

UNIVERSIDAD DEL DESARROLLO

Facultad de Ingeniería

Magíster en Ciencias de la Ingeniería

**Análisis matemático cualitativo de un micro
biodigestor anaeróbico: estabilidad,
bifurcaciones y recomendaciones adaptadas a
sus condiciones de operación**

Fernando Amon

Director de Tesis: Dr. Paul Bosch

Dedicatoria

A mis padres, que sembraron en mí el deseo de superación.

*A mi esposa, por su paciencia infinita y su apoyo incondicional
en cada etapa de este proceso.*

Agradecimientos

Agradezco al equipo del Magíster en Ciencias de la Ingeniería de la Facultad por su apoyo en el financiamiento y toda la atención brindada, sin los cuales mi permanencia en el magíster no habría sido posible.

Al Dr. Paul Bosch, director de la tesis, por ofrecerme una temática de investigación que resultó ser profundamente motivante, por aceptar con apertura el cambio de enfoque durante el desarrollo del trabajo final, y por cada observación crítica que me ayudó a pensar mejor.

A los profesores del magíster, de quienes aprendí herramientas y perspectivas que trascienden esta tesis.

Resumen

La biodigestión anaerobia es una tecnología de valorización de residuos orgánicos con alto potencial en zonas rurales de Chile, donde menos del 1 % de la capacidad estimada está en uso. Se presenta el análisis cualitativo de dos variantes del modelo AM2 de digestión anaerobia aplicadas al micro biodigestor de estiércol de oveja de Mamiña, comuna de Pozo Almonte, Región de Tarapacá, Chile. El modelo estándar (Bernard et al., 2001), calibrado para aguas residuales, se compara con un modelo extendido que incorpora tasas de muerte bacteriana (Ficara et al., 2014) y dependencia del pH en la cinética metanogénica (Arzate et al., 2017), con parámetros para estiércol de ganado bovino (Arzate, 2019) usados como proxy para el estiércol de oveja de Mamiña. El trabajo aborda la necesidad de modelamiento matemático identificada por Guzmán-Cood (2024) para el biodigestor. El objetivo es determinar cómo la estabilidad de los equilibrios depende de los parámetros operacionales controlables (D , S_{lin}) y de variables observables como el pH, y evaluar si las extensiones del modelo aportan información cualitativamente valiosa para el operador.

La metodología emplea la teoría cualitativa de sistemas dinámicos —equilibrios, estabilidad local (Hartman-Grobman), bifurcaciones (Sotomayor), retratos de fase— en siete fases aplicadas a ambos modelos. La comparación utiliza ocho criterios predefinidos (CQ1–CQ4, CC1–CC4) con un criterio de parsimonia.

El resultado central es una discrepancia máxima: el estándar predice coexistencia estable — ambas comunidades microbianas (acidogénicas y metanogénicas) sobreviven y el reactor estabiliza los ácidos grasos volátiles del digestato ($\eta_2 = 99.9\%$) —, mientras que el extendido predice acidogénesis pura — los metanógenos se extinguen y los VFAs se acumulan sin ser estabilizados ($\eta_2 = 0\%$). La causa es la huella de nitrógeno del estiércol: cada gramo de biomasa bacteriana producida destruye 33.78 mmol de alcalinidad (frente a +6.49 en aguas residuales), y la verificación computacional confirma que el origen es estructural —la cinética monótona y el acoplamiento de la alcalinidad con las biomásas eliminan la coexistencia independientemente de los parámetros. El análisis revela además que la variable crítica para la estabilidad no es solo la tasa de dilución D sino la alcalinidad de entrada Z_{in} , invisible para el estándar. La simulación muestra que los microorganismos acidogénicos (que degradan

materia orgánica) y los metanogénicos (que producen biogás) coexisten durante ~ 19 años mientras los metanogénicos se extinguen lentamente, creando la apariencia de funcionamiento correcto (*transitorio de coexistencia*). Se identifican once hallazgos originales; los tres de mayor relevancia operacional son el colapso de seis a dos equilibrios existentes (que elimina todo estado de equilibrio donde ambas comunidades microbianas sobrevivan), el pH indefinido en el 87 % de la Región I (que revela la insuficiencia de la alcalinidad del estiércol), y una bifurcación silla-nodo exclusiva del modelo extendido (que demuestra la emergencia de fenómenos nuevos por el acoplamiento pH-alcalinidad). De cinco hipótesis formuladas con cautela, una fue verificada en forma fuerte, dos parcialmente confirmadas y dos refutadas.

Las observaciones de campo de Guzmán-Cood (2024) —biogás solo en ciertos períodos (a pesar de una producción estimada de ~ 145 L/día), pH con promedio cercano a 7.0 (límite inferior del rango óptimo), dificultades con mayores concentraciones de estiércol— son consistentes con el transitorio de coexistencia predicho por el modelo extendido e incompatibles con el estándar. La combinación $\eta_1 = 93.4\%$ (acidogénesis eficaz) con $\eta_2 = 0\%$ (metanogénesis nula) explica las “propiedades parciales de fertilizante” reportadas por Guzmán-Cood para el digestato: la degradación de materia orgánica y remoción de patógenos funcionan, pero la estabilización de VFAs no se completa. Se concluye que el modelo extendido aporta valor adicional —las diferencias cuantitativas superan los umbrales predefinidos y el extendido genera información de pH exclusiva— y que el estándar no es suficiente para sustratos con alto contenido de nitrógeno en biomasa. Se formulan cinco recomendaciones operacionales, incluyendo suplementación de alcalinidad (~ 9 g L⁻¹ de NaHCO₃, condición necesaria pero no suficiente) y monitoreo de pH como señal de alerta exclusiva. El hallazgo central — la destrucción de alcalinidad por el alto contenido de nitrógeno del estiércol, que impide la metanogénesis — es sustrato-dependiente, no sitio-dependiente: cualquier biodigestor que procese estiércol u otro sustrato con alto contenido de nitrógeno en biomasa enfrentará el mismo problema, independientemente de su ubicación geográfica. Como trabajo futuro prioritario se propone simular la suplementación de alcalinidad, explorar funciones de inhibición por pH alternativas, y validar las predicciones con datos del biodigestor.

Palabras clave: digestión anaerobia, modelo AM2, análisis cualitativo, sistemas dinámicos, bifurcaciones, biodigestor, estiércol, estabilidad, pH, Mamiña.

Abstract

Anaerobic digestion is an organic waste valorization technology with high potential in rural Chile, where less than 1 % of the estimated capacity is currently in use. A qualitative analysis of two variants of the AM2 anaerobic digestion model is presented, applied to a micro-scale manure biodigester in Mamiña, Pozo Almonte, Tarapacá Region, Chile. The standard model (Bernard et al., 2001), calibrated for wastewater, is compared with an extended model incorporating bacterial death rates (Ficara et al., 2014) and pH-dependent methanogenic kinetics (Arzate et al., 2017), with parameters for cattle manure (Arzate, 2019) as proxy for the sheep manure used in Mamiña. The work addresses the need for mathematical modeling identified by Guzmán-Cood (2024) for the biodigester. The objective is to determine how the stability of equilibria depends on controllable operational parameters (D , S_{in}) and observable variables such as pH, and to assess whether the model extensions provide qualitatively valuable information for the operator.

The methodology employs qualitative dynamical systems theory —equilibria, local stability (Hartman-Grobman), bifurcations (Sotomayor), phase portraits— in seven phases applied to both models. The comparison uses eight predefined criteria (CQ1–CQ4, CC1–CC4) with a parsimony criterion.

The central result is a maximum discrepancy: the standard model predicts stable coexistence — both microbial communities (acidogenic and methanogenic) survive and the reactor stabilizes the volatile fatty acids in the digestate ($\eta_2 = 99.9\%$) —, while the extended model predicts pure acidogenesis — methanogens go extinct and VFAs accumulate without being stabilized ($\eta_2 = 0\%$). The cause is the nitrogen footprint of manure: each gram of bacterial biomass produced destroys 33.78 mmol of alkalinity (versus +6.49 in wastewater), and computational verification confirms that the origin is structural —monotone kinetics and the coupling of alkalinity with biomass eliminate coexistence regardless of parameter values. The analysis also reveals that the critical variable for stability is not only the dilution rate D but the inlet alkalinity Z_{in} , which is invisible to the standard model. Simulation reveals that acidogenic microorganisms (which degrade organic matter) and methanogenic microorganisms (which produce biogas) coexist for ~ 19 years while methanogens slowly go extinct,

creating the appearance of correct operation (*coexistence transient*). Eleven original findings are identified; the three most operationally relevant are the collapse from six to two existing equilibria (which eliminates any equilibrium state where both microbial communities survive), pH being undefined in 87 % of Region I (which reveals the insufficiency of manure alkalinity), and an exclusive saddle-node bifurcation in the extended model (which demonstrates the emergence of new phenomena from pH-alkalinity coupling). Of five hypotheses formulated conservatively, one was verified in strong form, two partially confirmed, and two refuted.

Field observations by Guzmán-Cood (2024) —biogas only during certain periods (despite an estimated production of ~ 145 L/day), pH averaging near 7.0 (lower end of the optimal range), difficulties with higher manure concentrations— are consistent with the coexistence transient predicted by the extended model and incompatible with the standard model. The combination $\eta_1 = 93.4\%$ (effective acidogenesis) with $\eta_2 = 0\%$ (no methanogenesis) explains the “partial fertilizer properties” reported by Guzmán-Cood for the digestate: organic matter degradation and pathogen removal work, but VFA stabilization does not complete. The extended model provides additional value —quantitative differences exceed predefined thresholds and the extended model generates exclusive pH information— and the standard model alone is insufficient for substrates with high biomass nitrogen content. Five operational recommendations are formulated, including alkalinity supplementation (~ 9 g L⁻¹ NaHCO₃, a necessary but not sufficient condition) and pH monitoring as an early warning signal exclusive to the extended model. The central finding — the destruction of alkalinity by the high nitrogen content of manure, which prevents methanogenesis — is substrate-dependent, not site-dependent: any biogas digester processing manure or other substrates with high biomass nitrogen content will face the same problem, regardless of geographic location. Priority future work includes simulating the alkalinity supplementation, exploring alternative pH inhibition functions, and validating predictions with biogas digester data.

Keywords: anaerobic digestion, AM2 model, qualitative analysis, dynamical systems, bifurcations, biogas digester, manure, stability, pH, Mamiña.

Índice general

Dedicatoria	I
Agradecimientos	II
Resumen	III
Abstract	V
Índice de tablas	XII
Índice de figuras	XVI
Nomenclatura	XXI
1. Introducción	1
1.1. Contexto general	1
1.2. El biodigestor de Mamiña y la tesis de Guzmán-Cood	2
1.3. Definición del problema	4
1.4. Pregunta de investigación	5
1.5. Objetivo general	5
1.6. Objetivos específicos	6
1.7. Hipótesis de trabajo	6
1.8. Evolución del proyecto	7
1.9. Alcances y limitaciones	8
1.10. Estructura del documento	9
2. Marco Teórico: Biodigestión y Modelos	10
2.1. Digestión anaerobia	10
2.1.1. Definición y principios	10
2.1.2. Etapas del proceso	11

2.1.3.	Biodigestores	12
2.1.4.	Parámetros operacionales	13
2.1.5.	El digestato como producto principal	14
2.2.	El modelo AM2 estándar	15
2.2.1.	Origen y contexto	15
2.2.2.	Variables de estado	15
2.2.3.	Ecuaciones diferenciales	16
2.2.4.	Cinéticas de crecimiento	17
2.2.5.	Parámetros	20
2.3.	El modelo AM2 extendido	22
2.3.1.	Motivación	22
2.3.2.	Extensión (i): tasas de muerte bacteriana	22
2.3.3.	Extensión (ii): cinética metanogénica con efecto del pH	23
2.3.4.	Parámetros para estiércol	25
2.3.5.	Resumen comparativo	26
2.4.	Marco de comparación	26
2.4.1.	Clasificación biológica de los equilibrios	27
2.4.2.	Criterios cuantitativos de comparación	28
2.4.3.	Criterios cualitativos de comparación	29
2.4.4.	Criterio de parsimonia	30
3.	Teoría de sistemas dinámicos	31
3.1.	Sistemas dinámicos continuos	31
3.2.	Trayectorias, órbitas y flujos	32
3.3.	Puntos de equilibrio	33
3.4.	Linealización y el flujo de sistemas lineales	34
3.5.	Clasificación de equilibrios	35
3.6.	Teorema de Hartman-Grobman	37
3.7.	Estabilidad asintótica y cuencas de atracción	38
3.8.	Bifurcaciones: concepto	41
3.9.	Bifurcación transcítica	42
3.10.	Bifurcación silla-nodo	43
3.11.	Teorema de Sotomayor	43
3.12.	Retratos de fase	45

4. Metodología	47
4.1. Estrategia general	47
4.2. Aproximación CSTR	49
4.3. Decisiones paramétricas	49
4.4. Las siete fases del análisis	50
4.5. Herramientas computacionales	51
4.6. Protocolo de verificación cruzada	52
4.7. Protocolo de comparación entre modelos	53
4.8. Indicadores de calidad del digestato	54
4.9. Parámetros manejables y no manejables	56
4.10. Experimentos computacionales	56
4.10.1. Experimento cruzado estructura–parámetros	57
4.10.2. Suplementación de alcalinidad	58
4.10.3. Sensibilidad del transitorio de extinción metanogénica	59
4.11. Limitaciones del análisis	59
5. Resultados	61
5.1. Modelo AM2 estándar (Bernard et al., 2001)	61
5.1.1. Formulación del modelo (Fase 0)	61
5.1.2. Equilibrios analíticos (Fase I)	62
5.1.3. Valores críticos y regiones de operación (Fase I)	64
5.1.4. Clasificación biológica (Fase I)	65
5.1.5. Linealización: estructura de la matriz jacobiana (Fase II)	66
5.1.6. Estabilidad local (Fase III)	67
5.1.7. Bifurcaciones transcíticas (Fase IV)	69
5.1.8. Verificación numérica (Fase V)	73
5.1.9. Indicadores de calidad del digestato (Fase V)	86
5.2. Modelo AM2 extendido (Arzate 2019)	90
5.2.1. Verificaciones preliminares y diferencias estructurales (Fase 0)	90
5.2.2. Equilibrios analíticos: el colapso topológico (Fase I)	94
5.2.3. Valores críticos y regiones de operación (Fase I)	97
5.2.4. Clasificación biológica (Fase I)	99
5.2.5. Admisibilidad y la paradoja del pH indefinido (Fase I)	100
5.2.6. Equilibrio numérico de coexistencia (Fase I)	102
5.2.7. Linealización (Fase II)	103
5.2.8. Estabilidad local (Fase III)	105

5.2.9. Desaparición de la biestabilidad aparente (Fase III)	107
5.2.10. Bifurcación transcítica en D_1^{bif} (Fase IV)	108
5.2.11. Bifurcación silla-nodo del equilibrio numérico (Fase IV)	111
5.2.12. Diagrama (D , pH) y frontera de segundo tipo (Fase IV)	114
5.2.13. Sensibilidad paramétrica de D_1^{bif} (Fase IV)	118
5.2.14. Verificación numérica (Fase V)	120
5.2.15. Transitorio de Mamiña (Fase V)	129
5.2.16. Indicadores, síntesis y cierre (Fase V)	137
5.3. Comparación sistemática (Fase VI)	145
5.3.1. Diferencias paramétricas	145
5.3.2. Comparación cuantitativa: CQ1–CQ4	146
5.3.3. Interpretación de las diferencias	148
5.3.4. CC1: Riqueza de bifurcaciones	149
5.3.5. CC2: Información de pH	150
5.3.6. CC3: Accionabilidad de recomendaciones	151
5.3.7. CC4: Predicciones opuestas y huella de nitrógeno	152
5.3.8. Validación con observaciones de campo	153
5.3.9. Evaluación de hipótesis H1–H5	154
5.3.10. Parsimonia y cierre de objetivos	156
6. Conclusiones	158
6.1. Síntesis del resultado central	158
6.2. Respuesta a la pregunta de investigación	161
6.3. Conclusiones del análisis	164
6.4. Contribuciones originales	167
6.5. Recomendaciones operacionales	169
6.6. Limitaciones	170
6.7. Trabajo futuro	172
6.8. Reflexión final	173
Bibliografía	175
Apéndice A. Parámetros de los modelos	178
A.1. Tabla comparativa completa	179
A.2. Condiciones de entrada	179
A.3. Balance de nitrógeno	180

Apéndice B. Estructura de las matrices Jacobianas	181
B.1. Matriz Jacobiana del modelo estándar	181
B.2. Matriz Jacobiana del modelo extendido	182
B.3. Evaluación en los equilibrios	184

Índice de tablas

1.1. Características del biodigestor de Mamiña (Guzmán-Cood, 2024).	3
1.2. Objetivos específicos, fases asociadas y productos esperados. Los resultados obtenidos para cada objetivo se resumen en la Tabla 6.1.	6
1.3. Hipótesis de trabajo del proyecto con justificación estructural.	7
2.1. Parámetros operacionales principales de un biodigestor anaerobio.	13
2.2. Variables relevantes del modelo AM2 según el producto objetivo del biodigestor.	14
2.3. Variables de estado del modelo AM2 (Bernard et al., 2001).	15
2.4. Parámetros completos del modelo AM2 estándar: 7 cinéticos, 6 estequiométricos, 4 condiciones de entrada y 3 constantes fisicoquímicas. Todos los valores provienen de Bernard et al. (2001).	21
2.5. Parámetros del modelo AM2 extendido para estiércol. Cinéticos y estequiométricos: Arzate (2019); tasas de muerte y nitrógeno: Ficara et al. (2014). Condiciones de entrada para Mamiña: dilución 1:3 (Guzmán-Cood, 2024).	25
2.6. Resumen comparativo de los modelos AM2 estándar y extendido.	26
2.7. Clasificación biológica de los equilibrios del modelo AM2.	27
2.8. Criterios cuantitativos de comparación (CQ1–CQ4).	28
2.9. Criterios cualitativos de comparación (CC1–CC4).	29
3.1. Relación entre la parte real de los valores propios y el comportamiento dinámico.	35
3.2. Clasificación de equilibrios en el plano según los valores propios de la matriz jacobiana.	36
3.3. Condiciones de Sotomayor para bifurcaciones de codimensión 1 en sistemas unidimensionales.	44
3.4. Condiciones de Sotomayor generalizadas para sistemas n -dimensionales. Se evalúan en $(\mathbf{x}^*, \mu^{\text{cr}})$, con $\mathbf{f}_\mu = \partial \mathbf{f} / \partial \mu$	44
4.1. Las siete fases del análisis cualitativo.	51

4.2. Condiciones iniciales CI1–CI4, idénticas para ambos modelos. Los valores fueron elegidos para cubrir los cuatro cuadrantes del plano (X_1, X_2) con combinaciones de biomasa altas/bajas y sustratos altos/bajos, dentro del dominio físicamente admisible.	53
4.3. Calidad del digestato según la clase del equilibrio alcanzado (válida para ambos modelos). Los valores concretos de η_1 y η_2 dependen de los parámetros de cada modelo y se presentan en el Capítulo 5.	55
5.1. Equilibrios del modelo estándar para tres valores de D en Región I (parámetros de Bernard et al., 2001).	63
5.2. Regiones de operación del modelo estándar.	65
5.3. Clasificación biológica de los equilibrios del modelo estándar. La columna “Calidad digestato” corresponde a la caracterización cualitativa de la Tabla 4.3.	65
5.4. Estabilidad local de los equilibrios del modelo estándar ($D = 0.5 \text{ día}^{-1}$, Región I). La columna “Valor propio” muestra los valores propios con $\text{Re}(\lambda) > 0$ que causan la inestabilidad; para ε_5^* todos tienen $\text{Re}(\lambda) < 0$	67
5.5. Equilibrio asintóticamente estable por región de operación.	69
5.6. Verificación de Sotomayor en $D = D_2^{\text{crit}} = 1.072 \text{ día}^{-1}$	70
5.7. Verificación de Sotomayor en $D = D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ día}^{-1}$	70
5.8. Indicadores de calidad del digestato del modelo estándar, evaluados en el equilibrio de coexistencia ε_5^* (Región I). Incluye el punto operativo de Mamiña.	86
5.9. Parámetros compartidos con valores diferentes entre los modelos estándar y extendido. Las diferencias reflejan el cambio de sustrato (aguas residuales vs estiércol de ganado).	91
5.10. Factor de modulación $(1 - I(\text{pH}))$ y tasa metanogénica efectiva $\mu_2/(\mu_{2\text{max}} \cdot f)$ para valores representativos de pH ($\text{pH}_H = 8.3$, $\text{pH}_L = 5.5$).	92
5.11. Comparación de la estructura en cascada entre ambos modelos. La dependencia de μ_2 del pH y los N-términos de Ficarra et al. (2014) reestructuran el sistema de 4 a 2 niveles.	93
5.12. Equilibrios analíticos del modelo extendido para $D = 0.027 \text{ día}^{-1}$ (Mamiña, parámetros de Arzate 2019). Solo 2 de las 4 familias están pobladas. El pH de ε_3^* es indefinido ($Z^* < S_2^*$).	96
5.13. Regiones de operación del modelo extendido. Comparar con Tabla 5.2 (estándar: 3 regiones).	98
5.14. Clasificación biológica de los equilibrios del modelo extendido. Comparar con Tabla 5.3 (estándar: 4 equilibrios efectivos en 4 clases).	99

5.15. Estabilidad local de ε_1^* y ε_3^* para 8 valores de D . La columna $\#Re > 0$ indica el número de valores propios con parte real positiva: si es 0, el equilibrio es asintóticamente estable (Definición 3.12); si es 1, punto silla (inestable); si es 2, nodo inestable. Fuente: Maple con 20 cifras significativas.	105
5.16. Equilibrio asintóticamente estable por región de operación (modelo extendido). Comparar con Tabla 5.5 (estándar).	106
5.17. Verificación del teorema de Sotomayor para la bifurcación transcítica en D_1^{bif} . Fuente: Maple con Hessiano y derivadas mixtas pre-computados simbólicamente.	108
5.18. Sensibilidades normalizadas de D_1^{bif} y comparación con el modelo estándar. Clasificación: $ S > 1$ dominante, $0.5 < S < 1$ significativo, $ S < 0.5$ moderado a bajo. La suma $\Sigma = 0$ verifica la propiedad de Euler (homogeneidad de la fórmula).	118
5.19. Verificación analítico vs numérico para ε_3^* ($D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$). Error relativo inferior a $4 \times 10^{-9} \%$ en las 5 variables admisibles; C^* incluido para documentar la inadmisibilidad (D8). Fuente: Maple P2-V12.	124
5.20. Verificación analítico vs numérico para ε_1^* ($D = 0.50 \text{ dia}^{-1}$). Lavado total confirmado con error inferior a 0.01% . Fuente: Maple P2-V12.	127
5.21. Verificación analítico vs simulación para ε_3^* a $D = 0.027$ (Mamiña). X_1 y S_1 convergidos; X_2 , S_2 , Z , C en transitorio a $t = 200$ días. Fuente: Maple P3-V3.	136
5.22. Indicadores η_1 , η_2 del modelo extendido vs estándar a $D = 0.027$ (Mamiña). Comparar con Tabla 5.8 (estándar, Región I).	137
5.23. Compatibilidad de las predicciones con las observaciones de campo de Guzmán-Cood (2024).	137
5.24. Descubrimientos D1–D11 del modelo extendido. Los tres grupos —topológicos (D1–D4), operacionales (D5–D8) y de sensibilidad (D9–D11)— revelan diferencias cualitativas con el modelo estándar que no dependen de ajustes paramétricos sino de la estructura del modelo.	144
5.25. Ratios paramétricos extendido/estándar. Las diferencias reflejan el cambio de sustrato, no un ajuste del modelo. [†] Valores de Bernard et al. (2001) que no intervienen en las ecuaciones del estándar ($Z^* = Z_{\text{in}}$). Fuentes: Bernard et al. (2001), Arzate (2019).	146
5.26. Evaluación de los criterios cuantitativos CQ1–CQ4. Umbral de significancia: $> 10 \%$ para CQ1, $> 5 \%$ para CQ3. Los cuatro criterios resultan significativos.	147
5.27. Aislamiento del efecto estructura vs parámetros ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$). Las filas 3 y 4 son simulaciones adicionales que cruzan estructura y parámetros para aislar cada efecto. Resultado: la estructura determina la coexistencia.	149

5.28. Recomendaciones operacionales: modelo estándar vs extendido. R3–R5 son exclusivas del extendido; R1 y R2 se enriquecen con la dinámica de Z . Cada recomendación se deriva de los descubrimientos indicados y se desarrolla en la Sección 6.5.	151
5.29. Huella de nitrógeno: estiércol (Arzate) vs aguas residuales (Bernard). El balance de signo opuesto es la causa raíz de la cascada $\mathbf{D1} \rightarrow \mathbf{D8} \rightarrow \text{CC4}$ refutado. 152	
5.30. Evaluación de los criterios cualitativos CC1–CC4 (Sección 2.4.3). Los cuatro veredictos favorecen al extendido: aporta bifurcaciones de tipo distinto, información de pH exclusiva, recomendaciones más accionables, y un diagnóstico opuesto para Mamiña.	153
5.31. Evaluación de las hipótesis H1–H5. Las hipótesis fueron formuladas con cautela (Sección 1.7); los resultados superaron las expectativas en los cinco casos. . .	154
6.1. Cierre de los objetivos específicos OE1–OE8 (definidos en la Tabla 1.2). Todos cerrados.	164
A.1. Parámetros completos de ambos modelos. Estándar: Bernard et al. (2001); extendido: Arzate (2019) (cinéticos/estequiométricos), Ficara et al. (2014) (k_{d1} , k_{d2} , N_{S1} , N_{bac}) y Arzate et al. (2017) (pH_L , pH_H). Las celdas “—” indican parámetros que no existen en ese modelo.	179
A.2. Condiciones de entrada. Los valores de Mamiña se obtienen multiplicando los de Arzate (2019) por el factor de dilución 0.25 (proporción estiércol:agua = 1:3, Guzmán-Cood 2024). Los del estándar provienen de Bernard et al. (2001). 180	
A.3. Balance de nitrógeno del modelo extendido con parámetros de Arzate (2019). El balance negativo indica consumo neto de alcalinidad por crecimiento bacteriano.	180
B.1. Comparación estructural de las matrices Jacobianas: entradas que difieren entre el modelo estándar y el extendido. $\equiv$: entrada idéntica; $\neq$: entrada modificada; $\bullet$: entrada nula en el estándar, no nula en el extendido; 0: entrada nula en ambos modelos. Las diferencias se originan en las tasas de muerte (k_{d1} , k_{d2}), los N-términos en la ecuación de Z , y la función de inhibición por pH $I(\text{pH})$. 183	

Índice de figuras

1.1. Micro biodigestor de Mamiña, Región de Tarapacá, Chile. Reactor tubular de geomembrana instalado a 3000 m.s.n.m. en el desierto de Atacama. Fuente: Facultad de Ingeniería, Universidad del Desarrollo.	2
2.1. Diagrama esquemático del proceso de digestión anaerobia. Diferentes grupos tróficos: (a) bacterias fermentativas, (b) bacterias acetogénicas, (c) arqueas metanogénicas hidrogenotróficas, (d) arqueas metanogénicas acetoclásticas. Fuente: elaboración propia.	11
2.2. Esquema de un biodigestor modelado como CSTR. El afluente ingresa con caudal Q y concentraciones S_{1in} , S_{2in} , Z_{in} , C_{in} (con $X_{1,in} = X_{2,in} = 0$: no hay biomasa en la alimentación). El reactor de volumen V contiene las poblaciones X_1 , X_2 y los sustratos S_1 , S_2 , Z , C . El efluente (digestato) sale con las mismas concentraciones que el interior (hipótesis de mezcla perfecta). El biogás ($CH_4 + CO_2$) sale por la parte superior. Fuente: elaboración propia.	13
2.3. Cinética de Monod para la fase acidogénica con parámetros de Bernard et al. (2001): $\mu_{1max} = 1.2 \text{ dia}^{-1}$, $K_{S1} = 7.1 \text{ g L}^{-1}$. La tasa de crecimiento se satura asintóticamente en μ_{1max} a medida que S_1 aumenta. Fuente: elaboración propia.	18
2.4. Cinética de Haldane para la fase metanogénica con parámetros de Bernard et al. (2001): $\mu_{2max} = 0.74 \text{ dia}^{-1}$, $K_{S2} = 9.28 \text{ mmol L}^{-1}$, $K_{I2} = 256 \text{ mmol L}^{-1}$. El máximo ocurre en $S_2^{opt} = \sqrt{K_{S2} \cdot K_{I2}} \approx 48.7 \text{ mmol L}^{-1}$; para $S_2 > S_2^{opt}$, la tasa decrece por inhibición. Fuente: elaboración propia.	19
2.5. Comparación de las cinéticas metanogénicas. Curva azul: cinética de Haldane del modelo estándar (exponente 2), con máximo en $S_2^{opt} = \sqrt{K_{S2} \cdot K_{I2}} \approx 48.7 \text{ mmol/L}$ y posterior decaimiento por inhibición. Curva roja: cinética monótona del modelo extendido (exponente 1), creciente para todo $S_2 \geq 0$. Esta diferencia estructural determina la existencia o no de múltiples equilibrios. Fuente: elaboración propia con parámetros de Bernard et al. (2001) y Arzate (2019).	24

5.1. Diagrama de bifurcación $X_1^*(D)$: biomasa acidogénica en equilibrio. Curva azul: ramas estables (ε_5^* en RI, ε_4^* en RII). Línea roja punteada: rama inestable (ε_1^*). Punto negro: bifurcación transcítica en D_1^{crit}	71
5.2. Diagrama de bifurcación $X_2^*(D)$: biomasa metanogénica en equilibrio. Curva azul: rama estable (ε_5^*). Línea roja punteada: ramas inestables ($\varepsilon_4^*/\varepsilon_1^*$). Punto negro: bifurcación transcítica en D_2^{crit}	72
5.3. Diagrama de bifurcación $S_2^*(D)$: concentración de VFAs en equilibrio. Tres ramas: baja (metanógenos activos), alta (VFAs acumulados), horizontal ($S_{2\text{in}}$, lavado total). Puntos negros: bifurcaciones transcíticas.	73
5.4. Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 0.5 \text{ dia}^{-1}$ (Región I). Las cuatro órbitas, partiendo de CI1–CI4, convergen al equilibrio ε_5^*	74
5.5. Trayectorias temporales de biomasa en Región I ($D = 0.5 \text{ dia}^{-1}$). Izquierda: $X_1(t)$. Derecha: $X_2(t)$. Las cuatro CI convergen al equilibrio en $\sim 30\text{--}40$ días.	75
5.6. Trayectorias temporales de sustratos en Región I. Izquierda: $S_1(t)$ (sustrato orgánico), decaimiento monótono. Derecha: $S_2(t)$ (VFAs), pico transitorio seguido de decaimiento.	76
5.7. Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región I. Izquierda: $Z(t)$, convergencia exponencial a Z_{in} . Derecha: $C(t)$, estabilización en $C^* = 53.96 \text{ mmol L}^{-1}$ (sobresaturación).	76
5.8. Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 1.2 \text{ dia}^{-1}$ (Región II). Todas las órbitas convergen al eje X_1 ($X_2 \rightarrow 0$).	77
5.9. Trayectorias temporales de biomasa en Región II. Izquierda: $X_1(t)$ converge a 0.375 g L^{-1} . Derecha: $X_2(t)$ decae exponencialmente hacia cero.	78
5.10. Trayectorias temporales de sustratos en Región II. Izquierda: $S_1(t)$ (sustrato orgánico) estabiliza en 7.10 g L^{-1} . Derecha: $S_2(t)$ (VFAs) muestra acumulación hasta $109.3 \text{ mmol L}^{-1}$	78
5.11. Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región II. Izquierda: $Z(t)$ converge a $Z_{\text{in}} = 50 \text{ mmol L}^{-1}$. Derecha: $C(t)$ converge a $C_{\text{sat}} \approx 50 \text{ mmol L}^{-1}$ (sin sobresaturación).	79
5.12. Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 2.0 \text{ dia}^{-1}$ (Región III). Todas las órbitas convergen al origen (lavado total).	80
5.13. Trayectorias temporales de biomasa en Región III. Ambas poblaciones decaen exponencialmente hacia cero.	81
5.14. Trayectorias temporales de sustratos en Región III. Ambos convergen a sus valores de entrada ($S_{1\text{in}}$ para el sustrato orgánico, $S_{2\text{in}}$ para los VFAs): sin degradación.	81

5.15. Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región III. Izquierda: $Z(t)$ converge a Z_{in} . Derecha: $C(t)$ converge a 49.1 mmol L^{-1} (subsaturación). . .	82
5.16. Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña, TRH ≈ 37 días). Todas las órbitas convergen al equilibrio de coexistencia ε_5^*	83
5.17. Trayectoria temporal de $S_2(t)$ para $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña). Convergencia al equilibrio $S_2^* = 0.17 \text{ mmol L}^{-1}$	85
5.18. Indicadores de calidad del digestato $\eta_1(D)$ y $\eta_2(D)$ en función de la tasa de dilución. Líneas verticales: $D_2^{\text{crit}} = 1.072$ y $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$	87
5.19. Diagrama de bifurcación consolidado: las 6 variables de estado del modelo AM2 estándar en función de D . Las líneas verticales marcan D_2^{crit} y D_1^{crit} . . .	89
5.20. Diagrama de bifurcación (X_1^*, D) del modelo extendido. Azul: rama estable (ε_3^*); rojo punteado: rama inestable (ε_1^*); círculo negro: bifurcación transcítica en D_1^{bif} ; diamante verde: Mamiña ($D = 0.027$). Círculos naranjas: validación Maple.	110
5.21. Diagrama de bifurcación (S_2^*, D) del modelo extendido. En ε_3^* , los VFAs decrecen monótonamente desde $\sim 246 \text{ mmol L}^{-1}$ (Mamiña) hasta colapsar a $S_{2\text{in}} = 94.95 \text{ mmol L}^{-1}$ en D_1^{bif}	111
5.22. Diagrama consolidado del modelo extendido. (a) $X_1^*(D)$: arco no monótono con máximo en $D \approx 0.15$. (b) $S_2^*(D)$: VFAs decrecientes. (c) $Z^*(D)$ vs $S_2^*(D)$: déficit de alcalinidad (franja rosa: $Z^* < S_2^*$, pH indefinido). (d) Valores propios $\lambda_2(D)$ y $\lambda_3(D)$ de ε_1^* : cruce por cero en $D \approx 0.22$ y D_1^{bif}	113
5.23. Comparación $X_1^*(D)$: estándar (izq., 6 equilibrios, 3 regiones, 2 bifurcaciones) vs extendido (der., 2 equilibrios, 2 regiones, 1 bifurcación). Recuadro rojo: ausencia de coexistencia ($\eta_2 = 0\%$).	114
5.24. Comparación $S_2^*(D)$: estándar (izq., rama $\sigma_2^- < S_{2\text{in}}$: metanógenos activos) vs extendido (der., $S_2^* > S_{2\text{in}}$ siempre: acidificación).	114
5.25. Diagrama (D, pH) del modelo extendido. Zona gris: pH indefinido ($Z^* < S_2^*$, 87% de Región I). Curva azul: ventana $[0.361, 0.414]$ con pH definido pero fuera del rango óptimo. Franja verde: rango óptimo 6.8–7.5 (inalcanzable). Diamante verde: Mamiña ($D = 0.027$, pH indefinido).	116
5.26. Diagrama (D, Z_{in}) del modelo extendido. La curva $Z_{\text{in}}^{\text{crit}}(D)$ separa las zonas de pH definido (arriba) e indefinido (abajo). Diamante verde: Mamiña ($Z_{\text{in}} = 144.9 \text{ mmol L}^{-1}$, $D = 0.027$). Flecha roja: déficit de 111 mmol L^{-1}	117
5.27. Sensibilidades normalizadas de D_1^{bif} : modelo extendido (barras oscuras) vs estándar (barras claras). Líneas verticales en $ S = 0.5$ y $ S = 1.0$. El parámetro k_{d1} (muerte acidogénica) es nuevo y no tiene paralelo en el estándar.	119

5.28. Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$ (Región I). Las cuatro órbitas convergen a $\varepsilon_3^* = (0.357, 0)$ sobre el eje X_1 . En el estándar (Figura 5.4), las órbitas convergen a un punto interior del primer cuadrante (coexistencia).	121
5.29. Trayectorias temporales de biomasa en Región I ($D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$). Izquierda: $X_1(t)$, sobrepaso transitorio antes de converger a 0.357 g L^{-1} . Derecha: $X_2(t)$, decaimiento a cero (extinción de metanogénicos).	122
5.30. Trayectorias temporales de sustratos en Región I ($D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$). Izquierda: sustrato orgánico $S_1(t)$, converge a $\sigma_1 = 6.96 \text{ g L}^{-1}$. Derecha: VFAs $S_2(t)$, acumulación hasta $193.6 \text{ mmol L}^{-1}$. Comparar con Figura 5.6 del estándar, donde $S_2^* = 4.78 \text{ mmol L}^{-1}$	123
5.31. Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región I ($D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$). Izquierda: alcalinidad $Z(t)$, converge a $Z^* = 132.1 \text{ mmol L}^{-1} \neq Z_{\text{in}}$ (en el estándar, $Z^* = Z_{\text{in}} = 50$ siempre, Figura 5.7). Derecha: carbono inorgánico $C(t)$, converge a $C^* \approx -61.5 \text{ mmol L}^{-1}$ (negativo, inadmisibile).	123
5.32. Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 0.50 \text{ dia}^{-1}$ (Región II). Las cuatro órbitas convergen al origen $(0, 0)$: lavado total. El mismo valor de D corresponde a Región I en el estándar, donde aún hay coexistencia (Figura 5.4).	125
5.33. Trayectorias temporales de biomasa en Región II ($D = 0.50 \text{ dia}^{-1}$). Ambas poblaciones decaen exponencialmente a cero (lavado total).	126
5.34. Trayectorias temporales de sustratos en Región II. Izquierda: sustrato orgánico $S_1(t)$, retorno a S_{lin} . Derecha: VFAs $S_2(t)$, pico transitorio ($\sim 109 \text{ mmol L}^{-1}$ en $t \approx 10$) seguido de retorno a $S_{2\text{in}}$	126
5.35. Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región II. Izquierda: $Z(t)$, rizo transitorio seguido de retorno a Z_{in} . Derecha: $C(t)$, retorno a $C^* \approx C_{\text{in}} > 0$ (admisibile, a diferencia de Región I).	127
5.36. Retrato de fase (X_1, X_2) a $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña). Las órbitas NO convergen a $\varepsilon_3^* = (0.216, 0)$ en $t = 200$ días: transitorio de coexistencia. En el estándar (Figura 5.16), las órbitas convergen a ε_5^* (coexistencia estable) en ~ 50 días.	130
5.37. Trayectoria temporal de los VFAs $S_2(t)$ a $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña). S_2 se estabiliza en $\sim 9.4 \text{ mmol L}^{-1}$ a $t = 200$ días, lejos del valor de equilibrio $S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$ de ε_3^* . En el estándar (Figura 5.17), S_2 converge a 0.17 mmol L^{-1} en ~ 50 días.	133

5.38. Trayectorias de biomasa a $D = 0.027$ (Mamiña). Izquierda: $X_1(t)$ converge a 0.216 g L^{-1} en $t < 50$ días. Derecha: $X_2(t)$, pico a ~ 0.31 seguido de decaimiento lento a 0.114 en $t = 200$ (no convergido a 0).	134
5.39. Sustrato orgánico $S_1(t)$ a $D = 0.027$ (Mamiña). Convergencia rápida a $\sigma_1 = 1.199 \text{ g L}^{-1}$ ($\eta_1 = 93.4 \%$), independiente del destino de X_2	135
5.40. Variables auxiliares a $D = 0.027$ (Mamiña). Izquierda: alcalinidad $Z(t)$, transitorio en $Z(200) = 124.1 \text{ mmol L}^{-1}$, lejos de $Z^* = 133.3$. Derecha: carbono inorgánico $C(t)$, transitorio en $C(200) = 114.7 \text{ mmol L}^{-1}$ (<i>positivo</i>), vs $C^* = -110.5$ de ε_3^* (negativo, inadmisibile).	136
5.41. Indicadores $\eta_1(D)$ y $\eta_2(D)$ del modelo extendido. η_1 decrece con D ; $\eta_2 \equiv 0 \%$ para todo D en la Región I. Comparar con Figura 5.18 del estándar, donde $\eta_2 > 44 \%$ en toda la Región I.	138
5.42. Diagramas de bifurcación complementarios. Izquierda: sustrato orgánico residual $\sigma_1(D)$, creciente convexa. Derecha: alcalinidad $Z^*(D)$, forma de U con $Z^* < Z_{\text{in}}$ siempre — la capacidad buffer nunca se recupera (ecuación 5.6). . .	139
5.43. Ecuación estática $f_6(C) = 0$ para $D = 0.027$ (Mamiña). La raíz $C^* = -110.5 \text{ mmol L}^{-1}$ es negativa: concentración de carbono inorgánico inadmisibile (D8, Tabla 5.24). 140	140
5.44. Biomasa metanogénica $X_2(t)$ a $D = 0.027$ con $t_{\text{fin}} = 5\,000$ días. El transitorio lento (Python, línea azul) precede la convergencia a $X_2 = 0$ confirmada por Maple ($X_2(5000) = 3.2 \times 10^{-190}$).	141
5.45. Biomasa metanogénica $X_2(t_{\text{fin}})$ en función de D . Para $D < 0.2$: transitorio de coexistencia persistente (Sección 5.2.15). Para $D \geq 0.2$: convergencia a $X_2 = 0$. La frontera $D \approx 0.19$ coincide con D_{bif2} (D11, Tabla 5.24).	142

Nomenclatura

Variables de estado

X_1	Concentración de microorganismos acidogénicos	g L^{-1}
X_2	Concentración de microorganismos metanogénicos	g L^{-1}
S_1	Concentración de sustrato orgánico (DQO)	g L^{-1}
S_2	Concentración de ácidos grasos volátiles (VFAs)	mmol L^{-1}
Z	Alcalinidad total	mmol L^{-1}
C	Carbono inorgánico total	mmol L^{-1}
ϵ	Vector de estado $(X_1, X_2, S_1, S_2, Z, C)$	—

Parámetros cinéticos

μ_1	Tasa específica de crecimiento acidogénico (Monod)	dia^{-1}
μ_2	Tasa específica de crecimiento metanogénico (Haldane/monótona)	dia^{-1}
$\mu_{1\max}$	Tasa máxima de crecimiento acidogénico	dia^{-1}
$\mu_{2\max}$	Tasa máxima de crecimiento metanogénico	dia^{-1}
K_{S1}	Constante de saturación acidogénica	g L^{-1}
K_{S2}	Constante de saturación metanogénica	mmol L^{-1}
K_{I2}	Constante de inhibición metanogénica (Haldane)	mmol L^{-1}
k_{d1}	Tasa de muerte acidogénica (solo modelo extendido)	dia^{-1}
k_{d2}	Tasa de muerte metanogénica (solo modelo extendido)	dia^{-1}
$I(\text{pH})$	Función de inhibición por pH (solo modelo extendido)	—
pH_L	pH límite inferior ($I(\text{pH}) \approx 0$, crecimiento metanogénico cercano al máximo)	—
pH_H	pH límite superior ($I(\text{pH}) = 1$, inhibición total, $\mu_2 = 0$)	—

Parámetros estequiométricos y fisicoquímicos

k_1	Degradación de S_1 (coeficiente estequiométrico)	—
k_2	Producción de VFAs (por biomasa acidogénica)	mmol g ⁻¹
k_3	Consumo de VFAs (por biomasa metanogénica)	mmol g ⁻¹
k_4	Producción de CO ₂ (acidogénesis)	mmol g ⁻¹
k_5	Producción de CO ₂ (metanogénesis)	mmol g ⁻¹
k_6	Producción de CH ₄	mmol g ⁻¹
N_{S1}	Contenido de nitrógeno del sustrato (solo ext.)	mmol g ⁻¹
N_{bac}	Contenido de nitrógeno de la biomasa (solo ext.)	mmol g ⁻¹
α	Factor de retención de biomasa ($\alpha = \text{TRH}/\text{TRS}$); $\alpha = 1$ sin retención	—
k_{La}	Coeficiente de transferencia gas-líquido	dia ⁻¹
K_H	Constante de Henry (CO ₂)	mmol L ⁻¹ atm ⁻¹
K_b	Constante de basicidad	mol L ⁻¹
P_T	Presión total del reactor	atm

Parámetros operacionales

D	Tasa de dilución (caudal de alimentación / volumen del reactor)	dia ⁻¹
D_{Mam}	Tasa de dilución del biodigestor de Mamiña (= 0.027)	dia ⁻¹
$S_{1\text{in}}$	Concentración de sustrato de entrada	g L ⁻¹
$S_{2\text{in}}$	Concentración de VFAs de entrada	mmol L ⁻¹
Z_{in}	Alcalinidad de entrada	mmol L ⁻¹
C_{in}	Carbono inorgánico de entrada	mmol L ⁻¹

Valores críticos y bifurcaciones

D_1^{crit}	Tasa de dilución crítica acidogénica (estándar)	dia ⁻¹
D_2^{crit}	Tasa de dilución crítica metanogénica (estándar)	dia ⁻¹
D_1^{bif}	Tasa de dilución de bifurcación acidogénica (ext.)	dia ⁻¹
D_{bif2}	Tasa de dilución de bifurcación silla-nodo (ext.)	dia ⁻¹
$Z_{\text{in,crit}}$	Alcalinidad de entrada crítica (ext.)	mmol L ⁻¹

Equilibrios y funciones

ε_i^*	Equilibrio i -ésimo del modelo ($i = 1, \dots, 6$)
e_D^{num}	Equilibrio numérico de coexistencia (solo modelo extendido)
σ_1	Solución de equilibrio de S_1
σ_2^-, σ_2^+	Soluciones de equilibrio de S_2 (rama inferior/superior)
$S_{2\text{eff}}$	Concentración efectiva de VFAs (derivación indicadores)
J	Matriz Jacobiana
λ	Valor propio de la matriz Jacobiana
$\text{Re}(\lambda)$	Parte real de un valor propio
E^s, E^u	Subespacios estable e inestable del sistema linealizado
W^s, W^u	Variedades estable e inestable del sistema no lineal
$\frac{dx}{dt}$	Derivada temporal de x
q_{CO_2}	Tasa de transferencia de CO_2 (líquido $\rightarrow$ gas)
q_{CH_4}	Tasa de producción de CH_4
P_{CO_2}	Presión parcial de CO_2

Clasificación de equilibrios

Clase A–Clase D	Clasificación de equilibrios por estructura (Capítulo 2)
Familia I–Familia IV	Familias de equilibrios (ambos modelos)
Región I, Región II, Región III	Regiones de operación I, II y III

Indicadores de calidad del digestato

η_1	Remoción de sustrato orgánico: $\eta_1 = 1 - S_1^*/S_{1\text{in}}$ (%)
η_2	Remoción de VFAs: $\eta_2 = 1 - S_2^*/S_{2\text{eff}}$ (%)

Abreviaturas

AM2	Modelo de digestión anaerobia de dos etapas (Bernard et al., 2001)
ADM1	<i>Anaerobic Digestion Model No. 1</i> (Batstone et al., 2002)
CSTR	Reactor continuo de mezcla completa (<i>Continuously Stirred Tank Reactor</i>)
DA	Digestión anaerobia
DQO	Demanda química de oxígeno
VFAs	Ácidos grasos volátiles (<i>Volatile Fatty Acids</i>)
TRH	Tiempo de residencia hidráulico ($1/D$)
TRS	Tiempo de residencia de sólidos
CQ1–CQ4	Criterios de comparación cuantitativos
CC1–CC4	Criterios de comparación cualitativos
D1–D11	Descubrimientos del modelo extendido
CONC-1–CONC-10	Conclusiones del análisis (Capítulo 6)
H1–H5	Hipótesis de trabajo
R1–R5	Recomendaciones operacionales
OE1–OE8	Objetivos específicos

Capítulo 1

Introducción

1.1. Contexto general

Los procesos de biodigestión anaerobia han captado interés creciente como tecnología de valorización de residuos orgánicos, con aplicaciones que abarcan la generación de biogás como fuente de energía renovable, la producción de biofertilizantes y la mitigación de problemas sanitarios asociados a la acumulación de residuos (Appels et al., 2008; Weiland, 2010). En Chile, esta tecnología se destaca por su accesibilidad de implementación en áreas rurales (Varnero, 2011), aunque la valorización energética de residuos orgánicos alcanza menos del 1 % del potencial estimado, lo que señala un amplio espacio de crecimiento que la Estrategia Nacional de Residuos Orgánicos busca abordar (FAO, 2019).

A pesar de la disponibilidad de tecnologías probadas, la adopción de biodigestores en comunidades rurales aisladas enfrenta desafíos particulares: condiciones ambientales extremas, acceso limitado a asistencia técnica y, sobre todo, ausencia de herramientas de gestión que permitan anticipar el comportamiento del sistema ante perturbaciones. La tesis de Guzmán-Cood (2024) abordó el primero de estos desafíos —diseñar, construir e implementar un micro biodigestor sensorizado en una comunidad rural extrema— y dejó abierta la necesidad de comprender matemáticamente la dinámica del proceso para fundamentar la toma de decisiones operacionales. El presente trabajo aborda esa brecha: un biodigestor funcional y sensorizado, pero sin modelo predictivo que relacione los parámetros controlables con la estabilidad del proceso.

1.2. El biodigestor de Mamiña y la tesis de Guzmán-Cood

El caso de estudio es el micro biodigestor tubular instalado en la comunidad de **Mamiña**, localidad de la comuna de Pozo Almonte en la Región de Tarapacá, Chile, a 3000 metros sobre el nivel del mar en pleno desierto de Atacama. Este biodigestor fue diseñado, construido y sensorizado por Guzmán-Cood (2024) en el marco de su tesis de magíster “*Diseño e implementación de micro biodigestor sensorizado para la producción de bioinsumos*”, presentada en la Universidad del Desarrollo en agosto de 2024. La Figura 1.1 muestra el sistema instalado.



Figura 1.1: Micro biodigestor de Mamiña, Región de Tarapacá, Chile. Reactor tubular de geomembrana instalado a 3000 m.s.n.m. en el desierto de Atacama. Fuente: Facultad de Ingeniería, Universidad del Desarrollo.

Tabla 1.1: Características del biodigestor de Mamiña (Guzmán-Cood, 2024).

