

**Reactor bioquímico con  
recirculación de microorganismos a  
través de un decantador**

**Autor:**

Javier Nieto Maestre  
Laboratorio Oficial J.M. Madariaga  
Alenza Nº1, CP-28003 MADRID

## INDICE

1	INTRODUCCION .....	3
2	OBJETIVO.....	3
3	EL MODELO.....	4
3.1	El proceso .....	4
3.2	Las reacciones .....	4
3.3	Balances de materia .....	6
3.3.1	Balance global de materia en el sistema .....	6
3.3.2	Balances de materia en el biorreactor .....	6
3.3.3	Balances de materia en el Decantador .....	7
3.3.4	Balance de materia en la purga.....	9
4	DESARROLLO DE LA APLICACIÓN.....	10
5	RESULTADOS .....	19
6	CONCLUSIONES .....	37
7	BIBLIOGRAFIA.....	38

## **1 INTRODUCCION**

La simulación de procesos químicos por ordenador es una herramienta muy útil tanto en las etapas de diseño del proceso como en la puesta en marcha. La simulación proporciona una valiosa información sobre cual va a ser el comportamiento de un proceso. Sin embargo, esta debe ser contrastada con los resultados de la experimentación en planta piloto pues por si sola tiene bastante incertidumbre.

Existen multitud de programas para la simulación de procesos por ordenador. En el campo de los procesos químicos, se conocen simuladores específicos como el ASPEN y el HISYS que ya contienen en si mismos los equipos con sus modelos.

Los simuladores de carácter general nos permiten modelar cualquier tipo de sistema conociendo las ecuaciones que lo rigen. De ellos, el más conocido es el Simulink, que pertenece al paquete MATLAB. El principal inconveniente del Simulink y de otros simuladores de su clase es que es un simulador basado en ecuaciones, es decir, lo que se introducen son los bloques representan operaciones matemáticas. El diagrama de bloques no aporta ningún sentido físico al proceso. Por otra parte si existe una ecuación que rige a varios equipos esta debe ser repetida en todas las unidades del sistema.

Existen otros simuladores como el EcoSimPro que están orientados a objetos. Los objetos se agrupan a su vez en familias de objetos. Existen ecuaciones características de una familia de objetos, estas solo han de introducirse una vez, todos los objetos de esta familia heredan automáticamente sus propiedades. Esta utilidad permite ahorrar bastante código.

## **2 OBJETIVO**

El objetivo de este trabajo es la simulación de un.

Además se estudiará el comportamiento del sistema cuando se varía el caudal de recirculación de microorganismos y el caudal de la corriente de purga.

### 3 EL MODELO

#### 3.1 El proceso

El proceso consta de un reactor continuo de tanque agitado con recirculación y un decantador de microorganismos. El diagrama de flujo se muestra en la Figura 1.

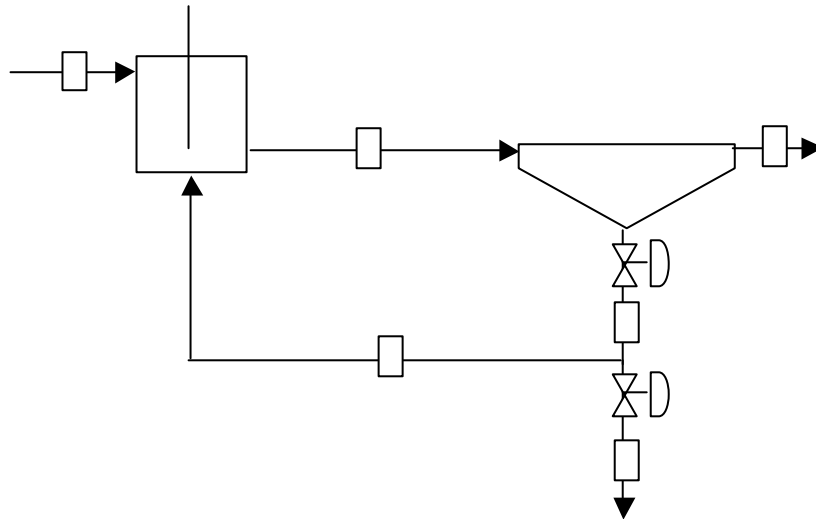
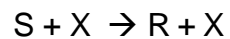
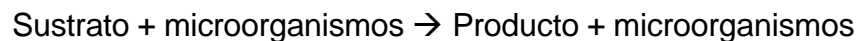


Figura 1 Diagrama de flujo del proceso

#### 3.2 Las reacciones

En el bioreactor se produce la descomposición autocatalítica del sustrato S por los microorganismos X. Se forma un producto de la reacción R. La reacción es:



En realidad, esta reacción es la suma de dos: el crecimiento de microorganismos y el consumo de sustrato. El crecimiento de microorganismos sigue una cinética de primer orden respecto a la concentración de microorganismos en el reactor.

La velocidad de consumo de sustrato por los microorganismos está regida por la ecuación cinética de Michaelis-Menten:

$$-r_s = -\frac{k X S}{k_s + S} \quad (1)$$

donde :

$k$  = cte. de crecimiento de microorganismos

$k_s$  = cte. de Michaelis-Menten

$X$  = concentración de microorganismos vivos

$S$  = concentración de sustrato

El consumo de sustrato se invierte por una parte en la generación de nuevos microorganismos y por otra, en la formación de producto.

Se define factor de rendimiento  $Y_{x/s}$  como la masa de microorganismos generados por unidad de masa consumida de sustrato. De ese modo, la velocidad de crecimiento de la masa celular será

$$r_x = Y_{x/s} r_s \quad (2)$$

Se define factor de rendimiento  $Y_{R/S}$  como la masa de producto producido por unidad de masa consumida de sustrato. De ese modo, la velocidad de formación de producto a partir del sustrato será

$$r_R = Y_{R/S} r_s \quad (3)$$

Por otra parte, los microorganismos con el tiempo se mueren. La cinética de muerte de los microorganismos es de primer orden respecto a la concentración de los mismos y no está afectada por la concentración de sustrato. La ecuación cinética es :

$$-r_X = -k_d X \quad (4)$$

donde :

$k_d$  = cte. muerte de los microorganismos

$X$  = conc. de microorganismos en el reactor

### 3.3 Balances de materia

Las corrientes están numeradas como se indica en Figura 1. Todas corriente  $i$  del proceso está caracterizada con las siguientes variables :

$q_i$	caudal en l/s
$x_i$	concentración total de microorganismos (g/l)
$xv_i$	concentración de microorganismos vivos (g/l)
$xm_i$	concentración de microorganismos muertos (g/l)
$s_i$	concentración de sustrato (g/l)
$r_i$	concentración de producto (g/l)

en toda corriente  $i$  se cumple que:

$$x_i = xv_i + xm_i \quad (5)$$

Los microorganismos totales por litro en la corriente son la suma de los microorganismos vivos y los muertos.

En los balances de materia se utiliza la expresión :

$$\text{Entrada} + \text{Generación} - \text{Desaparición} = \text{Salida} + \text{Acumulación}$$

$$E + G - D = S + A$$

#### 3.3.1 Balance global de materia en el sistema

$$q_1 = q_3 + q_6 \quad (6)$$

#### 3.3.2 Balances de materia en el biorreactor

El Biorreactor tiene un volumen  $V$  y es de mezcla completa con lo que las concentraciones de todos los componentes en la corriente de salida es igual a la del seno del reactor.

Balance global de materia en el biorreactor

$$q_1 + q_5 = q_2 \quad (7)$$

### *Balance de materia en S*

$$s_1 q_1 + s_5 q_5 - r_s V = s_2 q_2 + s' V \quad (8)$$

$$\text{con } -r_s = -\frac{k x v_2 s_2}{k_s + s_2}$$

donde  $r_s$  se obtiene de la expresión (1), sustituyendo  $X$  por  $xv_2$  (que es la concentración de microorganismos vivos en el reactor igual a la concentración de los mismos en la corriente de salida del reactor) y  $S$  por  $s_2$ . Solo los microorganismos vivos intervienen en la digestión del sustrato.

### *Balance de materia en $X_v$*

$$xv_1 q_1 + xv_5 q_5 + Y_{X/S} r_s V - k_d xv_2 V = xv_2 q_2 + xv_2' V \quad (9)$$

donde  $r_s$  se sustituye del mismo modo que en el balance de materia en S

### *Balance de materia en $X_m$*

$$xm_1 q_1 + xm_5 q_5 + k_d xv_2 V = xm_2 q_2 + xm_2' V \quad (10)$$

la velocidad de desaparición de microorganismos vivos en la expresión (9) se transforma en la velocidad de generación de microorganismos muertos en la expresión (10) con un cambio de signo.

### *Balance de materia en R*

$$r_1 q_1 + r_5 q_5 + Y_{R/S} r_s V = r_2 q_2 + r_2' V \quad (11)$$

#### 3.3.3 Balances de materia en el Decantador

El Decantador tiene un volumen útil  $V_d$  y una eficiencia  $E_f$  en %. La Eficiencia  $E_f\%$  representa el % de microorganismos en la corriente de entrada 2 que se recuperan por el fondo del decantador.

El Decantador se supone dividido en dos fases. La fase ligera tiene la misma concentración en todos los componentes que la corriente de salida 3. La fase más pesada contiene la mayor parte de los microorganismos pero se ha supuesto en esta simulación que no contiene sustrato ni producto ( $s_4$  y  $r_4$  son cero), tampoco existe acumulación en la fase pesada pues su volumen es despreciable respecto al volumen de la fase ligera  $V_d$  y la concentración alta y constante.

*Balance de materia global en el Decantador*

$$q_2 + q_3 = q_4 \quad (12)$$

*Balance de materia en S*

$$s_2 q_2 = s_3 q_3 + s_3' V_d \quad (13)$$

pues  $s_4 = 0$

*Balance de materia en  $X_v$*

$$xv_2 q_2 = xv_3 q_3 + xv_4 q_4 + xv_3' V_d \quad (14)$$

*Balance de materia en  $X_m$*

$$xm_2 q_2 = xm_3 q_3 + xm_4 q_4 + xm_3' V_d \quad (15)$$

*Eficiencia en  $X_v$*

$$xv_2 q_2 Ef = xv_4 q_4 \quad (16)$$

*Eficiencia en  $X_m$*

$$xm_2 q_2 Ef = xm_4 q_4 \quad (17)$$



### *Balance de materia en R*

$$r_2 q_2 = r_3 q_3 + r_3' V_d \quad (18)$$

### 3.3.4 Balance de materia en la purga

En la purga no se produce generación ni desaparición de ninguna especie, es simplemente una bifurcación de corrientes. No existe acumulación de materia en la bifurcación. Las concentraciones de todas las corrientes en cada una de las especies ( $s$ ,  $xv$ ,  $xm$ ,  $r$ ) son iguales. El caudal de purga  $q_6$  y el caudal de recirculación  $q_5$  son datos del problema.

### *Balance global de materia en la purga*

$$q_4 = q_5 + q_6 \quad (19)$$

### *Expresiones de una bifurcación o splitter*

$$s_4 = s_5 \quad (20)$$

$$s_4 = s_6 \quad (21)$$

$$xv_4 = xv_5 \quad (22)$$

$$xv_4 = xv_6 \quad (23)$$

$$xm_4 = xm_5 \quad (24)$$

$$xm_4 = xm_6 \quad (25)$$

$$r_4 = r_5 \quad (26)$$

$$r_4 = r_6 \quad (27)$$

Los balances de materia en cada componente no aportan nueva información para el splitter

## 4 DESARROLLO DE LA APLICACIÓN

A continuación se implementarán las ecuaciones del modelo en el EcoSimPro. Al no existir una librería específica de procesos químicos se ha creado una nueva denominada CHEMICAL.

Dentro de la librería (workspace) CHEMICAL se ha creado un archivo denominado *chemical.el* donde se definen los puertos, familias de componentes y componentes que se utilizan en la simulación.

Como Puertos, se han definido los puertos *Chem*, todos los puertos en esta simulación son de esta clase. Sus características son:

- El caudal  $q$  tiene propiedades aditivas
- Se dan las siguientes variables :  $q$ ,  $s$ ,  $xv$ ,  $xm$ ,  $x$  y  $r$
- Se cumple que  $x = xm + xv$

Como Familias de Componentes se han definido las siguientes :

- *Lineal*
  - Tiene dos puertos Chem: in, out
  - Tiene las variables  $s$ ,  $xv$ ,  $xm$ ,  $x$  y  $r$
  - El sentido del componente es desde *in* hasta *out*
  - Todo lo que entra, sale:  $in.q = out.q$
  
- *dosentradas*
  - Tiene tres puertos Chem: in1, in2, out1
  - Tiene las variables  $s$ ,  $xv$ ,  $xm$ ,  $x$  y  $r$
  - El sentido del componente es desde *in1* hasta *out1*
  - Todo lo que entra, sale:  $in1.q + in2.q = out1.q$

- *dossalidas*

- Tiene tres puertos Chem: in1, out1, out2
- Tiene las variables s, xv, xm, x y r
- El sentido del componente es desde *in1* hasta *out1*
- Todo lo que entra, sale:  $in1.q = out1.q + out2.q$

La familia de componentes *Lineal* se diseñó para una primera fase de pruebas en la que se experimentó con un único biorreactor lineal con una entrada y una salida.

