

**EVALUACIÓN DEL POTENCIAL DE LA PRODUCCIÓN DE METANO A PARTIR DE
AGUAS RESIDUALES PROVENIENTES DE LA INDUSTRIA LÁCTEA.**

JUAN ESTEBAN GONZALEZ TOVAR

**PROYECTO INTEGRAL DE GRADO PARA OPTAR POR EL TÍTULO DE
INGENIERO QUÍMICO**

DIRECTORA

**VALENTINA ARISTIZABAL ECHEVERRY
INGENIERA QUÍMICA**

**FUNDACIÓN UNIVERSIDAD DE AMÉRICA
FACULTAD DE INGENIERÍAS
PROGRAMA DE INGENIERÍA QUÍMICA
BOGOTÁ D.C**

2024

Nota de aceptación

Nombre
Firma del director

Nombre
Firma del presidente Jurado

Firma del Jurado

Firma del Jurado

Bogotá D.C, 20 de Agosto de 2024

DIRECTIVOS DE LA UNIVERSIDAD

Presidente de la Universidad y Rector del Claustro

Dr. Mario Posada García-Peña

Consejero Institucional

Dr. Luis Jaime Posada García-Peña

Vicerrectora Académica

Dra. Maria Fernanda Vega de Mendoza

Vicerrector Administrativo y Financiero

Dr. Ramiro Augusto Forero Corzo

Vicerrectora de Investigación y extensión

Dra. Susan Margarita Benavides Trujillo

Secretario General

Dr. Jose Luis Macias Rodriguez

Decana de Facultad de Ingenierías

Ing. Naliny Patricia Guerra Prieto

Directora Programa de Ingeniería Química

Ing. Nubia Liliana Becerra Ospina

Las directivas de la Universidad de América, los jurados calificadores y el cuerpo docente no son responsables por los criterios e ideas expuestas en el presente documento. Estos corresponden únicamente a los autores.

TABLA DE CONTENIDO

	pág
RESUMEN	10
INTRODUCCIÓN	11
1. OBJETIVOS	13
1.1. Objetivo General	13
1.2. Objetivos Especificos	13
2. AGUA RESIDUAL DE LA INDUSTRIA LÁCTEA Y SUS MÉTODOS DE TRATAMIENTOS	14
2.1. Agua residual de la industria láctea	14
2.1.1. <i>Procesamiento de la leche</i>	14
2.1.2. <i>Características de las aguas residuales de la industria láctea.</i>	16
2.2. Tratamiento del agua residual de la industria láctea	18
2.2.1. <i>Tratamientos preliminares</i>	18
2.2.2. <i>Tratamientos primarios</i>	19
2.2.3. <i>Tratamientos secundarios</i>	19
2.2.4. <i>Tratamiento terciario</i>	21
3. GENERALIDADES DE LA DIGESTIÓN ANAEROBIA DEL AGUA RESIDUAL DE LA INDUSTRIA LÁCTEA	22
3.1. Fundamentos de la digestión anaerobia	22
3.1.1. <i>Hidrólisis</i>	22
3.1.2. <i>Acidogénesis</i>	24
3.1.3. <i>Acetogénesis</i>	24
3.1.4. <i>Metanogénesis</i>	26
3.2. Digestión anaerobia de otros tipos de residuos	27
3.2.1. <i>Digestión anaerobia de las aguas residuales de la industria láctea.</i>	30

3.2.2. <i>Biodigestores usados en el tratamiento de las aguas residuales</i>	31
3.3. Factores que afectan la digestión anaerobia	35
3.3.1. <i>Temperatura</i>	35
3.3.2. <i>pH</i>	37
3.3.3. <i>Relación Carbono/Nitrógeno</i>	37
3.3.4. <i>Velocidad de carga orgánica (VCO)</i>	38
3.3.5. <i>Tiempo de retención</i>	38
3.3.6. <i>Sustancias inhibidoras</i>	39
3.4. Cinética Microbiana	40
3.4.1. <i>Crecimiento microbiano</i>	40
4. MODELAMIENTO MATEMÁTICO DE LA DIGESTIÓN ANAEROBIA	45
4.1. Nomenclatura	45
4.2. Balance de masa	47
4.2.1. <i>Balance de materia en la fase líquida</i>	49
4.2.2. <i>Balance de materia en la fase gaseosa</i>	50
4.2.3. <i>Procesos de conversión biológicos</i>	50
4.2.4. <i>Procesos de conversión fisicoquímico</i>	58
4.2.5. <i>Fraccionamiento del agua residual de la industria láctea</i>	62
5. IMPLEMENTACIÓN	64
5.1. Resultados y análisis de resultados	67
5.1.1. <i>pH</i>	67
5.1.2. <i>Comunidades bacterianas</i>	69
5.1.3. <i>Carbohidratos, proteínas y lípidos</i>	70
5.1.4. <i>Fase gaseosa</i>	71
6. CONCLUSIONES	73
REFERENCIAS	74

GLOSARIO

85

ANEXOS

88

LISTA DE FIGURAS

	pág
Figura 1. <i>Diagrama de flujo del procesamiento de leche en una lechería</i>	15
Figura 2. <i>Proceso de digestión anaeróbica</i>	23
Figura 3. <i>Reacción de Stickland.</i>	25
Figura 4. <i>Acetato en la digestión anaerobia.</i>	26
Figura 5. <i>Reactor anaerobio de manto de lodos de flujo ascendente (UASB)</i>	34
Figura 6. <i>Reactor de filtro anaerobio.</i>	35
Figura 7. <i>Efecto de la temperatura para diferentes clases de microorganismos.</i>	36
Figura 8. <i>Energía libre de Gibbs para las reacciones de oxidación de diferentes ácidos grasos (propionato, butirato y palmitato).</i>	41
Figura 9. <i>Procesos de conversión de la digestión anaerobia según el modelo ADMI.</i>	46
Figura 10. <i>Corrientes de entrada y salida dentro un reactor CSTR.</i>	49
Figura 11. <i>Perfil de pH dentro del biodigestor.</i>	68
Figura 12. <i>Variación de los ácidos grasos volátiles y el carbón inorgánico soluble dentro del biodigestor.</i>	69
Figura 13. <i>Variación en la concentración de las comunidades bacterianas</i>	70
Figura 14. <i>Variación en la concentración del material particulado</i>	71
Figura 15. <i>Comportamiento de la fracción gaseosa resultado de la digestión anaerobia.</i>	72
Figura 16. <i>Estructura de archivos del modelamiento</i>	108
Figura 17. <i>Botón de ejecución dentro de Matlab</i>	109
Figura 18. <i>Gráfica del comportamiento de todas las variables dentro del modelo.</i>	110

LISTA DE TABLAS

		pág
Tabla 1.	<i>Características fisicoquímicas de los efluentes de diferentes plantas lecheras</i>	17
Tabla 2.	<i>Comportamiento de la digestión Anaerobia en diferentes sustratos.</i>	29
Tabla 3.	<i>Desempeño de diferentes configuraciones de reactores anaerobios para el tratamiento de diferentes efluentes de la industria láctea.</i>	32
Tabla 4.	<i>Subíndices utilizados dentro del modelo matemático.</i>	47
Tabla 5.	<i>Símbolos usados dentro del modelo matemático.</i>	48
Tabla 6.	<i>Estequiometría de las rutas metabólicas implementadas en el modelo ADM1^a</i>	51
Tabla 7.	<i>Fórmula molecular, peso molecular y demanda química teórica de oxígeno.</i>	53
Tabla 8.	<i>Estructura del modelo ADM1 en base másica propuesto (i= 1 – 12, j= 1 – 19).</i>	54
Tabla 9.	<i>Estructura del modelo ADM1 en base masica propuesto.(i= 13 – 23, j= 1 – 19).</i>	55
Tabla 10.	<i>Parámetros biológicos y físico-químicos usados en el modelo.^a</i>	60
Tabla 11.	<i>Estructura del modelo ADM1 en base másica propuesto.(i= 24 – 34, j= 20 – 28), Procesos de Inhibición y ecuaciones algebraicas.</i>	61
Tabla 12.	<i>Caracterización del agua residual en una planta de procesamiento de lácteos</i>	63
Tabla 13.	<i>Caracterización del agua residual en una planta de procesamiento de lácteos</i>	65
Tabla 14.	<i>Coefficientes bioquímicos de velocidad ($v_{i,j}$) y ecuaciones cinéticas de velocidad (ρ_j) para componentes solubles (i= 1 – 12, j= 1 – 19).</i>	111
Tabla 15.	<i>Coefficientes bioquímicos de velocidad ($v_{i,j}$) y ecuaciones cinéticas de velocidad (ρ_j) para componentes solubles (i= 13 – 24, j= 1 – 19).</i>	112

RESUMEN

Este trabajo investiga el potencial de la digestión anaeróbica para el tratamiento de aguas residuales de la industria láctea, un sector con un alto volumen de residuos ricos en materia orgánica. Se realiza un análisis integral del proceso, explorando la composición de las aguas residuales, los métodos convencionales de tratamiento y las ventajas de la digestión anaeróbica. Se profundiza en las etapas de la digestión anaeróbica: hidrólisis, acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis, describiendo los grupos microbianos y los factores que afectan su eficiencia (temperatura, pH, relación C/N, carga orgánica, tiempo de retención).

Se comparan diferentes tipos de biodigestores: AFBR, UASB, ASBR y CSTR, evaluando sus características y aplicabilidad al tratamiento de residuos lácteos. Se implementa un modelo matemático basado en el modelo ADM1 para simular la dinámica del proceso y predecir la producción de metano. Se identifican factores clave que afectan la eficiencia del proceso, incluyendo la inhibición por amoníaco, pH y concentración de AGV.

Los resultados confirman el alto potencial de la digestión anaeróbica para el tratamiento de aguas residuales de la industria láctea, ofreciendo una alternativa sostenible para la gestión de residuos y la producción de biogás, un biocombustible renovable. Se destaca la importancia del modelado matemático para comprender la dinámica del proceso, optimizar las condiciones de operación y minimizar riesgos de inhibición, contribuyendo al desarrollo de tecnologías sostenibles para el tratamiento de aguas residuales.

Palabras clave: Aguas residuales, industria láctea, digestión anaeróbica, metano, biogás, biocombustibles, tratamiento de aguas residuales, CSTR, modelo ADM1, inhibición, amoníaco, ácidos grasos volátiles, carga orgánica, tiempo de retención.

INTRODUCCIÓN

Desde el surgimiento de la Revolución Industrial, muchas economías a nivel global se han estructurado sobre una base de procesos lineales que resultan ser eco-lógicamente insostenibles. Estos procesos se caracterizan por su dependencia de la extracción, producción y eliminación de recursos, lo que ha conducido a una planificación inadecuada en la reutilización de los desechos [1]. Sin embargo, este paradigma está en transformación gracias a la implementación de conceptos como la economía circular y la sostenibilidad, que buscan lograr un equilibrio entre la productividad de los procesos y su impacto ambiental. Dentro de estos conceptos, se encuentra el de biorrefinería, que tiene como objetivo el desarrollo de procesos multifuncionales para transformar desechos en productos de alto valor agregado [2].

La industria láctea se identifica como una de las principales generadoras de aguas residuales, contribuyendo significativamente a la carga ambiental [3]. En Colombia, se produjo aproximadamente 7.414 millones de litros de leche cruda durante 2022, generando entre 0.2 y 10 litros de agua residual por cada litro de leche procesada [4] y [5]. Estas aguas residuales se caracterizan por tener altos valores de demanda química de oxígeno (DQO) y demanda biológica de oxígeno (DBO), derivados de las proteínas, carbohidratos y lípidos presentes en la leche, lo que dificulta su tratamiento mediante métodos convencionales. Esto se debe a que la leche es un fluido biológico complejo que contiene partículas lo suficientemente pequeñas para pasar a través de los filtros de los tratamientos primarios de aguas residuales, causando problemas de eutrofización. Por ello, se prefieren tratamientos biológicos, como la digestión anaerobia, que ofrecen un alto porcentaje de remoción de materia orgánica (entre el 71 % y el 97 %) y a su vez cuentan con menores requerimientos energéticos [6], [7], [8]. La tasa de generación y la composición de estas aguas residuales varían considerablemente debido a su generación intermitente y a las grandes diferencias en las propiedades fisicoquímicas de los productos derivados de la leche (como quesos, mantequilla, etc.), lo que dificulta su tratamiento [9].

En la digestión anaerobia, los carbohidratos, lípidos y proteínas se convierten inicialmente en azúcares y aminoácidos durante el proceso de hidrólisis. A continuación, en la acidogénesis, estos compuestos se transforman en ácidos grasos volátiles (AGV), que en la acetogénesis son degradados a acetato, CO₂ y H₂. Finalmente, en la metanogénesis, estos compuestos se convierten en

metano [6]. El proceso de digestión anaerobia es un equilibrio complejo entre diferentes consorcios de microorganismos, donde cada etapa presenta condiciones óptimas y velocidades de reacción distintas. Esto genera dificultades en el tratamiento de las aguas residuales de la industria láctea, relacionadas con la limitada adaptabilidad de los grupos microbianos a los cambios. Sin embargo, estas dificultades pueden mitigarse mediante el uso de condiciones de operación que satisfagan, al menos parcialmente, todas las etapas del proceso [7], [10].

En este contexto, el modelamiento del proceso de digestión anaerobia se configura como una herramienta valiosa para evaluar la producción de biogás a partir de sustratos con características fisicoquímicas variables. Este enfoque permite analizar el comportamiento del consorcio microbiano y determinar las condiciones de operación más favorables para el tratamiento [11].

1. OBJETIVOS

1.1. Objetivo General

Evaluar el potencial de producción de metano proveniente de la digestión anaerobia de las aguas residuales de limpieza de la industria láctea.

1.2. Objetivos Específicos

- Determinar los parámetros y variables que gobiernan el proceso de digestión anaerobia de las aguas residuales de la industria láctea.
- Plantear un modelo matemático que describa el comportamiento del proceso de digestión anaerobia.
- Verificar la producción de metano a través de los resultados obtenidos del modelo matemático.

2. AGUA RESIDUAL DE LA INDUSTRIA LÁCTEA Y SUS MÉTODOS DE TRATAMIENTOS

2.1. Agua residual de la industria láctea

Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO-UN), se espera que el sector lácteo sea el de más rápida expansión en el ámbito alimenticio durante la próxima década, donde se prevé un aumento del 22 % en la producción mundial de leche [12]. Esto está relacionado con el crecimiento poblacional y el aumento de la demanda que este conlleva en la leche y en todos los productos derivados de ella.

En el sector de alimentos, la industria láctea es conocida por ser una de las que mayor producción de efluentes genera por unidad de producción, con un rango de entre 3,739 y 11,217 millones de m³ al año [13]. La mayor parte del volumen de estos efluentes se genera durante los procesos de limpieza de las líneas de transporte y equipos entre ciclos de producción, la limpieza de los tanques de transporte, así como en los procesos de calentamiento y enfriamiento, errores operacionales o mal funcionamiento de los equipos [6, 14].

2.1.1. *Procesamiento de la leche*

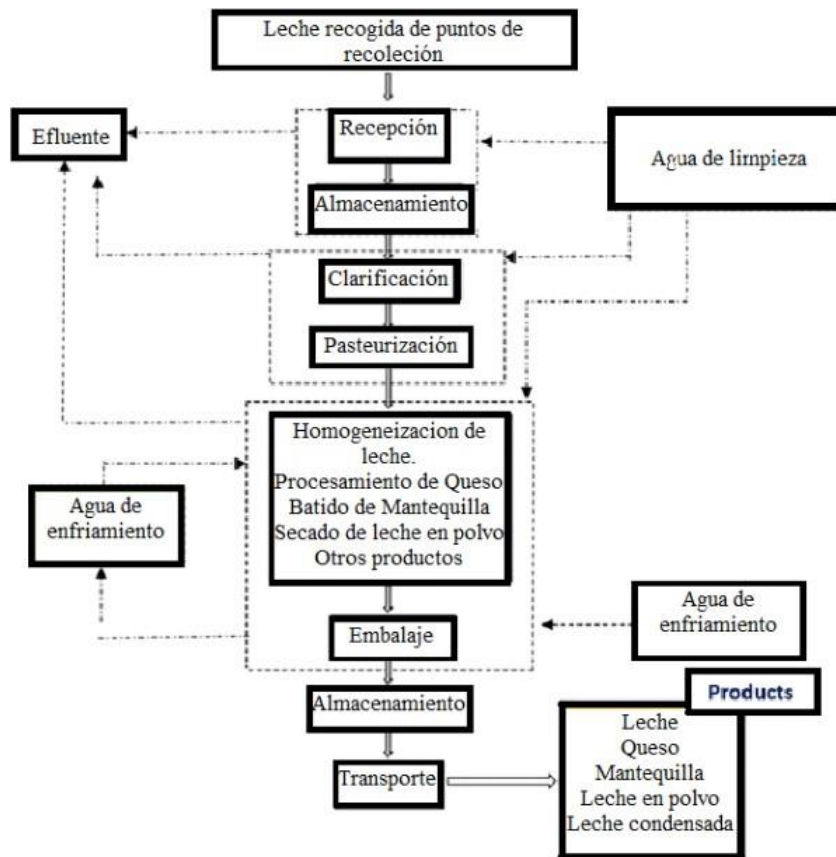
En términos generales, el procesamiento de la leche comienza con su recolección, ya sea directamente de granjas o de algún centro de acopio. Esta leche se almacena en grandes tanques o contenedores, donde se analizan sus propiedades (cantidad de proteínas, lípidos y agua, acidez, etc.) para verificar su estado antes de ser procesada. Luego, se guarda en silos durante varios días, manteniendo una temperatura entre 4 °C y 6 °C antes de ser filtrada y clarificada, removiendo así la arena, el polvo, la tierra y cualquier coágulo de proteína presente, con el fin de evitar obstrucciones en los equipos aguas abajo. Cabe resaltar que en todos los procesos de llenado y vaciado de tanques existen pérdidas considerables de leche, que contribuyen a los efluentes de esta industria [14].

Seguido de esto, se realiza un desnatado a través de centrifugación, con el objetivo de separar la crema de la leche y homogeneizar la solución. Luego, se lleva a cabo una estandarización en la que se mezcla la crema previamente separada en diferentes proporciones, según el tipo de leche que se desea obtener (entera, descremada o baja en grasa), fijando así el contenido de grasa presente en la leche. Una vez completado este proceso, la leche se somete a pasteurización, en la cual se

incrementa su temperatura durante cortos períodos de tiempo con el objetivo de destruir cualquier agente patógeno, antes de proceder a su envasado y distribución. Las etapas anteriormente descritas pueden variar dependiendo de la industria láctea específica y de los productos que esta genere; sin embargo, en la figura 1 se muestra un esquema general del procesamiento de la leche para la producción de diferentes productos y su relación con la generación de efluentes [14].

Figura 1.

Diagrama de flujo del procesamiento de leche en una lechería



Nota. Diagrama de los procesos involucrados en la generación de aguas residuales dentro de la industria láctea. Tomado de: K. Bella and P. V. Rao, "Anaerobic digestion of dairy wastewater: effect of different parameters and co-digestion options—a review," *Biomass Conversion and Biorefinery* 2021 13:4, vol. 13, pp. 2527–2552, 1 2021. [Online]. Available: <https://link.springer.com/article/10.1007/s13399-020-01247-2>

2.1.2. Características de las aguas residuales de la industria láctea.

Los efluentes generados en la industria láctea son normalmente producidos de manera intermitente y pueden involucrar procesos simultáneos de producción de diversos productos. Por lo tanto, estos efluentes pueden variar significativamente tanto en volumen como en composición, según la planta de procesamiento [6, 15]. Sin embargo, se pueden clasificar en tres categorías principales: aguas de procesamiento, aguas residuales de limpieza y aguas residuales de saneamiento, según su origen y composición

■ Aguas de procesamiento

Las aguas de procesamiento están compuestas por los efluentes generados en las etapas preliminares del procesamiento de la leche, como la recolección, el almacenamiento y las etapas de procesamiento tales como la pasteurización, homogeneización y separación. Estas aguas residuales presentan una baja concentración de contaminantes, ya que se originan principalmente al final de los ciclos de limpieza (procesos donde solo se utiliza agua sin ningún detergente) y en los procesos de calentamiento y enfriamiento de la leche. Por ello, su tratamiento es relativamente sencillo, lo que permite su reutilización dentro del proceso productivo [3].

■ Aguas residuales de limpieza

Las aguas residuales de limpieza se refieren al agua utilizada para la limpieza de tanques, equipos, reactores y otras herramientas de la planta. Estas aguas pueden contener detergentes, agentes desinfectantes y esterilizantes, lo que dificulta su tratamiento biológico. Además, son los efluentes con el mayor nivel de contaminación, con cerca del 90 % de su carga orgánica proviene de residuos de leche y de sus productos derivados [15, 14]. Este estudio se enfocará en esta categoría, ya que se trata del tipo de agua residual con mayor dificultad de tratamiento. Se caracteriza por presentar valores de carga orgánica muy altos, provenientes de la lactosa, las grasas y las proteínas (principalmente caseína) de la leche y sus productos, así como por altos niveles de nitrógeno y fósforo [3]. En la tabla 1 se muestran algunas características químicas de las aguas residuales de limpieza generadas por diferentes plantas lecheras, en esta se evidencia la alta variabilidad que presentan las características de los efluentes entre plantas del mismo proceso productivo.

Tabla 1.*Características fisicoquímicas de los efluentes de diferentes plantas lecheras*

Industria	DBO₅(mg/L)	DQO (mg/L)	pH	Grasas (mg/L)	ST (mg/L)	SST (mg/L)	P total (mg/L)	TKN (mg/L)	Referencia
Queso									
Queso/Planta de suero	377-2214	189-6219	5.2	-	-	188-2330	0.2-48	13-172	[16]
Fábrica de queso	-	2830	4.99	-	-	-	45	102	[17]
<i>Queso/Planta de suero</i>		5380	6.5	0.32	-	-	85	140	[17]
<i>Queso/Planta de suero</i>	8000		4.5-6	0.4	-	-	100	200	[18]
<i>Procesamiento de queso</i>	-	63300	3.38	2.6	53200	12500	29-181	14-140	[19]
Leche									
<i>Embotellamiento de leche y crema</i>	1200-4000	2000-6000	8-11	3-5	-	350-1000	-	50-60	[20]
Planta de procesamiento de leche	-	713-1410	7.1-8.1	-	900-1470	360-920	-	-	[21]
Planta de procesamiento de leche	3000-5000	5000-10000	4.0-7.0	-	3000-7000	-	50-70	20-150	[22]
Agua residual cruda	-	18000	-	4.89	-	7180	637	329	[23]
Procesamiento de leche (Mezcla)	-	1150-9200	6-11	-	2705-3715	340-1730	8-68	14-272	[6]
Mantequilla/leche en polvo									
Planta de mantequilla / leche en polvo	1500	-	10-11	0.4	-	-	35	70	[18]
Planta de mantequilla / queso	1250	2520	5-7	-	-	-	50	66	[24]
Suero									
Aguas residuales de suero	35000	-	4.6	0.8	-	-	640	1400	[18]
Suero de queso crudo	-	68814	-	-	3190	1300	379	1462	[25]

Nota. *DBO: Demanda biológica de oxígeno, DQO: Demanda química de oxígeno, TS: Sólidos Totales, SST: Sólidos Suspendedos Totales y TKN: Nitrógeno Kjeldahl Total.

- Aguas de saneamiento

Por último, las aguas de saneamiento están compuestas por las aguas provenientes de los baños de la planta, las cuales tienen características similares a las aguas residuales domésticas. Por esta razón, son enviadas directamente al alcantarillado para ser tratadas junto con las aguas residuales municipales [15, 14].

2.2. Tratamiento del agua residual de la industria láctea

Como se mencionó anteriormente las aguas residuales tienen altas cargas de material orgánico y son altamente variables en términos de flujos de generación y en sus características fisicoquímicas (pH, contenido de sólidos suspendidos (SS), composición de carbohidratos, proteínas y lípidos, etc.) por lo que se debe estructurar un plan de tratamiento acorde a sus características [3].

Las plantas de tratamiento se diseñan de tal manera que las condiciones del agua a tratar cumplan con unos requerimientos de calidad deseados de la manera más rentable, por lo que es normal encontrar el uso secuencial de diferentes de varias técnicas de tratamiento [26]. Estas se separan en tratamientos preliminares, tratamientos primarios, tratamientos secundarios y tratamientos terciarios.

2.2.1. Tratamientos preliminares

Los tratamientos preliminares buscan remover las partículas finas y gruesas del efluente con el fin de evitar el taponamiento y/o daño de tuberías y equipos que se encuentren en todo el procesamiento del agua residual [26, 27]. Dentro de la industria láctea este proceso debe ocurrir lo más pronto posible para evitar el aumento de DQO ocasionado por la solubilización de los compuestos sólidos [3].

En los tratamientos preliminares se realiza un ajuste de pH cuando el método de tratamiento es biológico, debido a su alta influencia en el comportamiento de los cultivos microbiológicos, acercando el pH del agua residual a los rangos óptimos del tratamiento a usar [3]. Los químicos comúnmente usados son H_2SO_4 , HNO_3 o $NaOH$ y se añaden en el tanque de homogenización. El cual debe ser empleado debido a la alta variabilidad en temperatura, volumen, pH y nivel de nutrientes siendo necesario para cualquier proceso biológico subsecuente. Este se obtiene con

tanques de mezcla lo suficientemente grandes para poder contener el flujo máximo de generación de agua residual [3, 26].

2.2.2. Tratamientos primarios

Los tratamientos primarios se enfocan en la sedimentación, y buscan reducir la cantidad de sólidos suspendidos del agua residual [26]. Para el tratamiento del agua residual de la industria láctea se destaca la remoción de grasas y aceites, donde se utilizan métodos de remoción mecánicos (como las trampas de gravedad, flotación de aire o flotación de aire disuelto), y biológicos (como la hidrólisis enzimática) con el fin de evitar la disminución de los métodos de tratamiento biológicos usados tradicionalmente [3].

A su vez se encuentran tratamientos fisicoquímicos a través de técnicas de coagulación/floculación los cuales logran altos porcentajes de remoción de turbiedad y sólidos disueltos, y remociones moderadas de demanda química orgánica [27]. En este proceso se utilizan tanto coagulantes inorgánicos (Alumbre, Sulfato ferroso y Cloruro férrico) como coagulantes orgánicos (Taninos, quitosano y polvo de Moringa), siendo estos los encargados de la generación del lodo [27]. Este debe de ser procesado o dispuesto de la manera correcta ya que en el caso del uso de coagulantes inorgánicos contiene metales como el aluminio [27].

2.2.3. Tratamientos secundarios

Consiste en el uso de métodos biológicos anaerobios (en ausencia de oxígeno) y/o aerobios (con presencia de oxígeno) para la reducción de la carga orgánica, el nitrógeno, y el fósforo del agua residual través de reacciones bioquímicas como el crecimiento microbiano [27]. Estos métodos son de mucho interés ya que gran parte de las aguas residuales de la industria láctea son biodegradables y permiten la transformación de compuestos orgánicos complejos y la absorción de metales pesados por grupos microbianos específicos, además de tener costos de implementación mas bajos comparados a aquellos que utilizan compuestos químicos y energía para la disminución de contaminantes en el agua residual [27, 3].

1.1.1.a. Tratamiento aerobio Es un método de tratamiento robusto que utiliza las altas velocidades de los microorganismos aerobios para la oxidación del material orgánico en dióxido d

carbono, agua y material celular.[3] Normalmente se requieren periodos iniciales de aclimatación y presentan altas tasas de generación de lodos, sin embargo en este proceso no se generan productos de valor agregado [27]. Algunos de los tratamientos encontrados se enumeran a continuación

- Lodos activados

En este se usa un medio de cultivo suspendido dentro de un tanque de aireación en el que parte de la carga orgánica es oxidada completamente en el proceso de obtención de energía de los microorganismos [3]. El oxígeno disuelto dentro del tanque debe de estar entre 1-2 mg/L para mantener el cultivo de manera aeróbica [3].

Después esta mezcla es llevada a un tanque de sedimentación donde los floculos de biomasa se agrupan en partículas mas grandes y precipitan. Parte de este lodo se recircula al tanque de aireación y el resto debe ser procesado y dispuesto de manera correcta.

