

Modeling and simulation of an SBR for the treatment of slaughterhouse effluent and biogas production

Salvador Degano¹ , Alejandro Lespinard²  and Mauren Fuentes Mora³ 

¹ Universidad Nacional Villa María (UNVM), Arturo Jauretche 1555, X5900 Villa María, Córdoba, Argentina

² Instituto Multidisciplinario de Investigación y Transferencia Agroalimentaria y Biotecnológica (IMITAB), Arturo Jauretche 1555, Campus Universitario Villa María, Córdoba, Argentina

³ Instituto de Desarrollo y Diseño (INGAR), Avellaneda 3657, Santa Fe (3000), Argentina
s.degano@hotmail.com.ar

Abstract. Industrial effluents with a high organic load—particularly those generated by the meat processing industry with high concentrations of fats, proteins, and nutrients—require technologies capable of efficiently removing organic matter while presenting an opportunity for energy recovery (biogas). This work presents the model-based simulation of a laboratory-scale anaerobic sequencing batch reactor (SBR) for the biological treatment of a hydrolysate from a slaughterhouse and the production of methane. Data from the substrate characterization (hydrolysate) and measurements taken within the treatment system were used to calibrate kinetic models and determine which one offers the best goodness of fit based on information criteria (AIC/BIC). The anaerobic SBR operates effectively with 24-hour cycles and loads of $3.2 \text{ g COD L}^{-1} \text{ d}^{-1}$, with a C/N ratio of 14.13, achieving 93% COD removal and biogas production with a methane content of 68%. The proposed model acts as a framework to optimize reactor performance and develop industrial-scale solutions, ensuring technical feasibility for treating complex effluents.

Keywords: SBR modeling, complex wastewater, methane.

Modelado y simulación de un SBR para el tratamiento de un efluente de frigorífico y la producción de biogás

Resumen. Los efluentes industriales de elevada carga orgánica, particularmente aquellos generados por la industria frigorífica con elevado contenido de grasas, proteínas y nutrientes, exigen tecnologías capaces de remover eficientemente la materia orgánica, a la vez que presentan la oportunidad de recuperar energía (biogás). En este trabajo se presenta la simulación basada en modelos de un reactor secuencial discontinuo (SBR) anaerobio, a escala de laboratorio, para el tratamiento biológico de un hidrolizado proveniente de un frigorífico y la producción de metano. Los datos de la caracterización del sustrato (hidrolizado) y las mediciones realizadas en el sistema de tratamiento se usaron para ajustar los modelos cinéticos y determinar el que presenta mejor bondad de ajuste a partir

de criterios de información (AIC/BIC). El SBR anaerobio opera adecuadamente con ciclos de 24 horas y cargas de 3,2 g DQO L⁻¹ d⁻¹, con una relación C/N de 14,13, logrando una remoción de DQO de 93 % y una producción de biogás con un contenido de metano del 68%. El modelo propuesto sirve como base para optimizar reactores y diseñar soluciones a escala industrial, asegurando la viabilidad técnica en el manejo de efluentes complejos.

Palabras clave: modelado de SBR, efluentes complejos, metano.

1 Introducción

La concentración y composición de las aguas residuales provenientes del procesamiento de alimentos varía desde sustratos altamente resistentes (Demanda Química de Oxígeno, DQO > 3000 mg DQO L⁻¹) hasta sustratos de baja y media resistencia (DQO < 3000 mg DQO L⁻¹) en términos de carga orgánica, nutrientes (nitrógeno y fósforo), sólidos suspendidos, etc. (Galanakis, 2020). El agua residual de frigorífico es clasificada como una de las aguas residuales más perjudiciales para el ambiente, según la Agencia de Protección Ambiental de Estados Unidos (EPA, *Environmental Protection Agency*, por sus siglas en inglés). La composición de estas aguas depende de los procesos industriales llevados a cabo y de la demanda de agua específica. La industria frigorífica produce grandes volúmenes de efluentes debido al sacrificio de animales y limpieza de equipos. En general, estos efluentes contienen altos valores de materia orgánica compuesta por grasas, proteínas y fibras (alta Demanda Bioquímica de Oxígeno, DBO) y altos valores de DQO debido a la presencia de sangre, grasa y mucosa. Las aguas residuales provenientes de la industria alimentaria también poseen alto contenido de nitrógeno, fósforo y Sólidos Suspendidos Totales (SST). Consecuentemente, su descarga puede ocasionar desoxigenación de ríos y contaminación de agua subterránea (Barbera & Gurnari, 2018). En los frigoríficos, la mayor parte de la contaminación es causada por la sangre y la mucosa intestinal y del estómago. Debido a la alta carga orgánica que poseen estos efluentes, es necesario tratarlos previamente a su descarga o disposición final.

En Argentina, estas concentraciones máximas de descarga están legisladas autónomamente por cada provincia, estableciendo los mecanismos de control, fiscalización y seguimiento de las actividades antrópicas que se vinculan a la gestión en materia hídrica, además de fijar estándares de emisión o efluente, estándares tecnológicos y ambientales para los vertidos de efluentes líquidos a diferentes cuerpos receptores.

En este trabajo se presenta el modelado de un biorreactor secuencial discontinuo (Secuential Batch Reactor, SBR) heterogéneo. La cinética es compleja, hecho que implica un grado adicional de dificultad al tratarse de un sistema biológico, compuesto por tres fases: gránulos (sólido), metabolitos (líquido) y biogás. Se investigaron dos modelos de anaerobiosis de la literatura, adaptados a las condiciones del sustrato alto en lípidos a digerir.

