionalmente, como se mencionó en la figura 4.3, se integró el solver ODE15s que es usado para resolver sistemas con alta rigidez. La configuración de bloques implementada para el ADM1 es la mostrada en la figura 5.7.

Figura 5.7. Implementación en Simulink® del ADM1



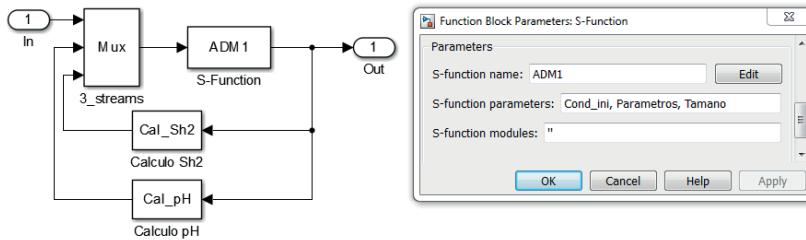
Nota: el vector *Entrada* contiene la composición del residuo.

Fuente: elaboración propia

El bloque *Digestión Anaerobia* mostrado en la figura 5.7 contiene las *S functions* donde todas las ecuaciones diferenciales del ADM1 son escritas [63]. En la figura 5.8 se puede observar el montaje en Simulink® de dicho bloque usando

ecuaciones diferenciales algebraicas y los parámetros de la función ADM1. En este caso, se deben ingresar los valores de los vectores principales del modelo que son *Con_ini*, *Parametros* y *Tamano*.

Figura 5.8 Interior del bloque *Digestión Anaerobia* en Simulink®

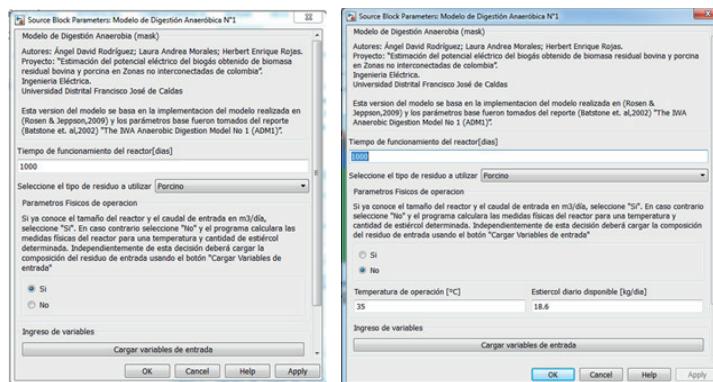


Nota: el funcionamiento de este bloque puede ser descrito por el algoritmo presentado en la figura 4.3.

Fuente: elaboración propia

En caso de iniciar un nuevo proyecto es necesario implementar los modelos de producción de biogás mostrados en su correspondiente librería. Todos los modelos implementados en Simulink® cuentan con una máscara para que el usuario pueda ingresar sus variables de entrada. La máscara del ADM1 puede verse en la figura 5.9. En esta se puede ingresar el tiempo de funcionamiento del reactor y el tipo de residuo a utilizar (bovino o porcino).

Figura 5.9. Máscara del bloque del ADM1 con el botón radial (a) en “Si”. (b) en “No”

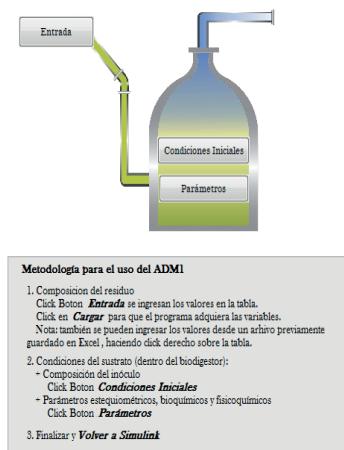


Nota: siempre se debe hacer clic en *Cargar variables de entrada* para poder ingresar los valores de entrada del modelo.

Fuente: elaboración propia

En caso de que no se conozca el volumen del biodigestor ni el caudal de entrada, la máscara brinda la opción de dimensionar el biodigestor con un cálculo sencillo a partir de la temperatura de operación y de la cantidad de estiércol disponible usando la función *calcuto_Qin_Volumen* que usa el procedimiento expuesto en [23]. Sin embargo, debido a la complejidad y extensión del ADM1 es necesario direccionar al usuario a una GUI extra llamada *Ingreso ADM1* (ver figura 5.10), a la cual se puede acceder con el botón *Cargar variables de entrada* que permite el ingreso de los vectores de entrada que conforman el modelo.

Figura 5.10. GUI para el ingreso de variables del ADM1

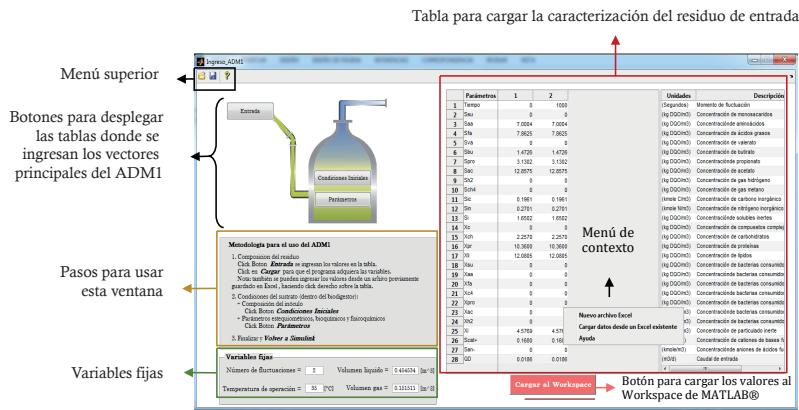


Fuente: elaboración propia

Al iniciar la ventana *Ingreso ADM1* mostrada en la figura 5.10 se pueden observar tres botones sobrepuertos en la imagen de un biodigestor (*Entrada*, *Condiciones iniciales* y *Parámetros*) que corresponden a los vectores principales del ADM1. En esta misma GUI se encuentra un recuadro gris donde se describe de manera breve el paso a paso para el uso de esta ventana. Primero se debe cargar la composición del residuo de entrada usando el botón *Entrada* que despliega la tabla que se puede ver en la figura 5.11. La GUI carga los valores de la composición del residuo de entrada dependiendo del tipo de residuo seleccionado en la máscara inicial (ver figura 5.9). Sin embargo, si el usuario posee una caracterización propia (análisis de laboratorio u otras fuentes) puede modificar los valores que vienen por defecto, ingresando los

valores en la tabla que aparece sobre la misma interfaz. Los valores también pueden ser cargados desde archivos de Excel usando el clic derecho que despliega un breve menú.

Figura 5.11. Ventana Ingreso ADM1 luego de dar clic en el botón Entrada



Nota: los valores precargados dependerán del tipo de residuo seleccionado.

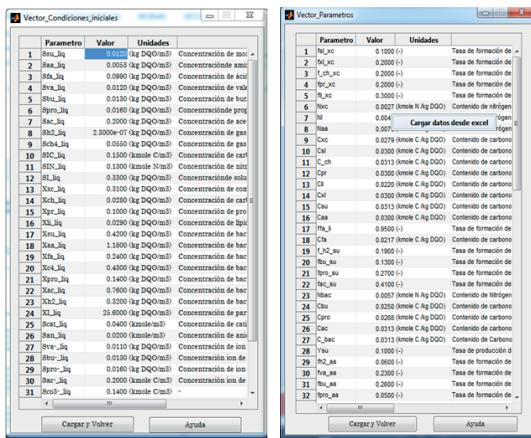
Fuente: elaboración propia

En la figura 5.11 también aparece un panel en la parte inferior con las variables fijas como la temperatura de operación y las dimensiones del reactor que pueden ser ingresadas directamente o pueden ser calculadas por las funciones de la interfaz. La configuración de estas variables dependerá de la selección hecha en la máscara del modelo (en el botón radial ver figura 5.9.a). El número de fluctuaciones hace referencia al número de columnas, ya que cada una corresponde a la composición del residuo agregado en un instante determinado. Cabe resaltar que, si se asume una composición del afluente constante durante el tiempo de funcionamiento o de simulación no es necesario ingresar columnas iguales para cada día, solo se necesita especificar la inicial y la final. En la figura 5.11 el tiempo de inicio es igual a cero y el tiempo de finalización es igual a 1000, esto quiere decir que el modelo toma la composición de entrada como un escalón constante de 0 a 1000.

