

Estudio hidrodinámico del reactor biológico de la EDAR Granollers

Por:

David Olivet Santana, Joan Valls Puig, M. Àngels Gordillo Bolasell, Antoni Sánchez Ferrer.*

Àngel Freixó Rey. **

* Escola Universitària Politècnica del Medi Ambient

Rbla Pompeu Fabra 1

08100-Mollet del Vallès (Barcelona)

Tel.: 93.5796784

Fax: 93.5796785

Email: asanchez@eupma.uab.es

** Consorci per a la Defensa de la Conca del Riu Besòs

Camí Ral s/n

08400-Granollers (Barcelona)

Tel.: 93.8791193

Fax: 93.8795926

Email: freixora@diba.es

Resumen

Uno de los puntos clave en el funcionamiento de los reactores biológicos utilizados en el tratamiento de aguas residuales es su comportamiento hidrodinámico. Normalmente, los reactores biológicos se diseñan de acuerdo a modelos de flujo ideal, concretamente los modelos de tanque agitado y el modelo de flujo en pistón. Sin embargo, los reactores reales presentan funcionamientos distintos a estos modelos ideales debido fundamentalmente a la presencia de varias fases (biomasa, fase líquida, aire, etc.) y los rendimientos de depuración reales pueden diferir significativamente de los valores teóricos de diseño.

En el presente trabajo se utiliza la técnica de distribución de tiempo de residencia (DTR) para el estudio de un reactor real biológico de tipo pistón operativo en la Estación Depuradora de Aguas Residuales (EDAR) Granollers (Barcelona).

Palabras clave: EDAR, reactor biológico, DTR, flujo pistón, tanque agitado.

1. Introducción

Se puede definir una estación depuradora de aguas residuales (EDAR) como una instalación destinada a la reducción de la contaminación que contienen las aguas residuales antes de ser vertidas a un medio receptor. En una EDAR se suceden operaciones de todo tipo para lograr dicha reducción de la carga contaminante, y la tendencia actual es que prácticamente todas las EDAR destinadas al tratamiento de aguas residuales urbanas incorporen un sistema biológico para la eliminación de materia orgánica (tratamiento secundario) además de ciertos nutrientes como nitrógeno y fósforo (tratamiento terciario).¹

Los reactores biológicos son normalmente el punto clave de la depuración, ya que son los sistemas en los cuales se produce una descontaminación superior de las aguas. Estos reactores son habitualmente sistemas hidrodinámicamente muy complejos, ya que al propio movimiento del flujo hay que sumar la presencia de elevadas cantidades de distintos grupos de microorganismos, así como la habitual aportación de aire como fuente de oxígeno para la oxidación de la materia orgánica y del nitrógeno amoniacal.

Esta complejidad real de los reactores biológicos no se tiene en cuenta, sin embargo, en el diseño hidráulico del reactor, parámetro clave para fijar el rendimiento del reactor ya que condiciona variables como el tiempo de residencia hidráulico o incluso el tiempo de residencia celular. Los modelos ideales tradicionalmente utilizados incluyen:²

- El modelo de reactor continuo de tanque agitado (RCTA) basado en la mezcla perfecta de todos los elementos del reactor.
- El modelo de reactor continuo de flujo pistón (RCFP) en el que los elementos del flujo avanzan en forma de pistón sin mezclarse entre ellos.

Como consecuencia de esta simplificación, los resultados reales de depuración pueden ser distintos de los valores de diseño, pudiendo llegar a producirse importantes disfunciones en los reactores reales.

Una de las técnicas utilizadas para investigar *a posteriori* las desviaciones respecto a la idealidad de un reactor real es la denominada Distribución de Tiempo de Residencia (DTR)². Esta técnica se basa en la introducción dentro del reactor de un trazador inerte y mediante el seguimiento de su concentración a la salida determinar los tiempos que permanecen las distintas fracciones de fluido en el reactor. La curva de DTR puede utilizarse, posteriormente, para obtener un modelo de flujo real dentro del reactor que permita predecir los valores reales de operación.