A continuación, se presenta la metodología usada en el trabajo, incluyendo aspectos relacionados con el modelado del reactor, la cinética, la obtención de datos experimentales y el ajuste de los modelos. Este trabajo forma parte de las

investigaciones desarrolladas en una tesis doctoral defendida recientemente (Degano 2026).

2 Metodología

Debido a la magnitud y alcance del modelo a implementar; es decir, un simulador dinámico que permita evaluar y optimizar operaciones de puesta en marcha y parada, simular procesos de diferentes etapas sucesivas y cíclicas que soporte adecuadamente perturbaciones importantes, se debe recurrir a un modelo que involucre un número importante de ecuaciones diferenciales ordinarias, fuertemente no lineales. En efecto, se trata de la solución numérica de modelos algebraico-diferenciales de gran tamaño, la cual depende en cierta medida de las herramientas matemáticas con las que se intente resolver el problema. Para llevar a cabo la implementación de los modelos que se presentan en este trabajo se utilizó el lenguaje de programación de código abierto Python.

La etapa experimental consta de la puesta en marcha del SBR anaerobio en tres etapas hasta alcanzar la carga adecuada para realizar el ajuste de parámetros de los modelos, a partir de datos experimentales de las principales variables de estado. Además, se prevé determinar la cinética con mayor bondad de ajuste usando los Criterios de Información Akaike y Bayesiano (Foubert et al., 2002).

2.1 Modelo del reactor

La operación global de un SBR se basa en cinco etapas: llenado (estático, mezclado o aireado), reacción, sedimentación, descarga y espera (incluyendo descarga de lodos). Cuando el reactor es anaerobio no se realiza la aireación. El llenado estático o mezclado depende de la cinética y la economía de los procesos.

Se propone un modelo riguroso dinámico heterogéneo para describir el sistema de tres fases gas-líquido-sólido presente en el SBR. La fase sólida consiste en los gránulos, compuestos por biomasa activa y no activa. La fase líquida está compuesta por especies químicas en solución (sustratos, productos, enzimas, iones y agua) y células suspendidas activas y no activas, las cuales son consideradas como solutos. La fase gaseosa está formada por los productos gaseosos provenientes de las etapas de degradación. La siguiente ecuación representa el balance de masa $\phi_{i,k}$ para el componente i en la fase k (líquido, sólido, gas):

$$\frac{A_c d(\varepsilon_k \phi_{i,k} H)}{dt} = Q_{k,in} \phi_{i,k,in} - Q_{k,out} \phi_{i,k} + \lambda V (\sum_j R_{i,k}^j + \sum_j T_{i,k}^j), k = L, S, G \quad (1)$$

donde A_c es el área transversal del reactor, ε_k es el holdup de la fase k , H es la altura del reactor, $Q_{k,in}$ y $Q_{k,out}$ es el caudal de entrada y salida de la fase k , respectivamente, λ es un parámetro que toma el valor cero o uno de acuerdo a si el agitador está apagado o encendido, respectivamente, V es el volumen de control y $\sum_j R_{i,k}^j + \sum_j T_{i,k}^j$ son los procesos de reacción, transferencia y transporte de masa (Degano, 2026).

En esta ecuación, las velocidades de flujo de entrada (*input*) y salida (*output*) para las fases líquida y sólida se calculan como $Q_{k,in} = \frac{V_{k,in}}{t_{k,in}}$ y $Q_{k,out} = \frac{V_{k,out}}{t_{k,out}}$. Como

condición inicial, se asume que el SBR es un sistema inoculado, por lo que $Q_{S,in} = 0$ hasta que ocurre un evento de carga de lodo. Asimismo, se asume que las variaciones de las fracciones volumétricas (*holdups*, ε_k) y de la altura del reactor H sólo ocurren durante las fases de llenado y descarga. Se asume que cuando el agitador se enciende (el parámetro λ toma el valor uno), las fases se mezclan y ocurren los procesos de reacción, transferencia y transporte.

Los modelos cinéticos incluyen procesos bioquímicos (crecimiento-consumo, muerte, hidrólisis, desagregación) y físico-químicos (balance de cargas, transferencia de masa gas-líquido), los cuales suceden dentro del reactor.

Se programa la secuencia de las etapas que componen cada ciclo, dividiendo el tiempo total del ciclo (t_c) en tiempo de llenado (t_l), tiempo de reacción anaerobia (t_{an}), tiempo de sedimentación (t_s), tiempo de descarga (t_d) y tiempo de espera (t_e). Durante los tiempos de llenado, sedimentación, descarga y espera, los parámetros λ y $k_L a$ se asignan con valor cero.

La Figura 1 esquematiza la secuencia de cada ciclo. Se programa la secuencia de ciclos hasta alcanzar el número máximo de ciclos (C_{max}) que se desea simular.

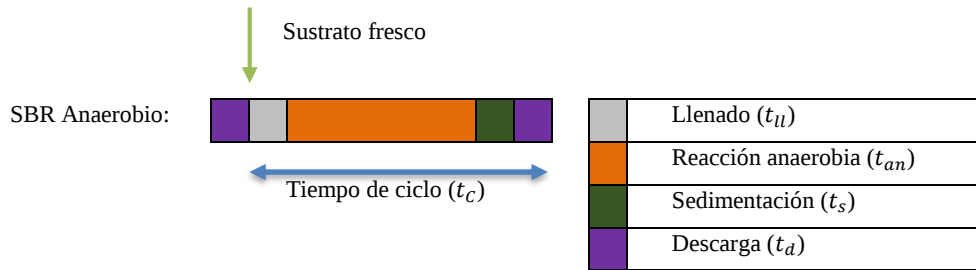


Fig. 1. Esquema de la secuencia por ciclo del SBR.