Por otro lado, antes de ingresar los valores del vector de condiciones iniciales y de parámetros aparece una ventana de advertencia con el mensaje: “*Solo debe modificar estos valores si tiene conocimiento del proceso y del modelo*”.

¿Desea continuar? y se dan las opciones *Si* o *No*. Esto es debido a que en la mayoría de los estudios no se modifican los valores usados en el reporte original presentado en [123]. En este sentido, se recomienda al usuario no cambiar estos valores a menos que se tenga conocimiento del modelo y se quiera calibrar sus resultados. Las ventanas donde se escriben o cargan los valores de los vectores del ADM1 pueden ser vistas en la figura 5.12.

Figura 5.12. Ventanas para ingresar los valores de los vectores *Condiciones iniciales* y *Parámetros*



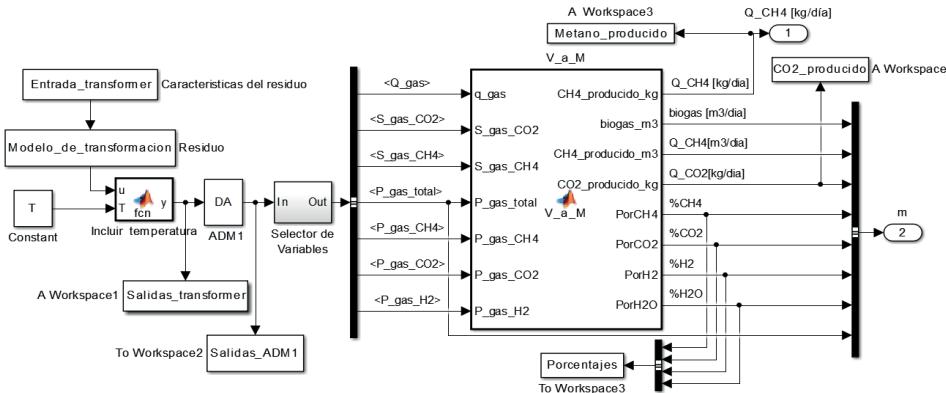
Nota: los datos del vector parámetros pueden ser cargados desde un archivo de Excel que funciona como una plantilla llamado *Formato entradas en Excel*.

Fuente: elaboración propia

5.1.4.2. Modelo de digestión anaerobia más matriz de transformación

Este bloque fue construido para implementar la matriz de transformación presentada por Zaher en [106], la cual fue descrita en la sección 3.4. Esta matriz permite obtener el vector *Entrada* del ADM1 (es decir la caracterización del residuo) a partir de un vector de entrada con menos parámetros, lo que reduce las mediciones de laboratorio necesarias para caracterizar el residuo y facilita el uso del ADM1. La configuración de bloques implementada para este modelo es prácticamente la misma que para el ADM1 y puede ser vista en la figura 5.13. Su principal diferencia es que tiene el bloque del *modelo_de_transformacion* antes de ingresar al ADM1 (el cual está configurado igual que en la figura 5.8), lo que permite al vector *Entradas_transformer* convertirse en las entradas del ADM1.

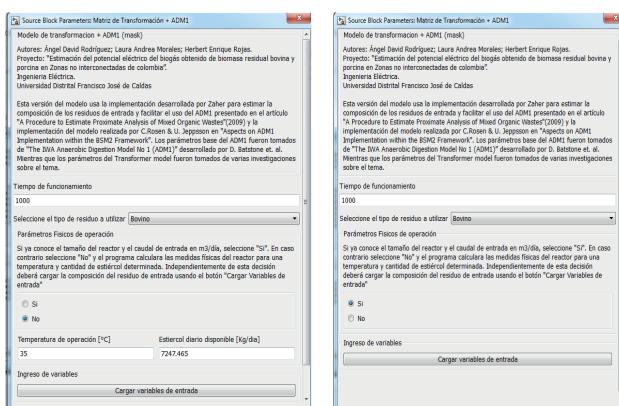
Figura 5.13. GUI para el ingreso de valores del ADM1 + matriz de transformación



Fuente: elaboración propia

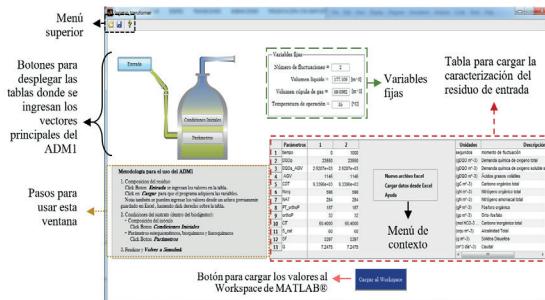
Dado que este modelo es complementario al descrito en la sección anterior, sus máscaras (ver figura 5.14) y la metodología para su uso son muy similares. El único cambio es que la tabla para cargar la caracterización del residuo de entrada solo tiene 13 entradas (ver figura 5.15). El ingreso de las condiciones iniciales y de los parámetros se realiza en la misma interfaz creada para el ADM1.

Figura 5.14. Máscara del bloque del ADM1 + matriz de transformación con el botón radial (a) en “No”. (b) en “Si”



(a) (b)

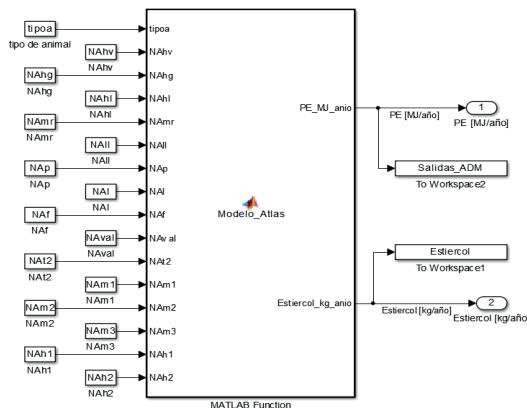
Fuente: elaboración propia

Figura 5.15. GUI para el ingreso de valores del ADM1 + Matriz de transformación

Fuente: elaboración propia

5.1.4.3. Modelo lineal que sigue la metodología del atlas de potencial de biomasa residual

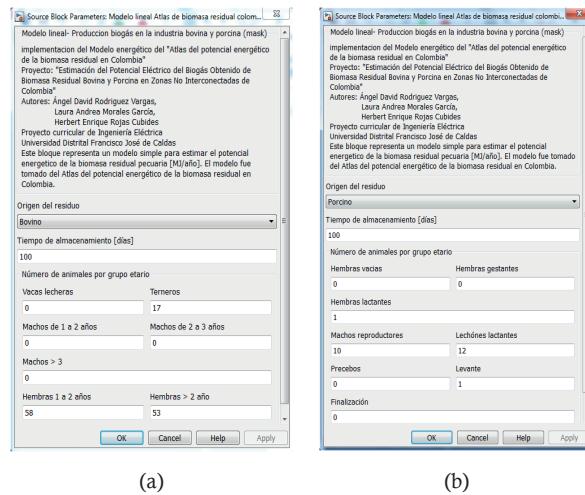
Este modelo tiene en cuenta la producción de estiércol de cada especie etaria y sigue la metodología presentada en [119]. En la figura 5.16 se muestra la implementación del modelo y en la figura 5.17 se presenta su respectiva máscara. En estas figuras se observa que dependiendo del origen del residuo (*Pop up*) los grupos etarios cambian para ajustarse al origen del residuo seleccionado. Dada la simplicidad del modelo se puede ajustar la simulación en un *Solver* de tipo discreto con solo un punto de simulación, ya que el modelo no tiene en cuenta variaciones en el tiempo.

Figura 5.16. Implementación del modelo lineal en MATLAB/Simulink®

Nota: las constantes de los bloques de entrada corresponden al número de animales por grupo etario como se puede observar en la máscara del modelo.

Fuente: elaboración propia

Figura 5.17. Máscara (a) Con el *Pop Up* en la opción *Bovino*. (b) Con el *Pop Up* en la opción *Porcino*



Fuente: elaboración propia

5.1.5. Módulo tecnologías de conversión biogás electricidad

Este módulo permite estimar el comportamiento de varias tecnologías de conversión biogás electricidad. Para acceder a los modelos del sistema de conversión es necesario cargar los resultados en el módulo de producción de biogás y hacer clic en la flecha azul que habilita el botón: *MCBE* (módulo de conversión biogás electricidad). Una vez se ingrese a este módulo el usuario se encontrará con la interfaz de la figura 5.18.