2. El reactor biológico de la EDAR Granollers

El diseño del reactor se basa en un modelo de flujo pistón para el tratamiento de 25000 m³/d en dos líneas idénticas. En cada una de las líneas se pueden diferenciar 5 compartimentos (Fig. 1):

- *Cámara inicial*: donde llega el caudal de entrada, de 4.32 m³.
- *Cámara de reparto*: se une el caudal de entrada con la recirculación procedente del sedimentador secundario, de 12 m³.
- *Selector*: donde se reparte el caudal para las dos líneas, de 356 m³/unidad.
- *Compartimento anóxico*: sin aireación, para favorecer el proceso de desnitrificación.³, de 910 m³/unidad.
- *Compartimentos aerobios*: aireados mediante difusores, se trata de tres compartimentos idénticos de 897 m³unidad.

El reactor funciona con la clásica recirculación de fangos desde el sedimentador secundario y con una recirculación interna desde la zona aerobia del reactor (5

compartimento) a la zona anóxica para recircular los nitratos producidos en la zona aerobia (proceso de desnitrificación). Esta recirculación permaneció desactivada en el momento de realizar la DTR (Fig. 2). En la Fig. 3 puede observarse una imagen del reactor.

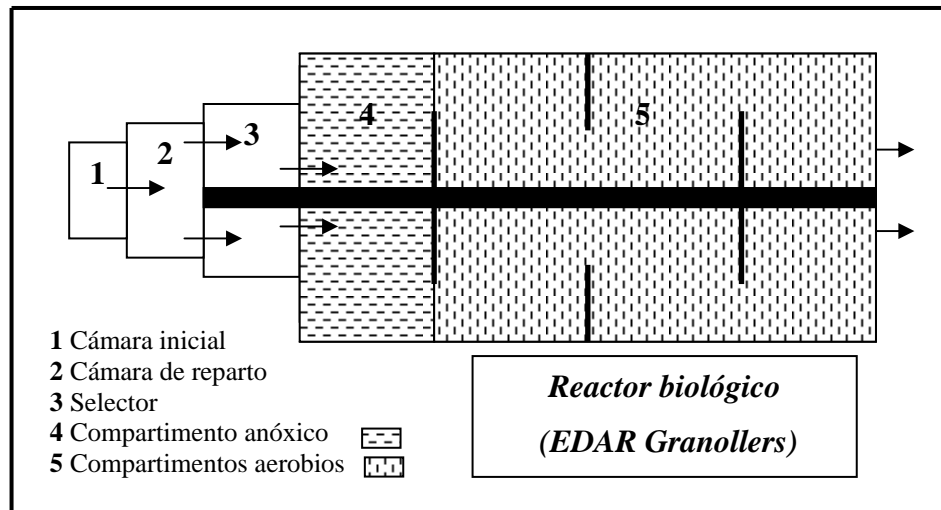


Fig. 1: Esquema del reactor biológico.

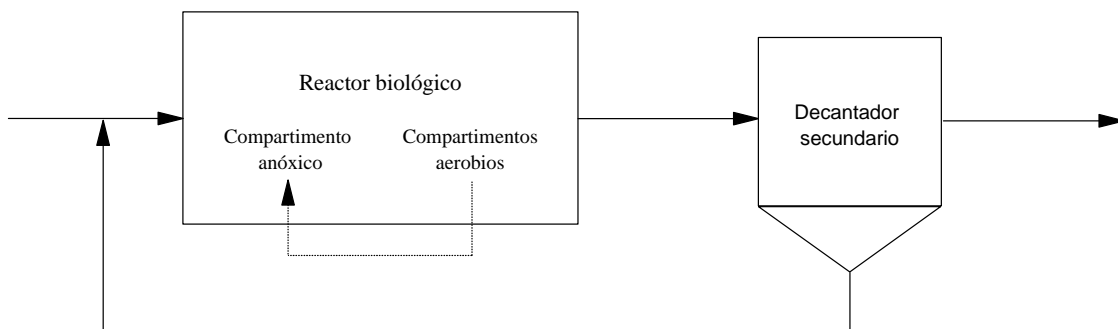


Fig. 2: Recirculaciones del reactor biológico.



Fig. 3: Imagen del reactor biológico.