El método aeróbico es altamente eficiente en términos de recuperación de energía, sin embargo presenta altas tasas de generación de lodos (0.6 kg de lodo seco por kg de DBO removido) y altos costos operativos relacionados por la necesaria aireación [3].

- Filtro Aerobio

Es uno de los procesos mas antiguos para producir efluentes de alta calidad en donde existe un medio con partículas de diámetro entre 20-100 mm (rocas, plástico o grava) en el que se adhieren los grupos microbianos [3]. El agua residual es después dosificada a través del medio, donde la masa microbiana absorbe los compuestos orgánicos, descomponiéndolos de manera aeróbica. Se recomienda que la carga orgánica no supere 0.3 kg DBO/m^3 [3].

Las aguas residuales de la industria láctea tienen altas cantidades de grasas y aceites que dificultan el uso de este método sin un tratamiento preliminar, debido a la pérdida de biomasa y baja eficiencia de remoción del proceso [28].

- Contactores biológicos Rotativos

Este sistema en vez de tener un medio fijo como el del filtro aerobio el medio lo conforma discos rotativos de materiales livianos como el plástico de alta densidad configurados en un eje horizontal. Los cuales se cubren entre un 40 % y 60% por el agua a tratar, para que gracias a tener

una velocidad angular entre 1 y 3 RPM el biofilm que se genera en sus paredes este en contacto con el aire del ambiente [3].

1.1.1.b. Tratamiento anaerobio. Estos sistemas presentan un mejor comportamiento en el tratamiento de aguas residuales con altas cargas orgánicas que los tratamientos aerobios, siendo económicamente mas viables [28]. A su vez presentan una tasa mucho menor de generación de lodos y permiten la valorización del agua residual a través de la generación de biogás [27].

Es por estas características que el presente estudio se enfoca en el modelamiento de la digestión anaerobia de las aguas residuales de la industria láctea.

1.1.2. Tratamiento terciario

El tratamiento terciario es una etapa avanzada opcional en el proceso de tratamiento de aguas residuales, que se centra en la eliminación de las impurezas restantes que no se trataron adecuadamente en las etapas de tratamiento primario y secundario.

2. GENERALIDADES DE LA DIGESTIÓN ANAEROBIA DEL AGUA RESIDUAL DE LA INDUSTRIA LÁCTEA

2.1. Fundamentos de la digestión anaerobia

La digestión anaeróbica es un proceso bioquímico degradativo que ocurre en ausencia de oxígeno e involucra la interacción de diversos grupos microbianos. Este proceso permite el tratamiento de una amplia variedad de residuos orgánicos, al mismo tiempo que genera energía renovable a través de la producción de biogás [29]. Este gas está compuesto principalmente por metano (40-70 %), dióxido de carbono y otros componentes en menores cantidades (agua, nitrógeno, sulfuro de hidrógeno, etc.). Sus principales aplicaciones incluyen la producción de calor y electricidad, utilizándose en motores de combustión interna, turbinas de gas y celdas de combustible [29], [30].

El proceso de digestión anaeróbica se desarrolla en cuatro etapas consecutivas como lo muestra la figura 2: una etapa extracelular llamada hidrólisis, seguida de tres etapas intracelulares: acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis, cada una llevada a cabo por diferentes consorcios microbianos. Por ello, se requiere un equilibrio entre cada etapa para lograr una operación estable [31].

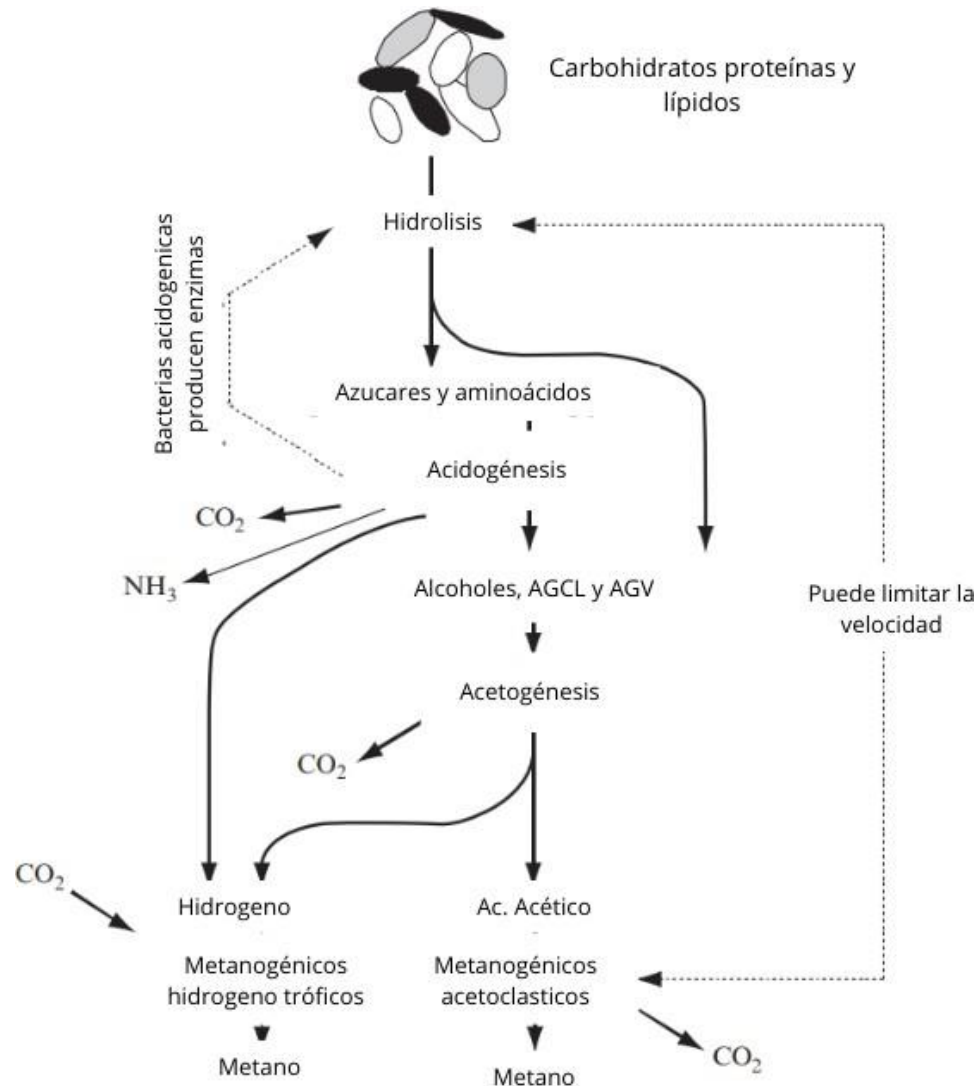
2.1.1. Hidrólisis

Acorde con Gavala et al [32] la hidrólisis es la solubilización de material particulado insoluble y la descomposición biológica de polímeros orgánicos (carbohidratos, proteínas y lípidos) a monómeros o dímeros (como azúcares solubles, aminoácidos y ácidos grasos de cadena larga (AGCL)) que puedan atravesar la membrana celular con el fin de que estos puedan procesarse. La velocidad con la que ocurre esta etapa afecta directamente la inicialización de la digestión anaerobia, ya que afecta la fase de latencia de los microorganismos involucrados y la posible formación de subproductos tóxicos no deseados [33]. Es por esto por lo que se puede considerar como la etapa limitante en la velocidad de degradación del material orgánico cuando se tratan corrientes con alta cantidad de sólidos particulados [34].

Esta etapa es llevada a cabo por enzimas extracelulares llamadas hidrolasas, las cuales son producidas por un consorcio de bacterias acidogénicas e hidrolíticas que pueden ser anaerobias

Figura 2.

Proceso de digestión anaeróbica



Nota. Esquema del proceso de digestión anaerobia de un sustrato complejo simplificado en carbohidratos, proteínas y lípidos, junto con los grupos microbianos que realizan cada etapa. Tomado de: I. Angelidaki, D. Karakashev, D. J. Batstone, C. M. Plugge, and A. J. Stams, "Biomethanation and its potential," *Methods in Enzymology*, vol. 494, pp. 327–351, 1 2011

facultativas y/o anaerobias estrictas [35], [15]. Según lo explica Vavilin et al [36], existen dos caminos para llevar a cabo la hidrólisis. En el primero las bacterias liberan las enzimas en el medio de cultivo, donde estas se absorben en una partícula, o reaccionan directamente con algún sustrato soluble presente. En el segundo son las bacterias las que se adhieren al material particulado para

posteriormente producir enzimas y utilizar los productos solubilizados de la reacción enzimática.

Como lo explica Nadais et al [15], la producción de estas enzimas extracelulares puede ser influenciada por diferentes factores que deben ser considerados. Por ejemplo, la presencia de sustratos fácilmente degradables en el medio de cultivo puede inhibir la producción de proteasas, las cuales son las enzimas encargadas de la hidrólisis de proteínas. También se ha evidenciado que la presencia de algunas proteínas puede afectar la tensión superficial del medio inhibiendo la adsorción de las lipasas con los lípidos evitando la hidrólisis de estos.

2.1.2. Acidogénesis

La comunidad microbiana dentro de esta etapa está compuesta por bacterias acidogénicas fermentativas, las cuales degradan los monosacáridos, aminoácidos y los ácidos grasos de cadena larga (AGCL) obtenidos en la etapa anterior en una mezcla de AGV (acetato, propionato, butirato y valerato), hidrógeno y dióxido de carbono [32], [37]. Esta etapa es altamente influenciada por la transferencia de hidrógeno entre especies microbianas, el pH, la tasa de dilución, la temperatura y el tiempo de aclimatación que tenga la comunidad microbiana con el sustrato alimentado al reactor.

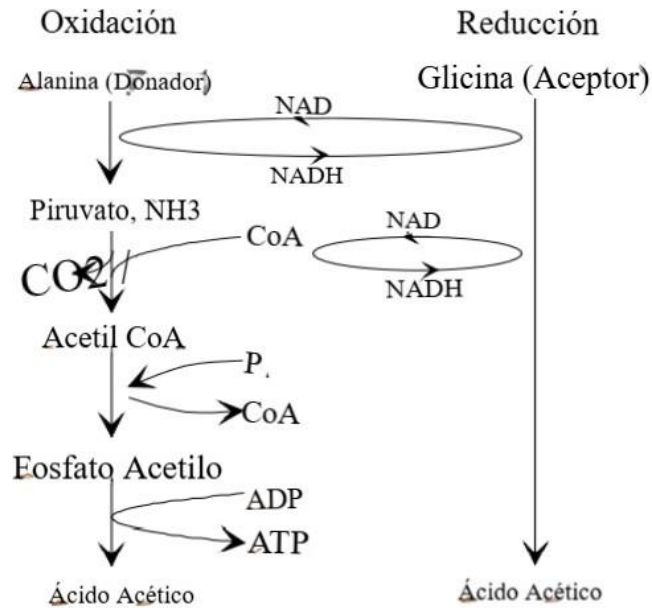
Ramsay y Pullammanappallil [38] explican que para la degradación de los aminoácidos existen dos caminos; la degradación de un par de aminoácidos acoplados a través de la reacción de Stickland que se muestra en la figura 3, y la oxidación de un sólo aminoácido con iones de hidrógeno o dióxido de carbono como aceptor de electrones externo. Siendo las reacciones de Stickland más rápidas que la degradación desacoplada [39].

La reacción de Stickland normalmente involucra un aminoácido que actúa como donante de electrones y uno que actúa como receptor de electrones. Como resultado al aminoácido donante de electrones se le retira un átomo de carbono para formar CO₂ y se forma un ácido carboxílico con el nuevo átomo de carbono final, mientras que el aminoácido aceptor de electrones forma un ácido carboxílico con el mismo número de átomos de carbono.

2.1.3. Acetogénesis

En esta etapa se da la síntesis del acetato degradando los productos obtenidos en la acidogénesis, siendo uno de los intermediarios más importantes al contribuir entre el 60 y el 70 % en la generación de metano [31]. Existen 2 vías para su generación (como lo muestra la figura 4

Figura 3.
Reacción de Stickland.



Nota. Muestra la reacción de Stickland acoplada de alanina y glicina. Tomado de: D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, "The iwa anaerobic digestion model no 1 (adml)," pp. 1–72, 2002.

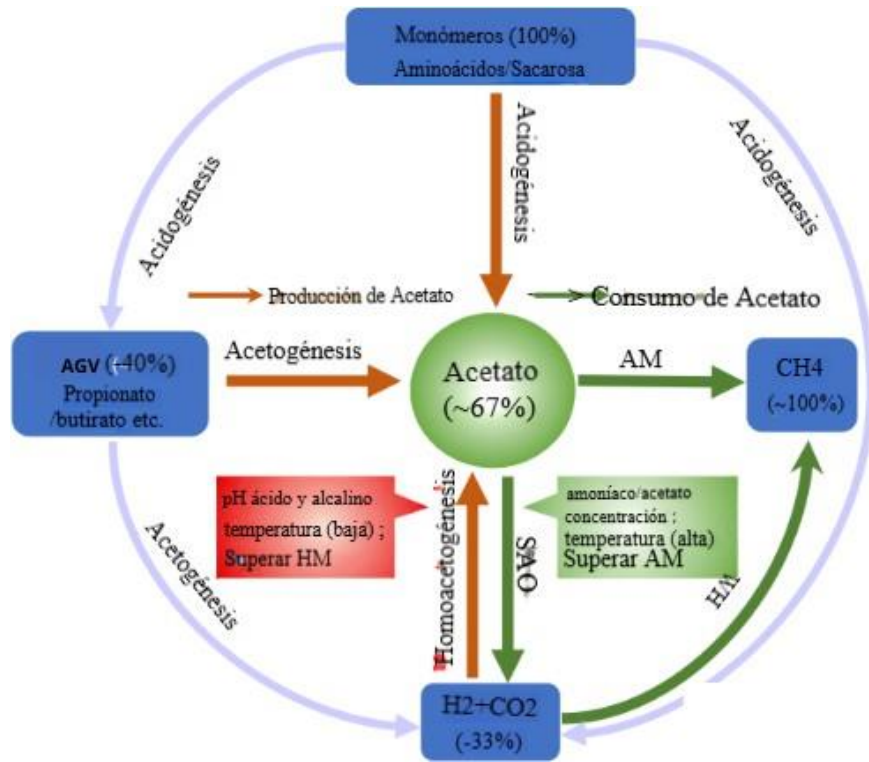
relacionadas con los 2 grupos microbianos que la llevan a cabo. La primera es por la reducción de CO_2 utilizando H_2 donde están involucrados los microorganismos homoacetógenos, estos microorganismos son anaerobios estrictos y compiten con los microorganismos metanógenos por sustrato (hidrógeno, formiato y etanol). La segunda es a partir de la oxidación de los ácidos orgánicos generados en la acidogénesis donde están involucrados microorganismos productores de hidrógeno [40].

Las bacterias acetogénicas son limitadas por la pequeña cantidad de energía obtenida en el proceso de conversión, haciendo necesario que se presenten concentraciones bajas de hidrógeno para que puedan disponer de energía para su crecimiento. Esto se hace evidente al ver la reacción de acetogénesis donde por principio de Le Chatelier una baja concentración de hidrógeno hace que la reacción se desplace a la formación de ácido acético. En estas condiciones la generación de acetato

es preferida por los grupos microbianos sobre productos reducidos como lo son el propionato o el butirato. Una acumulación de hidrógeno excesiva hace que se aumente la cantidad de AGV de cadena larga, resultando en la reducción del pH inhibiendo la etapa de acetogénesis [35].

Figura 4.

Acetato en la digestión anaerobia.



Nota. Muestra el rol del acetato en la digestión anaerobia. AM: metanogénesis acetoclástica, HM: metanogénesis hidrogenotrófica. Tomado de: X. Pan, L. Zhao, C. Li, I. Angelidaki, N. Lv, J. Ning, G. Cai, and G. Zhu, “Deep insights into the network of acetate metabolism in anaerobic digestion: focusing on syntrophic acetate oxidation and homoacetogenesis,” Water Research, vol. 190, p. 116774, 2021

2.1.4. *Metanogénesis*

Como se ha mencionado anteriormente en esta etapa ocurre la producción de metano, siendo el compuesto más importante en el proceso de digestión anaerobia al brindar la capacidad calorífica presente en el biogás. Los responsables de esta etapa son las arqueas metanogénicas las cuales son

el único grupo metabólico que pueden obtener energía de compuestos carbonados de bajo peso molecular e hidrógeno, y son las que presentan las velocidades de crecimiento más bajas dentro de todo el consorcio microbiano presente en la digestión anaerobia [7]. Estas se dividen en arqueas metanogénicas acetoclásticas las cuales producen el metano usando el acetato producido en la etapa anterior, en arqueas metanogénicas hidrogenotróficas las cuales producen metano usando dióxido de carbono e hidrógeno, formiato, alcoholes y compuestos metilados, y en arqueas metanogénicas metilotróficas las cuales usan compuestos metilados como el metanol como donantes o receptores de electrones en el proceso de formación de metano [7], [41]. La metanogénesis acetoclástica junto con la metanogénesis hidrogenotrófica son las rutas metabólicas que presentan mayor contribución al contenido de metano en el biogás, siendo la metanogénesis metilotrófica despreciable [33].

2.2. Digestión anaerobia de otros tipos de residuos

La digestión anaerobia es ampliamente vista como un método de tratamiento efectivo tanto como para residuos sólidos como residuos líquidos. Donde su eficacia depende en gran medida de la composición química del sustrato. Los carbohidratos, son los más fáciles de degradar, abundan en los residuos de alimentos y de papel, e inicialmente promueven una rápida acidogénesis. Sin embargo, un exceso de carbohidratos de carbono puede provocar un rápido descenso del pH, inhibiendo a los metanógenos y provocando la acumulación de ácidos grasos volátiles (AGV). Optimizar el contenido de carbohidratos es crucial para evitar estos problemas [42].

Las proteínas, aunque ofrecen un alto potencial de metano, presentan una serie de retos diferentes. Las altas concentraciones de proteínas aumentan la producción de amoníaco, lo que inhibe la metanogénesis. La toxicidad del amoníaco depende en gran medida del pH y puede comprometer gravemente el proceso. Las estrategias para mitigar la inhibición del amoníaco incluyen el control de la relación C/N, la regulación del pH y el uso de técnicas de bioaugmentación. La codigestión con sustratos ricos en carbohidratos puede ayudar a equilibrar la relación C/N y evitar la acumulación de amoníaco [42].

Los lípidos, aunque poseen el mayor rendimiento teórico de metano, son los más difíciles de digerir debido a la lenta hidrólisis de los ácidos grasos de cadena larga (AGCL). Los AGCL se acumulan e inhiben a los metanógenos, prolongando el proceso de digestión y reduciendo la producción de metano. Varios métodos pueden ayudar a superar los problemas relacionados con

los lípidos, incluido el pretratamiento (como métodos mecánicos o químicos para descomponer los lípidos) y la codigestión con otros sustratos que promuevan una comunidad microbiana equilibrada [42].

A continuación, en la tabla 2 se muestra parte de su aplicabilidad y su comportamiento en distintas industrias.

Tabla 2.*Comportamiento de la digestión Anaerobia en diferentes sustratos.*

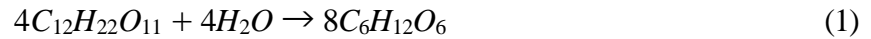
Tipo de Desecho	Inóculo	Componentes orgánicos presentes			Temp °C	Periodo de Digestión (Días)	Rendimiento CH ₄ (ml/g VS)	Resultados	Referencias
		LPD (% VS)	CH (% VS)	PTN (% VS)					
SYW	ANS	17	17	66	37	100	El rango óptimo de proteína se encuentra entre 17.0 y 31.6% VS.	[43]	
CFW	ANS	38.6	17.3	44.1	37	684.1	La concentración óptima de proteína se encontró en 22.6% VS.	[44]	
Proteína de suero	SM	1.8	9.3	88.9	37	49	795.83	Se estudiaron factores como F/M y AGV/Alcalinidad para reducir la fase de retraso.	[45]
Albúmina	SM	0.6	8.2	91.2	37	47	750.68	AGV/Alcalinidad <0.4 y F/M entre 0.4 y 0.6 fueron óptimos.	[45]
Gelatina	SM	0.5	0.1	99.5	37	43	801.11		
VW	ANS	35.7	9.9	54.4	55	25	496	Los desechos ricos en proteínas 50–70% VS dieron un mayor rendimiento de metano que los sustratos ricos en carbohidratos.	[46]
Huevo	ANS	33.5		66.6	55	25	650		
Residuo Fishery	ANS	6.7	1.3	92.2	20	459	El alto contenido de proteína conduce a inhibiciones de amoníaco. la acumulación de amoníaco >2 g/L hace que el proceso de AD falle. El contenido de metano fue más bajo debido al muy bajo contenido de carbono y alto contenido de nitrógeno.	[47]	
SYW	ANS		20	80	37	21	273	Se realizó la codigestión de carbohidratos (almidón) y proteína (BSA). El contenido de proteína del 20% como cosustrato mejoró la hidrólisis en comparación con un sustrato rico en carbohidratos	[48]
WAS+								Codigestión de WAS con proteína	
SYW	ANS			56.7	37	30	163.6	Incremento del 200% en el rendimiento de metano con un aumento adicional del 6% en el contenido de proteína del 2 al 8%.	[49]
SSW	GS	47.2		51.1	37	80	707	Contenido de metano del 56-63% en biogás con exceso de lípidos en el sustrato	
	GS	45.3		54.7	37	80	756	Se determina el potencial bioquímico de metano del agua de mar. 700-760 mL CH ₄ /g-VS para un contenido de proteína del 45-47%	[50]

Nota. Se muestra el comportamiento de la digestión anaerobia para SYW (Desecho Sintético), CFW (Desechos de comida), VW (Desecho vegetal) usando como inóculo ANS (Lodo Anerobico). Tomado de: K. Parvez and M. M. Ahammed, "Effect of composition on anaerobic digestion of organic fraction of municipal solid wastes: A review," *Bioresource Technology Reports*, vol. 25, p.101777, 2 2024.

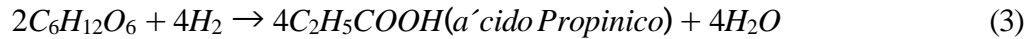
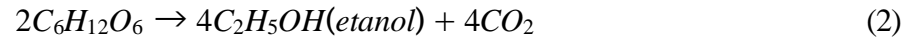
2.2.1. Digestión anaerobia de las aguas residuales de la industria láctea.

■ Degradación de carbohidratos

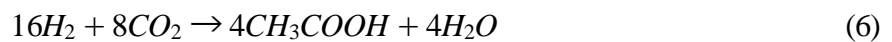
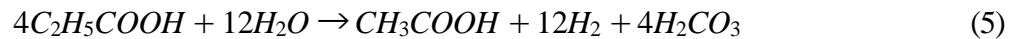
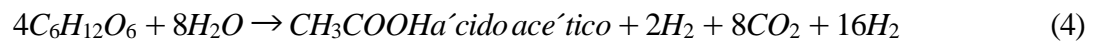
Se tomó a la lactosa como representante de los carbohidratos al ser uno de los principales contribuidores a la carga orgánica de las aguas residuales de limpieza de la industria láctea [51]. Asumiendo que como producto de su hidrólisis se obtiene glucosa (Ec. 1) [14].



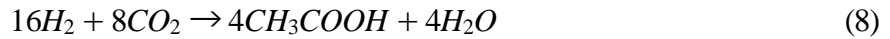
La cual en la acidogénesis es degradada a etanol y ácido propiónico (Ec. 2 y Ec. 3 respectivamente) [14]. Aunque no se tiene en cuenta la formación de etanol ya que su formación es apreciable cuando el pH es menor a 4.5, pH en el cual el proceso de digestión anaerobia en una sola fase ya se encontraría inhibido [52].



Teniendo esto en cuenta, las rutas de formación disponibles del ácido acético dentro de la acetogénesis son por la combinación de glucosa y agua (Ec. 4), por la combinación del ácido propiónico y agua (Ec. 5) o por la combinación de una parte del dióxido de carbono con agua (Ec. 6) [14].



La formación de metano en la etapa de metanogénesis se puede deber a la disociación del ácido acético o a la combinación de CO_2 e hidrógeno (Ec. 7 y Ec. 8 respectivamente)[14].



■ Degradación de proteínas

Las aguas residuales de la industria láctea presentan altas concentraciones de proteínas fermentables, por lo que es fundamental describir adecuadamente sus rutas de degradación en el contexto de la digestión anaeróbica. Por esta razón, se utilizó la caseína como modelo para su degradación, dado que constituye cerca del 80 % de las proteínas totales presentes en las aguas residuales de la industria láctea [51]. De manera general, las proteínas se degradan primero en sus aminoácidos constituyentes durante la etapa de hidrólisis. Luego, en la etapa de acidogénesis, se reducen aún más a ácidos grasos volátiles (AGV), junto con la generación de amoníaco e hidrógeno. Por último, en las etapas de acetogénesis y metanogénesis, se forman ácido acético y metano, respectivamente [14].

Debido a la complejidad que implicaría simular la generación de aminoácidos individuales durante la hidrólisis, y dado que esto aportaría poca información, se decidió tratarlos como una mezcla. Además, se asume que en esta etapa ocurre la solubilización de la caseína [37].

■ Degradación de lípidos

Como lo explica Sung & Alastair [53], los lípidos son una parte importante de la carga orgánica presente en las aguas residuales de la industria láctea, principalmente los ésteres triglicéridos. Por esta razón, se seleccionó el triglicérido palmítico como modelo lipídico, ya que es uno de los principales componentes de las grasas presentes en la leche, y se consideró el palmitato como ácido graso de cadena larga (AGCL) resultante de la hidrólisis del triglicérido palmítico [14, 37].

2.2.2. Biodigestores usados en el tratamiento de las aguas residuales

Los biodigestores son depósitos en los que se producen las reacciones biológicas que transforman el sustrato de entrada, llevadas a cabo por los microorganismos o enzimas que contienen

[54]. Sus requerimientos de diseño básico son permitir una VCO alta, continua y sostenible, y un TRH corto para minimizar el volumen del reactor y producir el volumen máximo de metano [41]. A continuación, se da una explicación de algunas de las configuraciones de biodigestores anaerobios más comunes para el tratamiento de las aguas residuales de la industria láctea y en la tabla 3 se muestran sus comportamientos a la hora de tratar con aguas residuales de la industria láctea:

Tabla 3.

Desempeño de diferentes configuraciones de reactores anaerobios para el tratamiento de diferentes efluentes de la industria láctea.

Tipo de Agua Residual o Industrial	Tipo de reactor	TRH (día)	VCO (kg DQO/(m ³ día))	Temperatura (°C)	Porcentaje de Remoción de DQO (%)	Referencia
Suero de queso	FA	6.6	8.3	-	76	[55]
Producción de quesos	UASB	-	31	-	90	[56]
Agua de limpieza	UASB	0.25-0.75	0.8-9.6	30	75-85	[57]
Industria láctea	ASBR	40-5	1.6x10 ⁻³ -12.8x10 ⁻³	50	95-68	[58]
Producción de helados	UASB	5-0.4	1.04-13	35	99-64.2	[59]
Industria láctea	CSTR	1-0.5	9.3	35	91-20	[6]
Producción de helados	AFBR	0.3	15.6	35	94.4	[60]

Se muestran algunos parámetros de operación junto con los porcentajes de remoción de DQO obtenidos para aguas residuales de la industria láctea usando diferentes configuraciones de biodigestor.

■ Reactor anaerobio de cama fluidizada (AFBR)

En este tipo de reactor, el medio en el que se adhieren y crecen las bacterias se mantiene fluidizado por las fuerzas de arrastre ejercidas por el agua residual ascendente y el biogás generado. Es necesaria una recirculación parcial del efluente que permita la mezcla lateral de las partículas y evite la canalización [41]. El material de soporte está compuesto por pequeñas partículas (entre 0.2-0.8 mm) inertes como la arena, el carbón activado o la alúmina [9, 61]. Con la fluidización del material de soporte, se aumenta el área superficial, lo que permite el crecimiento de una delgada biopelícula y resulta en una transferencia de masa eficiente entre las bacterias y el sustrato. Esta característica permite que esta configuración de reactor funcione con altas velocidades de carga orgánica (VCO) y presente una mayor resistencia a los inhibidores [41]. Este tipo de reactor es

más eficaz para el tratamiento de sustratos que contienen altas cantidades de material orgánico suspendido o soluble de alta biodegradabilidad, como el suero de leche [9].