Figura 5.18. Visualización del módulo de conversión de biogás a electricidad



Fuente: elaboración propia

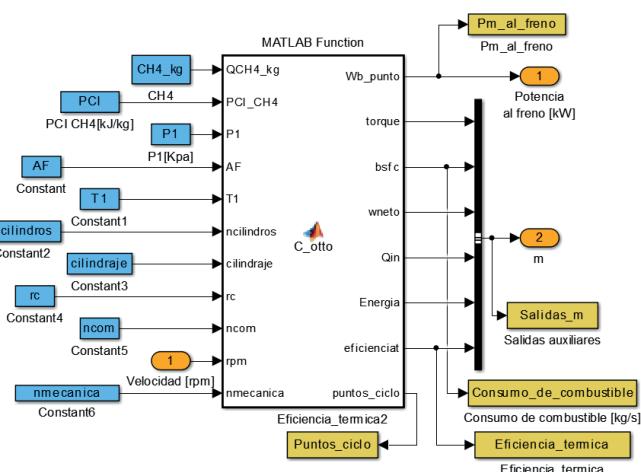
Este panel es muy similar al presentado en la sección 5.1.3.2, ya que también cuenta con una paleta de opciones que tiene tres botones: abrir un nuevo proyecto, cargar un archivo existente y cargar resultados (ver tabla 5.1). La única diferencia con el módulo *Biogás* es que al cliquear en *nuevo proyecto* se abre la librería de los MCBE (ver figura 5.2) y no la de producción de biogás.

Si el usuario lo desea puede cargar los resultados de la producción de biogás obtenidos del módulo anterior usando el botón *Cargar Resultados (Archivos.mat)*. Esto permite usar la cantidad de metano producido en un tiempo definido por el mismo usuario. No obstante, también se puede ingresar la cantidad de biocombustible directamente en cada máscara.

5.1.5.1. Ciclo Otto

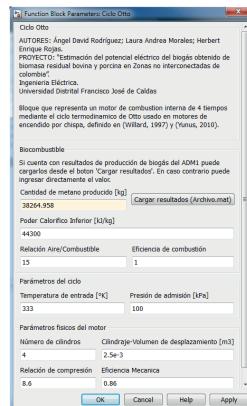
Este modelo representa un motor de combustión interna (encendido por chispa) de cuatro tiempos, el cual es descrito usando el ciclo termodinámico de Otto bajo condiciones de aire estándar. Las ecuaciones matemáticas utilizadas en este modelo fueron implementadas como una función de MATLAB®, tal y como se observa en la figura 5.19. En este caso, las entradas provenientes del módulo de producción de biogás son la cantidad de CH_4 [kg], su PCI y la presión del gas. El resto de las entradas hacen parte de las características propias de cada motor y deben ser ingresadas de acuerdo con las placas características de cada máquina.

Figura 5.19. Implementación del ciclo Otto



Fuente: elaboración propia

Figura 5.20. Máscara para el modelo del ciclo Otto

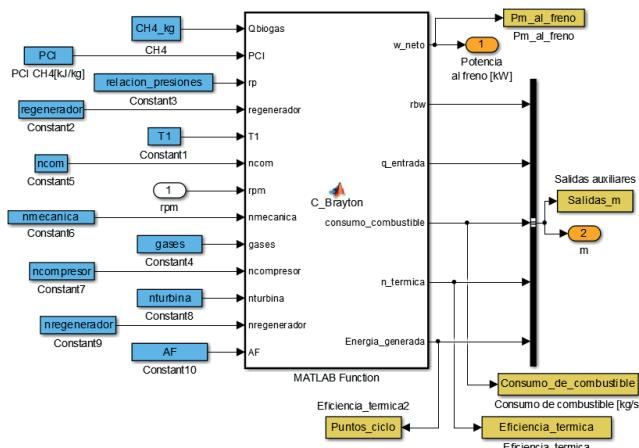


Fuente: elaboración propia

5.1.5.2. Ciclo Brayton

Para implementar el ciclo termodinámico Brayton con y sin regeneración se recurrió al mismo método usado en los MCI, donde las ecuaciones fueron implementadas como un bloque de Simulink® (ver figura 5.21). En este bloque se observa que las entradas provenientes del módulo de producción de biogás son: la cantidad de biogás [kg] y el porcentaje de CH4. El resto de entradas hacen parte de las características propias de cada TG. Adicionalmente, se agregó el bloque de Regenerador que permite incluir un regenerador al ciclo si se requiere.

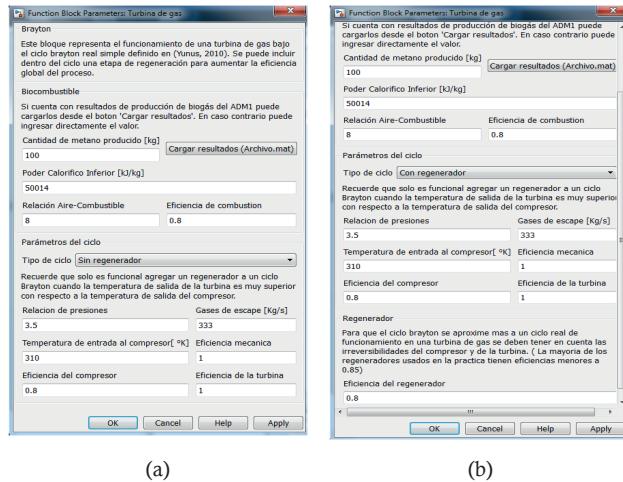
Figura 5.21. Implementación del ciclo Brayton



Fuente: elaboración propia

En la figura 5.22 se presenta la máscara creada para este modelo. Nótese que en la parte (b) el tipo de ciclo *con regenerador* es lo que hace que aparezca un texto editable donde se puede digitar la eficiencia del regenerador.

Figura 5.22. Máscara para el modelo del ciclo Brayton
(a) Sin regenerador. (b) Con regenerador

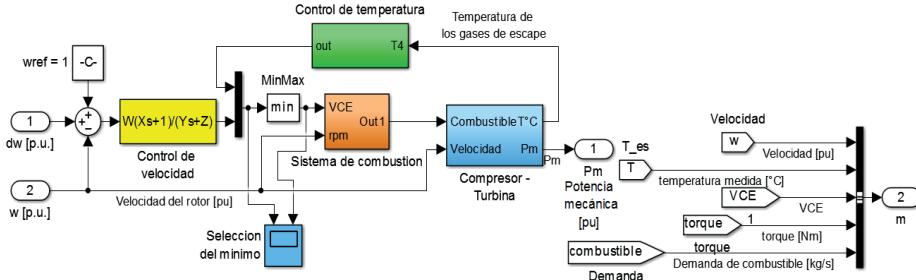


Fuente: elaboración propia

5.1.5.3. Modelo de Rowen para una turbina a gas

Este modelo puede ser usado para realizar estudios transitorios y de estabilidad ante variaciones en la carga en turbinas de gas alimentadas con biogás (ver figura 5.23). La implementación del modelo permite al usuario conocer datos importantes de la máquina como la variación de la potencia mecánica, el consumo de combustible, la velocidad y la temperatura de los gases de escape ante diferentes condiciones de carga. La máscara también calcula los parámetros de las funciones de torque y temperatura de los gases de escape siguiendo la metodología desarrollada en [124]. Debido a que el número de variables de entrada de este modelo es grande se adicionaron a la máscara los botones *Guardar datos* y *Cargar datos* con los que se pueden guardar los valores ingresados en archivos .mat (ver figuras 5.24 y 5.25).