Por su versatilidad de uso y porque cuenta con licencia de código abierto, se utilizó la herramienta *solve_ivp* del módulo *SciPy* de Python para implementar y resolver el sistema de ecuaciones diferenciales y algebraicas (EDA) resultante, en donde también se escribe la programación de los ciclos (Degano, 2025). El método utilizado para resolver el sistema de ecuaciones fue BDF (*Backward Differentiation Formula*) debido a que es uno de los recomendados para resolver problemas de ecuaciones diferenciales rígidas, propios de estos sistemas que contienen múltiples y considerablemente diferentes escalas temporales (reacciones transitorias rápidas, como el consumo de sustrato y la hidrólisis, que ocurren simultáneamente con procesos más lentos como los de crecimiento y muerte celular).

Cinética. Atendiendo a la diversidad de modelos cinéticos desarrollados y mejorados que han ido surgiendo a lo largo de los últimos años, y los resultados de su implementación y validación, se seleccionaron dos modelos para simular la digestión anaerobia con el fin de comparar el ajuste y poder establecer cuál de ellos posee la cinética y estequiometría que representa en mejor medida el proceso a investigar: 1) el modelo Anaerobic Digestion Model 1 (Batstone et al., 2002) con la incorporación tanto

de los Ácidos Grasos de Cadenas Largas (AGCL) en el balance de cargas, como en la inhibición por adsorción de AGCL descrita en Palatsi et al. (2010), en adelante MAn1; y 2) el modelo de Angelidaki et al. (1999), en adelante MAn2.

Análisis estadístico sobre la bondad de ajuste de los modelos cinéticos. Con el objetivo de comparar la bondad de ajuste de los dos modelos anaerobios MAn1 y MAn2, a partir de los resultados experimentales y simulados, se hará uso del Criterio de Información de Akaike y del Criterio de Información Bayesiano (AIC y BIC, respectivamente, por sus siglas en inglés) para cada variable medida, de acuerdo a las siguientes ecuaciones (Foubert et al., 2002):

$$AIC = \frac{SRC}{N} \left(1 + \frac{2p}{N-p}\right) \quad (2)$$

$$BIC = N \log \left(\frac{SRC}{N} \right) + p \log(N) \quad (3)$$

donde *SRC* es la suma residual de cuadrados, *N* es el número de datos medidos y *p* es el número de parámetros en el modelo. El modelo con el menor valor de criterios es el seleccionado como el que mejor bondad de ajuste presenta.

2.2 Caso de estudio

El sustrato para realizar el presente trabajo fue recolectado de la corriente residual de un frigorífico de cerdos del departamento Unión (Provincia de Córdoba). Este efluente está compuesto por una mezcla de las fracciones sólida (vísceras, grasa, carne) y líquida (sangre). Esta mezcla es pasteurizada a 70 °C durante dos horas y luego es homogeneizada con inyección directa de vapor saturado a 120 °C y 1 bar de presión en las instalaciones del frigorífico. Las muestras son almacenadas a 4 °C hasta su posterior uso. Para el llenado de los reactores, el sustrato es previamente diluido hasta la carga orgánica deseada.

Las determinaciones de Sólidos Totales (ST) y Sólidos Volátiles (SV) se realizaron conforme a los métodos APHA 2540-B y 2540-E, respectivamente. Se centrifuga el sustrato (3500 g - 10 minutos) y se pasa por un filtro de celulosa (0,45 µm) para eliminar los sólidos suspendidos antes de medir las especies químicas solubles: Nitrógeno Amoniacal Total (NAT), DQO soluble, alcalinidad total, ácidos acético, propiónico y butírico. Las mediciones de DQO y NAT se realizaron con el fotómetro multiparamétrico HANNA 83099, con sus respectivos reactivos de acuerdo a la adaptación del método USEPA 410.4 para la medición de DQO y la adaptación del método ASTM D1426-92 (método Nessler) para la medición de NAT. El Nitrógeno Total Kjeldahl (NTK) se realizó siguiendo el método AOAC 928.08. Las grasas se midieron mediante extracción Soxhlet con hexano según el método AOAC 960.39. Para la medición de los Ácidos Grasos Volátiles (AGV), se acidifica la muestra centrifugada y filtrada hasta pH 2 con H₂SO₄ al 50 %; posteriormente se realizan 2 extracciones de 2 mL a una alícuota de 4 mL con dietil éter, según lo descrito en Banel & Zygmunt (2011). La fase orgánica se analizó por cromatografía gaseosa con detección FID, con una columna ZB-WAX (60 m. x 0,25 mm. x 0,25 µm.) y gas nitrógeno de alta pureza como gas carrier a una velocidad de flujo de 40 mL min⁻¹ (split ratio 25,429). La columna tuvo una temperatura inicial de 40 °C (2 min de tiempo de retención), la cual

se incrementó a 20 °C min⁻¹ hasta 160 °C. El incremento posterior fue de 40 °C min⁻¹ hasta 220 °C (6 min de tiempo de retención). La temperatura del inyector y del detector fue de 250 °C. El contenido de carbono orgánico del sustrato se determinó aplicando el factor de 1,7241 g SV g C⁻¹ (Cuetos et al., 2008).

Los lípidos representan la mayor parte del contenido de SV (71,37 %), seguido por la proteína que representa el 25,66 % de los SV. Esto indica que el residuo de frigorífico de cerdos puede ser considerado como un sustrato rico en lípidos. Asimismo, el butirato total es el principal AGV, seguido por el propionato total y acetato total.