El componente *bioreactrecir* se define como un *dosentradas* y hereda todas las propiedades de esta familia de componentes.

El componente *Decantador* se define como un *dossalidas* y hereda las propiedades de esta familia de componentes.

El componente *Purga* se define como *dossalidas* y hereda las propiedades de esta familia de componentes.

El código de *chemical.el* se muestra a continuación

-----  
-- SIMULACION DE UN BIOREACTOR CON RECIRCULACION  
-----

-- Reactor continuo de tanque agitado  
-- Reaccion:  $S + X \rightarrow R + X$   
-- Cinetica Michaelis Menten  $-dS/dt = k[X][S]/(k_s + [S])$

-----  
--Definición del tipo de puerto Chem  
-----

PORT Chem

SUM REAL q

REAL s --conc. sustrato (g/l)

REAL r --conc. producto (g/l)

REAL x --conc. total de microorganismos (g/l)

REAL xv --conc. microorganismos vivos (g/l)

REAL xm --conc. microorganismos muertos (g/l)

CONTINUOUS

$x = xv + xm$

END PORT

-----  
-- Familia de componentes lineal  
-----

ABSTRACT COMPONENT Lineal

PORTS

IN Chem in --Puertos tipo Chem ya definidos

OUT Chem out

DECLS

REAL s --Concentracion sustrato en g/l

REAL x --Concentracion microorganismos g/l

REAL xv --Concentración microorganismos vivos g/l

REAL xm --Concentración microorganismos muertos g/l

REAL r --Concentración producto en g/l

REAL T --Temperatura K

TOPOLOGY

PATH in TO out

CONTINUOUS  
in.q - out.q = 0

END COMPONENT

-----  
-- Familia de componentes dosentradas  
-----

ABSTRACT COMPONENT dosentradas

PORTS

IN Chem in1           --Puertos tipo Chem ya definidos  
IN Chem in2  
OUT Chem out1

DECLS

REAL s               --Concentracion sustrato en g/l  
REAL x               --Concentracion microorganismos g/l  
REAL xv              --Concentración microorganismos vivos g/l  
REAL xm              --Concentración microorganismos muertos g/l  
REAL r               --Concentración producto en g/l  
REAL T               --Temperatura K

TOPOLOGY

PATH in1 TO out1

CONTINUOUS

in1.q + in2.q - out1.q = 0

END COMPONENT

-----  
-- Familia de componentes dossalidas  
-----

ABSTRACT COMPONENT dossalidas

PORTS

IN Chem in1           --Puertos tipo Chem ya definidos  
OUT Chem out1  
OUT Chem out2

DECLS

REAL s --Concentracion sustrato en g/l  
REAL x --Concentracion microorganismos g/l  
REAL xv --Concentración microorganismos vivos g/l  
REAL xm --Concentración microorganismos muertos g/l  
REAL r --Concentración producto en g/l  
REAL T --Temperatura K

TOPOLOGY  
PATH in1 TO out1

CONTINUOUS  
in1.q - out1.q - out2.q = 0

END COMPONENT

-----  
-- Componente Bioreactor  
-----

COMPONENT Bioreactor IS\_A Lineal

DATA  
REAL k = 0.5                    --constante de crecimiento máximo  
REAL ks = 0.5                 --constante michaelis  
REAL kd = 0.01                --cte. muerte microorganismos  
REAL V = 1                     --Volumen del reactor (l)  
REAL Yxs = 0.17    --Cte de crecimiento de microorganismos por g S  
REAL Yrs = 0.1    --Cte de formacion de producto a partir de sustrato

CONTINUOUS  
 $in.s * in.q - k * xv * s / (ks + s) * V = out.s * out.q + s' * V$   
 $in.xv * in.q + (Yxs * k * xv * s / (ks + s) * V) - kd * xv * V = out.xv * out.q + xv' * V$   
 $in.xm * in.q + kd * xv * V = out.xm * out.q + xm' * V$   
 $in.r * in.q + (Yrs * k * xv * s / (ks + s) * V) = out.r * out.q + r' * V$   
s = out.s  
xv = out.xv  
xm = out.xm  
r = out.r  
x = xm + xv

END COMPONENT

-----  
-- Componente Bioreactrecir  
-----

COMPONENT Bioreactrecir IS\_A dosentradas

DATA

REAL k = 0.5            --constante de crecimiento máximo  
REAL ks = 0.5           --constante michaelis  
REAL kd = 0.01  
--REAL T = 298           --temperatura (K)  
REAL V = 1             --Volumen del reactor (l)  
REAL Yxs = 0.17        --Cte de crecimiento de microorganismos por g S  
REAL Yrs = 0.1         --Cte de formacion de producto a partir de sustrato

CONTINUOUS

$in1.s * in1.q + in2.s * in2.q - k * xv * s / (ks + s) * V = out1.s * out1.q + s' * V$   
 $in1.xv * in1.q + in2.xv * in2.q + (Yxs * k * xv * s / (ks + s) * V) - kd * xv * V =$   
 $out1.xv * out1.q + xv' * V$   
 $in1.xm * in1.q + in2.xm * in2.q + kd * xv * V = out1.xm * out1.q + xm' * V$   
 $in1.r * in1.q + in2.r * in2.q + (Yrs * k * x * s / (ks + s) * V) = out1.r * out1.q + r' * V$   
 $s = out1.s$   
 $xv = out1.xv$   
 $xm = out1.xm$   
 $r = out1.r$   
 $x = xm + xv$

END COMPONENT

-----  
-- Componente Decantador  
-----

COMPONENT Decantador IS\_A dossalidas

DATA

REAL Ef = 0.95        --Eficiencia en la decantación de microorganismos  
REAL Vd = 1           --Volumen útil del decantador

CONTINUOUS

$in1.s * in1.q - out1.s * out1.q - out2.s * out2.q = s' * Vd$   
 $- out1.xv * out1.q + (1 - Ef) * in1.xv * in1.q = xv' * Vd$   
 $- out1.xm * out1.q + (1 - Ef) * in1.xm * in1.q = xm' * Vd$   
 $out2.xv * out2.q = Ef * in1.xv * in1.q$   
 $out2.xm * out2.q = Ef * in1.xm * in1.q$   
 $in1.r * in1.q - out1.r * out1.q - out2.r * out2.q = r' * Vd$   
 $out2.s = 0$   
 $out2.r = 0$

s - out1.s = 0  
r - out1.r = 0  
xv - out1.xv = 0  
xm - out1.xm = 0  
x = xm + xv

END COMPONENT

-----  
-- Componente Purga  
-----

COMPONENT Purga IS\_A dossalidas

DATA

CONTINUOUS

s = in1.s  
r = in1.r  
xm = in1.xm  
xv = in1.xv  
x = in1.x

out1.s = in1.s  
out1.r = in1.r  
out1.xm = in1.xm  
out1.xv = in1.xv  
out1.x = out1.xm + out1.xv

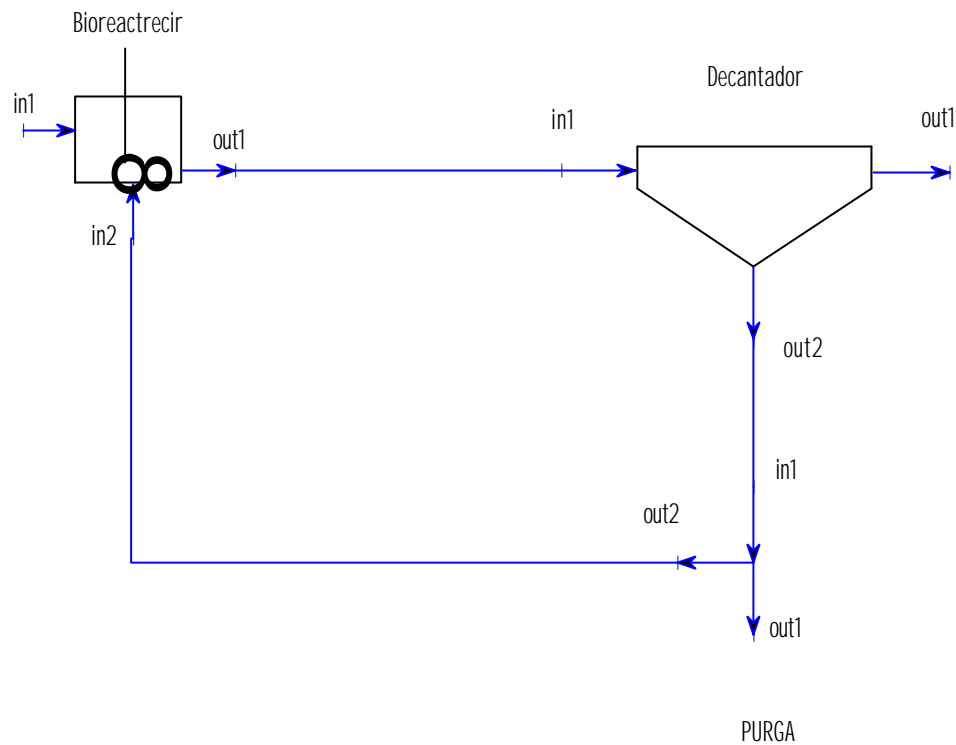
out2.s = in1.s  
out2.r = in1.r  
out2.xm = in1.xm  
out2.xv = in1.xv  
out2.x = out2.xm + out2.xv

x = xm + xv

END COMPONENT



Por medio de la aplicación SmartSketch se puede asociar un símbolo a cada componente y construir gráficamente el proceso. Se muestra en la Figura 2



---

Figura 2 Esquema obtenido con SmartSketch

A partir del diagrama construido con SmartSketch, EcoSim puede generar automáticamente el archivo que permitirá realizar la simulación. En este archivo se definen componentes de la librería *chemical.el*, se les da un nombre y se asignan sus constantes. Si no se cambia nada se mantienen las definidas en *chemical.el*. Finalmente se establecen las conexiones entre los componentes. Este archivo puede ser también por código sin utilizar el SmartSketch, en esta simulación se llama *planta.el*.

El código de *planta.el* se muestra a continuación:

*LIBRARY CHEMICAL*

*COMPONENT planta*

*TOPOLOGY*

*CHEMICAL.Bioreactrecir Bioreactrecir\_1(*

*k = 0.5,*

*ks = 0.5,*

*V = 1,*

*Yxs = 0.17,*

*Yrs = 0.1)*

*CHEMICAL.Decantador Decantador\_1(*

*Ef = 0.95)*

*CHEMICAL.Purga Purga\_1*

*CONNECT Bioreactrecir\_1.out1 TO Decantador\_1.in1*

*CONNECT Decantador\_1.out2 TO Purga\_1.in1*

*CONNECT Purga\_1.out2 TO Bioreactrecir\_1.in2*

*END COMPONENT*

Con este archivo ya se pueden realizar experimentos con EcoSim. No obstante, hay que compilar previamente tanto el archivo *chemical.el* como el *planta.el*.

## 5 RESULTADOS

En este apartado se realizarán experimentos con el modelo implementado. Para realizar un experimento, se pulsa la pestaña *Experiments*. Aparece un árbol con los modelos construidos. Se selecciona *planta*, pulsando el botón derecho aparece el menú contextual. Entonces se actualiza con *Update*.

Pulsando de nuevo el botón derecho, se selecciona *New Partition* donde se puede realizar una colección de experimentos con los mismos valores de frontera e iniciales, aparece entonces una ventana que permite seleccionar los valores iniciales de las variables y las condiciones de frontera (boundary conditions). Pulsando Next ya se pueden realizar los experimentos.

Pinchando en la nueva partición creada con el botón derecho, se selecciona *New Experiment* y aparece en la ventana los datos del experimento: valores iniciales y condiciones de frontera.

En las siguientes hojas se presentan en apaisado las gráficas más representativas de un conjunto de experimentos :

- 1) Concentración de microorganismos en el reactor ( $x$ ,  $x_v$  y  $x_m$ )
- 2) Concentración de sustrato, producto y microorganismos en el reactor
- 3) Concentración de sustrato, producto y microorganismos en la corriente de salida del decantador
- 4) Concentración de sustrato, producto y microorganismos en la corriente de recirculación al birreactor.

Las variables manipuladas son el caudal de recirculación ( $q_5$ ) y el caudal de purga ( $q_6$ ).