Figura 5.23. Implementación del modelo de Rowen para una turbina a gas en MATLAB/Simulink®



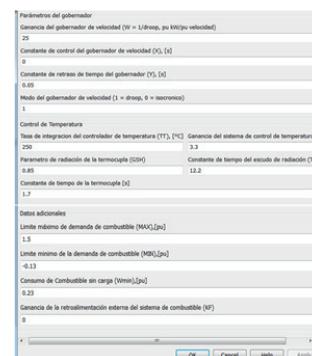
Fuente: elaboración propia

Figura 5.24. Máscara para el modelo de la turbina a gas de Rowen: parte 1



Fuente: elaboración propia

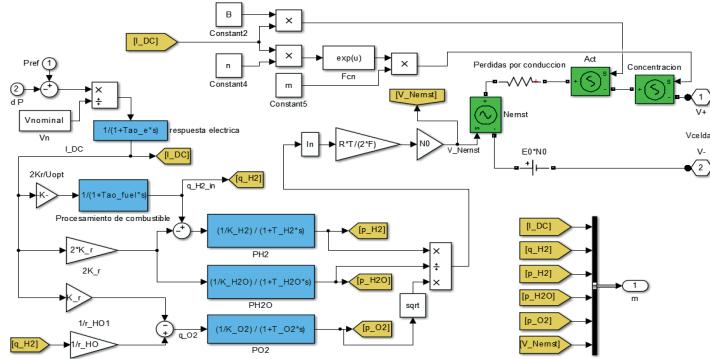
Figura 5.25. Máscara para el modelo de la turbina a gas de Rowen: parte 2



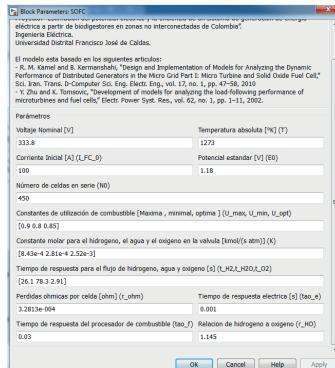
Fuente: elaboración propia

5.1.5.4. Modelo de una celda de combustible de óxido sólido (SOFC)

Las altas temperaturas de operación de una SOFC hacen que estas celdas puedan desarrollar procesos de reformado interno con los que un hidrocarburo como el metano puede ser convertido a hidrógeno. Esto hace a las SOFC dispositivos con buenas perspectivas para la generación de energía eléctrica a partir de biogás. La implementación del modelo de la celda se basó en la ecuación Nernst, donde la tensión producida se puede estimar a partir de las presiones parciales de los gases, como se puede ver en la figura 5.26. La máscara para este modelo es presentada en la figura 5.27.

Figura 5.26. Implementación del modelo de una SOFC en MATLAB/Simulink®

Fuente: adaptado de [125]

Figura 5.27. Máscara para el modelo de la SOFC

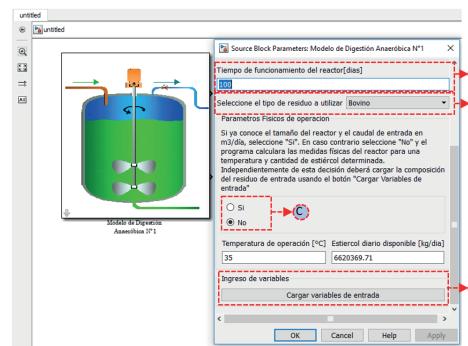
Fuente: elaboración propia

5.2. Ejemplo de uso de la herramienta

El procedimiento para usar el módulo *Biogás* será descrito a continuación:

1. Ejecutar la interfaz principal del software IS-SGEB.
2. Una vez abierta la interfaz se debe hacer clic en el botón azul que se encuentra en la parte superior de la interfaz llamado *Módulo Biogás*.
3. Hacer clic en el botón (*Nuevo proyecto*) para abrir la librería de modelos de producción de biogás en Simulink®. Ya estando en esta librería se selecciona el ADM1, el bloque debe ser arrastrado a un nuevo archivo de Simulink® y se le da doble clic. Esta acción despliega la máscara del ADM1 mostrada en la figura 5.28.

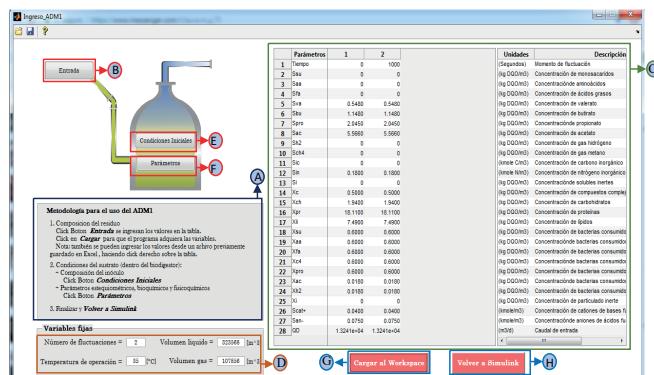
Figura 5.28. Mascara ADM1



Fuente: elaboración propia

- De acuerdo con la figura 5.28, en el recuadro A se deben digitar los días de simulación de operación del biodigestor, que para este caso es 100 días (tiempo suficiente para que el proceso de DA entre en estado estable). Luego en el recuadro B se selecciona el tipo de residuo (bovino) y posteriormente se da clic en la opción *No* del botón radial de la máscara (recuadro C). En esta opción se aplican las ecuaciones para dimensionar el reactor a partir de una temperatura y cantidad de estiércol determinada. Debido a la gran cantidad de variables de entrada del modelo fue necesario crear una interfaz llamada *Ingreso_ADM1* donde se pueden ingresar los vectores de entrada de manera ordenada. Esta interfaz se muestra en la figura 5.29 y se abre al hacer clic en el botón del recuadro D.

Figura 5.29. Ingreso de variables al ADM1. Note que el volumen líquido, el volumen gas y el caudal de entrada (Qd) ya se encuentran precargados en la ventana *Ingreso_ADM1*



Fuente: elaboración propia

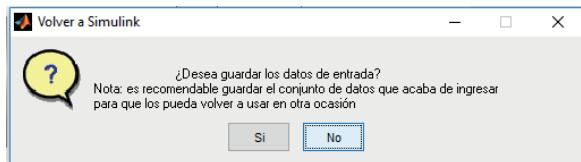
5. Según la metodología de la figura 5.29 (recuadro A), primero se debe cargar la composición del residuo de entrada usando el botón *Entrada* (recuadro B) que despliega la tabla del recuadro C. Además, la ventana *Ingreso_ADM1* carga los valores de la composición del residuo de entrada dependiendo del tipo de residuo a utilizar seleccionado en la máscara, donde la caracterización de los residuos bovinos cargados por defecto es tomada de [116]. Adicionalmente, en la figura 5.29 aparece un panel en la parte inferior (recuadro D) con las variables fijas de temperatura operacional y las dimensiones del reactor que pueden ser ingresadas directamente o pueden ser calculadas por una función de la interfaz dependiendo de la selección hecha en la máscara del modelo (ver figura 5.28, recuadro B).

Por su parte, el número de fluctuaciones hace referencia al número de columnas, ya que cada una corresponde a la composición del residuo agregado en un instante determinado. Si se asume una composición del afluente constante durante el tiempo de funcionamiento del biodigestor o el tiempo de simulación no es necesario ingresar columnas iguales para cada día, solo se necesita especificar la inicial y la final. En la figura 5.29 el tiempo de inicio es igual a cero y el tiempo de finalización es igual a 1000, esto quiere decir que el modelo tomará la composición de entrada como un escalón constante de 0 a 1000.

Al dar clic en el recuadro E se puede tener acceso a la caracterización del sustrato que se encuentra en estado estable dentro del reactor. Para este caso será igual al caso base [100]. Así mismo, al dar clic en el botón del recuadro F se pueden hacer variaciones en los parámetros estequiométricos, bioquímicos, fisicoquímicos y físicos del modelo. Estos parámetros son cargados por defecto en la interfaz dependiendo del tipo de residuo utilizado (bovino), que para este caso tienen las variaciones recomendadas en [116]. Luego para cargar estos valores al Workspace de MATLAB® se usa el botón del recuadro G que habilitará el botón del recuadro H para cerrar la ventana actual y volver a Simulink®.

6. Dar clic en el botón *volver a Simulink* (recuadro H: figura 5.29). Esto hará visible el mensaje de la figura 5.30, en donde se pueden guardar los datos de entrada del modelo en un archivo *.mat*.