En la Tabla 1 se visibilizan las estimaciones de las especies químicas que componen la DQO (total, τ ; y soluble, s) del sustrato. Este fraccionamiento aproximado de la DQO muestra que el AGCL es el principal componente de la DQO_T (48,76 %) y de la DQO_S (71,34 %). Además, el lípido particulado representa el 25,80 % de la DQO_T.

Tabla 1. Valores estimados para las especies químicas que componen la DQO del sustrato.

Especie química	Concentración (g L ⁻¹)	DQO teórica (g DQO L ⁻¹)
Carbohidrato particulado	3,65	3,87
Proteína particulada	13,44	20,56
Lípido particulado	37,40	107,62
Glucosa	6,91	8,19
Aminoácidos	25,42	27,63
AGCL	70,73	203,35
Ácido acético	7,50	8,00
Ácido propiónico	10,79	16,33
Ácido butírico	11,84	21,53
Carbono Inorgánico	0,47 ¹	-
Nitrógeno Inorgánico	0,34 ²	-

1. Concentración en mol C L⁻¹; 2. Concentración en mol N L⁻¹.

El reactor secuencial discontinuo anaerobio tiene una capacidad de 6 L (relación altura/diámetro de 2,53). Es de acrílico transparente y posee un sistema de control de agitación y temperatura. En la parte superior cuenta con una boca de alimentación para la carga, descarga y toma de muestra, y un orificio más pequeño conectado a una válvula para colectar el biogás que se acumula en la parte superior (headspace).

3 Resultados y análisis

3.1 Puesta en marcha del SBR

El reactor fue cargado con 5 L de lodo granular proveniente de un reactor anaerobio de flujo ascendente (UASB, siglas en inglés) ubicado en el departamento de Famaillá, provincia de Tucumán, el cual trata efluentes producidos en una industria citrícola.

El SBR anaerobio se mantuvo en constante agitación (90 rpm) y a 35 °C durante 7 días hasta que la producción de gas disminuyó. Luego se dejó sedimentar el lodo 2 horas y se retiró el sobrenadante, dejando 2,75 L de lodo en el reactor.

Con el objetivo de ajustar los tiempos de ciclo, se evaluaron dos condiciones de carga en el reactor: 0,60 g DQO L⁻¹ d⁻¹ y 1,56 g DQO L⁻¹ d⁻¹. Cada 6-8 horas se midieron variables como: DQO_T y DQO_S, NAT, alcalinidad total, pH, volumen de biogás y contenido de metano.

En la Figura 2.I se observa que, luego de las primeras 24 horas de ciclo, los valores experimentales de DQO_T y DQO_S se mantuvieron alrededor de 5000 mg DQO L⁻¹ y 500 mg DQO L⁻¹, respectivamente, para ambas cargas.

En la Figura 2.II se observa que la mayor parte del biogás generado se produce en las primeras 24 horas de ciclo para ambas cargas, a saber: 72,2 % para la carga de 0,6 g DQO L⁻¹ d⁻¹ y 67,0 % para la carga de 1,56 g DQO L⁻¹ d⁻¹. Además, el volumen de biogás acumulado aumenta un 56,3 % al aumentar la carga.

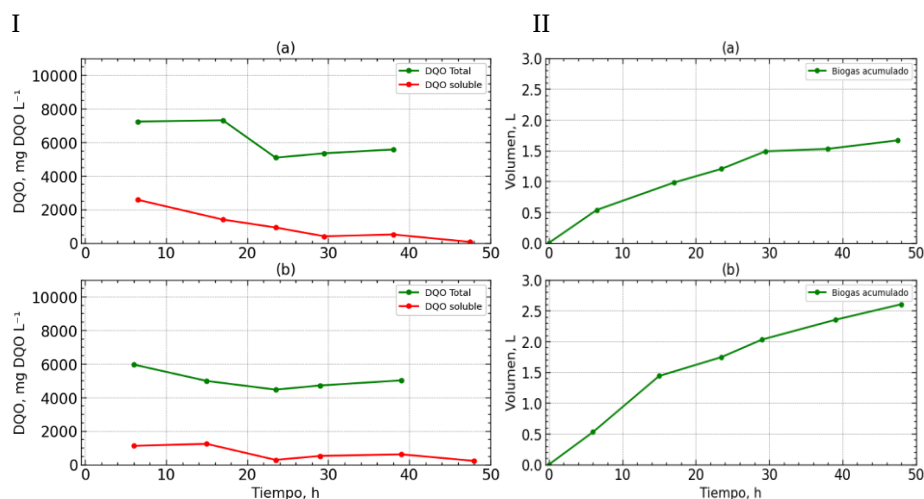


Fig. 2. I-Variación de DQO_T y DQO_S y II- Volumen de biogás producido: (a) carga 0,6 g DQO L⁻¹ d⁻¹, (b) carga 1,56 g DQO L⁻¹ d⁻¹.

Los resultados mencionados evidencian que el sustrato es degradado en las primeras 24 horas de ciclo; posterior a ese tiempo, la DQO total remanente se mantiene constante y se considera que corresponde a la biomasa y al material inerte presentes. Por lo tanto, la mayor velocidad de producción de biogás se produce en las primeras 24 horas de ciclo y no existe acumulación de AGV anterior o posterior al aumento de carga (datos no mostrados). Por ello se considera prudente reducir el tiempo total de ciclo a 24 horas, aumentando consecuentemente la carga a 3,2 g DQO L⁻¹ d⁻¹. Durante 213 ciclos más, el valor medido de remoción de la DQO_S se mantuvo alrededor del 90,22 %.