3. Materiales y métodos

A continuación se detallan todos los protocolos y procedimientos usados en la determinación de la DTR:

- *Trazador elegido:* el trazador a seguir fue el catión Li^+ , debido a sus características de: es de fácil detección, es inerte y miscible, no se transporta a fases distintas a la acuosa y presenta una baja toxicidad⁴. En concreto se preparó una disolución de 17.5 kg de LiCl en 150 l de agua, que se introdujo en la cámara inicial del reactor.
- *Toma de muestra:* las muestras de salida del reactor se tomaron a la salida de las dos líneas del mismo. Se tomaron 250 ml de muestra a distintos tiempos.
- *Análisis de muestras:* las muestras fueron analizadas para determinar el contenido en Li^+ mediante espectrometría de absorción atómica⁵ tras ser sometidas al siguiente pretratamiento: filtración previa (papel del filtro), digestión con ácido nítrico y clorhídrico⁵ y filtración final (papel de filtro)⁵.

4. Resultados y discusión

a) Ensayo de DTR

Los resultados de DTR obtenidos para ambas líneas del reactor biológico se recogen en la Fig. 4 (línea 1) y Fig. 5 (línea 2).

Los datos de partida para cada línea fueron los siguientes:

- Volumen del reactor: 3896 m³.
- Caudal de trabajo: 1051 m³/h.
- Tiempo de residencia teórico: 3.71 h.
- Masa de LiCl inyectada: 8.75 kg.
- Masa de Li⁺ inyectada: 1433 g.

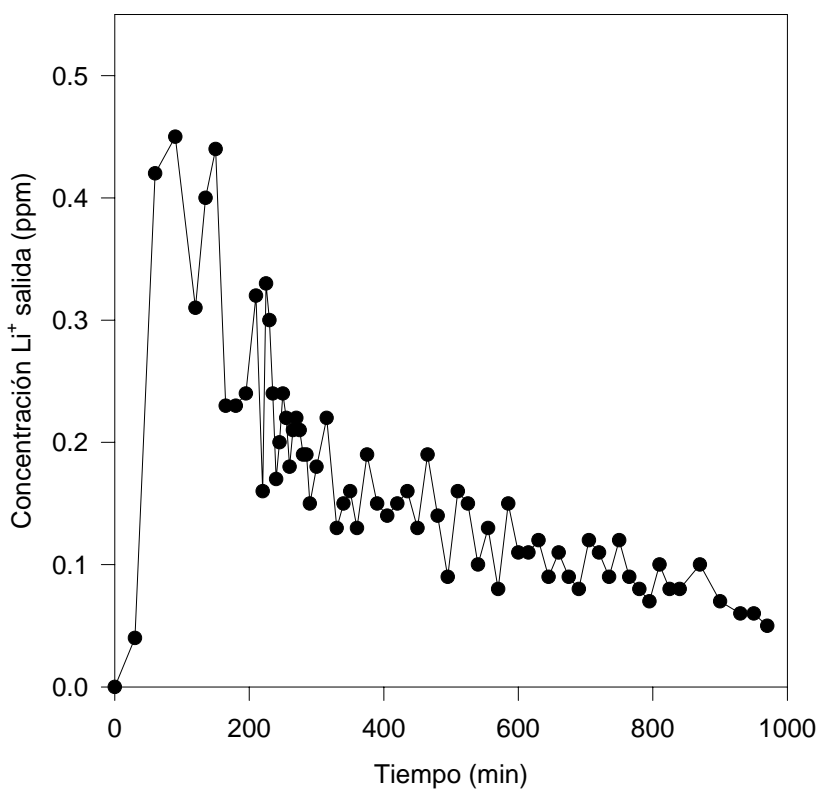


Fig. 4: DTR de la línea 1 del reactor biológico de la EDAR Granollers.