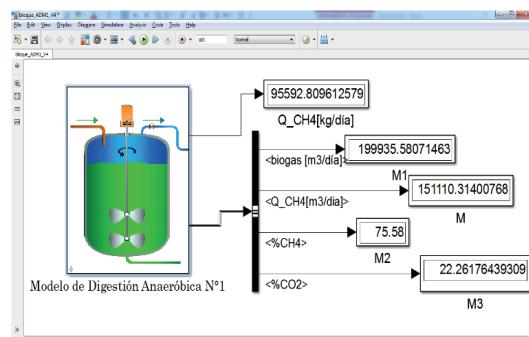
Figura 5.30. Mensaje: volver a Simulink®



Fuente: elaboración propia

7. Al volver a Simulink® se deben ingresar algunos *display* que permitan ver las salidas del modelo necesarias para este proyecto y luego dar clic al botón *play*. Cuando la simulación finalice el modelo mostrará los resultados de las ecuaciones diferenciales a los 100 días de simulación mostrados en la figura 5.31. Adicionalmente, al finalizar la simulación aparecerá una ventana para guardar los resultados de la simulación en formato *.mat*. En este caso el archivo se llama *Resultados_San_vicente_Pres_100dias*.

Figura 5.31. Resultados de la simulación del modelo ADM1 en Simulink®

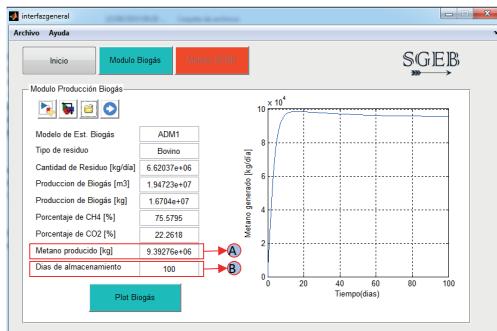


Fuente: elaboración propia

8. Para visualizar los resultados de forma gráfica se puede volver a la interfaz general SGEB y en el módulo *Biogás* dar clic en la opción *cargar resultados* (ver figura 5.32 recuadro A), lo que desplegará la ventana *Abrir Archivo.mat*. Allí, seleccionar la simulación anteriormente guardada (*Resultados_San_vicente_Pres_100dias*), y elegir Abrir. Esto hará que aparezcan los resultados de la simulación del ejemplo para el sector bovino (ver figura 5.33), donde el CH4 producido en kg hace referencia a la cantidad de metano almacenado durante los 100 días de simulación de la DA. En otras palabras, es el área bajo la curva de la gráfica *Metano generado [kg/día] Vs tiempo (días)* del módulo *Biogás* (ver figura 5.33).

Figura 5.32. Abrir proyecto en el módulo Biogás

Fuente: elaboración propia

Figura 5.33. Interfaz general con los resultados de producción de biogás usando

Fuente: elaboración propia

Luego de identificar la cantidad de CH_4 total disponible (ver figura 5.33 recuadro A=9,3927x10⁶ kg) se calcula la tasa de producción promedio dividiéndola en los días de almacenamiento de biogás (recuadro B: 100 días). Esta tasa de producción es usada para determinar el potencial máximo del recurso (Pr).

5.3. Tutorial

Con el fin de orientar al usuario sobre el uso del software IS-SGEB y del entorno de simulación desarrollado en Simulink®, se presentan varios videos donde se muestra una introducción al tema de generación de energía eléctrica basado en biodigestores y un ejemplo práctico del uso del módulo del biogás. Para visualizar estos videos solo necesita acceder a los siguientes enlaces:

<https://www.youtube.com/watch?v=TJ80ogS3m1U>

<https://www.youtube.com/watch?v=DonxOZtB5XI>

De igual manera, se puede acceder a estos videos usando un lector de códigos QR, que lo direccionará directamente (figura 5.34).

Figura 5.34 Código QR con enlace al video tutorial



Introducción



Tutorial módulo biogás

Nota: código generado gratuitamente en <https://es.qr-code-generator.com/>

Algunos ejemplos vienen incluidos dentro de los archivos de instalación con sus respectivos resultados en archivos *.mat, los cuales pueden ser consultados durante los ejercicios de aprendizaje del software.

Referencias

- [1] IPSE, *IPSE institucional 2013*, Colombia: IPSE Institucional, 2013.
- [2] UPME, *Integración de las energías renovables no convencionales en Colombia*, 2015.
- [3] H. García, A. Corredor, L. Calderón, y M. Gómez, “Análisis costo beneficio de energías renovables no convencionales en Colombia”, Bogotá D. C., 2013.
- [4] Kusch-Brandt, *Renewables 2019 Global Status Report*, vol. 8, no. 3. 2019.
- [5] Congreso de la República, *Ley 1665 del 2013*, Bogotá, Colombia: Congreso de la República, 2013, p. 63.
- [6] Unidad de Planeación Minero Energética (UPME), “Presentación general del proyecto UPME – BID para la promoción de las FNCR en Colombia Resumen y principales resultados”, *Convenio BID ATN/ FM-12825-CO*, Ministerio de Minas y Energía, Bogotá, p. 23, 2014.
- [7] Observatorio de energías renovables para Latinoamérica y el caribe, “Programa de capacitación en energías renovables - El Biogás”, ONU, Viena, 2013.
- [8] D. I. Massé, G. Talbot, y Y. Gilbert, “On farm biogas production: A method to reduce GHG emissions and develop more sustainable livestock operations”, *Anim. Feed Sci. Technol.*, vol. 166–167, pp. 436–445, Jun. 2011.
- [9] P. Conil, “Biodigestores para lodos de palma: la experiencia colombiana”, *Palmas*, pp. 31–35, Apr. 1988.
- [10] H. Steinfeld, P. Gerber, T. Wassenaar, V. Castel, M. Rosales, y C. de Haan, “La larga sombra del ganado - problemas ambientales y opciones”, 2009.
- [11] IPCC, *Cambio climático 2007-Informe de síntesis*, 2008th ed. Ginebra: Grupo intergubernamental de expertos sobre el cambio climático, 2007.

- [12] P. Conil y X. F. Gómez, *El tratamiento Anaerobio, opción para la des-contaminación de aguas residuales en Latinoamérica*, Colombia: Biotec International, 1998.
- [13] S. Prasertsan y B. Sajjakulnukit, “Biomass and biogas energy in Thailand: Potential, opportunity and barriers”, vol. 31, pp. 599–610, 2006.
- [14] M. R. Toro, “Producción de abono orgánico y biogás mediante biodigestión anaeróbica de lodos activos”, Universidad de la Serena, 2010.
- [15] E. K. Yiridoe, R. Gordon, y B. B. Brown, “Nonmarket cobenefits and economic feasibility of on-farm biogas energy production”, *Energy Policy*, vol. 37, pp. 1170–1179, 2009.
- [16] R. P. J. M. Raven and K. H. Gregersen, “Plants in Denmark: successes and setbacks”, *Renew. Sustain. Energy Rev.*, vol. 11, no. 1, pp. 116–132, Jan. 2007.
- [17] U. Marchaim, *Biogas processes for sustainable development*, 1st ed. Roma: Food & Agriculture Org, 1992.
- [18] A. Donoso-Bravo, J. Mailier, C. Martin, J. Rodríguez, C. A. Aceves-Lara, y A. Vande Wouwer, “Model selection, identification and validation in anaerobic digestion: a review”, *Water Res.*, vol. 45, no. 17, pp. 5347–64, Nov. 2011.
- [19] D. J. Batstone *et al.*, “The IWA Anaerobic Digestion Model No 1 (ADM1)”, *Water Sci. Technol.*, vol. 45, no. 10, pp. 65–73, Jan. 2002.
- [20] I. Ramírez, “Computation and implementation issues for biodiversity simulations with extended anaerobic digestion model no 1 (ADM1_N) in Matlab / Simulink”, *Rev. Invest. Univ. Quindío*, vol. 24, no. 2, pp. 269–279, 2013.
- [21] D. Batstone y P. Jensen, “Anaerobic processes”, in *Treatise on Water Science*, P. Wilderer, Ed. Brisbane, Australia: Elsevier B.V., 2011, pp. 615–637.
- [22] IDAE, *Digestores anaerobios*, 1st ed. Madrid: Instituto para la Diversificación y Ahorro de la Energía, 2007.
- [23] UPME, “Guía para la implementación de sistemas de producción de biogás”, Bogotá, 2003.
- [24] U. Zaher, *Modelling and Monitoring The Anaerobic Digestion Process In View Of Optimisation And Smooth Operation Of WWTP's*, Doctoral Thesis, Universitet Gent, 2005.