3.2 Ajuste de los modelos MAn1 y MAn2

Para realizar el ajuste de los modelos MAn1 y MAn2, se estableció un tiempo total de ciclo de 24 horas de acuerdo con la siguiente secuencia: 0,25 horas de llenado, 23 horas de reacción (35 °C y 70 rpm), 0,5 horas de sedimentación y 0,25 horas de descarga. El volumen inicial del reactor es de 2,5 L, de los cuales 1 L corresponde a la fracción sólida y 1,5 L a la líquida, aproximadamente. El volumen de sustrato (hidrolizado) ingresado por ciclo es 2,75 L. Ese mismo valor corresponde al volumen del sobrenadante que se retira luego de la etapa de decantación de cada ciclo. El reactor se mantuvo operando por 213 ciclos alcanzando un estado pseudoestacionario.

Se midieron las variables pH, ácido acético, propiónico y butírico, volumen de biogás, contenido de metano, NAT y AT con la misma metodología descrita anteriormente. Asimismo, se midió DQO_T y DQO_S inicial y final de cada ciclo para conocer la eficiencia de remoción de materia orgánica.

A los efectos de los modelos de digestión anaerobia, para estimar la concentración inicial de cada especie biológica, se consideró que el 50 % de la DQO del lodo corresponde a la biomasa activa, la cual se dividió en partes iguales para todas las especies biológicas presentes. Con el objetivo de calcular los valores de estado pseudoestacionario, se simularon 15 ciclos previos consecutivos y para inicializar las variables de estado se tomó la concentración final de cada especie biológica resultante de dicha simulación como valor inicial para el ciclo en estudio, en donde las simulaciones mostraron una convergencia en el perfil microbiano para este tipo de sustrato. De igual forma, la concentración inicial de las especies químicas resultaron ser las concentraciones finales de dicha simulación.

Las simulaciones realizadas usando los parámetros de referencia para MAn1 y MAn2, sobreestimaron la producción de metano. Por esta razón, se decidió ajustar por simulación (ajuste manual) algunos parámetros previamente seleccionados debido a su fuerte relación con la presencia de sustratos complejos como lípidos y proteínas, hasta observar tendencias similares a las medidas en el reactor con respecto al volumen de metano, AGVs, pH y NAT. Dichos parámetros son: coeficiente de velocidad de hidrólisis de proteínas ($k_{h,p}$) y consumo de aminoácidos ($k_{m,aa}$), constante de saturación media de AGCL ($k_{s,AGCL}$) y coeficiente de velocidad de consumo de AGCL ($k_{m,ac}$) en ambos modelos; coeficiente de velocidad de hidrólisis de lípidos ($k_{h,l}$) y consumo de ácido acético ($k_{m,ac}$) para el modelo MAn1; y coeficiente de velocidad de hidrólisis de carbohidratos ($k_{h,ch}$) y consumo del proceso de lipólisis ($k_{m,lip}$) para el modelo MAn2. Asimismo, por la particularidad del sustrato, la constante de inhibición por AGCL ($k_{i,AGCL}$) es estimada para ambos modelos. La Tabla 2 muestra los valores de referencia y ajustados de los parámetros mencionados.

La Figura 3 muestra los valores experimentales de las variables medidas y los valores simulados haciendo uso de los modelos MAn1 y MAn2, teniendo en cuenta el ajuste anterior. Algunos valores ajustados y de referencia están en diferentes órdenes de magnitud, esto se debe a que en este trabajo el lodo es retenido en la etapa de sedimentación, evitando su salida (lavado) y aumentando la edad del mismo, mientras que los valores de referencia en la bibliografía fueron obtenidos utilizando la tecnología de mezcla completa (CSTR, *Complete Stirred Tank Reactor*). A modo de ejemplo, se muestran los resultados para cuatro ciclos de funcionamiento del biorreactor.

Tabla 2. Valores de los parámetros de referencia y de ajuste para MAn1 y MAn2.

Modelo	Parámetro	Valor de referencia	Valor ajustado	Unidades
MAn1 y MAn2	$k_{h,p}$	0,2	10	d ⁻¹
	$k_{m,aa}$	50	10	d ⁻¹
	$k_{s,AGCL}$	0,4	0,04	g DQO L ⁻¹
MAn1	$k_{h,L}$	0,1	1	d ⁻¹
	$k_{m,ac}$	8	15	d ⁻¹
	$k_{m,AGCL}$	6	3	d ⁻¹
	$K_{I,AGCL}$	2730	2,73	g DQO L ⁻¹
MAn2	$k_{h,CH}$	0,25	10	d ⁻¹
	$k_{m,lip}$	128	50	d ⁻¹
	$k_{m,AGCL}$	6	0,75	d ⁻¹
	$K_{I,AGCL}$	14,38	1,5	g DQO L ⁻¹

El contenido promedio de metano en el biogás obtenido experimentalmente fue de 68,47 %, el cual se corresponde con trabajos publicados anteriormente (Aziz et al., 2022). La máxima producción de metano obtenida estuvo alrededor de los 4,25 L d⁻¹ y la remoción promedio de DQO_S y DQO_T fue de 93,15 % y 93,22 %, respectivamente. Estos resultados son similares a aquellos publicados en la literatura (Aziz et al., 2022; Rajab et al., 2017). La producción de biogás y metano se incrementó a lo largo del tiempo de ciclo a diferentes velocidades, pero la curva de producción acumulada de gas no presenta una meseta al final ni una fase de latencia al comienzo del ciclo, lo que indica que el tiempo de reacción es apropiado para este sistema y confirma que la operación es estable. La forma de la curva de metano acumulado es consistente con aquellos sistemas que trabajan a altas cargas y con bajas relaciones sustrato/inóculo para este sustrato en particular (Ripoll et al., 2023). La Figura 3 (a y b) muestra una predicción satisfactoria de ambas corrientes gaseosas en todos los ciclos.