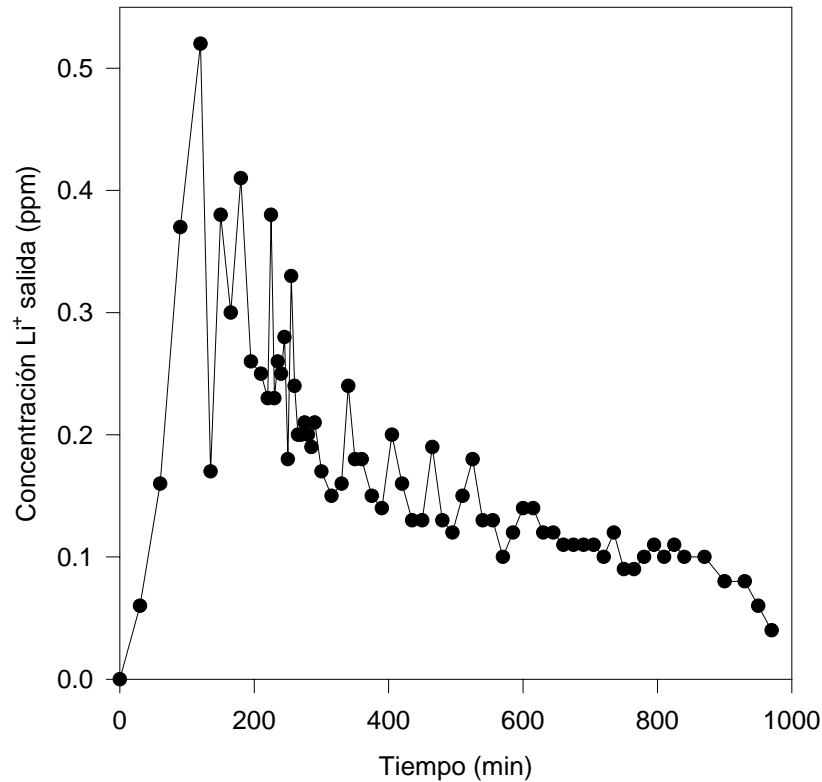


Fig. 5: DTR de la línea 2 del reactor biológico de la EDAR Granollers.

Teniendo en cuenta que el reactor biológico está diseñado como un flujo pistón, el aspecto de la DTR ideal sería para ambas líneas un pico de concentración de trazador prácticamente infinita para un tiempo de residencia ideal de 223 min (3.71 h). Este hecho no se produce y de las Figs. 4 y 5 correspondientes a las DTR de ambas líneas pueden extraerse una serie de conclusiones:

- El aspecto de ambas líneas es muy similar, y no se observan marcadas diferencias entre ambas, por tanto, responden a un modelo de flujo muy parecido.
- En los dos casos se observa un pico inicial que aparece a un tiempo relativamente breve y una cola posterior que se alarga hasta tiempos elevados. Esta cola final, sin

embargo, era debida a que una parte del trazador retornaba al reactor por medio de la recirculación procedente del decantador secundario.

En ambas líneas se determinó que el balance de materia del trazador (también denominado test de consistencia) quedaba cerrado validando así el ensayo de DTR. Para hacer este test de consistencia se tuvieron en cuenta aquellos puntos en los cuales se conocía que no tenía influencia la recirculación procedente del decantador secundario. Con estos puntos se pasó a determinar el tiempo de residencia real del reactor calculado según la ecuación (1), obteniéndose para la línea 1 106 min y para la línea 2 141 min.

$$Tiempo \text{ residencia } REAL = \frac{\int_0^{\infty} t \cdot C \cdot dt}{\int_0^{\infty} C \cdot dt} \quad (1)$$

donde:

C: concentración de trazador

t: tiempo

Como se puede observar, los tiempos de residencia reales para ambas líneas eran sensiblemente inferiores, lo que hacía suponer que el comportamiento real del reactor era claramente distinto a una modelo de flujo pistón ideal.

b) Volúmenes muertos

Una de las hipótesis barajadas para explicar el hecho de que los tiempos de residencia reales fueran tan inferiores a los ideales fue la posible presencia de las denominadas zonas o volúmenes muertos, en los cuales no existe ningún tipo de difusión.

Dada la geometría del reactor estudiado, las zonas más probables de presencia de zonas muertas eran las esquinas de cada uno de los compartimentos (Fig. 6). Para comprobar

este hecho, se pasó a realizar DTR parciales en cada una de estas posibles zonas muertas en la línea 1 así como los puntos de referencia recogidos en la Fig. 6.