- Reactor anaerobio de manto de lodos de flujo ascendente (UASB)

Es la configuración más común para el tratamiento de aguas residuales en la industria alimentaria, debido a su capacidad de tratar grandes volúmenes de agua residual en un tiempo relativamente corto, presentando altas eficiencias en la remoción de material orgánico, así como su sencilla construcción y bajo costo operativo [6, 5]. Este reactor se divide en tres secciones. Primero, el agua residual fluye hacia arriba a través de un lecho de lodos granular, ubicado en la parte baja del reactor, donde se encuentran los microorganismos que degradan la materia orgánica, garantizando un buen contacto entre ellos. A continuación, hay una zona de líquido sobrenadante con un manto de lodos, y finalmente, una zona de clarificación que promueve la separación gas-sólido, con el objetivo de mantener los gránulos dentro del reactor, como se muestra en la figura 5 [41, 62]. Este manto de lodos se forma por la acumulación de sólidos suspendidos entrantes y de grupos bacterianos. Se utilizan granulados bacterianos densos que actúan como filtro para prevenir la eliminación de las bacterias, al mismo tiempo que proporcionan una gran área superficial donde pueden desarrollarse rápidamente [9, 54] .

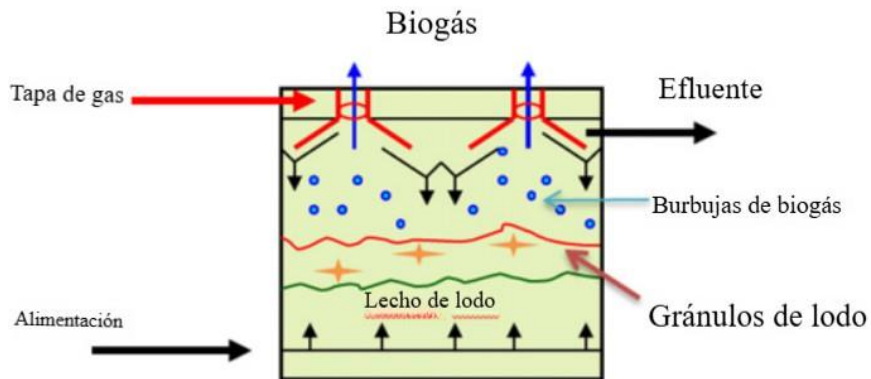
Las desventajas operacionales que estos presentan para el tratamiento de las aguas residuales de la industria láctea están relacionadas con la cantidad de lípidos que estas tienen y su posible acumulación dentro del reactor, puesto que genera la flotación de lodos, eliminación de las bacterias, reducción en la transferencia de masa, deterioro de la capacidad de sedimentación de lodos y menor actividad de los lodos presentes [63].

- Reactor por lotes de secuenciación anaerobia (ASBR)

Es una variación por lotes del UASB, en el que se utiliza un único reactor para llevar a cabo la reacción, la sedimentación y la decantación, y ya que no se tiene un clarificador es necesaria la recirculación externa del efluente [41]. Pueden ser operados con biomasa granular o inmovilizada, la cual será expuesta a una concentración de sustrato variable en el tiempo al ser un proceso por lotes, resultando en altas tasas de conversión de sustrato y en una floculación y sedimentación de la biomasa eficiente [41, 63]. Son capaces de alcanzar tratamientos eficientes de aguas residuales

Figura 5.

Reactor anaerobio de manto de lodos de flujo ascendente (UASB)



Nota. Se muestran los diferentes flujos dentro de un reactor UASB. Tomado de: R. Borja and B. Rincón, “Biogas production,” Reference Module in Life Sciences, 1 2017. [Online]. Available: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780128096338091056>

relativamente diluidas siendo exitosamente empleados en el tratamiento de las aguas residuales de la industria láctea [63].

■ Filtro Anaerobio (FA)

En esta configuración las bacterias son inmovilizadas en un medio de soporte (rocas o gravillas) el cual debe proporcionar una amplia área superficial para la fijación y crecimiento de los microorganismos, y en el que su distribución debe realizarse de tal manera que prevenga bloqueos y canalizaciones, y a su vez permita un contacto directo entre el afluente y la biomasa [9, 41]. Estos posibles bloqueos son la característica crítica a la que se le debe prestar mayor atención puesto que resultan en la reducción del TRH reduciendo el rendimiento del reactor [41]. En la figura 6 se muestra un esquema del reactor.

■ Biodigestor CSTR

Acorde con Mao et al [9] el reactor de mezcla completa es el primer reactor anaerobio de alta carga. Es conocido por su fiabilidad y se usa en el tratamiento de aguas residuales que contienen altas cargas de sólidos suspendidos como lo son las aguas industriales orgánicas o el

Figura 6.

Reactor de filtro anaerobio.



Nota. Reactor de filtro Anaerobio: a) flujo de alimento ascendente y b) flujo de alimento descendente. Tomado de: R. Borja and B. Rincón, “Biogas production,” Reference Module in Life Sciences, 1 2017. [Online]. Available: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780128096338091056>

estiércol animal. En este sistema los microorganismos están suspendidos dentro del reactor usando una mezcla continua, con la que se determina las condiciones del contacto entre estos y el sustrato de alimentación, siendo parte vital de la degradación del material orgánico. Es por esto por lo que la elección de la velocidad de mezcla debe tener en cuenta las fuerzas de cizallamiento a las que estarán expuestos los microorganismos, con el fin de asegurar su correcto crecimiento [54].

Por estas condiciones y también por la facilidad que se tiene al momento de realizar su modelamiento se decide utilizar las ecuaciones del reactor CSTR para el modelamiento propuesto.

2.3. Factores que afectan la digestión anaerobia

Como ocurre con cualquier proceso bioquímico, la eficiencia de la digestión anaeróbica depende en gran medida de diversos factores, como el pH, el tiempo de retención hidráulico (TRH), el tiempo de retención de sólidos (TRS) y la temperatura de operación, entre otros. Estos factores deben considerarse para el diseño y la operación óptima de un biodigestor [14].

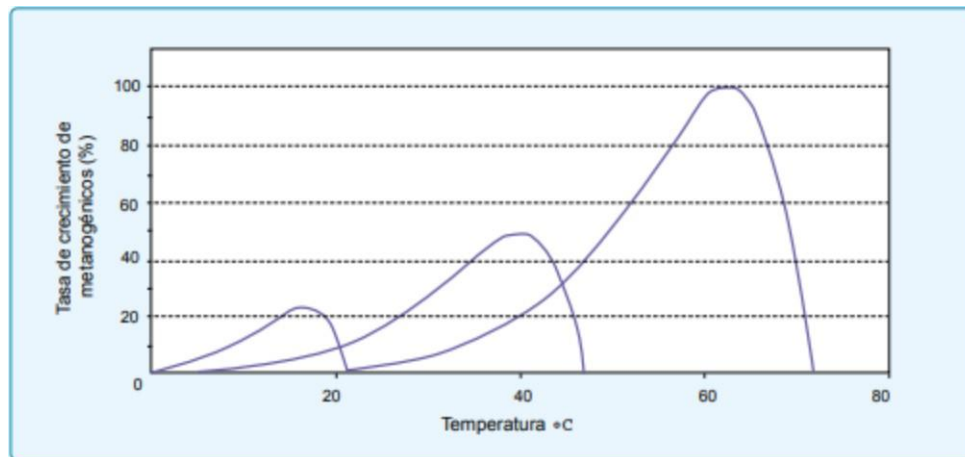
2.3.1. Temperatura

La temperatura determina la velocidad con la que se llevan a cabo las reacciones dentro de la digestión anaerobia, a mayor temperatura las velocidades de reacción son más altas, resultando en la disminución en los tiempos de retención requeridos reduciendo el volumen necesario del biodigestor

[34]. Existen tres rangos de temperatura en los que existen especies de bacterias metanogénicas, el rango termofílico (entre 50 °C y 70 ° C), el rango mesofílico (entre 20° C y 42° C) y el rango psicrófilo (<20° C). La figura 7 muestra cómo varía la tasa de crecimiento de microorganismos metanogénicos dentro de los diferentes rangos de temperatura [61].

Figura 7.

Efecto de la temperatura para diferentes clase de microorganismos.



Nota. Muestra el comportamiento de la tasa de crecimiento relativo de microorganismos psicrófilos (curva izquierda), mesofílicos (curva del medio) y termofílicos (curva derecha) según la temperatura. M. T. V. Moreno, Manual de Biogas, O. de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), Ed., 2011. [Online]. Available: <https://www.fao.org/docrep/019/as400s/as400s.pdf>

En el rango termofílico aumenta la capacidad de soportar cargas orgánicas, y consecuentemente su productividad, disminuyendo el tiempo de digestión. Sus principales desventajas están asociadas a posibles procesos de acidificación provenientes de las altas velocidades de reacción presentes en la etapa de acidogénesis, lo que puede inhibir la producción de biogás generando una disminución en la estabilidad del proceso, en la calidad del efluente, y un aumento en la generación de toxinas, además de representar mayores costos de implementación y operación [9], [30]. Dentro de las etapas de la digestión anaerobia la acetogénesis y la metanogénesis son las más afectadas por la variación de la temperatura [61].

2.3.2. *pH*

Es uno de los factores más importantes en la digestión anaeróbica, ya que influye directamente en la producción de biogás y en su composición final [34]. Las velocidades de crecimiento de los distintos microorganismos presentes en la digestión anaeróbica dependen en gran medida del pH, siendo los microorganismos metanogénicos los más afectados por sus variaciones. Por este motivo, los biodigestores de una única etapa suelen operar a valores de pH entre 6.8 y 7.2, un intervalo que permite niveles óptimos de actividad para los diferentes grupos microbianos, evitando así el predominio de un solo grupo sobre los demás [9], [61].

Los valores de pH inferiores a 6.6 reducen significativamente la velocidad de crecimiento de los microorganismos metanogénicos, lo que provoca la acumulación de ácido acético y H_2 [34]. Cuando aumenta la presión parcial de H_2 , las bacterias que degradan el ácido propiónico se ven severamente inhibidas, lo que provoca una acumulación excesiva de ácidos grasos volátiles (AGV) de alto peso molecular y una disminución en la producción de ácido acético. Esto genera una reducción del pH, y si no se corrige, el proceso puede fallar debido a la inhibición de las comunidades microbianas, lo que dificulta la generación de metano [34]. También es importante tener en cuenta que el pH influye en los equilibrios químicos presentes en el medio, desplazando la reacción hacia la formación de componentes que impactan la digestión anaeróbica, como es el caso de los equilibrios ácido-base del amoníaco y del ácido acético [34]. Por ello, es esencial que el contenido del biodigestor tenga una capacidad buffer suficiente para neutralizar cualquier acumulación eventual de ácidos grasos volátiles (AGV) y prevenir la formación de zonas ácidas localizadas [61].

2.3.3. *Relación Carbono/Nitrógeno*

Teóricamente, toda materia orgánica tiene el potencial de generar biogás a través del proceso de digestión anaerobia. Sin embargo, la cantidad y calidad del biogás producido varían significativamente en función de la composición y naturaleza del sustrato utilizado. Esta variabilidad es indicativa de los niveles de nutrientes presentes en el sustrato a procesar, siendo el carbono y el nitrógeno los nutrientes fundamentales que promueven el crecimiento óptimo de los microorganismos implicados en este proceso anaerobio.

Una relación elevada C/N en el sustrato puede ocasionar una reducción en la velocidad de solubilización de las proteínas, lo que resulta en una concentración insuficiente de nitrógeno amoniacal total y amoníaco libre. Esta deficiencia de nitrógeno limita el mantenimiento de la biomasa celular, lo que, a su vez, conduce a una disminución en la producción de biogás. Por el contrario, una relación baja de C/N puede incrementar la concentración de nitrógeno a niveles que podrían inhibir el crecimiento de ciertos grupos bacterianos dentro del consorcio microbiano, impactando negativamente la eficiencia del proceso de digestión anaerobia. Estos factores destacan la importancia de mantener un equilibrio adecuado en la relación C/N para optimizar la producción de biogás en sistemas anaerobios [9], [34]. Se considera que una relación C/N óptima se encuentra entre 20 y 30 unidades de carbono por unidad de nitrógeno [34].

2.3.4. *Velocidad de carga orgánica (VCO)*

La velocidad de carga orgánica determina la cantidad de sólidos volátiles que entran en el biodigestor por día en condiciones de operación continua, y depende de la concentración de sustrato y del tiempo de retención hidráulico establecido [34]. Normalmente, con el aumento de la velocidad de carga orgánica, la producción de biogás también incrementa hasta cierto punto, tras el cual comienza a disminuir hasta llegar a su inhibición. Este decaimiento se debe a cambios en el equilibrio entre especies y/o a la presencia o generación de agentes tóxicos. A medida que se incrementa la actividad de los microorganismos que llevan a cabo las etapas de hidrólisis y acidogénesis, se producen más ácidos grasos volátiles (AGV) dentro del biodigestor, lo que provoca una acidificación que puede inhibir la producción de metano [9].

2.3.5. *Tiempo de retención*

El tiempo de retención se define como el período necesario para que ocurra la degradación de la materia orgánica dentro del biodigestor. Este tiempo está asociado a la velocidad de crecimiento de los microorganismos y depende de la temperatura, la velocidad de carga orgánica (VCO) y la composición del sustrato. Los tipos de tiempo de retención más importantes son el tiempo de retención hidráulica y el tiempo de retención de sólidos, que están estrechamente relacionados [9].

- Tiempo de retención hidráulica (TRH)

Se define como el tiempo en que el sustrato soluble reside dentro del biodigestor junto con la biomasa y se encuentra usando la siguiente ecuación (Ec. 9) [9], [14]:

$$TRH = \frac{V}{Q} \quad (9)$$

Donde V es el volumen del biodigestor y Q es la velocidad de flujo de entrada. El tiempo de retención hidráulica junto con la velocidad de carga orgánica son los principales parámetros de diseño de un biodigestor, ya que definen el volumen del reactor, además de impactar directamente en la eficiencia de degradación del sustrato, la producción de metano y la distribución de la comunidad microbiana dentro del biodigestor.

Un aumento en el tiempo de retención hidráulica (TRH) incrementa el grado de degradación de la materia orgánica presente, así como la producción de biogás, hasta alcanzar un punto máximo, tras el cual comienza a disminuir. Por otro lado, un TRH muy bajo puede llevar a la eliminación total de los microorganismos, lo que detiene completamente la generación de biogás [14], [34].

- Tiempo de retención de sólidos biológicos (TRSB)

Es el tiempo de permanencia promedio de los microorganismos dentro del biodigestor y se determina como la relación entre la cantidad de sólidos volátiles que entra al biodigestor y la cantidad de sólidos volátiles que salen del mismo [34]. En los biodigestores de mezcla completa (CSTR), el tiempo de retención hidráulica (TRH) es igual al tiempo de retención de sólidos (TRSB). Sin embargo, en biodigestores más avanzados, como los reactores anaeróbicos de membrana, se puede llevar a cabo un control independiente de estos parámetros, lo que permite retener la biomasa.

2.3.6. *Sustancias inhibidoras*

- Amonio - Amoníaco

Como se mencionó anteriormente, el amoníaco es un nutriente esencial para el crecimiento óptimo de los microorganismos. Sin embargo, su acumulación en el medio de cultivo puede inhibir el proceso de digestión anaeróbica, afectando principalmente a los microorganismos metanogénicos

[9]. Esta acumulación está relacionada con el amoníaco y el amonio presentes en el caudal de entrada del biodigestor, así como con el proceso de degradación de proteínas, donde se liberan estos compuestos [64]. Se ha encontrado que una concentración de nitrógeno amoniacal total entre 1700 mg/L y 1800 mg/L es suficiente para causar la inhibición de un consorcio microbiano que no ha sido aclimatado. Sin embargo, si se opta por un aumento gradual de la concentración mediante un proceso de aclimatación, se podrían alcanzar valores de hasta 5000 mg/L [65].

- Presión parcial de hidrógeno

La presión parcial de hidrógeno está directamente relacionada con el control del proceso de digestión anaeróbica, ya que las reacciones de la acetogénesis sintrófica (degradación de ácidos grasos volátiles, como el propionato y el butirato en acetato) y la metanogénesis hidrogenotrófica son termodinámicamente posibles solo dentro de un pequeño rango de concentraciones de hidrógeno, el cual se muestra como un área sombreada en la figura 8 [37], [65], [66].

- Ácidos grasos de larga cadena (AGLC)

La acumulación de ácidos grasos es un factor crítico responsable de la inhibición del proceso de digestión anaeróbica, ya que afecta las rutas metabólicas de la metanogénesis, la degradación del propionato y la β oxidación. Su efecto se vuelve irreversible después de alcanzar cierto umbral de concentración [67].

2.4. Cinética Microbiana

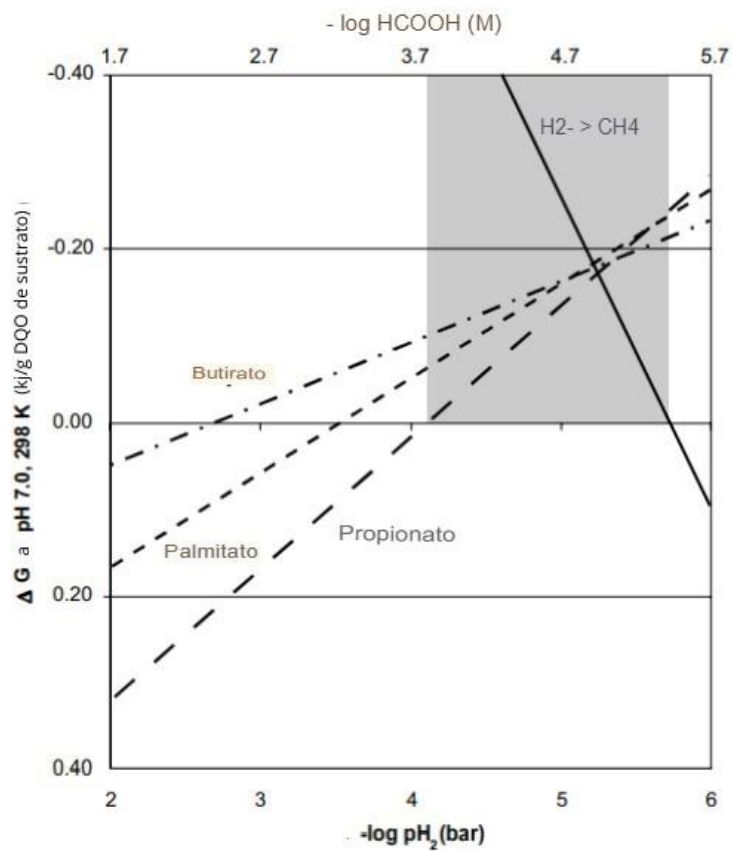
En el contexto de la digestión anaerobia, la corriente de alimentación del biodigestor se transforma predominantemente en productos metabólicos y biomasa. Por esta razón, el análisis de las dinámicas de crecimiento y muerte de los grupos microbianos presentes se vuelve fundamental para representar adecuadamente el proceso en un modelo matemático. A continuación, se procederá a detallar el enfoque utilizado para modelar estos procesos.

2.4.1. Crecimiento microbiano

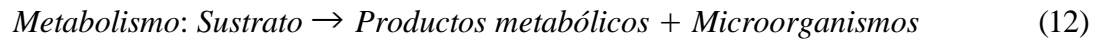
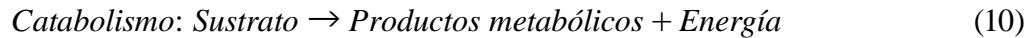
Como lo explica Gavala et al [32] El crecimiento celular está generalmente relacionado con la conversión de sustratos en productos (catabolismo), donde se libera la energía suficiente para la síntesis de nuevas células y su mantenimiento (anabolismo).

Figura 8.

Energía libre de Gibbs para las reacciones de oxidación de diferentes ácidos grasos (propionato, butirato y palmitato).



Variación de la energía libre de Gibbs para las reacciones de oxidación de diferentes ácidos grasos (propionato, butirato y palmitato) y la metanogénesis hidrógeno trófica respecto a la variación de la presión parcial de hidrógeno. Tomado de: D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, "The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1)," pp. 1–72, 2002.



Teniendo en cuenta esto, se puede utilizar un factor de rendimiento que relaciona la biomasa generada con el sustrato consumido, con el fin de describir el crecimiento de los grupos microbianos de la siguiente forma (Ec. 13):

$$Y_j = \frac{\Delta X}{\Delta S} \quad (13)$$

Donde ΔX es la variación de la concentración de la biomasa resultante del crecimiento microbiano y ΔS es la variación de la concentración de sustrato resultante del consumo del sustrato dentro del biodigestor. En la sección la tabla 10 usados para cada grupo microbiano involucrado en la digestión anaerobia del agua residual de la industria láctea.

2.4.1.a. Modelos de crecimiento microbiano. Como lo explica Wu et al [68], el inicio del modelamiento de las cinéticas de crecimiento de los grupos bacterianos proviene del trabajo realizado por Michaelis Menten, en donde se describe la actividad enzimática dependiendo de la concentración de sustrato en el medio. Un comportamiento similar se le puede asignar al crecimiento bacteriano al ser auto catalítico, donde Monod descubre este paralelismo e inicia este proceso de modelado del complejo proceso de crecimiento celular.

A continuación, se muestran parte de los modelos cinéticos aplicables a la digestión anaerobia.

- Crecimiento por cinética de Monod y decrecimiento por ecuación de primer orden

El modelo de Monod [69] determina que la velocidad crecimiento de un grupo microbiano puede describirse de la siguiente manera (Ec. 14):

$$r_j = \mu_{max} X_j \frac{S_j}{K_s + S_j} \quad (14)$$

Donde r [$kgDQO.m^{-3}.d^{-1}$] es la velocidad de crecimiento microbiano dentro de cada proceso a evaluar, X_j [$kg DQO. m^{-3}$] es a la concentración de biomasa, μ_{max} [d^{-1}] es la tasa de velocidad máxima de crecimiento microbiano alcanzable únicamente cuando S_j es mucho mayor que K_s , siendo K_s [$kg DQO. m^{-3}$] la constante de saturación de Monod, y S_j [$kg DQO. m^{-3}$] la concentración de sustrato limitante. Este tiene una buena relación con el crecimiento de cultivos puros dentro de medios de cultivo sencillos, además de no ser capaz de describir la disminución de la concentración de bacterias relacionada a la lisis celular y la respiración endógena[68].

Con el fin de solventar parte de las deficiencias anteriormente presentadas se puede implementar un modelo de primer orden frente a la disminución de concentración de biomasa siguiendo la siguiente ecuación 15 [37]:

$$\rho_{hyd,i} = k_{decay,i} X_i \quad (15)$$

Donde $k_{decay,i}$ [d^{-1}] es la constante de primer orden de la velocidad de decaimiento y cuyo valor se muestra en el la tabla 15, y X_i es la concentración del grupo bacteriano i [$kg DQO. m^{-3}$].

■ Contois

Es un modelo cinético basado en la concentración de sustrato y biomasa desarrollado por Contois en 1959 (Ec 16) [70]. Donde se muestra un mejor ajuste a los sustratos de altas cargas orgánicas dentro de la etapa de hidrólisis [71].

$$r_j = \mu_{max} \frac{S_j}{K_{sx} + S_j} \quad (16)$$

También presenta un buen ajuste a datos experimentales de crecimiento en la fase exponencial de 5 comunidades bacterianas de lacto-bacilos al momento de degradar lactosa [72].

■ Modelo de Chen y Hashimoto

Es un modelo creado en 1980, que se ha usado satisfactoriamente tanto para procesos de digestión anaerobio continuos como en lotes. Los medios de cultivo utilizados pueden contener altos contenidos de solidos [68]. El modelo se describe en la siguiente ecuación (Ec 17)

$$S = \frac{S_0 K}{\mu_{max} c + K - 1} \quad (17)$$

Donde S es la concentración de sustrato en el efluente para un reactor en estado estacionario, S_0 es la concentración inicial de sustrato, K es la constante de Chen y Hashimoto y c es el tiempo de retención de sólidos.

Para la correcta elección del modelo cinético a implementar se deben realizar pruebas con datos experimentales que permitan corroborar su ajuste al comportamiento de los microorganismos en el sustrato específico [72]. Teniendo en cuenta que dentro del trabajo realizado por el grupo IWA [37] se utiliza el modelo de crecimiento de Monod, y que dentro del mismo trabajo se recopilan las constantes cinéticas encontradas a la temperatura de interés (35°C) para la degradación de los componentes principales del agua residual de la industria láctea se decide usar el modelo cinético de monod acoplado a una velocidad de decaimiento de primer orden.

3. MODELAMIENTO MATEMÁTICO DE LA DIGESTIÓN ANAEROBIA

Los modelos matemáticos permiten representar las principales características de la conversión bioquímica y fisicoquímica que ocurren en un sistema biológico, facilitando la comprensión, formulación y validación de hipótesis, así como la realización de predicciones sobre el comportamiento del sistema bajo diferentes condiciones. Estas herramientas no solo reducen el costo experimental en el proceso al que se aplican, sino que también permiten mejorar y optimizar estos procesos [73].

En la literatura encontramos modelos simples como el realizado por Andrews y Graef [74] donde se estima una única población bacteriana encargada de llevar a cabo la digestión anaerobia y se simplifican los efectos inhibitorios, modelos intermedios como el presentado por Bernard et al [75] en el que se toman en cuenta un mayor número de procesos (tanto biológicos como fisicoquímicos) y poblaciones bacterianas. Sin embargo, es aceptado que el modelo que permite evidenciar la degradación de diferentes sustratos, el seguimiento de 32 sustancias, junto con sus efectos inhibitorios, y el comportamiento de diferentes comunidades bacterianas es el modelo ADM1 [11].

Este modelo fue desarrollado por el grupo de trabajo sobre modelización matemática IWA [37] al cual se le implementó a la ruta de degradación de lactosa como ruta dentro de la hidrólisis de carbohidratos junto con algunas de las simplificaciones desarrolladas por Weinrich y Nelles [76] que serán explicadas en este capítulo.

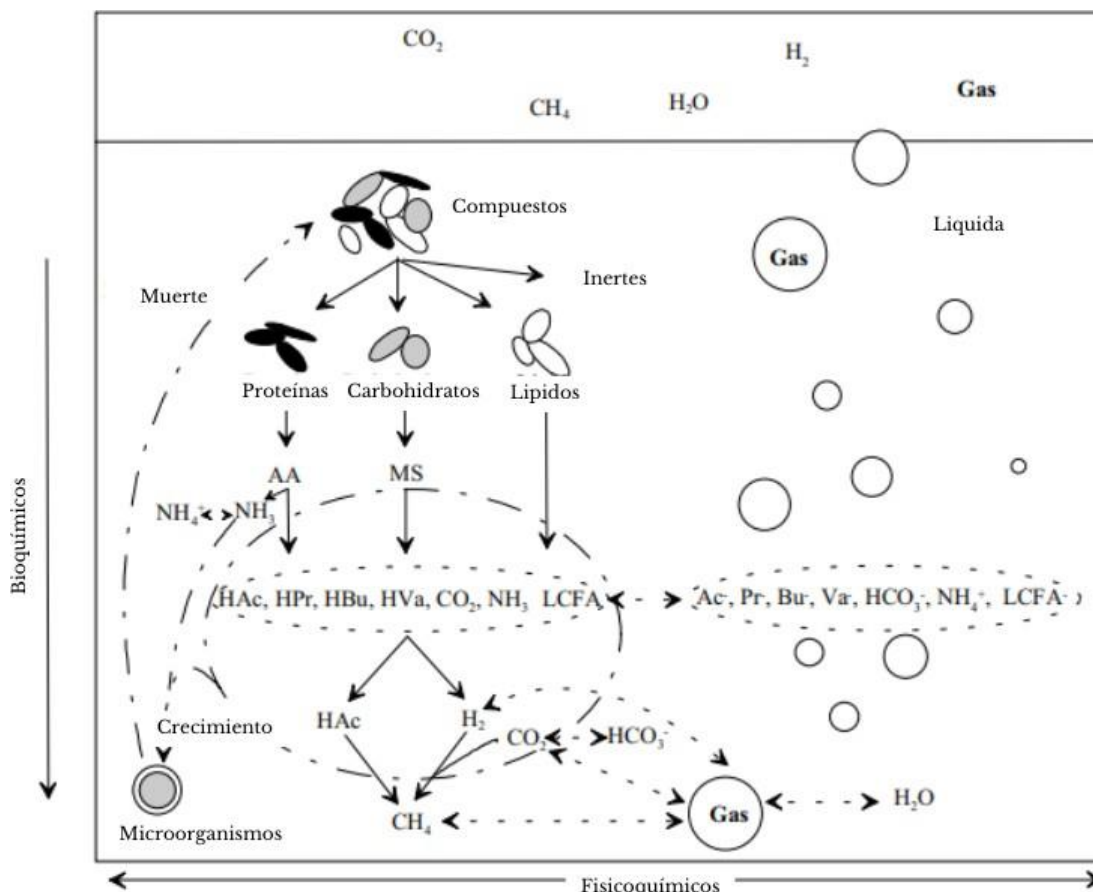
Estas modificaciones fueron implementadas con el fin de describir mejor la degradación de las aguas residuales de la industria láctea dentro de la digestión anaerobia. En este se tienen en cuenta los procesos de conversión biológicos y fisicoquímicos que se presentan en la digestión anaerobia los cuales son mostrados en la figura 9.