Se parte siempre de las mismas condiciones iniciales. Para la corriente 1 (alimentación al birreactor):

- $q_1 = 0.01$  l/s
- $s_1 = 10$  g/l
- $x_1 = 0$  g/l (No se alimentan en continuo microorganismos al reactor)
- $xv_1 = 0$  g/l
- $xm_1 = 0$  g/l
- $r_1 = 0$  g/l

Por otra parte, tanto el biorreactor como el decantador están llenos con la misma corriente inicial, es decir, la concentración inicial de sustrato en los equipos es de 10 g/l.

En el reactor se inocula inicialmente una concentración de microorganismos de 1 g/l.

Un ejemplo de experimento es el siguiente, el caudal de recirculación es 0,005 l/s y el caudal de purga 0 l/s

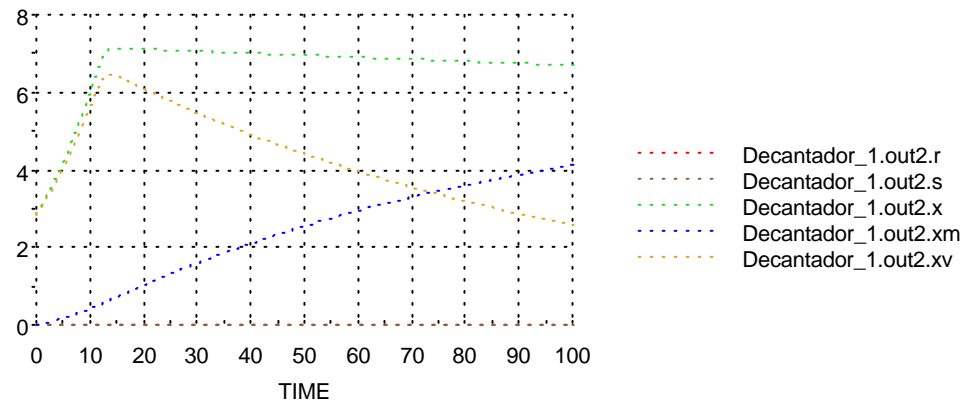
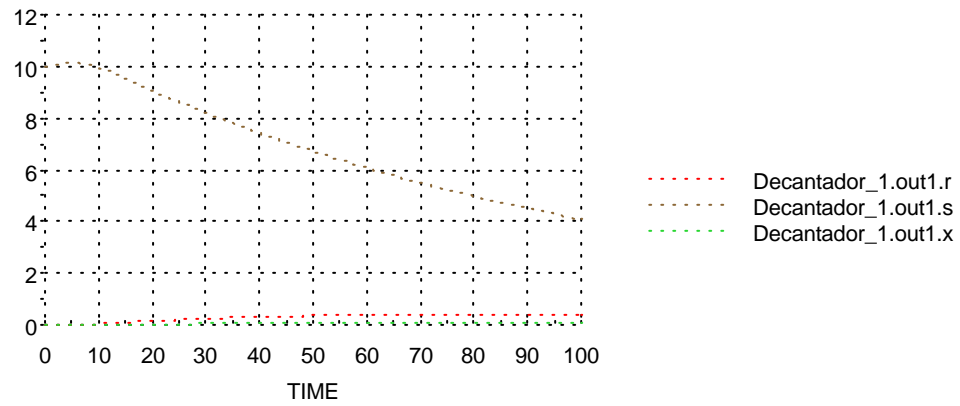
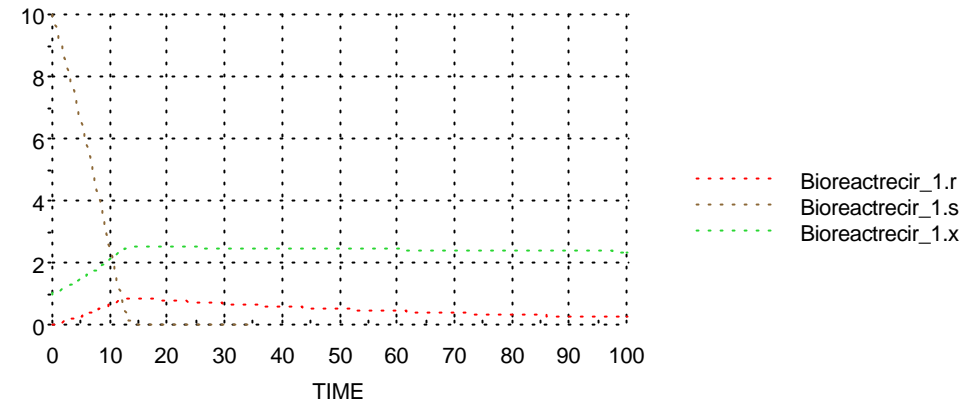
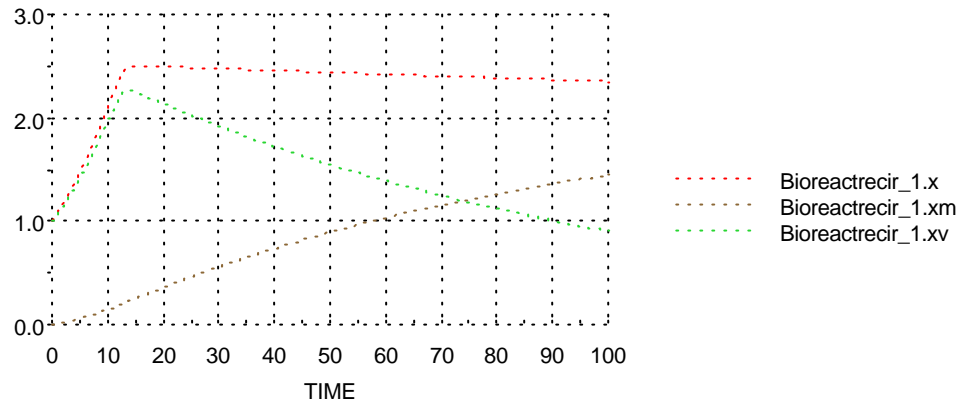
```

EXPERIMENT exp3 ON esquema.esquema1
DECLS
INIT
  -- State variables
  Bioreactrecir_1.s = 10
  Bioreactrecir_1.xv = 1
  Bioreactrecir_1.xm = 0
  Bioreactrecir_1.r = 0
  Decantador_1.s = 10
  Decantador_1.xv = 0
  Decantador_1.xm = 0
  Decantador_1.r = 0
BOUNDS -- set expressions for boundary variables: v = f(t,...)
  Bioreactrecir_1.T = 298
  Bioreactrecir_1.in1.q = 0.01
  Bioreactrecir_1.in1.r = 0
  Bioreactrecir_1.in1.s = 10
  Bioreactrecir_1.in1.x = 0
  Bioreactrecir_1.in1.xm = 0
  Bioreactrecir_1.in2.q = 0.005
  Decantador_1.T = 298
  Purga_1.T = 298
  Purga_1.out1.q = 0
BODY
  REPORT_TABLE("reportAll", "**")
  TIME= 0
  TSTOP= 100
  CINT= 0.1

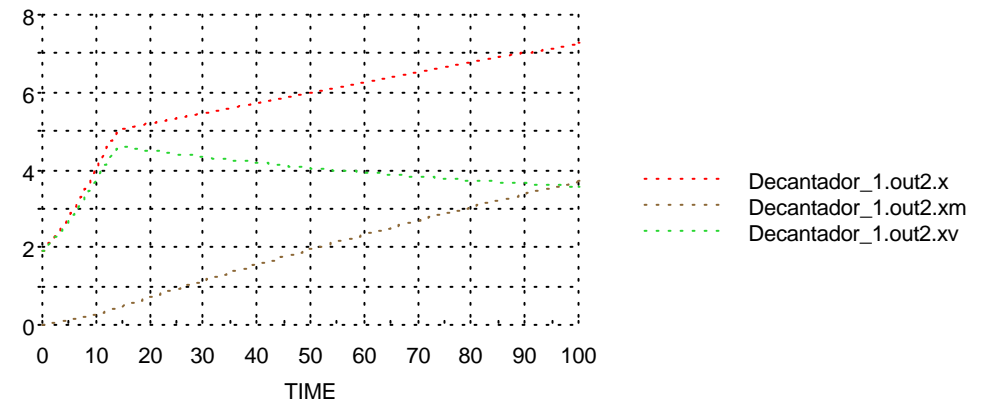
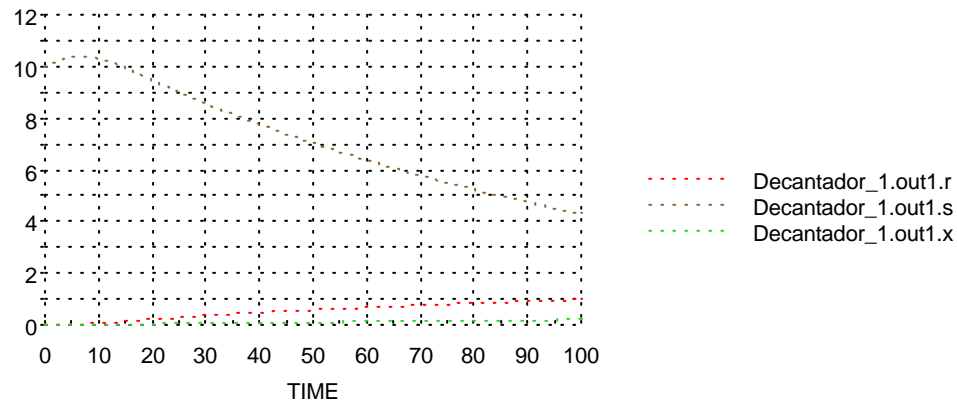
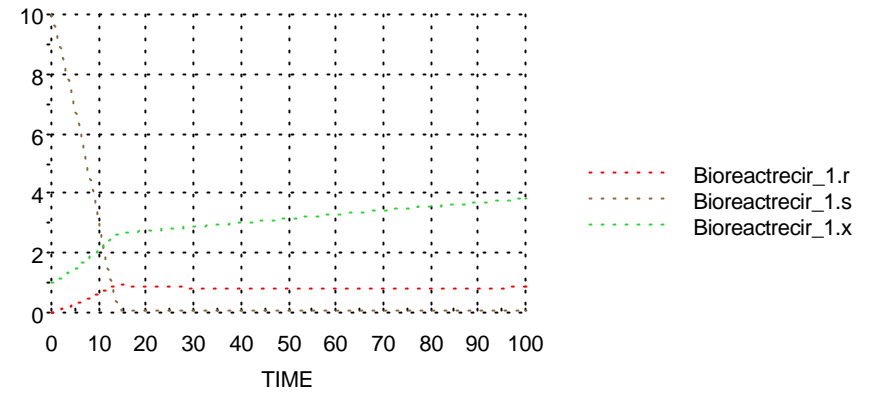
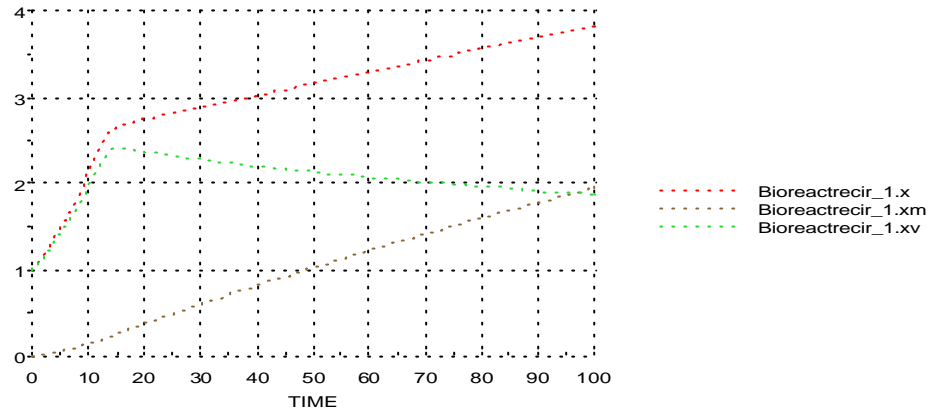
```

Todos los experimentos son similares en las condiciones de contorno pero variando los caudales de recirculación y de purga.