Los valores de NAT estuvieron siempre entre 75 y 125 mg N-NH₃ L⁻¹, y se incrementó durante el tiempo de reacción en cada ciclo. Sin embargo, la forma de este incremento se asemejó a una función de primer orden en los primeros dos ciclos y a una forma sigmoidea en los últimos dos ciclos. Este comportamiento puede ser debido a una acumulación parcial de NAT. Las simulaciones de los modelos MAn1 y MAn2 no muestran una forma sigmoidea, sino un rápido incremento de NAT al comienzo de cada ciclo y luego el valor se mantiene estable hasta que el tiempo de reacción termina, como se muestra en la Figura 3 (c).

Las mediciones de AT presentaron valores entre 500 y 900 mg CaCO₃ L⁻¹. El comportamiento de la AT durante un ciclo fue similar al descrito para el NAT. Sin embargo, ambos modelos sobreestiman la AT considerablemente, como se ilustra en la Figura 3 (d). Por esta razón, la concentración de ion palmitato fue removido de la ecuación para la simulación de la AT asumiendo que el palmitato es retenido en la fase sólida luego de la centrifugación debido a una eventual adsorción a las células.

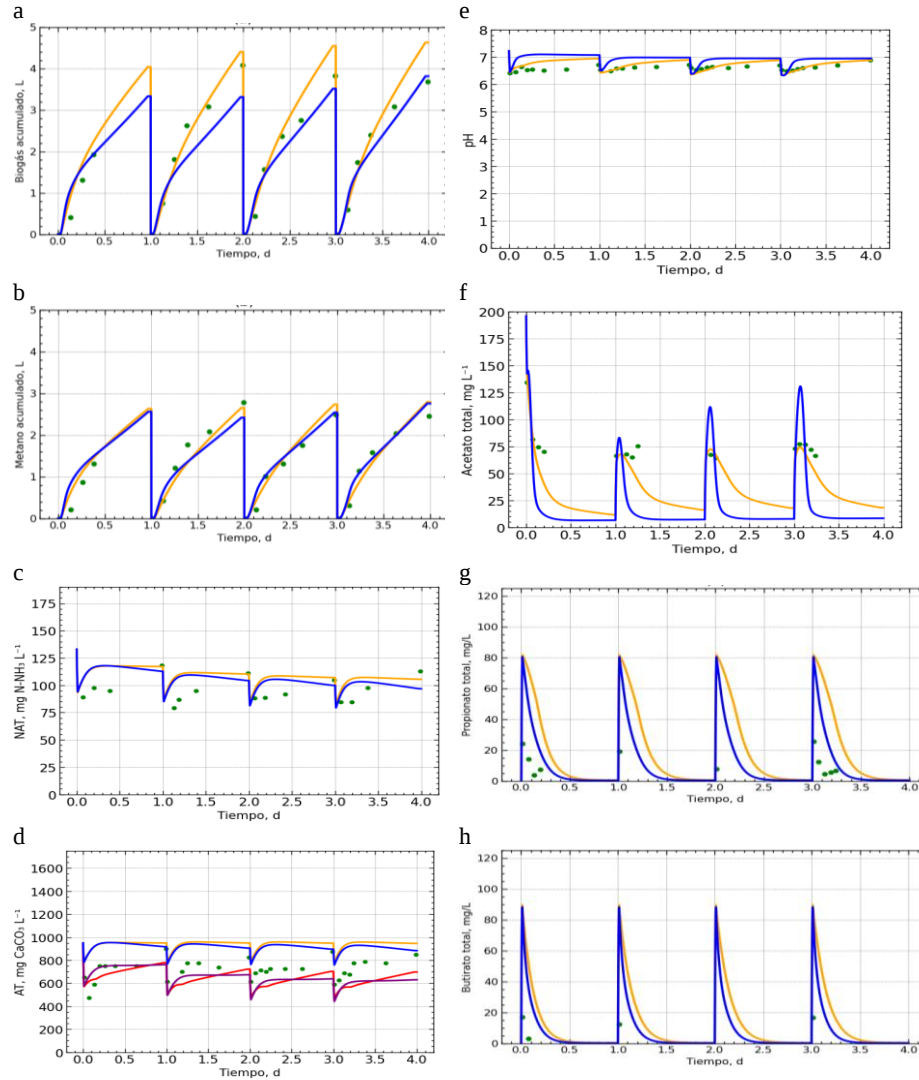


Fig. 3. Valores experimentales (círculo verde) y simulados (línea azul para MAN1 y línea naranja para MAN2): (a) biogás acumulado; (b) metano acumulado; (c) NAT; (d) AT, las líneas violeta y roja corresponden a las simulaciones sin el ion palmitato para el modelo MAN1 y MAN2, respectivamente; (e) pH; (f) acetato total; (g) propionato total; (h) butirato total.

Cuando la AT es simulada sin considerar a los iones palmitato, se pudo reproducir satisfactoriamente el primer ciclo, pero en los tres ciclos posteriores la AT fue subestimada. Se puede deducir que una parte de los AGCL son adsorbidos en las paredes celulares, y otra parte se mantiene en la fase líquida. Si bien a los fines del presente trabajo es satisfactorio considerar que la totalidad de los AGCL quedan retenidos en la fase sólida, se sugiere considerar un equilibrio de partición líquido-

sólido para futuras investigaciones. Otra hipótesis es que los AGCL son consumidos a una mayor velocidad. Sin embargo, cuando se simula un aumento en la velocidad de consumo de los AGCL, se sobreestima la producción de metano.