3.1. Nomenclatura

En las tablas 4 y en la tabla 5 se muestran los subíndices y símbolos utilizados respectivamente para escribir y hacer referencia a los diferentes compuestos encontrado en la digestión anaerobia del agua residual de la industria láctea.

Figura 9.

Procesos de conversión de la digestión anaerobia según el modelo ADM1.



Nota. Las reacciones bioquímicas son implementadas como irreversibles, mientras que las reacciones fisicoquímicas son implementadas como reversibles. MS (monosacáridos); AA (aminoácidos); LCFA (ácidos grasos de cadena larga); HVa (ácido valérico); Va- (valerato); HBu (ácido butírico); Bu-(butirato); HPr-(ácido propiónico); Pr-(Propionato); HAc (ácido acético); Ac-(acetato). Tomado de: D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, "The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1)," pp. 1–72, 2002.

Tabla 4.*Subíndices utilizados dentro del modelo matemático.*

aa	Amino ácidos acido- y acetogenesis	h2	Hidrógeno
ac	Ácido acético	hyd	Hidrólisis
an	Aniones	I	Inertes
atm	Atmosfera	IC	Carbon inorgánico
bac	Microorganismos	IN	Nitrógeno inorgánico
bu	Ácido Butírico	li	Lípidos
c4	Ácido Valérico y butírico	pr	Proteínas
cat+	Cationes	pro	Ácido propiónico
ch	Carbohidratos	sI	Inertes Solubles
ch4	Metano	su	Azucares
co2	Dióxido de Carbono	va	Ácido Valérico
dec	Decaimiento	X	Microorganismos
dis	Desintegración	xc	Compuestos particulados
fa	AGVL	xI	Compuestos particulados inertes

Nota. Tabla que muestra los diferentes subíndices utilizados dentro del modelo para llamar los diferentes compuestos.

3.2. Balance de masa

La representación de la variación en la concentración de los diferentes compuestos en el tiempo dentro del biodigestor, así como su conexión con el crecimiento microbiano en el proceso de digestión anaerobia, es fundamental para desarrollar un modelo matemático exitoso. Para ello, es importante definir un volumen de reacción junto con sus corrientes de entrada y salida. En este caso, se asume que el biodigestor tiene un comportamiento de reactor de tanque agitado continuo (CSTR), el cual se representa en la figura 10. Se decidió utilizar un reactor CSTR para simplificar el modelo matemático, ignorando la variación de la concentración de los diferentes compuestos en el espacio, lo que permite evitar el análisis de los flujos internos dentro del biodigestor.

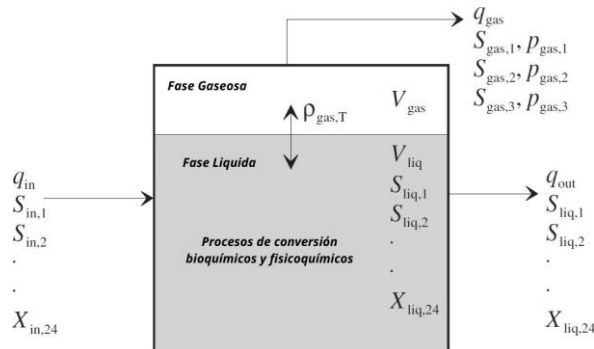
Tabla 5.*Símbolos usados dentro del modelo matemático.*

Símbolos		
a b c	Constantes y parametros universales	
C	Contenido de carbono	[mol C/g DQO]
DQO	Demanda química de oxígeno	
D	Velocidad de Dilución	[d ⁻¹]
f	Coefficiente de rendimiento	[g/g][g DQO/ g DQO]
TRH	Tiempo de retención hidraulico	[d]
I	Función de inhibición	[-]
k	Constante cinética de reacción de primer orden	[d ⁻¹]
K_a	Constante de disociación (ácido)	[mol/L]
k_{AB}	Tasa de disociación cinética (ácido/base)	[L/ mol d]
K_H	Constante de la ley de Henry	[mol/L bar]
K_I	Constante de inhibición	[g/L][g DQO/L][mol/L]
k_{La}	Coefficiente de transferencia de masa volumétrica	[d ⁻¹]
k_m	Tasa de absorción máxima (Monod)	[g DQO/g DQO d]
K_S	Constante de saturación media (Monod)	[g/L][g DQO/L][mol/L]
K_w	Producto iónico (agua)	[mol/L]
N	Contenido de nitrógeno	[mol N/g DQO]
P	Presión	[bar]
pK _a	Constante de disociación logarítmica negativa	[-]
pH _{LL} pH _{UL}	Límite inferior y superior del pH	[-]
q	Flujo volumétrico a condiciones estándar	[L/d]
R	Constante de gas Ideal	[bar L]
S	Componentes soluble o gaseoso	[g/L][g DQO/L][mol/L]
T	Temperatura	[K]
V	Volumen	[L]
v	Biogás estequiométrico o potencial de metano	[L/kg]
X	Componente Particulado	[g/L][g DQO/L][mol/L]
Y	Coefficiente de rendimiento de biomasa	[g/g] [g DQO/g DQO]
μ_m	Tasa máxima de crecimiento	[d ⁻¹]
ν	Coefficiente estequiométrico	[g DQO /L]
ρ	Velocidad del proceso	[g/Ld]
ρ_T	Tasa de transferencia	[g/L d]

Nota. Se muestran los simbolos usados para representar cada uno de los procesos dentro del modelo matemático

Figura 10.

Corrientes de entrada y salida dentro un reactor CSTR.



Nota. Se muestran las dos fases que interactúan dentro de la digestión anaerobia para la generación de metano. Tomado de D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, "The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1)," pp. 1–72, 2002.

El balance de materia global de cada sustancia se encuentra teniendo en cuenta la siguiente ecuación:

Velocidad de entrada del componente i del volumen de reacción	=	Velocidad de entrada del componente i del volumen de reacción	-	Velocidad de salida del componente i del volumen de reacción	±	Velocidad neta de consumo o generación del componente i dentro del volumen de reacción
---	---	---	---	--	---	--

3.2.1. Balance de materia en la fase líquida

Teniendo en cuenta la anterior ecuación el balance de materia en la fase líquida presente en el biodigestor CSTR puede expresarse como (Ec.18) [37].

$$\frac{\delta S_i}{\delta t} = Q_{ent} S_{ent,i} - Q_{sal} S_{sal,i} + V_{liq} \sum_j \rho_j v_{i,j} \quad (18)$$

Donde $\frac{\delta S_i}{\delta t}$ es la variación de la concentración del componente i en el tiempo, Q_{ent} es el flujo volumétrico de entrada al biodigestor, Q_{sal} es el flujo volumétrico de salida del biodigestor, $S_{ent,i}$ es

la concentración de entrada del componente i , $S_{sal,i}$ es la concentración de salida del componente i , V_{liq} es el volumen de la fase líquida dentro del biodigestor y $\sum_j \rho_j v_{i,j}$ es la suma de las velocidades específicas de reacción para el proceso j multiplicado por el coeficiente estequiométrico del componente i en el proceso j .

Teniendo en cuenta que se asume que el volumen de la fracción líquida dentro del reactor como constante ($Q_{ent} = Q_{sal}$) se obtiene la siguiente expresión (Ec. 19)

$$\frac{\delta S_i}{\delta t} = \frac{Q}{V} (S_{ent,i} - S_{sal,i}) + \sum_j \rho_j v_{i,j} \quad (19)$$

3.2.2. Balance de materia en la fase gaseosa

El balance de materia de la fase gaseosa es similar al de la fase líquida con la diferencia que no hay una corriente de entrada gaseosa y que se debe tener en cuenta la transferencia de masa de los gases generados en la fase líquida a la fase gaseosa. esto se puede mostrar mediante la siguiente ecuación (Ec. 20) [37].

$$\frac{\delta S_i}{\delta t} = - \frac{Q_{gas} S_{gas,i}}{V_{gas}} + \rho_{T,i} \frac{V_{liq}}{V_{gas}} \quad (20)$$

Donde $S_{gas,i}$ es la concentración de salida del componente i en la corriente gaseosa del reactor CSTR, Q_{gas} es el caudal volumétrico del gas, V_{gas} es el volumen de la zona gaseosa dentro del reactor y $\rho_{T,i}$ es la velocidad de transferencia del componente i a la fase gaseosa.

3.2.3. Procesos de conversión biológicos

Los procesos biológicos son aquellos en los que están involucradas enzimas extracelulares o intracelulares [37]. Entre estas están las diferentes etapas de la digestión anaerobia (hidrólisis, acidogénesis, acetogénesis y metanogénesis), junto con los procesos de crecimiento y decaimiento celular relacionados con la digestión del material soluble. Las rutas de degradación implementadas dentro del modelo se muestran en la tabla 6

Tabla 6.*Estequiometría de las rutas metabólicas implementadas en el modelo ADM1^a*

Hidrólisis	
Carbohidratos ^b	$C_{12}H_{22}O_{11} + H_2O \rightarrow 2C_6H_{12}O_6$
Proteínas ^c	$C_4H_{6,1}O_{1,2}N \rightarrow C_4H_{6,1}O_{1,2}N$
Lípidos	$C_{51}H_{98}O_6 + 0.538CO_2 + 2.538H_2O \rightarrow 2.9946C_{16}H_{32}O_2 + 0.6042C_6H_{12}O_6$
Acidogénesis	
Monosacáridos	$C_6H_{12}O_6 + (0,7526 - 3,6271\alpha_{su})H_2O + \alpha_{su}NH_3 \rightarrow \alpha_{su}C_5H_7O_2N + (0,156 - 0,13\alpha_{su})C_4H_8O_2 + (0,4629 - 0,3857\alpha_{su})C_3H_6O_2 + (1,23 - 1,025\alpha_{su})C_2H_4O_2 + (2,28 - 1,9\alpha_{su})H_2 + (1,5279 - 1,2729\alpha_{su})CO_2$
Aminoácidos	$C_4H_{6,1}O_{1,2}N + (2,407 - 2,7389\alpha_{aa})H_2O \rightarrow \alpha_{aa}C_5H_7O_2N + (0,1477 - 0,1769\alpha_{aa})C_5H_{10}O_2 + (0,2171 - 0,26\alpha_{aa})C_4H_8O_2 + (0,0596 - 0,0714\alpha_{aa})C_3H_6O_2 + (0,835 - \alpha_{aa})C_2H_4O_2 + (0,501 - 0,6\alpha_{aa})H_2 + (0,544 - 0,8611\alpha_{aa})CO_2 + (1 - \alpha_{aa})NH_3$
Ácidos Grasos	$C_{16}H_{32}O_2 + (0,1 - 1,5\alpha_{fa})CO_2 + (13,9 - 4,5\alpha_{fa})H_2O + \alpha_{fa}NH_3 \rightarrow \alpha_{fa}C_5H_7O_2N + (8,05 - 1,75\alpha_{fa})C_2H_4O_2 + (13,8 - 3\alpha_{aa})H_2$
Acetogénesis	
Ácido valérico	$C_5H_{10}O_2 + (0,0236 - 1,1357\alpha_{va})CO_2 + (1,9736 - 3,3643\alpha_{va})H_2O + \alpha_{va}NH_3 \rightarrow \alpha_{va}C_5H_7O_2N + (1,0029 - 0,7714\alpha_{va})C_3H_6O_2 + (1,0075 - 0,775\alpha_{va})C_2H_4O_2 + (1,95 - 1,5\alpha_{va})H_2$
Ácido butírico	$C_4H_8O_2 + \alpha_{bu}CO_2 + (2 - 4\alpha_{bu})H_2O + \alpha_{bu}NH_3 \rightarrow \alpha_{bu}C_5H_7O_2N + (2 - 2\alpha_{bu})C_2H_4O_2 + (2 - 2\alpha_{bu})H_2$
Ácido propiónico	$C_3H_6O_2 + (2,005 - 5,15\alpha_{pro})H_2O + \alpha_{pro}NH_3 \rightarrow \alpha_{pro}C_5H_7O_2N + (0,9975 - 1,425\alpha_{pro})C_2H_4O_2 + (3,01 - 4,3\alpha_{pro})H_2 + (1,005 - 2,15\alpha_{pro})CO_2$
Metanogénesis	
Ácido acético	$C_2H_4O_2 + \alpha_{ac}NH_3 \rightarrow \alpha_{ac}C_5H_7O_2N + (1 - 2,5\alpha_{ac})CH_4 + (1 - 2,5\alpha_{ac})CO_2 + 3\alpha_{ac}H_2O$
Hidrógeno	$H_2 + (0,25 + 2,5\alpha_{h2})CO_2 + \alpha_{h2}NH_3 \rightarrow \alpha_{h2}C_5H_7O_2N + (0,25 - 2,5\alpha_{h2})CH_4 + (0,5 - 3\alpha_{h2})H_2O$

Nota: ^a Las reacciones mostradas son provenientes de la matriz Petersen del modelo ADM1 y la DQO teórica individual de los componentes para rutas de degradación fijas durante la hidrólisis de lípidos y acidogénesis de monosacáridos y aminoácidos [77, 37]. ^b Se muestra la ruta de degradación de la lactosa mostrada en la sección 3.2.1. ^c Las proteínas y aminoácidos son caracterizados por la fórmula empírica $C_4H_{6,1}O_{1,2}N$ [78]. Basado en: S. Weinrich and M. Nelles, “Systematic simplification of the anaerobic digestion model no. 1 (adm1)– model development and stoichiometric analysis,” *Bioresource Technology*, vol. 333, p. 125124, 8 2021.

Para la obtención de estas rutas metabólicas se dividen todos los elementos mostrados en la matriz de Petersen estándar del modelo ADM1 por el DQO teórico de cada componente acorde a lo

explicado por Huete et al [77]. La demanda química teórica de oxígeno se calcula de la siguiente manera (Ec.21).

$$DQO = 7.997 \cdot (4a + B - 2c - 3d) \quad (21)$$

Donde a , b , c y d representan la cantidad de átomos para una molécula de la forma $C_aH_bO_cN_d$. Este cálculo representa la cantidad de oxígeno en gramos necesaria para hacer una oxidación total de 1 mol del compuesto. En la tabla 7 se muestran los DQO teóricos de los compuestos encontrados en el modelo.

En el capítulo 6 se encuentran tablas 14 y 15 las cuales muestran la matriz estequiométrica estándar de la descripción de los procesos de conversión biológica acorde al modelo ADM1 basado en DQO, donde la tabla 14 se relaciona con los compuestos solubles mientras que la tabla 15 se relacionan los componentes particulados, los 7 grupos microbianos y los inertes presentes en el agua residual de la industria láctea [37].

Sin embargo acorde a Rosen et al [79] y según lo implementado por Weinrich y Nelles [76], es necesario incluir términos relacionados al nitrógeno inorgánico y al carbono inorgánico dentro de las ecuaciones diferenciales con el fin de mantener de hacer un correcto balance de materia.

Con el fin de permitir el balance estequiométrico la estructura del modelo ADM1 basada en DQO se tuvo que transformar a un modelo basado en unidades másicas, también los componentes sin especificar como el material particulado y inertes solubles (X_c , X_I , Y_S , Y_I) fueron removidos de la estructura del modelo por lo que el proceso de desintegración es acoplado a las reacciones de hidrólisis de carbohidratos, lípidos y proteínas [76].

Para esto se multiplicó cada una de los componentes presentes en las reacciones listadas en la tabla 6 por su peso molecular, seguido de su normalización basándose en los grupos microbianos de cada proceso. Con esto se obtiene la matriz estequiométrica que modelará el proceso de digestión anaerobia de las aguas residuales de la industria láctea. Este proceso se muestra en el la sección 6 de anexos. En las tablas 8 y 9 se muestra el resultado de este proceso, donde la tabla 8 hace referencia a los procesos que involucran los compuestos solubles mientras que la tabla 9 hace referencia a los procesos que involucran los compuestos particulados.

Tabla 7.

Fórmula molecular, peso molecular y demanda química teórica de oxígeno.

Componente		fórmula molecular	M^a	COD^b
Lactosa	X_{ch}	$C_{12}H_{22}O_{11}$	342.296	383.985
Proteínas	X_{pr}	$C_4H_{6.1}O_{1.2}N$	87.4	133.59
Lípidos	X_{li}	$C_{51}H_{98}O_6$	807.32	2319.91
Biomasa	X_{bac}	$C_5H_7O_2N$	113.11	159.99
Monosacáridos	S_{su}	$C_6H_{12}O_6$	180.16	191.99
Amino ácidos	S_{aa}	$C_4H_{6.1}O_{1.2}N$	87.4	133.59
Ácidos Grasos	S_{fa}	$C_{16}H_{32}O_2$	256.42	735.97
Ácido Valérico	S_{va}	$C_5H_{10}O_2$	102.13	207.99
Valerato	S_{va^-}	$C_5H_9O_2$	101.12	199.99
Ácido butírico	S_{bu}	$C_4H_8O_2$	88.10	159.99
Butirato	S_{bu^-}	$C_4H_7O_2$	87.10	151.99
Ácido propiónico	S_{pro}	$C_3H_6O_2$	74.08	112.00
Propionato	S_{pro^-}	$C_2H_5O_2$	73.07	104.00
Ácido acético	S_{ac}	$C_2H_4O_2$	60.05	64.00
Acetato	S_{ac^-}	$C_2H_3O_2$	59.04	56.00
Hidrógeno	S_{h2}	H_2	2.02	16.00
Metano	S_{ch4}	CH_4	16.04	64.00
Dióxido de carbono	S_{co2}	CO_2	44.01	-
Carbonato de hidrógeno	S_{ch4}	CHO_3	61.02	-
Amoníaco	S_{nh3}	NH_3	17.03	-
Amonio	S_{nh4^+}	NH_4	18.04	-
Agua	S_{h2o}	H_2O	18.02	-

Nota. Muestra los valores de peso y DQO teórico. Basado en S. Weinrich and M. Nelles, “Systematic simplification of the anaerobic digestion model no. 1 (adm1)– model development and stoichiometric analysis,” *Bioresource Technology*, vol. 333, p. 125124, 8 2021.

Tabla 8.

Estructura del modelo ADM1 en base másica propuesto ($i=1-12$, $j=1-19$).

Componente → i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Velocidad
j Proceso ↓	S_{su}	S_{aa}	S_{fa}	S_{va}	S_{bu}	S_{pro}	S_{ac}	S_{H_2}	S_{CH_4}	S_{IC}	S_{IN}	S_{h_2O}	$\rho_j, \left(\frac{kgCOD}{m^3d}\right)$
1 Hidrólisis de carbohidratos	1.053											-0.053	$k_{hyd, ch} X_{ch}$
2 Hidrólisis de proteínas		1											$k_{hyd, pr} X_{pr}$
3 Hidrólisis de lípidos	0.135		0.951							-0.0293		-0.056	$k_{hyd, li} X_{li}$
4 Consumo de azúcar	-16.591				1.164	2.906	6.258	0.39		5.697	-0.15	-0.672	$\mu_{m, su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_{su} I_1$
5 Consumo de aminoácidos		-9.199		1.430	1.809	0.418	4.807	0.096		2.183	1.641	-4.127	$\mu_{m, aa} \frac{S_{aa}}{K_s + S_{aa}} X_{aa} I_1$
6 Consumo de AGLC			-42.126				78.486	4.525		-0.139	-0.155	-40.432	$\mu_{m, fa} \frac{S_{fa}}{K_s + S_{fa}} X_{fa} I_2$
7 Consumo de valerato				-15.787		10.979	8.9415	0.582		-0.282	-0.15	-4.961	$\mu_{m, va} \frac{S_{va}}{K_s + S_{va}} X_{c4} \frac{1}{1 + S_{bu}/S_{va}} I$
8 Consumo de butirato					-11.289		14.327	0.482		-0.389	-0.151	-3.981	$\mu_{m, bu} \frac{S_{bu}}{K_s + S_{bu}} X_{c4} \frac{1}{1 + S_{va}/S_{bu}} I$
9 Consumo de propionato						-1.114	0.812	0.014		0.1715	-0.151	-0.277	$\mu_{m, pr} \frac{S_{pro}}{K_s + S_{pro}} X_{pro} I_2$
10 Consumo de acetato							-9.688		2.136	6.128	-0.15	0.478	$\mu_{m, ac} \frac{S_{ac}}{K_s + S_{ac}} X_{ac} I_3$
11 Consumo de hidrógeno								-0.525	0.688	-1.88	-0.15	1.865	$K_{m, h_2} \frac{S_{h_2}}{K_s + S_{h_2}} X_{h_2} I_1$

Nota. Mtriz estequiometrica. Tomado de: D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, "The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1)," pp. 1–72, 2002.

Tabla 9.

Estructura del modelo ADM1 en base masica propuesto. (i= 13 – 23, j= 1 – 19).

Componente → i	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	Velocidad
j Proceso ↓	X_{ch}	X_{pr}	X_{li}	X_{su}	X_{aa}	X_{fa}	X_{va}	X_{bu}	X_{pro}	X_{ac}	X_{h2}	$\rho_j,$
1 Hidrólisis de carbohidratos	-1											$k_{hyd,ch}X_{ch}$
2 Hidrólisis de proteínas		-1										$k_{hyd,pr}X_{pr}$
3 Hidrólisis de lípidos			-1									$k_{hyd,li}X_{li}$
4 Consumo de azúcar				1								$\mu_{m,su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_{su} I_1$
5 Consumo de aminoácidos					1							$\mu_{m,aa} \frac{S_{aa}}{K_s + S_{aa}} X_{aa} I_1$
6 Consumo de AGLC						1						$\mu_{m,fa} \frac{S_{fa}}{K_s + S_{fa}} X_{fa} I_2$
7 Consumo de valerato							1					$\mu_{m,c4} \frac{S_{va}}{K_s + S_{va}} X_{c4} \frac{1}{1 + S_{bu}/S_{va}} I$
8 Consumo de butirato								1				$\mu_{m,c4} \frac{S_{bu}}{K_s + S_{bu}} X_{c4} \frac{1}{1 + S_{va}/S_{bu}} I$
9 Consumo de propionato									1			$\mu_{m,pr} \frac{K_{S_{pro}}}{s + S_{pro}} X_{pro} I_2$
10 Consumo de acetato										1		$\mu_{m,ac} \frac{S_{ac}}{K_s + S_{ac}} X_{ac} I_3$
11 Consumo de hidrógeno											1	$\mu_{m,h2} \frac{S_{h2}}{K_s + S_{h2}} X_{h2} I_1$
12 Muerte de X_{su}	0.18	0.77	0.05	-1								$k_{dec,X_{su}} X_{su}$
13 Muerte de X_{aa}	0.18	0.77	0.05		-1							$k_{dec,X_{aa}} X_{aa}$
14 Muerte de X_{fa}	0.18	0.77	0.05			-1						$k_{dec,X_{fa}} X_{fa}$
15 Muerte de X_{va}	0.18	0.77	0.05				-1					$k_{dec,X_{c4}} X_{c4}$
16 Muerte de X_{bu}	0.18	0.77	0.05					-1				$k_{dec,X_{pro}} X_{pro}$
17 Muerte de X_{pro}	0.18	0.77	0.05						-1			$k_{dec,X_{ac}} X_{ac}$
18 Muerte de X_{ac}	0.18	0.77	0.05							-1		$k_{dec,X_{h2}} X_{h2}$
19 Muerte de X_{ac}	0.18	0.77	0.05								-1	$k_{dec,X_{h2}} X_{h2}$

Nota. Mtriz estequiometrica. Tomado de: D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, “The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1),” pp. 1–72, 2002.

■ Parámetros del modelo

En la tabla 10 se encuentran los parámetros cinéticos usados en el modelo, junto con los rendimientos de biomasa de cada uno de los grupos bacterianos, las constantes de inhibición y los valores límites de pH, las constantes y tasas de disociación, y los parámetros fisicoquímicos necesarios. Su uso será explicado a continuación:

■ Hidrólisis

La hidrólisis es una etapa de alta complejidad en la que, además de la actividad de las hidrolasas, están involucradas reacciones fisicoquímicas. Estas reacciones dificultan el uso de ecuaciones cinéticas específicas para su modelado, ya que dependen de diversos factores, como el tamaño de partícula, el pH, la tasa de producción de enzimas y fenómenos de difusión, adsorción y desorción de las enzimas en el material particulado, así como del tiempo de aclimatación de la comunidad microbiana, entre otros [40, 82]. Por esta razón, es común simplificar la descripción de su comportamiento en un modelo matemático asumiendo que puede ser representado por una reacción cinética de primer orden, lo que refleja el efecto acumulativo de las diferentes etapas de la hidrólisis [38]. Esta simplificación se lleva a cabo debido a la necesidad de diseñar y optimizar los reactores involucrados en el tratamiento de sustancias complejas, como el agua residual de la industria láctea. Esto permite dejar de lado la optimización de esta etapa y centrarse en la interacción de las diferentes comunidades microbianas en las distintas etapas presentes [83]. Por ende, se obtiene la siguiente ecuación (Ec.22) que determina la velocidad de hidrólisis para la sustancia i :

$$\frac{X_i}{\delta t} = \rho_{hyd,i} = -k_{hyd,i} S_i \quad (22)$$

Donde $\rho_{hyd,i}$ es la velocidad de hidrólisis de la sustancia i [$kgDQOm^{-3}d^{-1}$], $k_{hyd,i}$ es la constante hidrolítica de la sustancia i a una temperatura dada [d^{-1}] y S_i es la concentración de la sustancia i [$kgDQOm^{-3}$]. El signo negativo en la ecuación especifica que la sustancia i está siendo consumida.

■ Acidogénesis, Acetogénesis y Metanogénesis

Teniendo en cuenta que μ_{max} se puede definir en razón al rendimiento de biomasa según el consumo de sustrato y la velocidad máxima de absorción específica de Monod (k_m [$kgDQOskgDQOx^{-1}d^{-1}$])

) (Ec.23), se puede obtener la velocidad de consumo de sustrato j [$kgDQO.m^{-3}.d^{-1}$] (Ec.24) de la siguiente manera:

$$\mu_{max} = k_{m,j}Y_j \quad (23)$$

$$\rho_j = k_{m,j}Y_j \frac{S_j}{K_s + S_j} \quad (24)$$

Esta ecuación se usa para el modelamiento de todas las etapas de conversión microbiana que se hacen de manera intracelular, determinando la velocidad de consumo de sustratos y de generación de productos metabólicos de manera simultánea.

■ Inhibición

El modelo planteado por el grupo IWA [37] considera la inhibición por pH de todos los procesos intracelulares, la inhibición por concentración de hidrógeno de las bacterias acetogénicas y la inhibición de las bacterias metanogénicas acetoclásticas por amoníaco libre como factores de inhibición acoplados a las cinéticas de Monod de absorción de sustrato (Ec.25).

$$P_j = \frac{k_m S}{K_s + S} X I_1 I_2 \dots I_n \quad (25)$$

Donde la primera parte de la ecuación es la absorción desinhibida de sustrato de Monod, y $I_{1...n}$ son las funciones de Michaelis normalizada (Ec. 26) cuando se produce inhibición de pH alto y bajo [84].

$$I = \frac{1 + 2 * 10^{0.5(pH_U - pH)} }{1 + 10^{(pH - pH_{UL})} + 10^{(pH_U - pH)}} \quad (26)$$

Donde pH_U y pH_{UL} denotan los valores límites de pH inferior y superior respectivamente en donde las tasas de crecimiento se reducen aproximadamente en un 50 %. Este factor de inhibición es utilizado en los procesos de absorción de azúcares, aminoácidos, AGCL, AGV (valerato, butirato, propionato y acetato) e hidrógeno.