Característica	Valor
Tipo	Reactor tubular de geomembrana (flujo pistón)
Volumen	2.1 m ³ total; volumen útil $V \approx 800$ L
Geometría	Bolsa plana: 3 m $\times$ 1.5 m $\times$ 0.5 m ($L/H = 6$)
Sustrato	Estiércol de oveja + restos vegetales (primer año: solo estiércol)
Dilución	Proporción estiércol:agua = 1:3, es decir, 1 parte de estiércol en 4 de mezcla (factor 0.25)
TRH de diseño	35–40 días ($D \approx 0.025$ – 0.029 dia ⁻¹)
Temperatura	Régimen mesofílico-psicrófilo; promedio ~ 20 °C con invernadero
Monitoreo	Sensores IoT de pH y temperatura con transmisión remota
Ambiente	Desierto de Atacama, 3000 m.s.n.m., alta oscilación térmica
Producto principal	Digestato (biol) para uso como fertilizante orgánico

Logros de la tesis de Guzmán-Cood. El trabajo de Guzmán-Cood (2024) logró: (i) diseñar un reactor modular y transportable, fabricado en geomembrana con una vida útil superior a 10 años; (ii) implementar un sistema de monitoreo autónomo con sensores de pH y temperatura, alimentado por panel solar y con transmisión de datos vía IoT; (iii) demostrar la viabilidad operacional del sistema durante más de 12 meses, con producción continua de biol; (iv) caracterizar el digestato mediante análisis de laboratorio, concluyendo que el biol tiene “propiedades parciales de fertilizante”: validado no tanto por la presencia de micro y macronutrientes, sino por la eficiencia de remoción de carga orgánica, la remoción del 92 % de coliformes fecales, y la mínima presencia de metales pesados. La estrategia operacional documentada establece que durante el primer año se utiliza exclusivamente estiércol para estabilizar el consorcio microbiano, con una proporción estiércol:agua de 1:3 determinada empíricamente —proporciones más concentradas causaron estancamiento por acumulación de ácidos grasos volátiles.

Preguntas abiertas y trabajo futuro. Sin embargo, Guzmán-Cood identificó explícitamente como trabajo futuro la necesidad de *modelamiento matemático* del proceso y la *búsqueda de correlaciones* entre las variables monitoreadas y el rendimiento del sistema. Su Fase 4 de investigación señala como productos esperados la “búsqueda de modelamiento, correlaciones” y las “preguntas para próximas investigaciones”. El sistema de monitoreo implementado genera datos de pH y temperatura, pero sin un modelo matemático que relacione

estas variables con la dinámica biológica del reactor, los datos no pueden traducirse en predicciones ni en criterios de decisión fundamentados. Esta brecha —un biodigestor sensorizado pero sin modelo predictivo— constituye el punto de partida de esta tesis.

Producto principal: el digestato. A diferencia de biodigestores industriales donde el producto principal es el biogás (CH_4), en Mamiña el producto principal es el **digestato**, utilizado como biofertilizante. Aunque Guzmán-Cood (2024) estimó una producción de biogás de ~ 145 L/día y diseñó un sistema de almacenamiento, el biogás no fue el foco de estudio: se observó producción solo en ciertos períodos del proyecto. Esta distinción reorienta el análisis matemático: en lugar de maximizar la producción de metano, interesa garantizar la degradación del sustrato orgánico y la estabilización de los ácidos grasos volátiles (VFAs), condiciones que determinan la calidad del digestato como biofertilizante (véase Sección 2.1.5).

1.3. Definición del problema

El biodigestor de Mamiña se encuentra en funcionamiento y cuenta con monitoreo de pH y temperatura, pero carece de un modelo matemático que permita anticipar su comportamiento ante perturbaciones. El problema central es la ausencia de una herramienta predictiva que relacione los parámetros controlables —la tasa de dilución D (determinada por la frecuencia de alimentación) y la concentración del sustrato orgánico de entrada S_{lin} (determinada por la proporción estiércol:agua)— y variables observables como el pH, con la estabilidad del proceso biológico. Sin esta herramienta, el operador no puede responder preguntas operacionales fundamentales: ¿cuánto puede variar la frecuencia de alimentación sin comprometer la calidad del digestato?, ¿qué sucede si el pH se desvía del rango óptimo?, ¿cuáles son las señales de alerta de un colapso inminente?

La experiencia operacional reportada por Guzmán-Cood (2024) ilustra la relevancia de estas preguntas: durante la puesta en marcha, proporciones de alimentación más concentradas (1:1 o 1:2) causaron estancamiento del proceso por acumulación de VFAs, lo que obligó a adoptar la proporción 1:3. Este episodio de acidificación es el tipo de fenómeno que un análisis de estabilidad puede predecir y prevenir: la acumulación de VFAs corresponde a la pérdida de la población metanogénica (lavado), un evento que en el modelo AM2 está gobernado por una bifurcación transcítica en el parámetro D .

El modelo AM2 (Bernard et al., 2001) ofrece un marco matemático para abordar estas preguntas mediante un *análisis cualitativo* que identifica los estados de equilibrio del sistema, determina su estabilidad, y caracteriza los cambios cualitativos (bifurcaciones) que ocurren al variar los parámetros. Este enfoque proporciona una comprensión global del comportamiento del biodigestor sin requerir datos experimentales para calibración, utilizando en su lugar

parámetros de literatura —los de Bernard et al. (2001) para el modelo estándar y los de Arzate (2019) para el modelo extendido con parámetros de estiércol.

1.4. Pregunta de investigación

¿Cómo cambia la estabilidad de los equilibrios del modelo AM2 de digestión anaerobia cuando se modifican los parámetros operacionales que un operador puede controlar en un micro biodigestor, y las extensiones del modelo (tasas de muerte bacteriana, efecto explícito del pH) proporcionan información cualitativamente valiosa adicional para manejar la calidad del digestato?

Esta pregunta integra dos componentes interrelacionados: la componente nuclear establece la línea base (modelo estándar), y la componente comparativa evalúa si las extensiones modifican esa línea base de forma operacionalmente relevante.

Componente nuclear. ¿Cómo cambia la estabilidad de los equilibrios del modelo AM2 cuando se modifican los parámetros operacionales que un operador puede controlar (D , S_{lin})?

Componente comparativo. ¿Las extensiones del modelo AM2 —tasas de muerte bacteriana, efecto explícito del pH en la cinética metanogénica— modifican los resultados de estabilidad de forma que proporcionen información cualitativamente valiosa adicional para manejar la calidad del digestato?

Las implicaciones prácticas son directas: determinar qué combinaciones de parámetros garantizan una operación estable del biodigestor (producción sostenida de digestato de calidad), identificar qué condiciones deben evitarse para prevenir el colapso del proceso (lavado de poblaciones microbianas), y evaluar si el modelo extendido proporciona información accionable —rangos críticos de pH, márgenes de seguridad— que complemente los datos que el sistema de monitoreo de Guzmán-Cood ya recopila.

1.5. Objetivo general

Determinar, mediante análisis cualitativo de los modelos AM2 estándar y extendido, cómo la estabilidad de los equilibrios del sistema depende de los parámetros operacionales controlables (D , S_{lin}) y de variables observables como el pH, y evaluar si las extensiones del modelo (tasas de muerte bacteriana, efecto explícito del pH en la cinética metanogénica) proporcionan información cualitativamente valiosa adicional que permita al operador del micro biodigestor de Mamiña manejar la calidad del digestato.

1.6. Objetivos específicos

Los objetivos específicos se organizan en ocho enunciados (OE1–OE8), cada uno asociado a una fase del análisis cualitativo (definidas en la Sección 4.4, Tabla 4.1) y con productos verificables. El cierre de cada objetivo se documenta en la Tabla 6.1 del Capítulo 6.

Tabla 1.2: Objetivos específicos, fases asociadas y productos esperados. Los resultados obtenidos para cada objetivo se resumen en la Tabla 6.1.

OE	Descripción	Fase	Producto esperado
OE1	Formular ambos modelos AM2: ecuaciones, parámetros, hipótesis, diferencias en pH y tasas de muerte	0	Ecuaciones documentadas; tablas de parámetros con fuentes
OE2	Calcular todos los equilibrios y clasificarlos biológicamente	I	Lista de equilibrios $\varepsilon_1^*-\varepsilon_6^*$; tabla de clasificación biológica
OE3	Condiciones de existencia y admisibilidad; valores críticos D_1^{crit} , D_2^{crit}	I	Fórmulas analíticas de D^{crit} ; diagrama de regiones de operación
OE4	Estabilidad local: matriz jacobiana, valores propios, Hartman-Grobman	II–III	Tabla de estabilidad por equilibrio y región
OE5	Bifurcaciones transcríticas, asociadas al pH, diagramas (D , pH)	IV	Diagramas de bifurcación; verificación formal con Sotomayor
OE6	Verificación numérica en Maple: retratos de fase, trayectorias	V	Figuras de trayectorias y retratos de fase; error $< 0.01\%$
OE7	Comparación sistemática CQ1–CQ4, CC1–CC4	VI	Tablas comparativas; evaluación de los 8 criterios predefinidos
OE8	Recomendaciones operacionales: rangos D , S_{lin} , pH; indicadores η_1 , η_2	VI	Tabla de recomendaciones R1–R5; cierre de parsimonia

1.7. Hipótesis de trabajo

A partir del análisis estructural de las diferencias entre los modelos (Sección 2.3.5), se formulan cinco hipótesis que el análisis cualitativo permitirá verificar, refutar o matizar:

Tabla 1.3: Hipótesis de trabajo del proyecto con justificación estructural.

H	Enunciado	Justificación
H1	El modelo extendido predecirá valores críticos de dilución más bajos que el estándar	Las tasas de muerte (k_{d1} , k_{d2}) reducen el crecimiento neto: la condición de lavado $\mu_1 = \alpha D + k_{d1}$ se alcanza antes
H2	El modelo extendido mostrará bifurcaciones adicionales asociadas al pH	La función $I(\text{pH})$ introduce una dependencia explícita en pH que puede generar cambios cualitativos al cruzar pH_L o pH_H
H3	Los indicadores η_1 , η_2 serán ligeramente menores en el extendido	La muerte bacteriana reduce la biomasa en equilibrio, disminuyendo la capacidad de degradación y estabilización
H4	Existirá una región de operación segura en el plano (D , pH) que el estándar no puede identificar	El estándar no modela el efecto del pH en la dinámica; el extendido sí, permitiendo delimitar rangos críticos
H5	Ambos modelos coincidirán en predecir estabilidad para Mamiña ($D \approx 0.027$, $\text{pH} \approx 7$)	A D muy bajo (margen $> 15\times$), ambos modelos deberían predecir operación en la región de coexistencia

Estas hipótesis serán evaluadas con los resultados del Capítulo 5 y su verificación se presenta en la Sección 5.3.

1.8. Evolución del proyecto

El proyecto de tesis original, titulado “*Propuesta de un modelo matemático cinético para la producción de un micro biodigestor anaeróbico en operación*” (Amon & Bosch, 2025), planteaba 4 objetivos específicos orientados a la resolución numérica del modelo AM2 en MATLAB, incluyendo la calibración de parámetros con datos experimentales del biodigestor de Mamiña.

Durante el desarrollo del trabajo, el enfoque evolucionó hacia un **análisis cualitativo** —equilibrios, estabilidad y bifurcaciones— utilizando Maple para la verificación simbólica y numérica. Esta reorientación se justifica por tres razones: primero, el análisis cualitativo proporciona una comprensión global del comportamiento del sistema (qué equilibrios existen, cuáles son estables, cómo cambian al variar parámetros) que la simulación numérica pun-

tual no ofrece; segundo, no se dispone aún de datos experimentales suficientes para calibrar el modelo, pero los parámetros de Arzate (2019) para estiércol de ganado bovino permiten un análisis cualitativo riguroso sin calibración propia; tercero, los resultados cualitativos —valores críticos de dilución, diagramas de bifurcación, criterios de estabilidad— son directamente traducibles en recomendaciones operacionales para el operador del biodigestor.

Los objetivos se reformularon y expandieron de 4 OE a 8 OE (Tabla 1.2), incorporando el enfoque comparativo entre los modelos estándar y extendido (OE7–OE8) y la evaluación de las extensiones mediante criterios predefinidos (Sección 2.4). Además, se diseñó una metodología de análisis estructurada en siete fases (Fase 0–VI, Sección 4.4), aplicadas en paralelo a ambos modelos, que no formaba parte del proyecto original.

1.9. Alcances y limitaciones

Análisis cualitativo, no cuantitativo. El enfoque es el análisis cualitativo de sistemas dinámicos: equilibrios, estabilidad y bifurcaciones. No se realiza calibración del modelo con datos experimentales ni validación cuantitativa de las predicciones.

Aproximación CSTR. El reactor tubular de Mamiña se aproxima como un CSTR, lo cual se justifica por su geometría de bolsa plana ($L/H = 6$, no un tubo largo ideal), la mezcla parcial generada por la producción de biogás, y el TRH prolongado (37 días) que permite aproximar el sistema al estado estacionario. El análisis cualitativo bajo esta aproximación proporciona condiciones necesarias para operación estable, siendo potencialmente más restrictivas que en el caso real de flujo pistón.

Parámetros de literatura. Se utilizan los parámetros de Bernard et al. (2001) para el modelo estándar (calibrados para lodo de aguas residuales) y de Arzate (2019) para el extendido (calibrados para estiércol de ganado bovino). Los parámetros de Arzate se usan como aproximación para el estiércol de oveja de Mamiña. Esta aproximación se sustenta en que ambos son estiércoles de rumiantes con digestión ruminal previa, composición en fibra y proteína comparable, y relación C/N en el rango 15–25 (Varnero, 2011). No existen estudios específicos del modelo AM2 con estiércol ovino. Las diferencias entre bovino y ovino —principalmente el menor contenido de agua y mayor concentración de sólidos del ovino— se mitigan por la dilución 1:3 aplicada en Mamiña, que aproxima las concentraciones efectivas de entrada. El análisis de sensibilidad (Sección 5.2.13) cuantifica el impacto de la incertidumbre paramétrica sobre los resultados.

Sin datos experimentales propios. No se dispone de series temporales de las variables de estado del biodigestor de Mamiña para validar las predicciones del modelo. Los criterios de comparación (Sección 2.4) están diseñados para ser evaluables sin datos empíricos. Los

datos de pH y temperatura recopilados por el sistema de monitoreo de Guzmán-Cood (2024) podrán utilizarse en un trabajo futuro para una primera confrontación cualitativa con las predicciones del modelo.

1.10. Estructura del documento

El documento se organiza en seis capítulos. El presente **Capítulo 1** establece el contexto, la pregunta de investigación, los objetivos y las hipótesis. El **Capítulo 2** presenta el marco teórico: la biología de la digestión anaerobia, los modelos AM2 estándar y extendido, y el marco de comparación con criterios predefinidos. El **Capítulo 3** desarrolla la teoría de sistemas dinámicos necesaria para el análisis cualitativo: equilibrios, estabilidad, bifurcaciones y el teorema de Sotomayor. El **Capítulo 4** describe la metodología: la estrategia comparativa, las siete fases del análisis, las herramientas computacionales, el protocolo de verificación cruzada y los indicadores de calidad del digestato. El **Capítulo 5** presenta los resultados del análisis cualitativo para el modelo estándar, para el modelo extendido, y la comparación sistemática entre ambos, con interpretación biológica y operacional integrada en cada resultado. El **Capítulo 6** sintetiza las conclusiones, evalúa las hipótesis, cierra los ocho objetivos específicos, y plantea las líneas de trabajo futuro —incluyendo la calibración con datos del sistema de monitoreo de Mamiña.

Capítulo 2

Marco Teórico: Biodigestión y Modelos

Este capítulo presenta el contexto biológico y los modelos matemáticos necesarios para comprender los resultados del análisis cualitativo desarrollado en el Capítulo 5. Se organiza en cuatro secciones: la biología del proceso (digestión anaerobia), el modelo AM2 estándar, el modelo AM2 extendido, y el marco de comparación con criterios predefinidos. La teoría matemática que sustenta el análisis —sistemas dinámicos, estabilidad y bifurcaciones— se presenta en el Capítulo 3.

2.1. Digestión anaerobia

2.1.1. Definición y principios

La digestión anaerobia (DA) es un proceso biológico degradativo en el cual, en ausencia de oxígeno, microorganismos descomponen materiales orgánicos presentes en un sustrato —tales como residuos vegetales, estiércoles y efluentes industriales— y los convierten en dos productos principales: biogás y digestato (Appels et al., 2008).

El **biogás** es una mezcla gaseosa compuesta principalmente por metano (CH_4) y dióxido de carbono (CO_2), con trazas de otros gases como el sulfuro de hidrógeno (H_2S). Se vuelve inflamable cuando su contenido de metano supera el 45 % (FAO, 2019).

El **digestato** es el residuo estabilizado de la digestión. Posee propiedades de fertilizante orgánico, bioestimulador y capacidades regenerativas para suelos degradados, cerrando así el ciclo de los nutrientes (Ávila et al., 2016). Según la carga utilizada y el régimen de operación, el digestato puede presentarse en forma sólida (*biosol*, proveniente de digestores batch) o líquida (*biol*, proveniente de digestores continuos con bajo contenido de sólidos totales) (Varnero,

2011).

2.1.2. Etapas del proceso

Los estudios bioquímicos y microbiológicos han clasificado la descomposición anaeróbica de la materia orgánica en cuatro etapas secuenciales, cada una mediada por grupos microbianos específicos (Angenent et al., 2004; Varnero, 2011):

1. **Hidrólisis.** Partículas y moléculas complejas (proteínas, carbohidratos, lípidos) son descompuestas por enzimas extracelulares producidas por microorganismos fermentativos, generando compuestos solubles más simples: aminoácidos, azúcares y ácidos grasos de cadena larga.
2. **Acidogénesis (o fermentación).** Los compuestos solubles son metabolizados por bacterias fermentativas (acidogénicas), produciendo principalmente ácidos grasos de cadena corta —denominados ácidos grasos volátiles (VFAs, por sus siglas en inglés)—, alcoholes, hidrógeno y dióxido de carbono.
3. **Acetogénesis.** Los ácidos grasos de cadena corta son transformados en ácido acético, hidrógeno y dióxido de carbono por microorganismos acetogénicos.
4. **Metanogénesis.** En la etapa final, los microorganismos metanogénicos (arqueas) producen metano a partir de ácido acético, hidrógeno y dióxido de carbono.

La Figura 2.1 muestra las cuatro etapas y los grupos tróficos que las realizan.



Figura 2.1: Diagrama esquemático del proceso de digestión anaerobia. Diferentes grupos tróficos: (a) bacterias fermentativas, (b) bacterias acetogénicas, (c) arqueas metanogénicas hidrogenotróficas, (d) arqueas metanogénicas acetoclásticas. Fuente: elaboración propia.

Este proceso secuencial tiene una implicación central para la modelación: el modelo AM2 simplifica las cuatro etapas a *dos reacciones* principales —acidogénesis y metanogénesis— agrupando la hidrólisis con la acidogénesis y la acetogénesis con la metanogénesis (Bernard et al., 2001). Las ecuaciones resultantes se presentan en la Sección 2.2.3.

2.1.3. Biodigestores

Un biodigestor anaerobio es esencialmente un depósito cerrado donde materia orgánica —estiércol, residuos agrícolas o aguas residuales— mezclada con agua es descompuesta por microorganismos en ausencia de oxígeno. Sus elementos esenciales comprenden: un reactor o contenedor, un depósito de gas con accesorios para la salida de biogás, una entrada para la alimentación (afluente) y una salida para la descarga del efluente (digestato) (Merino, 2019).

Según su régimen de alimentación, los biodigestores se clasifican en tres categorías (Weiland, 2010):

- **Continuos:** la alimentación es un proceso ininterrumpido; la descarga de efluente iguala al afluente. Se emplean principalmente en el tratamiento de aguas residuales a escala industrial.
- **Semicontinuos:** se realiza una carga inicial sustancial, seguida de adiciones regulares calculadas en función del tiempo de residencia hidráulico (TRH) y del volumen del reactor. La descarga se efectúa en la misma cantidad que el afluente incorporado. Este régimen es el más utilizado en aplicaciones rurales.
- **Discontinuos (batch):** el reactor se carga completamente, se deja fermentar, y una vez agotada la producción de biogás se vacía y se reinicia el proceso.

Según su escala, los biodigestores van desde micro-biodigestores rurales (volúmenes menores a 5 m^3 , como el de Mamiña con $V = 800 \text{ L}$) hasta plantas industriales de miles de metros cúbicos. El biodigestor de Mamiña opera en régimen semicontinuo con alimentación diaria de estiércol diluido (Guzmán-Cood, 2024).

El reactor de tipo **CSTR** (*Continuous Stirred-Tank Reactor*, reactor continuo de tanque agitado) es el modelo teórico fundamental para biodigestores continuos y semicontinuos. La hipótesis central del CSTR es la *mezcla perfecta*: en todo instante, la composición del contenido del reactor es uniforme e igual a la del efluente de salida. Esta hipótesis simplifica las ecuaciones del modelo, ya que elimina la dependencia espacial y reduce el sistema a ecuaciones diferenciales ordinarias en el tiempo (Bernard et al., 2001). La Figura 2.2 ilustra este esquema con las variables y flujos del modelo AM2.

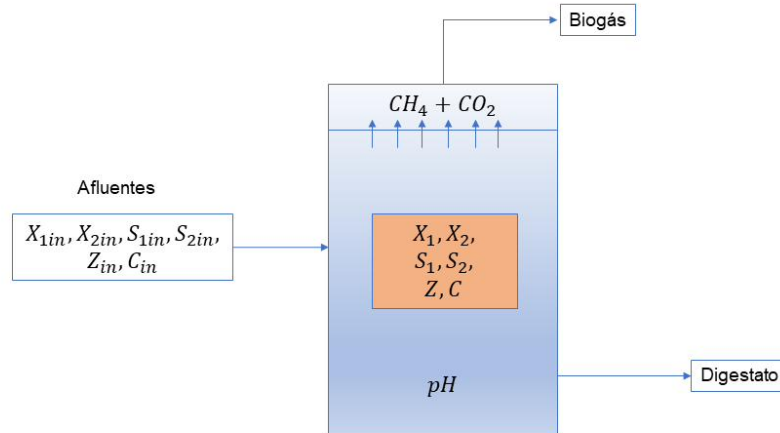


Figura 2.2: Esquema de un biodigestor modelado como CSTR. El afluente ingresa con caudal Q y concentraciones S_{1in} , S_{2in} , Z_{in} , C_{in} (con $X_{1,in} = X_{2,in} = 0$: no hay biomasa en la alimentación). El reactor de volumen V contiene las poblaciones X_1 , X_2 y los sustratos S_1 , S_2 , Z , C . El efluente (digestato) sale con las mismas concentraciones que el interior (hipótesis de mezcla perfecta). El biogás ($CH_4 + CO_2$) sale por la parte superior. Fuente: elaboración propia.

2.1.4. Parámetros operacionales

El comportamiento de un biodigestor depende de diversos parámetros operacionales. La Tabla 2.1 resume los más relevantes para el análisis cualitativo.

Tabla 2.1: Parámetros operacionales principales de un biodigestor anaerobio.

Parámetro	Unidad	Descripción y rango típico
Tasa de dilución $D = Q/V$	dia^{-1}	Velocidad de renovación del contenido del reactor (caudal de alimentación sobre volumen). Mamiña: $D = 0.027$
$\text{TRH} = 1/D$	dia	Tiempo promedio de permanencia. Típico: 15–40 días
pH	—	Rango óptimo metanógenos: 6.5–8.0
Temperatura	$^{\circ}\text{C}$	Mesofílico: 30–40; termofílico: 50–60
Carga orgánica	$\text{g L}^{-1} \text{dia}^{-1}$	Determinada por $S_{1in} \times D$

De estos parámetros, la **tasa de dilución** D es el principal parámetro de control en el análisis cualitativo, ya que determina directamente la existencia y estabilidad de los equilibrios del sistema (véase Capítulo 5).

2.1.5. El digestato como producto principal

En el contexto del biodigestor de Mamiña, el producto principal no es el biogás sino el **digestato**, utilizado como biofertilizante para la agricultura local. Esta distinción es importante porque cambia las variables de interés, como se resume en la Tabla 2.2.

Tabla 2.2: Variables relevantes del modelo AM2 según el producto objetivo del biodigestor.

Producto objetivo	Variables clave	Indicador de calidad
Biogás	X_2 (biomasa metanogénica), q_{CH_4}	Producción de CH_4
Digestato	S_1^* (sustrato orgánico residual), S_2^* (VFAs residuales)	η_1, η_2

Para cuantificar la calidad del digestato, se definen dos indicadores de eficiencia, adaptados de la práctica estándar en ingeniería de tratamiento de residuos (Bernard et al., 2001):

Definición 2.1 (Indicadores de calidad del digestato). *Sea ε_i^* un equilibrio del sistema con componentes S_1^* y S_2^* . Se definen:*

$$\eta_1 = \frac{S_{1\text{in}} - S_1^*}{S_{1\text{in}}} \times 100 \%, \quad (2.1)$$

$$\eta_2 = \frac{S_{2\text{eff}} - S_2^*}{S_{2\text{eff}}} \times 100 \%, \quad (2.2)$$

donde η_1 mide la eficiencia de degradación: la fracción del sustrato orgánico de entrada que es consumida por los acidogénicos en el equilibrio. η_2 mide la eficiencia de estabilización: la fracción de los VFAs producidos por la acidogénesis que es consumida por los metanógenos, convirtiendo compuestos volátiles (ácidos, inestables, malolientes) en productos estables (metano, CO_2). La concentración de referencia $S_{2\text{eff}}$ es la concentración de VFAs que se acumularía en el equilibrio de solo acidogénesis ($X_2^* = 0$), es decir, el máximo de VFAs posible sin actividad metanogénica. Su derivación se desarrolla en la Sección 4.8.

Un digestato de alta calidad se caracteriza por η_1 y η_2 cercanos al 100 %. Que $\eta_1 \approx 100 \%$ significa que casi toda la materia orgánica de entrada ha sido degradada, reduciendo la carga orgánica del efluente. Que $\eta_2 \approx 100 \%$ significa que los metanógenos han consumido casi todos los VFAs producidos, eliminando la acidez y el olor: el digestato resultante tiene pH cercano al neutro, es estable y apto como biofertilizante. Cuando $\eta_2 = 0 \%$ (ausencia de metanogénesis), los VFAs se acumulan, el digestato es ácido, inestable y maloliente. Si además η_1 es baja, el digestato carece de valor; pero si η_1 es alta, la degradación de materia orgánica y la remoción de patógenos aún funcionan, confiriendo al digestato propiedades parciales de fertilizante a pesar de su acidez (véase Capítulo 5).

2.2. El modelo AM2 estándar

2.2.1. Origen y contexto

El modelo ADM1 (*Anaerobic Digestion Model No. 1*), presentado por el grupo IWA en 2002, describe la digestión anaerobia mediante 35 variables de estado y aproximadamente 100 parámetros (Batstone et al., 2002). Si bien ofrece una representación precisa de sistemas reales y una estructura generalizada, su complejidad dificulta tanto la identificación de parámetros como el análisis matemático (Aranda-Barradas et al., 2010; Delgadillo et al., 2018).

Como alternativa, Bernard et al. (2001) propusieron el modelo AM2 (*Anaerobic Model No. 2*), que reduce la descripción a 6 variables de estado y 13 parámetros, manteniendo la capacidad de capturar los fenómenos esenciales de la DA. La simplificación clave consiste en agrupar las cuatro etapas biológicas (Sección 2.1.2) en dos reacciones: una *fase acidogénica* (que agrupa hidrólisis y acidogénesis) y una *fase metanogénica* (que agrupa acetogénesis y metanogénesis). El AM2 ha sido ampliamente utilizado en aplicaciones académicas, de control y de análisis matemático (Donoso-Bravo, 2020; Ficara et al., 2012).

2.2.2. Variables de estado

El estado del reactor en cada instante se describe mediante seis concentraciones, agrupadas en el vector $\varepsilon = (X_1, X_2, S_1, S_2, Z, C) \in \mathbb{R}^6$. Estas variables no se miden directamente en el reactor: son magnitudes teóricas cuya evolución temporal se calcula resolviendo el sistema de ecuaciones diferenciales del modelo (Sección 2.2.3). La Tabla 2.3 resume cada variable.

Tabla 2.3: Variables de estado del modelo AM2 (Bernard et al., 2001).

Variable	Descripción	Unidad
X_1	Concentración de biomasa acidogénica	g L^{-1}
X_2	Concentración de biomasa metanogénica	g L^{-1}
S_1	Concentración de sustrato orgánico (medida como DQO)	g L^{-1}
S_2	Concentración de ácidos grasos volátiles (VFAs)	mmol L^{-1}
Z	Alcalinidad total del reactor	mmol L^{-1}
C	Concentración de carbono inorgánico total	mmol L^{-1}

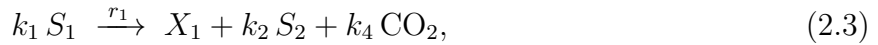
Las seis variables capturan los dos procesos biológicos del modelo y el entorno químico en que operan. Las biomásas X_1 y X_2 representan las dos poblaciones microbianas (acidogénicas y metanogénicas) que realizan la digestión. Los sustratos S_1 y S_2 son sus respectivos alimentos: S_1 es la materia orgánica compleja que consumen los acidogénicos, y S_2 son los VFAs que consumen los metanógenos (producto de la acidogénesis). La alcalinidad Z mide la

capacidad buffer del medio, es decir, la cantidad de sustancias (principalmente bicarbonato) que pueden neutralizar ácidos sin que el pH descienda abruptamente. Una alcalinidad alta permite al reactor absorber la producción de VFAs sin acidificarse; una alcalinidad insuficiente deja al pH vulnerable. Esta variable es determinante en el modelo extendido porque condiciona el pH del reactor. El carbono inorgánico C (CO_2 disuelto, bicarbonato) participa en el equilibrio ácido-base y en la transferencia de gas.

2.2.3. Ecuaciones diferenciales

El modelo AM2 se formula como un sistema de 6 ecuaciones diferenciales ordinarias (EDOs) que expresan los balances de masa en un reactor CSTR (Sección 2.1.3). Cada ecuación describe la variación temporal de una variable de estado como resultado de tres procesos: la dilución por alimentación, las reacciones bioquímicas internas y, en el caso del carbono inorgánico, la transferencia de CO_2 a la fase gaseosa.

Las dos reacciones bioquímicas del modelo son:



con velocidades de reacción $r_1 = \mu_1 X_1$ y $r_2 = \mu_2 X_2$, donde k_1 – k_6 son coeficientes estequiométricos y μ_1 , μ_2 son las tasas específicas de crecimiento (definidas en la Sección 2.2.4).

El sistema de EDOs resultante es:

$$\frac{dX_1}{dt} = (\mu_1 - \alpha D) X_1, \quad (2.5)$$

$$\frac{dX_2}{dt} = (\mu_2 - \alpha D) X_2, \quad (2.6)$$

$$\frac{dS_1}{dt} = D(S_{1\text{in}} - S_1) - k_1 \mu_1 X_1, \quad (2.7)$$

$$\frac{dS_2}{dt} = D(S_{2\text{in}} - S_2) + k_2 \mu_1 X_1 - k_3 \mu_2 X_2, \quad (2.8)$$

$$\frac{dZ}{dt} = D(Z_{\text{in}} - Z), \quad (2.9)$$

$$\frac{dC}{dt} = D(C_{\text{in}} - C) + k_4 \mu_1 X_1 + k_5 \mu_2 X_2 - q_{\text{CO}_2}. \quad (2.10)$$

Aquí, D es la tasa de dilución y $\alpha \in (0, 1]$ es la fracción de biomasa suspendida en la mezcla (no retenida por adhesión a las paredes), común a ambas poblaciones X_1 y X_2 . El producto αD representa la tasa efectiva de remoción de biomasa: solo la fracción suspendida

es arrastrada por el flujo de salida. Las concentraciones de entrada S_{1in} , S_{2in} , Z_{in} , C_{in} son parámetros constantes que caracterizan la alimentación del reactor.

Una propiedad importante del modelo estándar es que la ecuación (2.9) es *lineal y completamente desacoplada* del resto del sistema: Z no depende de ninguna otra variable. Su solución es $Z(t) = Z_{in} + (Z(0) - Z_{in})e^{-Dt}$, de modo que $Z^* = Z_{in}$ en todo equilibrio. Esta propiedad simplifica el análisis a 5 ecuaciones efectivas y será una diferencia clave con el modelo extendido (Sección 2.3).

2.2.4. Cinéticas de crecimiento

Las tasas específicas de crecimiento μ_1 y μ_2 modelan la velocidad con que cada población bacteriana crece en función de la concentración de su sustrato. Estas funciones provienen de la microbiología y son las piezas centrales del modelo: determinan cuánto crece cada población, y por tanto cuánto sustrato consume, en cada instante. Existen diversas formulaciones empíricas; el modelo AM2 emplea dos clásicas: la cinética de Monod para la fase acidogénica y la cinética de Haldane para la fase metanogénica (Bernard et al., 2001).

Cinética de Monod (fase acidogénica). La tasa de crecimiento de los acidogénicos sigue una función de saturación:

$$\mu_1(S_1) = \mu_{1max} \cdot \frac{S_1}{K_{S1} + S_1}, \quad (2.11)$$

donde μ_{1max} (constante) es la tasa máxima de crecimiento y K_{S1} (constante) es la constante de semi-saturación, definida como la concentración de sustrato a la cual $\mu_1 = \mu_{1max}/2$. Esta función es monótona creciente: a mayor concentración de sustrato, mayor crecimiento, con saturación asintótica en μ_{1max} . La Figura 2.3 ilustra su forma.

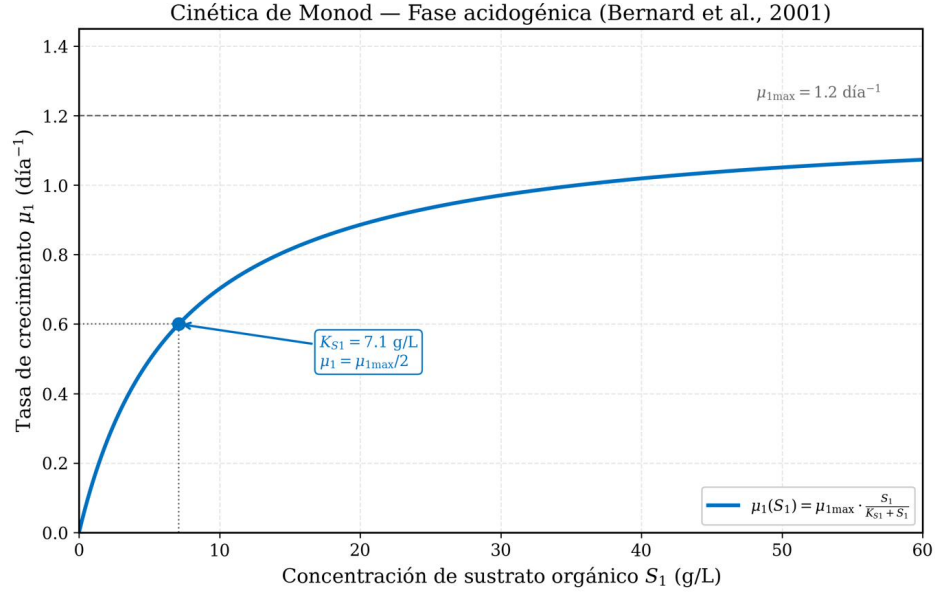


Figura 2.3: Cinética de Monod para la fase acidogénica con parámetros de Bernard et al. (2001): $\mu_{1\max} = 1.2 \text{ día}^{-1}$, $K_{S1} = 7.1 \text{ g L}^{-1}$. La tasa de crecimiento se satura asintóticamente en $\mu_{1\max}$ a medida que S_1 aumenta. Fuente: elaboración propia.

Cinética de Haldane (fase metanogénica). La tasa de crecimiento de los metanógenos incluye un término de inhibición por exceso de sustrato:

$$\mu_2(S_2) = \mu_{2\max} \cdot \frac{S_2}{K_{S2} + S_2 + S_2^2/K_{I2}}, \quad (2.12)$$

donde $\mu_{2\max}$ (constante) es la tasa máxima de crecimiento, K_{S2} (constante) es la constante de semi-saturación, y K_{I2} (constante) es la constante de inhibición. A diferencia de la cinética de Monod, esta función *no es monótona*: crece hasta un máximo en $S_2^{\text{opt}} = \sqrt{K_{S2} \cdot K_{I2}}$ y luego decrece por inhibición (Figura 2.4). Este comportamiento no monótono es fundamental para la existencia de múltiples equilibrios y la biestabilidad del modelo estándar (véase Sección 5.1).

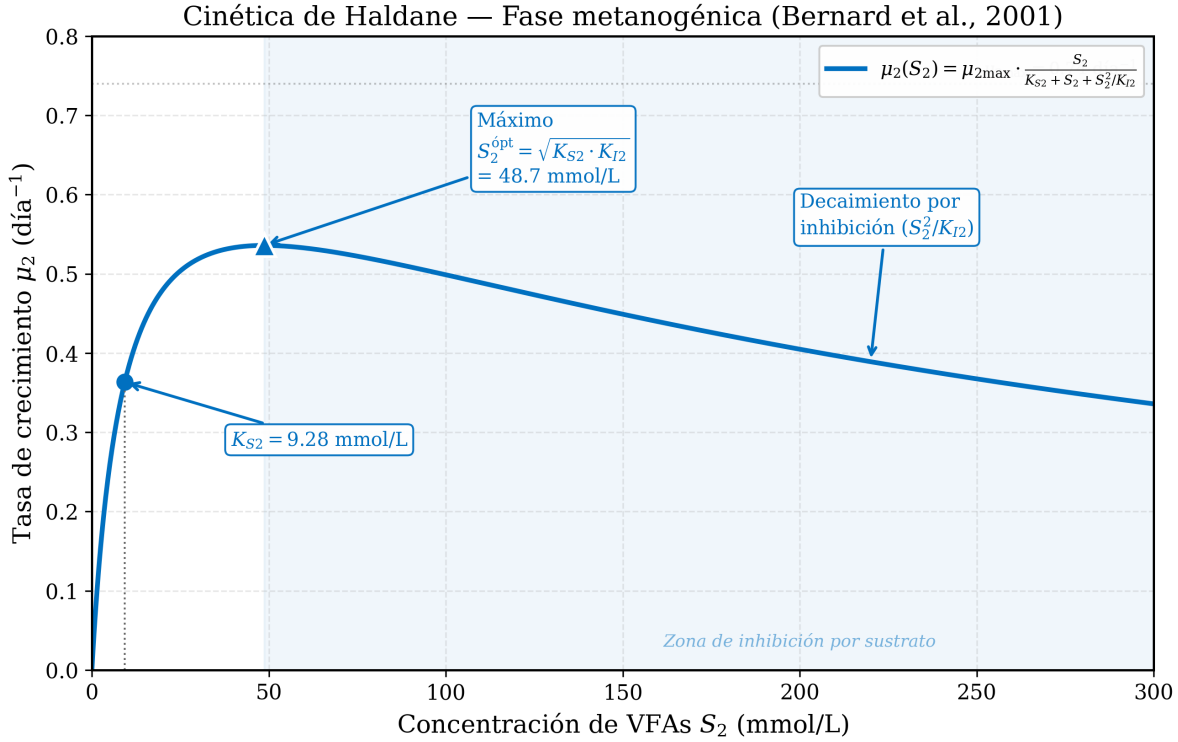


Figura 2.4: Cinética de Haldane para la fase metanogénica con parámetros de Bernard et al. (2001): $\mu_{2\max} = 0.74 \text{ día}^{-1}$, $K_{S_2} = 9.28 \text{ mmol L}^{-1}$, $K_{I_2} = 256 \text{ mmol L}^{-1}$. El máximo ocurre en $S_2^{\text{opt}} = \sqrt{K_{S_2} \cdot K_{I_2}} \approx 48.7 \text{ mmol L}^{-1}$; para $S_2 > S_2^{\text{opt}}$, la tasa decrece por inhibición. Fuente: elaboración propia.

El modelo incluye además la ecuación del pH:

$$\text{pH}(\epsilon) = -\log_{10}\left(K_b \cdot \frac{C - Z + S_2}{Z - S_2}\right), \quad (2.13)$$

donde K_b (constante) es la constante de basicidad. Esta ecuación proviene del **equilibrio químico del tampón bicarbonato** en el medio líquido del reactor: la alcalinidad Z (bicarbonato disponible) neutraliza los ácidos grasos volátiles S_2 , y el balance entre ambos determina la concentración de iones hidrógeno y, por tanto, el pH. La expresión (2.13) no es específica de un modelo particular de biodigestión — **es la misma ecuación de equilibrio ácido-base que se aplica en ambos modelos** (estándar y extendido). Lo que difiere entre modelos es el *valor* de Z^* en equilibrio, y el *rol* que el pH calculado desempeña en la dinámica. La ecuación requiere $Z > S_2$ para que el argumento del logaritmo sea positivo; cuando esta condición se viola ($Z^* < S_2^*$), el pH queda matemáticamente indefinido, indicando que la capacidad buffer del medio ha sido agotada.

La tasa de transferencia de CO_2 del líquido al gas, que aparece en la ecuación (2.10), se

modela como:

$$q_{\text{CO}_2}(\epsilon) = k_{La} (C - Z + S_2 - K_H P_{\text{CO}_2}), \quad (2.14)$$

donde k_{La} (constante) es el coeficiente de transferencia gas-líquido, K_H (constante) es la constante de Henry para el CO_2 , y P_{CO_2} es la presión parcial del CO_2 , calculada mediante:

$$P_{\text{CO}_2}(\epsilon) = \frac{\phi - \sqrt{\phi^2 - 4 K_H P_T (C - Z + S_2)}}{2 K_H}, \quad (2.15)$$

con $\phi(\epsilon) = C - Z + S_2 + K_H P_T + q_{\text{CH}_4}/k_{La}$, donde $q_{\text{CH}_4} = k_6 \mu_2 X_2$ es la tasa de producción de metano y P_T (constante) es la presión total en el reactor.

2.2.5. Parámetros

El modelo AM2 estándar tiene 13 parámetros cinéticos y estequiométricos, más 4 concentraciones de entrada, 3 constantes fisicoquímicas y el parámetro de control D . Todos los valores provienen de Bernard et al. (2001). La Tabla 2.4 los presenta organizados en cuatro bloques.

Los *parámetros cinéticos* (7) determinan la velocidad de las reacciones biológicas: tasas máximas de crecimiento, constantes de saturación e inhibición, transferencia de gas, y retención de biomasa. Los *coeficientes estequiométricos* (6) cuantifican las proporciones de las reacciones bioquímicas: cuánto sustrato se consume (k_1), cuántos VFAs y gases se producen o consumen (k_2 – k_6) por cada gramo de biomasa generada. Las *condiciones de entrada* (4) son las concentraciones del afluente que alimenta al reactor, y las *constantes fisicoquímicas* (3) gobiernan el equilibrio ácido-base y la transferencia de CO_2 a la fase gaseosa.

Tabla 2.4: Parámetros completos del modelo AM2 estándar: 7 cinéticos, 6 estequiométricos, 4 condiciones de entrada y 3 constantes fisicoquímicas. Todos los valores provienen de Bernard et al. (2001).

Símbolo	Descripción	Valor	Unidad
<i>Parámetros cinéticos</i>			
$\mu_{1\max}$	Tasa máx. crecimiento acidogénicos	1.2	dia ⁻¹
$\mu_{2\max}$	Tasa máx. crecimiento metanogénicos	0.74	dia ⁻¹
K_{S1}	Constante semi-saturación para S_1	7.1	g L ⁻¹
K_{S2}	Constante semi-saturación para S_2	9.28	mmol L ⁻¹
K_{I2}	Constante de inhibición por S_2	256	mmol L ⁻¹
k_{La}	Transferencia líquido-gas CO ₂	19.8	dia ⁻¹
α	Fracción dilución biomasa	0.5	—
<i>Coefficientes estequiométricos</i>			
k_1	Degradación de S_1	42.14	—
k_2	Producción de VFAs	116.5	mmol g ⁻¹
k_3	Consumo de VFAs	268	mmol g ⁻¹
k_4	Producción CO ₂ (acidogénesis)	50.6	mmol g ⁻¹
k_5	Producción CO ₂ (metanogénesis)	343.6	mmol g ⁻¹
k_6	Producción CH ₄	453	mmol g ⁻¹
<i>Condiciones de entrada y constantes fisicoquímicas</i>			
$S_{1\text{in}}$	Sustrato orgánico de entrada	15	g L ⁻¹
$S_{2\text{in}}$	VFAs de entrada	87.5	mmol L ⁻¹
Z_{in}	Alcalinidad de entrada	50	mmol L ⁻¹
C_{in}	Carbono inorgánico de entrada	40	mmol L ⁻¹
K_H	Constante de Henry CO ₂	27	mmol L ⁻¹ atm ⁻¹
P_T	Presión total	1.003	atm
K_b	Constante de basicidad	6.53×10^{-7}	mol L ⁻¹

Los coeficientes estequiométricos k_1 – k_6 determinan las proporciones de las reacciones bioquímicas: por ejemplo, $k_1 = 42.14$ indica que por cada gramo de biomasa acidogénica producida se consumen 42.14 gramos de sustrato orgánico. El valor $\alpha = 0.5$ indica que la mitad de la biomasa es retenida en el reactor (por ejemplo, por adhesión a las paredes), lo cual reduce la tasa efectiva de lavado de D a $\alpha D = 0.5 D$. Las condiciones de entrada ($S_{1\text{in}} = 15 \text{ g L}^{-1}$, $S_{2\text{in}} = 87.5 \text{ mmol L}^{-1}$, $Z_{\text{in}} = 50 \text{ mmol L}^{-1}$, $C_{\text{in}} = 40 \text{ mmol L}^{-1}$) corresponden a las de aguas residuales utilizadas en el análisis original de Bernard et al. (2001). Estos parámetros se emplean en las siete fases del análisis cualitativo del modelo estándar (Sección 4.4, Tabla 4.1) presentadas en el Capítulo 5.

2.3. El modelo AM2 extendido

2.3.1. Motivación

La comparación del modelo AM2 —calibrado para aguas residuales— con el modelo ADM1 aplicado a sustratos agrícolas (estiércol, residuos de cosecha) reveló discrepancias significativas en las predicciones de concentración de VFAs (S_2) y producción de biogás (Ficara et al., 2012). Para mejorar la capacidad predictiva del AM2 en estos sustratos, Ficara et al. (2014) propusieron dos extensiones: (i) la incorporación de tasas de muerte bacteriana (k_{d1} , k_{d2}), y (ii) la adición de una séptima variable de estado para el nitrógeno inorgánico. Posteriormente, Arzate et al. (2017) propusieron extensiones adicionales, entre ellas una modificación de la cinética metanogénica μ_2 que incorpora el efecto inhibitorio del pH.

En esta tesis se adoptan dos de estas extensiones —las tasas de muerte de Ficara et al. (2014) y la cinética metanogénica modificada de Arzate et al. (2017)— que son las relevantes para sustratos de estiércol de ganado como el de Mamiña. No se adopta la variable de nitrógeno inorgánico de Ficara et al. (2014) ni la fase de hidrólisis de Arzate et al. (2017), ya que el modelo de 6 variables de estado es suficiente para capturar los efectos de muerte y pH que esta tesis analiza. El modelo resultante mantiene las 6 variables de estado originales (X_1 , X_2 , S_1 , S_2 , Z , C), pero modifica las ecuaciones de X_1 , X_2 y Z , así como la forma funcional de μ_2 .

2.3.2. Extensión (i): tasas de muerte bacteriana

La primera extensión incorpora el decaimiento natural de las poblaciones bacterianas mediante tasas de muerte k_{d1} y k_{d2} (Ficara et al., 2014). **Las ecuaciones de biomasa** (2.5)–(2.6) se modifican a:

$$\frac{dX_1}{dt} = (\mu_1 - \alpha D - k_{d1}) X_1, \quad (2.16)$$

$$\frac{dX_2}{dt} = (\mu_2 - \alpha D - k_{d2}) X_2. \quad (2.17)$$

La diferencia con el modelo estándar es el término $-k_{d1} X_1$ (o $-k_{d2} X_2$): la biomasa ahora necesita una tasa de crecimiento mayor que $\alpha D + k_d$ para sobrevivir, no solo mayor que αD . Este umbral más exigente reduce el rango de operación viable, ya que la población se extingue a valores de D menores que en el modelo estándar.

Ecuación de alcalinidad extendida. La modificación más profunda ocurre en la ecuación de alcalinidad, que incorpora términos de nitrógeno (N-términos) asociados al crecimen-

to y muerte bacteriana:

$$\frac{dZ}{dt} = D(Z_{\text{in}} - Z) + (k_1 N_{S1} - N_{\text{bac}}) \mu_1 X_1 - N_{\text{bac}} \mu_2 X_2 + k_{d1} N_{\text{bac}} \mu_{1\text{max}} X_1 + k_{d2} N_{\text{bac}} \mu_{2\text{max}} X_2. \quad (2.18)$$

A diferencia de la ecuación (2.9) del modelo estándar, donde Z se desacopla completamente y $Z^* = Z_{\text{in}}$, la ecuación (2.18) depende de las biomásas X_1 y X_2 a través de los N-términos. Este acoplamiento es una diferencia estructural fundamental: en el modelo extendido, $Z^* \neq Z_{\text{in}}$ y la alcalinidad depende del estado biológico del reactor. Esta propiedad será central en los resultados del Capítulo 5.

Las ecuaciones de S_1 , S_2 y C mantienen la misma forma que en el modelo estándar (ecuaciones 2.7–2.10), sustituyendo μ_1 y μ_2 por las cinéticas correspondientes.

2.3.3. Extensión (ii): cinética metanogénica con efecto del pH

La segunda extensión modifica la cinética de crecimiento de los metanógenos (Arzate et al., 2017). La cinética de Haldane (2.12) se reemplaza por:

$$\mu_2(S_2, \text{pH}) = \mu_{2\text{max}} \cdot f(S_2) \cdot (1 - I(\text{pH})), \quad (2.19)$$

donde $f(S_2)$ es una función de saturación modificada y $I(\text{pH})$ es una función de inhibición por pH.

La **función de saturación modificada** tiene la forma:

$$f(S_2) = \frac{S_2}{K_{S2} + S_2 + S_2/K_{I2}}. \quad (2.20)$$

La diferencia clave con la cinética de Haldane estándar (ecuación 2.12) se aprecia comparando los denominadores: el estándar tiene $K_{S2} + S_2 + S_2^2/K_{I2}$ mientras que el extendido tiene $K_{S2} + S_2 + S_2/K_{I2}$. El término de inhibición pasa de S_2^2/K_{I2} (cuadrático) a S_2/K_{I2} (lineal). Esta reducción del exponente tiene una consecuencia matemática fundamental: mientras que la Haldane estándar tiene un máximo en $S_2^{\text{opt}} = \sqrt{K_{S2} \cdot K_{I2}}$ y luego decrece (función *no monótona*), la función $f(S_2)$ con término lineal es *monótona creciente* para todo $S_2 \geq 0$. La Figura 2.5 compara ambas cinéticas. Esta monotonía elimina la posibilidad de múltiples raíces en la ecuación $\mu_2 = \alpha D + k_{d2}$, lo cual tiene consecuencias directas sobre la existencia de equilibrios y la biestabilidad (véase Sección 5.2).