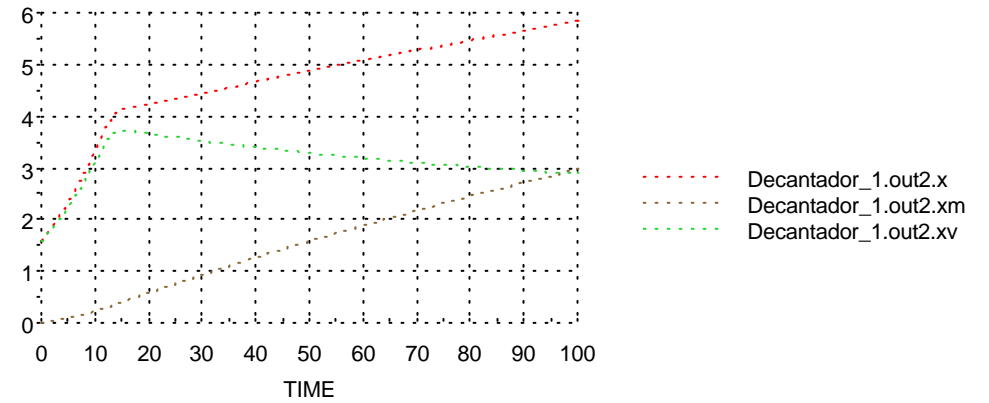
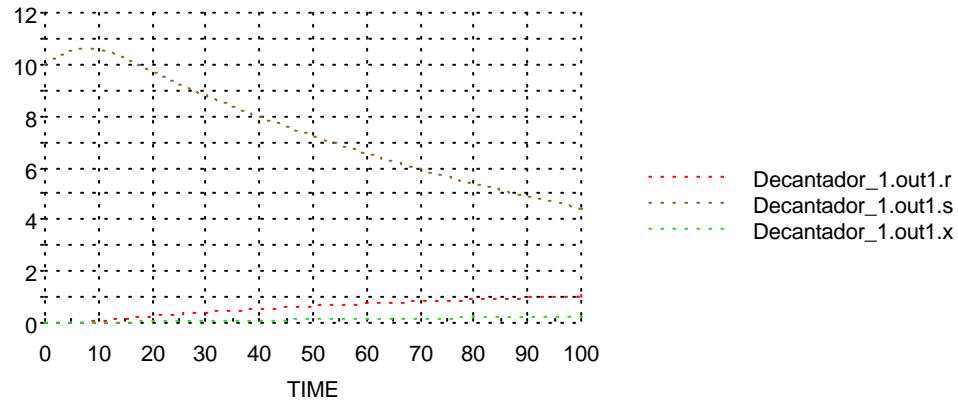
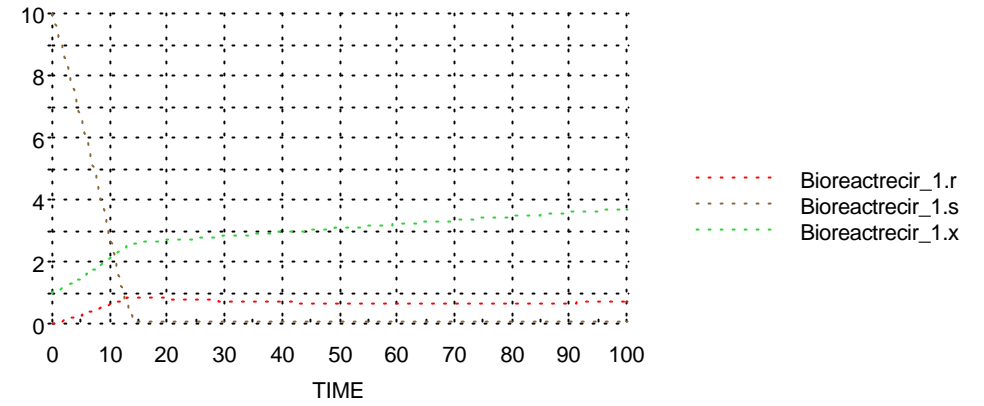
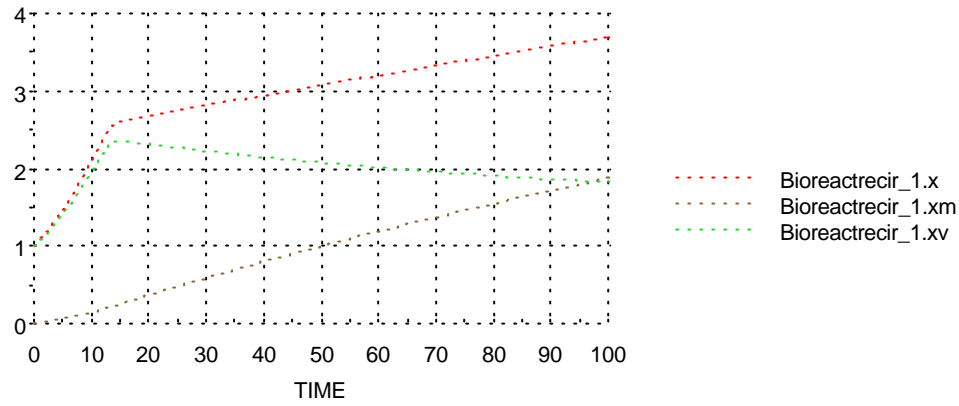
Caudal de recirculación: 0.005 l/s  
 Caudal de purga : 0 l/s



Caudal de recirculación: 0.01 l/s  
Caudal de purga : 0 l/s

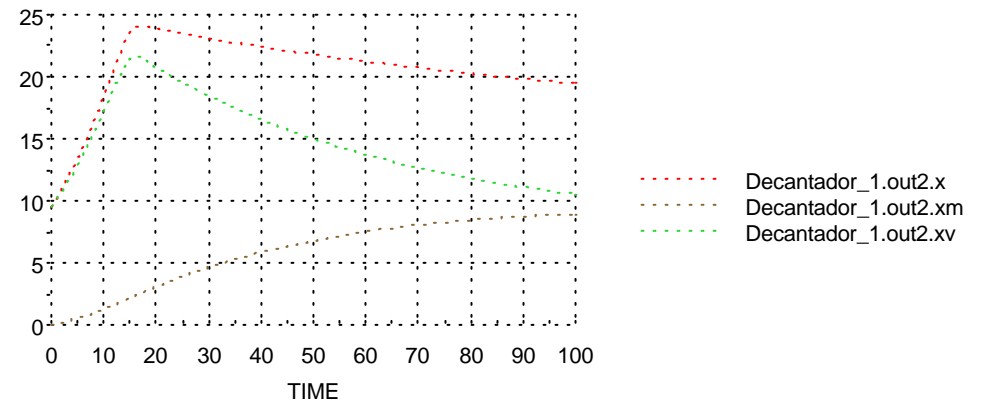
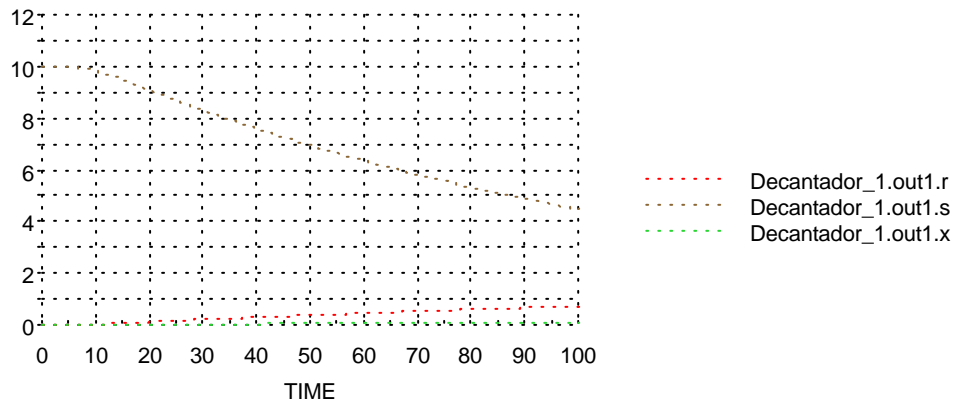
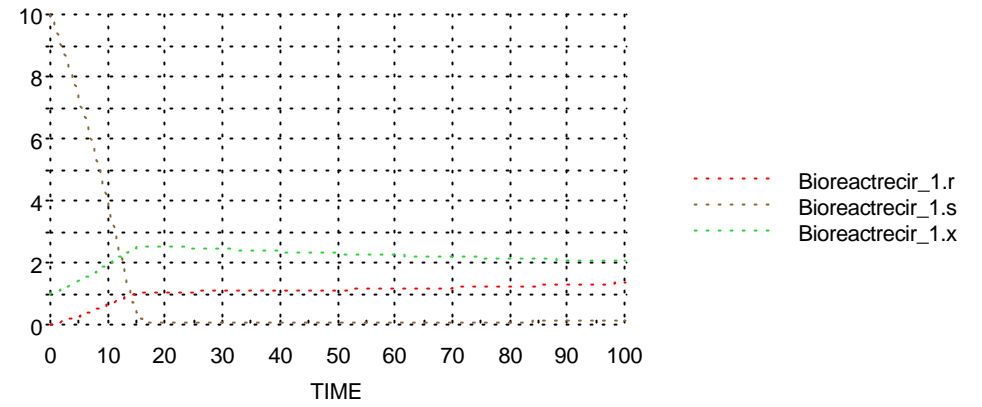
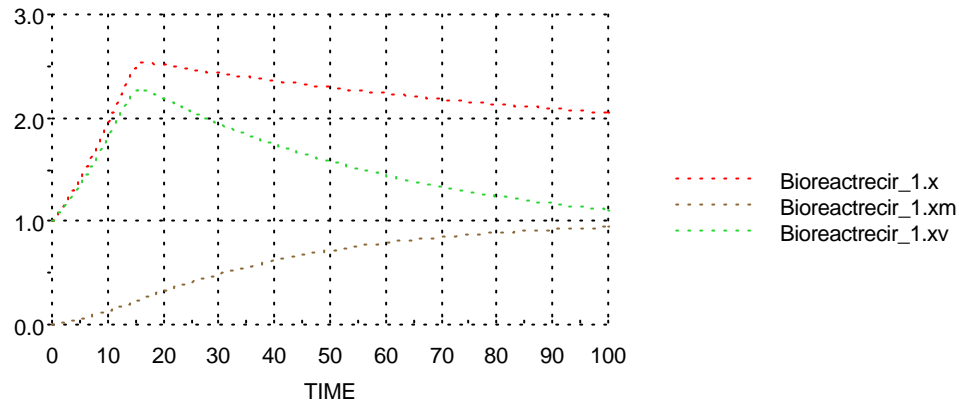


Caudal de recirculación: 0.015 l/s  
Caudal de purga : 0 l/s

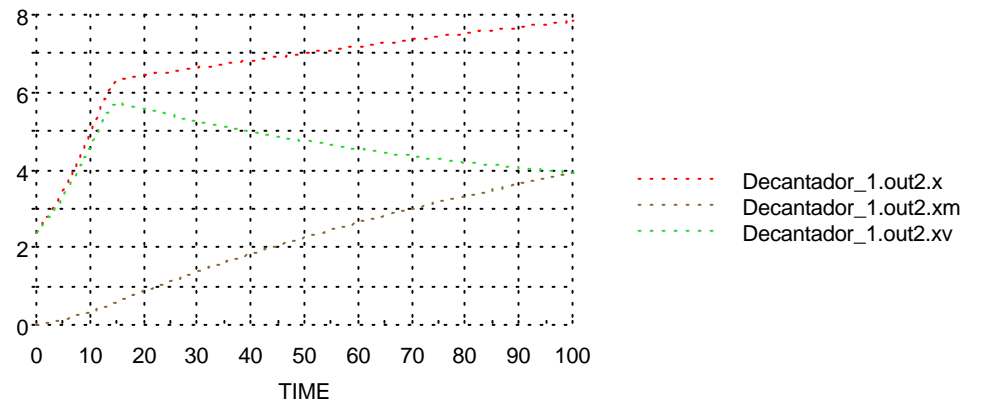
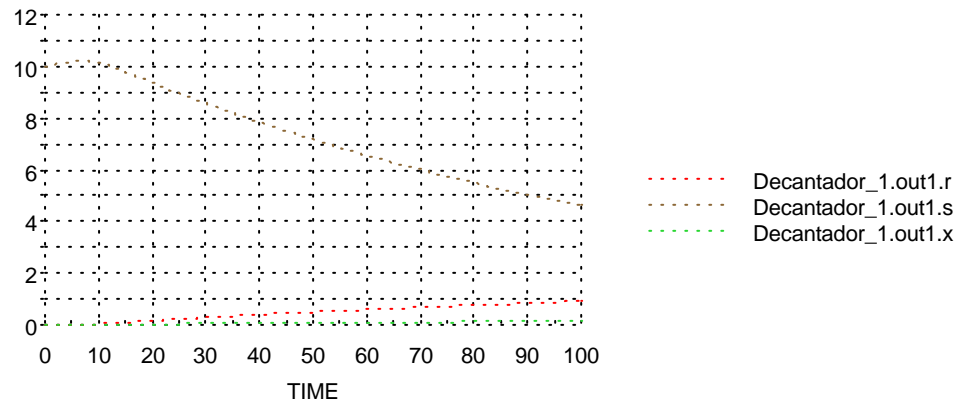
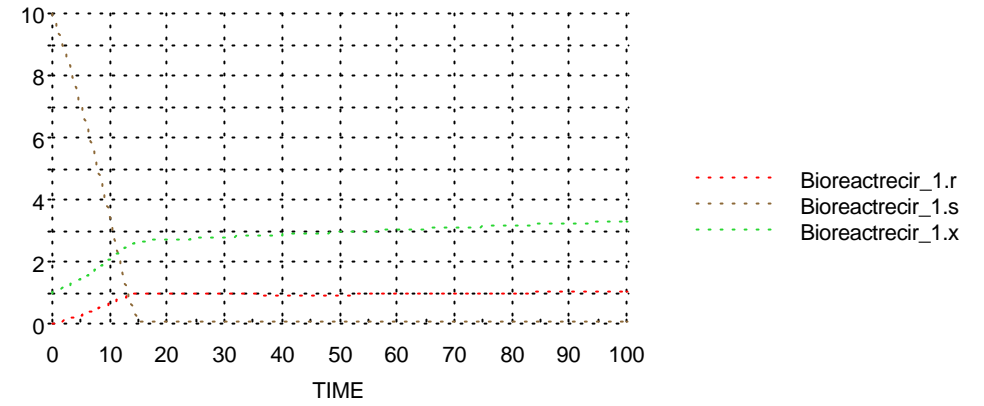
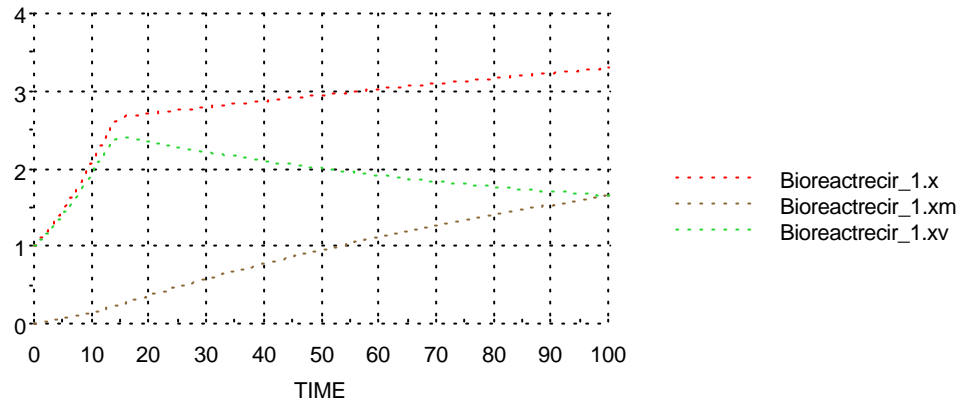