Cuando la inhibición por pH ocurre únicamente por el límite inferior se usan las siguientes ecuaciones (Ec. 27 y Ec. 28).

$$I = \exp\left(-3\left(\frac{pH - pH_{UL}}{pH_{UL} - pH_{LL}}\right)^2\right) | pH < pH_{UL} \quad (27)$$

$$I = 1 | pH > pH_{UL} \quad (28)$$

Los calculo de estos factores de inhibición serán Tomado dentro del modelo matemático como las muestra la tabla 11.

3.2.4. *Procesos de conversión fisicoquímico*

Son procesos que no son mediados biológicamente, pero que afectan directamente el comportamiento de los procesos biológicos debido a posibles factores de inhibición, como el pH, la concentración de ácidos y bases libres, y las concentraciones de gases solubles en la fase líquida [37]. En el presente modelo, se analiza únicamente la asociación y disociación de iones en la fase líquida, así como la transferencia entre las fases gas-líquido.

La importancia de su modelado radica en que permite describir el movimiento entre las fases líquida y gaseosa de las sustancias implicadas en los diferentes métodos de inhibición mencionados anteriormente. Es fundamental considerar que variables importantes, como la generación de metano dentro del reactor, dependen de una correcta aproximación a los procesos fisicoquímicos.

- Asociación y disociación de iones en la fase líquida.

Dentro de los compuestos encontrados dentro de un biodigestor hay algunos que tienen constantes de disociación (pK_a) cercanos al pH de operación [37]. Teniendo en cuenta que las reacciones ocurren a alta velocidad se pueden tomar como reacciones de equilibrio [85], Donde para su implementación dentro del modelo los pares ácido/base se agrupan como una variable de estado dinámica combinada, y la concentración de ácido o base individual se calcula a partir de la siguiente ecuación de equilibrio ácido-base (Ec. 29) [86]:

$$S_{i-} - \frac{K_A S_I}{K_a + S_{H+}} = 0 \quad (29)$$

Donde K_A es la constante de equilibrio ácido - base, y S_{H+} es la concentración soluble de iones hidrógeno. La transferencia ácido-base será descrita mediante la siguiente ecuación (Ec. 30):

$$\rho_{A/B,Hi} = k_{A/B}(S_{liq,H}S_{liq,i} - K_{a,Hi}S_{liq,Hi}) \quad (30)$$

Donde $k_{A/B}$ es el coeficiente de velocidad para la reacción ácido-base, $S_{liq,H}$ es la concentración del ión hidrógeno, $S_{liq,i}$ es la concentración del ión , $S_{liq,Hi}$ es la concentración de ácido respectivamente y $K_{a,Hi}$ es la constante de asociación y disociación. Dentro del modelo se modela el equilibrio de los ácidos grasos volátiles presentes dentro del proceso de digestión anaerobia (ácido valérico, ácido butírico, ácido propiónico y ácido acético), el equilibrio entre el dióxido de carbono disuelto y el anión carbónico, y el equilibrio entre el amoníaco y el ión amonio, siendo que estos equilibrios afectan directamente el balance del pH. Estas ecuaciones implementadas dentro del modelo se ven también dentro de la tabla 11.

■ Transferencia Liquido - Gas

El hidrógeno, el metano y el dióxido de carbono tienen una alta importancia dentro de los procesos biológicos, al ser afectados tanto por las rutas metabólicas usadas por los grupos bacterianos como por los fenómenos de transferencia entre la fase líquida y gaseosa [37]. Con el fin de expresar la relación de equilibrio entre las dos fases se usarán las siguientes ecuaciones:

$$\rho_{T,H_2} = k_{LA}(S_{liq,i} - K_{H,H_2} \cdot p_{gas,i}) \quad (31)$$

$$\rho_{T,CH_4} = k_{LA}(S_{liq,i} - K_{H,CH_4} \cdot p_{gas,i}) \quad (32)$$

$$\rho_{T,CO_2} = k_{LA}(S_{liq,i} - K_{H,CO_2} \cdot p_{gas,i}) \quad (33)$$

Donde $\rho_{T,i}$ es la velocidad de transferencia del compuesto i hacia la fase gaseosa, k_{LA} es el coeficiente de transferencia másica global multiplicado por el área de transferencia, $K_{H,i}$ es el coeficiente de la ley de Henry. Su implementación dentro del modelo se puede evidenciar en la tabla 11

Tabla 10.*Parámetros biológicos y físico-químicos usados en el modelo.^a*

Rendimientos de biomasa					
Y_{su}	0.08 [g/g]	Y_{va}	0.044 [g/g]	Y_{ac}	0.137 [g/g]
Y_{aa}	0.101 [g/g]	Y_{bu}	0.069 [g/g]	Y_{h2}	0.34 [g/g]
Y_{fa}	0.0117 [g/g]	Y_{pro}	0.084 [g/g]		
Parámetros cinéticos					
$\mu_{m,su}$	3 [d^{-1}]	$K_{S,su}$	0.47 [g/L]	$k_{hyd,ch}$	0.13 [d^{-1}]
$\mu_{m,aa}$	2.361 [d^{-1}]	$K_{S,aa}$	0.671 [g/L]	$k_{hyd,pr}$	0.24 [d^{-1}]
$\mu_{m,fa}$	0.344 [d^{-1}]	$K_{S,fa}$	0.143 [g/L]	$k_{hyd,li}$	0.01 [d^{-1}]
$\mu_{m,va}$	0.808 [d^{-1}]	$K_{S,va}$	0.031 [g/L]	k_{dec}	0.02 [d^{-1}]
$\mu_{m,bu}$	1.844 [d^{-1}]	$K_{S,bu}$	0.046 [g/L]		
$\mu_{m,pro}$	1.403 [d^{-1}]	$K_{S,pro}$	0.039 [g/L]		
$\mu_{m,ac}$	0.403 [d^{-1}]	$K_{S,ac}$	0.09 [g/L]		
$\mu_{m,h2}$	2.1 [d^{-1}]	$K_{S,h2}$	0.47 [g/L]		
Constantes de inhibición					
$K_{I,IN}$	0.0017 [g/L]	$pH_{LL,aa}$	4	$pH_{UL,aa}$	5.5
$K_{I,h2,fa}$	$6.3 \cdot 10^{-7}$ [g/L]	$pH_{LL,ac}$	6	$pH_{UL,ac}$	7
$K_{I,h2,c4}$	$1.3 \cdot 10^{-6}$ [g/L]	$pH_{LL,h2}$	5	$pH_{UL,h2}$	6
$K_{I,h2,pro}$	$4.4 \cdot 10^{-7}$ [g/L]				
$K_{I,nh3}$	0.0306 [g/L]				
Constantes y tasas de disociación					
$K_{a,va}$	$1 \cdot 10^{-4.86}$ [mol/L]	$k_{AB,va}$	$1 \cdot 10^{10}$ [L/mol d]	K_w	$1 \cdot 10^{-13.7}$ [mol/L]
$K_{a,bu}$	$1 \cdot 10^{-4.82}$ [mol/L]	$k_{AB,bu}$	$1 \cdot 10^{10}$ [L/mol d]		
$K_{a,pro}$	$1 \cdot 10^{-4.88}$ [mol/L]	$k_{AB,pro}$	$1 \cdot 10^{10}$ [L/mol d]		
$K_{a,ac}$	$1 \cdot 10^{-4.76}$ [mol/L]	$k_{AB,ac}$	$1 \cdot 10^{10}$ [L/mol d]		
$K_{a,co2}$	$1 \cdot 10^{-6.29}$ [mol/L]	$k_{AB,co2}$	$1 \cdot 10^{10}$ [L/mol d]		
$K_{a,IN}$	$1 \cdot 10^{-8.87}$ [mol/L]	$k_{AB,IN}$	$1 \cdot 10^{10}$ [L/mol d]		
Parametros fisicoquímicos					
k_{La}	200 [d^{-1}]	$K_{H,ch4}$	0.0011 [mol/L bar]	p_{h20}	0.0657 [bar]
k_p	$5 \cdot 10^4$ [L/bar d]	$K_{H,co2}$	0.025 [mol/L bar]	p_{atm}	1.0133 [bar]
R	0.08315 [bar L/mol K]	$K_{H,h2}$	0.00072 [mol/L bar]		

Nota. ^a Los parámetros mostrados fueron tomados Bastone et al [37], siendo escogidos aquellos que usaban como sustrato a la caseína y al ácido palmítico [80, 81], siendo convertidos en unidades másicas acorde a lo realizado por S. Weinrich and M. Nelles, “Systematic simplification of the anaerobic digestion model no. 1 (adm1) – model development and stoichiometric analysis,” Bioresource Technology, vol. 333, p. 125124, 8 2021.

Tabla 11.

Estructura del modelo ADM1 en base másica propuesto. (i= 24 – 34, j= 20 – 28), Procesos de Inhibición y ecuaciones algebraicas.

Componente → i	8	9	10	...	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	Velocidad
j Proceso ↓	S_{h2}	S_{ch4}	S_{IC}		S_{an^-}	S_{cat^+}	S_{va^-}	S_{bu^-}	S_{pro^-}	S_{ac}	S_{hco3^-}	S_{nh3}	$S_{gas,h2}$	$S_{gas,ch4}$	$S_{gas,co2}$	ρ_j
20 Disociación de S_{va}							-1									$k_{AB,va}(S_{va} - (K_{a,va} + S_{H^+}) - K_{a,va}S_{va})$
21 Disociación de S_{bu}								-1								$k_{AB,bu}(S_{bu} - (K_{a,bu} + S_{H^+}) - K_{a,bu}S_{bu})$
22 Disociación de S_{pro}									-1							$k_{AB,pro}(S_{pro} - (K_{a,pro} + S_{H^+}) - K_{a,pro}S_{pro})$
23 Disociación de S_{ac}										-1						$k_{AB,ac}(S_{ac} - (K_{a,ac} + S_{H^+}) - K_{a,ac}S_{ac})$
24 Disociación de S_{IC}											-1					$k_{AB,co2}(S_{hco3^-} - (K_{a,co2} + S_{H^+}) - K_{a,co2}S_{IC})$
25 Disociación de S_{IN}												-1				$k_{AB,IN}(S_{nh3} - (K_{a,IN} + S_{H^+}) - K_{a,IN}S_{IN})$
26 Transición de S_{h2}	-1												$\frac{V_{liq}}{V_{gas}}$			$k_{La}(S_{h2} - 2K_{H,h2}P_{h2})$
27 Transición de S_{ch4}		-1												$\frac{V_{liq}}{V_{gas}}$		$k_{La}(S_{ch4} - 16K_{H,ch4}P_{ch4})$
28 Transición de S_{co2}			-1												$\frac{V_{liq}}{V_{gas}}$	$k_{La}(S_{co2} - 44K_{H,co2}P_{co2})$
Inhibición																
$I_{su} = I_{aa} = I_{pH,aa}I_{IN,lim}$	$I_{fa} = I_{pH,aa}I_{IN,lim}I_{h2,fa}$					$I_{va} = I_{bu} = I_{pH,aa}I_{IN,lim}I_{h2,c4}$					Ecuaciones Algebraicas $S_{nh4^+} = S_{IN} - S_{nh3} - \frac{S_{nh4^+}}{17} - \frac{S_{hco3^-}}{44} - \frac{S_{gc^-}}{60} + \frac{S_{pro^-}}{74} - \frac{S_{bu^-}}{88} - \frac{S_{va^-}}{102} - S_{an^-}$ $S_{H^+} = -\phi/2 + 1/2 \sqrt{\phi^2 + 4K_w}$ $pH = -\log(S_{H^+})$ $P_{ch4} = S_{gas, ch4} \cdot \frac{RT}{16}$ $P_{h2} = S_{gas, h2} \cdot \frac{RT}{2}$ $P_{co2} = S_{gas, co2} \cdot \frac{RT}{44}$ $p_{gas} = P_{ch4} + p_{co2} + p_{h2} + p_{h2o}$ $q_{gas} = k_p(p - gas - patm)(p_{gas}/patm)$					
$I_{pro} = I_{pH,aa}I_{IN,lim}I_{h2,pro}$	$I_{ac} = I_{pH,ac}I_{IN,lim}I_{nh3}$					$I_{h2} = I_{pH,h2}I_{IN,lim}$										
$I_{IN,lim} = \frac{S_{IN}}{S_{IN} + K_{S,IN}}$	$I_{h2,fa} = \frac{K_{I,h2,fa}}{K_{I,h2,fa} + S_{h2}}$					$I_{h2,c4} = \frac{K_{I,h2,c4}}{K_{I,h2,c4} + S_{h2}}$										
$I_{h2,pro} = \frac{K_{I,h2,pro}}{K_{I,h2,pro} + S_{h2}}$	$I_{nh3} = \frac{K_{I,nh3}}{K_{I,nh3} + S_{nh3}}$															
$I_{ph,aa} = \frac{K_{ph,aa}^{n_{aa}}}{K_{ph,aa}^{n_{aa}} + S_{aa}^{n_{aa}}}$	$n_{aa} = \frac{3}{pH_{UL,aa} - pH_{LL,aa}}$					$K_{pH,aa} = 10^{-\frac{pH_{UL,aa} + pH_{LL,aa}}{2}}$										
$I_{ph,ac} = \frac{K_{ph,ac}^{n_{ac}}}{K_{ph,ac}^{n_{ac}} + S_{ac}^{n_{ac}}}$	$n_{ac} = \frac{3}{pH_{UL,ac} - pH_{LL,ac}}$					$K_{pH,ac} = 10^{-\frac{pH_{UL,ac} + pH_{LL,ac}}{2}}$										
$I_{ph,h2} = \frac{K_{ph,h2}^{n_{h2}}}{K_{ph,h2}^{n_{h2}} + S_{h2}^{n_{h2}}}$	$n_{h2} = \frac{3}{pH_{UL,h2} - pH_{LL,h2}}$					$K_{pH,h2} = 10^{-\frac{pH_{UL,h2} + pH_{LL,h2}}{2}}$										

Nota. Mtriz estequiometrica. Tomado de: D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, "The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1)," pp. 1–72, 2002.

3.2.5. *Fraccionamiento del agua residual de la industria láctea*

Para el modelado de la digestión anaerobia de aguas residuales complejas, es necesaria la simplificación de su composición debido a la alta complejidad que implicaría tratar cada una de las sustancias específicas que la componen. Normalmente, esta simplificación se realiza separando la composición del agua residual en proteínas, lípidos, carbohidratos e inertes, considerando las diferentes rutas metabólicas relacionadas con su descomposición y las distintas velocidades de reacción asociadas a cada tipo de componente [32, 87, 88]. Estos componentes pueden presentarse en el agua residual como material soluble o particulado, y su fracción puede determinarse mediante la relación entre los sólidos suspendidos totales y los sólidos totales [54]. La simplificación del agua residual debe llevarse a cabo de manera que refleje sus características específicas, ya que esto define el nivel de biodegradabilidad del afluente a tratar. Es importante considerar que parte de la demanda química de entrada en el afluente puede no ser degradable de manera anaerobia

- Composición de carbohidratos, proteínas y lípidos del agua residual.

Como se mencionó anteriormente, la composición del agua residual de la industria láctea es altamente variable, dependiendo de los productos que se produzcan en la planta de procesamiento. Esto se puede comprobar al observar la caracterización del agua residual en la tabla 1. Además que para realizar un correcto modelamiento del tratamiento de estas aguas se necesita contar con datos experimentales mas específicos que permitan conocer los cambios en algunos compuestos intermedios como el ácido acético y demás ácidos grasos volátiles, como también la variación en los porcentajes de proteínas, carbohidratos y lípidos del afluente.

Es por esto que las características del afluente a utilizar dentro del modelo serán las recopiladas por Chua et al [89], mostrada en la tabla 12, haciendo algunos cambios necesarios para su implementación en un modelo con base másica.

Tabla 12.*Caracterización del agua residual en una planta de procesamiento de lácteos*

Día de Operación (d)	0-24	25-70	71-86
Composición del agua residual	18% CW:82% DW	18% CW:82% DW	90%CW :10% Leche
DQO por componente			
DQO Total	14790 (± 2009)	18523 (± 1079)	52850 (± 8934)
Carbohidratos totales	5464 (± 156)	7779 (± 1287)	22108 (± 2043)
Proteínas Totales	1328 (± 69)	2001 (± 737)	13134 (± 2350)
Ácidos orgánicos totales	1231 (± 295)	1832 (± 435)	5324 (± 1550)
	% C ₂	28 (± 18)	71 (± 34)
Composición de	% C ₃	14 (± 2)	7 (± 3)
ácidos grasos	% C ₄	32 (± 10)	14 (± 6)
volátiles	% C ₅	14 (± 2)	5 (± 3)

Nota. CW: Suero de queso, DW: Agua residual láctea, C₂: Ac Acético, C₃: Ac Propiónico, C₄: Ac Butírico, C₅ Ac. Valérico. Tomado de L. C. Tan, R. Peschard, Z. Deng, A. L. M. Ferreira, P. N. Lens, and S. Pacheco Ruiz, "Anaerobic digestion of dairy wastewater by side-stream membrane reactors: Comparison of feeding regime and its impact on sludge filterability," *Environmental Technology Innovation*, vol. 22, p. 101482, 5 2021.

4. IMPLEMENTACIÓN

Como se menciona en la sección 4.2.3 El modelo planteado se basa en una formulación másica, lo que hace necesario utilizar los valores presentados en la tabla 12 sean convertidos a valores de concentración (g/l) con ayuda del DQO teórico y el peso molecular de cada compuesto utilizando la siguiente ecuación (Ec. 34).

$$S_i = \frac{DQO_i \cdot M_i}{DQOT_i} \quad (34)$$

Donde S_i es la concentración del componente i en g/L DQO_i es el valor de la demanda química de oxígeno para el compuesto i , $DQOT_i$ es el valor de la demanda química de oxígeno teórica para el compuesto i y M_i es el peso molecular del compuesto. También se utilizaron las fórmulas mostradas en la tabla 7 con el fin de determinar la relación carbono nitrógeno del agua en las 3 etapas del proceso.

Teniendo en cuenta la fórmula química de los compuestos encontrados en el agua residual se calculó la relación carbono/nitrógeno de las diferentes etapas, junto con la velocidad de carga orgánica asociadas a cada una. Estos valores junto con las concentraciones de entrada de los diferentes compuestos del agua residual son mostrados en la tabla 13

Con estos datos se podrán notar las consecuencias de las altas variaciones de concentración de los diferentes compuestos en el tiempo en el comportamiento de la digestión anaerobia del agua residual de la industria láctea, así como las posibles condiciones inhibitorias que se puedan presentar y como se pueden evitar variando las constantes operativas de la digestión.

La concentración de los iones relacionados a los equilibrios ácido-base (Ac Valérico, Ac Butírico, Ac propiónico, Ac acético, Dióxido de carbono y Amoniac) fueron calculados utilizando la constante de equilibrio mostrada en la tabla 10 asumiendo que se encontraban en equilibrio, y que las concentraciones iniciales son los que muestra la tabla 13 para el día 0.

Tomando como ejemplo el equilibrio entre el ácido acético y el ión acetato mostrada en la ecuación 35, cuando este se encuentra en agua podemos ver en la ecuación 36 como se calcula la constante de disociación [90].

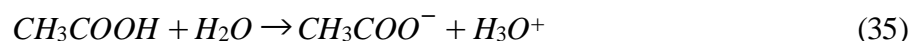


Tabla 13.*Caracterización del agua residual en una planta de procesamiento de lácteos*

Día de Operación (d)	0-24	25-70	71-86
Composición del agua residual	18% CW:82% DW	18% CW:82% DW	90%CW :10% Leche
Composición			
Carbohidratos totales	4.879	6.947	19.743
Proteínas Totales [g/L]	0.869	1.309	8.592
Ácidos orgánicos totales	0.42	0.69	1.85
Composición de ácidos grasos volátiles	C ₂ [g/L]	0.901	0.481
	C ₃ [g/L]	0.089	0.169
	C ₄ [g/L]	0.027	0.323
	C ₅ [g/L]	0	0.126
Relación C/N	34.105	32.053	16.202
VCO [kg DQO/ m3 d]	0.5916	0.74092	2.114

Nota: CW: Suero de queso, DW: Agua residual láctea, C₂: Ac Acético, C₃: Ac Propiónico, C₄: Ac Butírico, C₅ Ac. Valérico. Modificado basándose en L. C. Tan, R. Peschard, Z. Deng, A. L. M. Ferreira, P. N. Lens, and S. Pacheco Ruiz, “Anaerobic digestion of dairy wastewater by side-stream membrane reactors: Comparison of feeding regime and its impact on sludge filterability,” *Environmental Technology Innovation*, vol. 22, p. 101482, 5 2021

$$K_{a,ac} = \frac{[H_3O^+] \cdot [CH_3COO^-]}{[CH_3COOH]} \quad (36)$$

Donde $[H_3O^+]$ es la concentración del ión hidronio, $[CH_3COO^-]$ es la concentración del ión acetato y $[CH_3COOH]$ es la concentración de ácido acético. Ahora si se supone que en un tiempo 0 se tiene únicamente ácido acético y que después de un tiempo t se llega al equilibrio, en el que se consume una cantidad X de ácido acético, por la estequiometría de la ecuación podemos ver que esa misma cantidad molar se genera del ión acetato y del ión hidronio, por lo que la ecuación 36 se modifica de la siguiente manera (Ec. 37). Con lo que se permite el cálculo de la concentración del ión acetato e hidronio en el equilibrio [90].

$$K_{a,ac} = \frac{[x] \cdot [x]}{[CH_3COOH - x]} \quad (37)$$

El sistema a analizar cuenta con un volumen líquido de 100L en el que se harán todas las transformaciones biológicas, un volumen gaseoso de 10L el cual de manera inicial estará compuesto

por completo por CO_2 el cual será alimentado por la transferencia de fase de los productos de la digestión anaerobia (CO_2 , H_2 y CH_4) teniendo una presión interna de 1 atm, También se asume que la presión atmosférica es de 1 atm y que la temperatura a la que se desarrollara el modelamiento es de 308.15 K (35°C).

En la sección 6.0.0.11 se da un paso a paso detallado de como se debe correr el programa con el fin que se puedan replicar los resultados encontrados dentro de este documento.

4.1. Resultados y análisis de resultados

Dentro del documento se mantiene constante el caudal de entrada al reactor en 4 L/d, variando la concentración de los diferentes compuestos de acuerdo a la tabla 13, con el fin de evidenciar el cambio del comportamiento de los diferentes grupos microbianos y su afectación en la generación de productos y subproductos.

Los días de operación en los que se produce un cambio en la concentración se señalan con una línea vertical, con el objetivo de facilitar el análisis del comportamiento dentro del reactor. Con esta distinción se obtuvieron las concentraciones de carbohidratos, proteínas y lípidos al finalizar cada etapa, calculando el% de remoción de DQO de la siguiente manera (Ec. 38).

$$\%DQO = \frac{S_i - S_f}{S_i} \quad (38)$$

En donde S_i es el DQO al inicio de cada etapa, y S_f es el DQO al final de cada etapa. Con esto encontramos un porcentaje de remoción del 74,179 % en la primera etapa, 71,595 % en la segunda etapa y de 76,938 % en la tercera etapa. Estos valores se encuentran entre los rangos presentados para aguas residuales de limpieza en la tabla 3, al igual que los valores de carga orgánica encontrados en el agua residual de la industria láctea, siendo la temperatura reportada por Ganesh. et al [57] de 30°C. Este pequeño aumento en el porcentaje de remoción de DQO en la ultima etapa se debe al acercamiento del pH del biodigestor a la neutralidad.

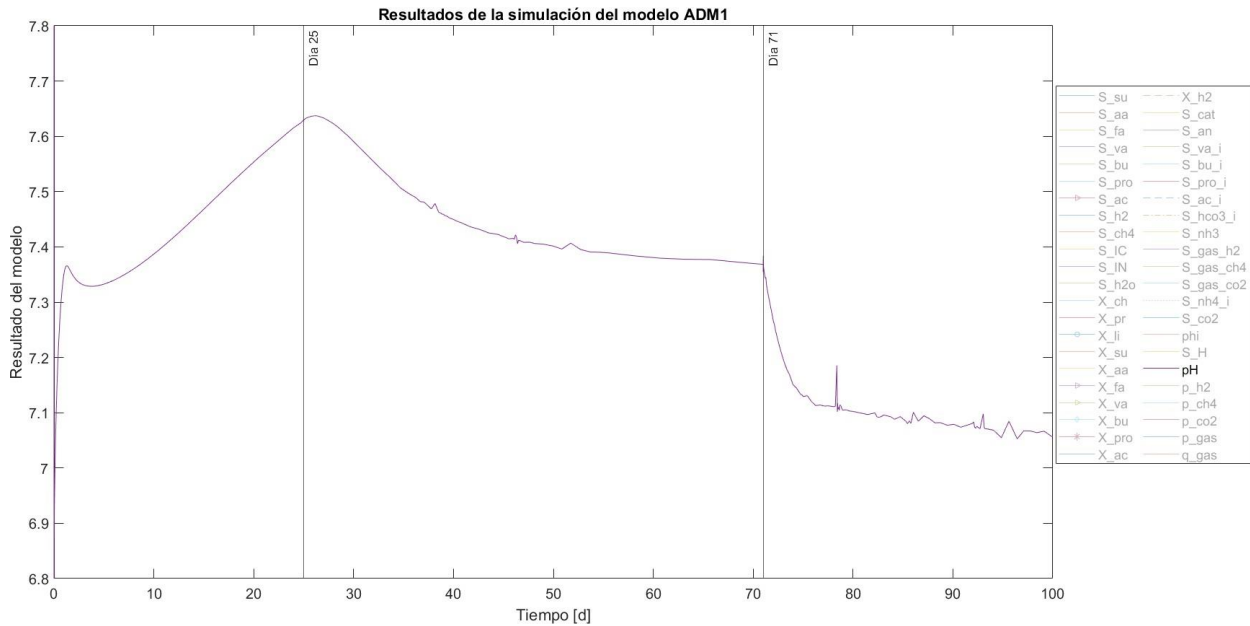
4.1.1. pH

El perfil del pH dentro del biodigestor se presenta en la figura 11, donde se puede observar un comportamiento diferente para cada composición de agua residual de entrada. Esto refleja cómo cada tipo de composición de agua residual contribuye a la producción de algunos de los compuestos intermedios.

Para comprender la variación del pH dentro del sistema, es necesario analizar la evolución de la composición del agua residual de entrada al reactor. Según la tabla 13, la concentración de carbohidratos, proteínas y lípidos en el caudal de entrada del reactor experimentó un crecimiento exponencial. Se observó un aumento del 42.39 %, 50.63 % y 64.29 %, respectivamente, entre la primera y la segunda etapa de la simulación, y un incremento del 184.34 %, 556.38 % y 168.12 %

Figura 11.

Perfil de pH dentro del biodigestor.



Nota. Muestra la variación del pH en el transcurso de la operación del biodigestor.

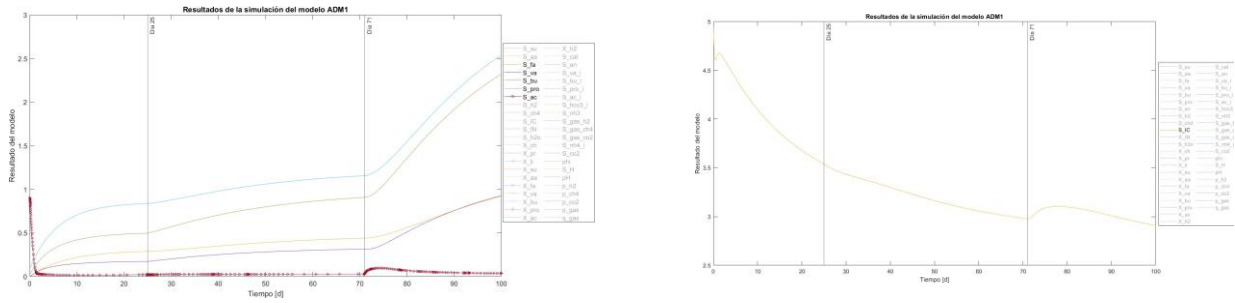
entre la segunda y la tercera etapa. Considerando la tabla 12, en la etapa 1, los carbohidratos representan el 68.53 % del DQO de material particulado, las proteínas el 25.32 % y los lípidos el 6.15 %. En la segunda etapa, los carbohidratos representan el 65.45 % del DQO de material particulado, las proteínas el 27.48 % y los lípidos el 7.07 %. Por último, en la etapa final, los carbohidratos representan el 59.99 % del DQO de material particulado, las proteínas el 25.10 % y los lípidos el 14.91 %.