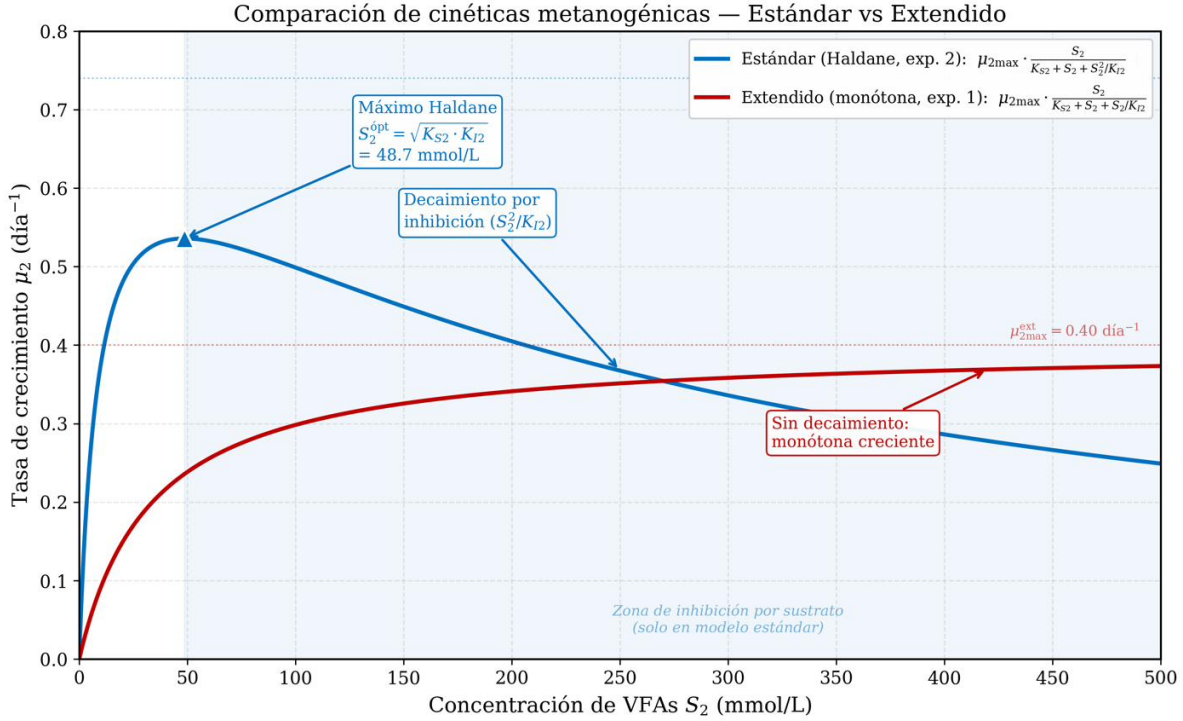


Figura 2.5: Comparación de las cinéticas metanogénicas. Curva azul: cinética de Haldane del modelo estándar (exponente 2), con máximo en $S_2^{\text{opt}} = \sqrt{K_{S_2} \cdot K_{I_2}} \approx 48.7 \text{ mmol/L}$ y posterior decaimiento por inhibición. Curva roja: cinética monótona del modelo extendido (exponente 1), creciente para todo $S_2 \geq 0$. Esta diferencia estructural determina la existencia o no de múltiples equilibrios. Fuente: elaboración propia con parámetros de Bernard et al. (2001) y Arzate (2019).

La **función de inhibición por pH** toma la forma:

$$I(\text{pH}) = \exp \left[-4 \left(\frac{\text{pH} - \text{pH}_H}{\text{pH}_H - \text{pH}_L} \right)^2 \right], \quad (2.21)$$

donde $\text{pH}_H = 8.3$ y $\text{pH}_L = 5.5$ son los límites del rango de operación para sustratos de estiércol (Arzate et al., 2017). Cuando $\text{pH} = \text{pH}_H$, se tiene $I(\text{pH}) = 1$ (inhibición total, $\mu_2 = 0$). A medida que el pH disminuye hacia pH_L , $I(\text{pH}) \rightarrow 0$ y la inhibición desaparece.

En ambos modelos, el pH se calcula con la **misma fórmula** de equilibrio químico del tampón bicarbonato (ecuación 2.13). La diferencia radica en cómo cada modelo *usa* ese pH: en el modelo estándar, el pH es una variable derivada que se calcula a partir del estado del sistema pero *no afecta* las cinéticas de crecimiento — es solo informativa. En el modelo extendido, el pH calculado con la misma fórmula *afecta directamente* la tasa de crecimiento metanogénico a través de $I(\text{pH})$: el pH se calcula, luego $I(\text{pH})(\text{pH})$ retroalimenta la EDO de X_2 . Esta retroalimentación proporciona información accionable al operador sobre rangos

críticos de pH.

2.3.4. Parámetros para estiércol

Los parámetros del modelo extendido provienen de dos fuentes. Los parámetros cinéticos ($\mu_{1\max}$, $\mu_{2\max}$, K_{S1} , K_{S2} , K_{I2} , k_{La} , α), los estequiométricos (k_1 – k_6) y los de inhibición por pH (pH_L , pH_H) fueron calibrados por Arzate (2019) para estiércol de ganado bovino. Las tasas de muerte (k_{d1} , k_{d2}) y los coeficientes de nitrógeno (N_{S1} , N_{bac}) provienen de Ficara et al. (2014). Se utilizan estos valores como aproximación para el estiércol de oveja del biodigestor de Mamiña, dado que no existen estudios específicos del modelo AM2 con estiércol ovino. Las constantes fisicoquímicas (K_H , K_b , P_T) son compartidas con el modelo estándar (Tabla 2.4). La Tabla 2.5 presenta los parámetros que difieren del modelo estándar.

Tabla 2.5: Parámetros del modelo AM2 extendido para estiércol. Cinéticos y estequiométricos: Arzate (2019); tasas de muerte y nitrógeno: Ficara et al. (2014). Condiciones de entrada para Mamiña: dilución 1:3 (Guzmán-Cood, 2024).

Símbolo	Descripción	Valor	Unidad
<i>Parámetros cinéticos y estequiométricos</i>			
$\mu_{1\max}$	Tasa máx. crecimiento acidogénicos	0.7	dia^{-1}
$\mu_{2\max}$	Tasa máx. crecimiento metanogénicos	0.4	dia^{-1}
K_{S1}	Constante semi-saturación S_1	9.0	g L^{-1}
K_{S2}	Constante semi-saturación S_2	33.7	mmol L^{-1}
K_{I2}	Constante de inhibición S_2	250	mmol L^{-1}
k_{La}	Transferencia líquido-gas CO_2	80.4	dia^{-1}
α	Fracción dilución biomasa	1.0	—
k_{d1}	Tasa de muerte acidogénicos	0.0553	dia^{-1}
k_{d2}	Tasa de muerte metanogénicos	0.060	dia^{-1}
N_{S1}	Contenido N en sustrato S_1	0.024	mmol g^{-1}
N_{bac}	Contenido N en biomasas	34.4	mmol g^{-1}
pH_L	pH bajo (inhibición mínima)	5.5	—
pH_H	pH alto (inhibición total)	8.3	—
<i>Condiciones de entrada — Mamiña (Arzate $\times 0.25$)</i>			
$S_{1\text{in}}$	Sustrato orgánico de entrada	18.285	g L^{-1}
$S_{2\text{in}}$	VFAs de entrada	94.95	mmol L^{-1}
Z_{in}	Alcalinidad de entrada	144.89	mmol L^{-1}
C_{in}	Carbono inorgánico de entrada	50.14	mmol L^{-1}

La tasa de dilución de operación en Mamiña es $D_{\text{Mam}} = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ ($\text{TRH} \approx 37$ días), calculada como $D = Q/V = 20/800$ (Guzmán-Cood, 2024). Las condiciones de entrada se

obtienen multiplicando los valores de Arzate (2019) por el factor de dilución 0.25 (dilución 1:3 con agua). Los parámetros completos de ambos modelos se consolidan en el Apéndice A.

2.3.5. Resumen comparativo

Ambos modelos tienen 6 ecuaciones diferenciales ordinarias y comparten la misma estructura general de balances de masa en un CSTR. Las diferencias se resumen en la Tabla 2.6.

Tabla 2.6: Resumen comparativo de los modelos AM2 estándar y extendido.

Aspecto	AM2 estándar	AM2 extendido
Cinética μ_2	Haldane (exponente 2): no monótona, con máximo	Monótona (exponente 1) $\times$ factor $(1 - I(\text{pH}))$
Muerte bacteriana	No incluida ($k_{d1} = k_{d2} = 0$)	Incluida ($k_{d1} > 0$, $k_{d2} > 0$)
Ecuación de Z	Desacoplada: $Z^* = Z_{\text{in}}$	Acoplada vía N-términos: $Z^* \neq Z_{\text{in}}$
Efecto del pH	Variable derivada; no afecta cinéticas	Afecta μ_2 vía $I(\text{pH})$: retroalimentación
Coef. estequiom.	Aguas residuales ($k_2 = 116.5$)	Estiércol ($k_2 = 226.6$): ratio k_2/k_1 mucho mayor
α	0.5 (retención parcial)	1.0 (sin retención)
Sustrato	Aguas residuales (Bernard et al., 2001)	Estiércol de ganado (Arzate, 2019)

Las diferencias entre los modelos son tanto *estructurales* (forma de las ecuaciones: muerte, acoplamiento de Z , retroalimentación del pH) como *paramétricas* (valores numéricos calibrados para sustratos diferentes). Separar estos dos tipos de efectos —determinar cuáles resultados se deben a la estructura del modelo y cuáles a los valores de los parámetros— es uno de los objetivos centrales del análisis comparativo (OE7, Capítulo 5). La Sección 2.4 define los criterios formales que guiarán esa comparación.

2.4. Marco de comparación

El análisis cualitativo del Capítulo 5 se aplica por separado a cada modelo (estándar en la Sección 5.1, extendido en la Sección 5.2), y los resultados se comparan sistemáticamente en la Sección 5.3. Para que esta comparación sea objetiva y reproducible, esta sección define sus instrumentos: una clasificación biológica de los equilibrios (Sección 2.4.1), criterios cuantitativos y cualitativos predefinidos (Secciones 2.4.2–2.4.3), y un principio de parsimonia

(Sección 2.4.4). Los ocho criterios (CQ1–CQ4 y CC1–CC4) están diseñados para ser evaluables *sin datos empíricos*, dado que no se dispone de mediciones experimentales del biodigestor de Mamiña para validación directa.

2.4.1. Clasificación biológica de los equilibrios

Los equilibrios del modelo AM2 se organizan en cuatro **clases** (A–D) según el estado de las poblaciones bacterianas, y en cuatro **familias** (I–IV) según su estructura algebraica (Bernard et al., 2001). Ambas clasificaciones coinciden: la Clase A corresponde a la Familia I, y así sucesivamente. Se mantienen ambas denominaciones porque la literatura usa “familias” para los cálculos algebraicos y “clases” para la interpretación biológica. La notación de familias (números romanos) no debe confundirse con la de regiones de operación (RI, RII, RIII), que se definen en el Capítulo 5.

Tabla 2.7: Clasificación biológica de los equilibrios del modelo AM2.

Clase	Estado biomasas	Familia	Equilibrios	Producción CH_4
Clase A	$X_1^* = 0, X_2^* = 0$ (lavado total)	I	ε_1^*	Ninguna
Clase B	$X_1^* = 0, X_2^* > 0$ (solo metanogénesis)	II	$\varepsilon_2^*, \varepsilon_3^*$	Limitada
Clase C	$X_1^* > 0, X_2^* = 0$ (solo acidogénesis)	III	ε_4^*	Ninguna
Clase D	$X_1^* > 0, X_2^* > 0$ (coexistencia)	IV	$\varepsilon_5^*, \varepsilon_6^*$	Máxima

Desde el punto de vista operacional, las clases tienen una **jerarquía de deseabilidad**. La Clase D es la más deseable: ambas poblaciones coexisten, la cadena trófica está completa (los acidogénicos producen VFAs que los metanógenos consumen), y el resultado es producción máxima de biogás con digestato de alta calidad (η_1 y η_2 cercanos al 100%). La Clase B es intermedia: hay metanógenos pero sin acidogénicos, por lo que solo se procesan los VFAs que llegan con la alimentación. Las Clases A y C son las menos deseables: no hay producción de metano. El objetivo del análisis de estabilidad es determinar bajo qué condiciones los equilibrios de Clase D son estables y alcanzables.

Observación 2.2. En el modelo estándar, las cuatro clases están representadas por 6 equilibrios analíticos ($\varepsilon_1^* - \varepsilon_6^*$). En el modelo extendido, las Clases B y D *no existen analíticamente* para

los parámetros de estiércol: la monotonía de μ_2 y el acoplamiento de Z eliminan las raíces correspondientes. Sin embargo, la simulación numérica revela un equilibrio de coexistencia e_D^{num} (Clase D) no predicho por el cálculo analítico (véase Sección 5.2).

2.4.2. Criterios cuantitativos de comparación

La comparación entre modelos de biodigestión requiere criterios formales que eviten juicios subjetivos sobre cuándo una diferencia es “significativa”. En esta tesis se diseñaron cuatro criterios cuantitativos (CQ1–CQ4) con umbrales numéricos predefinidos, definidos *antes* de realizar el análisis para no sesgar la evaluación por los resultados obtenidos. Cada criterio mide un aspecto operacionalmente relevante: el rango de operación segura (CQ1), la robustez ante perturbaciones (CQ2), la calidad del producto (CQ3) y la tolerancia a variaciones (CQ4). La notación E denota el modelo estándar y X el extendido. La Tabla 2.8 presenta los cuatro criterios.

Tabla 2.8: Criterios cuantitativos de comparación (CQ1–CQ4).

Código	Criterio	Métrica	Umbral e interpretación
CQ1	Valores críticos de dilución	$ D^{\text{crit}}(\text{E}) - D^{\text{crit}}(\text{X}) /D^{\text{crit}}(\text{E})$	Diferencia $> 10\%$: las extensiones modifican significativamente el rango operacional seguro
CQ2	Margen de seguridad para Mamiña	$D^{\text{crit}}/D_{\text{Mam}}$ para cada modelo	Mayor cociente = mayor robustez ante perturbaciones en D . Comparación directa entre modelos
CQ3	Calidad del digestato	η_1, η_2 evaluados en $D = D_{\text{Mam}}$	Diferencia $> 5\%$: impacto directo sobre la calidad del fertilizante producido
CQ4	Sensibilidad a la dilución	Variación de los equilibrios con D	Mayor sensibilidad = operación más delicada; menor tolerancia a variaciones en el caudal

El **umbral de significancia** del 10 % para CQ1 se justifica porque diferencias menores podrían atribuirse a la incertidumbre en los parámetros cinéticos del modelo. Para CQ3, el umbral es más estricto (5 %) dado que η_1 y η_2 son las variables de interés directo para el operador: una diferencia del 5 % en la degradación del sustrato ya es relevante para la calidad del fertilizante. CQ2 y CQ4 se evalúan por comparación directa entre modelos, sin umbral numérico fijo. Los cuatro criterios se evalúan con resultados concretos en la Sección 5.3.2

(Fase VI).

2.4.3. Criterios cualitativos de comparación

No todas las diferencias entre modelos se reducen a un porcentaje. Un modelo puede revelar fenómenos que el otro no captura (bifurcaciones nuevas, dependencias del pH), o generar recomendaciones más específicas para el operador. Los cuatro criterios cualitativos (CC1–CC4) evalúan estos aspectos mediante preguntas con respuesta Sí/No acompañada de justificación. Al igual que los CQ, fueron definidos antes de realizar el análisis. La Tabla 2.9 los presenta.

Tabla 2.9: Criterios cualitativos de comparación (CC1–CC4).

Código	Criterio	Pregunta a responder	Evaluación
CC1	Riqueza de bifurcaciones	¿El extendido exhibe tipos de bifurcación ausentes en el estándar?	Sí/No con descripción del tipo adicional
CC2	Información sobre pH	¿El extendido identifica rangos críticos de pH que el operador pueda monitorear?	Sí/No (inherente a la estructura del modelo)
CC3	Accionabilidad	¿Las recomendaciones del extendido son más específicas y utilizables por el operador?	Evaluación comparada de las recomendaciones
CC4	Consistencia de predicciones	¿Ambos modelos predicen el mismo comportamiento cualitativo para $D = D_{\text{Mam}}$?	Sí: modelos consistentes; No: analizar causas

El criterio CC2 es particularmente relevante: en ambos modelos el pH se calcula con la misma fórmula de equilibrio químico (ecuación 2.13), pero en el modelo estándar este pH no afecta la dinámica, mientras que en el modelo extendido retroalimenta la tasa de crecimiento metanogénico a través de $I(\text{pH})$ (ecuación 2.21). Esta retroalimentación permite, por construcción, identificar rangos de pH donde la metanogénesis se inhibe, información que el modelo estándar no puede proporcionar. El criterio CC4 verifica la consistencia entre modelos: si las predicciones para Mamiña difieren, se debe analizar si la causa es estructural (forma de las ecuaciones) o paramétrica (valores numéricos). Los cuatro criterios se evalúan en las Secciones 5.3.4–5.3.7 (Fase VI).

2.4.4. Criterio de parsimonia

Los criterios CQ1–CQ4 y CC1–CC4 miden *si* los modelos difieren, pero no responden la pregunta central: *¿se justifica usar el modelo más complejo?* Para responderla se necesita un criterio de decisión que integre todos los resultados anteriores.

El **principio de parsimonia** —análogo a la navaja de Ockham en filosofía de la ciencia— establece que, entre dos modelos que explican los mismos fenómenos, se prefiere el más simple. En el contexto de esta tesis, el modelo estándar es el más simple: tiene 13 parámetros, alcalinidad desacoplada y cinética de Haldane sin efecto del pH. El modelo extendido agrega complejidad: 17 parámetros (incluyendo tasas de muerte y coeficientes de nitrógeno), alcalinidad acoplada con las biomasas, y cinética metanogénica con retroalimentación del pH. Esta complejidad adicional solo se justifica si el modelo extendido aporta información que el estándar no puede proporcionar y que sea relevante para el operador.

Este principio se formula como un criterio de decisión con condiciones verificables:

Definición 2.3 (Criterio de parsimonia). *El modelo extendido aporta **valor adicional** sobre el estándar si y solo si se cumple al menos una de las siguientes condiciones:*

(a) *Los criterios cuantitativos CQ1–CQ3 muestran diferencias significativas (superiores a sus umbrales: 10 % para CQ1, 5 % para CQ3), indicando que las extensiones modifican las predicciones numéricas de forma relevante para la operación.*

(b) *El criterio cualitativo CC2 proporciona rangos operacionales de pH útiles que el operador puede monitorear, información que el modelo estándar no puede generar por construcción.*

Si ninguna condición se cumple, el modelo estándar es suficiente para describir el comportamiento del biodigestor de Mamiña y no se justifica la complejidad adicional del extendido.

La evaluación de este criterio se realiza en la Fase VI del análisis (Sección 5.3.10), una vez que los resultados de ambos modelos y los ocho criterios CQ/CC hayan sido evaluados con datos concretos. De este modo, la decisión sobre la complejidad del modelo no depende de una opinión, sino de evidencia cuantitativa y cualitativa predefinida.

Capítulo 3

Teoría de sistemas dinámicos

Este capítulo presenta los conceptos matemáticos necesarios para el análisis cualitativo de los modelos AM2. La exposición sigue de cerca el texto de Layek (2024); para una referencia complementaria sobre sistemas dinámicos no lineales y bifurcaciones, véase Strogatz (2015). Dado que el modelo AM2 opera en dimensión 6 —donde la visualización directa no es posible—, se incluyen ejemplos en dimensión 1 y 2 que permiten construir la intuición geométrica que luego se aplica en el Capítulo 5. Cada concepto utilizado en los resultados se define formalmente aquí.

3.1. Sistemas dinámicos continuos

Un **sistema dinámico continuo** de dimensión n se describe mediante un sistema de n ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden:

$$\dot{\mathbf{x}} = \mathbf{f}(\mathbf{x}), \quad \mathbf{x} \in \mathbb{R}^n, \quad (3.1)$$

donde $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_n)$ es el *vector de estado* y $\mathbf{f} : U \subseteq \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es un campo vectorial de clase C^r ($r \geq 1$) definido en un abierto U . El sistema (3.1) se dice **autónomo** porque el campo $\mathbf{f}$ no depende explícitamente del tiempo t : las trayectorias del sistema no cambian si se deslaza el instante inicial. Si el lado derecho dependiera de t , el sistema sería *no autónomo*.

El modelo AM2 en cualquiera de sus versiones es un sistema autónomo de dimensión $n = 6$, con vector de estado $\boldsymbol{\varepsilon} = (X_1, X_2, S_1, S_2, Z, C)$ y campo vectorial definido por las ecuaciones (2.5)–(2.10) (estándar) o sus modificaciones (2.16)–(2.18) (extendido). Los parámetros (D, α, k_i , etc.) son constantes, por lo que ninguna ecuación contiene t explícitamente.

Ejemplo 3.1 (Sistemas autónomos con analogía al AM2). Dos sistemas clásicos tienen estructura análoga al modelo AM2:

(a) *Modelo depredador-presa de Lotka-Volterra*: $\dot{x} = \alpha x - \beta xy$, $\dot{y} = -\gamma y + \delta xy$, donde x es la densidad de presas e y la de depredadores. Los términos βxy y δxy representan la interacción entre especies. Como el AM2, describe dos poblaciones cuyo crecimiento depende de la otra.

(b) *Crecimiento logístico*: $\dot{x} = (r - bx)x$, con solución $x(t) \rightarrow r/b$ cuando $t \rightarrow \infty$. Análogo a la dinámica de biomasa en el AM2: la población crece mientras hay sustrato disponible, hasta alcanzar una capacidad de carga.

3.2. Trayectorias, órbitas y flujos

La solución del sistema (3.1) con condición inicial $\mathbf{x}(0) = \mathbf{x}_0$ define una función $\varphi: I \times U \rightarrow \mathbb{R}^n$ que satisface $\frac{d}{dt}\varphi(t, \mathbf{x}_0) = \mathbf{f}(\varphi(t, \mathbf{x}_0))$, donde $I \subseteq \mathbb{R}$ es un intervalo que contiene al 0 y $U \subseteq \mathbb{R}^n$ es un abierto de condiciones iniciales. Esta función admite dos interpretaciones según cuál variable se fije (Layek, 2024):

- **Trayectoria**: fijando $\mathbf{x}_0$ y variando t , se obtiene la función $t \mapsto \varphi(t, \mathbf{x}_0)$, que es la solución del problema de valor inicial parametrizada por el tiempo. Su imagen es una curva en $\mathbb{R}^n$. El vector tangente a la trayectoria en cada punto coincide con el campo vectorial: $\frac{d}{dt}\varphi(t, \mathbf{x}_0) = \mathbf{f}(\varphi(t, \mathbf{x}_0))$.
- **Órbita** (o **línea de flujo**): es el conjunto de puntos del espacio de estados visitados por la trayectoria, es decir, la imagen $\{\varphi(t, \mathbf{x}_0) \mid t \in I\} \subset \mathbb{R}^n$. La órbita es el rastro geométrico de la solución *en un espacio sin dimensión temporal*: muestra *dónde* pasa el sistema, pero no *cuándo*. Para sistemas autónomos, las órbitas son las curvas tangentes al campo vectorial $\mathbf{f}$.

El **flujo** es un concepto distinto: para cada t fijo, la aplicación $\varphi_t: \mathbf{x}_0 \mapsto \varphi(t, \mathbf{x}_0)$ es una transformación que mueve simultáneamente cada punto del espacio de estados. La familia completa $\{\varphi_t\}_{t \in \mathbb{R}}$ es el flujo del sistema.

Existencia, unicidad y no-intersección de órbitas. El **teorema de Picard-Lindelöf** garantiza que, cuando $\mathbf{f}$ es localmente Lipschitz (condición satisfecha por campos de clase C^1), para cada condición inicial $\mathbf{x}_0$ existe una *única* solución maximal del problema de valor inicial. La consecuencia geométrica inmediata es que **por cada punto del espacio de estados pasa exactamente una órbita**: dos órbitas distintas no pueden intersectarse.

Definición 3.2 (Retrato de fase). *El **retrato de fase** es la colección de órbitas representadas en el espacio de estados con flechas indicando la dirección del movimiento.*

Para sistemas autónomos, el retrato de fase es invariante en el tiempo: si se desplaza el instante inicial, las órbitas no cambian. Esta propiedad es esencial para el análisis cualitativo, ya que permite estudiar el comportamiento global del sistema sin resolver explícitamente las ecuaciones.

El retrato de fase es la herramienta central del análisis cualitativo. Las preguntas fundamentales —¿hay equilibrios?, ¿son estables?, ¿hacia dónde evoluciona el sistema?— se responden examinando la geometría de las órbitas.

3.3. Puntos de equilibrio

Definición 3.3 (Punto de equilibrio). *Un punto $\mathbf{x}^* \in \mathbb{R}^n$ es un **punto de equilibrio** (o punto fijo, punto singular, estado estacionario) del sistema (3.1) si $\mathbf{f}(\mathbf{x}^*) = \mathbf{0}$.*

Si $\mathbf{x}(0) = \mathbf{x}^*$, entonces $\mathbf{x}(t) = \mathbf{x}^*$ para todo t : el sistema permanece en ese estado indefinidamente. Los equilibrios son los *puntos fijos del flujo*: $\varphi_t(\mathbf{x}^*) = \mathbf{x}^*$ para todo t .

Ejemplo 3.4 (Equilibrios del péndulo simple (oscilador no lineal)). El péndulo simple sin amortiguamiento se describe por $\ddot{x} + \omega_0^2 \sin x = 0$, equivalente al sistema $\dot{x} = y$, $\dot{y} = -\omega_0^2 \sin x$. Los equilibrios son los puntos donde $y^* = 0$ y $\sin x^* = 0$, es decir, $\mathbf{x}^* = (m\pi, 0)$ para $m \in \mathbb{Z}$. Los equilibrios con m par ($x^* = 0, \pm 2\pi, \dots$) corresponden al péndulo colgando verticalmente (posición natural, estable); los equilibrios con m impar ($x^* = \pm\pi, \pm 3\pi, \dots$) corresponden al péndulo invertido (posición vertical superior, inestable). Este sistema ilustra cómo un oscilador no lineal puede tener infinitos equilibrios de tipos diferentes, a diferencia del oscilador armónico lineal que tiene un único equilibrio.

Ejemplo 3.5 (Equilibrios en una dimensión). El sistema $\dot{x} = x^2 - 1$ tiene dos equilibrios: $x^* = -1$ (estable, $f'(-1) = -2 < 0$) y $x^* = +1$ (inestable, $f'(1) = 2 > 0$). El signo de $f'(x^*)$ determina la estabilidad: negativo implica convergencia, positivo divergencia. En el AM2, el mismo criterio —generalizado a n dimensiones mediante los valores propios de la matriz jacobiana— clasifica cada equilibrio.

En el contexto del biodigestor, los equilibrios corresponden a *estados estacionarios* del reactor: concentraciones constantes de biomasa, sustratos y alcalinidad. Encontrar todos los equilibrios y determinar cuáles son estables es el primer paso del análisis cualitativo y constituye el contenido de los objetivos específicos OE2 y OE3 de esta tesis.

3.4. Linealización y el flujo de sistemas lineales

Para estudiar el comportamiento de las soluciones cerca de un equilibrio $\mathbf{x}^*$, se linealiza el sistema mediante un desarrollo de Taylor de primer orden. Definiendo la perturbación $\mathbf{u} = \mathbf{x} - \mathbf{x}^*$:

$$\dot{\mathbf{u}} = \mathbf{f}(\mathbf{x}^* + \mathbf{u}) = \underbrace{\mathbf{f}(\mathbf{x}^*)}_{=0} + \mathbf{J}(\mathbf{x}^*) \mathbf{u} + O(\|\mathbf{u}\|^2) \approx \mathbf{J}(\mathbf{x}^*) \mathbf{u}, \quad (3.2)$$

donde $\mathbf{J}(\mathbf{x}^*)$ es la **matriz jacobiana** evaluada en el equilibrio:

$$\mathbf{J}(\mathbf{x}^*) = \left. \frac{\partial \mathbf{f}}{\partial \mathbf{x}} \right|_{\mathbf{x}=\mathbf{x}^*}, \quad J_{ij} = \left. \frac{\partial f_i}{\partial x_j} \right|_{\mathbf{x}=\mathbf{x}^*}. \quad (3.3)$$

El **sistema linealizado** $\dot{\mathbf{u}} = \mathbf{J} \mathbf{u}$ es un sistema lineal de coeficientes constantes. La relación entre valores propios y estabilidad se establece a partir del flujo de los sistemas lineales, siguiendo el desarrollo de Layek (2024).

Motivación: el caso escalar. Considérese primero $\dot{x} = ax$ con $a \in \mathbb{R}$. La solución es $x(t) = e^{at} x_0$. El signo de a determina completamente la dinámica: si $a < 0$, $e^{at} \rightarrow 0$ y el origen es estable; si $a > 0$, $e^{at} \rightarrow \infty$ y es inestable.

Generalización: la exponencial matricial. Para el sistema n -dimensional $\dot{\mathbf{u}} = A \mathbf{u}$ (con $A = \mathbf{J}(\mathbf{x}^*)$ constante), la solución generaliza el caso escalar:

$$\mathbf{u}(t) = e^{At} \mathbf{u}(0), \quad \text{donde} \quad e^{At} = \mathbf{I} + At + \frac{(At)^2}{2!} + \frac{(At)^3}{3!} + \dots = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{t^k A^k}{k!}. \quad (3.4)$$

Esta serie converge para toda matriz A y todo $t \in \mathbb{R}$.

Conexión valores propios $\rightarrow$ estabilidad. Si $\mathbf{v}$ es un vector propio de A con valor propio λ (es decir, $A\mathbf{v} = \lambda\mathbf{v}$), entonces $A^k \mathbf{v} = \lambda^k \mathbf{v}$, y sustituyendo en la serie:

$$e^{At} \mathbf{v} = \left(\sum_{k=0}^{\infty} \frac{(\lambda t)^k}{k!} \right) \mathbf{v} = e^{\lambda t} \mathbf{v}. \quad (3.5)$$

Es decir, a lo largo de la dirección del vector propio $\mathbf{v}$, la solución se comporta como $e^{\lambda t} \mathbf{v}$. Para un valor propio complejo $\lambda = a + bi$ (donde $a = \text{Re}(\lambda)$ y $b = \text{Im}(\lambda)$):

$$|e^{\lambda t}| = e^{at}, \quad e^{\lambda t} = e^{at}(\cos bt + i \sin bt). \quad (3.6)$$

La parte real a controla el crecimiento o decaimiento de la magnitud, mientras que la parte imaginaria b produce oscilaciones. Esto establece el **principio fundamental** del análisis cualitativo (Layek, 2024):

Tabla 3.1: Relación entre la parte real de los valores propios y el comportamiento dinámico.

$\text{Re}(\lambda)$	Comportamiento de $ e^{\lambda t} $	Consecuencia
$a < 0$	$e^{at} \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$	Convergencia $\rightarrow$ estable
$a > 0$	$e^{at} \rightarrow \infty$ cuando $t \rightarrow \infty$	Divergencia $\rightarrow$ inestable
$a = 0$	$e^{at} = 1$ para todo t	Oscilación pura o constante

Los valores propios $\lambda_1, \dots, \lambda_n$ de $\mathbf{J}(\mathbf{x}^*)$ se obtienen como raíces del **polinomio característico**:

$$\det(\mathbf{J}(\mathbf{x}^*) - \lambda \mathbf{I}) = 0. \quad (3.7)$$

Ejemplo 3.6 (Linealización del péndulo amortiguado). El sistema $\dot{x} = y$, $\dot{y} = -\sin x - \alpha y$ con equilibrio $\mathbf{x}^* = (0, 0)$ tiene matriz jacobiana:

$$\mathbf{J}(0, 0) = \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ -1 & -\alpha \end{pmatrix}.$$

El polinomio característico es $\lambda^2 + \alpha\lambda + 1 = 0$, con valores propios $\lambda = (-\alpha \pm \sqrt{\alpha^2 - 4})/2$. Para $0 < \alpha < 2$: valores propios complejos con $\text{Re}(\lambda) = -\alpha/2 < 0 \Rightarrow$ *foco estable* (oscilaciones amortiguadas). Para $\alpha > 2$: valores propios reales negativos $\Rightarrow$ *nodo estable* (convergencia sin oscilar).

Para el modelo AM2, la matriz jacobiana es de dimensión 6×6 y el polinomio característico es de grado 6. En el modelo estándar, la estructura de bloques de $\mathbf{J}$ —que resulta del desacoplamiento de Z y de la forma bilineal de las ecuaciones— permite reducir el análisis a bloques 2×2 (véase Sección 5.1).

3.5. Clasificación de equilibrios

Los valores propios de $\mathbf{J}(\mathbf{x}^*)$ determinan el tipo cualitativo del equilibrio. Para un sistema bidimensional, los valores propios son raíces de $\lambda^2 - p\lambda + q = 0$, donde $p = \text{tr}(\mathbf{J})$ y $q = \det(\mathbf{J})$. El discriminante $\Delta = p^2 - 4q$ determina si son reales ($\Delta \geq 0$) o complejos ($\Delta < 0$). La clasificación completa es (Layek, 2024):

Tabla 3.2: Clasificación de equilibrios en el plano según los valores propios de la matriz jacobiana.

Valores propios	Tipo	Comportamiento local
$\lambda_1 < \lambda_2 < 0$ (reales negativos)	Nodo estable	Convergencia sin oscilar
$0 < \lambda_1 < \lambda_2$ (reales positivos)	Nodo inestable	Divergencia sin oscilar
$\lambda_1 = \lambda_2 \neq 0$ (repetidos)	Nodo degenerado	Estable si $\lambda < 0$
$\lambda_1 < 0 < \lambda_2$ (signos opuestos)	Punto silla	Siempre inestable
$\text{Re}(\lambda) < 0, \text{Im}(\lambda) \neq 0$	Foco estable	Espiral convergente
$\text{Re}(\lambda) > 0, \text{Im}(\lambda) \neq 0$	Foco inestable	Espiral divergente
$\text{Re}(\lambda) = 0, \text{Im}(\lambda) \neq 0$	Centro	Órbitas cerradas

Ejemplo 3.7 (Punto silla). El sistema $\dot{x}_1 = x_1, \dot{x}_2 = -x_2$ tiene $A = \text{diag}(1, -1)$ con valores propios $\lambda_1 = 1 > 0$ y $\lambda_2 = -1 < 0$. Las soluciones son $x_1(t) = x_{10} e^t$ y $x_2(t) = x_{20} e^{-t}$, de modo que las órbitas genéricas son hipérbolas $x_1 x_2 = c$. El *subespacio estable* E^s (eje x_2 , asociado a $\lambda_2 < 0$) atrae las trayectorias; el *subespacio inestable* E^u (eje x_1 , asociado a $\lambda_1 > 0$) las repele. Estos subespacios actúan como **separatrices** que dividen el plano de fase en regiones con comportamientos distintos. En el modelo AM2, varios equilibrios son puntos silla en ciertas regiones del espacio de parámetros.

Ejemplo 3.8 (Foco estable). El sistema $\dot{x}_1 = -x_1 - x_2, \dot{x}_2 = x_1 - x_2$ tiene $A = \begin{pmatrix} -1 & -1 \\ 1 & -1 \end{pmatrix}$ con $p = -2, q = 2, \Delta = 4 - 8 = -4 < 0$. Los valores propios son $\lambda = -1 \pm i$: complejos con $\text{Re}(\lambda) = -1 < 0$. Las trayectorias convergen al origen describiendo una espiral con oscilaciones amortiguadas. La parte real determina la tasa de decaimiento (e^{-t}) y la parte imaginaria la frecuencia de rotación ($\omega = 1$ rad/s).

El diagrama traza-determinante. Toda la clasificación puede visualizarse en el plano (p, q) , donde $p = \text{tr}(\mathbf{J})$ y $q = \det(\mathbf{J})$ (Layek, 2024). Las tres fronteras entre regiones son:

- **Eje $q = 0$:** al menos un valor propio es nulo ($\lambda_1 \lambda_2 = q = 0$). La matriz $\mathbf{J}$ es singular y el equilibrio no es aislado. Frontera *no hiperbólica*.
- **Parábola $q = p^2/4$:** valores propios reales repetidos ($\Delta = 0$). Separa nodos (debajo, $\Delta > 0$) de focos (encima, $\Delta < 0$). Frontera *hiperbólica* (no produce bifurcación).
- **Semieje $p = 0, q > 0$:** valores propios imaginarios puros ($\lambda = \pm i\sqrt{q}$). El equilibrio es un centro. Frontera *no hiperbólica*: al cruzarla, un foco estable se convierte en foco inestable.

El semiplano $p < 0$ corresponde a equilibrios estables, $p > 0$ a inestables, y $q < 0$ siempre

a puntos silla. Las **bifurcaciones** ocurren al cruzar las fronteras no hiperbólicas ($q = 0$ o $p = 0$ con $q > 0$), donde la estructura cualitativa del retrato de fase cambia.

Para sistemas de dimensión $n > 2$, la clasificación se extiende: el equilibrio es **estable** si *todos* los valores propios tienen $\text{Re}(\lambda_i) < 0$, e **inestable** si *al menos uno* tiene $\text{Re}(\lambda_i) > 0$.

Definición 3.9 (Equilibrio hiperbólico). *Un equilibrio $\mathbf{x}^*$ es **hiperbólico** si ningún valor propio de $\mathbf{J}(\mathbf{x}^*)$ tiene parte real cero: $\text{Re}(\lambda_i) \neq 0$ para $i = 1, \dots, n$.*

Los equilibrios hiperbólicos son *estructuralmente estables*: pequeñas perturbaciones del sistema no cambian su tipo cualitativo. Los equilibrios *no hiperbólicos* (con algún $\text{Re}(\lambda_i) = 0$) son los candidatos a bifurcación.

3.6. Teorema de Hartman-Grobman

El siguiente resultado fundamental justifica el uso de la linealización para el análisis cualitativo local:

Teorema 3.10 (Hartman-Grobman (Grobman, 1959; Hartman, 1960)). *Sea $\mathbf{x}^*$ un equilibrio hiperbólico (Definición 3.9) del sistema $\dot{\mathbf{x}} = \mathbf{f}(\mathbf{x})$, con $\mathbf{f}$ de clase C^1 . Entonces existe un homeomorfismo local que transforma las órbitas del sistema no lineal en las órbitas del sistema linealizado $\dot{\mathbf{u}} = \mathbf{J}(\mathbf{x}^*) \mathbf{u}$, preservando la orientación temporal.*

En la práctica, para equilibrios hiperbólicos, la clasificación obtenida con el sistema linealizado (Tabla 3.2) es válida para el sistema no lineal completo en una vecindad del equilibrio. Si la linealización predice un nodo estable, el sistema no lineal se comporta como un nodo estable cerca de $\mathbf{x}^*$.

Interpretación operacional 3.11. Las **limitaciones** del teorema son igualmente importantes. No aplica cuando algún valor propio tiene $\text{Re}(\lambda) = 0$ (equilibrio no hiperbólico). Esta situación ocurre en los **puntos de bifurcación**, donde un valor propio cruza el eje imaginario y el sistema experimenta un cambio cualitativo. En esos puntos, la linealización es insuficiente y se requieren técnicas adicionales como el teorema de Sotomayor (Sección 3.11). En el modelo AM2, la no hiperbolicidad ocurre en los valores críticos D_1^{crit} y D_2^{crit} , donde un valor propio se anula ($\lambda = 0$).

La hiperbolicidad es el concepto bisagra de todo el análisis cualitativo. La cadena lógica que sustenta los resultados de esta tesis es:

(1) Se calcula la matriz jacobiana $\mathbf{J}(\mathbf{x}^*)$ en cada equilibrio y se obtienen sus valores propios.

(2) Si todos los valores propios tienen $\text{Re}(\lambda_i) \neq 0$, el equilibrio es **hiperbólico** y el teorema de Hartman-Grobman garantiza que la linealización es válida: los valores propios determinan el tipo de estabilidad del sistema no lineal.

(3) Si algún valor propio tiene $\text{Re}(\lambda_i) = 0$, el equilibrio es **no hiperbólico**: es un candidato a bifurcación y se requiere el teorema de Sotomayor (Sección 3.11) para clasificar el tipo de transición.

En el modelo AM2, la gran mayoría de los equilibrios en cada región de operación son hiperbólicos. La no hiperbolicidad ocurre solo en los valores críticos de D donde se producen las bifurcaciones.

3.7. Estabilidad asintótica y cuencas de atracción

Definición 3.12 (Estabilidad en el sentido de Lyapunov). *Un equilibrio $\mathbf{x}^*$ es:*

(a) **Estable** si para todo $\epsilon > 0$ existe $\delta > 0$ tal que $\|\mathbf{x}(0) - \mathbf{x}^*\| < \delta$ implica $\|\mathbf{x}(t) - \mathbf{x}^*\| < \epsilon$ para todo $t > 0$. Geométricamente: las soluciones que comienzan cerca del equilibrio permanecen cerca para todo tiempo futuro — no basta que estén cerca en algún instante, sino que deben permanecer cerca indefinidamente.

(b) **Asintóticamente estable** si es estable y además existe $\delta_0 > 0$ tal que $\|\mathbf{x}(0) - \mathbf{x}^*\| < \delta_0$ implica $\mathbf{x}(t) \rightarrow \mathbf{x}^*$ cuando $t \rightarrow \infty$. Geométricamente: las soluciones no solo permanecen cerca (permanencia) sino que además convergen al equilibrio. La estabilidad asintótica combina permanencia y atracción.

(c) **Inestable** si no es estable: existe alguna solución que, aunque comience arbitrariamente cerca del equilibrio, eventualmente escapa de una vecindad de este.

La estabilidad asintótica es más fuerte que la estabilidad: todo equilibrio asintóticamente estable es estable, pero no todo equilibrio estable es asintóticamente estable (por ejemplo, un centro tiene órbitas que permanecen cerca pero no convergen). En esta tesis, todos los equilibrios clasificados como “estables” son de hecho *asintóticamente* estables, porque sus valores propios satisfacen $\text{Re}(\lambda_i) < 0$ estrictamente.

La siguiente proposición conecta la Definición 3.12 con el criterio de valores propios desarrollado en la Sección 3.4:

Proposición 3.13 (Condición suficiente de estabilidad asintótica). *Si todos los valores propios de $\mathbf{J}(\mathbf{x}^*)$ satisfacen $\text{Re}(\lambda_i) < 0$ para $i = 1, \dots, n$, entonces $\mathbf{x}^*$ es localmente asintóticamente estable.*

Esta proposición es consecuencia directa de la relación (3.5): si $\text{Re}(\lambda_i) < 0$ para todo i , entonces $|e^{\lambda_i t}| = e^{\text{Re}(\lambda_i)t} \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ a lo largo de cada dirección propia. Por el

teorema de Hartman-Grobman (Teorema 3.10), este comportamiento del sistema linealizado se transfiere al sistema no lineal. Dado que el equilibrio es hiperbólico (todos $\text{Re}(\lambda_i) \neq 0$), la convergencia es además *exponencial*: existe $k > 0$ tal que $\|\mathbf{x}(t) - \mathbf{x}^*\| \leq C e^{-kt} \|\mathbf{x}(0) - \mathbf{x}^*\|$ para condiciones iniciales cercanas. En el modelo AM2, todos los equilibrios estables son hiperbólicos, por lo que la convergencia al equilibrio es siempre exponencial.

La **cuenca de atracción** de un equilibrio asintóticamente estable $\mathbf{x}^*$ es el conjunto de todas las condiciones iniciales cuyas trayectorias convergen a $\mathbf{x}^*$:

$$\mathcal{B}(\mathbf{x}^*) = \left\{ \mathbf{x}_0 \in \mathbb{R}^n \mid \lim_{t \rightarrow \infty} \varphi_t(\mathbf{x}_0) = \mathbf{x}^* \right\}. \quad (3.8)$$

La distinción entre estabilidad *local* y *global* es crucial para el biodigestor: un equilibrio puede ser localmente estable pero tener una cuenca de atracción limitada, de modo que perturbaciones suficientemente grandes pueden llevar al sistema a otro equilibrio. Esta situación corresponde a la *biestabilidad* que ocurre en el modelo estándar: los equilibrios ε_4^* (solo acidogénesis) y ε_5^* (coexistencia) pueden ser ambos estables, y la condición inicial determina a cuál converge el sistema (véase Sección 5.1).

Interpretación operacional 3.14. Para el operador del biodigestor de Mamiña, la cuenca de atracción responde a una pregunta práctica: ¿qué tan grande puede ser una perturbación (cambio brusco de alimentación, falla temporal) sin que el reactor pierda su estado de operación deseado? Si la cuenca es amplia, el reactor es robusto; si es estrecha, pequeñas perturbaciones pueden causar una transición irreversible hacia un estado no deseado (acidificación).

Subespacios invariantes y variedades estable/inestable. Los conceptos de cuenca de atracción y separatriz se formalizan mediante los *subespacios invariantes* del sistema linealizado y las *variedades invariantes* del sistema no lineal.

Para el sistema linealizado $\dot{\mathbf{u}} = \mathbf{J} \mathbf{u}$, el espacio $\mathbb{R}^n$ se descompone en la suma directa de tres subespacios invariantes, generados por los vectores propios (o vectores propios generalizados) de $\mathbf{J}$ según el signo de la parte real de su valor propio asociado:

$$\begin{aligned} E^s &= \text{Span}\{\mathbf{v}_j : \text{Re}(\lambda_j) < 0\} \quad (\text{subespacio estable}), \\ E^u &= \text{Span}\{\mathbf{v}_j : \text{Re}(\lambda_j) > 0\} \quad (\text{subespacio inestable}), \\ E^c &= \text{Span}\{\mathbf{v}_j : \text{Re}(\lambda_j) = 0\} \quad (\text{subespacio central}). \end{aligned}$$

Las soluciones que comienzan en E^s convergen al equilibrio; las que comienzan en E^u divergen de él. Un equilibrio es hiperbólico si y solo si $E^c = \{\mathbf{0}\}$.

Para el sistema *no lineal*, los subespacios E^s y E^u se generalizan a las **variedades invariantes**:

Definición 3.15 (Variedades estable e inestable). Sea $\mathbf{x}^*$ un equilibrio del sistema $\dot{\mathbf{x}} = \mathbf{f}(\mathbf{x})$. Se definen:

$$W^s(\mathbf{x}^*) = \left\{ \mathbf{x}_0 \in \mathbb{R}^n \mid \lim_{t \rightarrow +\infty} \varphi_t(\mathbf{x}_0) = \mathbf{x}^* \right\} \quad (\text{variedad estable}),$$

$$W^u(\mathbf{x}^*) = \left\{ \mathbf{x}_0 \in \mathbb{R}^n \mid \lim_{t \rightarrow -\infty} \varphi_t(\mathbf{x}_0) = \mathbf{x}^* \right\} \quad (\text{variedad inestable}).$$

La variedad estable W^s coincide con la cuenca de atracción $\mathcal{B}(\mathbf{x}^*)$ definida en (3.8). En sistemas lineales, $W^s = E^s$ y $W^u = E^u$ exactamente. En sistemas no lineales, W^s y W^u son superficies (en general curvas) tangentes a E^s y E^u en el equilibrio, con la misma dimensión. La dimensión de W^s es igual al número de valores propios con $\text{Re}(\lambda) < 0$. Para un *nodo estable*, $\dim(W^s) = n$ (todo el espacio es cuenca de atracción); para un *punto silla*, W^s tiene dimensión menor que n y actúa como **separatriz**: las trayectorias a un lado de W^s convergen a un atractor y las del otro lado convergen a otro.

Interpretación operacional 3.16. En el modelo AM2 estándar, el equilibrio ε_4^* (solo acidogénesis) es un punto silla en la Región I con variedad estable de dimensión 5 en un espacio de dimensión 6. Esta variedad divide el espacio de estados en dos regiones: a un lado, las trayectorias convergen a ε_5^* (coexistencia); al otro, podrían transitar temporalmente por la vecindad de ε_4^* antes de converger a ε_5^* . La demostración rigurosa de que $W^s(\varepsilon_5^*)$ ocupa “casi todo” el espacio (estabilidad global) requeriría construir una **función de Lyapunov** —una función escalar que decrece a lo largo de las trayectorias y demuestra convergencia sin necesidad de resolver las ecuaciones— lo cual queda fuera del alcance de esta tesis.

Separación de escalas temporales y variedad lenta. Cuando los valores propios de un equilibrio tienen magnitudes muy diferentes, el sistema exhibe *separación de escalas temporales*. Las direcciones del espacio de estados asociadas a valores propios grandes en magnitud corresponden a *variables rápidas*: las componentes del estado que convergen a sus valores de cuasi-equilibrio en un tiempo corto. Las direcciones asociadas a valores propios pequeños en magnitud corresponden a *variables lentas*: las componentes que siguen evolucionando mucho después de que las rápidas se hayan estabilizado. El conjunto de estados donde las variables rápidas ya alcanzaron su cuasi-equilibrio pero las lentas no, se denomina **variedad lenta**: una superficie de baja dimensión en el espacio de estados sobre la cual el sistema se desliza lentamente hacia el equilibrio final. La consecuencia práctica es que órbitas que parten de condiciones iniciales muy diferentes pueden colapsar rápidamente sobre la variedad lenta y luego evolucionar juntas, aparentando haber convergido a un equilibrio cuando en realidad siguen moviéndose, pero a una tasa imperceptible a corto plazo. **Este fenómeno se manifiesta en el modelo extendido para el transitorio de Mamiña** (Sección 5.2.15).

Consecuencias geométricas de la unicidad. Además de la no-intersección de órbitas establecida en la Sección 3.2, el teorema de Picard-Lindelöf tiene una segunda consecuencia fundamental: **una órbita no trivial no alcanza un equilibrio en tiempo finito**. El equilibrio $\mathbf{x}^*$ es en sí mismo una órbita: la solución constante $\mathbf{x}(t) = \mathbf{x}^*$ para todo t . Si una órbita no trivial (con $\mathbf{x}(0) \neq \mathbf{x}^*$) alcanzara $\mathbf{x}^*$ en algún tiempo finito T , por unicidad hacia atrás sería la órbita constante desde siempre — contradicción. Por lo tanto, lo que llamamos “convergencia a un equilibrio” significa $\|\mathbf{x}(t) - \mathbf{x}^*\| \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$, pero $\|\mathbf{x}(t) - \mathbf{x}^*\| > 0$ para todo t finito. El equilibrio es el punto límite de la órbita (técnicamente, su ω -límite), no un punto que pertenezca a ella. En un retrato de fase, las órbitas *parecen* llegar al equilibrio porque la representación gráfica tiene resolución finita.

3.8. Bifurcaciones: concepto

Los resultados de las secciones anteriores se aplican a un sistema con parámetros fijos. En la práctica, los sistemas dependen de **parámetros** que pueden variar: en el modelo AM2, la tasa de dilución D es el principal parámetro de control. Considérese un sistema paramétrico:

$$\dot{\mathbf{x}} = \mathbf{f}(\mathbf{x}, \mu), \quad \mathbf{x} \in \mathbb{R}^n, \quad \mu \in \mathbb{R}. \quad (3.9)$$

Para cada valor fijo de μ , el sistema tiene su propio retrato de fase. Generalmente, cambios pequeños en μ producen cambios cuantitativos: los equilibrios se desplazan ligeramente, pero la estructura cualitativa se preserva. Sin embargo, para ciertos valores críticos $\mu = \mu^{\text{cr}}$, ocurren **cambios cualitativos**: equilibrios aparecen, desaparecen o cambian de estabilidad (Layek, 2024).