- [25] C. Gissén *et al.*, “Comparing energy crops for biogas production – Yields, energy input and costs in cultivation using digestate and mineral fertilization”, *Biomass and Bioenergy*, vol. 64, pp. 199–210, May 2014.
- [26] M. A. Hernández-Shek, L. S. Cadavid-Rodríguez, I. V. Bolaños, y A. C. Agudelo-Henao, “Recovering biomethane and nutrients from anaerobic digestion of water hyacinth (*Eichhornia crassipes*) and its co-digestion with fruit and vegetable waste”, *Water Sci. Technol.*, vol. 73, no. 2, pp. 355–361, 2016.
- [27] A. Maioli, J. Pulfer, y F. Mitjans, “Generating electricity during peak hours in Asuncion, Paraguay, through anaerobic digestion of cultivated water hyacinths”, *Ing. e Investig.*, vol. 31, no. 2, pp. 66–70, 2011.
- [28] M. C. Díaz-Báez, S. L. E. Vargas, y F. M. Pérez, *Digestión anaerobia: una aproximación a la tecnología*, Bogotá: Universidad Nacional de Colombia, 2002.
- [29] Y. Shen, J. L. Linville, M. Urgun-Demirtas, M. M. Mintz, y S. W. Snyder, “An overview of biogas production and utilization at full-scale wastewater treatment plants (WWTPs) in the United States: Challenges and opportunities towards energy-neutral WWTPs”, *Renew. Sustain. Energy Rev.*, vol. 50, pp. 346–362, oct. 2015.
- [30] G. López, *Producción de biogás a partir de RSU. Determinación de la cantidad, calidad y tiempo*, Primera. Bogotá: Universidad Distrital Francisco José de Caldas, 2011.
- [31] J. Mantilla, C. Duque, y C. Galeano, “Diseño y estudio económico preliminar de una planta productora de biogás utilizando residuos orgánicos de ganado vacuno”, *Rev. Ing. E Investig.*, vol. 27, no. 3, pp. 133–142, 2007.
- [32] T. P. T. Pham, R. Kaushik, G. K. Parshetti, R. Mahmood, y R. Balasubramanian, “Food waste to energy conversion technologies: Current status and future directions”, *Waste Manag.*, vol. 38, pp. 399–408, Dec. 2014.
- [33] J. Rico, H. García, C. Rico, y I. Tejero, “Characterisation of solid and liquid fractions of dairy manure with regard to their component distribution and methane production”, *Bioresour. Technol.*, vol. 98, no. 5, pp. 971–9, Mar. 2007.
- [34] Asociación Colombiana de Porcicultores, “Guía Ambiental para el subsector porcícola”, Bogotá, nov. 2004.

- [35] M. S. Islam, A. Islam, M. Z. Islam, y E. Basher, “Stability analysis of standalone biogas power plants in poultry farms of Bangladesh”, en *2014 3rd International Conference on the Developments in Renewable Energy Technology (ICDRET)*, 2014, pp. 1–6.
- [36] A. Nordberg y M. Edström, “Co-digestion of energy crops and the source-sorted organic fraction of municipal solid waste”, *Water Sci. Technol.*, vol. 52, no. 1–2, pp. 217–222, 2005.
- [37] V. Razaviarani y I. D. Buchanan, “Calibration of the Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1) for steady-state anaerobic co-digestion of municipal wastewater sludge with restaurant grease trap waste”, *Chem. Eng. J.*, vol. 266, pp. 91–99, Apr. 2015.
- [38] E. Cendales, “Producción de biogás mediante la codigestión anaeróbica de la mezcla de residuos cítricos y estiércol bovino para su utilización como fuente de energía renovable”, Universidad Nacional de Colombia, 2011.
- [39] E. Jurado, G. Antonopoulou, G. Lyberatos, H. N. Gavala, y I. V. Skiadas, “Continuous anaerobic digestion of swine manure: ADM1-based modelling and effect of addition of swine manure fibers pretreated with aqueous ammonia soaking”, *Appl. Energy*, vol. 172, pp. 190–198, 2016.
- [40] MFAAPC(BMELV), *Guía sobre el Biogás: desde la producción hasta el uso*, 5th ed. 2010.
- [41] M. T. Madigan, J. M. Martinko, P. V. Dunlap, y D. P. Clark, *Brock. Biología de los microorganismos*, 12th ed. Madrid: Pearson Educación S.A., 2009.
- [42] B. Deepanraj, V. Sivasubramanian, y S. Jayaraj, “Biogas Generation through Anaerobic Digestion Process- An Overview”, vol. 18, no. 5, pp. 80–93, 2014.
- [43] T. Al Seadi *et al.*, *Biogas handbook*, Teodorita. Esbjerg, Denmark: by University of Southern Denmark Esbjerg, Niels Bohrs Vej 9-10, 2008.
- [44] D. Gaida, “Dynamic real-time substrate feed optimization of anaerobic co-digestion plants”, Doctoral Thesis, Leiden University, 2014.
- [45] S. K. Khanal, *Anaerobic Biotechnology for Bioenergy Production: Principles and Applications*, 1st ed. Iowa, Estados Unidos: Wiley-Blackwell, 2009.
- [46] G. Lettinga, “Anaerobic digestion and wastewater treatment systems”, *Antonie Van Leeuwenhoek*, vol. 67, no. 1, pp. 3–28, 1995.

- [47] Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR) y Deutsches Biomasseforschungszentrum gemeinnützige (DBFZ), *Leitfaden Biogas*, 6th ed. Eschborn, Alemania: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR), 2013.
- [48] K. Karim, R. Hoffmann, K. T. Klasson, y M. H. Al-Dahhan, “Anaerobic digestion of animal waste: Effect of mode of mixing”, *Water Res.*, vol. 39, no. 15, pp. 3597–3606, 2005.
- [49] E. Cendales and S. Jiménez, “Modelamiento computacional de la producción de energía renovable a partir del biogás mediante la codigestión anaeróbica de la mezcla de residuos cítricos y estiércol bovino”, *Rev. EAN*, no. 77, pp. 42–63, 2014.
- [50] D. Deublein y A. Steinhauser, *Biogas from Waste and Renewable Resources*, Deggendorf: WILEY-VCH, 2008.
- [51] M. T. Moreno, *Manual De Biogás*. Santiago de chile: FAO, 2011.
- [52] R. Botero and T. Preston, *Biodigestor de bajo costo para la producción de combustibles y fertilizante a partir de excretas - Manual para su instalación y utilización*, 1st ed. Cali, Colombia: centro para la investigación de sistemas sostenibles de producción agropecuaria CIPAV, 1987.
- [53] M. N. Kinyua, L. E. Rowse, y S. J. Ergas, “Review of small-scale tubular anaerobic digesters treating livestock waste in the developing world”, *Renew. Sustain. Energy Rev.*, vol. 58, pp. 896–910, May 2016.
- [54] P. Weiland, “Biomass digestion in agriculture: A successful pathway for the energy production and waste treatment in Germany”, *Eng. Life Sci.*, vol. 6, no. 3, pp. 302–309, 2006.
- [55] K. J. Niño, “Estudio de prefactibilidad en la implementación de un biodigestor para la producción de energía eléctrica en una finca sabanera”, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá, 2014.
- [56] D. I. Page, K. L. Hickey, R. Narula, A. L. Main, y S. J. Grimbberg, “Modeling anaerobic digestion of dairy manure using the IWA Anaerobic Digestion Model no. 1 (ADM1)”, *Water Sci. Technol.*, vol. 58, no. 3, pp. 689–695, 2008.
- [57] A. Normak, J. Suurpere, I. Suitso, E. Jõgi, E. Kokin, y P. Pitk, “Improving ADM1 model to simulate anaerobic digestion start-up with inhibition phase based on cattle slurry”, *Biomass and Bioenergy*, vol. 80, pp. 260–266, 2015.