Esto explica la acidificación registrada en la tercera etapa, pues el aumento de la carga orgánica implica una mayor generación de ácidos grasos volátiles como lo muestra la figura 12a. Este comportamiento también es visto por Liu et al. [91] al momento de aumentar la VCO. Para prevenir esta disminución de pH el biodigestor debe tener una suficiente cantidad de alcalinidad [63].

En el trabajo reportado por Casallas et al [92] se muestra que la principal fuente de acumulación de AGV fue el ácido butírico, mientras que en la la figura 12a este ocupa el segundo puesto en representación. Esta diferencia se debe a la variación de concentración inicial de comunidades microbianas.

Figura 12.

Variación de los ácidos grasos volátiles y el carbón inorgánico soluble dentro del biodigestor.



(a) Concentración de los ácidos grasos volátiles

(b) Concentración de CO_2 soluble

Nota. Muestra la variación de las concentraciones de los AGV y el carbón inorgánico soluble para tres condiciones diferentes de velocidad de carga orgánica. Las concentraciones son mostradas en [g/L].

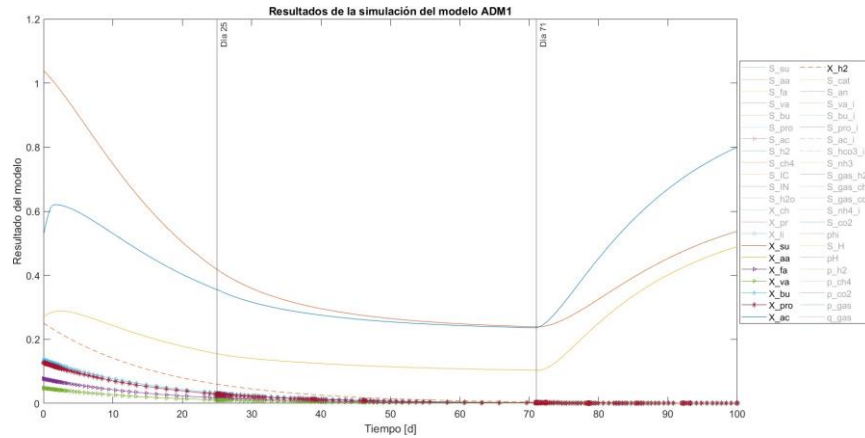
El aumento del pH en la primera etapa esta relacionado con la disminución de la concentración de CO_2 soluble como se muestra en la figura 12b, teniendo en cuenta que este se encuentra en equilibrio con el ácido carbónico (H_2CO_3) el cual es un ácido relativamente fuerte al tener un $pK_a = 3.5$ [37].

4.1.2. Comunidades bacterianas

La figura 13 muestra la variación en la concentración de las diferentes comunidades bacterianas dentro del reactor. En ella se evidencia la compleja interrelación de equilibrio que ocurre en un proceso de digestión anaerobia, ya que los valores de inoculación inicial de cada comunidad afectan directamente el comportamiento de los compuestos, y a su vez, la concentración de estos compuestos influye en el comportamiento de las bacterias. Se observa que las comunidades relacionadas con la acetogénesis (X_{va} , X_{bu} y X_{pro}) disminuyen su concentración de manera inmediata, dado que las concentraciones de sus sustratos, los ácidos grasos, son inexistentes en los primeros momentos de la simulación, como se muestra en la figura 12a. Por lo tanto, dentro del reactor, la producción de acetato está ligada exclusivamente a la acidogénesis de los lípidos solubles, lo que explica las bajas concentraciones del acetato en este contexto.

Figura 13.

Variación en la concentración de las comunidades bacterianas



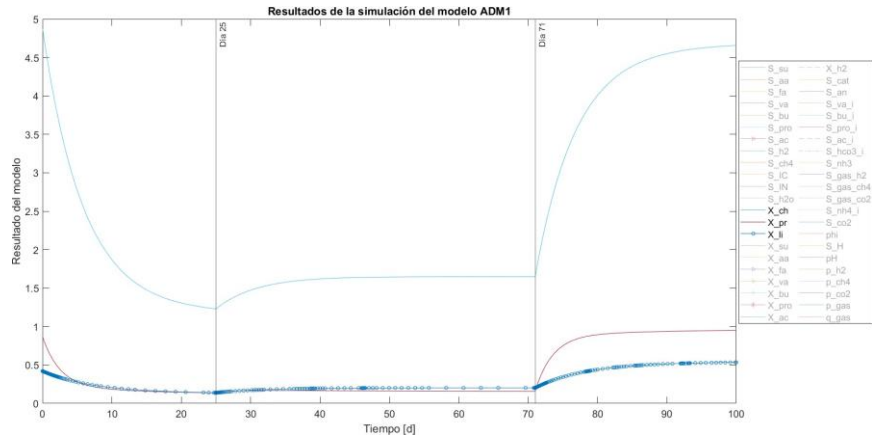
Nota. Muestra la variación de la concentración de las diferentes comunidades bacterianas presentes dentro del reactor.

4.1.3. Carbohidratos, proteínas y lípidos

Las concentraciones de carbohidratos, proteínas y lípidos dentro del reactor alcanzarán un punto de equilibrio en el que se consumirán a la misma velocidad con la que ingresan, siempre y cuando esta tasa de ingreso se mantenga constante durante un tiempo adecuado. Esto se evidencia en la figura 14, donde en cada etapa de la simulación los valores de estos compuestos tienden a estabilizarse en un punto de equilibrio.

Figura 14.

Variación en la concentración del material particulado



Nota. Muestra la variación de la concentración del material particulado dentro del biodigestor.

4.1.4. Fase gaseosa

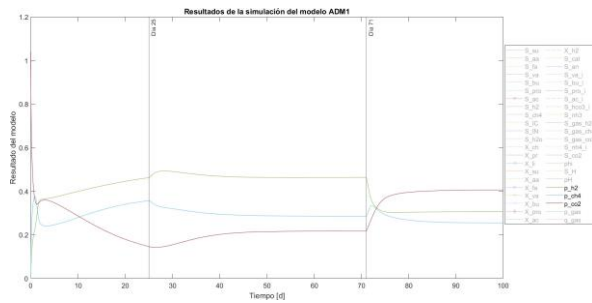
Como era de esperarse, el dióxido de carbono es el compuesto de mayor proporción en la fase gaseosa al inicio de la simulación, y su porcentaje disminuye a medida que se produce metano e hidrógeno, comportamiento que se ilustra en la figura 15a. Se observa también un pico en la generación de metano, que está relacionado con un aumento en el crecimiento de las bacterias acetoclásticas, seguido de su posterior decaimiento. En las gráficas 15b y 15c, se presenta un comportamiento similar a lo visto en la sección anterior en el comportamiento de carbohidratos, proteínas y lípidos, donde se puede ver que la generación de biogás tiende a estabilizarse siempre que las características del efluente se mantengan constantes.

Además, se muestra que a mayor cantidad de proteínas, carbohidratos y lípidos, mayor será la producción de biogás, lo que sugiere que la velocidad de carga del sistema puede incrementarse aún más.

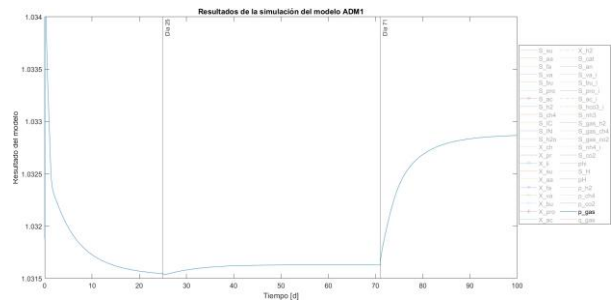
Tomando en cuenta las tres etapas dentro de la simulación, se muestra que en la primera etapa del proceso el caudal de biogás para el día 25 se estabiliza en un valor aproximado de 12 L/d, siendo constituido casi en un 50 % por H_2 , un 20 % en CO_2 y un 30 % en CH_4 . En la segunda etapa el caudal de biogás se estabiliza en el día 70 a 16 L/d, compuesto en un 46% de H_2 , un 21 %

Figura 15.

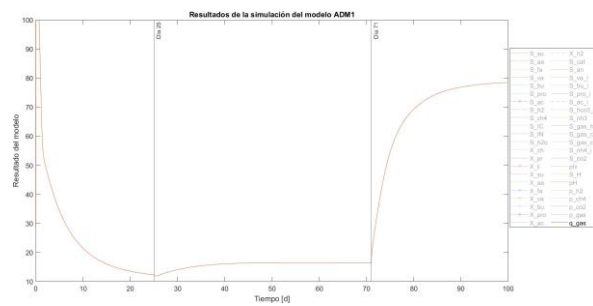
Comportamiento de la fracción gaseosa resultado de la digestión anaerobia.



(a) Presiones parciales de H_2 , CO_2 y CH_4



(b) Presión en la fracción gaseosa del biodigestor.



(c) Caudal del gas resultado del biodigestor.

Muestra las principales características de la fase gaseosa dentro de biodigestor. Las presiones están medidas en [bar], mientras que los caudales en [L/d].

de CO_2 y un 28 % de CH_4 . Y finalmente en la tercera etapa el caudal de biogás se estabiliza en un valor de 78 L/d, constituido en un 30 % de H_2 , un 40 % de CO_2 y un 25 % de CH_4 . Siendo las concentraciones de metano muy bajas comparadas con las encontradas por Ince [20]

5. CONCLUSIONES

Los parámetros y variables más importantes dentro del proceso de digestión anaerobia son aquellos que pueden incidir en la inhibición de algún grupo bacteriano, ya sea de manera directa o indirecta. En el caso específico de las aguas residuales de la industria láctea, se destaca su composición (contenido de carbohidratos, proteínas y lípidos) y su variación en el tiempo. Esto se debe a su estrecha relación con el comportamiento del pH dentro del biodigestor y con la relación Carbono/Nitrógeno.

Para el modelado del proceso de digestión anaerobia de las aguas residuales de la industria láctea, es indispensable modificar las rutas metabólicas estándar para que se apliquen a la lactosa como fuente de carbohidratos. Además, los parámetros cinéticos relacionados con la degradación de carbohidratos, proteínas y lípidos deben obtenerse de la bibliografía o experimentalmente, utilizando lactosa, caseína y ácido palmítico como sustratos, respectivamente, para que los resultados de la simulación sean más precisos. Esto debe ir acompañado de las ecuaciones de diseño del reactor que se quiera modelar, ya que cada tipo de reactor tiene consideraciones distintas.

Si se desea utilizar este modelo matemático para el diseño y optimización de bioreactores, es necesario acoplar ecuaciones de mezcla que permitan evaluar la homogeneidad de los diferentes compuestos dentro del reactor, asegurando así que no existan puntos muertos.

Este modelo se aplicó en un caso de estudio encontrado en la literatura, del cual se obtuvieron las concentraciones de los principales compuestos necesarios para un adecuado modelado del proceso de digestión anaerobia a través del modelo ADM1. Los resultados obtenidos del modelo matemático son teóricamente coherentes con lo descrito en la bibliografía, permitiendo mostrar la variación en el caudal de salida de biogás, así como la variación en su composición. No obstante, es necesaria la validación experimental del modelo.

REFERENCIAS

- [1] R. Kapoor, P. Ghosh, M. Kumar, S. Sengupta, A. Gupta, S. S. Kumar, V. Vijay, V. Kumar, V. K. Vijay, and D. Pant, “Valorization of agricultural waste for biogas based circular economy in india: A research outlook,” *Bioresource Technology*, vol. 304, p. 123036, 5 2020.
- [2] S. Maina, V. Kachrimanidou, and A. Koutinas, “A roadmap towards a circular and sustainable bioeconomy through waste valorization,” *Current Opinion in Green and Sustainable Chemistry*, vol. 8, pp. 18–23, 12 2017.
- [3] T. J. Britz and C. van Schalkwyk, “Treatment of dairy processing wastewaters,” 2004. [Online]. Available: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:54089909>
- [4] FEDEGAN, “Producción de leche en colombia,” 2022. [Online]. Available: <https://www.fedegan.org.co/estadisticas/produccion-0>
- [5] D. Karadag, O. E. Körolu, B. Ozkaya, and M. Cakmakci, “A review on anaerobic biofilm reactors for the treatment of dairy industry wastewater,” *Process Biochemistry*, vol. 50, pp. 262–271, 2 2015.
- [6] B. Demirel, O. Yenigun, and T. T. Onay, “Anaerobic treatment of dairy wastewaters: a review,” *Process Biochemistry*, vol. 40, pp. 2583–2595, 7 2005.
- [7] Y. Ferrer and H. Pérez, “Los microorganismos en la digestión anaerobia y la producción de biogás. consideraciones en la elección del inóculo para el mejoramiento de la calidad y el rendimiento,” *ICIDCA. Sobre los Derivados de la Caña de Azúcar*, vol. 43, pp. 9–20, 2010. [Online]. Available: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=223120681002>
- [8] Ritambhara, Zainab, S. Vijayaraghavalu, H. K. Prasad, and M. Kumar, “Treatment and recycling of wastewater from dairy industry,” pp. 91–115, 2019. [Online]. Available: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-981-13-1468-1_4

- [9] C. Mao, Y. Feng, X. Wang, and G. Ren, “Review on research achievements of biogas from anaerobic digestion,” *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, vol. 45, pp. 540–555, 5 2015.
- [10] C. S. Couras, V. L. Louros, T. Gameiro, N. Alves, A. Silva, M. I. Capela, L. M. Arroja, and H. Nadais, “Anaerobic degradation of dairy wastewater in intermittent uasb reactors: influence of effluent recirculation,” *Environmental technology*, vol. 36, pp. 2227–2238, 9 2015. [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25803484/>
- [11] E. Ficara, S. Hassam, A. Allegrini, A. Leva, F. Malpei, and G. Ferretti, “Anaerobic digestion models: a comparative study,” *IFAC Proceedings Volumes*, vol. 45, pp. 1052–1057, 1 2012.
- [12] “Oecd-fao agricultural outlook 2021-2030.” [Online]. Available: <https://doi.org/10.1787/19428846-en>.
- [13] D. F. T. Armesto, L. A. G. Garcia, D. A. Correa, and J. A. ;outhon Bello, “Biotratamentos de águas residuales en la indústria láctea,” *Producción + Limpia*, vol. 11, pp. 171–184, 2016. [Online]. Available: https://www.researchgate.net/publication/311502219_Biotratamientos_de_aguas_residuales_en_la_industria_lactea
- [14] K. Bella and P. V. Rao, “Anaerobic digestion of dairy wastewater: effect of different parameters and co-digestion options—a review,” *Biomass Conversion and Biorefinery 2021 13:4*, vol. 13, pp. 2527–2552, 1 2021. [Online]. Available: <https://link.springer.com/article/10.1007/s13399-020-01247-2>
- [15] M. H. G. A. G. Nadais, M. I. A. P. F. Capela, L. M. G. A. Arroja, and Y.-T. Hung, *Anaerobic Treatment of Milk Processing Wastewater*. Totowa, NJ: Humana Press, 2010, pp. 555–627. [Online]. Available: https://doi.org/10.1007/978-1-60327-031-1_17
- [16] G. Andreottola, P. Foladori, M. Ragazzi, and R. Villa, “Dairy wastewater treatment in a moving bed biofilm reactor,” *Water Science and Technology*, vol. 45, pp. 321–328, 6 2002.
- [17] G. P. Sparling, L. A. Schipper, and J. M. Russell, “Changes in soil properties after application of dairy factory effluent to new zealand volcanic ash and pumice soils,” *Australian Journal of Soil Research*, vol. 39, pp. 505–518, 2001.

- [18] M. J. Donkin, "Bulking in aerobic biological systems treating dairy processing wastewaters," *International Journal of Dairy Technology*, vol. 50, pp. 67–72, 5 1997. [Online]. Available: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1471-0307.1997.tb01740.x>
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1471-0307.1997.tb01740.x>
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1471-0307.1997.tb01740.x>
- [19] S. Hwang and C. L. Hansen, "Characterization of and bioproduction of short-chain organic acids from mixed dairy-processing wastewater," *Transactions of the ASAE*, vol. 41, pp. 795–, 5 1998. [Online]. Available: <https://elibrary.asabe.org/azdez.asp?JID=3&AID=17217&CID=t1998&v=41&i=3&T=1>
<http://elibrary.asabe.org/abstract.asp?aid=17217&confalias=&t=1&redir=&redirType=https://doi.org/10.13031/2013.17217>
- [20] O. Ince, "Performance of a two-phase anaerobic digestion system when treating dairy wastewater," *Water Research*, vol. 32, pp. 2707–2713, 9 1998.
- [21] P. J. Samkutty and R. H. Gough, "Filtration treatment of dairy processing wastewater," <http://dx.doi.org/10.1081/ESE-120002582>, vol. 37, pp. 195–199, 2007. [Online]. Available: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1081/ESE-120002582>
- [22] R. A. Bezerra, J. A. Rodrigues, S. M. Ratusznei, M. Zaiat, and E. Foresti, "Whey treatment by an sbr with circulation: Effects of organic loading, shock loads, and alkalinity supplementation," *Applied Biochemistry and Biotechnology* 2007 143:3, vol. 143, pp. 257–275, 9 2007. [Online]. Available: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12010-007-8030-1>
- [23] Z. Arbeli, A. Brenner, and A. Abeliovich, "Treatment of high-strength dairy wastewater in an anaerobic deep reservoir: Analysis of the methanogenic fermentation pathway and the rate-limiting step," 2006. [Online]. Available: www.sciencedirect.com
- [24] M. Torrijos, V. Vuitton, and R. Moletta, "The sbr process: an efficient and economic solution for the treatment of wastewater at small cheesemaking dairies in the jura mountains," *Water Science and Technology*, vol. 43, pp. 373–380, 2 2001.

- [25] F. Malaspina, C. M. Cellamare, L. Stante, and A. Tilche, “Anaerobic treatment of cheese whey with a downflow-upflow hybrid reactor,” *Bioresource Technology*, vol. 55, pp. 131–139, 2 1996.
- [26] S. Kato and Y. Kansha, “Comprehensive review of industrial wastewater treatment techniques,” *Environmental Science and Pollution Research International*, vol. 31, p. 51064, 8 2024. [Online]. Available: [/pmc/articles/PMC11374848//pmc/articles/PMC11374848/?report=abstracthttps://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC11374848/](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3811374848/)
- [27] A. G. da Cruz, T. C. Pimentel, G. L. Sant’Anna Junior, and S. M. R. Vendramel, “10 - advanced strategies for dairy wastewater treatment: a perspective,” in *Advanced Technologies in Wastewater Treatment*, A. Basile, A. Cassano, and C. Conidi, Eds. Elsevier, 2023, pp. 275–310. [Online]. Available: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780323885102000129>
- [28] J. Mohapatra, R. Kumar, B. Basak, R. G. Saratale, G. D. Saratale, A. Mishra, S. K. Tripathy, B. H. Jeon, and S. Chakraborty, “A review on generation, composition, and valorization of dairy processing sludge: A circular economy-based sustainable approach,” *Journal of Industrial and Engineering Chemistry*, 8 2024.
- [29] R. A. Labatut and J. L. Pronto, “Sustainable waste-to-energy technologies: Anaerobic digestion,” *Sustainable Food Waste-to-Energy Systems*, pp. 47–67, 1 2018.
- [30] T. Abbasi, S. M. Tauseef, and S. A. Abbasi, “Biogas energy,” *Biogas Energy*, pp. 1–169, 1 2012.
- [31] X. Pan, L. Zhao, C. Li, I. Angelidaki, N. Lv, J. Ning, G. Cai, and G. Zhu, “Deep insights into the network of acetate metabolism in anaerobic digestion: focusing on syntrophic acetate oxidation and homoacetogenesis,” *Water Research*, vol. 190, p. 116774, 2 2021.
- [32] H. N. Gavala, I. Angelidaki, and B. K. Ahring, “Kinetics and modeling of anaerobic digestion process,” *Advances in biochemical engineering/biotechnology*, vol. 81, pp. 57–93, 2003. [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12747561/>

- [33] T. C. D. Silva, A. Isha, R. Chandra, V. K. Vijay, P. M. V. Subbarao, R. Kumar, V. P. Chaudhary, H. Singh, A. A. Khan, V. K. Tyagi, and K. L. Kovács, “Enhancing methane production in anaerobic digestion through hydrogen assisted pathways – a state-of-the-art review,” *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, vol. 151, p. 111536, 11 2021.
- [34] M. T. V. Moreno, *Manual de Biogas*, O. de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), Ed., 2011. [Online]. Available: <https://www.fao.org/docrep/019/as400s/as400s.pdf>
- [35] A. D. Broughton, “Hydrolysis and acidogenesis of farm dairy effluent for biogas production at ambient temperatures,” 2009. [Online]. Available: <http://hdl.handle.net/10179/1319>
- [36] V. Vavilin, B. Fernandez, J. Palatsi, and X. Flotats, “Hydrolysis kinetics in anaerobic degradation of particulate organic material: An overview,” *Waste Management*, vol. 28, no. 6, pp. 939–951, 2008. [Online]. Available: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0956053X07001390>
- [37] D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, “The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1),” pp. 1–72, 2002.
- [38] I. R. Ramsay and P. C. Pullammanappallil, “Protein degradation during anaerobic wastewater treatment: derivation of stoichiometry,” *Biodegradation*, vol. 12, pp. 247–256, 2001. [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11826907/>
- [39] H. A. Barker, “Amino acid degradation by anaerobic bacteria,” *Annual review of biochemistry*, vol. 50, pp. 23–40, 1981. [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/6791576/>
- [40] I. Angelidaki, D. Karakashev, D. J. Batstone, C. M. Plugge, and A. J. Stams, “Biomethanation and its potential,” *Methods in Enzymology*, vol. 494, pp. 327–351, 1 2011.
- [41] R. Borja and B. Rincón, “Biogas production,” *Reference Module in Life Sciences*, 1 2017. [Online]. Available: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780128096338091056>

- [42] K. Parvez and M. M. Ahammed, “Effect of composition on anaerobic digestion of organic fraction of municipal solid wastes: A review,” *Bioresource Technology Reports*, vol. 25, p. 101777, 2 2024.
- [43] Y. Song, J. Liu, M. Chen, J. Zheng, S. Gui, and Y. Wei, “Application of mixture design to optimize organic composition of carbohydrate, protein, and lipid on dry anaerobic digestion of ofmsw: Aiming stability and efficiency,” *Biochemical Engineering Journal*, vol. 172, p. 108037, 8 2021.
- [44] Y. Li, Y. Jin, A. Borrion, H. Li, and J. Li, “Effects of organic composition on mesophilic anaerobic digestion of food waste,” *Bioresource Technology*, vol. 244, pp. 213–224, 11 2017.
- [45] M. J. Kim and S. H. Kim, “Conditions of lag-phase reduction during anaerobic digestion of protein for high-efficiency biogas production,” *Biomass and Bioenergy*, vol. 143, p. 105813, 12 2020.
- [46] T. Kobayashi, K. Q. Xu, Y. Y. Li, and Y. Inamori, “Evaluation of hydrogen and methane production from municipal solid wastes with different compositions of fat, protein, cellulosic materials and the other carbohydrates,” *International Journal of Hydrogen Energy*, vol. 37, pp. 15 711–15 718, 10 2012.
- [47] C. Morales-Polo, M. del Mar Cledera-Castro, K. Hueso-Kortekaas, and M. Revuelta-Aramburu, “Anaerobic digestion in wastewater reactors of separated organic fractions from wholesale markets waste. compositional and batch characterization. energy and environmental feasibility,” *Science of The Total Environment*, vol. 726, p. 138567, 7 2020.
- [48] E. Elbeshbishy and G. Nakhla, “Batch anaerobic co-digestion of proteins and carbohydrates,” *Bioresource Technology*, vol. 116, pp. 170–178, 7 2012.
- [49] S. Miryahyaei, T. Das, M. Othman, D. Batstone, and N. Eshtiaghi, “Anaerobic co-digestion of sewage sludge with cellulose, protein, and lipids: Role of rheology and digestibility,” *Science of The Total Environment*, vol. 731, p. 139214, 8 2020.

- [50] A. J. Cavaleiro, T. Ferreira, F. Pereira, G. Tommaso, and M. M. Alves, “Biochemical methane potential of raw and pre-treated meat-processing wastes,” *Bioresource Technology*, vol. 129, pp. 519–525, 2 2013.
- [51] M. Perle, S. Kimchie, and G. Shelef, “Some biochemical aspects of the anaerobic degradation of dairy wastewater,” *Water Research*, vol. 29, pp. 1549–1554, 1995.
- [52] W. S. Kisaalita, K. L. Pinder, and K. V. Lo, “Acidogenic fermentation of lactose,” *Biotechnology and Bioengineering*, vol. 30, pp. 88–95, 7 1987. [Online]. Available: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/bit.260300113><https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/bit.260300113><https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/bit.260300113>
- [53] S. T. Oh and A. D. Martin, “Long chain fatty acids degradation in anaerobic digester: Thermodynamic equilibrium consideration,” *Process Biochemistry*, vol. 45, pp. 335–345, 3 2010.
- [54] M. Andrés, H. Pardo, H. Javier, and L. Wandurraga, “Desarrollo de un modulo para la simulaciÓn de digestores anaerobios acoplado al simulador hysys 3.1,” 2004.
- [55] L. V. den Berg and K. J. Kennedy, “Dairy waste treatment with anaerobic stationary fixed film reactors,” *Water Science and Technology*, vol. 15, pp. 359–368, 8 1983.
- [56] J. L. Gutiérrez, P. A. Encina, and F. Fdz-Polanco, “Anaerobic treatment of cheese-production wastewater using a uasb reactor,” *Bioresource Technology*, vol. 37, pp. 271–276, 1 1991.
- [57] P. S. Ganesh, E. V. Ramasamy, S. Gajalakshmi, R. Sanjeevi, and S. A. Abbasi, “Studies on treatment of low-strength effluents by uasb reactor and its application to dairy industry wash waters,” *Indian Journal of Biotechnology*, vol. 6, pp. 234–238, 2007.
- [58] S. Göblös, P. Portöro, D. Bordás, M. Kálmán, and I. Kiss, “Comparison of the effectivities of two-phase and single-phase anaerobic sequencing batch reactors during dairy wastewater treatment,” *Renewable Energy*, vol. 33, pp. 960–965, 5 2008.
- [59] R. Borja and C. J. Banks, “Kinetics of an upflow anaerobic sludge blanket reactor treating ice-cream wastewater,” *Environmental Technology (United Kingdom)*, vol. 15, pp. 219–232, 1994.