El pH medido estuvo siempre cercano a la neutralidad, comenzando con valores alrededor de 6,45 y finalizando con valores cercanos a 6,9 en cada ciclo. Se puede observar en la Figura 3 (e) que el modelo MAn2 representa mejor la variación de pH, mientras que la simulación del modelo MAn1 muestra un aumento pronunciado del pH inicial que luego se mantiene hasta la finalización del ciclo sobreestimando el valor experimental.

El acetato total revela un pico en las primeras 3 a 5 horas desde el comienzo de ciclo, y luego de 9 horas de reacción su concentración se encuentra por debajo del límite de detección (50 mg L^{-1}) en todos los ciclos. La Figura 3 (f) representa la simulación del acetato total donde se puede apreciar que MAn2 simula correctamente estos picos de acetato; mientras que MAn1 simula picos más altos, los cuales van incrementando en altura de ciclo a ciclo. Esta acumulación de acetato total entre ciclos simulados por MAn1 no se corresponde con los datos obtenidos.

Las concentraciones de butirato total y propionato total estuvieron siempre cerca del límite de detección (5 mg L^{-1}). Para ambos ácidos se muestra una curva fuertemente decreciente al comienzo de cada ciclo. Luego de 2 a 3 horas de reacción, no pudo ser determinada la concentración de ambos ácidos (valores menores a 5 mg L^{-1}). Ambos modelos simulaban este decrecimiento inicial de propionato total y butirato total, pero su consumo real en el reactor ocurre aún más rápido, como se muestra en la Figura 3 (g y h).

3.3 Selección del modelo cinético con mejor bondad de ajuste

La Tabla 3 presenta los valores AIC, BIC y SRC de los modelos MAn1 y MAn2 ajustados para todas las variables medidas y simuladas, representadas en la Figura 3. El valor de p es 120 para MAn2 y 138 para MAn1, mientras que el valor de N es 18 para ambos modelos. Se puede observar que el modelo MAn2 se presenta como el mejor modelo para simular todas las variables al obtener los valores más bajos de AIC y BIC. Sin embargo, esto no siempre es debido a que presenta valores más bajos de SRC, sino más bien por la penalización que consideran ambos criterios en sus ecuaciones al modelo que cuenta con un mayor número de parámetros p (en este caso, MAn1). MAn2 presenta valores más bajos de la SRC para metano acumulado, biogás acumulado, acetato total y pH; pero MAn1 exhibe valores más bajos de la SRC para las otras variables (propionato total, butirato total, NAT y AT).

Cuando se suprime la concentración del ión palmitato de la ecuación de la AT, el valor de la SRC para la AT en ambos modelos se reduce considerablemente (65,17 % para MAn2 y 58,37 % para MAn1) y la SRC del modelo MAn1 pasa a ser 0,91 % mayor al de la SRC del modelo MAn2. Asimismo, los valores de la SRC del modelo MAn1 son 764,01 %, 347,37 %, 36,79 % y 12,13 % más altos que los correspondientes al modelo MAn2 para las variables acetato total, pH, metano acumulado y biogás acumulado, respectivamente. De la misma forma, los valores de la SRC del modelo MAn2 son 39,97 %, 16,94 % y 12,21 % más altos que los correspondientes a los del modelo MAn1 para el propionato total, butirato total y NAT, respectivamente.

Es de amplio conocimiento que el volumen de metano, el pH, la concentración de acético y NAT, y la AT son las variables más importantes a controlar en un reactor que

produce biogás. Como MAn2 presenta valores más bajos de AIC y BIC que el modelo MAn1 para todas las variables medidas, y predice mejor la mayoría de las variables de control importantes (biogás y metano acumulado, pH, acetato total y AT), MAn2 es seleccionado como el mejor modelo para simular el desempeño del SBR anaerobio.

Aunque MAn1 presentó valores más bajos de la SRC para el NAT, la diferencia que existe con el del modelo MAn2 no es altamente significativa, y la forma de la curva es similar en ambos modelos. De la misma forma, las SRC del propionato total y del butirato total son considerablemente menores en MAn1 que en MAn2, pero se determina que la concentración de ácido acético reviste mayor importancia para evaluar el comportamiento del reactor anaerobio.

Finalmente, tras la determinación de la cinética más adecuada, el modelado global del reactor constituye un instrumento fundamental para la gestión y optimización de sistemas de digestión anaerobia aplicados a efluentes complejos.

Tabla 3. Valores de los criterios AIC y BIC de los modelos MAn1 y MAn2 ajustados.

Variable	Modelo	SRC	AIC	BIC
Metano acumulado	MAn1	1,45	258,33	154,81
	MAn2	1,06	217,87	128,51
Biogás acumulado	MAn1	3,05	264,13	160,61
	MAn2	2,72	225,22	135,86
Acetato total	MAn1	27181,02	335,22	231,70
	MAn2	3145,93	280,36	191,00
Propionato total	MAn1	20197,35	332,90	229,38
	MAn2	33643,95	298,89	209,52
Butirato total	MAn1	26316,00	334,97	231,45
	MAn2	30773,13	298,19	208,82
NAT	MAn1	3579,04	319,37	215,86
	MAn2	4016,17	282,27	192,91
AT	MAn1	1115072,00	364,27	260,74
	MAn2	1320483,13	327,59	238,21
	MAn1 ¹	464154,23	357,41	253,89
	MAn2 ¹	459941,28	319,33	229,97
pH	MAn1	3,40	264,97	161,45
	MAn2	0,76	215,23	125,86

1. AT sin ion palmitato.

4 Conclusiones

Se presentó un modelo de reactor secuencial discontinuo (SBR) que permitió simular la operación cíclica de un proceso de degradación anaerobia, teniendo en cuenta las tres fases (sólido, líquido, gas) presentes en el reactor.