Definición 3.17 (Bifurcación local). *El sistema (3.9) experimenta una **bifurcación local** en $\mu = \mu^{\text{cr}}$ si existe un equilibrio $\mathbf{x}^*$ tal que:*

- (i) *Al menos un valor propio de $\mathbf{J}(\mathbf{x}^*, \mu^{\text{cr}})$ tiene parte real cero (pérdida de hiperbolicidad).*
- (ii) *Para μ cercano a μ^{cr} , el retrato de fase local difiere cualitativamente: cambia el número de equilibrios, su estabilidad, o ambos.*

La **codimensión** de una bifurcación es el número de condiciones independientes que deben satisfacerse para que ocurra. Las bifurcaciones de codimensión uno requieren variar un solo parámetro y son las más frecuentes en aplicaciones. En el modelo AM2, todas las bifurcaciones son de codimensión 1 con parámetro D .

Un **diagrama de bifurcación** representa gráficamente la posición de los equilibrios $\mathbf{x}^*(\mu)$ en función del parámetro μ . Se utilizan líneas sólidas para equilibrios estables y líneas

punteadas para inestables; los puntos de bifurcación se marcan donde las ramas cambian de carácter.

Existen tres bifurcaciones de codimensión uno para equilibrios: silla-nodo, transcítica y horquilla (Layek, 2024; Strogatz, 2015). En el modelo AM2 aparecen las dos primeras. Para cada tipo, existe una **forma normal**: el sistema de ecuaciones diferenciales más simple que exhibe esa bifurcación, conteniendo solo los términos esenciales. La forma normal es *universal*: cualquier sistema que experimente el mismo tipo de bifurcación puede reducirse localmente a ella mediante cambios de coordenadas y reescalamiento de parámetros. Por esta razón, basta estudiar las formas normales para comprender cada tipo de bifurcación.

3.9. Bifurcación transcítica

La bifurcación transcítica es el mecanismo por el cual dos equilibrios que existen para todo valor del parámetro **intercambian estabilidad** al cruzar el punto de bifurcación.

Forma normal. El sistema más simple que exhibe esta bifurcación es:

$$\dot{x} = \mu x - x^2. \quad (3.10)$$

Factorizando: $\dot{x} = x(\mu - x) = 0$, se obtienen dos equilibrios para todo μ : $x_1^* = 0$ y $x_2^* = \mu$. La derivada $\partial f / \partial x = \mu - 2x$ evaluada en cada equilibrio da: en $x_1^* = 0$, $\partial f / \partial x = \mu$ (estable si $\mu < 0$, inestable si $\mu > 0$); en $x_2^* = \mu$, $\partial f / \partial x = -\mu$ (inestable si $\mu < 0$, estable si $\mu > 0$). En $\mu = 0$, ambos equilibrios coinciden en $x^* = 0$, que es no hiperbólico ($\partial f / \partial x = 0$). Al cruzar $\mu = 0$, la estabilidad se intercambia.

¿Qué significa el intercambio de estabilidad? En términos de valores propios, el mecanismo es el siguiente. Antes de la bifurcación ($\mu < 0$), el valor propio de x_1^* es $\lambda_1 = \mu < 0$ (estable) y el de x_2^* es $\lambda_2 = -\mu > 0$ (inestable). Al variar μ hacia cero, ambos valores propios se acercan a cero desde lados opuestos. En $\mu = 0$, ambos equilibrios coinciden y comparten el valor propio $\lambda = 0$ (pérdida de hiperbolicidad). Después de la bifurcación ($\mu > 0$), $\lambda_1 = \mu > 0$ (ahora inestable) y $\lambda_2 = -\mu < 0$ (ahora estable): **cada equilibrio cambió su tipo de estabilidad**. Este cruce simultáneo de un valor propio por cero en direcciones opuestas es lo que define el “intercambio”. En el modelo AM2, este mecanismo ocurre en cada bifurcación transcítica (en D_1^{crit} y D_2^{crit} del estándar, en D_1^{bif} del extendido).

Interpretación operacional 3.18. En el modelo AM2, la bifurcación transcítica modela el **lavado de bacterias**: cuando la tasa de dilución D supera un valor crítico D^{crit} , la tasa de crecimiento bacteriano ya no puede compensar la tasa de remoción, y la población se extingue. El equilibrio de coexistencia (estable para $D < D^{\text{crit}}$) colisiona con el equilibrio de

lavado (inestable para $D < D^{\text{crit}}$), e intercambian estabilidad. Para $D > D^{\text{crit}}$, el equilibrio de lavado se convierte en el único atractor: el reactor se vacía de esa población.

3.10. Bifurcación silla-nodo

La bifurcación silla-nodo (también llamada *fold* o pliegue) es el mecanismo genérico de **creación y aniquilación** de equilibrios: dos equilibrios colisionan y desaparecen, o nacen simultáneamente.

Forma normal:

$$\dot{x} = \mu - x^2. \quad (3.11)$$

Los equilibrios satisfacen $x^2 = \mu$: para $\mu < 0$ no existen equilibrios; para $\mu = 0$ hay un único equilibrio no hiperbólico $x^* = 0$; para $\mu > 0$ existen dos equilibrios $x^* = \pm\sqrt{\mu}$, uno estable y otro inestable.

A diferencia de la bifurcación transcítica, donde los equilibrios existen a ambos lados del punto crítico e intercambian estabilidad, en la silla-nodo los equilibrios *solo existen* a un lado del punto crítico. Al otro lado, no hay equilibrios y las trayectorias escapan.

Interpretación operacional 3.19. En el modelo AM2 extendido, el Descubrimiento D11 identifica una bifurcación de tipo silla-nodo (fold) en $D = D_{\text{bif2}} \approx 0.19 \text{ dia}^{-1}$, donde dos ramas del equilibrio numérico de coexistencia e_D^{num} colisionan y desaparecen. Este mecanismo difiere del intercambio de estabilidad de la bifurcación transcítica y tiene consecuencias operacionales distintas: no hay una transición suave sino una desaparición abrupta del estado de coexistencia (véase Sección 5.2).

3.11. Teorema de Sotomayor

Las bifurcaciones transcítica y silla-nodo se ilustraron mediante formas normales unidimensionales. Para verificar que una bifurcación de un sistema n -dimensional es de un tipo determinado, se requieren condiciones analíticas formales. El **teorema de Sotomayor** (Sotomayor, 1973) proporciona estas condiciones, expresadas en términos de derivadas parciales evaluadas en el punto de bifurcación.

Caso unidimensional

Para un sistema $\dot{x} = f(x, \mu)$ con equilibrio no hiperbólico en (x^*, μ^{cr}) —es decir, $f(x^*, \mu^{\text{cr}}) = 0$ y $\partial f / \partial x(x^*, \mu^{\text{cr}}) = 0$ —, las condiciones de Sotomayor distinguen los tipos de bifurcación:

Tabla 3.3: Condiciones de Sotomayor para bifurcaciones de codimensión 1 en sistemas unidimensionales.

Condición	Silla-nodo	Transcrítica	Horquilla
$\partial f / \partial \mu$	$\neq 0$	$= 0$	$= 0$
$\partial^2 f / \partial x^2$	$\neq 0$	$\neq 0$	$= 0$
$\partial^2 f / \partial x \partial \mu$	—	$\neq 0$	$\neq 0$
$\partial^3 f / \partial x^3$	—	—	$\neq 0$

La condición $\partial f / \partial \mu = 0$ distingue la transcrítica de la silla-nodo: en la silla-nodo, la curva de equilibrios tiene tangente vertical (punto de retorno); en la transcrítica, dos ramas se cruzan transversalmente.

Generalización a dimensión n

Para un sistema n -dimensional $\dot{\mathbf{x}} = \mathbf{f}(\mathbf{x}, \mu)$ con valor propio $\lambda = 0$ simple en el punto de bifurcación, se definen los **vectores propios derecho e izquierdo** asociados a $\lambda = 0$:

$$\mathbf{J} \mathbf{v} = \mathbf{0} \quad (\text{vector propio derecho, } \mathbf{v} \in \ker \mathbf{J}), \quad \mathbf{w}^\top \mathbf{J} = \mathbf{0}^\top \quad (\text{vector propio izquierdo, } \mathbf{w} \in \ker \mathbf{J}^\top). \quad (3.12)$$

Las condiciones de Sotomayor se generalizan mediante proyecciones sobre $\mathbf{w}$ (Sotomayor, 1973):

Tabla 3.4: Condiciones de Sotomayor generalizadas para sistemas n -dimensionales. Se evalúan en $(\mathbf{x}^*, \mu^{\text{cr}})$, con $\mathbf{f}_\mu = \partial \mathbf{f} / \partial \mu$.

Cond.	Expresión en dim. n	Interpretación
TC1	$\lambda = 0$ simple	Prerequisito
TC2	$\mathbf{w}^\top \cdot \mathbf{f}_\mu = 0$	Descarta silla-nodo
TC3	$\mathbf{w}^\top \cdot D^2 \mathbf{f}(\mathbf{v}, \mathbf{v}) \neq 0$	Término cuadrático no nulo
TC4	$\mathbf{w}^\top \cdot [D_x \mathbf{f}_\mu \cdot \mathbf{v}] \neq 0$	Cruce transversal

Si TC1 + TC2 + TC3 + TC4 se satisfacen, la bifurcación es **transcrítica**. Si en cambio TC1 se satisface con $\mathbf{w}^\top \cdot \mathbf{f}_\mu \neq 0$ (TC2 falla) y $\mathbf{w}^\top \cdot D^2 \mathbf{f}(\mathbf{v}, \mathbf{v}) \neq 0$, la bifurcación es **silla-nodo**.

Procedimiento de aplicación paso a paso

Para verificar el tipo de bifurcación en un sistema concreto:

Paso 1. Identificar el punto de bifurcación $(\mathbf{x}^*, \mu^{\text{cr}})$ donde $\mathbf{f} = \mathbf{0}$ y $\mathbf{J}$ tiene $\lambda = 0$.

Paso 2. Calcular $\mathbf{v} \in \ker(\mathbf{J})$ y $\mathbf{w} \in \ker(\mathbf{J}^\top)$.

Paso 3. Calcular $\mathbf{f}_\mu = \partial \mathbf{f} / \partial \mu$ y evaluar $\mathbf{w}^\top \cdot \mathbf{f}_\mu$.

Paso 4. Calcular el Hessiano $D^2 \mathbf{f}$ (tensor de segundas derivadas) y evaluar $\mathbf{w}^\top \cdot D^2 \mathbf{f}(\mathbf{v}, \mathbf{v})$.

Paso 5. Calcular la derivada mixta $D_x \mathbf{f}_\mu$ y evaluar $\mathbf{w}^\top \cdot [D_x \mathbf{f}_\mu \cdot \mathbf{v}]$.

Paso 6. Clasificar según la Tabla 3.4.

Interpretación operacional 3.20. En el modelo AM2, las ecuaciones de biomasa tienen la forma $f_{X_i} = X_i \cdot (\mu_i - \alpha D - k_{d_i})$. Cuando $X_i^* = 0$ en el punto de bifurcación, $\partial f_{X_i} / \partial D = -\alpha X_i^* = 0$. Por lo tanto, la condición TC2 se satisface *automáticamente* en ambas bifurcaciones del modelo AM2, lo cual descarta la silla-nodo y es consistente con el tipo transcrito. Este procedimiento se aplica en detalle en las Secciones 5.1 y 5.2 para verificar las bifurcaciones de ambos modelos.

3.12. Retratos de fase

El **retrato de fase** (Definición 3.2) es la colección de todas las órbitas del sistema representadas en el espacio de estados, con flechas indicando la dirección del movimiento. Cada órbita corresponde a una solución del sistema dinámico para una condición inicial dada: es la curva que traza el estado del sistema a lo largo del tiempo. El retrato de fase proporciona una visión global del comportamiento cualitativo: muestra simultáneamente hacia dónde convergen las trayectorias, cuáles equilibrios son atractores, y cómo las separatrices dividen el espacio en regiones con destinos diferentes. Su construcción combina la información obtenida del análisis de equilibrios, la clasificación por valores propios y la verificación de bifurcaciones.

Elementos de un retrato de fase. Un retrato de fase bidimensional contiene:

- **Equilibrios:** marcados con puntos, clasificados como estables (rellenos) o inestables (vacíos).
- **Órbitas representativas:** curvas con flechas indicando la dirección temporal.
- **Separatrices:** las variedades estables W^s de los puntos silla (Definición 3.15), que dividen el espacio de fase en cuencas de atracción de diferentes equilibrios estables. En sistemas lineales, W^s coincide con el subespacio estable E^s ; en sistemas no lineales, W^s es una superficie tangente a E^s en el equilibrio.
- **Cuencas de atracción:** regiones del espacio de estados desde las cuales todas las trayectorias convergen al mismo equilibrio.

Dimensión mayor a 2. Para sistemas de dimensión $n > 2$ (como el AM2 con $n = 6$), los retratos de fase completos no son visualizables. En su lugar, se utilizan *proyecciones* sobre planos de variables relevantes. En esta tesis, todos los retratos de fase se proyectan sobre el plano (X_1, X_2) de las biomاسas, que es el plano más informativo para el operador: muestra directamente si ambas poblaciones coexisten (punto interior del primer cuadrante), si solo sobreviven los acidogénicos (convergencia al eje X_1), o si ambas se extinguen (convergencia al origen). Estas proyecciones bidimensionales se complementan con *trayectorias temporales* $x_i(t)$ que muestran la evolución de cada variable individualmente y permiten estimar tiempos de convergencia.

Rol de la verificación numérica. El análisis cualitativo (valores propios, clasificación, bifurcaciones) predice la estructura del retrato de fase. La *verificación numérica* mediante simulación del sistema de EDOs confronta estas predicciones con la dinámica real: las trayectorias simuladas deben converger a los equilibrios predichos como estables y divergir de los predichos como inestables. En el Capítulo 5, cada predicción analítica se verifica numéricamente con simulaciones en Maple, alcanzando errores menores al 0.01 %.

Capítulo 4

Metodología

Este capítulo describe cómo se realizó el análisis cualitativo de ambos modelos AM2, con el nivel de detalle necesario para que otro investigador pueda reproducir los resultados. Se presenta la estrategia comparativa adoptada, la justificación de la aproximación CSTR, las decisiones paramétricas que fundamentan la elección de valores numéricos, las siete fases del análisis con sus objetivos y productos, las herramientas computacionales, el protocolo de verificación cruzada, los indicadores de calidad del digestato, la clasificación de parámetros según su manejabilidad por el operador, los experimentos computacionales diseñados para aislar los factores causales de las diferencias entre modelos, y las limitaciones explícitas del análisis.

4.1. Estrategia general

El enfoque metodológico de esta tesis es el **análisis cualitativo** de sistemas dinámicos no lineales: en lugar de simular numéricamente el modelo para condiciones particulares, se determinan analíticamente los equilibrios, su estabilidad y las bifurcaciones que ocurren al variar los parámetros operacionales. Este enfoque tiene una tradición establecida en el estudio del modelo AM2. Bernard et al. (2001) realizaron el primer análisis de equilibrios y estabilidad del AM2 en su artículo fundacional, estableciendo la secuencia metodológica que esta tesis adopta: cálculo de equilibrios, linealización, clasificación por valores propios, e identificación de valores críticos de la tasa de dilución. Benyahia et al. (2012) extendieron este análisis con un estudio genérico de bifurcaciones del AM2 basado en propiedades cualitativas de las cinéticas (sin fijar funciones específicas), demostrando que el enfoque es aplicable incluso cuando se incorporan tasas de muerte bacteriana —extensión que esta tesis también adopta. Sari y Benyahia (2021) construyeron el diagrama de operación completo del AM2, que es el diagrama de bifurcación en función de la tasa de dilución y las concentraciones de entrada,

proporcionando un mapa global de los regímenes del reactor.

La presente tesis se inscribe en esta línea de trabajo, extendiéndola en dos direcciones: (i) se analiza el modelo AM2 de 6 dimensiones (incluyendo alcalinidad Z y carbono inorgánico C , que los trabajos previos reducen a 4 dimensiones al desacoplar estas variables), y (ii) se compara sistemáticamente el modelo estándar con el extendido de Arzate (2019), que incorpora el efecto del pH en la cinética metanogénica —una extensión no considerada en los estudios previos de bifurcaciones del AM2.

La ventaja del análisis cualitativo frente a la simulación numérica pura es que revela la *estructura* del comportamiento: clasifica los regímenes posibles del reactor, identifica las condiciones exactas bajo las cuales el sistema transita de un régimen a otro, y explica *por qué* cada régimen ocurre. Una simulación muestra qué pasa para una condición inicial y un conjunto de parámetros; el análisis cualitativo muestra qué pasa para *todos* los parámetros simultáneamente.

El análisis sigue una **estrategia comparativa** que consiste en tres etapas secuenciales:

Etapas 1. Análisis cualitativo completo del **modelo AM2 estándar** (Bernard et al., 2001) con los parámetros de referencia para lodo de aguas residuales. Esta etapa establece la línea base metodológica: se aplica el análisis de equilibrios, estabilidad y bifurcaciones a un modelo bien estudiado, con resultados conocidos que permiten validar el procedimiento.

Etapas 2. Análisis cualitativo completo del **modelo AM2 extendido** (Arzate, 2019) con los parámetros calibrados para estiércol de ganado. Se aplica el mismo procedimiento que en la Etapa 1, lo que permite atribuir las diferencias observadas a las extensiones del modelo y a los parámetros del sustrato, y no a diferencias metodológicas.

Etapas 3. **Comparación sistemática** de los resultados mediante los criterios CQ1–CQ4 y CC1–CC4 (Sección 2.4), evaluación de las hipótesis H1–H5 (Sección 1.7), y aplicación del criterio de parsimonia (Definición 2.3).

La justificación de esta estrategia es que permite evaluar el aporte marginal de las extensiones del modelo: al realizar el análisis completo con ambos modelos en forma independiente, las diferencias en los resultados revelan si las extensiones —tasas de muerte bacteriana, efecto del pH en la cinética— producen comportamientos cualitativamente distintos que justifiquen la complejidad adicional. Adicionalmente, se diseñaron tres experimentos computacionales con hipótesis falsables (Sección 4.10) para aislar las contribuciones de la estructura de las ecuaciones y los parámetros del sustrato a las diferencias observadas, evaluar el alcance de la suplementación de alcalinidad, y cuantificar la robustez del transitorio de coexistencia.

4.2. Aproximación CSTR

El modelo AM2 fue derivado para reactores de mezcla completa (CSTR, *Continuous Stirred-Tank Reactor*). El biodigestor de Mamiña es un reactor tubular de geomembrana (Sección 1.2), por lo que su modelación como CSTR constituye una aproximación que se justifica por cuatro razones:

Geometría. Las dimensiones del reactor ($3 \text{ m} \times 1.5 \text{ m} \times 0.5 \text{ m}$) corresponden a una bolsa plana con relación largo/alto $L/H = 6$, no a un tubo largo ideal donde dominarían los gradientes axiales. La baja relación de aspecto reduce las diferencias entre flujo pistón y mezcla completa.

Mezcla por biogás. La producción continua de biogás genera burbujas que ascienden a través del medio líquido, induciendo una mezcla vertical parcial que acerca el comportamiento real al de un CSTR.

TRH prolongado. El tiempo de retención hidráulico de 35–40 días ($D \approx 0.027 \text{ dia}^{-1}$) es largo comparado con las escalas temporales de las reacciones bioquímicas, lo que permite aproximar el sistema al estado estacionario independientemente de los gradientes espaciales.

Condiciones necesarias. El análisis cualitativo bajo la hipótesis CSTR proporciona **condiciones necesarias** para la operación estable: si el modelo predice inestabilidad bajo mezcla perfecta, el sistema real —con mezcla imperfecta— será al menos igualmente vulnerable. Las predicciones de estabilidad del CSTR son, por tanto, conservadoras respecto al caso real.

4.3. Decisiones paramétricas

Cada modelo se analiza con su propio conjunto de parámetros de literatura. Esta sección justifica las cuatro decisiones paramétricas que determinan los valores numéricos utilizados en el análisis del modelo extendido.

Decisión 1: Tabla 4 de Arzate (2019), no Tabla 1 ni Tabla 5. La tesis doctoral de Arzate (2019) presenta tres conjuntos de parámetros calibrados: la Tabla 1 (calibración preliminar), la Tabla 4 (calibración definitiva para mono-digestión) y la Tabla 5 (co-digestión de mezclas). Se utilizan los valores de la **Tabla 4** porque: (i) es la calibración definitiva y más precisa; (ii) corresponde al modo de operación del biodigestor de Mamiña durante su primer año (mono-digestión de estiércol, según la estrategia de arranque documentada por Guzmán-Cood 2024); (iii) sus valores son consistentes con el archivo de parámetros del proyecto. Los parámetros de co-digestión (Tabla 5) no son aplicables porque fueron calibrados para mezclas de maíz, pasto y estiércol con características bioquímicas diferentes a las de Mamiña.

Decisión 2: Factor de dilución 1:3. Las concentraciones de entrada del modelo exten-

dido se obtienen aplicando un factor de dilución de 0.25 (proporción estiércol : agua = 1 : 3) a los valores concentrados de Arzate (2019) para estiércol bovino (*cow manure*). Este factor no es una suposición sino un dato empírico: Guzmán-Cood (2024) documentó que la proporción 1:3 fue determinada durante la puesta en marcha del biodigestor, tras observar que diluciones más concentradas (1:1 y 1:2) causaban estancamiento por acumulación de VFAs. Los valores resultantes son $S_{1in} = 18.285 \text{ g L}^{-1}$, $S_{2in} = 94.95 \text{ mmol L}^{-1}$, $Z_{in} = 144.89 \text{ mmol L}^{-1}$ y $C_{in} = 50.14 \text{ mmol L}^{-1}$.

Decisión 3: $\alpha = 1$ (sin retención de biomasa). El parámetro α del modelo estándar toma el valor 0.5, indicando retención parcial de biomasa por adhesión a paredes o recirculación de lodos. Para el modelo extendido, Arzate (2019) calibró $\alpha = 1.0$ para todos los sustratos estudiados, lo cual es consistente con el reactor tubular tipo Taiwán de Mamiña: no hay sistema de retención, membranas de separación ni recirculación. La biomasa sale del reactor a la misma tasa que el líquido, lo que implica que la condición de lavado de las poblaciones bacterianas (extinción por dilución) se alcanza a tasas de dilución menores que con $\alpha = 0.5$.

Decisión 4: Estiércol bovino como proxy de ovino. Los parámetros de Arzate (2019) fueron calibrados para estiércol de ganado bovino. Se utilizan como aproximación para el estiércol de oveja de Mamiña dado que ambos son estiércoles de rumiantes con digestión ruminal previa, alto contenido proteico y alcalinidad naturalmente elevada. No existen estudios específicos del modelo AM2 con estiércol ovino. El análisis de sensibilidad paramétrica (Fase IV) cuantifica el impacto de la incertidumbre en estos parámetros sobre los resultados.

4.4. Las siete fases del análisis

El análisis cualitativo de cada modelo se organiza en siete fases (0 a VI), cada una con objetivos específicos, pasos definidos y productos verificables. Las Fases 0 a V corresponden a las Etapas 1 y 2 de la estrategia general (Sección 4.1): se aplican por separado al modelo estándar y al extendido, siguiendo el mismo procedimiento en ambos casos. La Fase VI corresponde a la Etapa 3: la comparación sistemática entre los resultados de ambos modelos. La Tabla 4.1 resume la estructura completa.

Tabla 4.1: Las siete fases del análisis cualitativo.

Fase	Descripción	Pasos	OE	Productos principales
0	Verificaciones preliminares	0.1–0.4	OE1	Autonomía; dominio Ω ; tabla diferencias
I	Equilibrios	1.1–1.4	OE2, OE3	Lista $\varepsilon_1^*-\varepsilon_6^*$; clasificación; D^{crit} ; regiones
II	Linealización	2.1–2.4	OE4 (parcial)	$\mathbf{J}(\varepsilon)$; estructura bloques
III	Estabilidad	3.1–3.4	OE4	Valores propios; tabla estabilidad por región
IV	Bifurcaciones	4.1–4.6 [†]	OE5	Diagramas (D, X^*) ; Sotomayor; sensibilidad
V	Verificación numérica	5.1–5.4	OE6	Figuras; error $< 0.01\%$; η_1, η_2
VI	Comparación	6.1–6.4	OE7, OE8	Tablas CQ/CC; guía operacional

[†] El Paso 4.4 (diagrama en el plano D -pH) solo aplica al modelo extendido. El modelo estándar tiene 24 pasos (sin 4.4); el extendido tiene 26; la Fase VI agrega 4 pasos de comparación, para un total de 54 pasos en el proyecto.

Cada fase produce resultados que alimentan la siguiente: los equilibrios de la Fase I son los puntos donde se evalúa la matriz jacobiana en la Fase II; los valores propios de la Fase III identifican los candidatos a bifurcación de la Fase IV; las predicciones analíticas de las Fases I–IV se verifican numéricamente en la Fase V. La Fase VI utiliza los resultados de ambos modelos para la comparación sistemática. Esta estructura secuencial garantiza la trazabilidad completa de cada resultado.

Observación 4.1. Una diferencia metodológica importante entre los modelos es que en el modelo estándar, el valor crítico D_2^{crit} se calcula por fórmula cerrada (maximizando $\mu_2(S_2)$, que depende de una sola variable). En el modelo extendido, la cinética $\mu_2(S_2, \text{pH})$ depende del pH, que a su vez es una variable endógena del sistema acoplado: $\mu_2 \leftarrow \text{pH} \leftarrow (Z^*, C^*) \leftarrow (X_1^*, X_2^*) \leftarrow \mu_2$. Esta circularidad impide el cálculo analítico de D_2^{crit} , que se convierte en una *propiedad emergente* del equilibrio acoplado, determinable solo numéricamente (véase Sección 5.2).

4.5. Herramientas computacionales

El análisis se implementó utilizando tres herramientas complementarias:

Maple 2024 (Maplesoft). Se utilizó como plataforma principal para el álgebra simbólica (cálculo de equilibrios, matrices jacobianas, valores propios, condiciones de Sotomayor), la simulación numérica (resolución de EDOs con `dsolve/numeric`, método Runge-Kutta-Fehlberg de orden 4/5) y la verificación cruzada (sustitución simbólica de soluciones analíticas en las ecuaciones). La capacidad de Maple para manipular expresiones simbólicas exactas y evaluar numéricamente con precisión arbitraria fue esencial para detectar errores sutiles en las derivaciones.

Python 3 + scipy + matplotlib. La biblioteca `matplotlib` se utilizó para la generación de todas las figuras de la tesis (retratos de fase, diagramas de bifurcación, curvas de cinéticas, trayectorias temporales) con calidad de publicación: resolución 300 dpi, fuente serif (DejaVu Serif), grosor de línea 2.0 pt, colores consistentes (`#0070C0` azul, `#C00000` rojo, `#666666` gris). Los datos para las figuras provienen de las simulaciones de Maple, exportados como archivos de texto.

Para los experimentos computacionales de la Sección 4.10, se implementaron en Python 3 cuatro scripts independientes que integran numéricamente las EDOs del modelo AM2 en sus variantes estándar y extendida. La integración se realizó con `scipy.integrate.solve_ivp` (método Runge-Kutta-Fehlberg de orden 4/5, tolerancia relativa 10^{-9} , tolerancia absoluta 10^{-11}). Cada script recibe como entrada el conjunto de parámetros (Bernard o Arzate) y la estructura del modelo (cinética de Haldane o monótona, ecuación de Z desacoplada o acoplada), lo que permite generar las cuatro configuraciones del experimento cruzado. Los valores propios se evaluaron numéricamente con `numpy.linalg.eig` sobre la matriz Jacobiana construida analíticamente y evaluada en cada equilibrio. Los resultados se verificaron contra las simulaciones de Maple, con discrepancias inferiores al 0.01 % en todos los casos.

Documentación por fases. Cada fase del análisis se documentó en archivos independientes (formato docx), con tablas, ecuaciones, verificaciones y fe de erratas cuando correspondió. Esta documentación constituye la traza completa del trabajo y permite auditar cada resultado.

4.6. Protocolo de verificación cruzada

Cada dato numérico y afirmación técnica de la tesis se verificó mediante un protocolo de **triple verificación** diseñado para eliminar errores de transcripción, cálculo y programación:

Verificación 1: Analítica. Derivación manual de las fórmulas (equilibrios, valores propios, condiciones de Sotomayor) a partir de las ecuaciones del modelo. Produce expresiones algebraicas cerradas que se pueden evaluar para cualquier valor de los parámetros.

Verificación 2: Simbólica. Implementación independiente en Maple: las ecuaciones del

modelo se ingresan directamente y Maple resuelve simbólicamente los sistemas algebraicos, calcula matrices jacobianas y valores propios, y verifica las condiciones de los teoremas. Se comparan los resultados simbólicos con las derivaciones manuales.

Verificación 3: Numérica. Simulación del sistema de EDOs en Maple con las condiciones iniciales y parámetros correspondientes. Las trayectorias numéricas deben converger a los equilibrios predichos analíticamente, con un error relativo menor al 0.01 %. Esta verificación detecta errores que escapan al análisis simbólico, como errores de signo en las ecuaciones o valores propios mal clasificados.

El **criterio de aceptación** es la concordancia entre las tres verificaciones con error relativo menor al 0.01 %. Cuando se detectaron discrepancias, se rastreó el error hasta su origen y se documentó en una fe de erratas del documento correspondiente. La prioridad ante discrepancias entre fuentes es: archivos de análisis corregidos (txt con fe de erratas) > documentos de fases recientes (docx) > documentos de fases antiguas (docx). Este protocolo se implementa formalmente en la Fase V (Tabla 4.1), donde las predicciones analíticas de las Fases I–IV se confrontan con simulaciones numéricas en Maple.

4.7. Protocolo de comparación entre modelos

La comparación entre el modelo estándar y el extendido requiere un diseño que permita atribuir las diferencias observadas a causas identificables.

Principio de comparación rigurosa. Para que las diferencias entre modelos sean atribuibles a las extensiones y no a factores confundidos, se adoptó la regla de *aislar una única variable a la vez*: las simulaciones de ambos modelos utilizan condiciones iniciales idénticas (CI1–CI4, Tabla 4.2), y la comparación se realiza para los mismos valores del parámetro de control D . De este modo, las diferencias observadas se deben exclusivamente a las diferencias en las ecuaciones y los parámetros de cada modelo.

Tabla 4.2: Condiciones iniciales CI1–CI4, idénticas para ambos modelos. Los valores fueron elegidos para cubrir los cuatro cuadrantes del plano (X_1, X_2) con combinaciones de biomasa altas/bajas y sustratos altos/bajos, dentro del dominio físicamente admisible.

CI	$X_1(0)$ [g L ⁻¹]	$X_2(0)$ [g L ⁻¹]	$S_1(0)$ [g L ⁻¹]	$S_2(0)$ [mmol L ⁻¹]	$Z(0)$ [mmol L ⁻¹]	$C(0)$ [mmol L ⁻¹]
1	0.10	0.10	10	50	50	40
2	0.50	0.05	5	100	50	40
3	0.30	0.20	12	30	50	40
4	0.05	0.15	8	80	50	40

El análisis de valores propios (Fase III) determina la estabilidad *local* de cada equilibrio: garantiza convergencia para condiciones iniciales suficientemente cercanas. Para obtener evidencia de que un equilibrio atrae trayectorias desde condiciones iniciales *lejanas* —no solo cercanas—, se simulan las cuatro CI distribuidas en diferentes regiones del espacio de estados. Si todas convergen al mismo equilibrio, se obtiene evidencia numérica de que su cuenca de atracción es amplia, posiblemente todo el espacio de estados admisible en esa región de operación. Esto no constituye una demostración formal de estabilidad global (que requeriría una función de Lyapunov, véase Capítulo 3), sino evidencia computacional complementaria al resultado local.

Parámetros diferentes por modelo: justificación. El modelo estándar se analiza con los parámetros de Bernard et al. (2001) (calibrados para lodo de aguas residuales) y el modelo extendido con los de Arzate (2019) (calibrados para estiércol de ganado). Esta decisión, detallada en la Sección 4.3, es deliberada: cada modelo se analiza con los parámetros para los cuales fue diseñado y calibrado. El modelo estándar con parámetros de Bernard establece la línea base metodológica; el modelo extendido con parámetros de Arzate representa el caso relevante para Mamiña. Las diferencias observadas reflejan el efecto combinado de las extensiones estructurales y los parámetros específicos del sustrato. El análisis de sensibilidad (Fase IV) permite evaluar la contribución relativa de cada factor.

El diseño del experimento cruzado estructura-parámetros y los dos experimentos adicionales (suplementación de alcalinidad y sensibilidad del transitorio) se presentan en la Sección 4.10.

4.8. Indicadores de calidad del digestato

En la Sección 2.1.5 se definieron conceptualmente los indicadores η_1 y η_2 . En esta sección se presenta la derivación completa de $S_{2\text{eff}}$ —la concentración efectiva de referencia para η_2 — y se verifica numéricamente.

Derivación de $S_{2\text{eff}}$. El indicador η_2 mide qué fracción de los VFAs producidos por la acidogénesis es consumida por la metanogénesis. Para definir esta fracción, se necesita una referencia: la concentración de VFAs que se acumularía si los metanógenos no estuvieran presentes. Esta referencia es S_2^* en el equilibrio ε_4^* (Clase C, solo acidogénesis, $X_2^* = 0$).

De la ecuación dinámica de S_2 en estado estacionario con $X_2^* = 0$:

$$0 = D(S_{2\text{in}} - S_2^*) + k_2 \mu_1(\sigma_1) X_1^*, \quad (4.1)$$

donde se usa que $\mu_1(\sigma_1) = \alpha D$ (condición de equilibrio para la biomasa acidogénica) y que

$X_1^* = (S_{1in} - \sigma_1)/(k_1\alpha)$ (balance de sustrato). Sustituyendo y simplificando:

$$S_{2eff} = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1} (S_{1in} - \sigma_1). \quad (4.2)$$

Esta expresión tiene una interpretación clara: S_{2eff} es la suma de los VFAs presentes en la alimentación (S_{2in}) más los VFAs producidos por la degradación del sustrato orgánico (el término $k_2/k_1 \cdot (S_{1in} - \sigma_1)$, donde $S_{1in} - \sigma_1$ es el sustrato consumido y k_2/k_1 es el rendimiento de VFAs por unidad de sustrato).

Verificación numérica. A modo de ejemplo, para los parámetros de Bernard et al. (2001) con $D = 0.5 \text{ dia}^{-1}$: $\sigma_1 = 1.868 \text{ g L}^{-1}$, $S_{2in} = 87.5 \text{ mmol L}^{-1}$, $k_2/k_1 = 116.5/42.14 = 2.765$, $S_{1in} = 15 \text{ g L}^{-1}$. Entonces $S_{2eff} = 87.5 + 2.765 \times (15 - 1.868) = 87.5 + 36.30 = 123.8 \text{ mmol L}^{-1}$. El valor calculado por Maple para $S_2^*(\varepsilon_4^*)$ es $123.8 \text{ mmol L}^{-1}$, con concordancia exacta. El indicador η_2 en el equilibrio de coexistencia ε_5^* a $D = 0.5$ resulta $\eta_2 = (123.8 - 4.78)/123.8 = 96.1 \%$. Para la tasa de dilución de Mamiña ($D = 0.027$), η_2 es aún mayor (99.9 %, véase Sección 5.1).

Calidad del digestato por clase de equilibrio. A partir de las definiciones de η_1 y η_2 (Definición 2.1), se puede caracterizar cualitativamente la calidad del digestato que cada clase de equilibrio produce. La Tabla 4.3 resume esta caracterización, que es válida para ambos modelos y se deriva directamente de la estructura de los equilibrios: en la Clase D ambas poblaciones coexisten y procesan el sustrato completamente; en la Clase C solo los acidogénicos están activos; en la Clase A no hay actividad biológica.

Tabla 4.3: Calidad del digestato según la clase del equilibrio alcanzado (válida para ambos modelos). Los valores concretos de η_1 y η_2 dependen de los parámetros de cada modelo y se presentan en el Capítulo 5.

Equilibrio	η_1	η_2	Calidad del digestato
ε_5^* (Clase D, coexistencia)	Alta	Alta	Alta: sustrato degradado, VFAs estabilizados
ε_4^* (Clase C, solo acidogénesis)	Alta	0 %	Parcial: sustrato degradado, VFAs acumulados (ácido)
ε_1^* (Clase A, lavado total)	0 %	0 %	Nula: residuos sin tratar

La distinción entre las Clases D y C es central para el biodigestor de Mamiña: en ambos casos la materia orgánica se degrada (η_1 alta), pero solo en la Clase D los VFAs son consumidos por los metanógenos (η_2 alta), produciendo un digestato completamente estabilizado. En la Clase C, la acidogénesis degrada el sustrato orgánico y contribuye a la remoción de patógenos, pero la ausencia de metanógenos permite la acumulación de VFAs: el digestato es ácido e inestable, aunque conserva propiedades parciales de fertilizante por la degradación de materia orgánica. Los valores concretos de η_1 y η_2 para cada modelo se presentan en las

Secciones 5.1 y 5.2.

4.9. Parámetros manejables y no manejables

La utilidad práctica del análisis cualitativo depende de que sus resultados se expresen en términos de parámetros que el operador puede controlar. Esta distinción es fundamental para la Fase IV (análisis de sensibilidad) y la Fase VI (recomendaciones operacionales):

Parámetros manejables por el operador: la tasa de dilución D (controlada mediante la frecuencia y volumen de alimentación), la concentración de sustrato orgánico de entrada S_{1in} (controlada mediante la proporción estiércol:agua en la mezcla) y el tiempo de retención hidráulico $TRH = 1/D$ (directamente ligado a D). En Mamiña, $D \approx 0.027 \text{ dia}^{-1}$ y $S_{1in} \approx 18.3 \text{ g L}^{-1}$ (con dilución 1:3).

Parámetros no manejables: las tasas máximas de crecimiento μ_{1max} , μ_{2max} (dependen del consorcio bacteriano establecido), las constantes de saturación K_{S1} , K_{S2} y de inhibición K_{I2} (propiedades intrínsecas del sistema biológico), las tasas de muerte k_{d1} , k_{d2} (propiedades biológicas) y el factor de retención α (característica del reactor).

El pH como variable observable: en ambos modelos, el pH se calcula con la **misma fórmula** de equilibrio químico del tampón bicarbonato (ecuación 2.13), a partir de las variables de estado Z , S_2 y C . El pH no es una de las 6 EDOs — es una cantidad derivada. La diferencia radica en su rol dinámico: en el modelo estándar, el pH calculado no afecta la dinámica — el operador puede observarlo pero el modelo no lo conecta con las cinéticas de crecimiento. En el modelo extendido, el pH calculado con la misma fórmula afecta directamente μ_2 vía la función $I(\text{pH})$ (ecuación 2.21), lo que convierte al pH en una variable con **información accionable**: el modelo identifica rangos de pH donde la metanogénesis se inhibe. El operador no controla el pH directamente, pero puede influir en él a través de la alcalinidad de entrada Z_{in} —por ejemplo, mediante suplementación con NaHCO_3 (véase Recomendación R3, Sección 5.3)—.

4.10. Experimentos computacionales

El enfoque comparativo de la Sección 4.7 involucra cambios simultáneos en la estructura de las ecuaciones y en los valores de los parámetros. Los resultados iniciales del análisis cualitativo (Fases I–V) revelaron que el modelo extendido predice la extinción de los metanógenos ($X_2^* = 0$, pérdida de coexistencia entre ambas poblaciones bacterianas), mientras el modelo estándar predice coexistencia estable ($X_2^* > 0$). Esta diferencia cualitativa, no anticipada en las hipótesis iniciales, requería explicación causal: ¿se debe a la estructura de las ecua-

ciones, a los valores de los parámetros, o a la combinación de ambos? Para responder esta pregunta, se diseñaron *a posteriori* —una vez conocidos los resultados de las Fases I–V— tres experimentos computacionales con hipótesis falsables. Este diseño post-resultados es legítimo porque los experimentos no buscan confirmar los hallazgos sino *aislar sus causas* y evaluar su robustez. Cada experimento se implementó en Python 3 con las herramientas descritas en la Sección 4.5.

4.10.1. Experimento cruzado estructura–parámetros

Problema. La comparación entre modelos involucra diferencias simultáneas en la estructura de las ecuaciones (tasas de muerte k_{d1} , k_{d2} ; función de inhibición $I(\text{pH})$; acoplamiento de la alcalinidad Z con las biomásas) y en los parámetros (Bernard vs Arzate). Sin un diseño que aísle cada factor, no se puede determinar si la pérdida de coexistencia de ambas poblaciones bacterianas se debe a la forma de las ecuaciones, a los valores numéricos, o a su combinación.

Diseño. Se simulan cuatro configuraciones, todas a $D = D_{\text{Mam}} = 0.027 \text{ dia}^{-1}$, con las condiciones iniciales CI1 (Tabla 4.2):

1. Cinética de Haldane + Z desacoplada + parámetros Bernard (estructura y parámetros del estándar).
2. Cinética monótona + Z acoplada + parámetros Arzate (estructura y parámetros del extendido).
3. Cinética monótona + Z acoplada + parámetros Bernard (estructura del extendido con parámetros del estándar).
4. Cinética de Haldane + Z desacoplada + parámetros Arzate (estructura del estándar con parámetros del extendido).

Las configuraciones 1 y 2 corresponden a los modelos tal como se analizan en el Capítulo 5. Las configuraciones 3 y 4 son combinaciones cruzadas que permiten aislar el efecto de cada factor. El diseño corresponde a un factorial 2×2 :

	Parámetros Bernard	Parámetros Arzate
Estructura estándar (Haldane, Z desacoplada)	Config. 1	Config. 4
Estructura extendida (monótona, Z acoplada)	Config. 3	Config. 2

Hipótesis falsables. La lógica del experimento es la siguiente: si un factor es la causa única de la pérdida de coexistencia, entonces el efecto debe ocurrir en *todas* las configuraciones

donde ese factor está presente y no ocurrir en *ninguna* donde está ausente. Se plantean tres hipótesis mutuamente excluyentes:

H-A (causa paramétrica): los parámetros de Arzate (específicos del estiércol) son la causa, independientemente de la estructura de las ecuaciones. Predicción: la coexistencia desaparece en las configuraciones 2 y 4 (ambas con parámetros Arzate) y se mantiene en las configuraciones 1 y 3 (ambas con parámetros Bernard). Se falsaría si la configuración 4 (estructura estándar + parámetros Arzate) mantuviera coexistencia, porque eso mostraría que los parámetros de Arzate por sí solos no son suficientes.

H-B (causa estructural): la cinética monótona y el acoplamiento de Z son la causa, independientemente de los parámetros. Predicción: la coexistencia desaparece en las configuraciones 2 y 3 (ambas con estructura extendida) y se mantiene en las configuraciones 1 y 4 (ambas con estructura estándar). Se falsaría si la configuración 3 (estructura extendida + parámetros Bernard) mantuviera coexistencia, porque eso mostraría que la estructura por sí sola no es suficiente.

H-C (causa combinada): la pérdida de coexistencia requiere la presencia simultánea de ambos factores. Predicción: la coexistencia desaparece solo en la configuración 2 (único caso donde coinciden estructura extendida y parámetros Arzate) y se mantiene en las demás.

Criterio de evaluación. Se considera que existe coexistencia de ambas poblaciones si $X_2^* > 0.01 \text{ g L}^{-1}$ al final de la simulación ($t = 300$ días, convergencia verificada). Se reporta el valor de η_2 para cada configuración.

Resultados. Sección 5.3.3, Tabla 5.27.

4.10.2. Suplementación de alcalinidad

Problema. El análisis del modelo extendido (Sección 5.2) muestra que la alcalinidad de equilibrio Z^* es insuficiente para mantener el pH definido ($Z^* < S_2^*$). La recomendación R3 (Sección 5.3) propone suplementar la alcalinidad de entrada hasta $Z_{\text{in}}^{\text{crit}} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$, calculado como el valor mínimo que garantiza $Z^* \geq S_2^*$. La pregunta es: ¿la suplementación restaura la coexistencia de ambas poblaciones ($X_2^* > 0$), o solo garantiza que el pH esté definido sin recuperar la metanogénesis?

Diseño. Se simula el modelo extendido con $Z_{\text{in}} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$ y $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$. Se evalúan tres criterios: (1) $Z^* > S_2^*$ al equilibrio (pH definido); (2) $X_2^* > 0$ (coexistencia); (3) valor de η_2 .

Hipótesis falsable. Si la monotonía de μ_2 (cinética con exponente lineal en vez de cuadrático) es la causa estructural de la pérdida de coexistencia, suplementar Z_{in} mejorará la capacidad buffer del reactor pero no restaurará $X_2^* > 0$, porque la causa no está en la alcalinidad sino en la forma de la cinética.

Resultados. Sección 5.3.6.

4.10.3. Sensibilidad del transitorio de extinción metanogénica

Problema. En el modelo extendido, el equilibrio estable ε_3^* (solo acidogénesis) tiene $X_2^* = 0$: los metanógenos se extinguen. Sin embargo, la tasa a la que X_2 decae hacia cero es extremadamente lenta. La tasa neta de crecimiento metanogénico en el equilibrio ε_3^* es $\mu_2 - (\alpha D + k_{d2}) \approx -10^{-4} \text{ dia}^{-1}$, lo que produce un tiempo de vida media de X_2 del orden de ~ 19 años. Esto significa que, aunque el modelo predice extinción, un reactor real podría mantener una población metanogénica residual durante décadas. La pregunta es: ¿esta predicción es robusta frente a incertidumbres en los parámetros cinéticos?

Diseño. Se varía $\mu_{2\max}$ en cinco valores: 0.36, 0.38, 0.40 (base), 0.42 y 0.44 dia^{-1} ($\pm 5\%$, $\pm 10\%$). Para cada valor se calcula la tasa neta de crecimiento, la vida media de X_2 , y la concentración X_2 a $t = 200$ días.

Hipótesis falsable. Si la vida media cambia de años a días con una variación de $\pm 10\%$ en $\mu_{2\max}$, la predicción del transitorio largo es frágil y poco confiable: pequeñas incertidumbres en el parámetro invalidarían la conclusión. Si la vida media se mantiene en el orden de años para todas las variaciones, la conclusión cualitativa —extinción lenta de los metanógenos— es robusta.

Resultados. Sección 5.2.15.

4.11. Limitaciones del análisis

Para mantener la transparencia del trabajo, se formalizan seis limitaciones del análisis. Las cuatro primeras son inherentes al enfoque adoptado; las dos últimas son simplificaciones de modelación.

L1 — Parámetros de literatura. Los parámetros cinéticos y estequiométricos provienen de Bernard et al. (2001) y Arzate (2019) y no han sido calibrados con datos del biodigestor de Mamiña. El análisis de sensibilidad (Fase IV) cuantifica el impacto de la incertidumbre paramétrica.

L2 — Sin validación empírica. No se dispone de series temporales de las variables de estado (X_1 , X_2 , S_1 , S_2 , Z , C) que permitan contrastar las predicciones del modelo con mediciones. Los criterios de comparación (Sección 2.4) fueron diseñados para ser evaluables sin datos empíricos.

L3 — Superposición estructura/parámetros. La comparación entre modelos involucra simultáneamente diferencias estructurales y paramétricas. El experimento cruzado (Sección 4.10.1)

aísle la contribución de cada factor.

L4 — Estabilidad local. El análisis de estabilidad es local: se basa en la linealización alrededor de equilibrios (Teorema de Hartman-Grobman, Sección 3.6). Una demostración formal de estabilidad global requeriría construir una función de Lyapunov (Capítulo 3), lo cual queda fuera del alcance de esta tesis. La verificación numérica (Fase V) con múltiples condiciones iniciales proporciona evidencia computacional de convergencia amplia.

L5 — Aproximación CSTR. La modelación del reactor tubular como CSTR es una simplificación justificada en la Sección 4.2, pero que puede subestimar los gradientes espaciales del reactor real.

L6 — Indicadores teóricos. Los indicadores η_1 y η_2 se derivan del análisis de equilibrios y no han sido validados con mediciones directas de calidad del digestato. Las recomendaciones operacionales deben interpretarse como guías basadas en el modelo, no como prescripciones absolutas.

Capítulo 5

Resultados

5.1. Modelo AM2 estándar (Bernard et al., 2001)

5.1.1. Formulación del modelo (Fase 0)

El modelo AM2 estándar analizado en esta sección corresponde al sistema de seis ecuaciones diferenciales ordinarias presentado en la Sección 2.2, con las cinéticas de Monod (2.11) para la acidogénesis y de Haldane (2.12) para la metanogénesis. Las seis EDOs se formulan en (2.5)–(2.10) y no se repiten aquí.

El análisis se realiza con los parámetros de Bernard et al. (2001), presentados en la Tabla 2.4 de la Sección 2.2, bajo las siguientes hipótesis: reactor de mezcla completa (CSTR, Sección 4.2), fracción de retención $\alpha = 0.5$, alimentación constante ($S_{1\text{in}} = 15 \text{ g L}^{-1}$, $S_{2\text{in}} = 87.5 \text{ mmol L}^{-1}$, $Z_{\text{in}} = 50 \text{ mmol L}^{-1}$, $C_{\text{in}} = 40 \text{ mmol L}^{-1}$), y tasa de dilución D como parámetro de control (Sección 4.9).

Verificaciones preliminares (Fase 0). Antes de calcular los equilibrios, se verificó que el sistema es autónomo (el campo vectorial no depende explícitamente de t), que el dominio $\Omega = \{(X_1, X_2, S_1, S_2, Z, C) \in \mathbb{R}^6 : X_1, X_2, S_1, S_2 \geq 0\}$ es positivamente invariante (las concentraciones no pueden volverse negativas), y que las condiciones para la existencia y unicidad de soluciones se satisfacen (campo vectorial de clase C^1 , Sección 3.1).

Estructura en cascada. Una propiedad clave del modelo estándar, también verificada en la Fase 0, es que el sistema posee una *estructura en cascada*: la ecuación de alcalinidad es lineal y desacoplada ($\dot{Z} = D(Z_{\text{in}} - Z)$, con solución $Z^* = Z_{\text{in}}$ en equilibrio), el subsistema acidogénico (X_1, S_1) es cerrado (no depende de las demás variables), el subsistema metanogénico (X_2, S_2) recibe la salida del primero pero no lo realimenta, y el carbono inorgánico C depende de todo lo anterior. Esta estructura permite analizar el sistema por bloques, reduciendo un problema de dimensión 6 a dos bloques de dimensión 2 y dos variables desacopladas.

