

Modelowanie procesu fermentacji metanowej z wykorzystaniem adm1.

Streszczenie

Kurczące się zapasy paliw kopalnych, jak również troska o środowisko naturalne przyczyniły się do wzrostu zainteresowania sektorem energii odnawialnych. Jednym z możliwych źródeł energii odnawialnej są paliwa pozyskiwane z biomasy. Paliwo z biomasy może być wytworzone na drodze procesów fizykochemicznych (takich jak piroliza) oraz biologicznych (fermentacja). Jednym z ważnych procesów mikrobiologicznych, który umożliwia uzyskanie paliwa z biomasy jest fermentacja metanowa. Zaletami tego procesu są: mały stopień skomplikowania wymaganej infrastruktury, potencjalnie szeroki wachlarz substratów oraz brak wymogu sterylności.

Fermentacja metanowa jest złożonym procesem mikrobiologicznym, w którym materia organiczna jest przetwarzana do biogazu (mieszaniny dwutlenku węgla oraz metanu), wody i związków mineralnych. Rozkład materii organicznej przebiega wieloetapowo z udziałem mikroorganizmów należących do wielu różnych grup taksonomicznych. Stabilność produkcji biogazu uzależniona jest od zachowania równowagi pomiędzy poszczególnymi etapami pośrednimi. Nagromadzenie kwaśnych produktów pośrednich może prowadzić do zakwaszenia środowiska reakcji i w konsekwencji do zahamowania produkcji biogazu.

Wrażliwość ekosystemu prowadzącego fermentację metanową na zmiany utrudnia podniesienie wydajności działających instalacji przeznaczonych do produkcji biogazu. Zachowanie takiego systemu można symulować przy użyciu odpowiednich modeli matematycznych (na przykład Anaerobic Digestion Model No.1 – ADM1). Zastosowanie modelowania matematycznego może być pomocne w określeniu granicznych warunków, dla których produkcja biogazu będzie wciąż zachodziła wydajnie. Poprawność symulacji warunkowana jest jednak dokładnością wyznaczenia zmiennych opisujących stan początkowy układu oraz parametrów modelu.

Celem niniejszej pracy było opracowanie narzędzi pozwalających na dostarczenie danych wymaganych do symulowania procesu fermentacji metanowej. Dane te obejmowały charakterystykę stanu początkowego złoża metanogennego oraz zestaw parametrów opisujących rozkład wybranych substratów.

Opracowano zestaw parametrów charakteryzujących w modelu ADM1 wybrane potencjalne substraty przeznaczone do produkcji biogazu. Wyznaczono parametry opisujące stechiometrię rozkładu wybranych substancji oraz stałe określające szybkość procesu ich dezintegracji oraz hydrolizy. Parametry stechiometryczne wyznaczono na podstawie analizy składu substratów, natomiast do wyznaczenia stałych szybkości reakcji posłużyły krzywe produkcji biogazu uzyskane w wyniku fermentacji prowadzonej w warunkach okresowych.

Zastosowana metodologia pozwoliła na określenie parametrów wymaganych przez model ADM1 w przypadku substratów złożonych (w głównej mierze pochodzenia roślinnego) takich jak makuch roślin oleistych, oraz łuski nasion słonecznika. Poprawność uzyskanych parametrów potwierdziła zbieżność symulacji z danymi eksperymentalnymi uzyskanymi dla procesu prowadzonego w trybie ciągłym.

Modelowanie matematyczne może być również pomocne w planowaniu procedury procesu rozruchu reaktora metanogennego. Ponieważ na tym etapie ilość mikroorganizmów w reaktorze jest stosunkowo mała, czynnik ten limituje możliwą szybkość podawania substratu. Aby prognoza oparta na modelu matematycznym mogła być wykorzystana do planowania rozruchu reaktora musi opierać się na dobrze opracowanych danych wejściowych opisujących system, dlatego też w dalszej części pracy skupiono się na opracowaniu metody pozwalającej na oszacowanie początkowej wielkości populacji mikroorganizmów warunkujących szybkość produkcji metanu.

W trakcie badań stwierdzono, że reakcjami przebiegającymi najwolniej w badanej populacji mikroorganizmów jest rozkład kwasu octowego oraz utlenianie kwasu propionowego. Na podstawie prostych testów fermentacyjnych prowadzonych w trybie wsadowym określono wielkość populacji bakterii utleniających kwas propionowy oraz archeonów acetoklastycznych. Dane te w dalszej kolejności wykorzystano w symulacji procesu rozruchu reaktora metanogennego. Model pozwolił na dokładne odtworzenie zmiennych procesowych takich jak pH, produkcja biogazu oraz stężenie lotnych

kwasów organicznych, jak również dynamikę rozwoju populacji mikroorganizmów odpowiedzialnych za rozkład kwasu octowego oraz propionowego.

Analiza populacji mikroorganizmów przy użyciu techniki FISH pozwoliła na zidentyfikowanie bakterii utylizujących kwas masłowy należących do rodzaju *Syntrophomonas*, bakterii utleniających kwas propionowy należących do rodzaju *Syntrophus*. W badanym materiale wyłączną grupę archeonów odpowiedzialnych za rozkład kwasu octowego stanowiły *Methanosaeta*. Uzyskanie danych ilościowych dotyczących składu populacji mikroorganizmów wymaga dalszego udoskonalania technik przygotowania preparatów mikroskopowych oraz udoskonalenia narzędzi cyfrowej analizy obrazu.

Stosowanie modelu matematycznych do opisu procesu fermentacji metanowej powinno ułatwić sterowanie instalacjami fermentacyjnymi oraz pomóc w szkoleniu pracowników odpowiedzialnych za obsługę tego typu infrastruktury (symulatory szkoleniowe). Przeprowadzone badania dostarczają danych oraz narzędzi niezbędnych do upowszechnienia stosowania modeli matematycznych w projektowaniu oraz obsłudze bioreaktorów biogazowych.