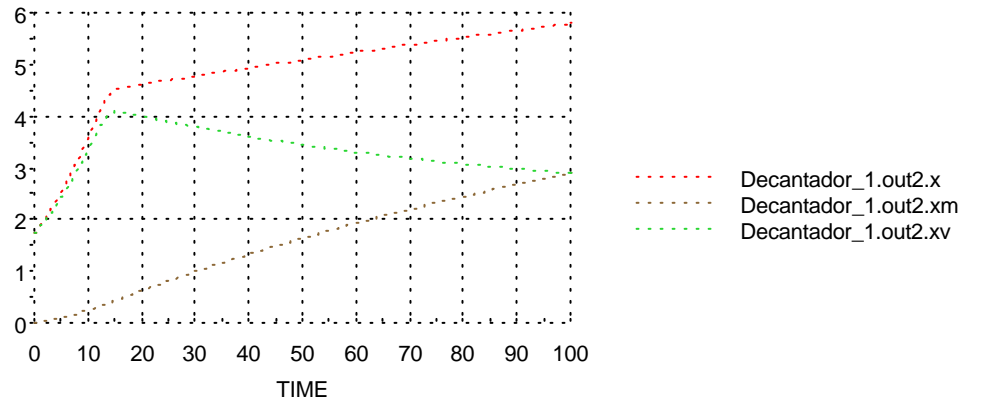
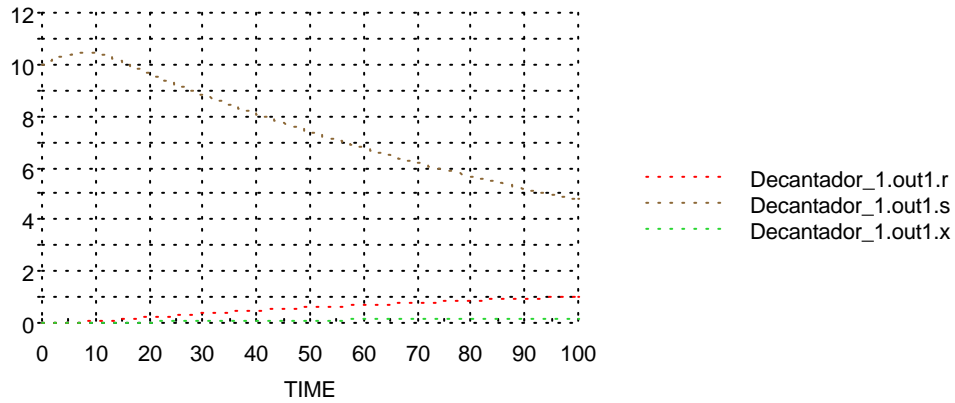
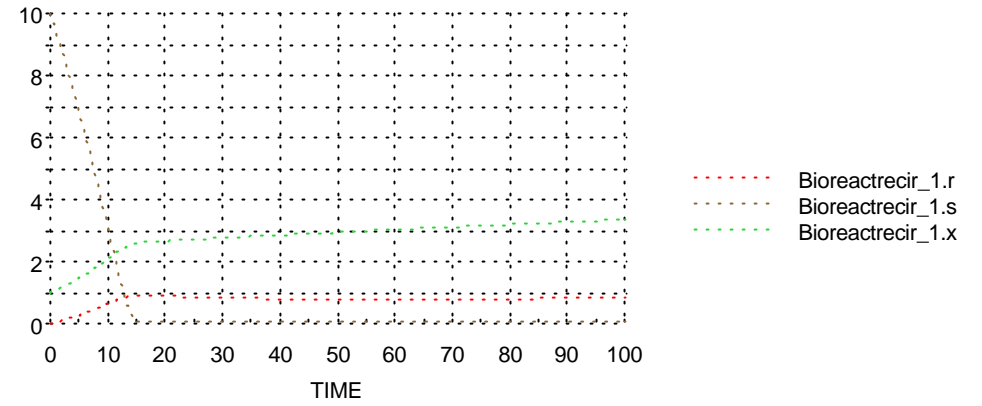
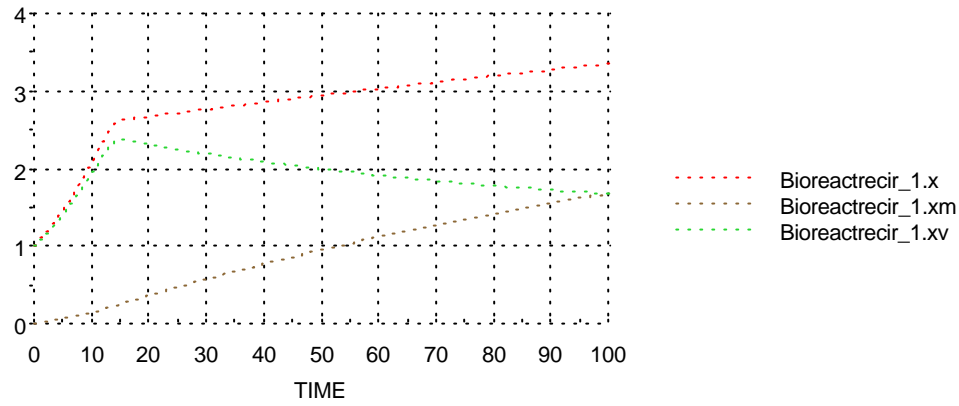
Caudal de recirculación: 0 l/s  
Caudal de purga : 0,001 l/s



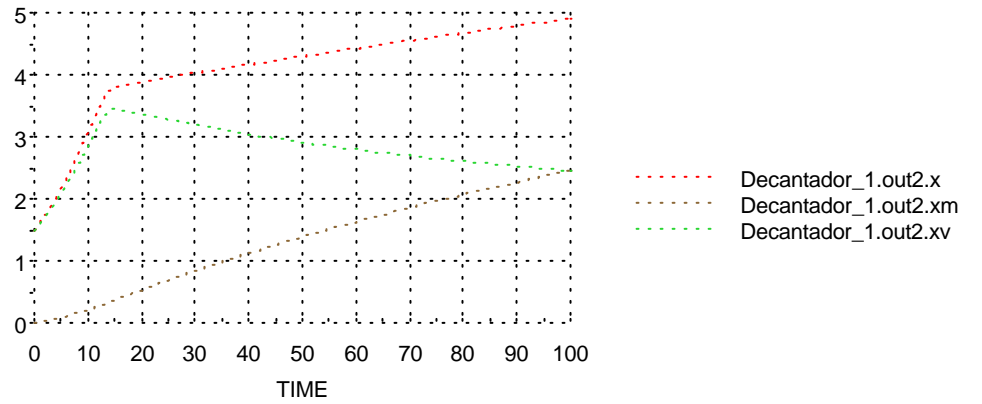
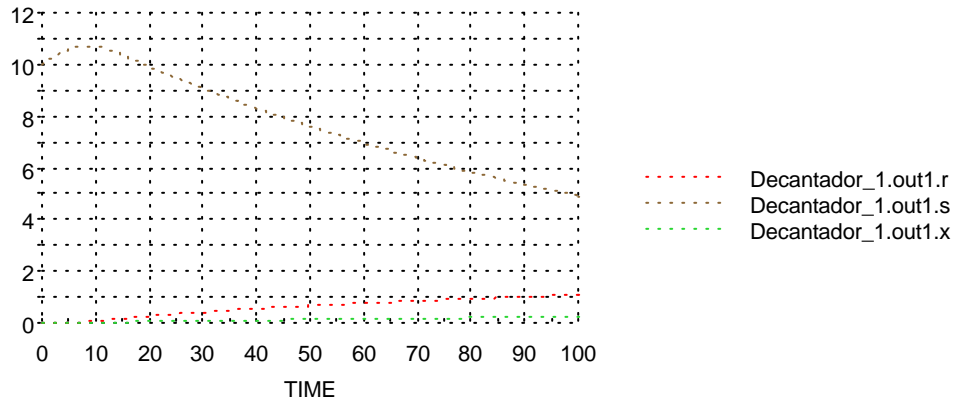
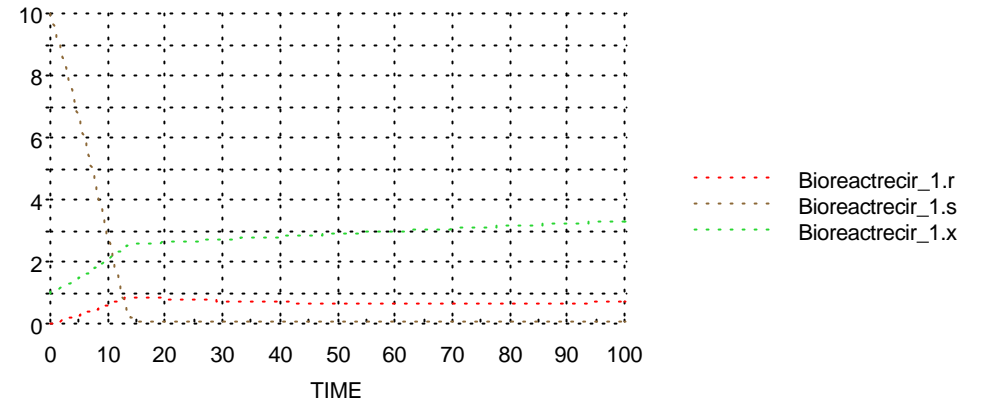
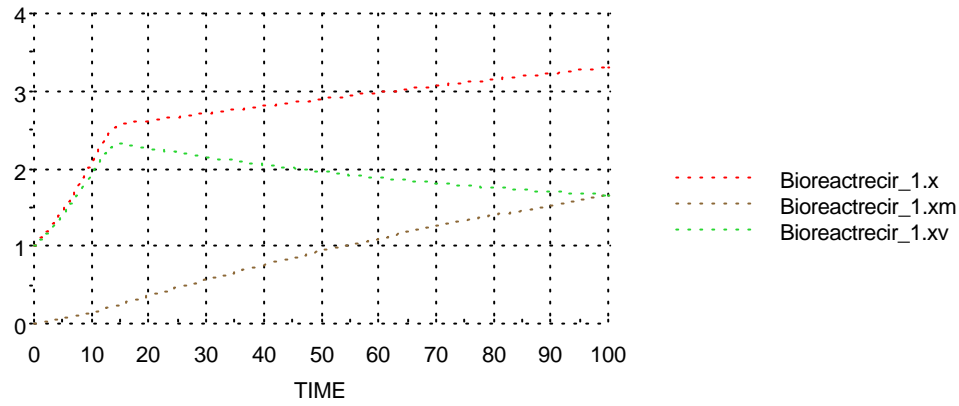
Caudal de recirculación: 0,005 l/s  
Caudal de purga : 0,001 l/s