5.1.2. Equilibrios analíticos (Fase I)

Los equilibrios $\varepsilon^* = (X_1^*, X_2^*, S_1^*, S_2^*, Z^*, C^*)$ se obtienen resolviendo $\mathbf{f}(\varepsilon^*) = \mathbf{0}$ (Definición 3.3). Las ecuaciones de biomasa tienen la forma $\dot{X}_i = X_i(\mu_i - \alpha D)$, de modo que en equilibrio $X_i^*(\mu_i^* - \alpha D) = 0$: cada población satisface $X_i^* = 0$ (la población está ausente) o $\mu_i(S_i^*) = \alpha D$ (la tasa de crecimiento iguala exactamente la tasa de remoción por dilución). Biológicamente, la primera condición corresponde a la extinción de esa población; la segunda, a un balance preciso entre reproducción y lavado. Las cuatro combinaciones posibles de estas alternativas para las dos poblaciones generan cuatro familias de equilibrios (Sección 2.4.1). *Nota terminológica:* como se definió en la Sección 2.4.1, los equilibrios se organizan en **familias** (I–IV) según su estructura algebraica y en **clases** (A–D) según el estado biológico de las poblaciones; ambas clasificaciones coinciden (Familia I = Clase A, etc.). En este capítulo se usan familias cuando el contexto es algebraico (cálculo de equilibrios, valores propios) y clases cuando el contexto es biológico (deseabilidad operacional, calidad del digestato).

Concentraciones break-even (σ_1, σ_2). Cuando una población está presente ($X_i^* > 0$), la condición $\mu_i(S_i^*) = \alpha D$ determina la concentración de sustrato en equilibrio: σ_1 para el sustrato orgánico S_1 (del que se alimentan los acidogénicos) y σ_2 para los ácidos grasos volátiles S_2 (del que se alimentan los metanógenos). Biológicamente, cada σ_i es la concentración *mínima* de sustrato que la población X_i necesita para sostenerse a la tasa de dilución D : si el sustrato cae por debajo de este valor, la tasa de crecimiento es insuficiente para compensar el lavado y la población se extingue. Las concentraciones break-even dependen de D y determinan, junto con las concentraciones de entrada, los valores críticos D_1^{crit} y D_2^{crit} que delimitan las regiones de operación del reactor (Sección 5.1.3):

$$\sigma_1 = \frac{\alpha D K_{S1}}{\mu_{1\max} - \alpha D}, \quad \sigma_2^\pm = \frac{(\mu_{2\max} - \alpha D) K_{I2} \pm \sqrt{\Delta}}{2\alpha D}, \quad (5.1)$$

donde $\Delta = (\mu_{2\max} - \alpha D)^2 K_{I2}^2 - 4(\alpha D)^2 K_{S2} K_{I2}$. La concentración σ_1 resulta de la cinética de Monod (solución única); $\sigma_2^\pm$ resultan de la cinética de Haldane (dos soluciones cuando $\Delta > 0$), con $\sigma_2^- < \sqrt{K_{S2} K_{I2}} < \sigma_2^+$. La solución σ_2^- se ubica en la rama creciente de la curva de Haldane y σ_2^+ en la rama decreciente (inhibición por sustrato).

Las cuatro familias de equilibrios.

Familia I — Lavado total ($X_1^* = 0, X_2^* = 0$). Ambas poblaciones están ausentes: $S_1^* = S_{1\text{in}}, S_2^* = S_{2\text{in}}, Z^* = Z_{\text{in}}$. El equilibrio ε_1^* siempre existe.

Familia II — Solo metanogénesis ($X_1^* = 0, X_2^* > 0$). Los metanógenos se alimentan de los VFAs de entrada ($S_{2\text{in}}$). Hasta dos equilibrios ($\varepsilon_2^*, \varepsilon_3^*$) según las raíces $\sigma_2^\pm$, con $X_2^* = (S_{2\text{in}} - \sigma_2)/(k_3\alpha)$. Existen si $\alpha D \leq M$ y $S_{2\text{in}} > \sigma_2$.

Familia III — Solo acidogénesis ($X_1^* > 0$, $X_2^* = 0$). Los acidogénicos degradan el sustrato orgánico pero los VFAs se acumulan: $S_1^* = \sigma_1$, $X_1^* = (S_{1in} - \sigma_1)/(k_1\alpha)$, $S_2^* = S_{2in} + (k_2/k_1)(S_{1in} - \sigma_1)$. El equilibrio ε_4^* existe si $\alpha D < \mu_{1max}$ y $S_{1in} > \sigma_1$.

Familia IV — Coexistencia ($X_1^* > 0$, $X_2^* > 0$). Ambas poblaciones coexisten: $S_1^* = \sigma_1$, $S_2^* = \sigma_2$, $X_1^* = (S_{1in} - \sigma_1)/(k_1\alpha)$, $X_2^* = [S_{2in} - \sigma_2 + (k_2/k_1)(S_{1in} - \sigma_1)]/(k_3\alpha)$. Hasta dos equilibrios (ε_5^* , ε_6^*) según $\sigma_2^\pm$. Existen si $S_{1in} > \sigma_1$ y $X_2^* > 0$.

Valores numéricos. La Tabla 5.1 presenta los valores numéricos de los equilibrios para tres tasas de dilución. Los tres valores corresponden a la Región I del reactor — la región donde D es suficientemente baja para que ambas poblaciones bacterianas puedan coexistir (las regiones de operación se definen formalmente en la Sección 5.1.3 a partir de los valores críticos de D). Se incluye el punto operativo de Mamiña ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$).

Tabla 5.1: Equilibrios del modelo estándar para tres valores de D en Región I (parámetros de Bernard et al., 2001).

D (dia^{-1})	Equilibrio	X_1^* (g L^{-1})	X_2^* (g L^{-1})	S_1^* (g L^{-1})	S_2^* (mmol L^{-1})	Existe eq.
0.5	ε_1^* (Clase A)	0	0	15.00	87.5	Sí
	ε_2^* (Clase B)	0	0.617	15.00	4.78	Sí
	ε_3^* (Clase B)	0	—	15.00	—	No ($S_{2in} < \sigma_2^+$)
	ε_4^* (Clase C)	0.623	0	1.868	123.8	Sí
	ε_5^* (Clase D)	0.623	0.888	1.868	4.78	Sí
	ε_6^* (Clase D)	0.623	—	1.868	—	No ($X_2^* < 0$)
0.25	ε_1^* (Clase A)	0	0	15.00	87.5	Sí
	ε_2^* (Clase B)	0	0.639	15.00	1.89	Sí
	ε_4^* (Clase C)	0.673	0	0.826	126.7	Sí
	ε_5^* (Clase D)	0.673	0.931	0.826	1.89	Sí
0.027 (Mamiña)	ε_1^* (Clase A)	0	0	15.00	87.5	Sí
	ε_2^* (Clase B)	0	0.652	15.00	0.17	Sí
	ε_4^* (Clase C)	0.708	0	0.081	128.7	Sí
	ε_5^* (Clase D)	0.708	0.960	0.081	0.17	Sí

Los tres valores de D ilustran el comportamiento dentro de la Región I: al disminuir D , la concentración break-even σ_1 se reduce (más sustrato degradado), X_2^* de coexistencia aumenta (más metanógenos), y S_2^* de coexistencia se reduce drásticamente (de 4.78 a 0.17 mmol L^{-1}). Para $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña), la degradación del sustrato es casi completa ($S_1^* = 0.081 \text{ g L}^{-1}$, $\eta_1 \approx 99.5\%$) y los VFAs son casi completamente consumidos ($S_2^* = 0.17 \text{ mmol L}^{-1}$).

5.1.3. Valores críticos y regiones de operación (Fase I)

El rango de la tasa de dilución D determina cuántos y cuáles equilibrios existen. Físicamente, D controla la velocidad a la que el líquido se renueva en el reactor: a mayor D , las bacterias tienen menos tiempo para crecer antes de ser expulsadas. Para ciertos valores *críticos* de D , el sistema experimenta un cambio cualitativo: equilibrios colisionan, un valor propio de la matriz jacobiana se anula (pérdida de hiperbolicidad, Definición 3.9), y la estructura del retrato de fase cambia — es decir, ocurre una **bifurcación** (Definición 3.17). Los dos valores críticos que delimitan las regiones de operación son:

D_1^{crit} — *lavado de acidogénicos*. Se obtiene de la condición $S_{\text{lin}} = \sigma_1$, es decir, cuando la concentración break-even alcanza el sustrato de entrada y la población acidogénica ya no puede sostenerse. En este punto, el equilibrio de acidogénesis ε_4^* colisiona con el equilibrio de lavado total ε_1^* :

$$D_1^{\text{crit}} = \frac{\mu_{1\text{max}} S_{\text{lin}}}{\alpha (K_{S1} + S_{\text{lin}})} = \frac{1.2 \times 15}{0.5 \times (7.1 + 15)} = \frac{18}{11.05} = 1.629 \text{ dia}^{-1}. \quad (5.2)$$

D_2^{crit} — *lavado de metanogénicos*. Se obtiene cuando el discriminante Δ de la ecuación cuadrática de σ_2 se anula, lo que ocurre en el máximo M de la cinética de Haldane. Biológicamente, este es el punto donde incluso la concentración óptima de VFAs no genera suficiente crecimiento para compensar el lavado. El equilibrio de coexistencia ε_5^* colisiona con el de solo acidogénesis ε_4^* :

$$D_2^{\text{crit}} = \frac{M}{\alpha} = \frac{\mu_{2\text{max}}}{\alpha (1 + 2\sqrt{K_{S2}/K_{I2}})} = \frac{0.74}{0.5 \times 1.381} = 1.072 \text{ dia}^{-1}. \quad (5.3)$$

Ambas transiciones son **bifurcaciones transcíticas** (Sección 3.9): los equilibrios que colisionan intercambian estabilidad al cruzar el valor crítico. La verificación formal mediante el teorema de Sotomayor se presenta en la Sección 5.1.7.

Como $D_2^{\text{crit}} < D_1^{\text{crit}}$, los metanógenos se lavan antes que los acidogénicos al aumentar D , lo cual refleja que $\mu_{2\text{max}} < \mu_{1\text{max}}$: la población con menor tasa de crecimiento máximo es la primera en perderse. Los dos valores críticos dividen el rango de D en tres **regiones de operación** cualitativamente distintas, cada una con un equilibrio asintóticamente estable diferente y un estado biológico diferente del reactor:

- **Región I** ($0 < D < D_2^{\text{crit}}$): ambas poblaciones pueden coexistir. Es la región de operación deseada.
- **Región II** ($D_2^{\text{crit}} < D < D_1^{\text{crit}}$): los metanógenos se han extinguido; solo quedan acidogénicos. El reactor acidifica.

- **Región III** ($D > D_1^{\text{crit}}$): ambas poblaciones se extinguen. Lavado total.

La Tabla 5.2 resume esta clasificación con los valores numéricos de los límites y los equilibrios presentes en cada región.

Tabla 5.2: Regiones de operación del modelo estándar.

Región	Rango de D (dia $^{-1}$)	Equilibrios existentes	Estado biológico
I	$0 < D < 1.072$	$\varepsilon_1^*, \varepsilon_2^*, \varepsilon_4^*, \varepsilon_5^*$	Coexistencia posible
II	$1.072 < D < 1.629$	$\varepsilon_1^*, \varepsilon_4^*$	Solo acidogénesis
III	$D > 1.629$	ε_1^*	Lavado total

Posición de Mamiña. El biodigestor opera con $D \approx 0.027$ dia $^{-1}$ (TRH ≈ 37 días), situándose en la Región I con un margen de seguridad de $D_2^{\text{crit}}/D \approx 40$. Este amplio margen garantiza que el sistema opera lejos de cualquier transición crítica, lo cual es consistente con el diseño conservador documentado por Guzmán-Cood (2024).

5.1.4. Clasificación biológica (Fase I)

Los seis equilibrios del modelo estándar se clasifican según el marco de Clases A–D y Familias I–IV definido en la Sección 2.4.1. Esta clasificación organiza los equilibrios por el estado de las poblaciones bacterianas: qué poblaciones sobreviven y cuáles se extinguen en cada estado estacionario. La Tabla 5.3 presenta la clasificación completa.

Tabla 5.3: Clasificación biológica de los equilibrios del modelo estándar. La columna “Calidad digestato” corresponde a la caracterización cualitativa de la Tabla 4.3.

Equilibrio	Familia	Clase	Poblaciones	Calidad digestato
ε_1^*	I	A	Ninguna	Nula
ε_2^*	II	B	Solo X_2 (con σ_2^-)	Parcial
ε_3^*	II	B	Solo X_2 (con σ_2^+)	No existe
ε_4^*	III	C	Solo X_1	Baja
ε_5^*	IV	D	$X_1 + X_2$ (con σ_2^-)	Alta
ε_6^*	IV	D	$X_1 + X_2$ (con σ_2^+)	No existe

Los equilibrios ε_3^* y ε_6^* no existen para los parámetros de Bernard et al. (2001): ε_3^* requiere $S_{2\text{in}} > \sigma_2^+$ (que no se cumple porque la concentración de VFAs de entrada es insuficiente para sostener metanógenos en la rama decreciente de Haldane), y ε_6^* produce $X_2^* < 0$ (concentración de biomasa negativa, físicamente inadmisibles). Esto reduce el panorama a **cuatro equilibrios efectivos** en la Región I: $\varepsilon_1^*, \varepsilon_2^*, \varepsilon_4^*$ y ε_5^* .

La **jerarquía de deseabilidad operacional** (Sección 2.4.1), desde la perspectiva de la calidad del digestato (Tabla 4.3), es Clase D > Clase B > Clases A y C. En la **Clase D** (ε_5^* , coexistencia), ambas etapas de la cadena trófica operan simultáneamente: los acidogénicos degradan la materia orgánica compleja (η_1 alta) y los metanógenos consumen los VFAs resultantes (η_2 alta), produciendo un digestato estable y de pH neutro. En la **Clase C** (ε_4^* , solo acidogénesis), la degradación del sustrato orgánico continúa (η_1 alta) pero los VFAs se acumulan sin ser procesados ($\eta_2 = 0\%$): para $D = 0.5 \text{ dia}^{-1}$, $S_2^* = 123.8 \text{ mmol L}^{-1}$ (Tabla 5.1), lo que resulta en un digestato ácido e inestable, con propiedades parciales: el sustrato orgánico se degrada, pero los VFAs se acumulan sin ser estabilizados. En la **Clase A** (ε_1^* , lavado total), el reactor no tiene actividad biológica: el material de entrada sale sin procesar. El objetivo del análisis de estabilidad (Secciones 5.1.6–5.1.7) es determinar cuál de estos cuatro equilibrios es el atractor del sistema en cada región de operación.

5.1.5. Linealización: estructura de la matriz jacobiana (Fase II)

Para determinar la estabilidad local de cada equilibrio, se linealiza el sistema alrededor de ε^* (Sección 3.4): el comportamiento de las perturbaciones está gobernado por la matriz jacobiana $\mathbf{J}(\varepsilon^*) = \partial \mathbf{f} / \partial \varepsilon \big|_{\varepsilon^*}$ (ecuación (3.3)), que es una matriz 6×6 . Si todos sus valores propios tienen parte real negativa, el equilibrio es asintóticamente estable (Proposición 3.13); si alguno tiene parte real positiva, es inestable. Las derivadas de las cinéticas que aparecen en $\mathbf{J}$ son $\mu'_1 = \mu_{1\max} K_{S1} / (K_{S1} + S_1)^2 > 0$ (siempre positiva, porque la cinética de Monod es monótona creciente) y $\mu'_2 = \mu_{2\max} (K_{S2} - S_2^2 / K_{I2}) / (K_{S2} + S_2 + S_2^2 / K_{I2})^2$ (positiva en la rama creciente de Haldane, negativa en la rama decreciente).

La estructura en cascada del modelo estándar (Sección 5.1.1) se refleja en una **estructura triangular inferior por bloques** de la matriz jacobiana, que permite descomponer el espectro:

$$\text{spec}(\mathbf{J}) = \{-D\} \cup \text{spec}(\mathbf{J}_{\text{acid}}) \cup \text{spec}(\mathbf{J}_{\text{meth}}) \cup \{-D - \Gamma\}, \quad (5.4)$$

donde $\mathbf{J}_{\text{acid}}$ y $\mathbf{J}_{\text{meth}}$ son los bloques 2×2 de los subsistemas acidogénico (X_1, S_1) y metanogénico (X_2, S_2), y $\Gamma = \partial q_{\text{CO}_2} / \partial C > 0$ es la derivada de la tasa de transferencia de CO_2 respecto al carbono inorgánico (Apéndice B). El valor propio $\lambda_Z = -D$ corresponde a la alcalinidad desacoplada; $\lambda_C = -D - \Gamma$ al carbono inorgánico. Ambos son siempre reales negativos, por lo que **la estabilidad queda determinada exclusivamente por los dos bloques 2×2** . Biológicamente, esto significa que la estabilidad de cada población puede analizarse de forma independiente: los acidogénicos no dependen de los metanógenos, y los metanógenos solo dependen de los VFAs producidos por los acidogénicos (no del sustrato orgánico S_1 directamente). Esta independencia es consecuencia de la estructura de la cadena

trófica del modelo estándar, y no se conserva en el modelo extendido (Sección 5.2.7).

Cada bloque 2×2 tiene la forma:

$$\mathbf{J}_i = \begin{pmatrix} \mu_i^* - \alpha D & \mu_i'^* X_i^* \\ -k_j \mu_i^* & -D - k_j \mu_i'^* X_i^* \end{pmatrix}, \quad (5.5)$$

donde los superíndices $*$ denotan evaluación en el equilibrio. Cuando $X_i^* > 0$, la condición de equilibrio $\mu_i^* = \alpha D$ anula la entrada $(1, 1)$, simplificando la estructura. Cuando $X_i^* = 0$ (población ausente), el bloque es triangular y los valores propios se leen directamente de la diagonal: $\lambda = \mu_i(S_i^*) - \alpha D$ y $\lambda = -D$. El primer valor propio tiene una interpretación biológica precisa: es la **tasa neta de invasión** de la población ausente — si es positivo ($\mu_i > \alpha D$), la población puede crecer más rápido de lo que es lavada y eventualmente se establece; si es negativo, la población no puede sostenerse y permanece extinta. La estructura completa de la matriz jacobiana evaluada en los seis equilibrios se presenta en el Apéndice B.

5.1.6. Estabilidad local (Fase III)

Hiperbolicidad. Antes de clasificar la estabilidad, se verifica que los equilibrios son hiperbólicos (Definición 3.9): para todo D fuera de los puntos de bifurcación ($D \neq D_1^{\text{crit}}$, $D \neq D_2^{\text{crit}}$), ningún valor propio de $\mathbf{J}(\epsilon^*)$ tiene parte real cero. Esto garantiza que el teorema de Hartman-Grobman (Teorema 3.10) es aplicable y que la clasificación obtenida por linealización es válida para el sistema no lineal. La hiperbolicidad se pierde únicamente en $D = D_2^{\text{crit}}$ y $D = D_1^{\text{crit}}$, donde un valor propio se anula y ocurren las bifurcaciones transcriticals (Sección 5.1.7).

Clasificación de estabilidad. El análisis de los bloques (5.5) en cada equilibrio produce la tabla de estabilidad. La Tabla 5.4 se presenta para $D = 0.5 \text{ dia}^{-1}$ (Región I), donde coexisten los cuatro equilibrios efectivos. Los resultados para $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña) son cualitativamente idénticos: ϵ_5^* es el único equilibrio asintóticamente estable.

Tabla 5.4: Estabilidad local de los equilibrios del modelo estándar ($D = 0.5 \text{ dia}^{-1}$, Región I). La columna “Valor propio” muestra los valores propios con $\text{Re}(\lambda) > 0$ que causan la inestabilidad; para ϵ_5^* todos tienen $\text{Re}(\lambda) < 0$.

Equilibrio	V. propio con $\text{Re}(\lambda) > 0$	Tipo	Estabilidad	Mecanismo
ϵ_1^*	+0.565, +0.261	Nodo inestable	Inestable	Ambas poblaciones invaden
ϵ_2^*	+0.565	Punto silla	Inestable	X_1 invade ($\mu_1(S_{1\text{in}}) > \alpha D$)
ϵ_4^*	+0.225	Punto silla	Inestable	X_2 invade ($\mu_2(S_2^*) > \alpha D$)
ϵ_5^*	Todos $\text{Re}(\lambda) < 0$	Nodo estable	Asint. estable	Autorregulación: $\mu_2'^* > 0$

El equilibrio ε_5^* es **localmente asintóticamente estable** (Definición 3.12): las trayectorias que comienzan suficientemente cerca de ε_5^* no solo permanecen cerca, sino que convergen a él cuando $t \rightarrow \infty$. Dado que ε_5^* es hiperbólico (todos $\text{Re}(\lambda) < 0$), la convergencia es además exponencial (Proposición 3.13).

Mecanismo de estabilidad de ε_5^* . En el equilibrio de coexistencia, $S_2^* = \sigma_2^- = 4.78 \text{ mmol L}^{-1}$ se sitúa en la rama creciente de la cinética de Haldane ($\mu_2' > 0$). Este signo positivo genera una retroalimentación negativa: si S_2 aumenta por una perturbación, μ_2 aumenta, lo que incrementa el consumo de VFAs por los metanógenos y restaura S_2 a su valor de equilibrio. Este mecanismo de autorregulación es la base física de la estabilidad de ε_5^* .

Invasibilidad. Cada equilibrio inestable lo es porque al menos una población ausente puede invadir (su tasa neta de invasión es positiva, Sección 5.1.5): en ε_1^* ambas poblaciones tienen tasa de crecimiento superior a αD ; en ε_2^* los acidogénicos encuentran sustrato abundante ($S_1^* = S_{\text{lin}} \gg \sigma_1$); en ε_4^* los metanógenos encuentran VFAs abundantes en la rama creciente de Haldane ($\mu_2(S_2^*) = 0.475 > \alpha D = 0.25$). Todos los caminos conducen a ε_5^* : el lavado total es invadido por ambas poblaciones, los equilibrios parciales son invadidos por la población faltante, y la coexistencia es el único estado que no puede ser invadido.

Estabilidad por región. La tabla anterior corresponde a la Región I. Al cruzar D_2^{crit} , ε_5^* deja de existir y ε_4^* hereda la estabilidad asintótica (Región II). Al cruzar D_1^{crit} , ε_4^* desaparece y ε_1^* se vuelve asintóticamente estable (Región III). Estas transiciones corresponden a las bifurcaciones transcíticas analizadas en la Sección 5.1.7.

Rol de ε_4^* como punto silla en Región I. El equilibrio ε_4^* (solo acidogénesis) es un *punto silla*, no un equilibrio estable: tiene un valor propio positivo (+0.225) y cinco negativos. Su variedad estable $W^s(\varepsilon_4^*)$ (Definición 3.15) tiene dimensión 5 y actúa como **separatriz** en el espacio de estados de dimensión 6. Las trayectorias que parten con $X_2(0)$ muy pequeño pueden transitar temporalmente por la vecindad de ε_4^* —el sistema “parece” estancado en un estado de solo acidogénesis— antes de que la componente inestable ($\mu_2(S_2^*) > \alpha D$) permita a los metanógenos crecer y el sistema converja finalmente a ε_5^* . Este comportamiento transitorio *no es biestabilidad* (no hay dos atractores compitiendo), sino un paso prolongado cerca de un punto silla con variedad estable de alta dimensión. La verificación numérica (Sección 5.1.8) confirma que las cuatro condiciones iniciales CI1–CI4 convergen todas a ε_5^* , proporcionando evidencia de que la cuenca de atracción de ε_5^* es dominante en toda la Región I.

Tabla 5.5: Equilibrio asintóticamente estable por región de operación.

Región	Equilibrio asint. estable	Estado biológico	Calidad digestato
I ($D < 1.072$)	ε_5^*	Coexistencia	Alta
II ($1.072 < D < 1.629$)	ε_4^*	Solo acidogénesis	Baja
III ($D > 1.629$)	ε_1^*	Lavado total	Nula

5.1.7. Bifurcaciones transcricas (Fase IV)

Las transiciones entre las tres regiones de operación (Tabla 5.2) corresponden a **bifurcaciones transcricas** (Sección 3.9). En este tipo de bifurcación, al variar el parámetro D a través de un valor crítico, dos equilibrios se acercan hasta coincidir en el mismo punto del espacio de estados (“colisionan”) y, al cruzar el valor crítico, el que era asintóticamente estable se vuelve inestable y el que era inestable se vuelve asintóticamente estable: sus roles se invierten, lo que se denomina *intercambio de estabilidad*. En términos de valores propios, esto ocurre porque un valor propio de cada equilibrio cruza el cero en dirección opuesta al del otro (Sección 3.9). Este mecanismo produce dos transiciones sucesivas que definen una secuencia de falla predecible del reactor. Ambas bifurcaciones se verifican formalmente mediante las condiciones de Sotomayor (Sección 3.11).

Primera bifurcación: pérdida de metanógenos en $D = D_2^{\text{crit}} = 1.072 \text{ dia}^{-1}$. Al aumentar D , la tasa de lavado αD crece y los metanógenos necesitan más VFAs para sostenerse: la concentración break-even σ_2^- crece con D . Cuando D alcanza D_2^{crit} , la tasa de crecimiento metanogénico μ_2 ya no puede compensar el lavado ni siquiera en la concentración óptima de VFAs, y la biomasa metanogénica X_2^* se anula: el equilibrio de coexistencia ε_5^* colisiona con el de solo acidogénesis ε_4^* en el subespacio $X_2 = 0$. El valor propio $\lambda = \mu_2(S_2^*) - \alpha D \rightarrow 0$ indica la pérdida de hiperbolicidad (Definición 3.9). Para $D < D_2^{\text{crit}}$, ε_5^* es asintóticamente estable y ε_4^* es inestable; para $D > D_2^{\text{crit}}$, ε_4^* hereda la estabilidad y ε_5^* deja de existir. Este intercambio de estabilidad es la signatura de la bifurcación transcrica (Sección 3.9). El efecto es visible en los diagramas de bifurcación: la biomasa metanogénica cae a cero (Figura 5.2) y los VFAs saltan de un nivel bajo a uno alto (Figura 5.3).

Las condiciones de Sotomayor TC1–TC4 se verifican en $D = D_2^{\text{crit}}$, ε_4^* , con autovectores $\mathbf{v} = \mathbf{w} = \mathbf{e}_{X_2}$ (dirección canónica X_2):

Tabla 5.6: Verificación de Sotomayor en $D = D_2^{\text{crit}} = 1.072 \text{ dia}^{-1}$.

Condición	Expresión	Valor	Requisito	Estado
TC1	$\lambda = 0$ (valor propio simple)	$\lambda = 0$	$= 0$	✓
TC2	$\mathbf{w}^\top \cdot \mathbf{f}_D$	0	$= 0$	✓
TC3	$\mathbf{w}^\top \cdot D^2 \mathbf{f}(\mathbf{v}, \mathbf{v})$	+0.246	$\neq 0$	✓
TC4	$\mathbf{w}^\top \cdot [D_x \mathbf{f}_D \cdot \mathbf{v}]$	-0.5	$\neq 0$	✓

La condición TC2 se satisface automáticamente porque la ecuación de biomasa tiene la forma $\dot{X}_2 = X_2(\mu_2 - \alpha D)$, cuya derivada respecto a D es $-\alpha X_2^* = 0$ en el punto de colisión ($X_2^* = 0$). Esta propiedad es estructural del modelo AM2 y se cumple en ambas bifurcaciones.

Observación 5.1. En $D = D_2^{\text{crit}}$, el discriminante Δ de la ecuación cuadrática de σ_2 se anula, lo que también hace colisionar ε_2^* con ε_3^* (las dos raíces $\sigma_2^\pm$ se fusionan). Esta colisión podría sugerir una bifurcación *silla-nodo* (donde dos equilibrios nacen y desaparecen). Sin embargo, la verificación de Sotomayor confirma que la transición relevante —la que involucra al atractor ε_5^* — es transcítica: los equilibrios ε_4^* y ε_5^* intercambian estabilidad sin desaparecer del espacio de estados admisible.

Segunda bifurcación: pérdida de acidogénicos en $D = D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$. Continuando el aumento de D , ahora son los acidogénicos quienes no logran sostenerse: cuando $\sigma_1 \rightarrow S_{\text{lin}}$, la biomasa acidogénica $X_1^* = (S_{\text{lin}} - \sigma_1)/(k_1 \alpha) \rightarrow 0$ y el equilibrio ε_4^* colisiona con el lavado total ε_1^* . Al cruzar D_1^{crit} , ε_1^* hereda la estabilidad (Figura 5.1): toda actividad biológica desaparece. Los autovectores son $\mathbf{v} = \mathbf{w} = \mathbf{e}_{X_1}$:

Tabla 5.7: Verificación de Sotomayor en $D = D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$.

Condición	Expresión	Valor	Requisito	Estado
TC1	$\lambda = 0$ (valor propio simple)	$\lambda = 0$	$= 0$	✓
TC2	$\mathbf{w}^\top \cdot \mathbf{f}_D$	0	$= 0$	✓
TC3	$\mathbf{w}^\top \cdot D^2 \mathbf{f}(\mathbf{v}, \mathbf{v})$	-0.735	$\neq 0$	✓
TC4	$\mathbf{w}^\top \cdot [D_x \mathbf{f}_D \cdot \mathbf{v}]$	-0.5	$\neq 0$	✓

Interpretación operacional: la secuencia de falla del biodigestor. Las dos bifurcaciones transcíticas definen una secuencia de falla predecible al aumentar la tasa de dilución (es decir, al reducir el tiempo de residencia hidráulico del reactor):

Primera falla ($D > D_2^{\text{crit}} = 1.072 \text{ dia}^{-1}$): se pierden los metanógenos ($X_2^* \rightarrow 0$, Figura 5.2), lo que elimina la capacidad de estabilización de VFAs. Los VFAs se acumulan (S_2^* salta de ~ 49 a $\sim 113 \text{ mmol L}^{-1}$, Figura 5.3), produciendo un digestato ácido e inestable.

Segunda falla ($D > D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$): se pierden también los acidogénicos ($X_1^* \rightarrow 0$,

Figura 5.1), eliminando toda actividad biológica. El reactor opera como un simple tanque de paso.

El operador del biodigestor debe vigilar que D se mantenga por debajo de D_2^{crit} , no de D_1^{crit} : la primera transición es la que destruye la calidad del digestato. Para el biodigestor de Mamiña ($D = 0.027 \text{ día}^{-1}$), el margen de seguridad respecto a D_2^{crit} es de un factor 40 (Sección 5.1.3).

Diagramas de bifurcación. Las Figuras 5.1–5.3 visualizan la secuencia de falla descrita arriba. Cada diagrama muestra cómo varía una variable de estado en el equilibrio (X_1^* , X_2^* o S_2^*) en función de D . Las ramas estables (azul continuo) representan los estados que el reactor alcanza efectivamente; las inestables (rojo punteado) son estados teóricos que el sistema evita.

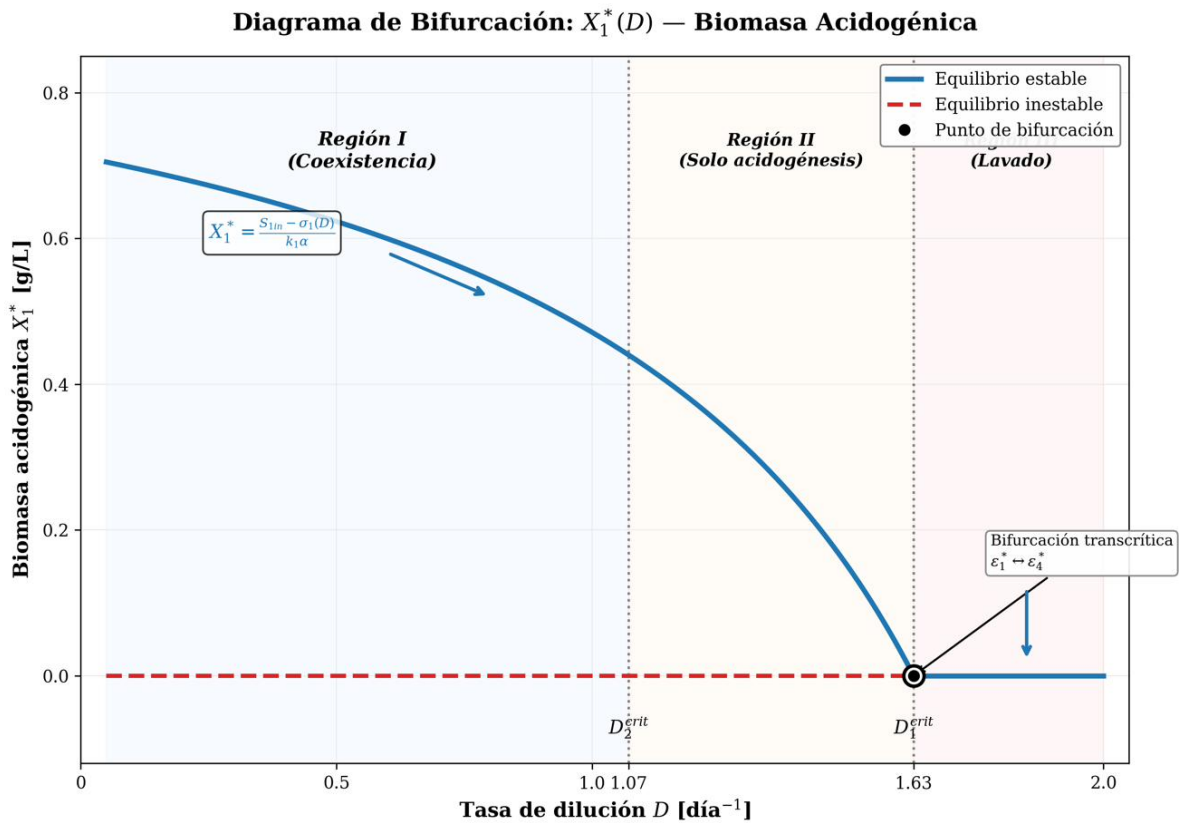


Figura 5.1: Diagrama de bifurcación $X_1^*(D)$: biomasa acidogénica en equilibrio. Curva azul: ramas estables (ε_5^* en RI, ε_4^* en RII). Línea roja punteada: rama inestable (ε_1^*). Punto negro: bifurcación transcítica en D_1^{crit} .

La biomasa acidogénica X_1^* decrece monótonamente con D : a mayor tasa de dilución, menos tiempo tienen los acidogénicos para reproducirse y menor es su concentración en equilibrio. La curva va desde $X_1^*(0) \approx 0.71 \text{ g L}^{-1}$ hasta $X_1^* = 0$ en $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ día}^{-1}$. En la Región I, la rama azul corresponde a ε_5^* (coexistencia); en la Región II, a ε_4^* (solo

acidogénesis) — la rama es continua porque la biomasa acidogénica no se ve afectada por la desaparición de los metanógenos (independencia de la cadena trófica, Sección 5.1.5). Los acidogénicos son más resistentes al lavado: sobreviven hasta un D un 52% mayor que los metanógenos ($D_1^{\text{crit}}/D_2^{\text{crit}} = 1.52$).

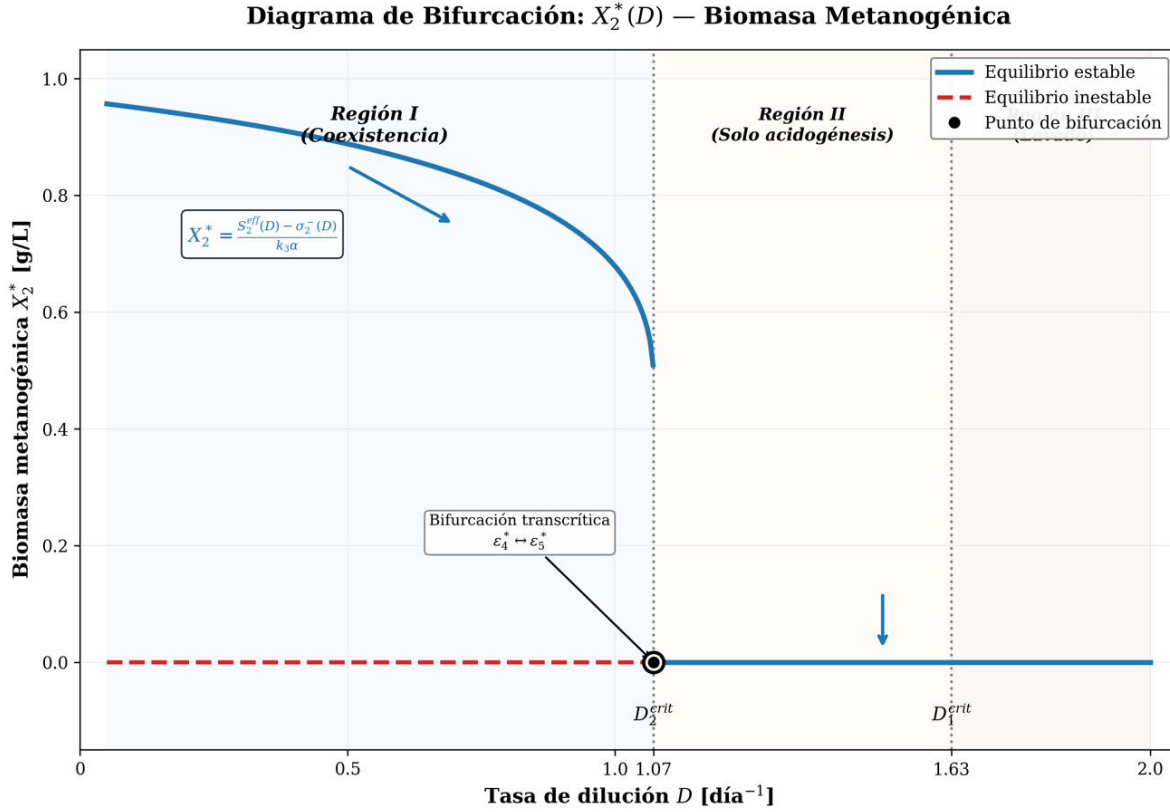


Figura 5.2: Diagrama de bifurcación $X_2^*(D)$: biomasa metanogénica en equilibrio. Curva azul: rama estable (ε_5^*). Línea roja punteada: ramas inestables ($\varepsilon_4^*/\varepsilon_1^*$). Punto negro: bifurcación transcítica en D_2^{crit} .

La biomasa metanogénica X_2^* presenta el comportamiento más crítico para el operador: es la primera variable que se anula al aumentar D . La rama estable (ε_5^* , azul) decrece desde $X_2^*(0) \approx 0.92 \text{ g L}^{-1}$ hasta cero en $D_2^{\text{crit}} = 1.072 \text{ día}^{-1}$, donde ocurre la primera bifurcación transcítica ($\varepsilon_4^* \leftrightarrow \varepsilon_5^*$). Para $D > D_2^{\text{crit}}$, $X_2^* = 0$ en todos los equilibrios existentes: la línea azul continúa sobre el eje $X_2 = 0$. La pérdida de los metanógenos es el *primer síntoma* de sobrecarga hidráulica — precede al colapso total del reactor por un margen de $D_1^{\text{crit}} - D_2^{\text{crit}} = 0.557 \text{ día}^{-1}$.

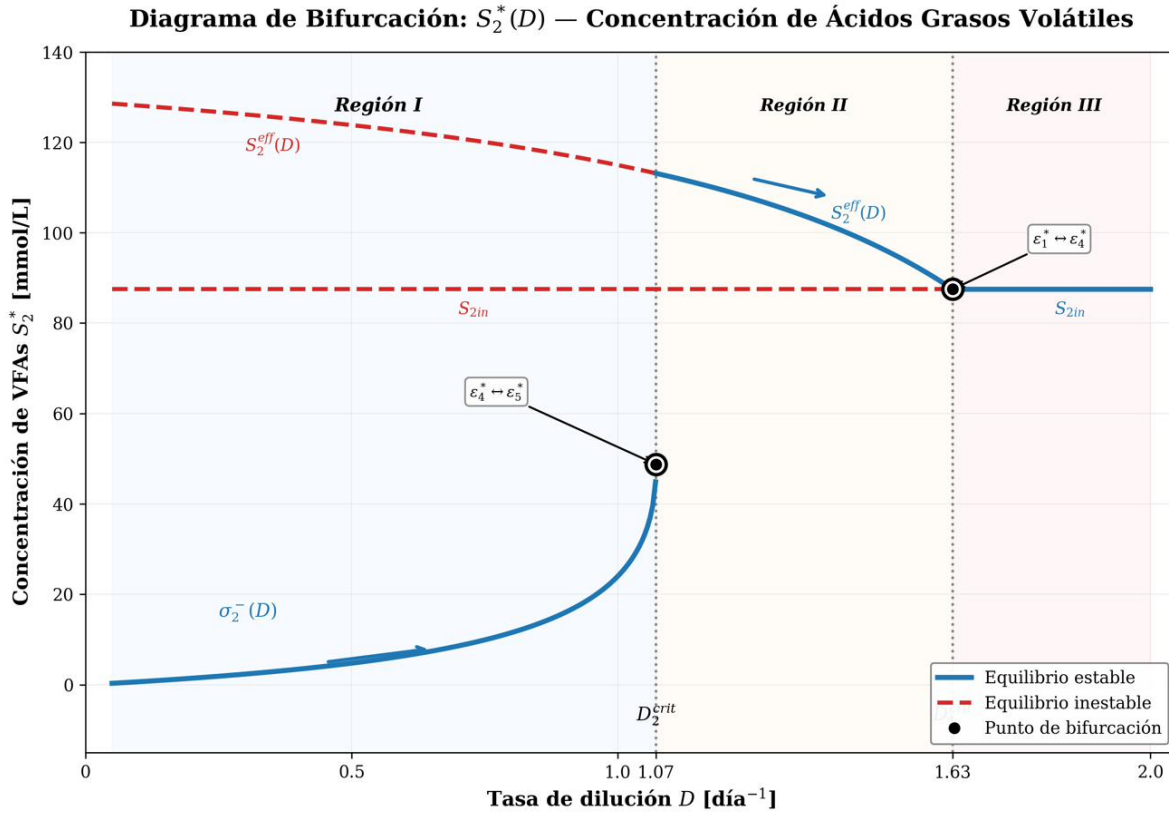


Figura 5.3: Diagrama de bifurcación $S_2^*(D)$: concentración de VFAs en equilibrio. Tres ramas: baja (metanógenos activos), alta (VFAs acumulados), horizontal (S_{2in} , lavado total). Puntos negros: bifurcaciones transcíticas.

El diagrama de VFAs es el más revelador para la calidad del digestato. Muestra tres ramas claramente diferenciadas: la rama baja $\sigma_2^-(D)$ (VFAs consumidos por los metanógenos, correspondiente a ε_5^* estable en Región I), la rama alta $S_{2eff}(D)$ (VFAs acumulados porque no hay metanógenos, correspondiente a ε_4^* inestable en RI, estable en RII), y la horizontal $S_{2in} = 87.5 \text{ mmol L}^{-1}$ (ε_1^* , punteada en RI–RII, estable en RIII). El significado operacional es directo: al cruzar D_2^{crit} , los VFAs saltan de ~ 49 a $\sim 113 \text{ mmol L}^{-1}$ — el digestato pasa de un pH neutro (VFAs bajos, metanógenos activos) a condiciones de acidificación (VFAs acumulados, metanógenos ausentes). Este salto abrupto es el fenómeno de acidificación que Guzmán-Cood (2024) observó al usar proporciones de alimentación más concentradas.

5.1.8. Verificación numérica (Fase V)

Esta sección confronta las predicciones analíticas de las Fases I–IV con simulaciones numéricas del sistema de EDOs. El objetivo es doble: confirmar que los equilibrios y su estabilidad coinciden con los valores analíticos (protocolo de verificación, Sección 4.6), y visualizar el

comportamiento dinámico del reactor — cómo las trayectorias convergen al equilibrio estable en cada región y qué transitorios ocurren antes de la convergencia. Se presentan resultados para las tres regiones de operación (Tabla 5.2) y para las condiciones de Mamiña, utilizando las cuatro condiciones iniciales CI1–CI4 (Tabla 4.2). Las simulaciones se realizaron en Maple (método Runge-Kutta-Fehlberg 4/5, tolerancia 10^{-10}).

Región I ($D = 0.5 \text{ día}^{-1}$): coexistencia estable. En esta región, el análisis de estabilidad (Tabla 5.4) predice que ε_5^* es el único equilibrio asintóticamente estable. Las cuatro trayectorias, partiendo de condiciones iniciales que cubren un rango representativo de estados del reactor (Tabla 4.2), convergen efectivamente al equilibrio de coexistencia ε_5^* con $X_1^* = 0.623 \text{ g L}^{-1}$, $X_2^* = 0.888 \text{ g L}^{-1}$, $S_1^* = 1.868 \text{ g L}^{-1}$, $S_2^* = 4.78 \text{ mmol L}^{-1}$. El error relativo entre los valores analíticos y los numéricos es inferior al 0.01 % en las seis variables, confirmando la concordancia triple exigida por el protocolo de verificación (Sección 4.6). La Figura 5.4 muestra el retrato de fase en el plano (X_1, X_2) ; las Figuras 5.5–5.7 muestran las trayectorias temporales de cada variable.

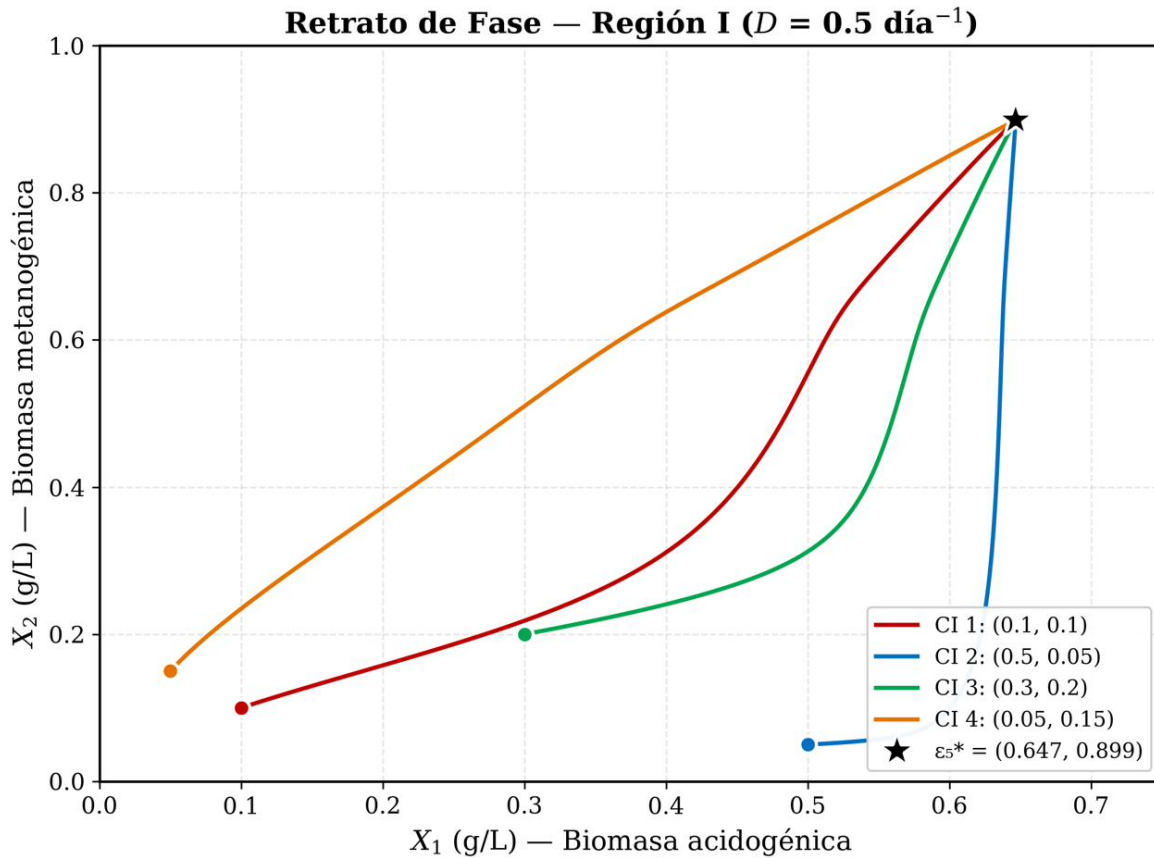


Figura 5.4: Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 0.5 \text{ día}^{-1}$ (Región I). Las cuatro órbitas, partiendo de CI1–CI4, convergen al equilibrio ε_5^* .

La convergencia de las cuatro órbitas al mismo punto $\varepsilon_5^* = (0.623, 0.888) \text{ g L}^{-1}$, independientemente de las condiciones iniciales, confirma que ε_5^* actúa como atractor de todas las trayectorias ensayadas en la Región I¹. Las curvas son suaves y sin oscilaciones, consistente con un nodo estable (valores propios reales negativos, Sección 5.1.6). El biodigestor es robusto frente a perturbaciones en las concentraciones de biomasa: aunque ocurran fluctuaciones, el sistema siempre retorna al estado de coexistencia.

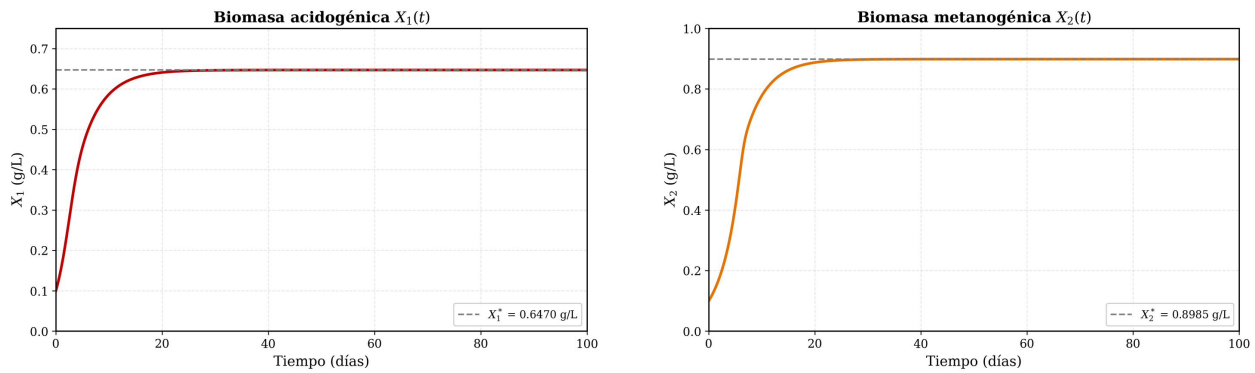


Figura 5.5: Trayectorias temporales de biomasa en Región I ($D = 0.5 \text{ día}^{-1}$). Izquierda: $X_1(t)$. Derecha: $X_2(t)$. Las cuatro CI convergen al equilibrio en $\sim 30\text{--}40$ días.

Ambas biomasas exhiben un crecimiento sigmoideal: crecimiento inicial lento, fase de crecimiento rápido, y estabilización en el valor de equilibrio. El tiempo de estabilización es de 30–40 días para ambas poblaciones. Aunque $\mu_{1\max} > \mu_{2\max}$ (los acidogénicos tienen mayor tasa máxima), ambas poblaciones alcanzan equilibrio en tiempos similares porque en el transitorio los metanogénicos se benefician de la producción de VFAs por los acidogénicos.