- [60] ———, “Response of an anaerobic fluidized bed reactor treating ice-cream wastewater to organic, hydraulic, temperature and ph shocks,” *Journal of Biotechnology*, vol. 39, pp. 251–259, 5 1995.
- [61] K. V. Rajeshwari, M. Balakrishnan, A. Kansal, K. Lata, and V. V. Kishore, “State-of-the-art of anaerobic digestion technology for industrial wastewater treatment,” *Renewable sustainable energy reviews*, vol. 4, pp. 135–156, 2000.
- [62] A. N. Hassan and B. K. Nelson, “Invited review: Anaerobic fermentation of dairy food wastewater,” pp. 6188–6203, 11 2012.
- [63] D. Karadag, O. E. Koroglu, B. Ozkaya, M. Cakmakci, S. Heaven, C. Banks, and A. Serna-Maza, “Anaerobic granular reactors for the treatment of dairy wastewater: A review,” *International Journal of Dairy Technology*, vol. 68, pp. 459–470, 11 2015.
- [64] O. Yenigün and B. Demirel, “Ammonia inhibition in anaerobic digestion: A review,” *Process Biochemistry*, vol. 48, pp. 901–911, 5 2013.
- [65] R. A. Parra Huertas, “DigestiÃanaerÃ: mecanismos biotecnolÃen el tratamiento de aguas residuales y su aplicaciÃen la industria alimentaria,” *ProducciÃ+ Limpia*, vol. 10, pp. 142 – 159, 07 2015. [Online]. Available: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1909-04552015000200014&nrm=iso
- [66] J. Dolfing, “Syntrophy in microbial fuel cells,” *The ISME Journal 2014 8:1*, vol. 8, pp. 4–5, 10 2013. [Online]. Available: <https://www.nature.com/articles/ismej2013198>
- [67] A. Abomohra, S. Faisal, R. Ebaid, J. Huang, Q. Wang, and M. Elsayed, “Recent advances in anaerobic digestion of lipid-rich waste: Challenges and potential of seaweeds to mitigate the inhibitory effect,” *Chemical Engineering Journal*, vol. 449, p. 137829, 12 2022.
- [68] G. Wu, Ed., *Anaerobic Digestion*. Springer Nature Switzerland, 2024. [Online]. Available: <https://link.springer.com/10.1007/978-3-031-69378-6>
- [69] J. L. Monod, “The growth of bacterial cultures,” 1949. [Online]. Available: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:14986187>

- [70] D. E. CONTOIS, “Kinetics of bacterial growth: relationship between population density and specific growth rate of continuous cultures,” *Journal of general microbiology*, vol. 21, pp. 40–50, 8 1959. [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/13811643/>
- [71] V. A. Vavilin, B. Fernandez, J. Palatsi, and X. Flotats, “Hydrolysis kinetics in anaerobic degradation of particulate organic material: An overview,” *Waste Management*, vol. 28, pp. 939–951, 1 2008.
- [72] F. Rezvani, F. Ardestani, and G. Najafpour, “Growth kinetic models of five species of lactobacilli and lactose consumption in batch submerged culture,” *Brazilian Journal of Microbiology*, vol. 48, p. 251, 4 2017. [Online]. Available: </pmc/articles/PMC5470453//pmc/articles/PMC5470453/?report=abstracthttps://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5470453/>
- [73] S. Jain, A. K. Lala, S. K. Bhatia, and A. P. Kudchadker, “Modelling of hydrolysis controlled anaerobic digestion,” *J. Chem. Tech. Biotechnol.*, vol. 53, pp. 268–2575, 1992.
- [74] S. P. Graef and J. F. Andrews, “Stability and control of anaerobic digestion,” *Journal (Water Pollution Control Federation)*, vol. 46, no. 4, pp. 666–683, 1974. [Online]. Available: <http://www.jstor.org/stable/25038181>
- [75] O. Bernard, Z. Hadj-Sadok, D. Dochain, A. Genovesi, and J. P. Steyer, “Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process,” *Biotechnology and bioengineering*, vol. 75, pp. 424–438, 11 2001. [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11668442/>
- [76] S. Weinrich and M. Nelles, “Systematic simplification of the anaerobic digestion model no. 1 (adm1) – model development and stoichiometric analysis,” *Bioresource Technology*, vol. 333, p. 125124, 8 2021.
- [77] E. Huete, M. de Gracia, E. Ayesa, and J. L. Garcia-Heras, “Adm1-based methodology for the characterisation of the influent sludge in anaerobic reactors,” *Water Science and Technology*, vol. 54, pp. 157–166, 8 2006.

- [78] Y. Miron, G. Zeeman, J. B. V. Lier, and G. Lettinga, “The role of sludge retention time in the hydrolysis and acidification of lipids, carbohydrates and proteins during digestion of primary sludge in cstr systems,” *Water Research*, vol. 34, pp. 1705–1713, 4 2000.
- [79] C. Rosén, U. Jeppsson, and C. Rosen, “Aspects on adm1 implementation within the bsm2 framework,” 2006. [Online]. Available: <http://www.iea.lth.se/publications/Reports/LTH-IEA-7224.pdf>
- [80] I. R. Ramsay, “Modelling and control of high-rate anaerobic wastewater treatment systems,” 1997. [Online]. Available: <https://espace.library.uq.edu.au/view/UQ:307817>
- [81] J. T. Novak and D. A. Carlson, “The kinetics of anaerobic long chain fatty acid degradation,” *Journal (Water Pollution Control Federation)*, vol. 42, no. 11, pp. 1932–1943, 1970. [Online]. Available: <http://www.jstor.org/stable/25036816>
- [82] W. T. M. Sanders, “Anaerobic hydrolysis during digestion of complex substrates,” 2001, wU thesis 2953 Proefschrift Wageningen.
- [83] O. Christ, P. A. Wilderer, R. Angerhöfer, and M. Faulstich, “Mathematical modeling of the hydrolysis of anaerobic processes,” 2000. [Online]. Available: <https://iwaponline.com/wst/article-pdf/41/3/61/40120/61.pdf>
- [84] I. Angelidaki, L. Ellegaard, and B. K. Ahring, “A mathematical model for dynamic simulation of anaerobic digestion of complex substrates: focusing on ammonia inhibition,” *Biotechnology and bioengineering*, vol. 42, pp. 159–166, 1993. [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18612976/>
- [85] E. V. Musvoto, M. C. Wentzel, R. E. Loewenthal, and G. A. Ekama, “Integrated chemical–physical processes modelling—i. development of a kinetic-based model for mixed weak acid/base systems,” *Water Research*, vol. 34, pp. 1857–1867, 4 2000.
- [86] R. Mo, W. Guo, D. Batstone, J. Makinia, and Y. Li, “Modifications to the anaerobic digestion model no. 1 (adm1) for enhanced understanding and application of the anaerobic treatment processes – a comprehensive review,” *Water Research*, vol. 244, p. 120504, 10 2023.

- [87] M. Lübken, P. Kosse, K. Koch, T. Gehring, and M. Wichern, “Influent fractionation for modeling continuous anaerobic digestion processes,” *Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology*, vol. 151, pp. 137–169, 2015.
- [88] A. A. Mendes, E. B. Pereira, and H. F. de Castro, “Effect of the enzymatic hydrolysis pretreatment of lipids-rich wastewater on the anaerobic biodigestion,” *Biochemical Engineering Journal*, vol. 32, pp. 185–190, 12 2006.
- [89] L. C. Tan, R. Peschard, Z. Deng, A. L. M. Ferreira, P. N. Lens, and S. Pacheco-Ruiz, “Anaerobic digestion of dairy wastewater by side-stream membrane reactors: Comparison of feeding regime and its impact on sludge filterability,” *Environmental Technology Innovation*, vol. 22, p. 101482, 5 2021.
- [90] H. Fogler and a. O. M. C. Safari, *Elements of Chemical Reaction Engineering, 6th Edition*. Pearson, 2020. [Online]. Available: <https://books.google.com.mx/books?id=jWX7zQEACAAJ>
- [91] Y. C. Liu, J. Ramiro-Garcia, L. M. Paulo, C. M. Braguglia, M. C. Gagliano, and V. O’Flaherty, “Psychrophilic and mesophilic anaerobic treatment of synthetic dairy wastewater with long chain fatty acids: Process performances and microbial community dynamics,” *Bioresource Technology*, vol. 380, p. 129124, 7 2023.
- [92] M. Casallas-Ojeda, N. Perez-Esteban, I. Cabeza, M. Cobo, M. Olaya-Rincon, D. M. Caicedo-Concha, and S. Astals, “Understanding the acidification risk of cheese whey anaerobic digestion under psychrophilic and mesophilic conditions,” *Heliyon*, vol. 10, p. e26476, 3 2024.

GLOSARIO

- **Acetogénesis:** Etapa de la digestión anaeróbica donde las bacterias acetogénicas convierten los AGV en ácido acético (CH_3COOH), dióxido de carbono (CO_2) e hidrógeno (H_2). El ácido acético es el sustrato principal para la producción de metano [9].
- **Acidogénesis:** Etapa donde los productos de la hidrólisis (aminoácidos, azúcares, ácidos grasos) son transformados por bacterias acidogénicas en ácidos grasos volátiles (AGV), como ácido acético (CH_3COOH), ácido propiónico ($\text{CH}_3\text{CH}_2\text{COOH}$) y ácido butírico ($\text{CH}_3\text{CH}_2\text{CH}_2\text{COOH}$). Estos AGV son sustratos importantes para la siguiente etapa de la digestión anaerobia [9].
- **Ácidos grasos volátiles (AGV):** Compuestos orgánicos ácidos que se producen durante la digestión anaeróbica. Si se acumulan en altas concentraciones, pueden inhibir el crecimiento microbiano y afectar la producción de metano.
- **Biocombustible:** Combustible derivado de la biomasa, incluyendo plantas, residuos agrícolas o residuos animales. Se utiliza como alternativa a los combustibles fósiles y contribuye a la reducción de las emisiones de gases de efecto invernadero.
- **Biodigestor:** Reactor biológico diseñado para la digestión anaeróbica, donde los microorganismos descomponen la materia orgánica. Existen distintos tipos de biodigestores, cada uno con características y aplicaciones específicas.
- **Biogás:** Mezcla gaseosa producida durante la digestión anaeróbica, compuesta principalmente por metano y dióxido de carbono. Es un biocombustible renovable que puede ser utilizado para la generación de energía o como fuente de calor.
- **Carga orgánica:** Cantidad de materia orgánica presente en un volumen determinado de agua, expresada en unidades como la Demanda Química de Oxígeno (DQO) o la Demanda Biológica de Oxígeno (DBO). Indica el potencial de contaminación del agua.
- **CSTR:** Reactor de mezcla completa, un tipo de biodigestor donde el contenido se mezcla continuamente para asegurar una buena homogeneización y un contacto efectivo entre los microorganismos y la materia orgánica.

- Demanda Biológica de Oxígeno (DBO): Cantidad de oxígeno necesario para oxidar biológicamente la materia orgánica presente en un volumen de agua. Es una medida del potencial de contaminación del agua por microorganismos aerobios.
- Demanda Química de Oxígeno (DQO): Cantidad de oxígeno necesario para oxidar químicamente toda la materia orgánica presente en un volumen de agua
- FA: Filtro anaerobio, un tipo de reactor biológico diseñado para la eliminación de contaminantes orgánicos del agua mediante la acción de microorganismos [31].
- Grasas: Lípidos presentes en la leche y residuos lácteos, con potencial para la producción de biogás.
- Hidrólisis: Proceso de degradación de moléculas complejas (proteínas, polisacáridos, lípidos) en moléculas más simples (aminoácidos, azúcares, ácidos grasos) por acción de enzimas. Es la primera etapa de la digestión anaeróbica, fundamental para la descomposición de la materia orgánica [84].
- Lactosa: Azúcar presente en la leche, fuente de energía para la digestión anaerobia [6].
- Metanogénesis: Etapa final de la digestión anaeróbica, donde el metano (CH_4) es producido por arqueas metanogénicas a partir del ácido acético, dióxido de carbono e hidrógeno. Las arqueas metanogénicas son microorganismos anaerobios estrictos, altamente sensibles a las condiciones del ambiente [35].
- Modelo ADM1: Modelo matemático desarrollado para simular el proceso de digestión anaeróbica. Considera la dinámica de los grupos microbianos, las rutas metabólicas, la transferencia de materia y los factores de inhibición. Es una herramienta útil para comprender el comportamiento del proceso, optimizar las condiciones de operación y predecir la producción de biogás[37].
- Residuos de procesamiento de leche: Residuos sólidos o líquidos generados durante la elaboración de productos lácteos, con potencial para la digestión anaeróbica.
- Tiempo de retención hidráulica (TRH): Tiempo que un volumen determinado de agua permanece dentro de un reactor biológico. Es un parámetro importante para determinar la eficiencia de la

digestión anaeróbica, ya que influye en el tiempo de contacto entre los microorganismos y la materia orgánica [12].

- Tratamiento de aguas residuales: Proceso que elimina o reduce contaminantes presentes en las aguas residuales, con el objetivo de convertirlas en un efluente adecuado para la descarga al medio ambiente o la reutilización. Incluye diversas etapas como el pretratamiento, el tratamiento primario, el tratamiento secundario y el tratamiento terciario.
- UASB: Reactor anaerobio de manto de lodos de flujo ascendente [31].
- AFBR: Reactor anaerobio de cama fluidizada [31].
- ASBR: Reactor por lotes de secuenciación anaerobia [31].

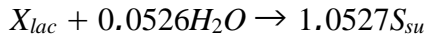
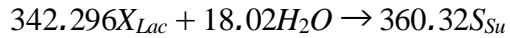
ANEXOS

ANEXO 1

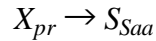
Generación de matriz estequiometrica

■ Hidrólisis

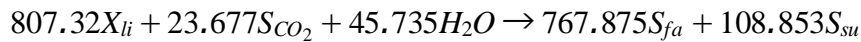
Hidrólisis de Carbohidratos:



Hidrólisis de Proteínas

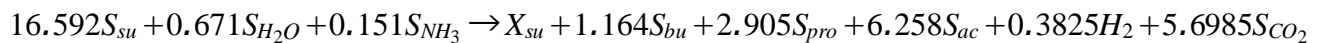
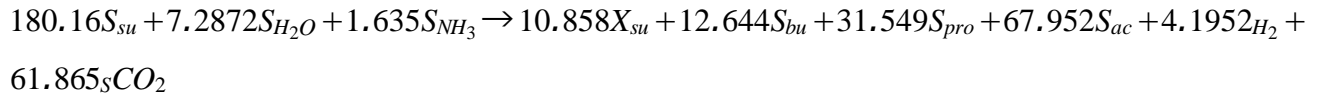


Hidrólisis de Lípidos

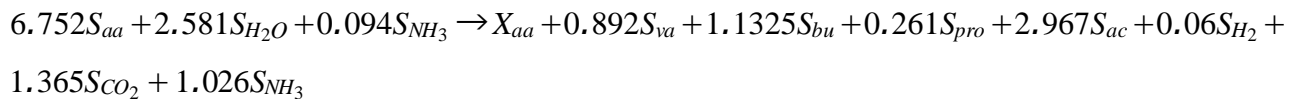
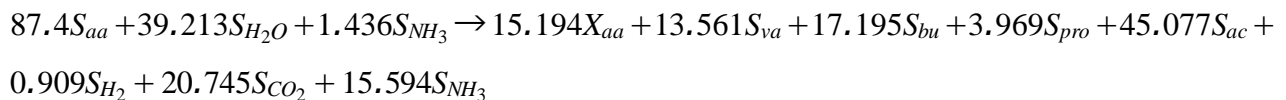


■ Acidogénesis

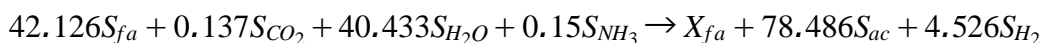
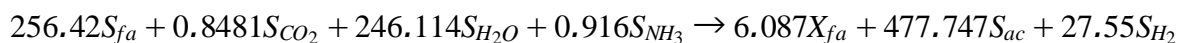
Monosacáridos, $\alpha_{su} = 1.2 \cdot Y_{su}$ donde $Y_{su} = 0.08$.



Aminoácidos, $\alpha_{aa} = 0.835 \cdot Y_{aa}$ donde $Y_{aa} = 0.101$.

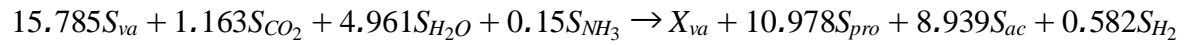
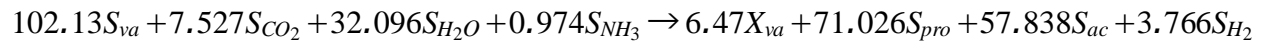


Ácidos Grasos, $\alpha_{fa} = 4.6 \cdot Y_{fa}$ donde $Y_{fa} = 0.0117$.

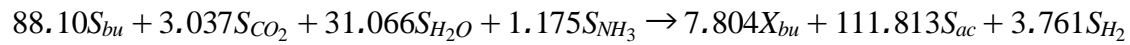


■ Acetogénesis

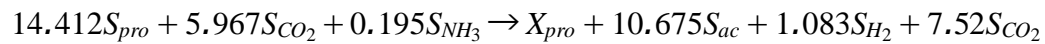
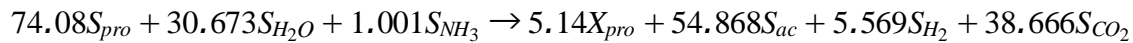
Ácido Valérico, $\alpha_{va} = 1.3 \cdot Y_{va}$ donde $Y_{va} = 0.044$.



Ácido Butírico, $\alpha_{bu} 0.069$.

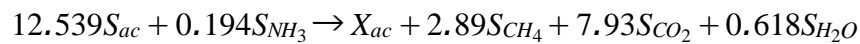
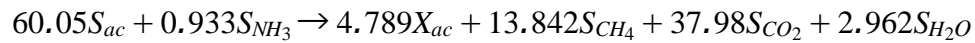


Ácido Propiónico, $\alpha_{pro} = 0.7 \cdot Y_{pro}$ donde $Y_{pro} = 0.084$.

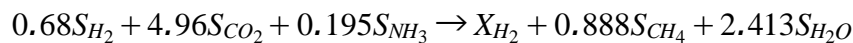
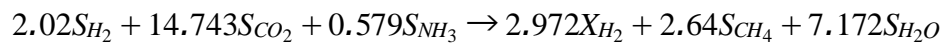


■ Metanogénesis

Metanogénesis acetoclástica, $\alpha_{ac} = 0.4 \cdot Y_{ac}$ donde $Y_{ac} = 0.137$.



Metanogénesis hidrogenotrófica, $\alpha_{H_2} = 0.1 \cdot Y_{H_2}$ donde $Y_{H_2} = 0.34$.



ANEXO 2

Código de matlab

El código utilizado dentro del proyecto esta dividido en 4 archivos de matlab, los cuales son llamados secuencial mente para la ejecución del modelo matemático.

ADM1_run_model

```
1 %  
-----  
2 %  
3 % Implementation in Matlab  
4 % R2019b (The MathWorks, Inc.)  
5 %  
6 % Matlab ODE function  
7 %  
8 % Version 1.0  
9 %  
10 % https://github.com/soerenweinrich/ADM1  
11 %  
12 % Copyright (c) 2021 Soeren Weinrich  
13 % E-Mail: soeren.weinrich@dbfz.de  
14 %  
15 % Additional information (citation example):  
16 %  
17 % Weinrich, S.; Nelles, M. (2021).  
18 % Systematic simplification of the Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)  
19 % Model development and stoichiometric analysis. Bioresource Technology.  
20 % In press. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.125124.  
21 %  
22 % Modified by Juan Esteban Gonzalez Tovar for the implementation of dairy  
23 % wastewater in the thesis "EVALUACION DEL POTENCIAL DE LA PRODUCCION DE  
24 % METANO A PARTIR DE AGUAS RESIDUALES PROVENIENTES DE LA INDUSTRIA  
25 % LaCTEA."
```

```

26 % -----
27
28 clear all
29 clc
30
31 %% Initialise model
32 % Load standard model parameters
33 load('variables_y_param_tesis.mat')
34 % Load experimental data
35
36 % Select model type: ADM1, ADM1_R1, ADM1_R2, ADM1_R3 or ADM1_R4
37 model = 'ADM1';
38 % Set time range in days
39 time_range = [0 100];
40
41 %% Run selected model
42 switch model
43     case 'ADM1'
44         % Solve ODE of mass-based ADM1
45         ode = ode15s(@(t,x) ADM1_mass(t,x,system.Variables ,input.ADM1.
Variables ,parameters.ADM1.Variables),time_range ,initial.ADM1.Variables)
;
46         % Calculate model output
47         num_t = size(ode.x,2);
48         for i = 1:num_t
49             [t(i),y(i,:)] = ADM1_mass_output(ode.x(1,i),ode.y(:,i),system.
Variables ,parameters.ADM1.Variables);
50         end
51
52     otherwise
53         % Stop script if specific model name does not match available
model structures
54         warning(['Model name incorrect. The selected model name "',model,'
" does not match available model structures.'])
55         return
56 end

```

```

57
58 %% Set model output
59 output= output.(model);
60 output{1:num_t,:} = [t' y];
61
62 %% Plot model output
63 plot(output{:,1},output{:,2:end});
64 plotbrowser('ON');
65 % Set legend
66 l = legend(output.Properties.VariableNames(2:end));
67 set(l,'Interpreter','none','visible','on');
68 % Set title
69 t = title(['Resultados de la simulaci n del modelo ',model]);
70 set(t,'Interpreter','none');
71 % Set axis labels
72 xlabel('Tiempo [d]');
73 ylabel('Resultado del modelo');
74
75
76 %ylim([-100 900]); % Reemplaza ymin y ymax con los valores deseados para
    el eje y
77 %% Clear variables
78 clearvars i num_t t y l time_range

```

6.0.0.1. Inicialización La líneas 28 y 29 se eliminan todas las variables del espacio de trabajo y se limpia la ventana de comandos. Seguido de esto se cargan los parámetros del modelo y los datos experimentales desde un archivo .mat que debe estar visible en la carpeta directorio dentro de Matlab.

6.0.0.2. Ejecución del modelo Se selecciona el modelo a usar y el tiempo de observación, para resolver las ecuaciones diferenciales.

- ode15s: Es un solver de Matlab para resolver ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO) rígidas. Es adecuado para problemas donde las soluciones pueden cambiar rápidamente.

- @(t,x) ADM1_mass(t,x,...): Esta es una función anónima que llama a la función ADM1_mass con los parámetros necesarios. La función ADM1_mass define las ecuaciones diferenciales del modelo ADM1.
- system.Variables, input.ADM1.Variables, parameters.ADM1.Variables: Estos son los parámetros y variables necesarios para la función ADM1_mass.
- time_range: Es el rango de tiempo para la simulación, en este caso de 0 a 100 días.
- initial.ADM1.Variables: Son las condiciones iniciales para las variables del modelo.

6.0.0.3. Salida del modelo Esta sección del código resuelve las ecuaciones diferenciales del modelo ADM1 y luego calcula la salida del modelo en cada punto de tiempo.

- num_t = size(ode.x,2) : ode.x contiene los puntos de tiempo en los que se evaluó la solución. num_t es el número de estos puntos de tiempo.
- Bucle for: Itera sobre cada punto de tiempo.
- La línea 49 llama a la función ADM1_mass_output para calcular la salida del modelo en cada punto de tiempo. Donde ode.x(1,i) es el tiempo actual, ode.y(:,i) son las variables del modelo en el tiempo actual y system.Variables, parameters.ADM1.Variables son los parámetros necesarios para calcular la salida.

6.0.0.4. Graficar la salida del modelo Desde la línea 62 hasta la línea 76 se grafica los resultados de la simulación, configurando la leyenda, el título y las etiquetas de los ejes.

ADM1_mass

En esta función se definen las ecuaciones diferenciales utilizadas para modelar el comportamiento del biodigestor.

```

1 function dx = ADM1_mass(t,x,s,input,parameter)
2
3 % Original (mass-based)
4 % Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)

```

```

5 %
6 % ADM1
7 %
8 %
9 % Weinrich , S.; Nelles , M. (2021).
10 % Systematic simplification of the Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)
    -
11 % Model development and stoichiometric analysis. Bioresource Technology.
12 % In press. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.125124.
13 %
14 % Modified by Juan Esteban Gonzalez Tovar for the implementation of dairy
15 % wastewater in the thesis "EVALUACION DEL POTENCIAL DE LA PRODUCCION DE
16 % METANO APARTIR DE AGUAS RESIDUALES PROVENIENTES DE LA INDUSTRIA
17 % LaCTEA."
18 %
19 % Interpolate input parameters
20
21 [x_in,q_in]= ADM1_interp_input (input,t);
22
23 % System parameters
24
25 V_liq = s(1);
26 V_gas = s(2);
27 p_atm = s(3);
28
29 % Model parameters
30
31 % Model parameters
32
33 K_H_ch4 = parameter (1);
34 K_H_co2 = parameter (2);
35 K_H_h2 = parameter (3);
36 K_I_IN = parameter (4);
37 K_I_c4 = parameter (5);
38 K_I_fa = parameter (6);
39 K_I_nh3 = parameter (7);

```

```
40 K_I_pro = parameter (8);
41 K_a_IN = parameter (9);
42 K_a_ac = parameter (10);
43 K_a_bu = parameter (11);
44 K_a_co2 = parameter (12);
45 K_a_pro = parameter (13);
46 K_a_va = parameter (14);
47 K_aa = parameter (15);
48 K_ac = parameter (16);
49 K_bu = parameter (17);
50 K_fa = parameter (18);
51 K_h2 = parameter (19);
52 K_pro = parameter (20);
53 K_su = parameter (21);
54 K_va = parameter (22);
55 K_w = parameter (23);
56 R = parameter (24);
57 T = parameter (25);
58 k_AB_IN = parameter (26);
59 k_AB_ac = parameter (27);
60 k_AB_bu = parameter (28);
61 k_AB_co2 = parameter (29);
62 k_AB_pro = parameter (30);
63 k_AB_va = parameter (31);
64 k_La = parameter (32);
65 k_ch = parameter (33);
66 k_dec = parameter (34);
67 k_li = parameter (35);
68 k_m_aa = parameter (36);
69 k_m_ac = parameter (37);
70 k_m_bu = parameter (38);
71 k_m_fa = parameter (39);
72 k_m_h2 = parameter (40);
73 k_m_pro = parameter (41);
74 k_m_su = parameter (42);
75 k_m_va = parameter (43);
```



```

76 k_p = parameter (44);
77 k_pr = parameter (45);
78 pK_l_aa = parameter (46);
79 pK_l_ac = parameter (47);
80 pK_l_h2 = parameter (48);
81 pK_u_aa = parameter (49);
82 pK_u_ac = parameter (50);
83 pK_u_h2 = parameter (51);
84 p_h2o = parameter (52);
85
86 % Define algebraic equations
87
88 S_nh4_i = x(11) - x(31);
89 S_co2 = x(10) - x(30);
90 phi = x(24) + S_nh4_i/17 - x(30)/44 - x(29)/60 - x(28)/74 - x(27)/88 - x
      (26)/102 - x(25);
91 S_H = -phi*0.5 + 0.5*sqrt(phi*phi+4*K_w);
92 pH = -log10(S_H);
93 p_h2 = x(32)*R*T/2;
94 p_ch4 = x(33)*R*T/16;
95 p_co2 = x(34)*R*T/44;
96 p_gas = p_h2 + p_ch4 + p_co2 + p_h2o ;
97 q_gas = k_p * ( p_gas - p_atm ) *p_gas/p_atm ;
98
99 % Define inhibition functions
100
101 inhibition (1) = x(11) / (x(11) + K_I_IN);
102 inhibition (2) = K_I_fa / (K_I_fa + x(8));
103 inhibition (3) = K_I_c4 / (K_I_c4 + x(8));
104 inhibition (4) = K_I_pro / (K_I_pro + x(8));
105 inhibition (5) = 10^(-(3/(pK_u_aa - pK_l_aa))*(pK_l_aa+pK_u_aa)/2) / (S_H
      ^((3/(pK_u_aa - pK_l_aa)) + 10^(-(3/(pK_u_aa - pK_l_aa))*(pK_l_aa+
      pK_u_aa)/2)));
106 inhibition (6) = 10^(-(3/(pK_u_ac - pK_l_ac))*(pK_l_ac+pK_u_ac)/2) / (S_H
      ^((3/(pK_u_ac - pK_l_ac)) + 10^(-(3/(pK_u_ac - pK_l_ac))*(pK_l_ac+
      pK_u_ac)/2)));