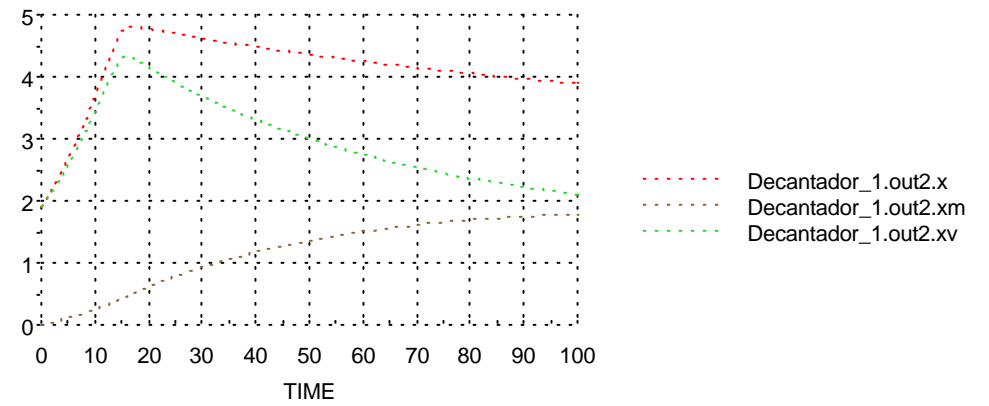
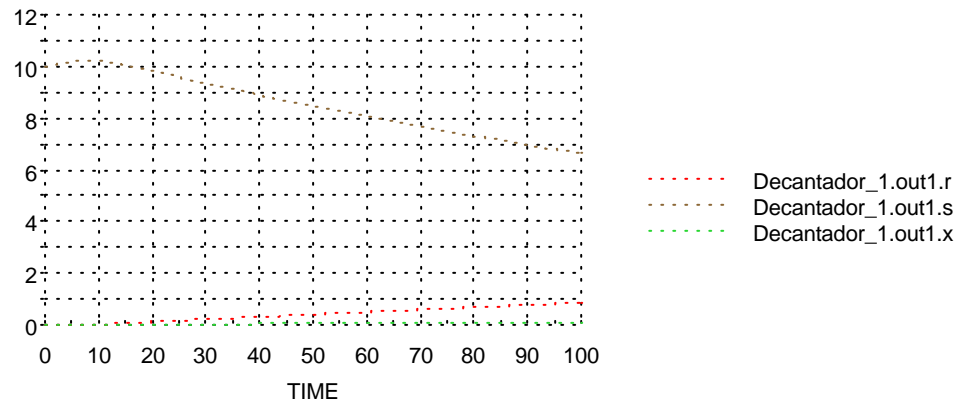
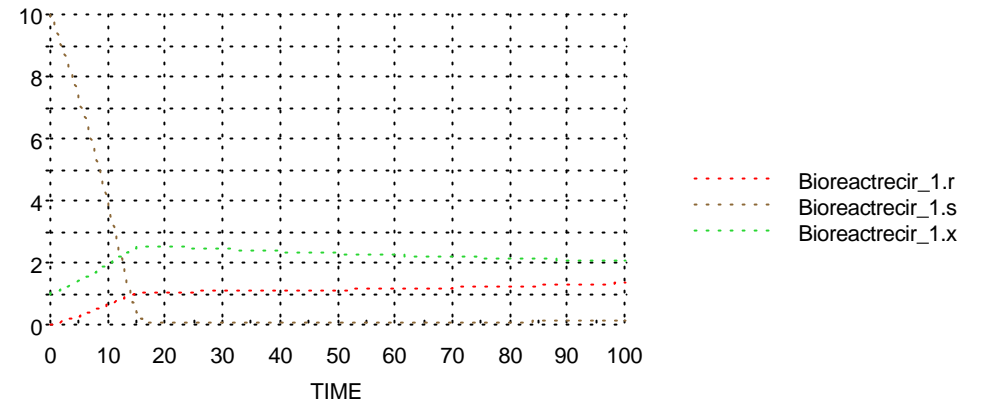
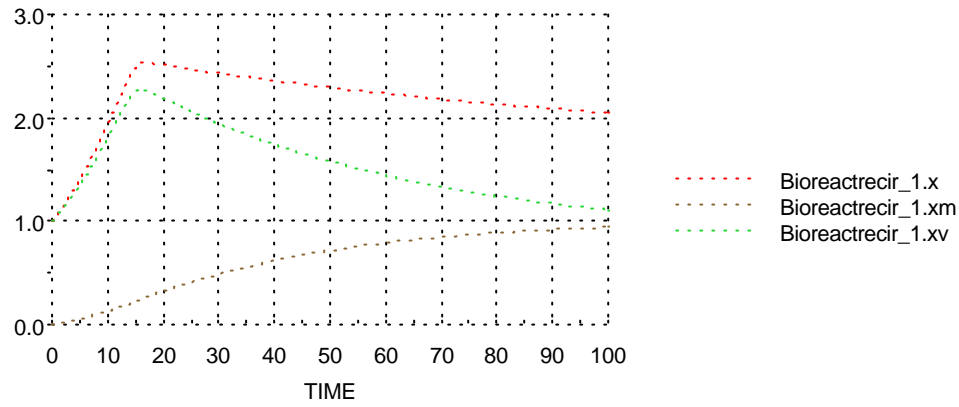
Caudal de recirculación: 0.01 l/s  
Caudal de purga : 0,001 l/s



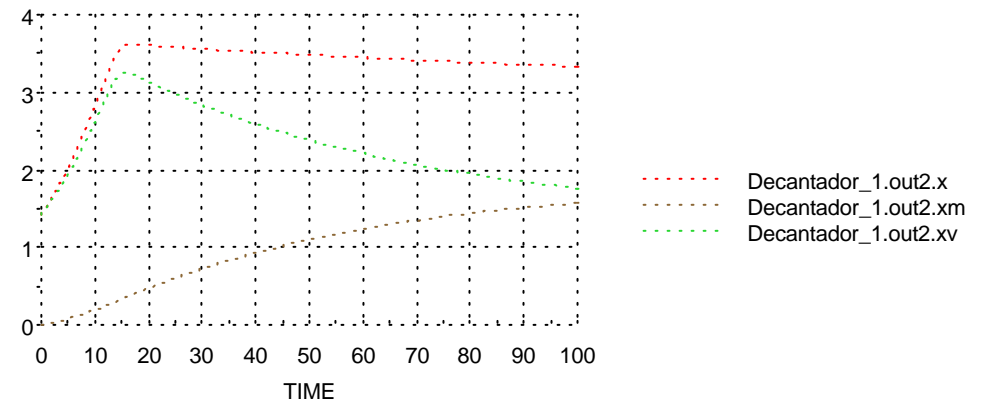
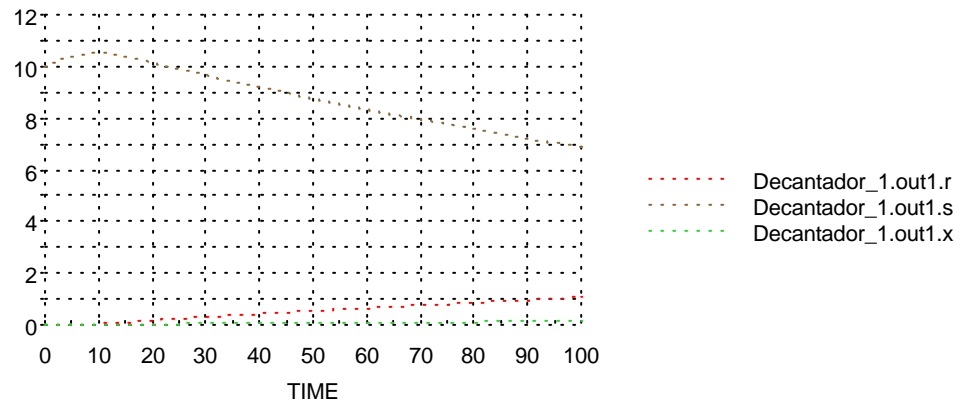
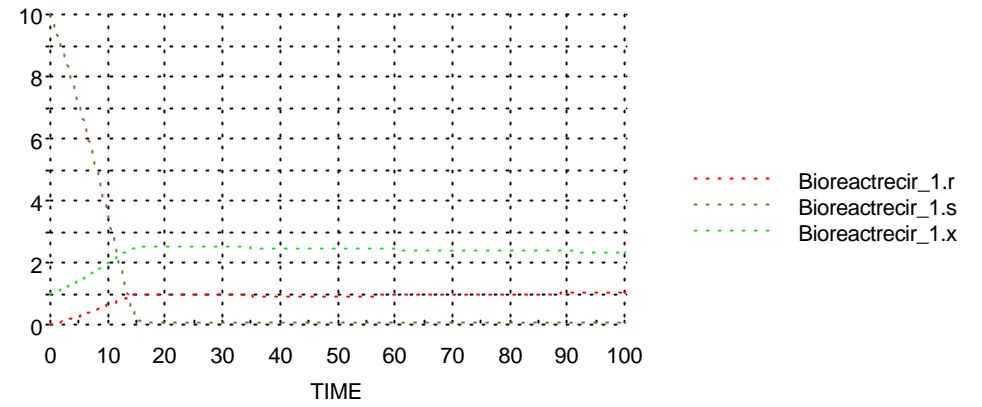
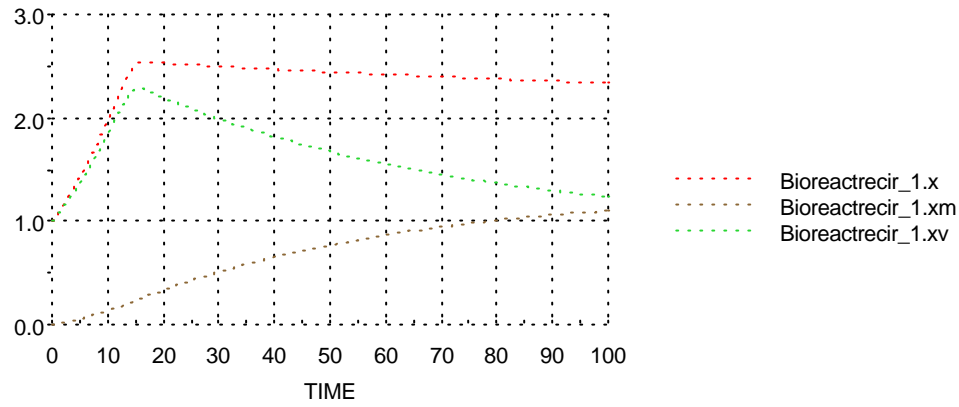
Caudal de recirculación: 0.015 l/s  
 Caudal de purga : 0,001 l/s