¹Las leyendas de las figuras de verificación numérica (Figuras 5.4–5.19) muestran valores calculados por Maple con $S_{1\text{in}} = 15.5 \text{ g L}^{-1}$ (valor original de Bernard et al. 2001). El texto utiliza $S_{1\text{in}} = 15 \text{ g L}^{-1}$ (Fases0I), lo que produce diferencias de $\sim 4\text{--}6\%$ en las biomasas y $\sim 1\%$ en los sustratos. Adicionalmente, las leyendas de las Figuras 5.18 y 5.19 muestran $D_1^{\text{crit}} = 1.646 \text{ día}^{-1}$ (calculado con $S_{1\text{in}} = 15.5$); nuestro valor canónico es $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ día}^{-1}$ (con $S_{1\text{in}} = 15$). Estas diferencias no afectan las conclusiones cualitativas: las órbitas, los tipos de convergencia y las interpretaciones operacionales son idénticos.

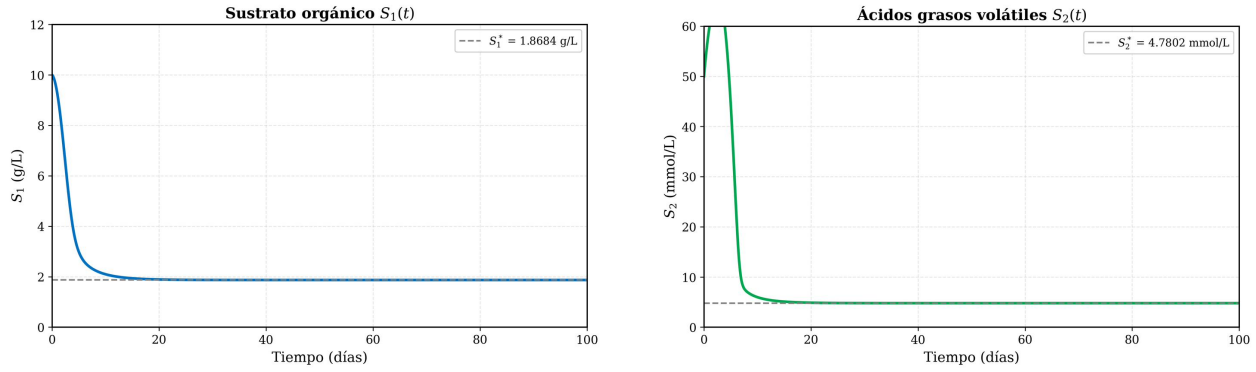


Figura 5.6: Trayectorias temporales de sustratos en Región I. Izquierda: $S_1(t)$ (sustrato orgánico), decaimiento monótono. Derecha: $S_2(t)$ (VFAs), pico transitorio seguido de decaimiento.

Las trayectorias temporales de los sustratos (Figura 5.6) revelan la dinámica interna de la cadena trófica. El sustrato orgánico S_1 (materia orgánica compleja que alimenta a los acidogénicos) muestra un decaimiento monótono hasta el equilibrio (1.868 g L^{-1}), con tiempo característico de $\sim 10\text{--}15$ días: los acidogénicos degradan rápidamente la materia orgánica disponible. En contraste, los VFAs (S_2 , producto de los acidogénicos y alimento de los metanógenos) presentan un comportamiento no monótono: un pico transitorio de $\sim 60 \text{ mmol L}^{-1}$ en los primeros días, seguido de un decaimiento gradual hasta 4.78 mmol L^{-1} . Este pico se explica por el desbalance temporal entre la producción de VFAs por los acidogénicos (que crecen rápido) y el consumo por los metanógenos (que aún no han alcanzado población suficiente). En un arranque con inóculo pobre en metanógenos, este pico podría alcanzar niveles inhibitorios (por encima de $100\text{--}150 \text{ mmol L}^{-1}$, donde la acidificación del medio compromete la viabilidad de los metanógenos) — de ahí la importancia del acondicionamiento del inóculo antes del arranque.

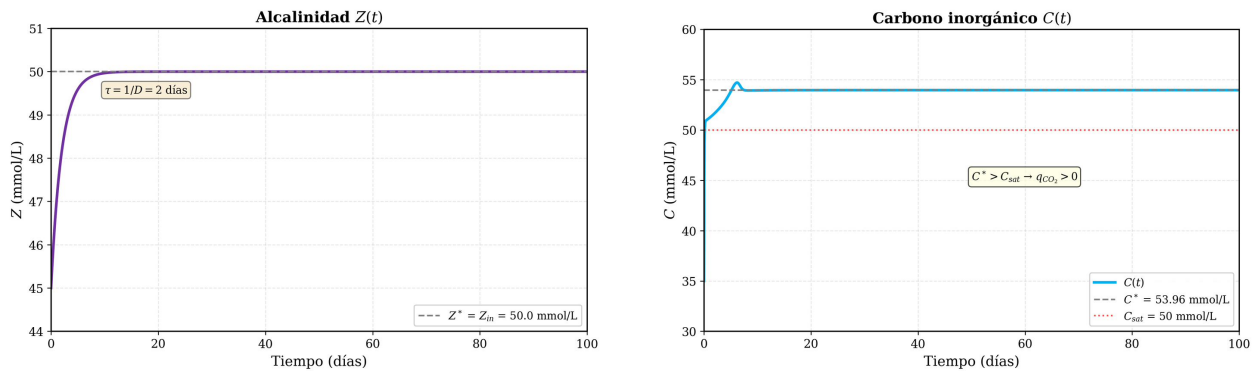


Figura 5.7: Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región I. Izquierda: $Z(t)$, convergencia exponencial a Z_{in} . Derecha: $C(t)$, estabilización en $C^* = 53.96 \text{ mmol L}^{-1}$ (sobresaturación).

La alcalinidad $Z(t)$ converge exponencialmente a $Z_{\text{in}} = 50 \text{ mmol L}^{-1}$ con constante de tiempo $\tau = 1/D = 2$ días, confirmando el desacoplamiento de la ecuación de Z en el modelo estándar. El carbono inorgánico $C(t)$ se estabiliza en $C^* = 53.96 \text{ mmol L}^{-1}$, por encima de la concentración de saturación $C_{\text{sat}} = 50 \text{ mmol L}^{-1}$ (parámetro del modelo, Tabla 2.4). Esta sobresaturación de $\sim 8\%$ produce una transferencia neta de CO_2 al biogás ($q_{\text{CO}_2} = k_L a(C^* - C_{\text{sat}}) = 19.8 \times 3.96 \approx 78 \text{ mmol L}^{-1} \text{ día}^{-1}$, donde $k_L a = 19.8 \text{ día}^{-1}$ es el coeficiente de transferencia gas-líquido), confirmando que el digestor produce biogás activamente en estado estacionario.

Región II ($D = 1.2 \text{ día}^{-1}$): **solo acidogénesis.** Al cruzar D_2^{crit} , los metanógenos se han extinguido y el reactor opera como un acidificador: los acidogénicos degradan la materia orgánica pero los VFAs se acumulan sin ser procesados. El análisis de estabilidad (Tabla 5.5) predice que ε_4^* es el equilibrio asintóticamente estable. Las simulaciones lo confirman: las trayectorias convergen a ε_4^* con $X_1^* = 0.375 \text{ g L}^{-1}$, $X_2^* = 0$, $S_1^* = 7.10 \text{ g L}^{-1}$, $S_2^* = 109.3 \text{ mmol L}^{-1}$, $Z^* = 50 \text{ mmol L}^{-1}$, $C^* \approx 50 \text{ mmol L}^{-1}$. La Figura 5.8 muestra el retrato de fase; las Figuras 5.9–5.11 muestran las trayectorias temporales.

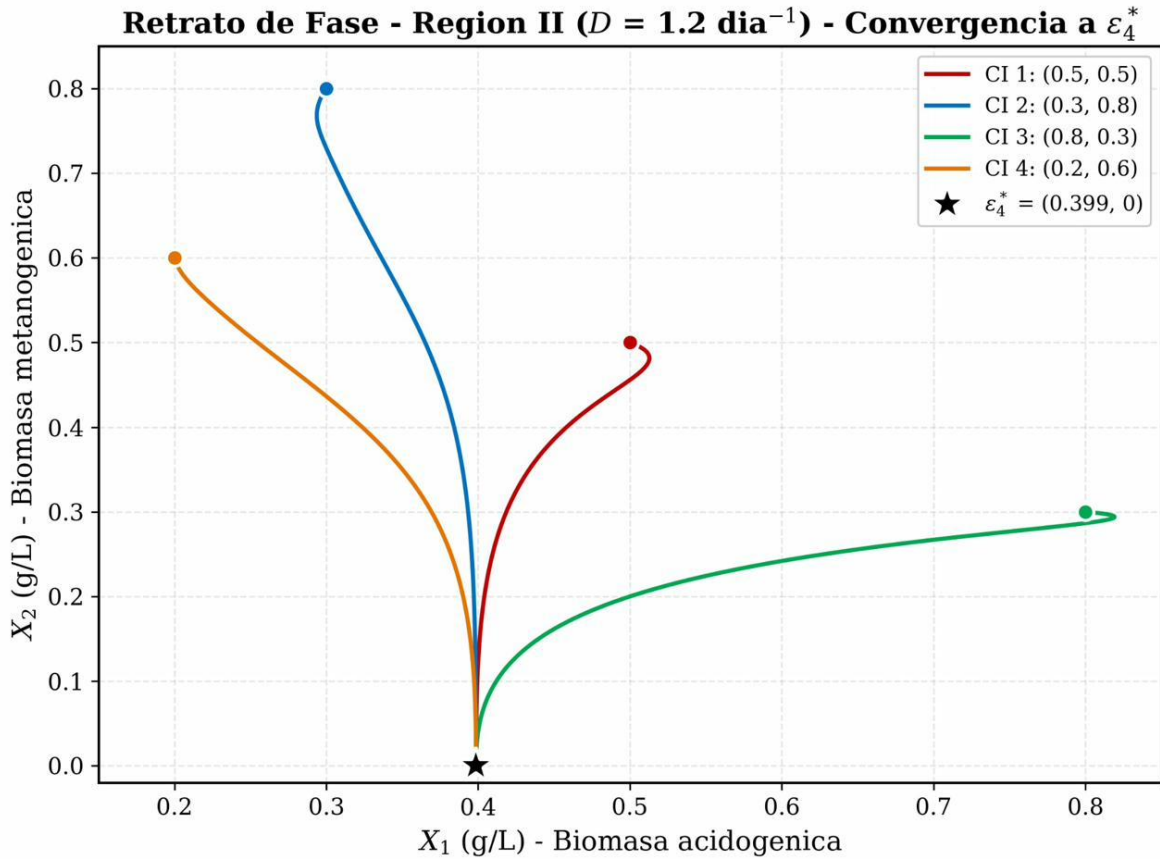


Figura 5.8: Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 1.2 \text{ día}^{-1}$ (Región II). Todas las órbitas convergen al eje X_1 ($X_2 \rightarrow 0$).

El contraste con la Región I (Figura 5.4) es marcado: en lugar de converger a un punto interior del primer cuadrante (coexistencia), todas las órbitas colapsan sobre el eje X_1 (extinción de metanógenos). Las CI con mayor $X_2(0)$ requieren más tiempo para alcanzar el eje, ya que la biomasa metanogénica debe decaer desde un valor inicial más alto.

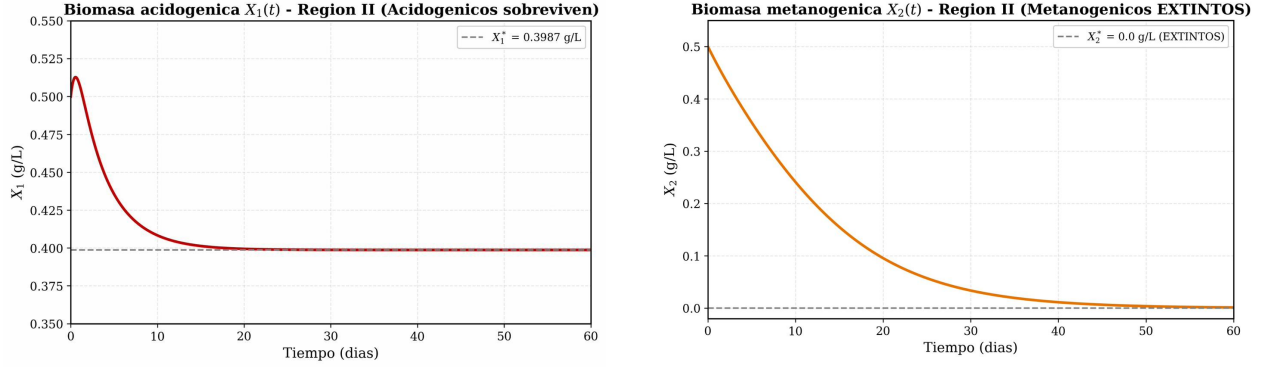


Figura 5.9: Trayectorias temporales de biomasa en Región II. Izquierda: $X_1(t)$ converge a 0.375 g L^{-1} . Derecha: $X_2(t)$ decae exponencialmente hacia cero.

La biomasa acidogénica alcanza su equilibrio en ~ 10 días, pero la metanogénica presenta un decaimiento exponencial sin recuperación: $X_2(t)$ cae por debajo de 0.1 g L^{-1} en ~ 15 – 20 días y por debajo de 0.01 g L^{-1} en ~ 40 – 50 días. La extinción de los metanógenos es irreversible en esta región: una vez perdida la población, no puede restablecerse sin intervención externa (reinoculación o reducción drástica de D).

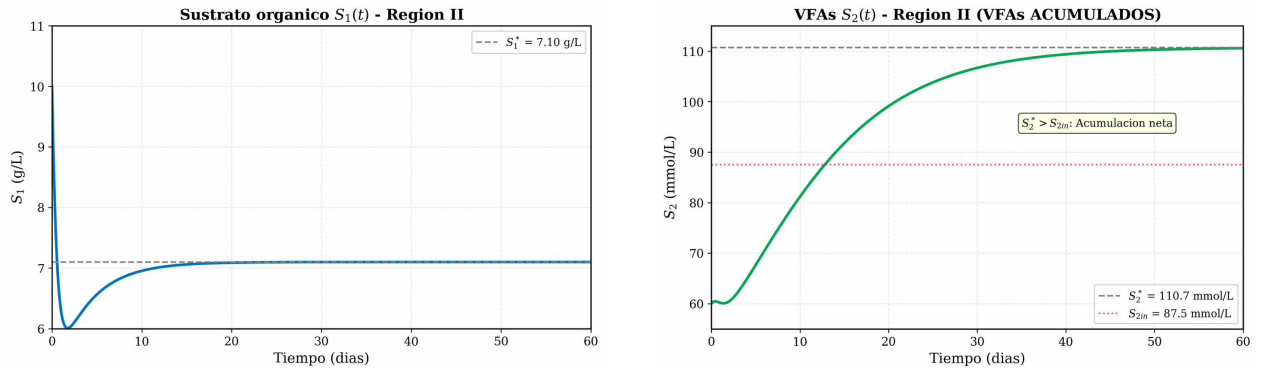


Figura 5.10: Trayectorias temporales de sustratos en Región II. Izquierda: $S_1(t)$ (sustrato orgánico) estabiliza en 7.10 g L^{-1} . Derecha: $S_2(t)$ (VFAs) muestra acumulación hasta $109.3 \text{ mmol L}^{-1}$.

El sustrato orgánico residual ($S_1^* = 7.10 \text{ g L}^{-1}$) es 3.8 veces mayor que en Región I (1.868 g L^{-1}): la eficiencia de degradación cae de $\eta_1 = 87.5\%$ a 52.7% , porque a D más alto los acidogénicos tienen menos tiempo para procesar la materia orgánica. Más crítico

aún, los VFAs se acumulan hasta $S_2^* = 109.3 \text{ mmol L}^{-1}$, un valor 23 veces mayor que en Región I, porque no hay metanógenos que los consuman. Para el operador, esto se manifestaría como mal olor intenso (ácidos orgánicos volátiles), efluente ácido ($\text{pH} \sim 5\text{--}6$) y ausencia de producción de biogás — un digestato inutilizable como biofertilizante.

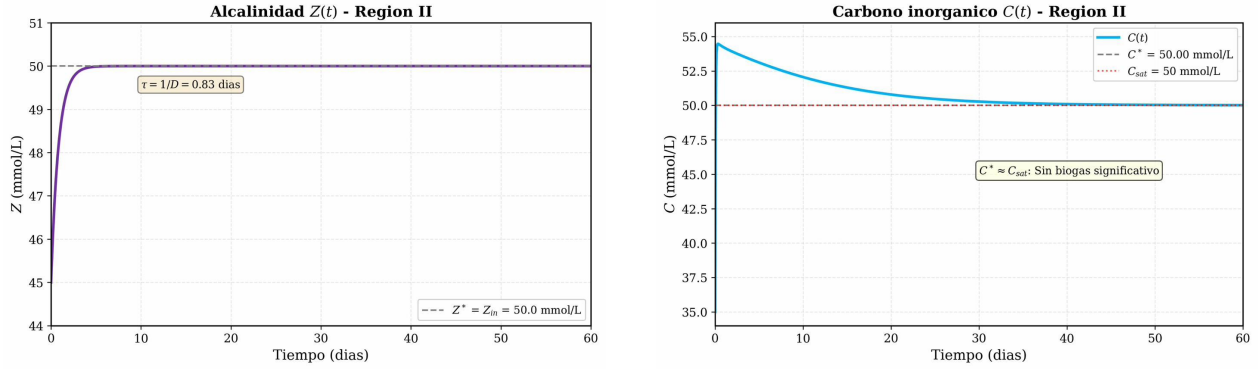


Figura 5.11: Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región II. Izquierda: $Z(t)$ converge a $Z_{\text{in}} = 50 \text{ mmol L}^{-1}$. Derecha: $C(t)$ converge a $C_{\text{sat}} \approx 50 \text{ mmol L}^{-1}$ (sin sobresaturación).

El resultado más significativo es el carbono inorgánico: $C^* \approx C_{\text{sat}}$, lo que implica $q_{\text{CO}_2} \approx 0$ — la producción de biogás se ha detenido. Sin metanógenos activos, no hay conversión de VFAs a CH_4 ni CO_2 adicional. El reactor se ha convertido en un *acidificador*: degrada parcialmente la materia orgánica pero no estabiliza los productos intermedios.

Región III ($D = 2.0 \text{ dia}^{-1}$): **lavado total**. Al cruzar D_1^{crit} , también los acidogénicos se extinguen: la tasa de dilución supera la tasa máxima de crecimiento de ambas poblaciones y el reactor pierde toda actividad biológica. El análisis de estabilidad (Tabla 5.5) predice que ε_1^* (lavado total) es el único equilibrio asintóticamente estable. Las simulaciones lo confirman: todas las trayectorias convergen a ε_1^* con $X_1^* = X_2^* = 0$, $S_1^* = S_{1\text{in}} = 15 \text{ g L}^{-1}$, $S_2^* = S_{2\text{in}} = 87.5 \text{ mmol L}^{-1}$, $Z^* = 50 \text{ mmol L}^{-1}$, $C^* = 49.1 \text{ mmol L}^{-1}$. La Figura 5.12 muestra el retrato de fase; las Figuras 5.13–5.15 muestran las trayectorias temporales.

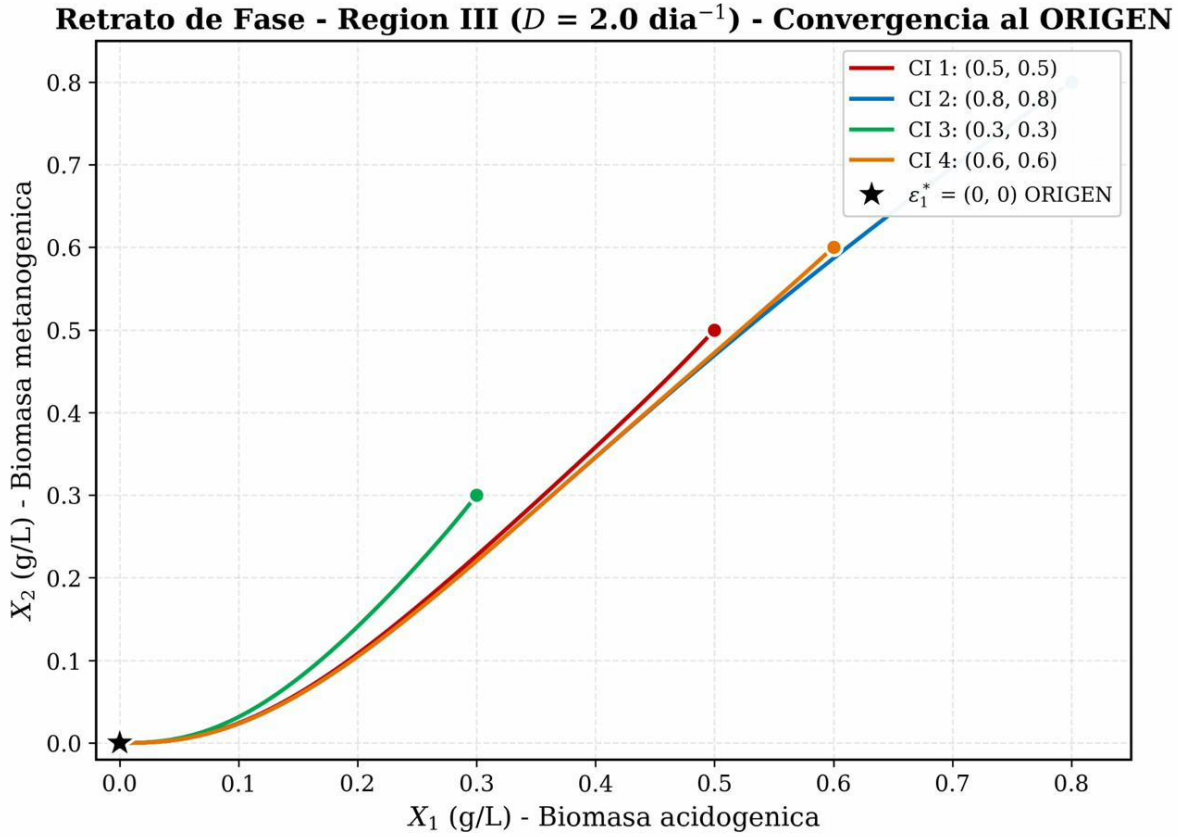


Figura 5.12: Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 2.0 \text{ dia}^{-1}$ (Región III). Todas las órbitas convergen al origen (lavado total).

El retrato de fase muestra la convergencia de todas las órbitas al origen $(0,0)$: ambas poblaciones se extinguen. A diferencia de la Región II, donde los acidogénicos sobrevivían, aquí la tasa de dilución efectiva ($\alpha D = 1.0 \text{ dia}^{-1}$) excede la tasa de crecimiento máxima alcanzable por los acidogénicos incluso a la concentración máxima de sustrato: $\mu_1(S_{\text{lin}}) = 1.2 \times 15 / (7.1 + 15) = 0.814 \text{ dia}^{-1} < \alpha D = 1.0 \text{ dia}^{-1}$. El tiempo de duplicación efectivo ($\ln 2 / 0.814 \approx 20$ horas) es significativamente mayor que el TRH (12 horas): las bacterias son expulsadas más rápido de lo que pueden reproducirse, incluso bajo las condiciones más favorables.

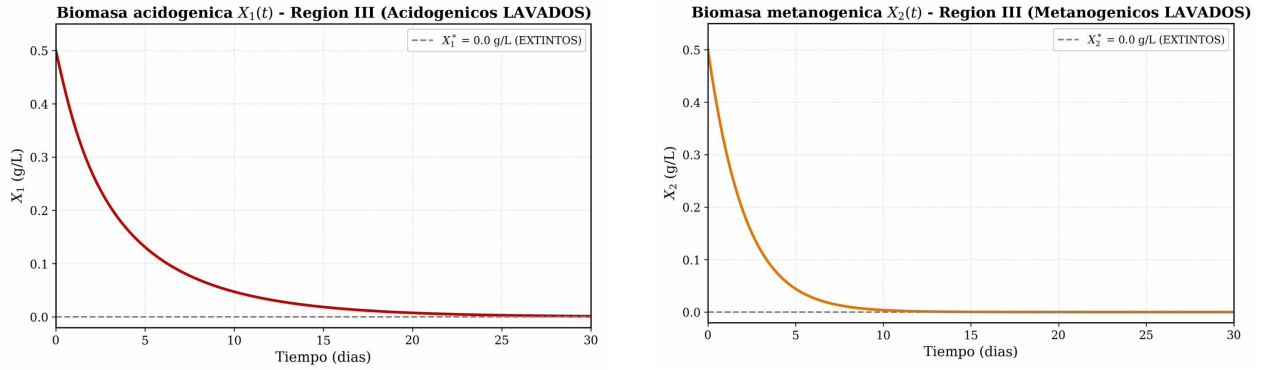


Figura 5.13: Trayectorias temporales de biomasa en Región III. Ambas poblaciones decaen exponencialmente hacia cero.

La extinción en Región III es significativamente más rápida que en Región II: $X_2(t)$ cae por debajo de 0.1 g L^{-1} en ~ 5 días y por debajo de 0.01 g L^{-1} en ~ 10 días; $X_1(t)$ decae más lentamente, alcanzando 0.01 g L^{-1} en ~ 20 – 25 días. Esta asimetría refleja que los metanógenos ($\mu_{2\max} = 0.74 \ll \alpha D$) se lavan mucho más rápido que los acidogénicos ($\mu_1(S_{1\text{in}}) = 0.814$, más cercano a αD). La falla es total e irreversible sin reinoculación y reducción drástica de D .

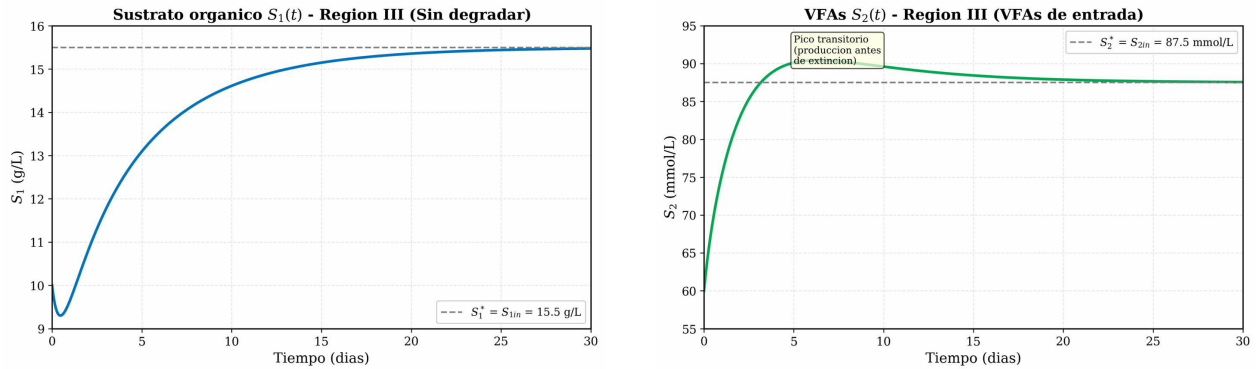


Figura 5.14: Trayectorias temporales de sustratos en Región III. Ambos convergen a sus valores de entrada ($S_{1\text{in}}$ para el sustrato orgánico, $S_{2\text{in}}$ para los VFAs): sin degradación.

Sin poblaciones bacterianas, los sustratos convergen a sus valores de entrada: $S_1^* = S_{1\text{in}}$ y $S_2^* = S_{2\text{in}}$. Los indicadores de calidad son $\eta_1 = 0\%$ y $\eta_2 = 0\%$: el efluente tiene la misma composición que la alimentación. El reactor opera como un simple tanque de paso.

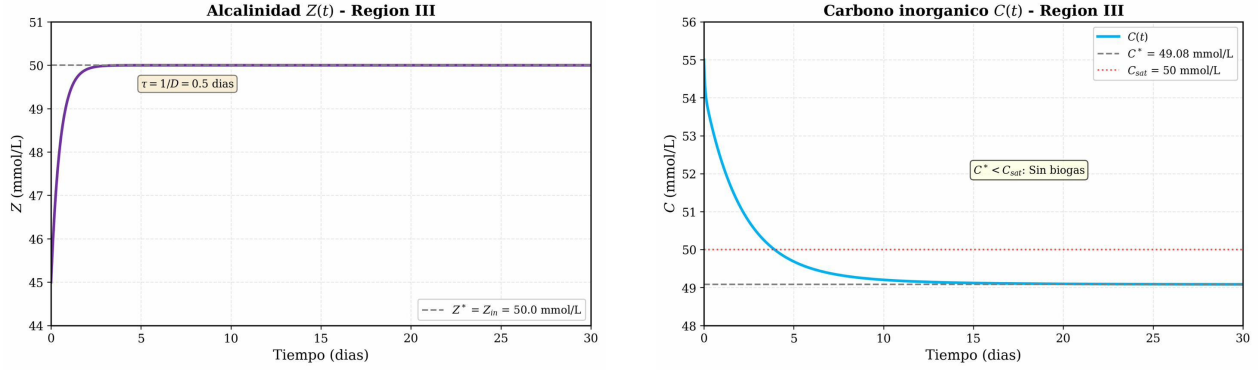


Figura 5.15: Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región III. Izquierda: $Z(t)$ converge a Z_{in} . Derecha: $C(t)$ converge a 49.1 mmol L^{-1} (subsaturación).

En la Región III, $C^* = 49.1 < C_{sat} = 50 \text{ mmol L}^{-1}$ (subsaturación), lo que produce $q_{CO_2} = -18.2 \text{ mmol L}^{-1} \text{ día}^{-1}$ (negativo). Sin producción bacteriana de CO_2 , el líquido está subsaturado y, en teoría, absorbería CO_2 del gas. En la práctica, el resultado es que no hay generación de biogás — el reactor es completamente inerte. Para Mamiña ($D = 0.027 \text{ día}^{-1}$), alcanzar la Región III requeriría multiplicar el caudal por más de 60 veces ($D_1^{crit}/D = 60$), un escenario físicamente imposible sin modificaciones estructurales al reactor.

Transición entre regiones. Se verificó que al variar D continuamente a través de D_2^{crit} y D_1^{crit} , el equilibrio estable cambia de forma consistente con las bifurcaciones transcriticals demostradas en la Sección 5.1.7: $\varepsilon_5^* \rightarrow \varepsilon_4^*$ en D_2^{crit} y $\varepsilon_4^* \rightarrow \varepsilon_1^*$ en D_1^{crit} . Biológicamente, cada transición tiene un significado operacional preciso. Al cruzar $D_2^{crit} = 1.072 \text{ día}^{-1}$ ($TRH < 0.93$ días), los metanógenos se extinguen porque la tasa de dilución supera su capacidad de crecimiento máxima: el reactor pierde la producción de biogás y los VFAs se acumulan — el digestato pasa de estabilizado a ácido. Al cruzar $D_1^{crit} = 1.629 \text{ día}^{-1}$ ($TRH < 0.61$ días), también los acidogénicos se extinguen: la actividad biológica se detiene completamente y el efluente tiene la misma composición que la alimentación. Ambas transiciones son continuas (sin saltos abruptos en las coordenadas de los equilibrios) pero con cambio cualitativo de la dinámica — la firma de una bifurcación transcritical (Teorema de Sotomayor, Sección 3.11). Para el operador de Mamiña, estas transiciones son inalcanzables en operación normal: la primera requiere multiplicar D por $40\times$ y la segunda por $60\times$, escenarios físicamente imposibles sin modificaciones estructurales al reactor.

Predicción para el biodigestor de Mamiña ($D = 0.027 \text{ día}^{-1}$). Este es el resultado central de la Sección 5.1: la primera aplicación del modelo AM2 estándar a las condiciones operacionales reales del biodigestor de Guzmán-Cood (2024). **El biodigestor opera profundamente dentro de la Región I**, con un margen de seguridad de $D_2^{crit}/D \approx 40$ (Sección 5.1.3). A esta tasa de dilución tan baja ($TRH \approx 37$ días), las bacterias disponen de

tiempo de sobra para crecer: las concentraciones break-even son muy bajas ($\sigma_1 = 0.081 \text{ g L}^{-1}$ para el sustrato orgánico, $\sigma_2^- = 0.17 \text{ mmol L}^{-1}$ para los VFAs), lo que significa que casi toda la materia orgánica de entrada y casi todos los VFAs generados son procesados por las poblaciones bacterianas. El equilibrio de coexistencia ε_5^* tiene coordenadas $X_1^* = 0.708 \text{ g L}^{-1}$, $X_2^* = 0.960 \text{ g L}^{-1}$, $S_1^* = 0.081 \text{ g L}^{-1}$, $S_2^* = 0.17 \text{ mmol L}^{-1}$. La Figura 5.16 muestra el retrato de fase.

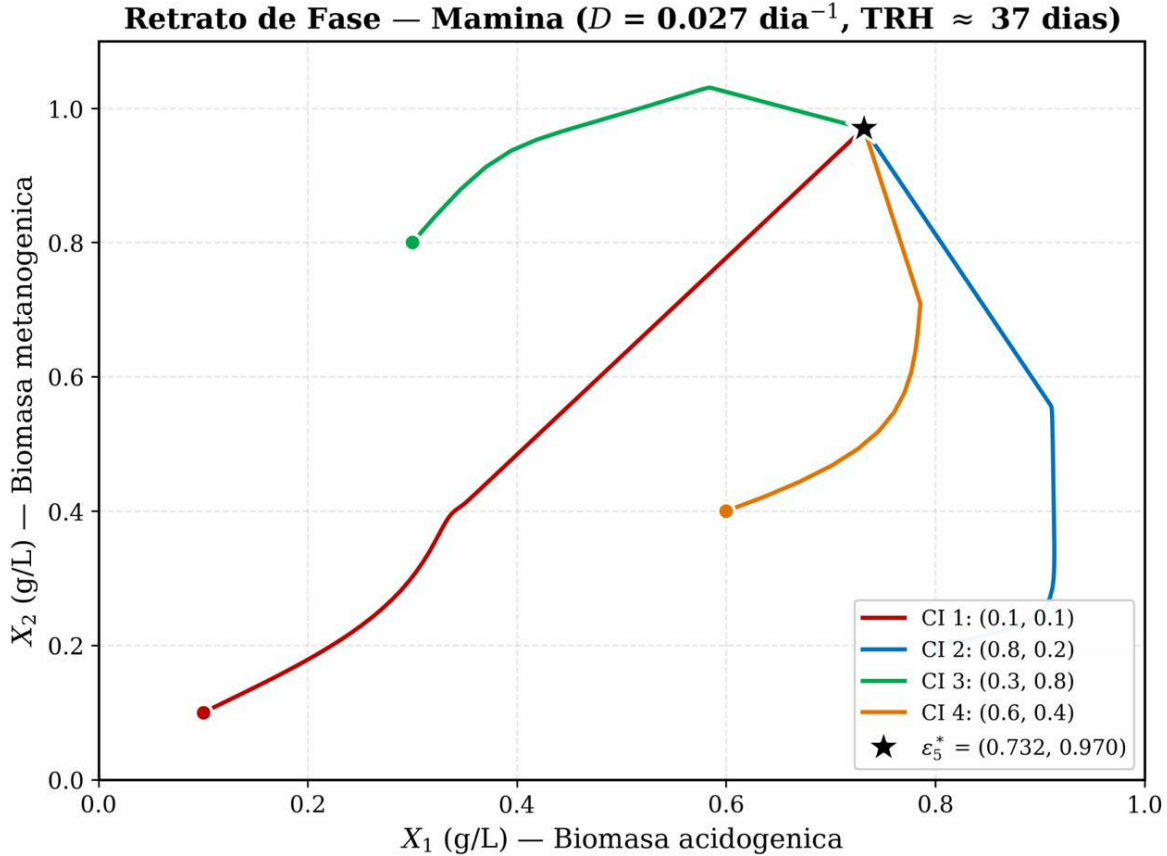


Figura 5.16: Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamina, $\text{TRH} \approx 37 \text{ días}$). Todas las órbitas convergen al equilibrio de coexistencia ε_5^* .

La convergencia al equilibrio de coexistencia es robusta: las cuatro órbitas, partiendo de condiciones iniciales muy diversas, convergen al mismo punto ε_5^* , consistente con la clasificación de nodo estable obtenida en la Sección 5.1.6 (todos los valores propios con parte real negativa). Esta robustez tiene una causa cuantificable: el margen de seguridad de $40\times$ respecto a D_2^{crit} implica que la tasa de dilución tendría que multiplicarse por 40 para alcanzar la primera transición crítica.

Comparando con el retrato de Región I a $D = 0.5$ (Figura 5.4), el punto de convergencia se desplaza hacia mayores biomasa (X_1^* de 0.623 a 0.708, X_2^* de 0.888 a 0.960 g L^{-1}). La

cadena causal es clara: el TRH prolongado (37 días) reduce las concentraciones break-even $\rightarrow$ el sustrato orgánico residual S_1^* y los VFAs residuales S_2^* son mínimos $\rightarrow$ más biomasa activa de ambas poblaciones $\rightarrow$ indicadores de calidad $\eta_1 \approx 99.5\%$ (degradación del sustrato orgánico) y $\eta_2 \approx 99.9\%$ (estabilización de VFAs, Tabla 5.8) $\rightarrow$ digestato de máxima calidad: material estabilizado, pH neutro, bajo olor, apto como fertilizante agrícola.

Esta figura conecta el análisis matemático con la observación empírica: constituye la **prueba teórica** de que lo observado empíricamente por Guzmán-Cood (2024) —un digestato funcional como biofertilizante, producido de forma continua durante más de 12 meses— tiene un fundamento riguroso en la estabilidad del equilibrio de coexistencia del modelo AM2. El biodigestor de Mamiña es *inherentemente estable*: aunque ocurran perturbaciones —variaciones en el caudal de alimentación, cambios de temperatura, irregularidades estacionales en la composición del estiércol— el sistema siempre retornará al estado de coexistencia. Esta predicción será contrastada con la del modelo extendido en la Sección 5.3.

La Figura 5.17 detalla la trayectoria temporal de los VFAs (S_2), la variable que mejor sintetiza la calidad del digestato.

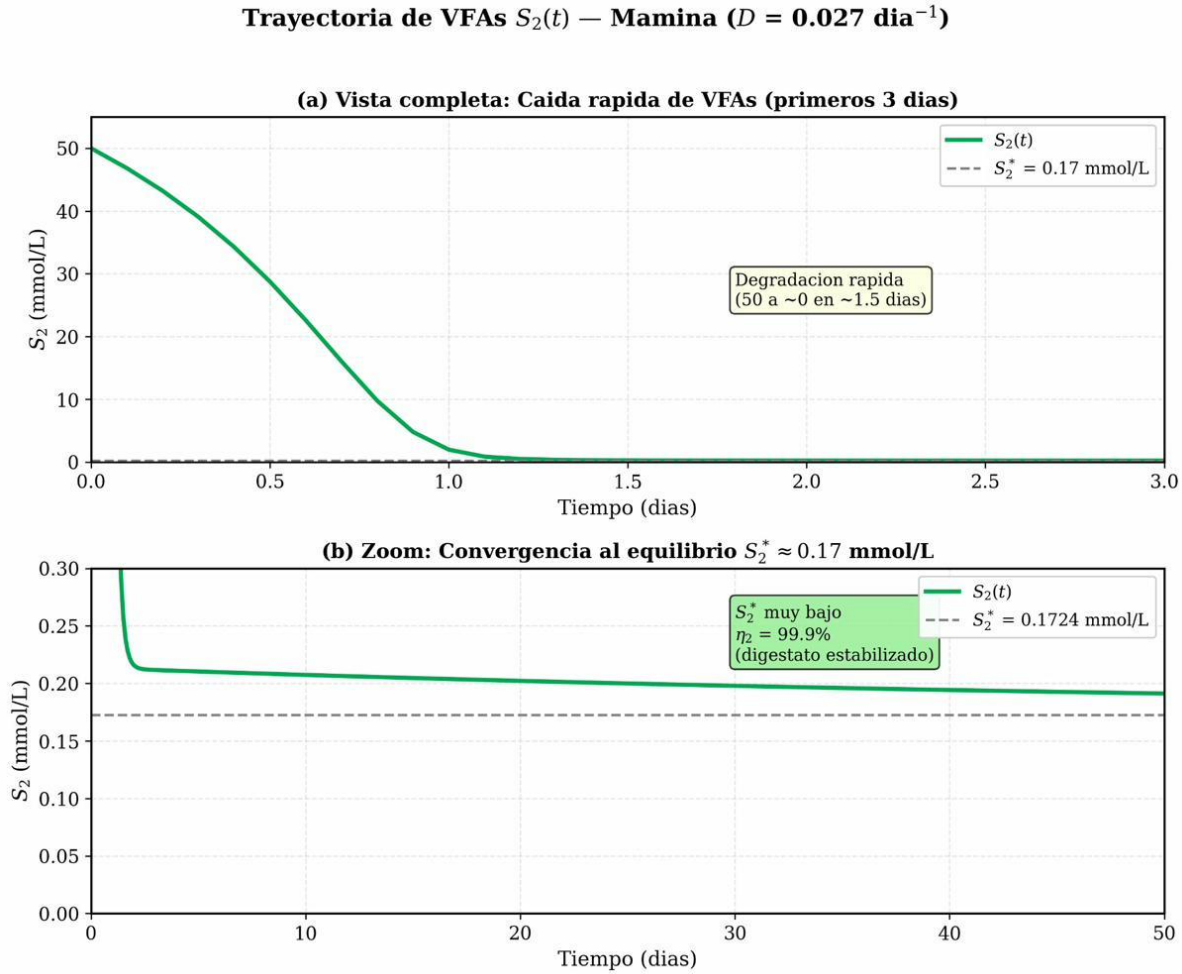


Figura 5.17: Trayectoria temporal de $S_2(t)$ para $D = 0.027 \text{ día}^{-1}$ (Mamiña). Convergencia al equilibrio $S_2^* = 0.17 \text{ mmol L}^{-1}$.

La trayectoria de $S_2(t)$ muestra dos fases claramente diferenciadas: una caída rápida de ~ 50 a $\sim 0.3 \text{ mmol L}^{-1}$ en los primeros ~ 1.5 días (panel superior de la figura), seguida de una estabilización asintótica hacia $S_2^* = 0.17 \text{ mmol L}^{-1}$ durante ~ 50 días (panel inferior). La primera fase refleja el consumo activo de los VFAs iniciales por los metanógenos; la segunda, el ajuste fino hacia el equilibrio donde la producción de VFAs por acidogénicos iguala exactamente su consumo por metanógenos. El tiempo de convergencia total (~ 50 días) es mayor que para la simulación a $D = 0.5 \text{ día}^{-1}$ (~ 20 días, Figura 5.6), pero es irrelevante para un biodigestor que opera de forma continua durante años. El valor final $S_2^* = 0.17 \text{ mmol L}^{-1}$ es la variable que mejor sintetiza la calidad del digestato: indica que los metanógenos ($X_2^* = 0.960 \text{ g L}^{-1}$) tienen capacidad de sobra para consumir todos los VFAs producidos por los acidogénicos. Las consecuencias prácticas son directas: pH cercano a neutro (los VFAs son la principal fuente de acidez), bajo olor (los ácidos butírico y propiónico son

volátiles y malolientes), y material estabilizado que no continuará fermentando al ser aplicado al suelo — un digestato apto como fertilizante agrícola, consistente con lo reportado por Guzmán-Cood (2024).

5.1.9. Indicadores de calidad del digestato (Fase V)

La calidad del digestato es el producto final que interesa al operador del biodigestor. Los indicadores η_1 (eficiencia de degradación del sustrato orgánico S_1) y η_2 (eficiencia de estabilización de los VFAs S_2), definidos en la Sección 4.8 y caracterizados cualitativamente por clase de equilibrio en la Tabla 4.3, se evalúan aquí con valores numéricos concretos. Ambos indicadores dependen de D : a menor tasa de dilución, las bacterias tienen más tiempo para procesar los sustratos y los indicadores son más altos. La Tabla 5.8 presenta los valores para cuatro tasas de dilución representativas dentro de la Región I.

Tabla 5.8: Indicadores de calidad del digestato del modelo estándar, evaluados en el equilibrio de coexistencia ε_5^* (Región I). Incluye el punto operativo de Mamiña.

D (dia ⁻¹)	TRH (días)	Región	η_1 (%)	η_2 (%)	Equilibrio	Calidad
0.027	37.0	I	99.46	99.87	ε_5^*	Óptima
0.25	4.0	I	94.50	98.51	ε_5^*	Alta
0.50	2.0	I	87.54	96.14	ε_5^*	Alta
1.00	1.0	I	66.19	79.09	ε_5^*	Moderada

Mamiña ($D = 0.027$ dia⁻¹). El modelo estándar predice un desempeño óptimo para las condiciones operacionales del biodigestor de Guzmán-Cood (2024): la degradación del sustrato orgánico es casi completa ($\eta_1 = 99.46\%$, solo $S_1^* = 0.081$ g L⁻¹ de sustrato orgánico residual sobre $S_{1in} = 15$ g L⁻¹ de entrada) y la estabilización de VFAs es casi total ($\eta_2 = 99.87\%$, solo $S_2^* = 0.17$ mmol L⁻¹ de VFAs residuales sobre $S_{2eff} = 128.7$ mmol L⁻¹ de VFAs potenciales). Biológicamente, esto significa que ambas poblaciones bacterianas trabajan a plena capacidad: los acidogénicos convierten el 99.5 % del estiércol en productos intermedios, y los metanógenos estabilizan el 99.9 % de esos productos en biogás y digestato neutro. El digestato resultante es de alta calidad, pH neutro y sin olor, apto como fertilizante agrícola. Esta predicción es consistente con las observaciones de Guzmán-Cood (2024), quien reportó un digestato funcional como biofertilizante durante más de 12 meses de operación continua.

Tendencia con D . Al aumentar D , ambos indicadores decrecen monótonamente: las concentraciones break-even σ_1 (sustrato orgánico) y σ_2^- (VFAs) aumentan con D , dejando menos sustrato orgánico y menos VFAs disponibles para conversión. El indicador η_2 decrece más rápidamente que η_1 a medida que D se aproxima a D_2^{crit} , reflejando que los metanógenos

son más vulnerables al lavado ($\mu_{2\max} < \mu_{1\max}$). Para $D > D_2^{\text{crit}}$, η_2 cae abruptamente a cero (Figura 5.18).

Proteger a los metanógenos es prioritario. La asimetría entre η_1 y η_2 tiene una implicación operacional directa: la primera señal de sobrecarga del biodigestor no es la falla de degradación sino la pérdida de estabilización. Un digestato con η_1 alta pero η_2 baja contiene materia orgánica parcialmente degradada pero con VFAs acumulados — un producto ácido, inestable y potencialmente fitotóxico. El operador debe mantener D suficientemente bajo para proteger la población metanogénica, no solo la acidogénica.

El modelo estándar predice operación óptima en Mamiña. Con un margen de seguridad de $D_2^{\text{crit}}/D \approx 40$, el modelo estándar predice que Mamiña opera con amplia holgura en la Región I.

Síntesis visual. Las Figuras 5.18 y 5.19 sintetizan los resultados de las Fases I–V del modelo estándar. La primera muestra cómo los indicadores de calidad dependen de D ; la segunda consolida las seis variables de estado en un único diagrama de bifurcación. Juntas, responden cuantitativamente la pregunta formulada en el planteamiento del problema (Sección 1.3): *¿cuánto puede variar la frecuencia de alimentación sin comprometer la calidad del digestato?* La respuesta es: D puede multiplicarse por 40 respecto al valor operativo de Mamiña antes de alcanzar la primera transición crítica.

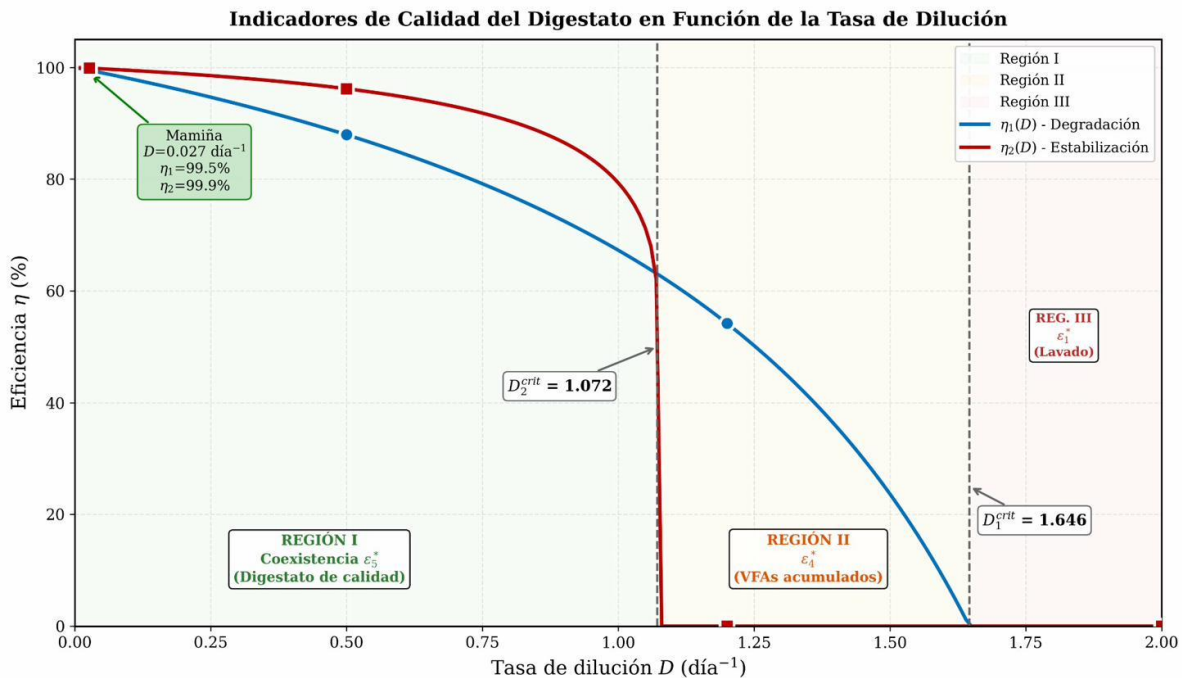


Figura 5.18: Indicadores de calidad del digestato $\eta_1(D)$ y $\eta_2(D)$ en función de la tasa de dilución. Líneas verticales: $D_2^{\text{crit}} = 1.072$ y $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ día}^{-1}$.

La Figura 5.18 sintetiza la dependencia de la calidad del digestato con D mediante los indicadores $\eta_1(D)$ y $\eta_2(D)$, funciones estrictamente decrecientes en la Región I. En esta región ($D < D_2^{\text{crit}}$), η_1 decrece desde $\sim 100\%$ hasta $\sim 62\%$ y η_2 desde $\sim 100\%$ hasta cero. El punto de Mamiña ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$) se sitúa en la zona óptima, donde ambos indicadores superan el 99% , confirmando la hipótesis H5 (Sección 1.7) para el modelo estándar. La caída de η_2 es más abrupta que la de η_1 al aproximarse a D_2^{crit} , y esto tiene una explicación cinética precisa: los metanógenos tienen menor tasa de crecimiento máximo ($\mu_{2\text{max}} = 0.74 \text{ dia}^{-1}$) que los acidogénicos ($\mu_{1\text{max}} = 1.2 \text{ dia}^{-1}$), lo que los hace más vulnerables al lavado. En D_2^{crit} , η_2 cae discontinuamente a cero (los metanógenos desaparecen) mientras η_1 continúa positivo en la Región II. En D_1^{crit} , η_1 también cae a cero (lavado total). **Los metanógenos determinan la calidad del digestato:** la estabilización de VFAs se pierde antes que la degradación del sustrato, por lo que el operador debe mantener $D < D_2^{\text{crit}}$ — no D_1^{crit} — para garantizar un digestato apto como fertilizante.