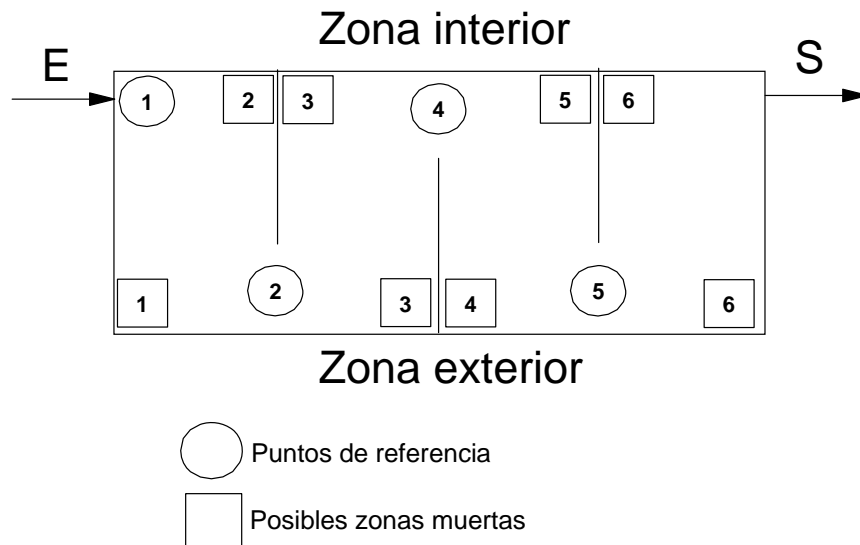
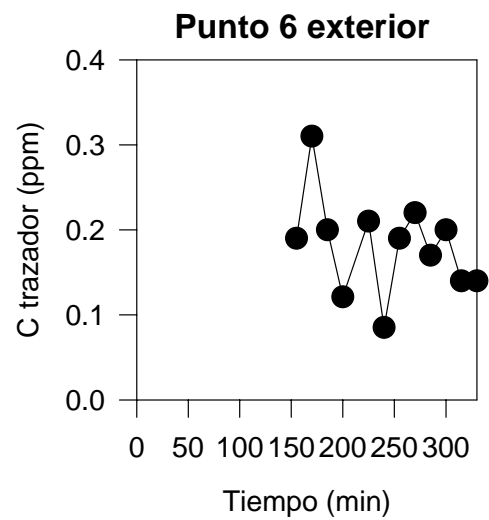
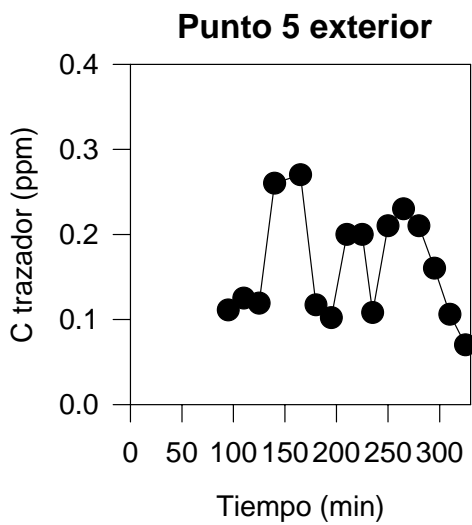
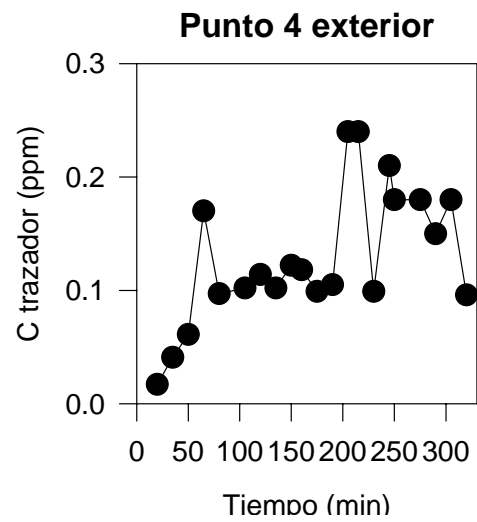
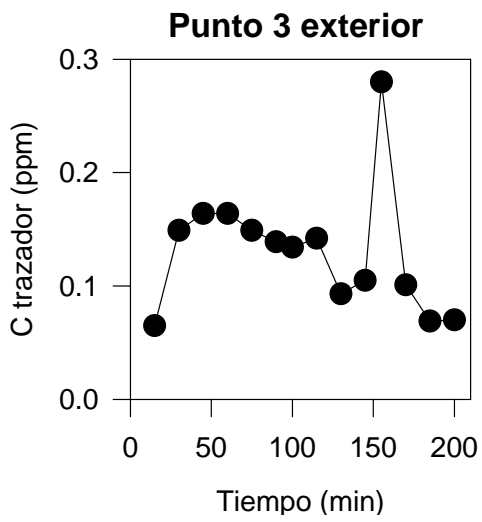
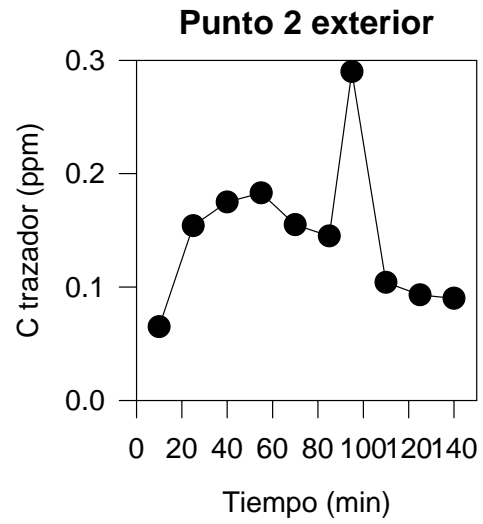
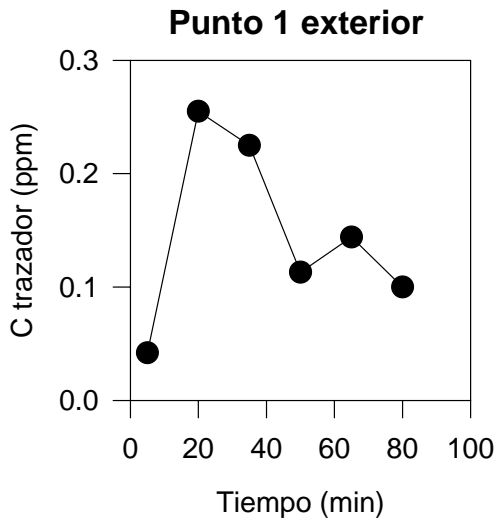