- [58] A. J. Ward, P. J. Hobbs, P. J. Holliman, y D. L. Jones, “Optimisation of the anaerobic digestion of agricultural resources”, *Bioresour. Technol.*, vol. 99, no. 17, pp. 7928–7940, 2008.
- [59] R. E. Speece, *Anaerobic biotechnology and odor/corrosion control for municipalities and industries*, 1st ed. Nashville, TN: Archae Press, 2008.
- [60] J. Mantilla, J. Aguirre, y L. Sarmiento, “Evaluación experimental de un motor encendido por chispa que utiliza biogás como combustible”, *Ing. e Investig.*, vol. 28, no. 2, pp. 131–141, 2008.
- [61] M. Ugarte and N. Cisneros, “Generación de energía eléctrica a partir de biogás”, Universidad Earth - Costa Rica, 2006.
- [62] Y. A. Cengel y M. E. Boles, *Termodinámica*, 7th ed. México, D.F., 2011.
- [63] U. Jeppsson, “Investigation of Anaerobic Digestion Alternatives for Henriksdal’s WWTP”, Lund, Sweden, 2007.
- [64] M. Persson, O. Jonsson, y A. Wellinger, “Upgrading to Vehicle Fuel Standards and Grid”, Report IEA Energy, Task 37 - Energy from Biogas and Landfill Gas, Vienna, 2007.
- [65] J. Souza y L. Schaeffern, “Sistema de Compresión de Biogás y Biometano”, *Inf. tecnológica*, vol. 24, no. 6, pp. 3–4, 2013.
- [66] EurObserv'ER, “Biogas Barometer”, 2014.
- [67] X. Wang *et al.*, “Efficiency and sustainability analysis of biogas and electricity production from a large-scale biogas project in China: An energy evaluation based on LCA”, *J. Clean. Prod.*, vol. 65, pp. 234–245, 2014.
- [68] L. Wang and P. Y. Lin, “Analysis of a commercial biogas generation system using a gas engine-induction generator set”, *IEEE Trans. Energy Convers.*, vol. 24, no. 1, pp. 230–239, 2009.
- [69] O. Razbani, N. Mirzamohammad, and M. Assadi, “Literature review and road map for using biogas in internal combustion engines”, in *Third international conference on applied energy*, 2011, no. May, p. 10.
- [70] P. Weiland, “Biogas production: current state and perspectives”, *Appl Microbiol Biotechnol*, vol. 85, pp. 849–860, 2010.
- [71] M. Guo, W. Song, and J. Buhain, “Bioenergy and biofuels: History, status, and perspective”, *Renew. Sustain. Energy Rev.*, vol. 42, no. 2015, pp. 712–725, 2015.

- [72] L. A. Hernández, “Technologies for the utilization of gas derived from anaerobic digestion of organic matter”, *Agron. Colomb.*, vol. XIII, no. 1, pp. 76–90, 1996.
- [73] Q. Sun, H. Li, J. Yan, L. Liu, Z. Yu, and X. Yu, “Selection of appropriate biogas upgrading technology-a review of biogas cleaning, upgrading and utilization”, *Renew. Sustain. Energy Rev.*, vol. 51, pp. 521–532, 2015.
- [74] H. Nikpey, M. Majoumerd, P. Breuhaus, and M. Assadi, “Performance analysis of a biogas-fueled micro gas turbine using a validated thermodynamic model”, *Appl. Therm. Eng.*, vol. 66, no. 1–2, pp. 181–190, May 2014.
- [75] F. Scholwin, “Developments in Biogas Cleaning & Upgrading Technologies”, in *Conference of the European Biogás Association*, 2014.
- [76] J. W. Jung and A. Keyhani, “Modeling and Control of Fuel Cell Based Distributed Generation Systems”, *J. Iran. Assoc. Electr. Electron. Eng.*, vol. 2, no. 1, pp. 10–23, 2005.
- [77] I. EG&G Technical Services, “Fuel Cell Handbook”, 2004.
- [78] G. Nahar, D. Mote, and V. Dupont, “Hydrogen production from reforming of biogas: Review of technological advances and an Indian perspective”, *Renew. Sustain. Energy Rev.*, vol. 76, no. December 2015, pp. 1032–1052, 2017.
- [79] V. Chiodo *et al.*, “Biogas reforming process investigation for SOFC application”, *Energy Convers. Manag.*, vol. 98, pp. 252–258, Jul. 2015.
- [80] A. Galvagno, V. Chiodo, F. Urbani, and F. Freni, “Biogas as hydrogen source for fuel cell applications”, *Int. J. Hydrogen Energy*, vol. 38, no. 10, pp. 3913–3920, 2013.
- [81] N. Kythreotou, G. Florides, and S. a. Tassou, “A review of simple to scientific models for anaerobic digestion”, *Renew. Energy*, vol. 71, pp. 701–714, 2014.
- [82] Centro Nacional de Producción Más Limpia, “Resource assessment for livestock and agro-industrial wastes-Colombia”, 2009.
- [83] H. Dong *et al.*, “Directrices del IPCC de 2006 para los inventarios nacionales de gases de efecto invernadero, Capítulo 10: Emisiones Resultantes de la Gestión del Ganado y del Estiércol”, 2006.

- [84] T. A. M. (Canada) Hongmin Dong (China), Joe Mangino (USA) and Jerry, “Chapter 10 Emissions from Livestock and Manure Management”, *Forestry*, vol. 4, p. 87, 2006.
- [85] L. Junfeng, H. Runqing, S. Yanqin, S. Jingli, S. C. Bhattacharya, and P. Abdul Salam, “Assessment of sustainable energy potential of non-plantation biomass resources in China”, *Biomass and Bioenergy*, vol. 29, no. 3, pp. 167–177, 2005.
- [86] U. Zaher, R. Li, U. Jeppsson, J.-P. Steyer, and S. Chen, “GISCOD: general integrated solid waste co-digestion model”, *Water Res.*, vol. 43, no. 10, pp. 2717–2727, Jun. 2009.
- [87] G. Lyberatos and I. V Skiadas, “Modelling of anaerobic digestion - a review”, *Glob. NEST J.*, vol. 1, no. 2, pp. 63–76, 1999.
- [88] A. Husain, “Mathematical Models of the Kinetics of Anaerobic Digestion-a Selected Review”, *Biomass and Bioenergy*, vol. 14, pp. 561–571, 1998.
- [89] A. Galí, T. Benabdallah, S. Astals, and J. Mata-Alvarez, “Modified version of ADM1 model for agro-waste application”, *Bioresour. Technol.*, vol. 100, no. 11, pp. 2783–90, Jun. 2009.
- [90] O. Bernard *et al.*, “Dynamical Model Development and Parameter Identification for an Anaerobic Wastewater Treatment Process”, *Biotechnol Bioeng*, vol. 75, no. 4, pp. 424–438, 2001.
- [91] H. Siegrist, D. Vogt, J. L. Garcia-Heras, and W. Gujer, “Mathematical model for meso- and thermophilic anaerobic sewage sludge digestion,” *Environ. Sci. Technol.*, vol. 36, no. 5, pp. 1113–23, Mar. 2002.
- [92] L. Yu, P. C. Wensel, J. Ma, y S. Chen, “Mathematical Modeling in Anaerobic Digestion (AD)”, *J. Bioremediation Biodegrad*, vol. s4, no. 003, p. 12, 2013.
- [93] F. Blumensaatz y J. Keller, “Modelling of two-stage anaerobic digestion using the IWA Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)”, vol. 39, no. 1, pp. 171–183, 2005.
- [94] S. Hassam, B. Cherki, E. Ficara, y J. Harmand, “Towards a systematic approach to reduce complex bioprocess models ± Application to the ADM1”, *20th Mediterr. Conf. Control Autom.*, no. 1981, pp. 573–578, 2012.
- [95] K. Boe, *Online monitoring and control of the biogas process*, Citeseer, 2006.