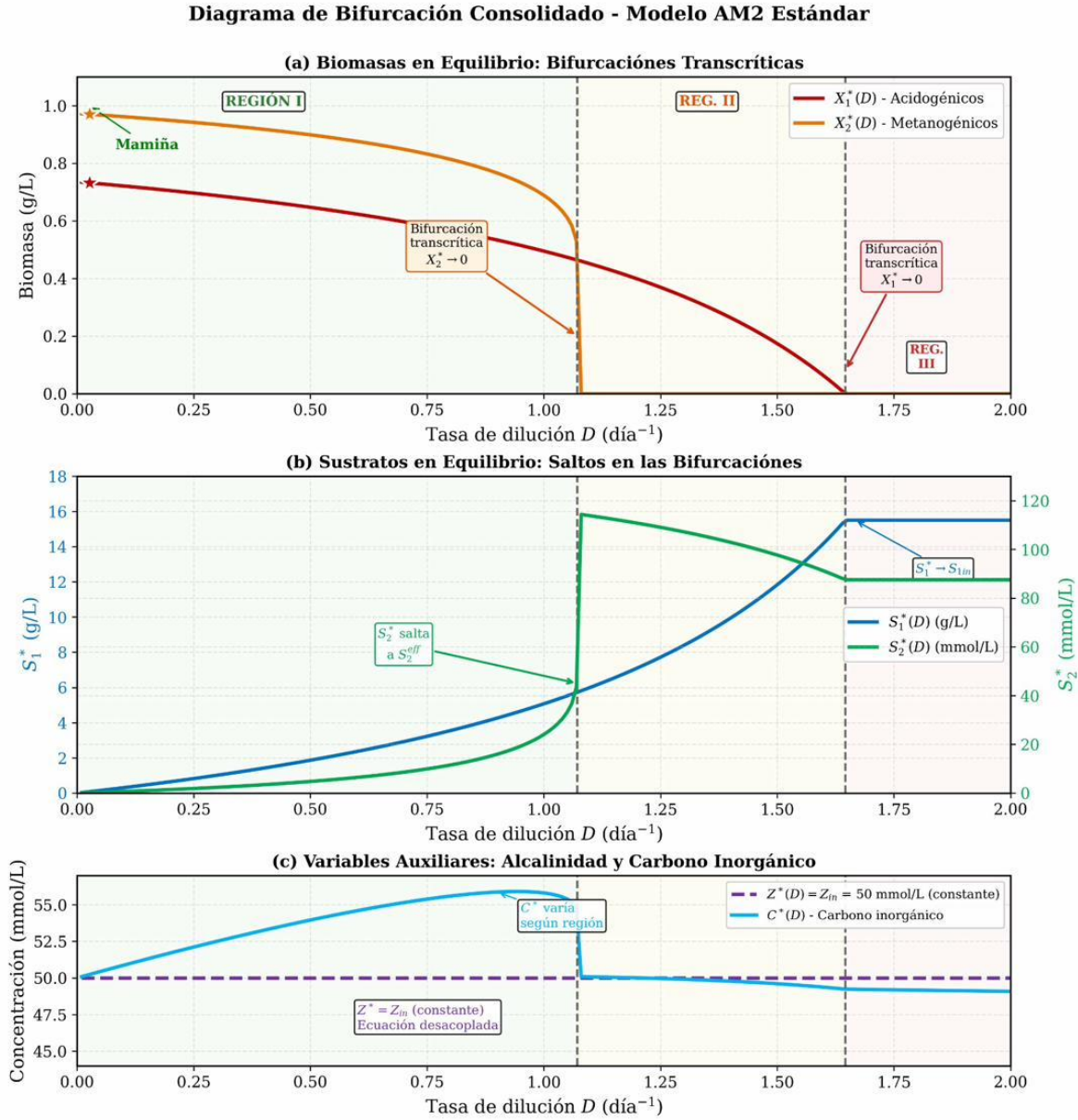


Figura 5.19: Diagrama de bifurcación consolidado: las 6 variables de estado del modelo AM2 estándar en función de D . Las líneas verticales marcan D_2^{crit} y D_1^{crit} .

La Figura 5.19 presenta la visión global del comportamiento del modelo AM2 estándar. El panel (a) visualiza la competencia por supervivencia entre las dos poblaciones: ambas biomosas decrecen con D , pero los metanógenos se extinguen primero en D_2^{crit} (las curvas alcanzan el eje con tangente vertical, reflejando la derivada infinita característica de la bifurcación transcrítica). Las estrellas marcan las biomosas de Mamiña ($X_1^* = 0.708 \text{ g L}^{-1}$, $X_2^* = 0.960 \text{ g L}^{-1}$), indicando poblaciones robustas y bien establecidas. El panel (b) muestra las consecuencias operacionales: en D_2^{crit} , S_2^* (VFAs) salta de ~ 49 a $\sim 113 \text{ mmol L}^{-1}$ — el

digestato pasa de pH neutro a condiciones de acidificación; en D_1^{crit} , S_1^* (sustrato orgánico) salta a $S_{1\text{in}}$ (cese total de degradación). El panel (c) confirma que Z^* es constante (ecuación desacoplada) y C^* varía según la actividad bacteriana, pasando de sobresaturación (Región I, producción de biogás) a subsaturación (Región III, reactor inerte).

Conclusión del modelo estándar. El análisis cualitativo del modelo AM2 estándar con los parámetros de Bernard et al. (2001) produce una predicción clara y optimista para el biodigestor de Mamiña: el equilibrio de coexistencia ε_5^* es asintóticamente estable (Sección 5.1.6), las cuatro condiciones iniciales convergen a él (Sección 5.1.8), los indicadores de calidad son $\eta_1 = 99.5\%$ y $\eta_2 = 99.9\%$, y el margen de seguridad respecto a la primera bifurcación es de un factor 40. El modelo predice que el biodigestor es *inherentemente estable*: perturbaciones razonables en el caudal, la temperatura o la composición del estiércol no comprometen la calidad del digestato. Esta predicción será contrastada con la del modelo extendido en la Sección 5.2, donde las extensiones estructurales (muerte bacteriana, efecto del pH, acoplamiento de la alcalinidad) producen un resultado cualitativamente diferente.

5.2. Modelo AM2 extendido (Arzate 2019)

Esta sección presenta el análisis cualitativo completo del modelo AM2 extendido con parámetros de estiércol (Arzate, 2019), siguiendo la misma estructura metodológica de la Sección 5.1. Mientras el modelo estándar predice operación óptima para Mamiña ($\eta_1 = 99.5\%$, $\eta_2 = 99.9\%$), el modelo extendido incorpora tres mecanismos adicionales —muerte bacteriana, efecto del pH en la cinética metanogénica, y acoplamiento de la alcalinidad con las biomasas— que producen un resultado cualitativamente diferente. Los resultados se organizan en dieciséis subsecciones que siguen las Fases 0–V de la metodología (Tabla 4.1).

5.2.1. Verificaciones preliminares y diferencias estructurales (Fase 0)

El modelo AM2 extendido analizado en esta sección corresponde al sistema de seis EDOs presentado en la Sección 2.3, con dos extensiones respecto al estándar: tasas de muerte bacteriana (k_{d1} , k_{d2}) propuestas por Ficara et al. (2014), y cinética metanogénica con efecto del pH propuesta por Arzate et al. (2017). Las ecuaciones se presentan en (2.16)–(2.17) para las biomasas, en (2.18) para la alcalinidad, y en (2.19)–(2.21) para la cinética modificada.

El análisis se realiza con los parámetros de Arzate (2019) para estiércol de ganado, presentados en la Tabla 2.5 de la Sección 2.3.4, bajo las hipótesis: reactor CSTR (Sección 4.2), $\alpha = 1.0$ (sin retención de biomasa, Sección 4.3), alimentación constante con dilución es-

tiércol:agua 1:3 ($S_{1in} = 18.285 \text{ g L}^{-1}$, $S_{2in} = 94.95 \text{ mmol L}^{-1}$, $Z_{in} = 144.89 \text{ mmol L}^{-1}$, $C_{in} = 50.14 \text{ mmol L}^{-1}$), y tasa de dilución D como parámetro de control (Sección 4.9).

Verificaciones preliminares (Fase 0). Las verificaciones confirmaron que el modelo extendido satisface las condiciones para aplicar la teoría cualitativa de sistemas dinámicos: autonomía, dominio positivamente invariante, y existencia y unicidad de soluciones (campo vectorial de clase C^1 , Sección 3.1). Estas propiedades son compartidas con el modelo estándar. Sin embargo, la Fase 0 identificó diferencias estructurales significativas que determinan la totalidad de los resultados posteriores. Esta sección presenta dichas diferencias organizadas en seis aspectos.

Parámetros adicionales y diferencias paramétricas. El modelo extendido introduce 6 parámetros ausentes en el estándar (Tabla 2.5): las tasas de muerte $k_{d1} = 0.0553 \text{ dia}^{-1}$ (7.9 % de μ_{1max}) y $k_{d2} = 0.060 \text{ dia}^{-1}$ (15 % de μ_{2max}), los umbrales de inhibición por pH ($pH_H = 8.3$, $pH_L = 5.5$), y los coeficientes de nitrógeno ($N_{S1} = 0.024 \text{ mmol g}^{-1}$, $N_{bac} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$). Además, los parámetros compartidos difieren en valor porque el estándar fue calibrado para *aguas residuales* (Bernard et al., 2001) y el extendido para *estiércol de ganado* (Arzate, 2019). La Tabla 5.9 resume las diferencias más significativas.

Tabla 5.9: Parámetros compartidos con valores diferentes entre los modelos estándar y extendido. Las diferencias reflejan el cambio de sustrato (aguas residuales vs estiércol de ganado).

Símbolo	Descripción	Estándar	Extendido	Unidad
μ_{1max}	Tasa máx. acidogénicos	1.2	0.7	dia^{-1}
μ_{2max}	Tasa máx. metanogénicos	0.74	0.4	dia^{-1}
K_{S1}	Semi-saturación S_1	7.1	9.0	g L^{-1}
K_{S2}	Semi-saturación S_2	9.28	33.7	mmol L^{-1}
α	Fracción dilución biomasa	0.5	1.0	—
S_{1in}	Sustrato de entrada	15.0	18.285	g L^{-1}
S_{2in}	VFAs de entrada	87.5	94.95	mmol L^{-1}
Z_{in}	Alcalinidad de entrada	50	144.89	mmol L^{-1}

Las diferencias paramétricas más relevantes son las tasas de crecimiento: μ_{1max} se reduce de 1.2 a 0.7 dia^{-1} y μ_{2max} de 0.74 a 0.4 dia^{-1} , reflejando la menor biodegradabilidad del estiércol respecto a las aguas residuales. Para los metanógenos, esta reducción del 46 % en μ_{2max} , combinada con la tasa de muerte $k_{d2} = 0.060 \text{ dia}^{-1}$, resulta en una tasa de crecimiento neto $\mu_{2max} - k_{d2} = 0.34 \text{ dia}^{-1}$, un 54 % menor que el $\mu_{2max} = 0.74 \text{ dia}^{-1}$ del estándar (donde $k_{d2} = 0$). El cambio de α de 0.5 a 1.0 indica que el modelo extendido no contempla retención de biomasa, lo cual amplifica el efecto de la dilución. Operacionalmente, esto significa que los microorganismos en estiércol crecen más lento, mueren más rápido y no cuentan con retención, condiciones mucho más desfavorables que las asumidas por el modelo estándar.

Ecuaciones modificadas. De las seis ecuaciones del sistema, cuatro están modificadas respecto al estándar. En la ecuación de biomasa acidogénica (2.16), el término $-k_{d1} X_1$ desplaza la condición de equilibrio a $\mu_1(\sigma_1) = \alpha D + k_{d1}$: la biomasa debe crecer lo suficiente para compensar tanto la dilución como su propia muerte. En la ecuación de biomasa metanogénica (2.17), la tasa de muerte k_{d2} y la cinética $\mu_2(S_2, \text{pH})$ (2.19) modifican la condición de equilibrio a $\mu_2(\sigma_2, \text{pH}^*) = \alpha D + k_{d2}$, donde el pH de equilibrio introduce una dependencia adicional de la alcalinidad Z y el carbono inorgánico C . En la ecuación de alcalinidad (2.18), cuatro términos de nitrógeno acoplan Z con las biomásas y sus cinéticas, quebrando el desacoplamiento $Z^* = Z_{\text{in}}$ del estándar (ecuación 2.9). La ecuación de VFAs conserva su forma pero hereda la cinética modificada $\mu_2(S_2, \text{pH})$. Solo la ecuación de sustrato orgánico S_1 permanece idéntica.

Consecuencia cinética del cambio de exponente. Como se analizó en la Sección 2.3.3, la cinética metanogénica del modelo extendido (2.20) es *monótona creciente* (exponente 1 en el denominador, Figura 2.5), a diferencia de la cinética de Haldane del estándar (2.12) que presenta un máximo y posterior decaimiento (exponente 2). La consecuencia para los equilibrios es directa: la ecuación $\mu_2 = \alpha D + k_{d2}$ admite a lo sumo *una única* solución σ_2 , en contraste con las dos soluciones σ_2^- , σ_2^+ del estándar. Esta pérdida de la dualidad es la causa matemática de la reducción en el número de equilibrios (Sección 5.2.2). Para el operador, la cinética monótona del estiércol permite a los metanógenos tolerar concentraciones altas de VFAs sin inhibición, pero elimina la posibilidad de múltiples estados estacionarios.

Efecto del factor $I(\text{pH})$ sobre la tasa metanogénica. La función $I(\text{pH})$ (2.21) modula la tasa de crecimiento metanogénico mediante el factor $(1 - I(\text{pH}))$, que actúa como una campana gaussiana centrada en $\text{pH} = \text{pH}_H = 8.3$. La Tabla 5.10 muestra el efecto cuantitativo para valores representativos de pH.

Tabla 5.10: Factor de modulación $(1 - I(\text{pH}))$ y tasa metanogénica efectiva $\mu_2/(\mu_{2\text{max}} \cdot f)$ para valores representativos de pH ($\text{pH}_H = 8.3$, $\text{pH}_L = 5.5$).

pH	$I(\text{pH})$	$1 - I(\text{pH})$	$\mu_2/(\mu_{2\text{max}} \cdot f)$
5.5	0.018	0.982	98.2 %
6.0	0.067	0.933	93.3 %
6.5	0.192	0.808	80.8 %
7.0	0.422	0.578	57.8 %
7.5	0.721	0.279	27.9 %
8.0	0.954	0.046	4.6 %
8.3	1.000	0.000	0 %

La tabla revela un resultado operacional importante: a $\text{pH} = 7.0$, la tasa de crecimiento

metanogénico se reduce al 57.8 % de su valor máximo; a $\text{pH} = 7.5$, apenas al 27.9 %; y a $\text{pH} = 8.3$ ($= \text{pH}_H$), la inhibición es total. El biodigestor de Mamiña opera con $\text{pH} \approx 7.0\text{--}7.5$ (Guzmán-Cood, 2024), rango donde el modelo extendido predice una reducción del 42 al 72 % en la capacidad de crecimiento metanogénico. Esta penalización, ausente en el modelo estándar (donde μ_2 no depende del pH), se combina con la tasa de muerte $k_{d2} = 0.060 \text{ dia}^{-1}$ para producir las consecuencias que se cuantifican en las secciones siguientes.

Ruptura de la estructura en cascada. El resultado estructural más importante de la Fase 0 es la *ruptura parcial* de la cascada que el modelo estándar posee. En el estándar, la dependencia entre variables fluye en una sola dirección: el subsistema (X_1, S_1) es cerrado, (X_2, S_2) recibe del primero sin realimentarlo, y Z y C son variables desacopladas resolubles a posteriori. Esto reduce el análisis de un sistema 6D a dos bloques 2D y dos variables de 1D (Sección 5.1.1).

En el modelo extendido, dos mecanismos rompen esta cascada. Primero, la dependencia de $\mu_2(S_2, \text{pH})$ del pH —que es función de Z , C y S_2 (ecuación 2.13)— hace que las ecuaciones de X_2 y S_2 dependan de Z y C , creando un acoplamiento bidireccional. Segundo, los N-términos en la ecuación (2.18) hacen que Z dependa de las biomásas, eliminando su carácter de variable esclava. La Tabla 5.11 compara ambas estructuras.

Tabla 5.11: Comparación de la estructura en cascada entre ambos modelos. La dependencia de μ_2 del pH y los N-términos de Ficara et al. (2014) reestructuran el sistema de 4 a 2 niveles.

Aspecto	Modelo estándar	Modelo extendido
Niveles de cascada	4 (1D + 2D + 2D + 1D)	2 (2D + 4D)
(X_1, S_1)	Cerrado	Cerrado
(X_2, S_2)	Cerrado (solo dep. nivel anterior)	Depende de Z , C vía pH
Z desacoplada	Sí ($Z^* = Z_{\text{in}}$)	No (N-términos la acoplan)
C desacoplada	Sí (resoluble a posteriori)	No (incluida en bloque 4D)
Dimensión efectiva	4D (2D + 2D)	6D (2D + 4D)

El subsistema acidogénico (X_1, S_1) permanece cerrado: la muerte k_{d1} es una constante que no introduce dependencia de otras variables. En contraste, las ecuaciones de X_2 , S_2 , Z y C forman un bloque acoplado de 4 dimensiones que debe resolverse simultáneamente. Una consecuencia directa es que los valores críticos de D ya no se obtienen de fórmulas cerradas como en el estándar (Sección 5.2.3).

Para el operador de Mamiña, la ruptura de la cascada tiene un significado concreto: en el modelo estándar, la viabilidad de los metanógenos depende solo de D y la concentración de

VFAs; en el modelo extendido, depende además de la alcalinidad Z y el carbono inorgánico C a través del pH. Esto hace que el modelo extendido capture una realidad operacional que el estándar ignora: el pH del reactor afecta directamente la capacidad de los metanógenos para sobrevivir y procesar los VFAs.

Balance de nitrógeno y alcalinidad. Los N-términos de Ficara et al. (2014) en la ecuación (2.18) introducen un balance de nitrógeno amoniacal con dos componentes: la degradación del sustrato orgánico libera nitrógeno mineral (proporcional a $N_{S1} \cdot k_1$), mientras que el crecimiento bacteriano incorpora nitrógeno (proporcional a N_{bac}). El balance neto por gramo de sustrato degradado es:

$$N_{S1} \cdot k_1 - N_{bac} = 0.024 \times 26.0 - 34.4 = -33.78 \text{ mmol g}^{-1}, \quad (5.6)$$

donde $k_1 = 26.0$ corresponde al coeficiente estequiométrico de Arzate (2019) para estiércol. El balance fuertemente negativo significa que cada gramo de biomasa producida consume 33.78 mmol más alcalinidad de la que el sustrato libera. Como consecuencia, Z^* es siempre menor que Z_{in} cuando hay biomasa activa. A $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña), el déficit de alcalinidad alcanza $Z^* - S_2^* \approx -110 \text{ mmol L}^{-1}$ en el equilibrio ε_3^* , haciendo el pH indefinido (Sección 5.2.5).

Este resultado contrasta con el modelo estándar, donde $Z^* = Z_{in}$ (la alcalinidad no se altera) y el pH siempre está bien definido. La diferencia se debe a que el modelo estándar no incluye términos de nitrógeno en la ecuación de alcalinidad: sin los N-términos de Ficara et al. (2014), la alcalinidad permanece intacta. En el modelo extendido, el alto contenido de nitrógeno en la biomasa bacteriana ($N_{bac} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$) y el bajo contenido en el sustrato ($N_{S1} = 0.024 \text{ mmol g}^{-1}$) producen un balance fuertemente negativo que destruye la *capacidad buffer* del medio — es decir, la capacidad de la alcalinidad Z para neutralizar los VFAs y mantener el pH estable (Sección 2.2.2).

5.2.2. Equilibrios analíticos: el colapso topológico (Fase I)

Los equilibrios se obtienen resolviendo $\mathbf{f}(\boldsymbol{\varepsilon}^*) = \mathbf{0}$, como en el estándar (Sección 5.1.2). La pregunta central es: ¿cuáles estados estacionarios existen para el reactor con parámetros de estiércol? Las ecuaciones de biomasa conservan la estructura de producto: $X_i^*(\mu_i^* - \alpha D - k_{d,i}) = 0$, de modo que cada población satisface $X_i^* = 0$ (extinción) o $\mu_i = \alpha D + k_{d,i}$ (la tasa de crecimiento compensa ahora tanto la dilución como la muerte). Las cuatro combinaciones generan las mismas cuatro familias que en el estándar, pero con un resultado cualitativamente diferente: dos de las cuatro familias no existen.

Familia I — Lavado total ($X_1^* = 0$, $X_2^* = 0$). El equilibrio ε_1^* siempre existe. Sin

biomasas activas, los N-términos se anulan y $Z^* = Z_{\text{in}}$ (como en el estándar).

Familia II — Solo metanogénesis ($X_1^* = 0, X_2^* > 0$). **No existe** para los parámetros de estiércol. La monotonía de μ_2 permite a lo sumo una solución σ_2 , pero el acoplamiento $Z \leftrightarrow X_2$ con $N_{\text{bac}} \gg N_{S_1} k_1$ hace que Z^* disminuya tan rápidamente con X_2 que la condición $Z^* > S_2^*$ (requerida para pH definido, ecuación 2.13) se viola. Biológicamente, la metanogénesis sin acidogénesis no es sostenible con estiércol: los metanógenos destruyen la capacidad buffer del medio.

Familia III — Solo acidogénesis ($X_1^* > 0, X_2^* = 0$). En este estado, los acidogénicos sobreviven y degradan el sustrato orgánico, pero los metanógenos están ausentes y los VFAs se acumulan sin ser procesados — el reactor opera como un acidificador. El equilibrio ε_3^* existe para $D < D_1^{\text{bif}^2}$, donde D_1^{bif} es el valor crítico de lavado de acidogénicos del modelo extendido (análogo a D_1^{crit} del estándar; se denota “bif” en vez de “crit” para distinguirlo, ya que su valor numérico difiere: $D_1^{\text{bif}} = 0.414$ vs $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$, véase Sección 5.2.3). La concentración break-even del sustrato orgánico es:

$$\sigma_1 = \frac{(\alpha D + k_{d1}) K_{S1}}{\mu_{1\text{max}} - \alpha D - k_{d1}}, \quad (5.7)$$

que difiere de la del estándar (5.1) por la presencia de k_{d1} : la muerte bacteriana incrementa la concentración mínima de sustrato orgánico necesaria para la supervivencia de los acidogénicos. A diferencia del estándar, la alcalinidad en equilibrio Z^* no es igual a Z_{in} :

$$Z^* = Z_{\text{in}} + \frac{(N_{S_1} k_1 - N_{\text{bac}})(\alpha D + k_{d1}) X_1^*}{D}. \quad (5.8)$$

Con los parámetros de Arzate (2019), el factor $N_{S_1} k_1 - N_{\text{bac}} = -33.78 \text{ mmol g}^{-1}$ (ecuación 5.6) es fuertemente negativo, por lo que $Z^* < Z_{\text{in}}$ siempre que haya biomasa activa.

Familia IV — Coexistencia ($X_1^* > 0, X_2^* > 0$). La coexistencia de ambas poblaciones es el estado deseable del reactor: los acidogénicos degradan la materia orgánica y los metanógenos estabilizan los VFAs, produciendo un digestato de alta calidad. Sin embargo, este equilibrio **no existe analíticamente** para los parámetros de estiércol: el sistema acoplado de 4 ecuaciones no admite solución con $Z^* > S_2^*$ (Sección 5.2.5). No obstante, la simulación numérica del sistema de EDOs revela que, para un rango intermedio de D , las trayectorias convergen a un punto donde $X_1^* > 0$ y $X_2^* > 0$ simultáneamente — un equilibrio de coexistencia e_D^{num} que emerge del comportamiento dinámico del sistema pero que no aparece como

²La numeración ε_3^* en el modelo extendido corresponde a la Familia III (solo acidogénesis, $X_1^* > 0, X_2^* = 0$). En el modelo estándar, ε_3^* pertenece a la Familia II (solo metanogénesis, $X_1^* = 0, X_2^* > 0$) — un estado biológico opuesto. Esta reasignación refleja que las Familias II y IV no tienen equilibrios en el modelo extendido, y la numeración se comprime.

solución algebraica de $\mathbf{f} = \mathbf{0}$. Este hallazgo, que se analiza en detalle en la Sección 5.2.6, sugiere que la coexistencia es posible bajo ciertas condiciones, aunque el análisis analítico no la prediga.

Valores numéricos para Mamiña ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$). La Tabla 5.12 presenta los valores de los dos equilibrios analíticos. El contraste con la Tabla 5.1 del modelo estándar es marcado: donde el estándar tiene 4 equilibrios efectivos (incluyendo coexistencia), el extendido tiene solo 2 (lavado total y solo acidogénesis).

Tabla 5.12: Equilibrios analíticos del modelo extendido para $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña, parámetros de Arzate 2019). Solo 2 de las 4 familias están pobladas. El pH de ε_3^* es indefinido ($Z^* < S_2^*$).

Eq.	Clase	X_1^* (g L ⁻¹)	X_2^* (g L ⁻¹)	S_1^* (g L ⁻¹)	S_2^* (mmol L ⁻¹)	Z^* (mmol L ⁻¹)	C^* (mmol L ⁻¹)	pH
ε_1^*	A	0	0	18.285	94.95	144.89	50.14	8.59
ε_3^*	C	0.216	0	1.199	243.9	133.3	50.15	indef.

Los valores de ε_3^* revelan un reactor en estado de acidogénesis pura: los acidogénicos degradan el 93.4 % del sustrato orgánico ($S_1^* = 1.199$ vs $S_{\text{in}} = 18.285 \text{ g L}^{-1}$), pero los VFAs se acumulan hasta $S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$ — 2.6 veces más que en el estándar para $D = 0.5$ ($S_2^* = 123.8 \text{ mmol L}^{-1}$, Tabla 5.1). Sin metanógenos ($X_2^* = 0$), no hay estabilización de VFAs ($\eta_2 = 0\%$). La alcalinidad cae de $Z_{\text{in}} = 144.89$ a $Z^* = 133.3 \text{ mmol L}^{-1}$ por el consumo de nitrógeno, y como $Z^* < S_2^*$, el pH queda indefinido (Sección 5.2.5). Para el operador de Mamiña, este equilibrio produce un digestato ácido e inestable por la acumulación de VFAs, pero con propiedades parciales de fertilizante: la degradación de materia orgánica y la remoción de patógenos funcionan ($\eta_1 = 93.4\%$), aunque los VFAs no se estabilizan.

El colapso topológico. El modelo estándar posee 6 equilibrios distribuidos en las 4 familias (cada una con al menos un equilibrio). El modelo extendido posee solo **2 equilibrios analíticos** (ε_1^* y ε_3^*) en 2 familias; las Familias II y IV carecen de equilibrios. Este *colapso topológico* —de 6 a 2 equilibrios— se debe a tres causas concurrentes:

- (1) **Monotonía de μ_2 .** En el modelo estándar, la cinética de Haldane (denominador cuadrático en S_2) presenta un máximo en $S_2^{\text{opt}} = \sqrt{K_{S_2} \cdot K_{I_2}} \approx 48.7 \text{ mmol L}^{-1}$, lo que genera *dos* soluciones de equilibrio σ_2^- y σ_2^+ por familia. En el modelo extendido, la cinética monótona (denominador lineal, sin inhibición por sustrato) no tiene máximo: admite a lo más *una* solución σ_2 por familia. Esta pérdida de dualidad reduce a la mitad el número máximo de equilibrios posibles.
- (2) **Acoplamiento $Z \leftrightarrow$ biomasa.** Los N-términos de Ficara et al. (2014), ausentes en

el modelo estándar, acoplan la alcalinidad Z a las biomasas: cada gramo de biomasa producida consume alcalinidad (ecuación 5.8). Con el balance de nitrógeno fuertemente negativo del estiércol (ecuación 5.6), Z^* cae hasta violar la condición $Z^* > S_2^*$ requerida para que el pH esté definido (ecuación 2.13). Este acoplamiento elimina las Familias II y IV.

- (3) **Parámetros de estiércol.** El alto contenido de nitrógeno en la biomasa bacteriana ($N_{\text{bac}} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$, Ficara et al. 2014) frente al bajo contenido en el sustrato ($N_{S1} = 0.024 \text{ mmol g}^{-1}$) produce el balance neto $-33.78 \text{ mmol g}^{-1}$ que amplifica el efecto de la causa (2). Con parámetros de aguas residuales (donde N_{bac} es mucho menor), la misma estructura de ecuaciones podría no producir el colapso — lo que confirma que la restricción es *sustrato-dependiente*.

La consecuencia operacional más grave es la *ausencia analítica de coexistencia* (Clase D): el modelo extendido no predice, por vía algebraica, un estado donde ambas poblaciones bacterianas coexistan. Las implicaciones de este resultado para Mamiña se analizan en las secciones siguientes. La monotonía de μ_2 (**D2**), la inexistencia de coexistencia analítica (**D3**), y la reducción del espacio de equilibrios (**D1**) constituyen los tres primeros descubrimientos del modelo extendido (Tabla 5.24).

Nota: Las tres causas anteriores describen los **mecanismos matemáticos** del colapso topológico (monotonía, acoplamiento, parámetros). En la Sección 5.3.3 se identifican, complementariamente, los tres factores *biológicos* que actúan en sinergia para eliminar la metanogénesis: crecimiento neto 54 % menor ($\mu_{2\text{max}} - k_{d2} = 0.34$ vs 0.74 día^{-1}), ausencia de retención de biomasa ($\alpha = 1$ vs 0.5), y destrucción masiva de alcalinidad ($N_{\text{bac}} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$). Ambas perspectivas son complementarias: **los factores biológicos operan a través de los mecanismos matemáticos**.

5.2.3. Valores críticos y regiones de operación (Fase I)

Al igual que en el modelo estándar (Sección 5.1.3), los valores críticos de D son aquellos donde el sistema experimenta un cambio cualitativo: un equilibrio desaparece, un valor propio se anula, y ocurre una bifurcación (Definición 3.17). Sin embargo, el modelo extendido presenta una diferencia fundamental: **solo existe un valor crítico** (vs dos en el estándar), porque la coexistencia no existe analíticamente y por tanto no hay una transición coexistencia $\rightarrow$ acidogénesis.

D_1^{bif} — *lavado de acidogénicos*. Se obtiene de la condición $S_{1\text{in}} = \sigma_1$, es decir, cuando la concentración break-even del sustrato orgánico (5.7) alcanza el sustrato de entrada y la

población acidogénica ya no puede sostenerse. En este punto, el equilibrio de acidogénesis ε_3^* colisiona con el lavado total ε_1^* :

$$D_1^{\text{bif}} = \frac{\mu_1(S_{\text{lin}}) - k_{d1}}{\alpha} = \frac{0.4691 - 0.0553}{1.0} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}. \quad (5.9)$$

Este valor es un **74.6 % menor** que $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$ del estándar. Tres factores contribuyen a esta reducción: la menor tasa de crecimiento máximo de los acidogénicos con estiércol ($\mu_{\text{max}} = 0.7$ vs 1.2 dia^{-1}), la tasa de muerte $k_{d1} = 0.0553 \text{ dia}^{-1}$ (ausente en el estándar), y la ausencia de retención de biomasa ($\alpha = 1.0$ vs 0.5). La transición en D_1^{bif} es una bifurcación transcítica donde ε_3^* y ε_1^* intercambian estabilidad (Sección 5.2.10).

D_2^{crit} — *no existe*. En el modelo estándar, D_2^{crit} marca la pérdida de los metanógenos y se calcula del máximo de la cinética de Haldane (Sección 5.1.3). En el modelo extendido, la monotonía de μ_2 elimina este máximo, y el acoplamiento $Z \leftrightarrow$ biomasas impide la coexistencia para todo D . No existe un valor de D donde la coexistencia aparezca o desaparezca: la Familia IV está vacía para todo el rango de D (Sección 5.2.2). Biológicamente, esto significa que los metanógenos no tienen un umbral de lavado propio — su ausencia no se debe a una tasa de dilución excesiva (como en el estándar), sino a la combinación de muerte bacteriana, inhibición por pH y consumo de alcalinidad que impide su establecimiento a *cualquier* D .

El único valor crítico divide el rango de D en **dos regiones de operación** (vs tres en el estándar), cada una con un estado biológico diferente del reactor:

- **Región I** ($0 < D < D_1^{\text{bif}} = 0.414 \text{ dia}^{-1}$): los acidogénicos sobreviven pero los metanógenos están ausentes. El reactor opera como acidificador ($\eta_2 = 0 \%$). Es la *única* región con actividad biológica.
- **Región II** ($D > D_1^{\text{bif}}$): ambas poblaciones se extinguen. Lavado total.

La Tabla 5.13 resume esta clasificación. Nótese el contraste con el estándar (Tabla 5.2): la Región I del estándar permite coexistencia; la Región I del extendido solo permite acidogénesis. La “Región II del estándar” (solo acidogénesis, entre D_2^{crit} y D_1^{crit}) no tiene análogo en el extendido porque la acidogénesis pura ya es el estado de la Región I.

Tabla 5.13: Regiones de operación del modelo extendido. Comparar con Tabla 5.2 (estándar: 3 regiones).

Región	Rango de D (dia^{-1})	Equilibrios	Estado biológico	Calidad digestato
I	$0 < D < 0.414$	$\varepsilon_1^*, \varepsilon_3^*$	Solo acidogénesis	η_1 alta, $\eta_2 = 0 \%$
II	$D > 0.414$	ε_1^*	Lavado total	Nula

Posición de Mamiña. El biodigestor opera con $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ ($\text{TRH} \approx 37$ días), situándose en la Región I con un margen de seguridad de $D_1^{\text{bif}}/D = 15.3$. Comparado con el estándar ($D_1^{\text{crit}}/D = 60.3$), el margen de lavado acidogénico se reduce por un factor 4. Respecto al margen de coexistencia del estándar ($D_2^{\text{crit}}/D \approx 40$), la comparación no aplica: el modelo extendido carece de D_2^{crit} porque la coexistencia no existe analíticamente. Para el operador de Mamiña, esta predicción significa que, según el análisis analítico del modelo extendido, el biodigestor opera en un régimen de acidogénesis pura independientemente de cuán baja sea la tasa de dilución. Sin embargo, la existencia del equilibrio numérico de coexistencia e_D^{num} (Sección 5.2.6) matiza esta conclusión: la coexistencia puede existir como atractor dinámico aunque no emerja del cálculo algebraico. La simplificación a dos equilibrios y dos regiones (**D6**) y el margen reducido de $15.3 \times$ (**D7**) se consolidan en la Tabla 5.24.

5.2.4. Clasificación biológica (Fase I)

Con las regiones de operación definidas, se clasifican los equilibrios según el marco de Clases A–D y Familias I–IV (Sección 2.4.1). Esta clasificación organiza los equilibrios por el estado de las poblaciones bacterianas, igual que en el estándar (Sección 5.1.4), pero con un resultado radicalmente diferente. La Tabla 5.14 presenta la clasificación completa; la columna “Calidad digestato” corresponde a la Tabla 4.3.

Tabla 5.14: Clasificación biológica de los equilibrios del modelo extendido. Comparar con Tabla 5.3 (estándar: 4 equilibrios efectivos en 4 clases).

Equilibrio	Familia	Clase	Poblaciones	Calidad digestato	Existe
ε_1^*	I	A	Ninguna	Nula	Sí (siempre)
—	II	B	Solo X_2	—	No
ε_3^*	III	C	Solo X_1	η_1 alta, $\eta_2 = 0 \%$	Sí ($D < D_1^{\text{bif}}$)
—	IV	D	$X_1 + X_2$	—	No (analíticamente)

Dos clases vacías. Las Clases B y D carecen de equilibrios analíticos. Esto significa que no existe ningún estado estacionario donde los metanógenos estén presentes — un resultado central de este análisis.

La **Clase B** (solo metanogénesis) no existe porque, sin acidogénicos que produzcan VFAs frescos, los metanógenos dependen exclusivamente de los VFAs de la alimentación ($S_{2\text{in}}$). Al crecer, consumen alcalinidad a una tasa muy alta (por el elevado contenido de nitrógeno en su biomasa, $N_{\text{bac}} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$), lo que reduce Z^* hasta que el pH cae por debajo de los niveles viables y el crecimiento se auto-inhibe.

La **Clase D** (coexistencia) no existe analíticamente porque, incluso cuando ambas poblaciones están presentes, el consumo de alcalinidad por las dos biomásas combinado con el bajo aporte de alcalinidad del sustrato ($N_{S_1} k_1 = 0.58 \text{ mmol g}^{-1}$) produce $Z^* < S_2^*$ para toda combinación admisible de $X_1^* > 0$ y $X_2^* > 0$ en la gran mayoría de la Región I (Zona 1, $D < 0.361$; véase Sección 5.2.12): el consumo combinado de alcalinidad por ambas biomásas amplifica el déficit y el pH queda indefinido (Sección 5.2.5).

En contraste, el modelo estándar tiene las 4 clases representadas, con ε_5^* (Clase D, coexistencia) como atractor asintóticamente estable en toda la Región I (Sección 5.1.6).

Consecuencia operacional. La jerarquía de deseabilidad (Sección 2.4.1) es Clase D > Clase B > Clases A y C. El modelo extendido predice que las dos clases más deseables están vacías, y que el reactor solo puede alcanzar las dos menos deseables:

La **Clase C** (ε_3^*): los acidogénicos degradan la materia orgánica (η_1 alta), pero sin meta-nógenos los VFAs se acumulan sin ser procesados ($\eta_2 = 0\%$). El digestato resultante es ácido e inestable ($S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$), aunque conserva propiedades parciales de fertilizante por la degradación de materia orgánica. **Nótese que ε_3^* existe como solución matemática a pesar de que el pH es indefinido en este equilibrio** (para Mamiña y el 87% de Región I): como $X_2^* = 0$, la ecuación $dX_2/dt = (\mu_2 - \alpha D - k_{d2}) X_2$ se satisface trivialmente ($0 = 0$) sin necesidad de evaluar μ_2 ni el pH. Las restantes 5 ecuaciones de equilibrio se resuelven independientemente del pH.

La **Clase A** (ε_1^*): sin actividad biológica, el material de entrada sale sin procesar.

Para el biodigestor de Mamiña, esto implica que, según el análisis analítico del modelo extendido, el reactor no puede producir un digestato estabilizado de calidad — resultado que contrasta frontalmente con la predicción del estándar ($\eta_1 = 99.5\%$, $\eta_2 = 99.9\%$) y con las observaciones de campo de Guzmán-Cood (2024), quienes reportaron un digestato funcional como biofertilizante durante más de 12 meses. La comparación sistemática de ambas predicciones se presenta en la Sección 5.3.

5.2.5. Admisibilidad y la paradoja del pH indefinido (Fase I)

En el modelo estándar, todos los equilibrios son *físicamente admisibles*: las concentraciones son no negativas y el pH está siempre definido (porque $Z^* = Z_{\text{in}} > S_2^*$ para todo D en la Región I). En el modelo extendido, esta propiedad se pierde. Como se estableció en la sección anterior, ε_3^* existe como solución matemática porque la ecuación de X_2 se satisface trivialmente con $X_2^* = 0$, sin necesidad de evaluar μ_2 ni el pH. Sin embargo, los **valores numéricos** de las restantes 5 variables en este equilibrio resultan **doblemente inadmisibles** desde el punto de vista físico. A continuación se explican los dos problemas y la paradoja que generan.

Problema 1: pH indefinido. La fórmula del pH del modelo AM2 (ecuación 2.13) proviene del equilibrio químico del tampón bicarbonato y se utiliza en **ambos modelos** — estándar y extendido — para calcular el pH a partir de las variables de estado. El pH no es una de las 6 variables de estado del sistema de EDOs; es una cantidad *derivada* que se obtiene a partir de Z , S_2 y C mediante la relación de equilibrio ácido-base:

$$\text{pH} = -\log_{10} \left(\frac{-(Z^* - S_2^*) + \sqrt{(Z^* - S_2^*)^2 + 4 K_b Z^*}}{2} \right).$$

Para que esta expresión sea válida, se requiere $Z^* > S_2^*$: la alcalinidad debe ser suficiente para neutralizar los VFAs. En el modelo estándar, esto siempre se cumple porque $Z^* = Z_{\text{in}}$ (la alcalinidad se conserva, sin N-términos). En el modelo extendido, *la misma fórmula* se aplica, pero el crecimiento bacteriano consume alcalinidad a través de los N-términos (ecuación 5.8), y con los parámetros de estiércol esta pérdida es tan severa que Z^* cae por debajo de S_2^* . Para Mamiña ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$): $Z^* = 133.33 \text{ mmol L}^{-1}$ pero $S_2^* = 243.86 \text{ mmol L}^{-1}$, con un déficit de $Z^* - S_2^* = -110.5 \text{ mmol L}^{-1}$. El argumento del logaritmo se vuelve negativo y el pH queda matemáticamente indefinido. Biológicamente, esto indica que la capacidad buffer del medio — la capacidad del bicarbonato para neutralizar los ácidos producidos por la acidogénesis — ha sido completamente agotada por la actividad bacteriana. En el modelo extendido, este pH indefinido tiene una consecuencia dinámica adicional: como $I(\text{pH})$ depende del pH calculado con esta misma fórmula, la función de inhibición queda indefinida, y con ella la tasa de crecimiento metanogénico $\mu_2 \cdot (1 - I(\text{pH}))$. El colapso del pH arrastra consigo toda la cinética metanogénica: es la razón por la cual las ecuaciones de coexistencia (Familias II y IV) no tienen solución — para que $X_2^* > 0$ se requiere evaluar μ_2 , y si el pH es indefinido esto es imposible. **En ε_3^* , este arrastre no impide la existencia del equilibrio (porque $X_2^* = 0$ hace la ecuación de X_2 trivial, como se explicó más arriba)**, pero sí produce los valores de Z^* y C^* físicamente inadmisibles que se describen a continuación.

Problema 2: carbono inorgánico negativo ($C^* < 0$). El carbono inorgánico de equilibrio resulta $C^* = -110.5 \text{ mmol L}^{-1}$ para Mamiña, un valor físicamente imposible (una concentración no puede ser negativa). Este resultado se debe a que la producción de CO_2 por los acidogénicos excede la capacidad de transferencia gas-líquido del reactor ($\psi \approx 0 \text{ dia}^{-1}$), y el modelo no impone la restricción $C \geq 0$. Un reactor real alcanzaría una situación donde el CO_2 se acumula en la fase gaseosa hasta saturar, pero el modelo AM2 no incluye esta dinámica de fase gaseosa.

La paradoja: un equilibrio inevitable pero físicamente imposible. A pesar de esta doble inadmisibilidad, ε_3^* es el **único atractor funcional** del sistema en la Región I: todas las trayectorias numéricas, desde las cuatro condiciones iniciales CI1–CI4 (Tabla 4.2),

convergen a ε_3^* (Sección 5.2.14). El sistema dinámico no “sabe” que el equilibrio es físicamente irrealizable — la matemática predice convergencia, pero la física la prohíbe.

¿Es esto realmente una paradoja? En sentido estricto, es una *inconsistencia del modelo*: los parámetros de estiércol llevan las ecuaciones del AM2 fuera de su dominio de validez. La estructura del modelo AM2 — en particular la fórmula del pH y la ecuación de alcalinidad — fue desarrollada por Bernard et al. (2001) para aguas residuales, donde el contenido de nitrógeno en la biomasa es bajo (N_{bac} pequeño) y la alcalinidad se conserva naturalmente. Cuando Arzate (2019) y Ficara et al. (2014) extienden este modelo con parámetros de estiércol — incluyendo un alto contenido de nitrógeno en la biomasa ($N_{\text{bac}} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$) y tasas de muerte — las mismas ecuaciones producen resultados fuera de su rango de validez física. El modelo predice correctamente la *tendencia* (consumo de alcalinidad, caída del pH, dificultad para la metanogénesis), pero los valores numéricos del equilibrio ($Z^* < S_2^*$, $C^* < 0$) exceden el rango donde las ecuaciones tienen sentido físico.

Implicación para la interpretación de resultados. Esta inadmisibilidad no invalida el análisis cualitativo: la clasificación de estabilidad por valores propios, las bifurcaciones y los diagramas de operación son matemáticamente rigurosos. Lo que invalida es la *interpretación cuantitativa literal* del equilibrio ε_3^* : los valores numéricos de Z^* , C^* y pH en ε_3^* no deben tomarse como predicciones del reactor real, sino como indicadores de que el modelo extendido diagnostica un déficit severo de alcalinidad. La recomendación de suplementar la alcalinidad de entrada (R3, Sección 5.3) surge directamente de este diagnóstico. La doble inadmisibilidad del equilibrio ε_3^* constituye el Descubrimiento **D8** (Tabla 5.24).

5.2.6. Equilibrio numérico de coexistencia (Fase I)

El análisis analítico de la Sección 5.2.2 concluyó que la coexistencia (Clase D) no existe como solución algebraica del sistema de equilibrio. Sin embargo, las ecuaciones $\mathbf{f}(\boldsymbol{\varepsilon}^*) = \mathbf{0}$ constituyen un sistema de 6 ecuaciones no lineales acopladas, y es posible que existan soluciones que no pueden expresarse en fórmula cerrada pero sí pueden encontrarse numéricamente. Esta posibilidad se exploró resolviendo el sistema numéricamente en Maple mediante el comando `fsolve` (método de bisección), variando D sistemáticamente.

Resultado. El sondeo numérico reveló que efectivamente existen equilibrios de coexistencia e_D^{num} con $X_1^* > 0$ y $X_2^* > 0$ para un rango intermedio de D . Biológicamente, esto significa que la coexistencia de ambas poblaciones bacterianas es posible bajo ciertas condiciones de dilución, aunque el cálculo algebraico no la prediga. Sin embargo, estos equilibrios solo existen para $D \in [0.15, 0.25] \text{ dia}^{-1}$ — un rango que **no incluye** la tasa de dilución de Mamiña ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$), ni la mayor parte de la Región I. La restricción a este rango se debe a que, a tasas de dilución bajas, las biombrasas en equilibrio son altas y el consumo de alcalinidad por

los N-términos es tan intenso que $Z^* < S_2^*$ inevitablemente; solo a D moderadamente alto las biomásas disminuyen lo suficiente para que el balance de alcalinidad permita $Z^* > S_2^*$ y el pH se defina.

Dos ramas con regímenes fisicoquímicos opuestos. El equilibrio e_D^{num} presenta *dos ramas* con coordenadas muy diferentes, correspondientes a las dos hojas de un pliegue (fold) en el espacio de parámetros (Sección 5.2.11):

La **Rama A** tiene alcalinidad excedentaria ($Z^* - S_2^* \approx 20\text{--}40 \text{ mmol L}^{-1}$), lo que produce un pH bien definido y un entorno químico favorable para los metanógenos. Sin embargo, esta rama es *inestable* (un valor propio real positivo): el sistema no converge a ella espontáneamente. Biológicamente, este equilibrio requeriría un control externo permanente para mantenerse — una condición poco práctica para un biodigestor rural.

La **Rama B** tiene alcalinidad marginal ($Z^* - S_2^* \approx 0.01 \text{ mmol L}^{-1}$), operando al borde mismo de la singularidad del pH. A pesar de esta fragilidad, esta rama es *estable* (todos los valores propios con parte real negativa): el sistema converge a ella desde condiciones iniciales cercanas. La diferencia entre ramas es de un factor $1000\text{--}20000\times$ en $Z^* - S_2^*$, reflejando dos regímenes completamente distintos: uno con capacidad buffer apreciable pero inestable, y otro al límite del pH pero estable.

Ambas ramas coexisten para $D \in [0.17, 0.1903]$: para el mismo valor de D , el sistema posee dos equilibrios de coexistencia distintos. Para $D < 0.17$ solo se detecta la Rama A (inestable); para $D > 0.1905$ solo la Rama B (estable). La desaparición de la Rama A al disminuir D y la colisión de ambas ramas en $D \approx 0.19$ corresponden a una bifurcación silla-nodo que se analiza en la Sección 5.2.11.

Implicación para Mamiña. Para $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$, el equilibrio e_D^{num} no existe en ninguna de sus ramas: la tasa de dilución de Mamiña está muy por debajo del rango $[0.15, 0.25]$ donde la coexistencia numérica es posible. El atractor funcional del sistema sigue siendo ε_3^* (acidogénesis pura, $\eta_2 = 0\%$). La coexistencia numérica, aunque matemáticamente interesante, no ofrece una vía operacional para el biodigestor de Mamiña.

5.2.7. Linealización (Fase II)

Al igual que en el estándar (Sección 5.1.5), la estabilidad local de cada equilibrio se determina linealizando el sistema alrededor de ε^* y analizando el espectro de la matriz jacobiana $\mathbf{J}(\varepsilon^*) = \partial \mathbf{f} / \partial \varepsilon \big|_{\varepsilon^*}$ (Sección 3.4). La diferencia central es que la matriz jacobiana del modelo extendido tiene un **mayor acoplamiento** que la del estándar: las extensiones (muerte bacteriana, efecto del pH, N-términos) introducen entradas no nulas adicionales que rompen la estructura por bloques y hacen que la respuesta del reactor a perturbaciones sea un fenómeno acoplado, no separable por poblaciones.

Diferencias estructurales con el jacobiano del estándar. La matriz 6×6 del modelo extendido difiere en cinco aspectos respecto a la del estándar:

(1) *Términos de muerte en la diagonal.* La muerte bacteriana reduce la tasa neta de crecimiento de cada población. Esto se refleja en los elementos diagonales: $J_{11} = \mu_1 - \alpha D - k_{d1}$ y $J_{22} = \mu_2 - \alpha D - k_{d2}$, donde $k_{d,i}$ aparece como un término adicional de pérdida. En equilibrio ($X_i^* > 0$), la condición $\mu_i = \alpha D + k_{d,i}$ anula estos elementos, al igual que en el estándar.

(2) *Acoplamiento $pH \rightarrow$ metanógenos.* La dependencia de μ_2 del pH a través de $I(pH)$ introduce entradas $J_{25} \neq 0$ y $J_{26} \neq 0$: la tasa de crecimiento metanogénico depende de la alcalinidad Z y del carbono inorgánico C . Estas entradas son cero en el estándar, donde μ_2 solo depende de S_2 .

(3) *Acoplamiento biomasa $\rightarrow$ alcalinidad.* Los N-términos de la ecuación (2.18) generan entradas $J_{51} \neq 0$ y $J_{52} \neq 0$: la alcalinidad Z depende de las biomasa. Esto destruye la propiedad de variable esclava ($Z^* = Z_{in}$) del estándar.