Fig. 6: Zonas de estudio de DTR parciales.

Los resultados obtenidos para los puntos descritos en la Fig. 6 se detallan en la Fig. 7. En la Fig. 7 se puede observar que prácticamente en cualquiera de los puntos del reactor en los cuales se ha determinado el análisis de trazador, la forma de la DTR general de salida (Fig. 4) se mantiene, es decir, aparece un pico de elevada concentración y una cola posterior que se alarga un cierto tiempo. Prácticamente, la única diferencia entre los puntos del reactor es el tiempo en el cual aparece el pico importante así como la intensidad del pico. Además, las diferencias entre los puntos de referencia (teóricamente no pueden ser zonas muertas) y las posibles zonas de volumen muerto son de intensidad del pico, lo que llevaba a la conclusión de que en el reactor no existían volúmenes muertos significativos ya que el trazador se distribuía uniformemente en todos los puntos, aunque si existían zonas de mayor grado de mezcla.



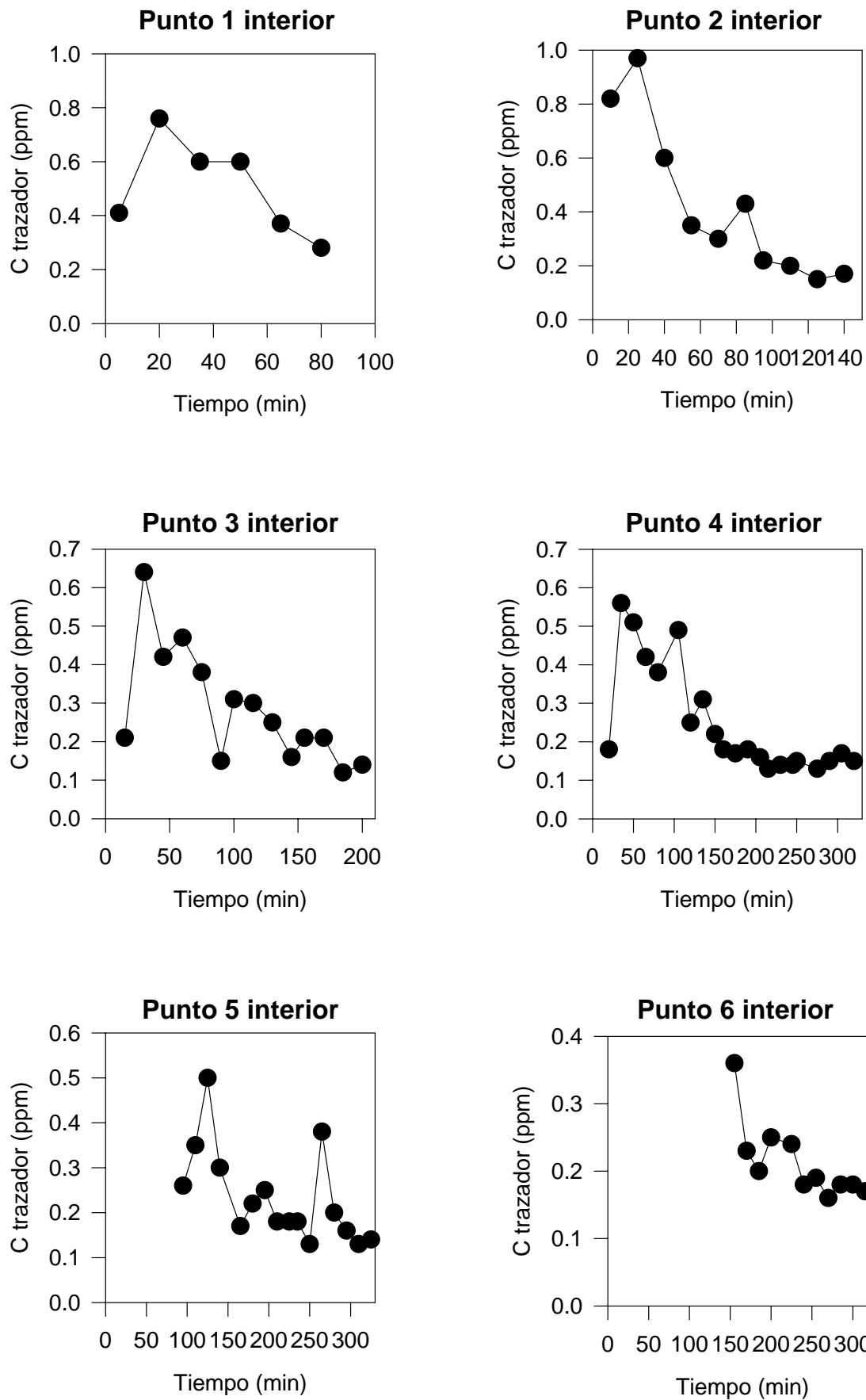


Fig. 7: DTR parciales de los puntos descritos en la Fig. 6.

c) Modelización del reactor

Puesto que el tiempo de residencia real del reactor era muy inferior al ideal y, en cambio, el estudio de volúmenes muertos había dado un resultado negativo, se procedió al estudio de distintos modelos hidráulicos que pudieran explicar el comportamiento del reactor. De acuerdo con los resultados de la DTR, la geometría del reactor y la propia observación del mismo, los modelos considerados fueron:

- 1) **Modelo de flujo pistón ideal:** descartado por las DTR de cada línea (Fig. 4 y 5) y por el valor de los tiempos de residencia reales.
- 2) **Modelo de flujo pistón ideal con volúmenes muertos:** descartado en gran medida por las DTR parciales que desmentían la presencia de zonas muertas (Fig. 7).
- 3) **Modelo de 4 RCTA en serie:** ésta sería una hipótesis plausible ya que explicaría la larga cola de trazador presente en todas las curvas de DTR realizadas, además de corresponder al hecho de que el reactor está dividido en 4 compartimentos. Sin embargo, las DTR parciales desmienten esta posibilidad, ya que el pico importante de trazador se observa en las DTR de todos los puntos y si los reactores fueran perfectamente agitados, este pico desaparecería por efecto de dicha agitación.
- 4) **Modelo de 1 RCFP en serie con 3 RCTA:** este modelo proviene de la idea de que la zona anóxica (primer compartimento) no está aireada y por tanto podría comportarse como un flujo pistón, mientras que los otros 3 compartimentos, por efecto de la aireación, se comportarían como reactores agitados. Sin embargo, de nuevo esta hipótesis queda descartada por la presencia del pico en todas las DTR parciales.
- 5) **Modelo de flujo pistón con dispersión axial no simétrica:** este modelo descrito para reactores explica desviaciones leves del RCFP cuando existe una cierta dispersión axial no simétrica². Para evaluar la calidad de ajuste del modelo, se