```

```

107 inhibition(7) = 10^(-(3/(pK_u_h2 - pK_l_h2))*(pK_l_h2+pK_u_h2)/2) / (S_H
      ^((3/(pK_u_h2 - pK_l_h2)) + 10^(-(3/(pK_u_h2 - pK_l_h2))*(pK_l_h2+
      pK_u_h2)/2)));
108 inhibition(8) = K_I_nh3 / (K_I_nh3 + x(31));
109
110 % Define rate equations
111
112 rate(1) = k_ch * x(13);
113 rate(2) = k_pr * x(14);
114 rate(3) = k_li * x(15);
115 rate(4) = k_m_su * x(1) / (K_su + x(1))*x(16) * inhibition(1) * inhibition
      (5);
116 rate(5) = k_m_aa * x(2) / (K_aa + x(2))*x(17) * inhibition(1) * inhibition
      (5);
117 rate(6) = k_m_fa * x(3) / (K_fa + x(3))*x(18) * inhibition(1) * inhibition
      (2) * inhibition(5);
118 rate(7) = k_m_va * x(4) / (K_va + x(4))*x(19)*x(4)/(x(5) + x(4) + 1e-8) *
      inhibition(1) * inhibition(3) * inhibition(5);
119 rate(8) = k_m_bu * x(5) / (K_bu + x(5))*x(20)*x(5)/(x(4) + x(5) + 1e-8) *
      inhibition(1) * inhibition(3) * inhibition(5);
120 rate(9) = k_m_pro * x(6) / (K_pro + x(6))*x(21) * inhibition(1) *
      inhibition(4) * inhibition(5);
121 rate(10) = k_m_ac * x(7) / (K_ac + x(7))*x(22) * inhibition(1) *
      inhibition(6) * inhibition(8);
122 rate(11) = k_m_h2 * x(8) / (K_h2 + x(8))*x(23) * inhibition(1) *
      inhibition(7);
123 rate(12) = k_dec * x(16);
124 rate(13) = k_dec * x(17);
125 rate(14) = k_dec * x(18);
126 rate(15) = k_dec * x(19);
127 rate(16) = k_dec * x(20);
128 rate(17) = k_dec * x(21);
129 rate(18) = k_dec * x(22);
130 rate(19) = k_dec * x(23);
131 rate(20) = k_AB_va*(x(26) * (K_a_va + S_H) - K_a_va*x(4));
132 rate(21) = k_AB_bu*(x(27) * (K_a_bu + S_H) - K_a_bu * x(5));

```

```

133 rate(22) = k_AB_pro*(x(28) * (K_a_pro + S_H) - K_a_pro * x(6));
134 rate(23) = k_AB_ac*(x(29) * (K_a_ac + S_H) - K_a_ac * x(7));
135 rate(24) = k_AB_co2*(x(30) * (K_a_co2 + S_H) - K_a_co2 * x(10));
136 rate(25) = k_AB_IN*(x(31) * (K_a_IN + S_H) - K_a_IN * x(11));
137 rate(26) = k_La*(x(8) -2*(K_H_h2*p_h2));
138 rate(27) = k_La*(x(9) -16*(K_H_ch4*p_ch4));
139 rate(28) = k_La*(S_co2 - 44*(K_H_co2*p_co2));
140
141 % Define process equations
142
143 process(1) = 1.053 * rate(1) + 0.13482 * rate(3) -16.591 * rate(4);
144 process(2) = rate(2) -9.199 * rate(5);
145 process(3) = 0.95115 * rate(3) -42.126 * rate(6);
146 process(4) = 1.43 * rate(5) -15.787 * rate(7);
147 process(5) = 1.164 * rate(4) + 1.809 * rate(5) -11.289 * rate(8);
148 process(6) = 2.906 * rate(4) + 0.418 * rate(5) + 10.979 * rate(7)
-1.114 * rate(9);
149 process(7) = 6.258 * rate(4) + 4.807 * rate(5) + 78.486 * rate(6) +
8.9415 * rate(7) + 14.327 * rate(8) + 0.812 * rate(9) -9.688 * rate
(10);
150 process(8) = 0.39* rate(4) + 0.096 * rate(5) + 4.525 * rate(6) + 0.582
* rate(7) + 0.482 * rate(8) + 0.014 * rate(9) -0.525 * rate(11) -
rate(26);
151 process(9) = 2.136 * rate(10) + 0.688 * rate(11) - rate(27);
152 process(10) = -0.02933 * rate(3) + 5.697 * rate(4) + 2.183 * rate(5)
-0.139 * rate(6) -0.282 * rate(7) -0.38907 * rate(8) + 0.1715 * rate
(9) + 6.128 * rate(10) -1.88 * rate(11) - rate(28);
153 process(11) = -0.15056 * rate(4) + 1.641 * rate(5) -0.155 * rate(6)
-0.15 * rate(7) -0.151 * rate(8) -0.151* rate(9) -0.151 * rate(10)
-0.15056 * rate(11);
154 process(12) = -0.053 * rate(1) -0.05664 * rate(3) -0.672 * rate(4) -4.127
* rate(5) -40.432 * rate(6) -4.961 * rate(7) -3.981 * rate(8) -0.277 *
rate(9) + 0.478 * rate(10) + 1.865 * rate(11);
155 process(13) = - rate(1) + 0.18 * rate(12) + 0.18 * rate(13) + 0.18 *
rate(14) + 0.18 * rate(15) + 0.18 * rate(16) + 0.18 * rate(17) +
0.18 * rate(18) + 0.18 * rate(19);

```

```

156 process (14) = - rate (2) + 0.77 * rate (12) + 0.77 * rate (13) + 0.77 *
    rate (14) + 0.77 * rate (15) + 0.77 * rate (16) + 0.77 * rate (17) +
    0.77 * rate (18) + 0.77 * rate (19);
157 process (15) = - rate (3) + 0.05 * rate (12) + 0.05 * rate (13) + 0.05 *
    rate (14) + 0.05 * rate (15) + 0.05 * rate (16) + 0.05 * rate (17) +
    0.05 * rate (18) + 0.05 * rate (19);
158 process (16) = rate (4) - rate (12);
159 process (17) = rate (5) - rate (13);
160 process (18) = rate (6) - rate (14);
161 process (19) = rate (7) - rate (15);
162 process (20) = rate (8) - rate (16);
163 process (21) = rate (9) - rate (17);
164 process (22) = rate (10) - rate (18);
165 process (23) = rate (11) - rate (19);
166 process (24) = 0;
167 process (25) = 0;
168 process (26) = - rate (20);
169 process (27) = - rate (21);
170 process (28) = - rate (22);
171 process (29) = - rate (23);
172 process (30) = - rate (24);
173 process (31) = - rate (25);
174 process (32) = (V_liq/V_gas) * rate (26);
175 process (33) = (V_liq/V_gas) * rate (27);
176 process (34) = (V_liq/V_gas) * rate (28);
177
178 % Define differential equations
179
180 dx(1,1) = q_in*(x_in(1) - x(1))/V_liq + process (1);
181 dx(2,1) = q_in*(x_in(2) - x(2))/V_liq + process (2);
182 dx(3,1) = q_in*(x_in(3) - x(3))/V_liq + process (3);
183 dx(4,1) = q_in*(x_in(4) - x(4))/V_liq + process (4);
184 dx(5,1) = q_in*(x_in(5) - x(5))/V_liq + process (5);
185 dx(6,1) = q_in*(x_in(6) - x(6))/V_liq + process (6);
186 dx(7,1) = q_in*(x_in(7) - x(7))/V_liq + process (7);
187 dx(8,1) = q_in*(x_in(8) - x(8))/V_liq + process (8);

```

```

188 dx(9,1) = q_in*(x_in(9) - x(9))/V_liq + process(9);
189 dx(10,1) = q_in*(x_in(10) - x(10))/V_liq + process(10);
190 dx(11,1) = q_in*(x_in(11) - x(11))/V_liq + process(11);
191 dx(12,1) = q_in*(x_in(12) - x(12))/V_liq + process(12);
192 dx(13,1) = q_in*(x_in(13) - x(13))/V_liq + process(13);
193 dx(14,1) = q_in*(x_in(14) - x(14))/V_liq + process(14);
194 dx(15,1) = q_in*(x_in(15) - x(15))/V_liq + process(15);
195 dx(16,1) = q_in*(x_in(16) - x(16))/V_liq + process(16);
196 dx(17,1) = q_in*(x_in(17) - x(17))/V_liq + process(17);
197 dx(18,1) = q_in*(x_in(18) - x(18))/V_liq + process(18);
198 dx(19,1) = q_in*(x_in(19) - x(19))/V_liq + process(19);
199 dx(20,1) = q_in*(x_in(20) - x(20))/V_liq + process(20);
200 dx(21,1) = q_in*(x_in(21) - x(21))/V_liq + process(21);
201 dx(22,1) = q_in*(x_in(22) - x(22))/V_liq + process(22);
202 dx(23,1) = q_in*(x_in(23) - x(23))/V_liq + process(23);
203 dx(24,1) = q_in*(x_in(24) - x(24))/V_liq + process(24);
204 dx(25,1) = q_in*(x_in(25) - x(25))/V_liq + process(25);
205 dx(26,1) = process(26);
206 dx(27,1) = process(27);
207 dx(28,1) = process(28);
208 dx(29,1) = process(29);
209 dx(30,1) = process(30);
210 dx(31,1) = process(31);
211 dx(32,1) = -x(32) * q_gas / V_gas + process(32);
212 dx(33,1) = -x(33) * q_gas / V_gas + process(33);
213 dx(34,1) = -x(34) * q_gas / V_gas + process(34);
214 end

```

ADM1_mass_output

Esta función calcula las salidas del modelo ADM1 basadas en las variables de estado y los parámetros del sistema.

```

1
2 function [t,y] = ADM1_mass_output(t,x,system,parameter)
3

```

```
4 %
-----
5 %
6 % Original (mass-based)
7 % Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)
8 %
9 % ADM1
10 %
11 % Implementation in Matlab
12 % R2019b (The MathWorks, Inc.)
13 %
14 % Matlab ODE function
15 %
16 % Version 1.1
17 %
18 % https://github.com/soerenweinrich/ADM1
19 %
20 % Copyright (c) 2021 S ren Weinrich
21 % E-Mail: soeren.weinrich@dbfz.de
22 %
23 % Additional information (citation example):
24 %
25 % Weinrich, S.; Nelles, M. (2021).
26 % Systematic simplification of the Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)
    -
27 % Model development and stoichiometric analysis. Bioresource Technology.
28 % In press. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.125124.
29 %
30 %
-----
31
32 % System parameters
33
34 V_liq = system(1);
```

```

35 V_gas = system (2);
36 p_atm = system (3);
37
38 % Model parameters
39
40 K_H_ch4 = parameter (1);
41 K_H_co2 = parameter (2);
42 K_H_h2 = parameter (3);
43 K_I_IN = parameter (4);
44 K_I_c4 = parameter (5);
45 K_I_fa = parameter (6);
46 K_I_nh3 = parameter (7);
47 K_I_pro = parameter (8);
48 K_a_IN = parameter (9);
49 K_a_ac = parameter (10);
50 K_a_bu = parameter (11);
51 K_a_co2 = parameter (12);
52 K_a_pro = parameter (13);
53 K_a_va = parameter (14);
54 K_aa = parameter (15);
55 K_ac = parameter (16);
56 K_bu = parameter (17);
57 K_fa = parameter (18);
58 K_h2 = parameter (19);
59 K_pro = parameter (20);
60 K_su = parameter (21);
61 K_va = parameter (22);
62 K_w = parameter (23);
63 R = parameter (24);
64 T = parameter (25);
65 k_AB_IN = parameter (26);
66 k_AB_ac = parameter (27);
67 k_AB_bu = parameter (28);
68 k_AB_co2 = parameter (29);
69 k_AB_pro = parameter (30);
70 k_AB_va = parameter (31);

```

```

71 k_La = parameter (32);
72 k_ch = parameter (33);
73 k_dec = parameter (34);
74 k_li = parameter (35);
75 k_m_aa = parameter (36);
76 k_m_ac = parameter (37);
77 k_m_bu = parameter (38);
78 k_m_fa = parameter (39);
79 k_m_h2 = parameter (40);
80 k_m_pro = parameter (41);
81 k_m_su = parameter (42);
82 k_m_va = parameter (43);
83 k_p = parameter (44);
84 k_pr = parameter (45);
85 pK_l_aa = parameter (46);
86 pK_l_ac = parameter (47);
87 pK_l_h2 = parameter (48);
88 pK_u_aa = parameter (49);
89 pK_u_ac = parameter (50);
90 pK_u_h2 = parameter (51);
91 p_h2o = parameter (52);
92
93 % Define algebraic equations
94
95 S_nh4_i = x(11) - x(31);
96 S_co2 = x(10) - x(30);
97 phi = x(24) + S_nh4_i/17 - x(30)/44 - x(29)/60 - x(28)/74 - x(27)/88 - x
      (26)/102 - x(25);
98 S_H = -phi*0.5 + 0.5*sqrt(phi*phi+4*K_w);
99 pH = -log10(S_H);
100 p_h2 = x(32)*R*T/2;
101 p_ch4 = x(33)*R*T/16;
102 p_co2 = x(34)*R*T/44;
103 p_gas = p_h2 + p_ch4 + p_co2 + p_h2o ;
104 q_gas = k_p * ( p_gas - p_atm ) *p_gas/p_atm ;
105

```



```

106 % Define output (states)
107
108 for i = 1:34
109     y(i) = x(i);
110 end
111
112 % Define output (algebraic components)
113
114 y(35) = S_nh4_i;
115 y(36) = S_co2 ;
116 y(37) = phi;
117 y(38) = S_H ;
118 y(39) = pH;
119 y(40) = p_h2 ;
120 y(41) = p_ch4 ;
121 y(42) = p_co2 ;
122 y(43) = p_gas;
123 y(44) = q_gas;

```

6.0.0.5. Parámetros Se proporcionan los parámetros del sistema volumen líquido (V_{liq}), volumen de gas (V_{gas}) y presión atmosférica (p_{atm}). Junto con los parámetros cinéticos del modelo.

6.0.0.6. Ecuaciones algebraicas Estas ecuaciones calculan varias variables intermedias necesarias para el modelo, como la concentración de amonio (S_{nh4_i}), dióxido de carbono (S_{co2}), el potencial (ϕ), el pH, y las presiones parciales de hidrógeno (p_{h2}), metano (p_{ch4}), y dióxido de carbono (p_{co2}). También se calcula la presión total del gas (p_{gas}) y el flujo de gas (q_{gas}).

6.0.0.7. Definición de las Salidas del Modelo (Estados) Este bucle copia las primeras 34 variables de estado (x) a la salida (y).

6.0.0.8. Definición de las Salidas del Modelo (Componentes Algebraicos) Estas líneas añaden las variables calculadas algebraicamente a la salida (y).

ADM1_interp_input

La función `ADM1_interp_input` se utiliza para interpolar los valores de entrada en función del tiempo.

```
1  function [x_in,q_in]= ADM1_interp_input(input,t)
2
3  %
4  -----
5  %
6  % Interpolate input values
7  %
8  % Function corresponds to:
9  % q_in = interp1(input(:,1),input(:,2),t,'previous','extrap');
10 % x_in = interp1(input(:,1),input(:,3:end),t,'previous','extrap');
11 %
12 -----
13 % Get number of input sample points
14 num_t = size(input,1);
15 % Get number model components
16 num_input = size(input,2)-2;
17 % Find the last (previous) input value at t
18 for i=num_t:-1:1
19     if t>=double(input(i,1))
20         q_in = input(i,2);
21         x_in(1:num_input) = input(i,3:num_input+2);
22         break;
23     elseif i==1
24         q_in = 0;
25         x_in(1:num_input) = 0;
26     end
27 end
```

6.0.0.9. Definición de la función La función toma dos argumentos:

input que es una matriz donde la primera columna es el tiempo, la segunda columna es el flujo de entrada (q_i^n), y las columnas restantes son las concentraciones de los componentes del modelo (x_i^n) y t que es el tiempo en el que se desea interpolar los valores de entrada.

6.0.0.10. Obtener el Número de Puntos de Muestra de Entrada num_t es el número de puntos de muestra de entrada. num_input es el número de componentes del modelo (excluyendo el tiempo y el flujo de entrada).

6.0.0.11. Encontrar el Último Valor de Entrada en t Este bucle busca el último valor de entrada antes o en el tiempo t:

Itera desde el último punto de muestra hacia el primero. Si t es mayor o igual al tiempo en la fila actual (input(i,1)), se asignan los valores de flujo de entrada (q_in) y las concentraciones de los componentes (x_in) de esa fila. Si no se encuentra ningún valor (es decir, t es menor que el primer tiempo de entrada), se asignan valores de entrada cero.

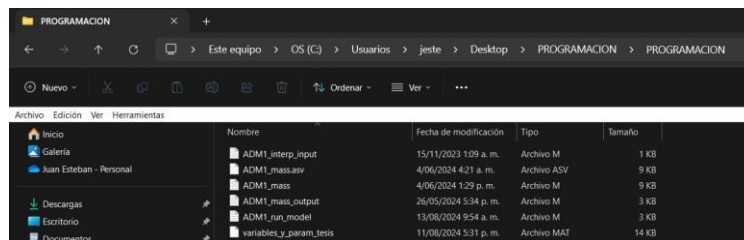
ANEXO 3

Ejecución del código de Matlab

1. Debe tener descargado Matlab (mejor si es una versión 2022b o posterior).
2. Descargue de carpeta comprimida "PROGRAMACION"(puede ser descargada en la ruta del escritorio del equipo).
3. Extraiga la carpeta dentro de una ruta conocida, dando clic derecho en el archivo y seleccionando extraer en:(ruta donde quiere que este la carpeta).
4. Después de que este la carpeta extraída debe obtener una estructura de archivos similar a la mostrada en la figura 16.

Figura 16.

Estructura de archivos del modelamiento

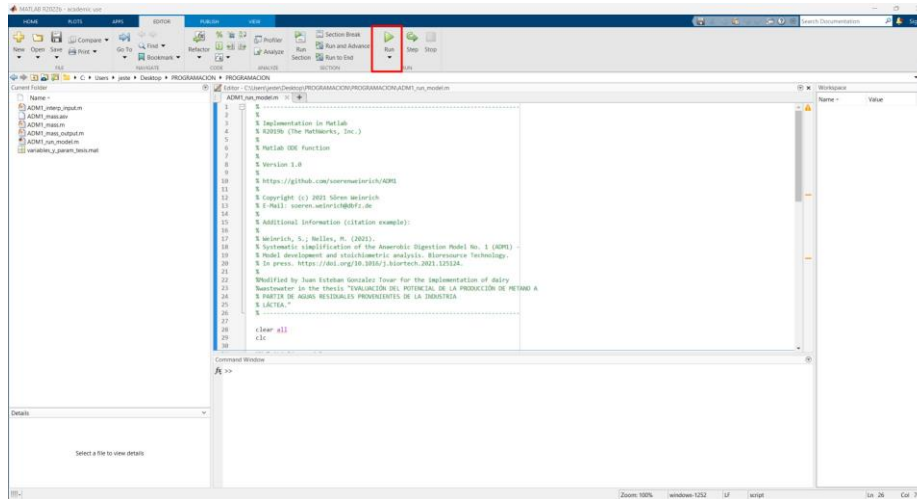


Nota. Estructura en la que se ve la ruta de los archivos necesarios para ejecutar este modelamiento.

5. Se debe dar click derecho en el archivo 'ADM1_run_model.m' y elegir abrir con Matlab. Con lo que se debería asegurar que la carpeta actual sea en donde se descomprimieron los archivos.
6. Ya con el archivo abierto se puede seleccionar la opción de ejecutar el archivo 'ADM1_run_model.m' como lo muestra la figura 17
7. Se debe mostrar como se cargan diferentes variables dentro del espacio de trabajo, aparte de la aparición de la ventana emergente de la gráfica donde se muestra el comportamiento de las diferentes variables dentro del modelo como se muestra en la figura 18. En esta ventana se

Figura 17.

Botón de ejecución dentro de Matlab



Nota. Se muestra el botón de ejecución y el scrpit raíz para la ejecución del código

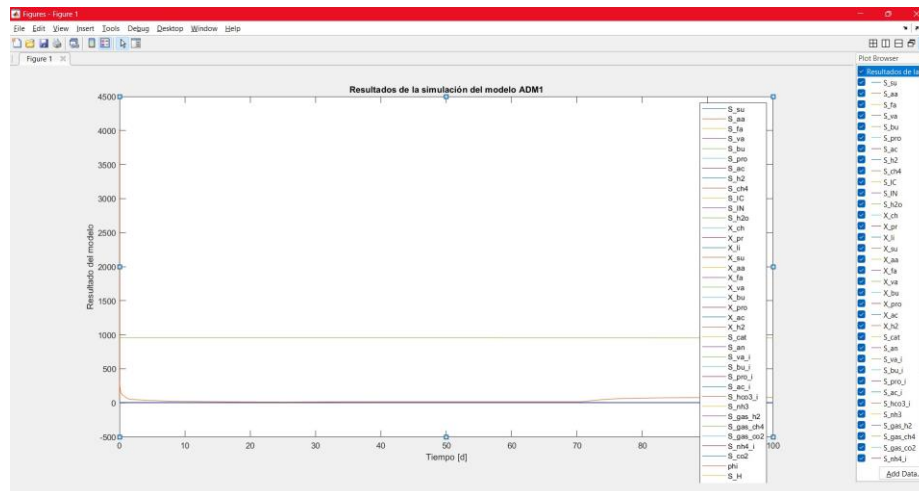
pueden seleccionar las variable que se quieren analizar utilizando los checkbox ubicados en la derecha.

Para obtener las mismas gráficas mostradas en el documento se puede utilizar el comando `ylim([y_inf y_sup])`. que permitirá cambiar el limite del eje y, siendo `y_inf` el limite inferior y `y_sup` el limite superior

Nota: Si llegase a parecer una ventana emergente seleccione cambiar la carpeta, esto permitirá que el directorio raíz de Matlab sea donde se encuentren los archivos, y que al momento de cargar las variables y parámetros dentro del modelo el sistema encuentre el archivo `variables_y_param_tesis.mat`

Figura 18.

Gráfica del comportamiento de todas las variables dentro del modelo.



Nota. Se muestra la visualización de las gráficas generadas dentro del ambiente de Matlab

Tabla 14.

Coefficientes bioquímicos de velocidad ($v_{i,j}$) y ecuaciones cinéticas de velocidad (ρ_j) para componentes solubles ($i= 1 - 12, j= 1 - 19$).

Componente → i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Velocidad
j Proceso ↓	S_{su}	S_{aa}	S_{fa}	S_{va}	S_{bu}	S_{pro}	S_{ac}	S_{H2}	S_{CH4}	Sic	S_{IN}	S_I	ρ_j ($\frac{kgCOD}{m^3d}$)
1 Desintegración												$f_{d,xc}$	$k_{dis}X_c$
2 Hidrólisis de carbohidratos	1												$k_{hyd, ch}X_{ch}$
3 Hidrólisis de proteínas		1											$k_{hyd, pr}X_{pr}$
4 Hidrólisis de lípidos	$1-f_{fa,li}$		$1-f_{fa,li}$										$k_{hyd, li} \frac{X}{li}$
5 Consumo de azúcar	-1				$(1-Y_{su})f_{bu,su}$	$(1-Y_{su})f_{pro,su}$	$(1-Y_{su})f_{ac,su}$	$(1-Y_{su})f_{H2,su}$		$-\sum_{i=9,11-24} C_i v_{i,6}$	$-Y_{su}N_{bac}$		$K_{m,su} \frac{S_{su}}{K_s+S_{su}} X_{su} I_1$
6 Consumo de aminoácidos		-1		$(1-Y_{aa})f_{va,aa}$	$(1-Y_{aa})f_{bu,aa}$	$(1-Y_{aa})f_{pro,aa}$	$(1-Y_{aa})f_{ac,aa}$	$(1-Y_{aa})f_{H2,aa}$		$-\sum_{i=9,11-24} C_i v_{i,6}$	$N_{aa} - Y_{su}N_{bac}$		$K_{m,aa} \frac{S_{aa}}{K_s+S_{aa}} X_{aa} I_1$
7 Consumo de AGLC			-1				$(1-Y_{fa})0.7$	$(1-Y_{fa})0.3$			$-(Y_{fa})N_{bac}$		$K_{m,fa} \frac{S_{fa}}{K_s+S_{fa}} X_{fa} I_2$
8 Consumo de valerato				-1		$(1-Y_{c4})0.54$	$1-Y_{c4}0.31$	$(1-Y_{c4})0.15$			$-(Y_{c4})N_{bac}$		$K_{m,c4} \frac{S_{va}}{K_s+S_{va}} X_{c4} \frac{1}{1+S_{bu}/S_{va}} I$
9 Consumo de butirato					-1		$(1-Y_{c4})0.8$	$(1-Y_{c4})0.2$			$(Y_{c4})N_{bac}$		$K_{m,c4} \frac{S_{bu}}{K_s+S_{bu}} X_{c4} \frac{1}{1+S_{su}/S_{bu}} I$
10 Consumo de propionato						-1	$1-Y_{pro}0.57$	$(1-Y_{pro})0.43$		$-\sum_{i=9,11-24} C_i$	$-(Y_{pro})N_{bac}$		$K_{m,pr} \frac{S_{pro}}{K_s+S_{pro}} X_{pro} I_2$
11 Consumo de acetato							-1		$(1-Y_{ac})$	$-\sum_{i=9,11-24} C_i v_{i,11}$	$-(Y_{ac})N_{bac}$		$K_{m,ac} \frac{S_{ac}}{K_s+S_{ac}} X_{ac} I_3$
12 Consumo de hidrógeno								-1	$(1-Y_{H2})$	$-\sum_{i=9,11-24} C_i v_{i,12}$	$-(Y_{H2})N_{bac}$		$K_{m,H2} \frac{S_{H2}}{K_s+S_{H2}} X_{H2} I_1$

Nota. Tomado de: [38] D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, “The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1),” pp. 1–72, 2002.

Tabla 15.

Coefficientes bioquímicos de velocidad ($v_{i,j}$) y ecuaciones cinéticas de velocidad (ρ_j) para componentes solubles ($i= 13 - 24, j= 1 - 19$).

Componente → i	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	Velocidad
j Proceso ↓	X_c	X_{ch}	X_{pr}	X_{li}	X_{su}	X_{aa}	X_{fa}	X_{c4}	X_{pro}	X_{ac}	X_{h2}	X_I	$\rho_j, (\frac{kg\ COD}{m^3d})$
1 Desintegración	-1	$f_{ch,xc}$	$f_{pr,xc}$	$f_{li,xc}$								$f_{xl,xc}$	$k_{dis}X_c$
2 Hidrólisis de carbohidratos		-1											$k_{hyd,ch}X_{ch}$
3 Hidrólisis de proteínas			-1										$k_{hyd,pr}X_{pr}$
4 Hidrólisis de lípidos				-1									$k_{hyd,li}X_{li}$
5 Consumo de azúcar					Y_{su}								$K_{m,su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_{su} I_1$
6 Consumo de aminoácidos						Y_{aa}							$K_{m,aa} \frac{K}{s + S_{aa}} X_{aa} I_1$
7 Consumo de AGLC							Y_{fa}						$K_{m,fa} \frac{S_{fa}}{K_s + S_{fa}} X_{fa} I_2$
8 Consumo de valerato								Y_{c4}					$K_{m,c4} \frac{S_{va}}{K_s + S_{va}} X_{c4} \frac{1}{1 + S_{bu}/S_{va}} I$
9 Consumo de butirato									Y_{c4}				$K_{m,c4} \frac{S_{bu}}{K_s + S_{bu}} X_{c4} \frac{1}{1 + S_{va}/S_{bu}} I$
10 Consumo de propionato									Y_{pro}				$K_{m,pr} \frac{K}{s + S_{pro}} X_{pro} I_2$
11 Consumo de acetato										Y_{ac}			$K_{m,ac} \frac{S_{ac}}{K_s + S_{ac}} X_{ac} I_3$
12 Consumo de hidrógeno											Y_{h2}		$K_{m,h2} \frac{S_{h2}}{K_s + S_{h2}} X_{h2} I_1$
13 Muerte de X_{su}	1					-1							$k_{dec,X_{su}} X_{su}$
14 Muerte de X_{aa}	1						-1						$k_{dec,X_{aa}} X_{aa}$
15 Muerte de X_{fa}	1							-1					$k_{dec,X_{fa}} X_{fa}$
16 Muerte de X_{c4}	1								-1				$k_{dec,X_{c4}} X_{c4}$
17 Muerte de X_{pro}	1									-1			$k_{dec,X_{pro}} X_{pro}$
18 Muerte de X_{ac}	1										-1		$k_{dec,X_{ac}} X_{ac}$
19 Muerte de X_{h2}	1												$k_{dec,X_{h2}} X_{h2}$

Nota. Tomado de: [38] D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, and V. A. Vavilin, "The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1)," pp. 1–72, 2002.