Se estudió la puesta en marcha de un SBR a escala de laboratorio (6 L) alimentado con un hidrolizado de la industria frigorífica con un alto contenido de proteínas y lípidos, en ciclos de 48 horas bajo dos condiciones de carga (0,6 y 1,56 g DQO L⁻¹ d⁻¹), determinándose que el biogás se produce principalmente durante las primeras 24 horas de ciclo. Este resultado permitió definir el tiempo y la carga orgánica (3,2 g DQO L⁻¹ d⁻¹) para operar el reactor y obtener datos experimentales de las principales variables de estado (NAT, AT, AGV, pH, volumen de biogás y metano) para el ajuste del modelo. Se obtuvo una eficiencia de 93 % de remoción de DQO y un 68 % de metano en el biogás.

Se evaluaron dos modelos cinéticos (MAN1 y MAN2). El análisis de bondad de ajuste a través del cálculo de los criterios AIC y BIC evidenciaron una mejor correlación entre datos experimentales y simulados usando la cinética descrita por el modelo de Angelidali y colaboradores (MAN2), previo ajuste de los parámetros: coeficiente de velocidad de hidrólisis de carbohidratos, consumo del proceso de lipólisis y la constante de inhibición por AGCL.

El ajuste de parámetros de los modelos cinéticos para la correcta representación de los valores medidos en el reactor, y la necesidad de considerar la remoción del palmitato de la fase sólida para correlacionar las mediciones con las simulaciones de AT, limitan los resultados obtenidos al uso de este tipo de sustrato ricos en lípidos y proteínas.

Una vez establecida la cinética, el modelo global del reactor se convierte en una herramienta clave para el diseño, simulación y optimización de la digestión anaerobia de efluentes agroindustriales complejos. Este enfoque emplea tecnologías escalables, comunes en el ámbito de las pequeñas y medianas empresas.

References

- Angelidaki, I., Ellegaard, L., & Ahring, B. K. (1999). A comprehensive model of anaerobic bioconversion of complex substrates to biogas. *Biotechnology and Bioengineering*, 63(3), 363–372.
- Aziz, A., Rameez, H., Sengar, A., Sharma, D., Farooqi, I. H., & Basheer, F. (2022). Biogas production and nutrients removal from slaughterhouse wastewater using integrated anaerobic and aerobic granular intermittent SBRs – Bioreactors stability and microbial dynamics. *Science of the Total Environment*, 848(July), 157575.
- Banel, A., & Zygmunt, B. (2011). Application of gas chromatography-mass spectrometry preceded by solvent extraction to determine volatile fatty acids in wastewater of municipal, animal farm and landfill origin. *Water Science and Technology*, 63(4), 590–597. <https://doi.org/10.2166/wst.2011.204>
- Barbera, M., & Gurnari, G. (2018). Water Reuse in the Food Industry: Quality of Original Wastewater Before Treatments. 1–16.
- Batstone, D. J., Keller, J., Angelidaki, I., Kalyuzhnyi, S. V., Pavlostathis, S. G., Rozzi, A., Sanders, W. T. M., Siegrist, H., & Vavilin, V. A. (2002). *Anaerobic Digestion Model N°1*. IWA Publishing, 1(13).

- Cuetos, M. J., Gómez, X., Otero, M., & Morán, A. (2008). Anaerobic digestion of solid slaughterhouse waste (SHW) at laboratory scale: Influence of co-digestion with the organic fraction of municipal solid waste (OFMSW). *Biochemical Engineering Journal*, 40(1), 99–106. <https://doi.org/10.1016/j.bej.2007.11.019>
- Degano, S. (2025). Código para el modelado y la simulación del tratamiento biológico combinado de aguas residuales. GitHub.
[https://github.com/Salvadordegano/Tratamiento combinado de aguas residuales](https://github.com/Salvadordegano/Tratamiento_combinado_de_aguas_residuales)
- Degano, S. (2026). *Desarrollo de sistemas integrados para el tratamiento de efluentes y la producción de biogás. Modelado y optimización* [Tesis de Doctorado, Universidad Nacional de Villa María].
- Foubert, I., Vanrolleghem, P. A., Vanhoutte, B., & Dewettinck, K. (2002). Dynamic mathematical model of the crystallization kinetics of fats. *Food Research International*, 35(10), 945–956. [https://doi.org/10.1016/S0963-9969\(02\)00157-6](https://doi.org/10.1016/S0963-9969(02)00157-6)
- Galanakis, C. (2020). The interaction of Food Industry and Environment. In C. Galanakis (Ed.), *The Interaction of Food Industry and Environment*. Elsevier Inc.
- Palatsi, J., Illa, J., Prenafeta-Boldú, F. X., Laureni, M., Fernandez, B., Angelidaki, I., & Flotats, X. (2010). Long-chain fatty acids inhibition and adaptation process in anaerobic thermophilic digestion: Batch tests, microbial community structure and mathematical modelling. *Bioresource Technology*, 101(7), 2243–2251.
- Rajab, A. R., Salim, M. R., Sohaili, J., Anuar, A. N., Salmiati, & Lakkaboyana, S. K. (2017). Performance of integrated anaerobic/aerobic sequencing batch reactor treating poultry slaughterhouse wastewater. *Chemical Engineering Journal*, 313, 967–974.
- Ripoll, V., Agabo-García, C., Solera, R., & Perez, M. (2023). Anaerobic digestion of slaughterhouse waste in batch and anaerobic sequential batch reactors. *Biomass Conversion and Biorefinery*, 13(13), 11457–11468.