- [96] C. García-Diéz, O. Bernard, and E. Roca, “Reducing the Anaerobic Digestion Model No. 1 for its application to an industrial wastewater treatment plant treating winery effluent wastewater”, *Bioresour. Technol.*, vol. 132, no. 1, pp. 244–253, Mar. 2013.
- [97] E. Ficara, S. Hassam, A. Allegrini, A. Leva, F. Malpei, and G. Ferretti, “Anaerobic Digestion Models: A Comparative Study”, 2001.
- [98] IWA Task Group for Mathematical Modelling of Anaerobic Digestion Processes, *Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1) Scientific and technical report*, Ilustrada. IWA Publishing, 2002.
- [99] C. Díaz Delgado, “Modelación matemática de plantas de tratamiento de lodos activados,” in *Agua potable para comunidades rurales, reuso y tratamientos avanzados de aguas residuales domésticas*, 1st ed., RIPDA-CYTED, Ed. 2003, pp. 240–255.
- [100] C. Rosen and U. Jeppsson, “Aspects on ADM1 Implementation within the BSM2 Framework”, *Tech. Rep.*, pp. 1–37, 2008.
- [101] J. D. Hernández, “Implementación del modelo de digestión anaerobia ADM1 en Matlab/Simulink”, Universidad Politécnica de Madrid, 2015.
- [102] I. Ramírez, E. Volcke, R. Rajinikanth, and J.-P. Steyer, “Modeling microbial diversity in anaerobic digestion through an extended ADM1 model”, *Water Res.*, vol. 43, no. 11, pp. 2787–2800, Jun. 2009.
- [103] C. Rosen, D. Vrecko, K. V. Gernaey, M. N. Pons, and U. Jeppsson, “Implementing ADM1 for plant-wide benchmark simulations in Matlab/Simulink,” *Water Sci. Technol.*, vol. 54, pp. 11–19, 2006.
- [104] Y. Chen, J. J. Cheng, and K. S. Creamer, “Inhibition of anaerobic digestion process: A review,” *Bioresour. Technol.*, vol. 99, no. 10, pp. 4044–4064, 2008.
- [105] D. J. Batstone *et al.*, “Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1),” *Mendeley Deskt.*, 2002.
- [106] U. Zaher and S. Chen, “Interfacing the IWA Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1) With Manure and Solid Waste Characteristics,” in *Proceedings of the Water Environment Federation*, 2006, vol. 1, no. 1, pp. 3162–3175.
- [107] R. Girault *et al.*, “A waste characterization procedure for ADM1 implementation based on degradation kinetics,” *Water Res.*, vol. 46, no. 13, pp. 4099–4110, 2012.

- [108] R. Kleerebezem and M. C. M. Van Loosdrecht, “Waste characterization for implementation in ADM1,” *Water Sci. Technol.*, vol. 54, no. 4, pp. 167–174, 2006.
- [109] U. Zaher, *Producing Energy and Fertilizer from Organic Municipal Solid Waste: Enhancing hydrolysis and bacterial populations and mixing and thermodynamic modeling of new solid waste treatment technology*. Washington, D.C.: Washington State Department of Ecology, 2009.
- [110] U. Zaher, P. Pandey, and S. Chen, “A simple elemental continuity based model application to study the anaerobic microbial activity for the treatment of dairy manure,” *Appl. Math. Model.*, vol. 33, no. 9, pp. 3553–3564, Sep. 2009.
- [111] P. A. Vanrolleghem *et al.*, “Continuity based interfacing of models for wastewater systems described by Peterson matrices,” *Water Sci. Technol.* ., vol. 52, no. 2, pp. 493–500, 2005.
- [112] U. Zaher, P. Buffiere, J. P. Steyer, and S. Chen, “A procedure to estimate proximate analysis of mixed organic wastes.,” *Water Environ. Res.*, vol. 81, no. April, pp. 407–415, 2009.
- [113] H. Moore, *Matlab® para ingenieros*, 1st ed. Salt Lake City, Utah: Pearson Prentice Hall, 2007.
- [114] M. Lübken, P. Kosse, K. Koch, T. Gehring, and M. Wichern, “Influent Fractionation for Modeling Continuous Anaerobic Digestion Processes,” in *Biogas Science and Technology*, 1st ed., © Springer International Publishing Switzerland 2015, 2015, pp. 137–169.
- [115] I. D. Ramírez, “Anaerobic Digestion Modeling: from One to Several Bacterial Populations,” *Tecno Lógicas*, vol. 1, no. 31, pp. 181–201, 2013.
- [116] A. Normak, J. Suurpere, K. Orupöld, E. Jõgi, and E. Kokin, “Simulation of anaerobic digestion of cattle manure,” *Agron. Res.*, vol. 10, no. SPEC. ISS. 1, pp. 167–174, 2012.
- [117] Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR), “Eignung des Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM 1) zur Prozesssteuerung landwirtschaftlicher Biogasanlagen: (Applicability of the Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM 1) for process control of agricultural biogas plants),” *Güllzower Fachgespräche Band 27 Messen, Steuern, Regeln bei der Biogaserzeugung*, pp. 1–209, 2008.
- [118] L. A. Morales, Á. D. Rodríguez, and H. E. Rojas, “Assessment of the input substrate characteristics included in the anaerobic digestion model No.1,” *Ingeniería*, vol. 22, no. 2, pp. 269–282, 2017.

- [119] H. Escalante Hernández, *Atlas del potencial energético de la biomasa residual en Colombia*, 1st ed. Ministerio de Minas y Energía, 2010.
- [120] W. W. Pulkabek, *Engineering Fundamentals of the Internal Combustion Engine*, 1st ed., vol. 126. New Jersey: Pearson Prentice Hall, 1997.
- [121] W. Rowen, “Simplified mathematic representations of heavy-duty gas turbines”, *Eng. power*, pp. 865–882, 1983.
- [122] J. Padullés, G. W. Ault, and J. R. McDonald, “An integrated SOFC plant dynamic model for power systems simulation”, *J. Power Sources*, vol. 86, no. 1–2, pp. 495–500, 2000.
- [123] J. Batstone *et al.*, “Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)”, IWA Task Group on Modelling of Anaerobic Digestion Processes, London, 2002.
- [124] M. R. Bank, B. Vahidi, y W. Gawlik, “An educational guide to extract the parameters of heavy duty gas turbines model in dynamic studies based on operational data”, *IEEE Trans. Power Syst.*, vol. 24, no. 3, pp. 1366–1374, 2009.
- [125] M. K. Baliwal, A. Bhargava, S. N. Joshi, and S. Kumar, “Modeling and Simulation of Solid Oxide Fuel Cell Based Distributed Generation System”, *Int. J. Eng. Res. Technol.*, vol. 2, no. 8, pp. 2384–2388, 2013.

Autores

Laura Andrea Morales García

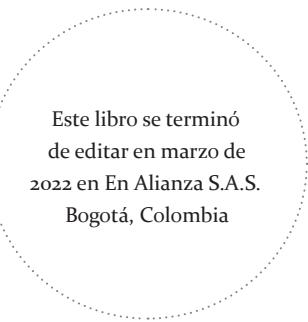
Nació en Bogotá, Colombia. Es profesional en Ingeniería Eléctrica de la Universidad Distrital Francisco José de Caldas. Desarrolló su Maestría en Ingeniería en la misma universidad y hace parte del grupo de investigación en sistemas eléctricos y eficiencia energética (GISE3). Su experiencia laboral incluye varias comercializadoras de energía donde ha trabajado en la instalación de fronteras comerciales, demanda desconectable voluntaria (DDV) y mercados energéticos. Al mismo tiempo adelanta proyectos de investigación en energías renovables, mecanismos de demanda eléctrica y confiabilidad del sistema interconectado colombiano.

Ángel David Rodríguez Vargas

Nació en Bogotá, Colombia. Realizó sus estudios de Ingeniería Eléctrica y de Maestría en Ingeniería en la Universidad Distrital Francisco José de Caldas. Se ha desempeñado como ingeniero diseñador de subestaciones y líneas de transmisión de alta y extra alta tensión para varias empresas del sector eléctrico. Sus trabajos como investigador se centran en la transición energética, el uso de fuentes no convencionales de energía y su impacto en los sistemas de potencia.

Herbert Enrique Rojas Cubides

Ingeniero Electricista. Magíster en Ingeniería Eléctrica. Doctor en Ingeniería-Ingeniería Eléctrica de la Universidad Nacional de Colombia. Profesor titular vinculado a la Facultad de Ingeniería de la Universidad Distrital Francisco José de Caldas. Director-investigador del grupo de investigación sistemas eléctricos y eficiencia energética (GISE3) y del semillero de investigación en alta tensión y descargas eléctricas atmosféricas (SATDEAT-UD), ambos de la Universidad Distrital Francisco José de Caldas. Dentro de sus líneas de interés se encuentran: demanda energética, calidad de potencia en microrredes eléctricas, alta tensión, descargas eléctricas atmosféricas, procesamiento de señales y compatibilidad electromagnética.



Este libro se terminó
de editar en marzo de
2022 en En Alianza S.A.S.
Bogotá, Colombia