propone la evaluación de un modulo adimensional, denominado número de Peclet que toma valores cercanos a ∞ para RCFP y 0 para RCTA. El cálculo numérico del valor del Peclet para las DTR realizadas originó valores ligeramente superiores a 1 para ambas líneas. Estos valores indicarían que el bioreactor se comporta prácticamente como un gran RCTA, extremo que habían desmentido las DTR parciales, por lo que también se desestimó este modelo.

- 6) **Modelos compartimentados:** en vista de los modelos sencillos no eran capaces de describir el comportamiento hidrodinámico del reactor, se pasó a considerar la posibilidad de utilizar los denominados modelos compartimentados, en los cuales el flujo se reparte en diversos sistemas ideales. Existen numerosos tipos de modelos compartimentados², pero el que más se ajustaba a los datos experimentales obtenidos era el que proponía 2 RCFP en paralelo, incorporando la idea de que existen dos frentes diferenciados que avanzan a lo largo del reactor por caminos distintos y por tanto, con tiempos de residencia distintos. El frente principal transcurre por el interior del reactor, mientras que un frente secundario de menor concentración circula por la banda exterior del reactor. Este hecho permite explicar la totalidad de DTR parciales de la Fig. 7. En ambos casos, los dos frentes corresponden a modelos de flujo en pistón no ideal con una fuerte dispersión axial no simétrica, cosa que permite explicar las colas de trazador observadas en todas las DTR, así como la disparidad hallada entre los tiempos de residencia reales y teóricos de ambas líneas. En cualquier caso y como era previsible, la presencia de aireación en los 3 últimos compartimentos confunde los dos frentes y favorece la dispersión y agitación, provocando unos picos de menor concentración. El resumen de los parámetros obtenidos ajustando este modelo se detallan en la Tabla 1.

Parámetro	Línea 1		Línea 2	
	Frente 1	Frente 2	Frente 1	Frente 2
Volumen (m ³)	1183	2803	1867	2120
Tiempo de residencia (min)	106	440	141	496
% materia detectada	63.6	36.4	75.6	24.4

Tabla 1: Resumen de valores del modelo compartimentado para ambas líneas.

5. Conclusiones

El estudio de la distribución de tiempo de residencia del reactor se ha demostrado como una técnica muy eficaz para el conocimiento del modelo de flujo real del reactor biológico de la EDAR Granollers.

Dicho estudio ha permitido conocer que el modelo de flujo real del reactor puede ser descrito en forma de modelo compartimentado a base de dos reactores de flujo pistón no ideales, mientras que el diseño del flujo ideal era un flujo pistón. Al mismo tiempo, mediante el estudio de DTR parciales, se ha podido determinar que el modelo de flujo real propuesto es válido para aquellos puntos susceptibles de comportarse como volúmenes muertos.

Estas conclusiones van a permitir optimizar el funcionamiento del reactor, tanto en el rendimiento de depuración de materia orgánica como en la puesta a punto de sistemas de depuración más sensibles como el de eliminación de nitrógeno por nitrificación-desnitrificación.

6. Bibliografía

1. Metcalf & Eddy. 1995. Ingeniería de Aguas Residuales. Tratamiento, vertido y reutilización. 3ª edición, editorial McGraw Hill, Madrid.
2. Levenspiel, O. 1993. Ingeniería de las reacciones químicas. 3ª edición, editorial Reverté, Méjico.
3. Randall, C.W, Barnard J.L. y Stensel, H.D. 1992. Design and retrofit of wastewater treatment plants for biological nutrient removal. Biological Nutrient Removal, Vol. 5. 1ª edición, editorial Technomic Publishing, Lancaster, USA.
4. Colprim, J. 1994. Determinació del model hidràulic d'una EDAR de fangs actius: exemple de la depuradora de Lloret de Mar. Universitat de Girona. Facultat de ciències experimentals i de la salut. Tesina de Llicenciatura.
5. Eaton, A.D. 1989. Métodos normalizados para el análisis de aguas potables y residuales. 17ª edición, editorial Díaz de Santos, Madrid.