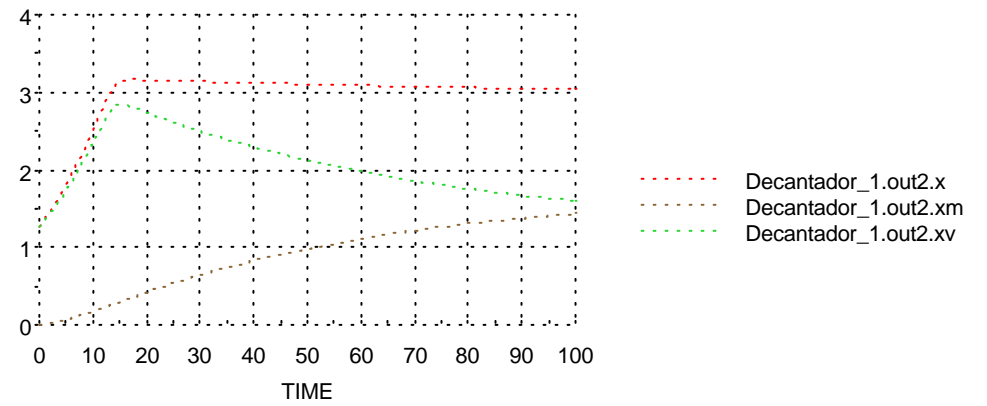
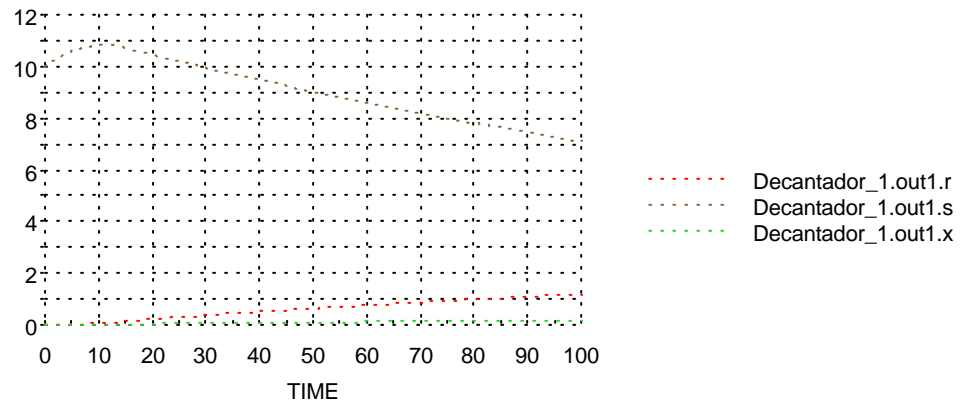
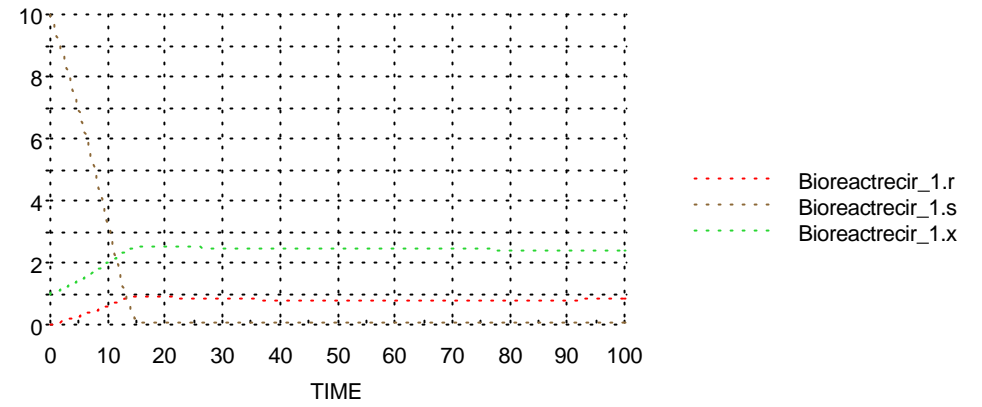
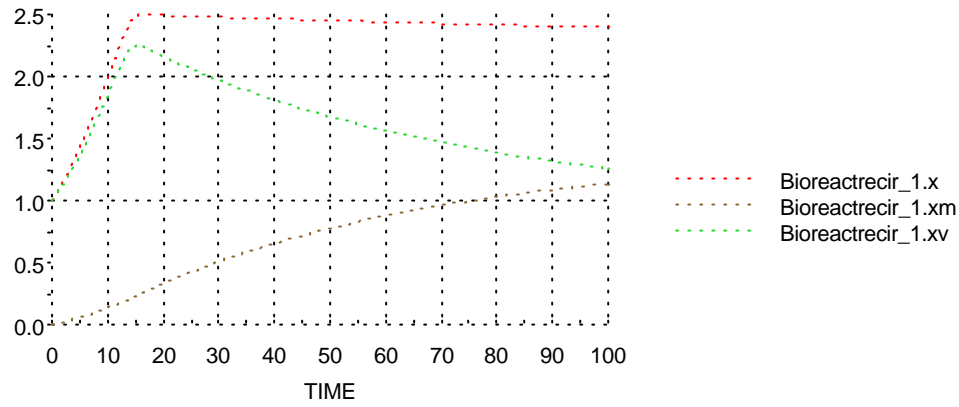
Caudal de recirculación: 0 l/s  
Caudal de purga : 0,005 l/s



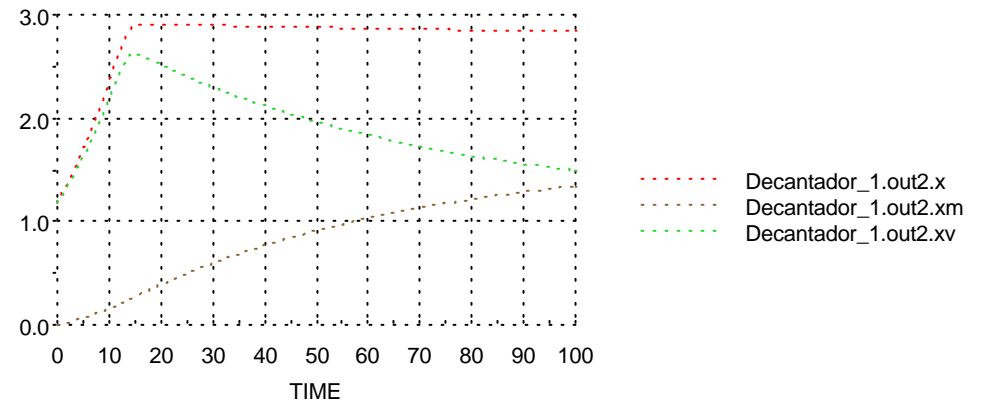
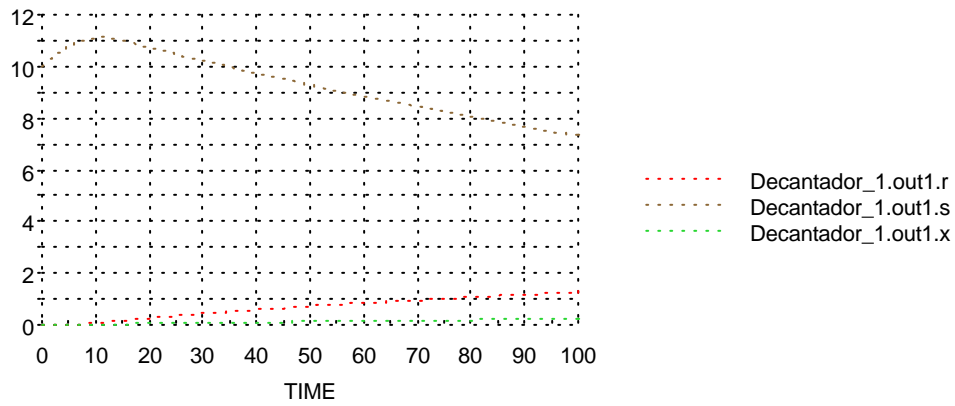
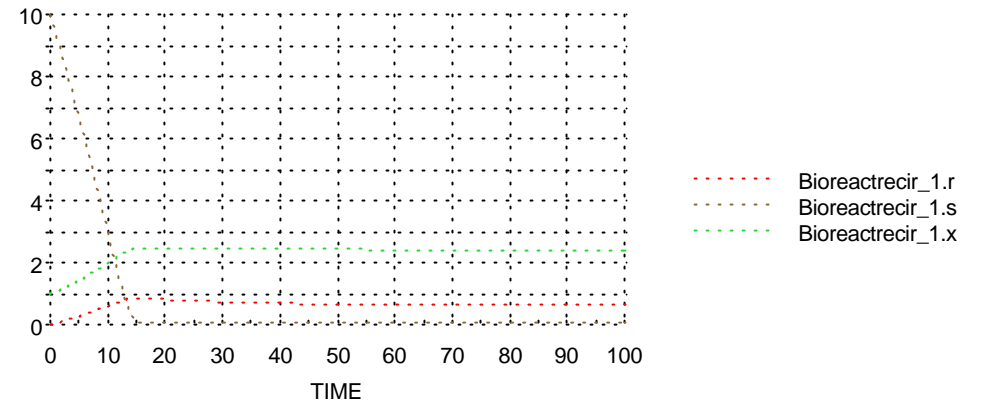
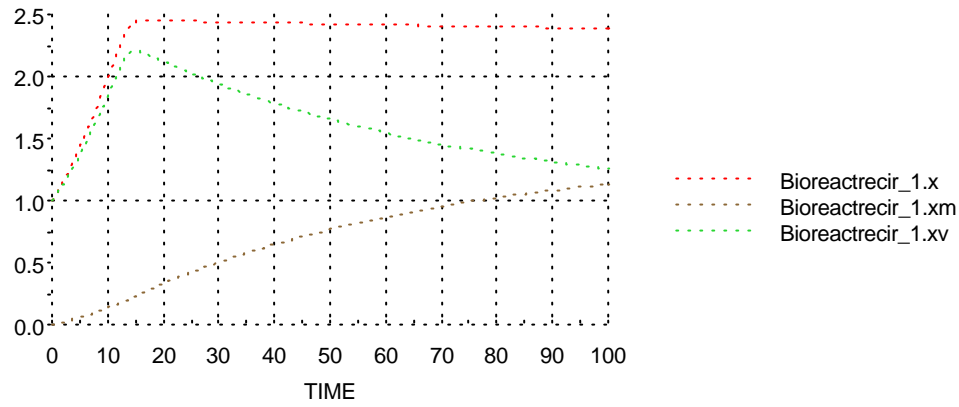
Caudal de recirculación: 0,005 l/s  
Caudal de purga : 0,005 l/s



Caudal de recirculación: 0.01 l/s  
Caudal de purga : 0,005 l/s

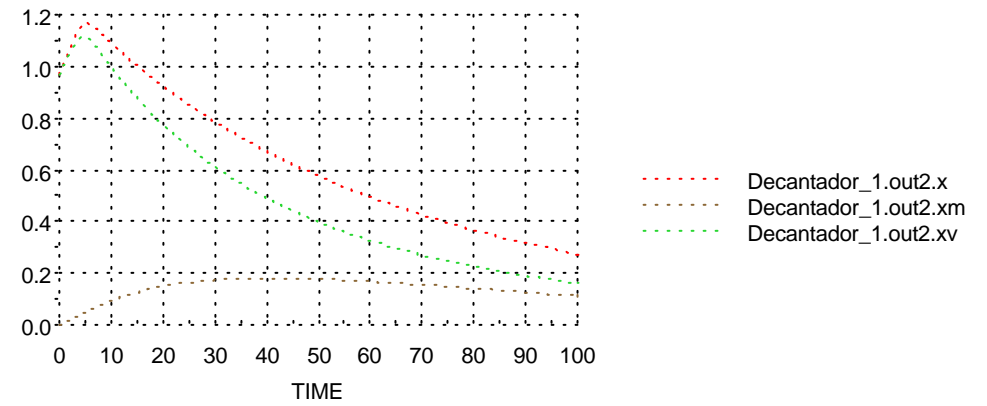
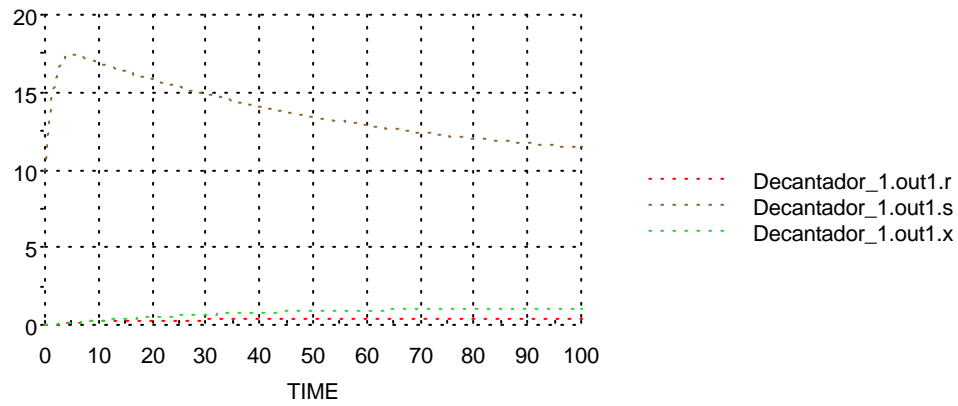
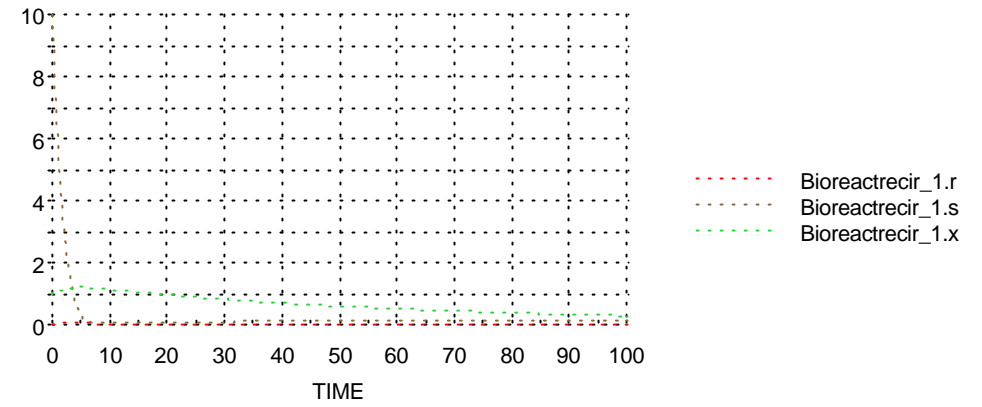
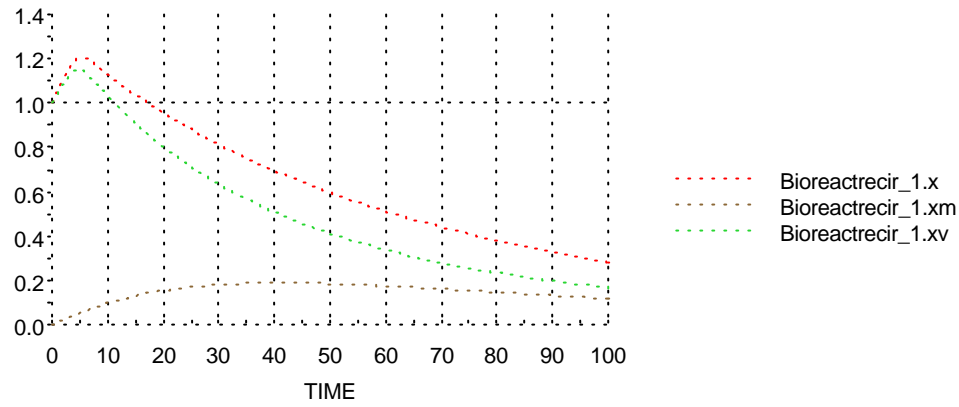


Caudal de recirculación: 0,015 l/s  
 Caudal de purga : 0,005 l/s

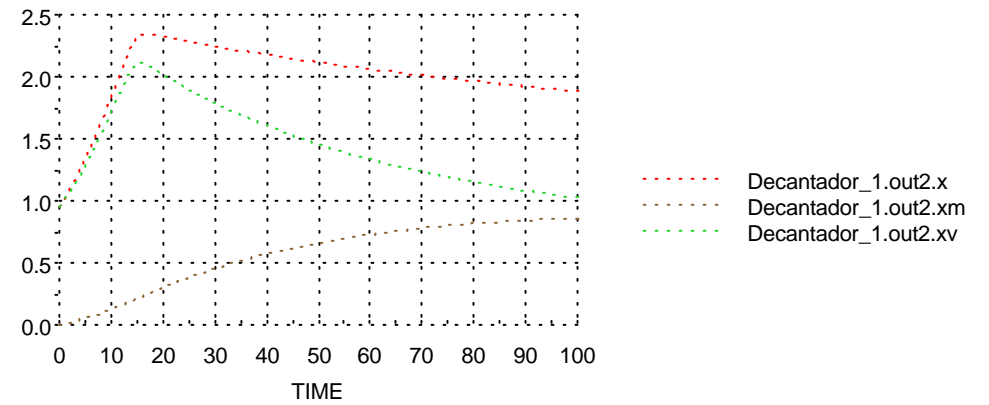
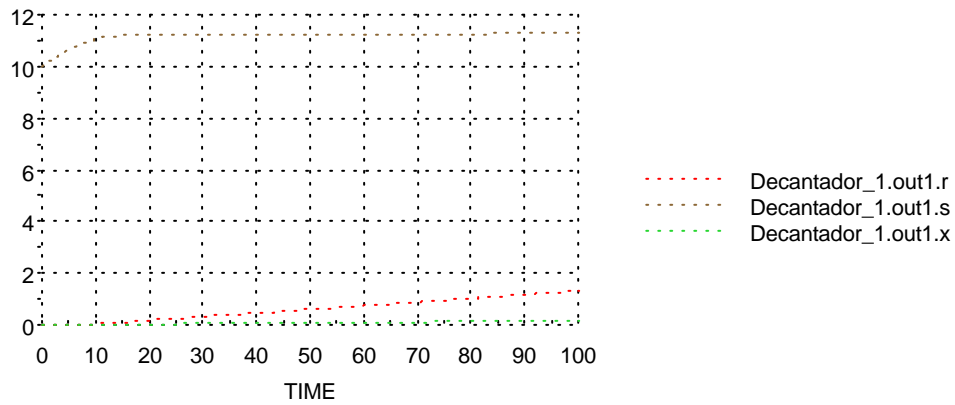
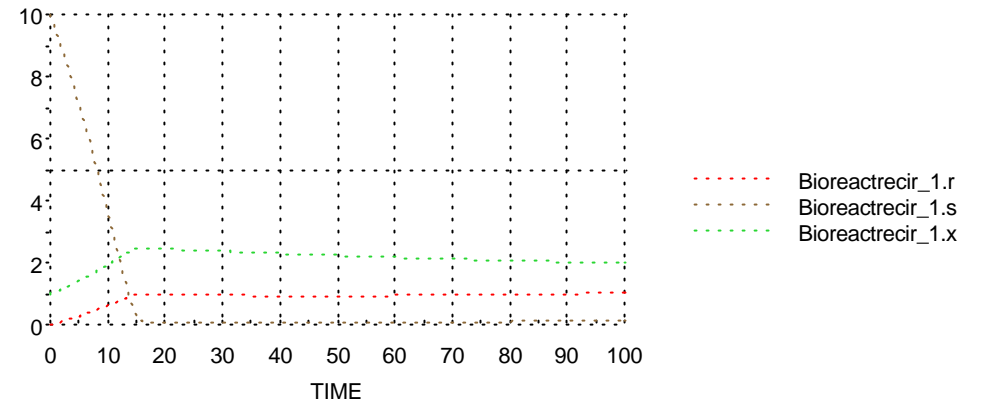
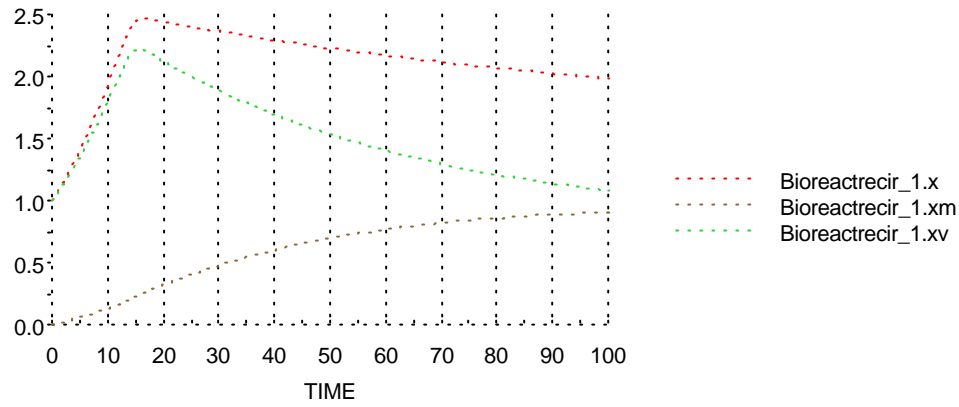




Caudal de recirculación: 0,5 l/s  
Caudal de purga : 0,001 l/s



Caudal de recirculación: 0,005 l/s  
Caudal de purga : 0,01 l/s



De la observación de las graficas se obtienen los siguientes resultados:

- En todos los experimentos, la evolución de la concentración de microorganismos en la salida de recirculación del decantador es similar a la que tiene lugar en el reactor (Curvas de  $x$ ,  $x_m$  y  $x_v$  para bioreactor y decantador). Sin embargo las magnitudes de los valores es diferente. Esto se debe a que se extraen por el fondo del decantador un 95% de los microorganismos que vienen del bioreactor, de ahí que la forma de las curvas sea similar pero las concentraciones más altas en el fondo del decantador.
- En todos los experimentos (menos los dos últimos) la concentración de sustrato en el bioreactor desciende hasta prácticamente 0 en los primeros 15 segundos de la simulación. A partir de ese momento se produce una inflexión en las curvas de crecimiento de microorganismos y producto.
- Para caudal de purga constante, el aumento en el caudal de recirculación tiene un efecto positivo en la concentración de microorganismos especialmente cuando se ha agotado el sustrato (tiempo  $> 15$  s). La concentración de microorganismos aumenta con el tiempo para caudales de recirculación de 0,01 y 0,015. l/s Este efecto que en principio puede suponerse beneficioso, puede traer problemas porque el aumento de la biomasa produce un aumento en la viscosidad del medio. Es conveniente que la concentración total de microorganismos se mantenga aprox. constante.
- La recirculación, al aumentar la concentración de biomasa en el reactor, mejora también la formación de producto como puede verse en la evolución de  $r$  en el bioreactor y en el decantador. Esto es muy interesante en aquellos bioprocesos en los que se pretende optimizar la formación de producto.
- Según se observa en las gráficas, la recirculación no afecta a la velocidad de degradación del sustrato en el reactor pues este se elimina en los primeros 15 segundos. La concentración de sustrato en la salida del decantador es similar en todos los casos. Las pequeñas variaciones se deben a las diferencias en el balance global de materia.

- Para caudal de recirculación constante, la purga de pequeñas cantidades de microorganismos a la salida del decantador es beneficiosa para la población de microorganismos en el reactor. Se observa como, para caudal de recirculación 0,005 l/s y purga 0,001 l/s, la concentración total de microorganismos aumenta con el tiempo y hay mayor proporción de microorganismos vivos que cuando el caudal de purga es 0. Sin embargo, un caudal de purga excesivo (0,05 l/s) elimina la población microbiana en el reactor porque afecta tanto a los microorganismos muertos como a los vivos.
- Respecto a la concentración de sustrato a la salida del decantador, conforme aumenta el caudal de purga, aumenta también la concentración de sustrato en el efluente. Esto se debe a que, al aumentar el caudal de purga, aumenta el caudal de la corriente que sale por el fondo del decantador. Esta corriente no contiene sustrato quedando este más concentrado en la corriente efluente del decantador.
- La concentración en el producto final también mejora con la extracción de un caudal de purga, tanto en el bioreactor como en el extractor.
- Por otra parte, los excesos no son buenos, cuando el caudal de recirculación es muy elevado (0,5 l/s), el flujo total a través del reactor es también muy alto, con lo que el tiempo de residencia de los microorganismos en el reactor es muy pequeño. Teniendo en cuenta que los microorganismos solo se alimentan y se reproducen en el reactor, además del efecto de la dilución por el elevado caudal, la población microbiana en el reactor disminuye vertiginosamente.
- Para caudal de recirculación muy alto (0,5 l/s) la concentración de sustrato en el bioreactor disminuye mucho más bruscamente y en menos tiempo pero es por efecto de la dilución por el elevado caudal en recirculación, porque en el decantador lo que se produce es un aumento de la concentración de sustrato.

- Para caudal de recirculación muy alto (0,5 l/s), al disminuir la concentración de microorganismos en el reactor, también se ve afectada negativamente la formación de producto.
- Se ha realizado un experimento con el máximo caudal de purga posible: 0,01 l/s. Según el balance global de materia, esto implica que no se obtiene caudal de efluente en el decantador y que todo lo que entra al reactor se extrae por la purga.
- Para caudal de purga muy elevado, curiosamente no se observa ningún efecto en la población microbiana en el reactor. Sin embargo, la concentración de sustrato en el efluente en el decantador no disminuye sino que aumenta. Al ser prácticamente nulo el caudal en esta corriente y recibir todo el sustrato procedente del sistema, la concentración es muy alta.

## 6 CONCLUSIONES

De los comentarios realizados a las gráficas en el apartado anterior se extraen las siguientes conclusiones:

Respecto a la recirculación de microorganismos :

- La recirculación de microorganismos en un bioreactor produce un aumento de la población microbiana en el seno del mismo. Sin embargo, este aumento afecta tanto a los microorganismos vivos como a los muertos.
- No se ha observado una eliminación positiva de la recirculación en la eliminación de sustrato a la salida del decantador. Más al contrario, la recirculación de un caudal que no contiene sustrato produce un aumento de concentración del sustrato en el efluente.
- La recirculación de pequeños caudales de microorganismos produce una mejora en el rendimiento en el producto r.

Respecto a la purga de microorganismos

- La extracción de una pequeña cantidad de microorganismos del fondo del decantador tiene un efecto muy beneficioso en la población microbiana en el reactor (siempre que exista también recirculación) porque aumenta concentración en microorganismos vivos y por tanto, la concentración total de microorganismos en el reactor.
- Mejora también la concentración de producto en el reactor por el aumento de la población microbiana viva.
- Sin embargo, al igual que la recirculación, aumenta en cierta medida la concentración de sustrato en la salida del decantador.

Pero no se debe olvidar que:

- Una recirculación excesiva diluye en exceso los microorganismos en el reactor. La baja concentración de microorganismos afecta a la propia producción de biomasa en el reactor negativamente. Además disminuye la formación de producto que va asociado a los microorganismos. La concentración de sustrato en el reactor disminuye más rápidamente pero por efecto de la dilución por el caudal recirculante pues la concentración en el efluente del decantador en sustrato aumenta.
- Un caudal de purga excesivo disminuye la cantidad de microorganismos en el reactor y afecta a la concentración de sustrato en la salida del decantador del mismo modo que la recirculación excesiva.

## **7 BIBLIOGRAFIA**

- Gódia, F. Y López, J. "Ingeniería Bioquímica" ed. Síntesis (1998)