(4) *Monotonía de μ_2 .* La derivada $f'(S_2) > 0$ para todo $S_2 \geq 0$ (exponente 1 de Arzate et al. 2017) elimina el cambio de signo que produce la cinética de Haldane en el estándar. Esto simplifica J_{24} pero elimina el mecanismo de biestabilidad (Sección 5.2.9).

(5) *Transferencia de CO_2 acoplada.* En el modelo extendido, la producción de metano por los metanógenos afecta la tasa de transferencia de CO_2 entre las fases líquida y gaseosa. Esto genera una entrada J_{62} que acopla el carbono inorgánico C con la biomasa metanogénica X_2 , una dependencia ausente en el estándar.

Ruptura de la estructura por bloques. En el modelo estándar, la matriz jacobiana es triangular inferior por bloques, lo que permite descomponer el espectro en dos bloques 2×2 independientes (Sección 5.1.5). En el modelo extendido, las entradas adicionales (2) y (3) crean un **acoplamiento bidireccional**: las biomasa afectan la alcalinidad (vía N-términos), y la alcalinidad afecta el crecimiento metanogénico (vía pH). Como consecuencia, el bloque acidogénico (X_1, S_1) conserva su estructura 2×2 cerrada, pero el bloque metanogénico se fusiona con Z y C en un **bloque acoplado de 4×4** cuyos valores propios requieren resolución numérica (Maple, comando **Eigenvalues**). En total, la matriz tiene 26 entradas no nulas (vs 22 del estándar) y 10 ceros estructurales (vs 14). La estructura completa se presenta en el Apéndice B.

Consecuencia operacional. Para el operador de Mamiña, el acoplamiento significa que la respuesta del reactor a perturbaciones — por ejemplo, un cambio brusco en la alimentación o una variación de temperatura que afecte el pH — no puede predecirse considerando las poblaciones por separado. Un cambio en la alcalinidad Z (por ejemplo, por lluvia que diluye el contenido del reactor) puede desestabilizar a los metanógenos a través del pH, aun si la

concentración de VFAs no cambia. El modelo estándar, con su jacobiano por bloques, no captura esta interdependencia.

5.2.8. Estabilidad local (Fase III)

El análisis de estabilidad determina el destino del reactor en cada región: ¿hacia cuál equilibrio converge el sistema, y qué significa biológicamente? En el estándar, el resultado principal era que ε_5^* (coexistencia, Clase D) es el atractor en Región I (Sección 5.1.6). Aquí, con solo dos equilibrios analíticos, la pregunta se reduce a: ¿es ε_3^* (acidogénesis pura) realmente estable, y puede alguna población ausente invadirlo?

La clasificación se realizó evaluando los valores propios de $\mathbf{J}(\varepsilon^*)$ en 8 valores estratégicos de D que cubren ambas regiones, desde $D = 0.027$ (Mamiña) hasta $D = 1.0$ (Tabla 5.15).

Tabla 5.15: Estabilidad local de ε_1^* y ε_3^* para 8 valores de D . La columna $\# \text{Re} > 0$ indica el número de valores propios con parte real positiva: si es 0, el equilibrio es asintóticamente estable (Definición 3.12); si es 1, punto silla (inestable); si es 2, nodo inestable. Fuente: Maple con 20 cifras significativas.

D (dia $^{-1}$)	Equilibrio	$\# \text{Re} > 0$	Tipo	Estabilidad
0.027	ε_1^*	2	Nodo inest.	Inestable
0.027	ε_3^*	0	Nodo est.	Asint. est.
0.10	ε_1^*	2	Nodo inest.	Inestable
0.10	ε_3^*	0	Nodo est.	Asint. est.
0.30	ε_1^*	1	Silla	Inestable
0.30	ε_3^*	0	Foco est.	Asint. est.
0.40	ε_1^*	1	Silla	Inestable
0.40	ε_3^*	0	Nodo est.	Asint. est.
≈ 0.4138	$\varepsilon_1^* = \varepsilon_3^*$	$\lambda_2 = 0$	Frontera	No hiperb.
0.42	ε_1^*	0	Nodo est.	Asint. est.
0.50	ε_1^*	0	Nodo est.	Asint. est.
1.00	ε_1^*	0	Nodo est.	Asint. est.

Estabilidad de ε_1^* (lavado total). En la Región I ($D < D_1^{\text{bif}}$), ε_1^* es inestable: al menos un valor propio es positivo, lo que significa que al menos una población puede invadir el reactor vacío. Específicamente, $\lambda_2 = \mu_1(S_{\text{lin}}) - \alpha D - k_{d1} > 0$ (modo acidogénico): los acidogénicos encuentran sustrato abundante ($S_1^* = S_{\text{lin}}$) y pueden crecer. Para $D < 0.22 \text{ dia}^{-1}$, un segundo valor propio (λ_3 , modo metanogénico) es también positivo, haciendo de ε_1^* un nodo inestable con dos direcciones de escape — ambas poblaciones pueden invadir. Para $0.22 < D < D_1^{\text{bif}}$, solo $\lambda_2 > 0$ y ε_1^* es un punto silla: solo los acidogénicos pueden invadir, los metanógenos ya no. En la Región II ($D > D_1^{\text{bif}}$), todos los valores propios tienen parte real negativa y ε_1^* es

asintóticamente estable (Definición 3.12): ninguna población puede colonizar el reactor.

Estabilidad de ε_3^* (solo acidogénesis). En toda la Región I, ε_3^* es *asintóticamente estable*: todos los valores propios tienen parte real negativa. El resultado más significativo es el valor propio del modo metanogénico:

$$\lambda_6 = -\alpha D - k_{d2} < 0 \quad \text{para todo } D > 0. \quad (5.10)$$

Este valor propio es la **tasa neta de invasión metanogénica** — y es *siempre negativo*. Esto significa que los metanógenos **nunca** pueden invadir el equilibrio de acidogénesis pura: su tasa de mortalidad ($\alpha D + k_{d2}$) supera siempre su tasa de crecimiento (que es cero en ε_3^* porque, para $D < 0.361$ — el 87 % de Región I, incluyendo Mamiña — el pH es indefinido ($Z^* < S_2^*$) y con ello $\mu_2 \cdot (1 - I(\text{pH})) = 0$). Este resultado contrasta frontalmente con el estándar, donde el valor propio análogo de ε_4^* era *positivo* ($\lambda = \mu_2(S_2^*) - \alpha D = +0.225$ a $D = 0.5$, Tabla 5.4): en el estándar, los metanógenos SÍ invadían la acidogénesis y conducían al sistema hacia la coexistencia.

Para Mamiña ($D = 0.027$), $\lambda_6 = -0.027 - 0.060 = -0.087 \text{ dia}^{-1}$. El decaimiento exponencial $X_2(t) \sim e^{\lambda_6 t}$ implica una vida media de $\ln 2 / |\lambda_6| \approx 8$ días: cualquier población metanogénica residual se reduciría a la mitad cada 8 días, desapareciendo en la práctica en 2–3 meses. En la mayor parte de la Región I, ε_3^* es un nodo estable (valores propios reales negativos), pero para $D \approx 0.30$ el bloque acidogénico presenta valores propios complejos conjugados, haciendo de ε_3^* un *foco estable*: las trayectorias convergen al equilibrio describiendo una espiral amortiguada.

Estabilidad por región. La Tabla 5.16 resume el equilibrio asintóticamente estable en cada región, análoga a la Tabla 5.5 del estándar.

Tabla 5.16: Equilibrio asintóticamente estable por región de operación (modelo extendido). Comparar con Tabla 5.5 (estándar).

Región	Equilibrio asint. estable	Estado biológico	Calidad digestato
I	ε_3^* (Clase C)	Solo acidogénesis	η_1 alta, $\eta_2 = 0\%$
II	ε_1^* (Clase A)	Lavado total	Nula

Hiperbolicidad y Hartman-Grobman. Para todo $D \neq D_1^{\text{bif}}$, todos los valores propios satisfacen $\text{Re}(\lambda) \neq 0$ (Tabla 5.15), de modo que los equilibrios son hiperbólicos (Definición 3.9). El teorema de Hartman-Grobman (Teorema 3.10) garantiza entonces que la clasificación de estabilidad obtenida por linealización es rigurosa para el sistema no lineal original. En $D = D_1^{\text{bif}}$, $\lambda_2 = 0$ rompe la hiperbolicidad y se requiere el teorema de Sotomayor (Sección 5.2.10).

Estabilidad de e_D^{num} (coexistencia numérica). El equilibrio numérico de coexistencia (Sección 5.2.6) presenta dos ramas con comportamientos de estabilidad opuestos, lo que genera una situación análoga a la paradoja de la Sección 5.2.5: el estado operacionalmente deseable resulta inalcanzable.

La **Rama A** — la que tiene buena capacidad buffer y pH bien definido — es *inestable*: posee un valor propio real positivo para todo D donde existe ($D \in [0.15, 0.19]$). Aunque este equilibrio representa el estado operacional más deseable (coexistencia con pH favorable), el reactor no converge a él espontáneamente. El valor propio positivo disminuye de +0.84 a +0.17 al aumentar D hacia la bifurcación silla-nodo (Sección 5.2.11), pero nunca se anula dentro de esta rama.

La **Rama B** — la que opera al borde del pH indefinido — es *asintóticamente estable* para $D \in [0.17, 0.25]$: todos los valores propios tienen parte real negativa y el reactor converge a ella. Sin embargo, la alcalinidad excedentaria es mínima ($Z^* - S_2^* \approx 0.01 \text{ mmol L}^{-1}$), lo que hace a este equilibrio extremadamente frágil ante cualquier perturbación.

En resumen: la coexistencia con buena capacidad buffer existe pero es inestable, y la coexistencia estable existe pero al borde del colapso del pH. Ninguna de las dos ramas ofrece una operación robusta, y ninguna existe para $D = 0.027$ (Mamiña). El hecho de que ε_3^* sea el único atractor funcional de la Región I, con $\eta_2 = 0\%$, constituye el Descubrimiento **D5** (Tabla 5.24).

5.2.9. Desaparición de la biestabilidad aparente (Fase III)

En el modelo estándar, la Región I presenta un fenómeno que puede interpretarse como una *biestabilidad aparente*: aunque ε_5^* (coexistencia) es el único atractor asintóticamente estable, el punto silla ε_4^* (solo acidogénesis) posee una variedad estable W^s de dimensión 5 (Sección 5.1.6) que puede capturar trayectorias con $X_2(0)$ pequeño durante transitorios prolongados. En la práctica, un reactor que arranca con poca biomasa metanogénica podría “parecer” estancado en acidogénesis durante semanas antes de que los metanógenos se establezcan y el sistema converja finalmente a ε_5^* . Este comportamiento depende de la condición inicial y de la dualidad σ_2^-/σ_2^+ que genera la cinética de Haldane.

En el modelo extendido, este fenómeno **desaparece completamente**. La causa es triple: (1) la monotonía de $f(S_2)$ (2.20) (exponente 1) elimina la dualidad σ_2^-/σ_2^+ , dejando a lo sumo un equilibrio de cada familia; (2) las Familias II y IV no existen analíticamente, por lo que no hay equilibrio de coexistencia que compita con ε_3^* ; (3) e_D^{num} (Rama B) es asintóticamente estable solo para $D > 0.17$, fuera del rango operacional de Mamiña. En toda la Región I, ε_3^* es el *único atractor*: sin importar la condición inicial, el sistema converge a la acidogénesis pura (Sección 5.2.14).

Para el operador, esto significa que el modelo extendido predice un comportamiento *determinista*: no hay dependencia de la condición inicial ni transitorios prolongados cerca de un punto silla. El destino del reactor está determinado exclusivamente por la tasa de dilución D , no por la historia previa del sistema. Para Mamiña, el pronóstico es unívoco: el reactor converge a ε_3^* (acidogénesis pura, $\eta_2 = 0\%$) independientemente de las condiciones de arranque.

5.2.10. Bifurcación transcítica en D_1^{bif} (Fase IV)

Al igual que en el estándar (Sección 5.1.7), la transición entre regiones de operación corresponde a una bifurcación transcítica donde dos equilibrios colisionan e intercambian estabilidad (Sección 3.9). A diferencia del estándar, que tiene dos bifurcaciones transcíticas (pérdida de metanógenos en D_2^{crit} y pérdida de acidogénicos en D_1^{crit}), el modelo extendido tiene **una sola**: la pérdida de acidogénicos en D_1^{bif} . No hay bifurcación de metanógenos porque la coexistencia no existe analíticamente (Sección 5.2.2).

Verificación formal mediante Sotomayor. En $D = D_1^{\text{bif}} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}$ (ecuación 5.9), los equilibrios ε_1^* y ε_3^* colisionan: $\sigma_1 \rightarrow S_{\text{lin}}, X_1^* \rightarrow 0$, y ambos equilibrios coinciden en el punto $(0, 0, S_{\text{lin}}, S_{2\text{eff}}, Z_{\text{bif}}^*, C_{\text{bif}}^*)$. La bifurcación fue verificada mediante las condiciones del teorema de Sotomayor (Sección 3.11). El vector propio izquierdo resulta $w = e_1$ (vector unitario en la dirección X_1), lo que simplifica todas las proyecciones. La Tabla 5.17 presenta las cuatro condiciones verificadas numéricamente.

Tabla 5.17: Verificación del teorema de Sotomayor para la bifurcación transcítica en D_1^{bif} . Fuente: Maple con Hessiano y derivadas mixtas pre-computados simbólicamente.

Condición	Expresión	Valor numérico	Resultado
TC1	$\lambda = 0$ simple	$\dim \ker = 1$	Satisfecha
TC2	$w^\top f_D = 0$	0 (exacto)	Satisfecha
TC3	$w^\top D_x^2 f(v, v) \neq 0$	-3.254×10^{-6}	Satisfecha
TC4	$w^\top [D_x f_D \cdot v] \neq 0$	-2.554×10^{-3}	Satisfecha

La condición TC2 = 0 (exacta, no numérica) descarta la bifurcación silla-nodo y confirma la transcítica. Las condiciones TC3 y TC4 son no nulas, completando la verificación.

Intercambio de estabilidad. La bifurcación intercambia estabilidad (Sección 3.9): para $D < D_1^{\text{bif}}$, ε_3^* es asintóticamente estable y ε_1^* inestable (los acidogénicos invaden el reactor vacío); para $D > D_1^{\text{bif}}$, ε_1^* hereda la estabilidad (el lavado domina sobre el crecimiento). El mecanismo es idéntico al del estándar en D_1^{crit} , pero el valor crítico es un 74.6 % menor ($D_1^{\text{bif}} = 0.414$ vs $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$), reflejando la menor tasa de crecimiento, la muerte

bacteriana, y la ausencia de retención.

Significado para Mamiña. Esta bifurcación marca el límite absoluto de viabilidad del reactor: si la tasa de dilución superara D_1^{bif} (equivalente a reducir el TRH de 37 a 2.4 días), todas las biomasas se lavarían y el reactor perdería toda actividad biológica. El margen de seguridad $D_1^{\text{bif}}/D = 15.3$ es amplio para la operación normal de Mamiña, pero un factor 4 menor que el del estándar ($D_1^{\text{crit}}/D = 60.3$): la muerte bacteriana ($k_{d1} = 0.0553 \text{ día}^{-1}$) y el factor de retención $\alpha = 1$ (sin retención de biomasa, frente a $\alpha = 0.5$ en el estándar) reducen la capacidad de los acidogénicos para resistir la dilución. Biológicamente, la diferencia con el estándar es cualitativa: en el estándar, al aumentar D se pierden primero los metanógenos ($D_2^{\text{crit}} = 1.072$) y luego los acidogénicos ($D_1^{\text{crit}} = 1.629$), proporcionando una señal de alerta intermedia (acidificación sin lavado total); en el extendido, los metanógenos ya están ausentes en equilibrio y la única transición es directamente al lavado completo. La existencia de una sola bifurcación transcítica, en lugar de dos, es el Descubrimiento **D4** (Tabla 5.24).

Diagramas de bifurcación. Las Figuras 5.20 y 5.21 visualizan cómo las coordenadas del equilibrio ε_3^* varían con D en la Región I. Estos diagramas son los análogos directos de las Figuras 5.1 y 5.3 del estándar, y el contraste entre ambos pares de figuras cristaliza la diferencia central entre los dos modelos.

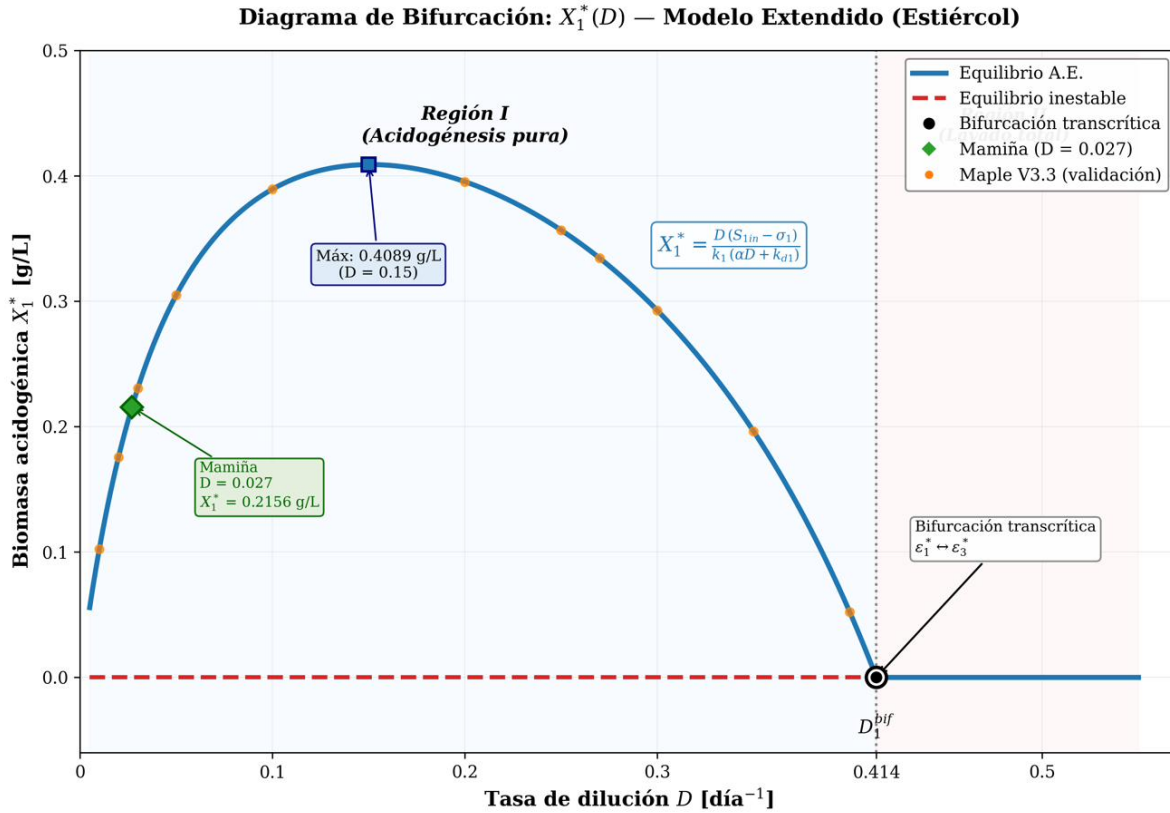


Figura 5.20: Diagrama de bifurcación (X_1^*, D) del modelo extendido. Azul: rama estable (ε_3^*); rojo punteado: rama inestable (ε_1^*); círculo negro: bifurcación transcriticala en D_1^{bif} ; diamante verde: Mamiña ($D = 0.027$). Círculos naranjas: validación Maple.

La biomasa acidogénica X_1^* presenta un comportamiento *no monótono*: un arco con máximo $X_1^* = 0.409 \text{ g L}^{-1}$ en $D \approx 0.15 \text{ día}^{-1}$ (TRH ≈ 6.7 días). Este comportamiento, ausente en el modelo estándar (donde X_1^* decrece monótonamente con D , Figura 5.1), se debe a la competencia entre dos efectos en la fórmula $X_1^* = (S_{lin} - \sigma_1)/(k_1\alpha)$: a D muy bajo, σ_1 es pequeño y aumentar D incrementa la tasa de renovación del sustrato, lo que permite sostener más biomasa; a D alto, σ_1 crece rápidamente (las bacterias necesitan más sustrato para compensar la dilución y la muerte) y la biomasa desciende hasta desaparecer en D_1^{bif} . Mamiña opera con $X_1^* = 0.216 \text{ g L}^{-1}$, un 53 % del máximo.

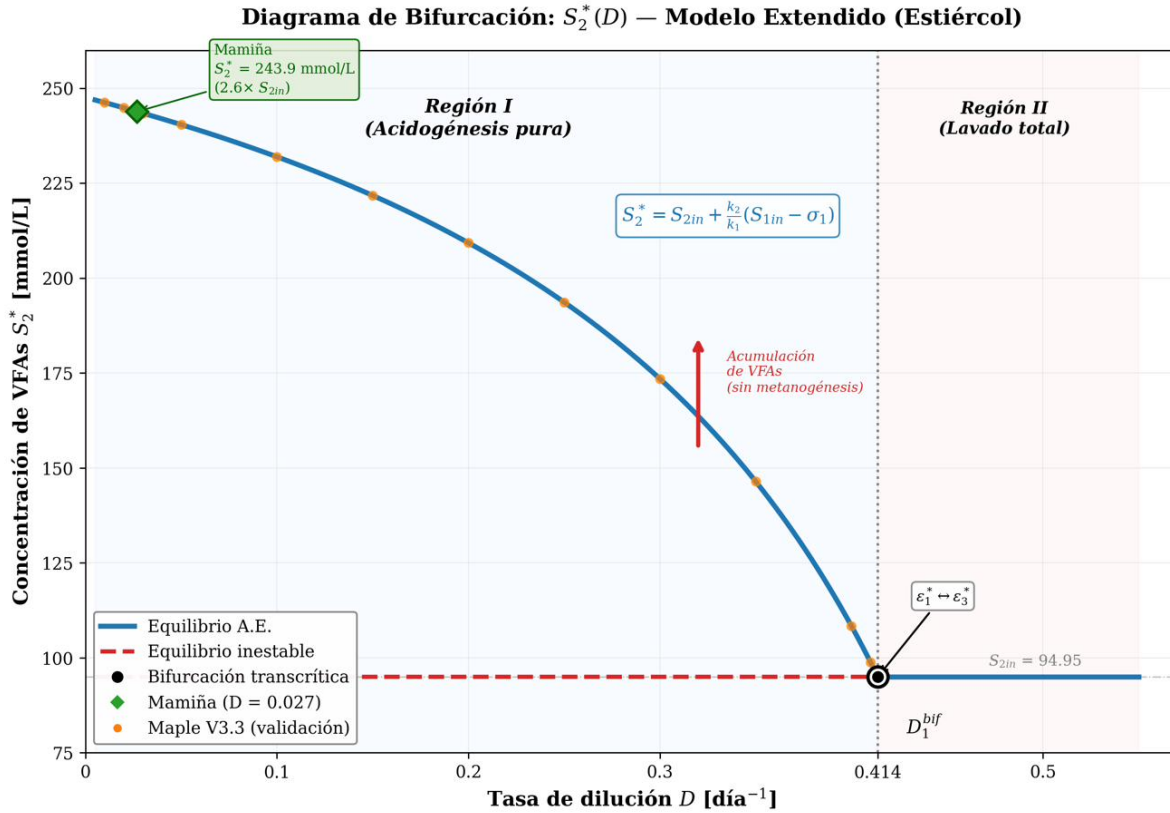


Figura 5.21: Diagrama de bifurcación (S_2^*, D) del modelo extendido. En ε_3^* , los VFAs decrecen monótonamente desde ~ 246 mmol L⁻¹ (Mamiña) hasta colapsar a $S_{2in} = 94.95$ mmol L⁻¹ en D_1^{bif} .

Los VFAs en el equilibrio ε_3^* (Figura 5.21) alcanzan $S_2^* = 243.9$ mmol L⁻¹ para Mamiña — 2.57 veces el valor de entrada ($S_{2in} = 94.95$). Esta acumulación extrema es la consecuencia directa de la ausencia de metanógenos: los acidogénicos producen VFAs pero no hay población que los consuma. A medida que D aumenta, los acidogénicos tienen menos tiempo de contacto con el sustrato orgánico, producen menos VFAs, y S_2^* decrece monótonamente hasta colapsar a S_{2in} en D_1^{bif} (donde los acidogénicos también desaparecen). El contraste con el estándar (Figura 5.3) es contundente: allí la rama baja de VFAs (σ_2^- , metanógenos activos) producía $S_2^* \approx 5$ mmol L⁻¹ para Mamiña; aquí, sin metanógenos, los VFAs son 50 veces mayores.

5.2.11. Bifurcación silla-nodo del equilibrio numérico (Fase IV)

Además de la bifurcación transcritical en D_1^{bif} (Sección 5.2.10), el modelo extendido presenta una **segunda bifurcación que no tiene análogo en el estándar**: una bifurcación de tipo *silla-nodo* (o pliegue, *fold*) del equilibrio numérico de coexistencia e_D^{num} . En esta bifurcación, las dos ramas de e_D^{num} (la Rama A inestable y la Rama B estable, descritas en la

Sección 5.2.6) colisionan y una de ellas desaparece. El valor crítico donde ocurre esta colisión se denota D_{bif2} y se ubica en el intervalo $(0.1903, 0.1905)$ dia^{-1} .

¿Qué es una bifurcación silla-nodo? Es el tipo de bifurcación donde dos equilibrios (uno estable y uno inestable) se acercan al variar un parámetro, colisionan, y uno de ellos desaparece (Sección 3.11). En e_D^{num} , ambas ramas coexisten para $D \in [0.17, 0.1903]$ dia^{-1} . Al aumentar D dentro de este intervalo, la Rama A (inestable) y la Rama B (estable) se aproximan: el valor propio positivo de la Rama A (λ_2) tiende a cero. En $D = D_{\text{bif2}} \approx 0.19$, ambas ramas colisionan y la Rama A desaparece. Para $D > D_{\text{bif2}}$, solo persiste la Rama B (estable). Para $D < 0.17$, solo se detecta la Rama A (inestable) — la Rama B aún no ha emergido.

Identificación del tipo. El tipo de bifurcación fue determinado por descarte y confirmación directa. La bifurcación de Hopf se descartó: el valor propio que cambia de signo es real puro, no un par conjugado. La transcítica se descartó: las ramas no intercambian estabilidad (Rama A siempre inestable, Rama B siempre estable). La silla-nodo se confirmó: dos equilibrios coexisten, uno desaparece al cruzar D_{bif2} , y un valor propio real simple tiende a cero. La codimensión es 1.

Causa estructural. Esta bifurcación es producida por el lazo de retroalimentación circular $Z \rightarrow \text{pH} \rightarrow \mu_2 \rightarrow X_2 \rightarrow Z$ creado por los N-términos (2.18) y la dependencia $\mu_2(S_2, \text{pH})$ (2.19). En el modelo estándar, $Z^* = Z_{\text{in}}$ siempre y μ_2 no depende del pH, eliminando el mecanismo que produce el pliegue. Esta bifurcación silla-nodo, exclusiva del modelo extendido, constituye el Descubrimiento **D11** (Tabla 5.24).

Significado para Mamiña. Para $D = 0.027$ dia^{-1} (un factor 7 por debajo de D_{bif2}), la silla-nodo no afecta directamente la operación. Sin embargo, confirma que la coexistencia estable (Rama B) solo es posible para $D > D_{\text{bif2}} \approx 0.19$ dia^{-1} — un rango que requiere TRH de apenas 5 días, incompatible con la operación conservadora de Mamiña (TRH = 37 días).

Diagramas consolidados. Las Figuras 5.22–5.24 sintetizan los resultados de las Fases I–IV del modelo extendido y los comparan con el estándar.

La Figura 5.22 condensa el comportamiento del modelo extendido en cuatro paneles. El panel (c) es el más informativo: $Z^* < S_2^*$ para todo D en la Región I (franja rosa), lo que visualiza directamente la imposibilidad de coexistencia — la alcalinidad nunca es suficiente para definir un pH compatible con la metanogénesis. El panel (d) muestra el cruce de valores propios: λ_3 cruza cero en $D \approx 0.22$ (el modo metanogénico de ε_1^* se estabiliza) y λ_2 cruza en $D = D_1^{\text{bif}}$ (modo acidogénico, bifurcación transcítica).

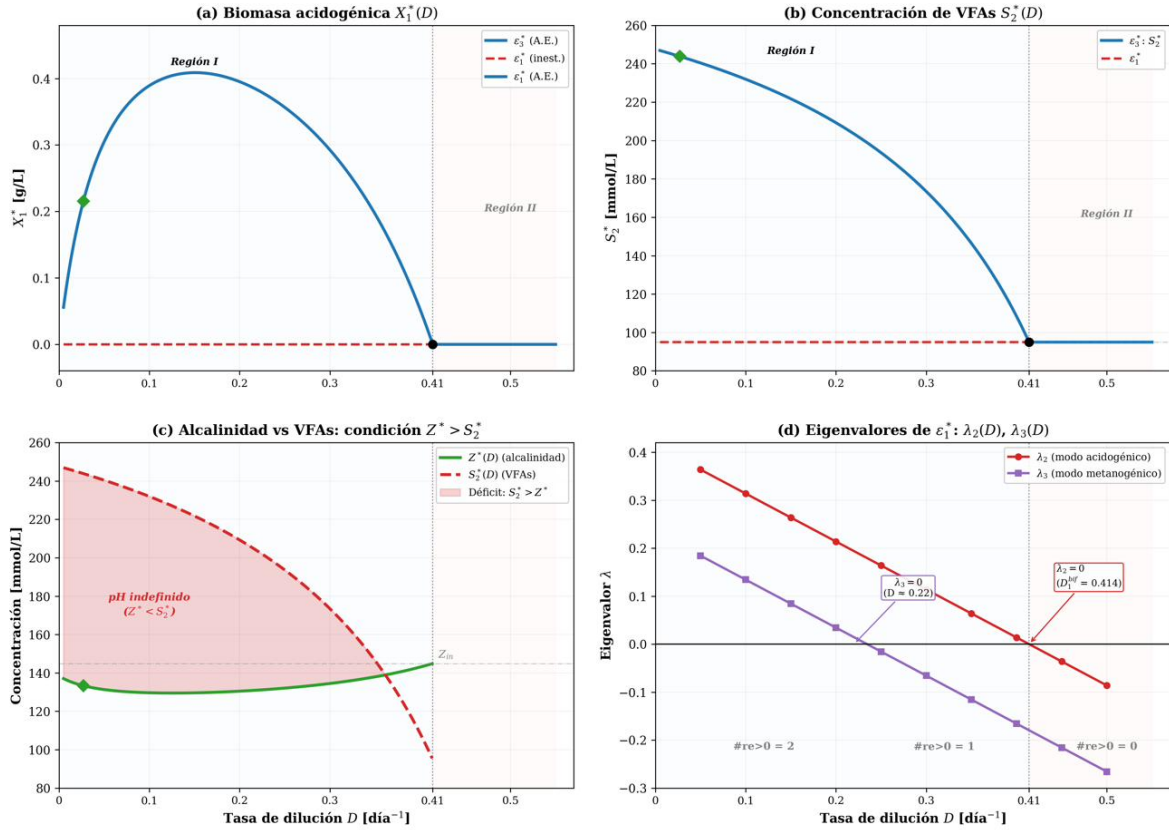


Figura 5.22: Diagrama consolidado del modelo extendido. (a) $X_1^*(D)$: arco no monótono con máximo en $D \approx 0.15$. (b) $S_2^*(D)$: VFAs decrecientes. (c) $Z^*(D)$ vs $S_2^*(D)$: déficit de alcalinidad (franja rosa: $Z^* < S_2^*$, pH indefinido). (d) Valores propios $\lambda_2(D)$ y $\lambda_3(D)$ de ε_1^* : cruce por cero en $D \approx 0.22$ y D_1^{bif} .

Las Figuras 5.23 y 5.24 formalizan visualmente el contraste entre ambos modelos. En la Figura 5.23, la Región I del estándar (izquierda) contiene equilibrios de coexistencia con producción de metano; en el extendido (derecha), la misma región predice solo acidogénesis pura ($\eta_2 = 0\%$). En la Figura 5.24, el contraste es aún más marcado: el estándar muestra una rama baja σ_2^- donde los metanógenos consumen los VFAs; en el extendido, $S_2^* > S_{2in}$ siempre, confirmando la acumulación inevitable de ácidos. La única vía para revertir esta predicción sería elevar la alcalinidad de entrada por encima de $Z_{in}^{crit} = 255.42 \text{ mmol L}^{-1}$ (Recomendación R3, Sección 5.3).

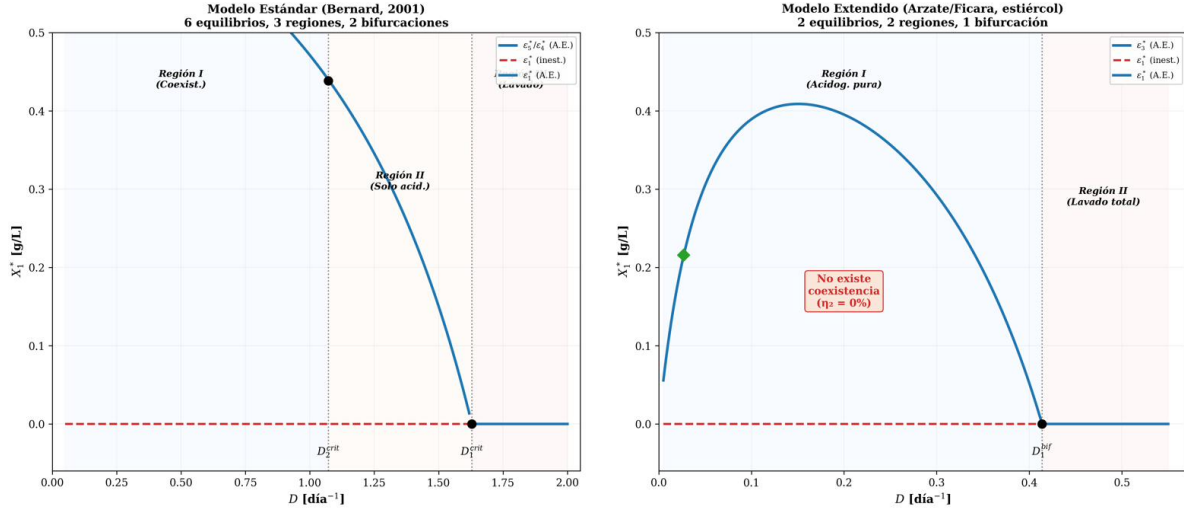


Figura 5.23: Comparación $X_1^*(D)$: estándar (izq., 6 equilibrios, 3 regiones, 2 bifurcaciones) vs extendido (der., 2 equilibrios, 2 regiones, 1 bifurcación). Recuadro rojo: ausencia de coexistencia ($\eta_2 = 0\%$).

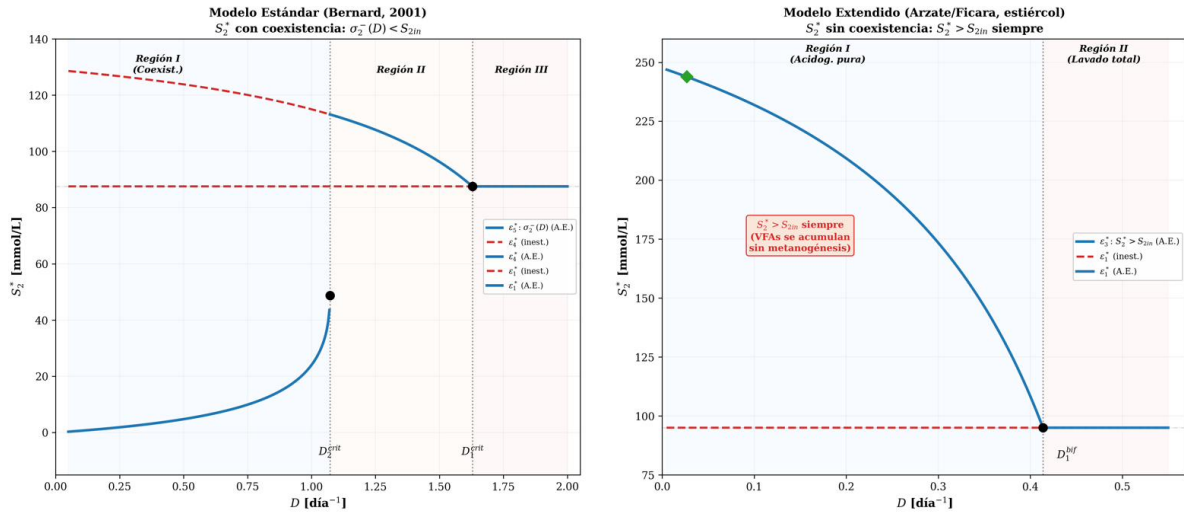


Figura 5.24: Comparación $S_2^*(D)$: estándar (izq., $\sigma_2^-(D) < S_{2in}$: metanógenos activos) vs extendido (der., $S_2^* > S_{2in}$ siempre: acidificación).

5.2.12. Diagrama (D , pH) y frontera de segundo tipo (Fase IV)

En el modelo estándar, el pH es una variable derivada que siempre tiene valor definido ($Z^* = Z_{in} > S_2^*$ para todo D) y que no afecta la dinámica del reactor (Sección 4.9). En el modelo extendido, el pH juega un papel central: determina la tasa de crecimiento metanogénico a través de la función de inhibición $I(\text{pH})$ (ecuación 2.21). El diagrama de bifurcación en el

plano (D, pH) es por tanto *específico del modelo extendido* y constituye una de las herramientas de análisis más informativas para el operador. La pregunta que responde es: ¿para qué valores de D el reactor tiene un pH definido, y ese pH es compatible con la metanogénesis?

Fórmula de $Z^*(D)$. La alcalinidad en equilibrio depende de D a través de la biomasa acidogénica y del balance de nitrógeno:

$$Z^* = Z_{\text{in}} + \frac{X_1^*}{D} \left[(N_{S1} k_1 - N_{\text{bac}}) (\alpha D + k_{d1}) + k_{d1} N_{\text{bac}} \mu_{1\text{max}} \right], \quad (5.11)$$

donde el primer término del corchete es el balance de nitrógeno por crecimiento (ecuación 5.6, fuertemente negativo: la biomasa consume más alcalinidad de la que el sustrato libera) y el segundo es la liberación de nitrógeno por muerte bacteriana ($k_{d1} N_{\text{bac}} \mu_{1\text{max}} > 0$, un efecto parcialmente compensatorio).

Punto de cruce y tres zonas. Evaluando $Z^*(D)$ y $S_2^*(D)$ simultáneamente, se identifica un punto de cruce $D_{\text{cruce}} = 0.3614 \text{ dia}^{-1}$ donde $Z^* = S_2^*$. Este punto divide la Región I en tres zonas con características fisicoquímicas muy distintas:

- **Zona 1** ($D < D_{\text{cruce}} = 0.361$, el 87 % de la Región I): $Z^* < S_2^*$ y el pH está *indefinido*. El tampón bicarbonato está agotado. En estas condiciones, la función de inhibición tomaría su valor máximo ($I(\text{pH}) \rightarrow 1$), lo que anularía completamente la tasa de crecimiento metanogénico: $(1 - I(\text{pH})) \rightarrow 0$, y por tanto $\mu_2 \rightarrow 0$. **Mamiña opera en esta zona** ($D = 0.027$, déficit $Z^* - S_2^* = -110.5 \text{ mmol L}^{-1}$).
- **Zona 2** ($0.361 < D < D_1^{\text{bif}} = 0.414$, el 13 % restante): el pH tiene solución física pero toma valores entre 8.1 y 11.2, completamente fuera del rango óptimo 6.8–7.5 para la metanogénesis.
- **Zona 3** ($D > D_1^{\text{bif}}$, lavado total): $\text{pH} \approx 12.3$, igualmente inadecuado.

La Figura 5.25 visualiza estas tres zonas. El resultado es contundente: el rango óptimo de pH para la metanogénesis (franja verde, 6.8–7.5) no se alcanza en *ninguna* condición de operación del modelo extendido con los parámetros actuales.

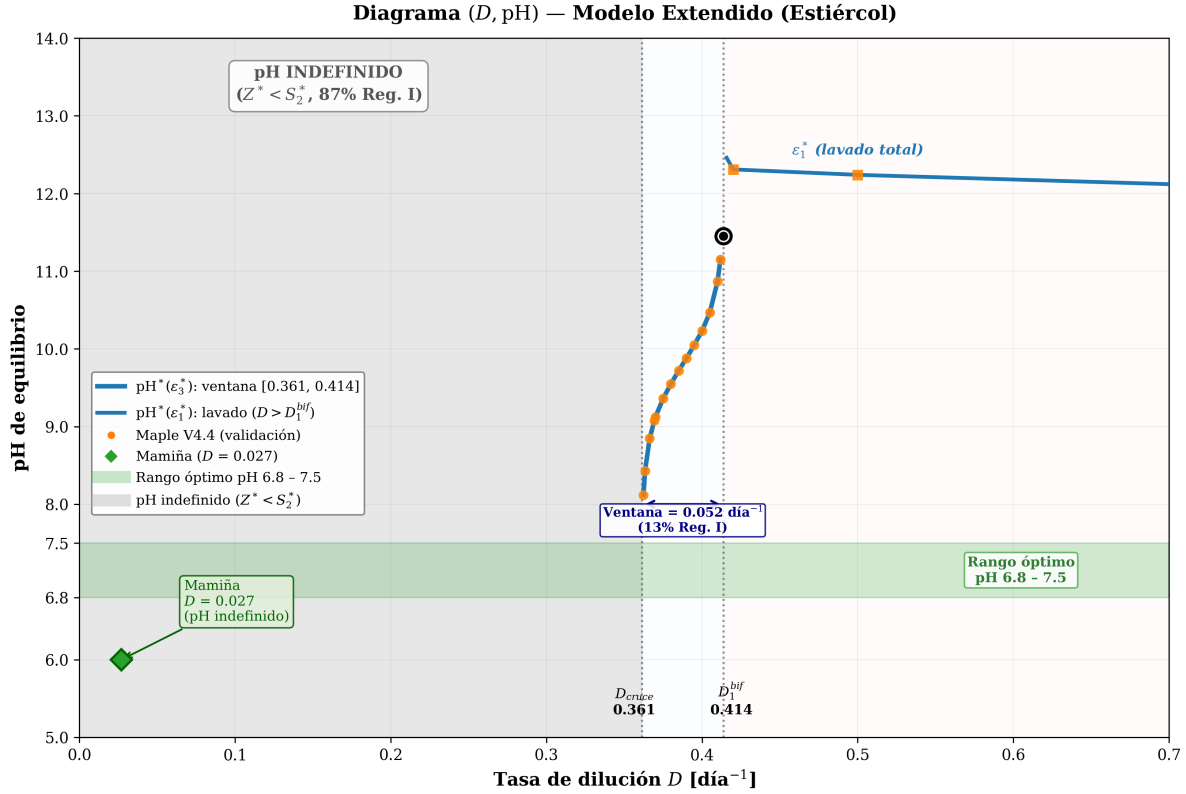


Figura 5.25: Diagrama (D , pH) del modelo extendido. Zona gris: pH indefinido ($Z^* < S_2^*$, 87 % de Región I). Curva azul: ventana [0.361, 0.414] con pH definido pero fuera del rango óptimo. Franja verde: rango óptimo 6.8–7.5 (inalcanzable). Diamante verde: Mamiña ($D = 0.027$, pH indefinido).

Frontera de segundo tipo. El cruce $Z^* = S_2^*$ en $D_{\text{cruce}} = 0.3614$ no es una bifurcación en el sentido clásico (no cambia el número ni la estabilidad de los equilibrios), pero marca un cambio cualitativo en la *observabilidad* del sistema: por debajo del cruce, el pH no puede calcularse y la función de inhibición $I(\text{pH})$ pierde sentido. Denominamos a este cruce una **frontera de segundo tipo** para distinguirla de las bifurcaciones transcítica y silla-nodo.

Diagrama alternativo (D , Z_{in}): herramienta para el operador. Dado que el diagrama (D , pH) es mayoritariamente indefinido, resulta más útil un diagrama donde el eje vertical sea la alcalinidad de entrada Z_{in} — la variable que el operador puede modificar mediante suplementación con NaHCO_3 . La Figura 5.26 muestra este diagrama.

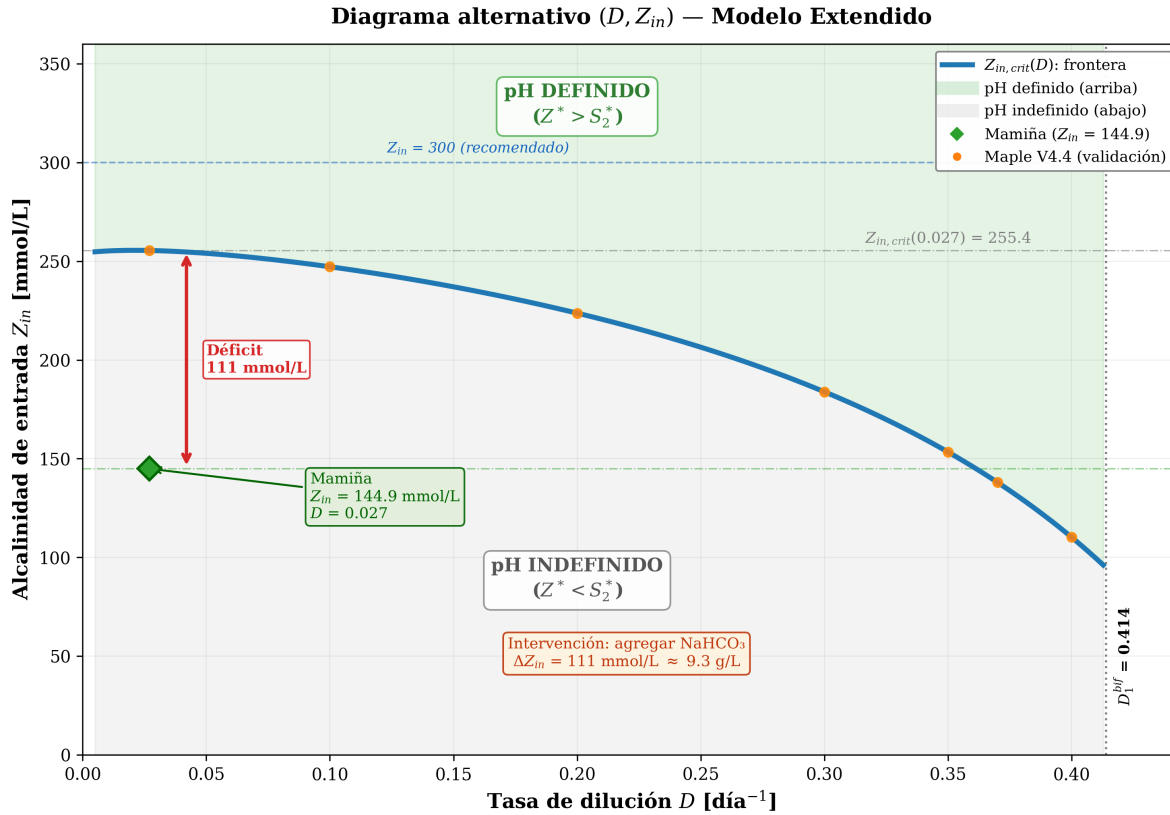


Figura 5.26: Diagrama (D, Z_{in}) del modelo extendido. La curva $Z_{in}^{crit}(D)$ separa las zonas de pH definido (arriba) e indefinido (abajo). Diamante verde: Mamiña ($Z_{in} = 144.9 \text{ mmol L}^{-1}$, $D = 0.027$). Flecha roja: déficit de 111 mmol L^{-1} .

La curva $Z_{in}^{crit}(D)$ es decreciente: a menor D (mayor actividad biológica, más biomasa, más consumo de alcalinidad), se requiere más alcalinidad externa para mantener el pH definido. Para Mamiña, $Z_{in}^{crit} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$ mientras que $Z_{in} = 144.9 \text{ mmol L}^{-1}$: el déficit es de 111 mmol L^{-1} , equivalente a $\approx 9 \text{ g L}^{-1}$ de NaHCO_3 . Sin embargo, la suplementación de alcalinidad sola no bastaría para restaurar la metanogénesis: incluso con $Z_{in} = 300 \text{ mmol L}^{-1}$, el pH resultante sería ≈ 11.3 (Zona 2), lejos del óptimo 6.8–7.5, porque la regulación del pH requiere también ajustar el CO_2 disuelto (Recomendación R3, Sección 5.3).

Para el operador de Mamiña, el diagrama (D, Z_{in}) reemplaza al (D, pH) como herramienta de diseño: muestra directamente cuánta alcalinidad agregar para cada tasa de dilución. Las prácticas actuales — dilución estiércol:agua 1:3 con agua andina rica en minerales (Guzmán-Cood, 2024) — son consistentes con un aporte parcial de alcalinidad que mantiene al sistema alejado del equilibrio ε_3^* , operando en un estado transitorio con producción intermitente de biogás. La inexistencia de una región segura en el plano (D, pH) y la identificación de Z_{in} como variable de control constituyen los Descubrimientos **D9** y **D10** respectivamente (Tabla 5.24).

5.2.13. Sensibilidad paramétrica de D_1^{bif} (Fase IV)

Los parámetros del modelo extendido provienen de Arzate (2019) y Ficara et al. (2014) y no han sido calibrados con datos del biodigestor de Mamiña (Limitación L1, Sección 4.11). ¿Cuánto cambiaría el valor crítico D_1^{bif} si los parámetros fueran ligeramente diferentes? La sensibilidad paramétrica responde esta pregunta mediante la elasticidad normalizada $S_p = (p/D_1^{\text{bif}}) \partial D_1^{\text{bif}} / \partial p$, que mide el porcentaje de cambio en D_1^{bif} por cada 1 % de cambio en el parámetro p . La fórmula cerrada de D_1^{bif} (ecuación 5.9) depende de 5 parámetros: $\mu_{1\text{max}}$, K_{S1} , $S_{1\text{in}}$, k_{d1} y α .

La Tabla 5.18 presenta las 5 elasticidades, derivadas analíticamente y verificadas numéricamente con perturbaciones $\pm 10\%$. La Figura 5.27 visualiza la jerarquía y compara con el estándar.

Tabla 5.18: Sensibilidades normalizadas de D_1^{bif} y comparación con el modelo estándar. Clasificación: $|S| > 1$ dominante, $0.5 < |S| < 1$ significativo, $|S| < 0.5$ moderado a bajo. La suma $\Sigma = 0$ verifica la propiedad de Euler (homogeneidad de la fórmula).

Parámetro	S_p (extendido)	S_p (estándar)	Clasificación	Interpretación
$\mu_{1\text{max}}$	+1.134	+1.000	Dominante	Amplificado por k_{d1}
α	−1.000	−1.000	Dominante	Proporcionalidad inversa
K_{S1}	−0.374	−0.314	Moderado	Más afinidad = más margen
$S_{1\text{in}}$	+0.374	+0.314	Moderado	Más sustrato orgánico = más margen
k_{d1}	−0.134	—	Bajo	Nuevo: sin paralelo en estándar
Σ	0.000	0.000	Propiedad de Euler verificada	

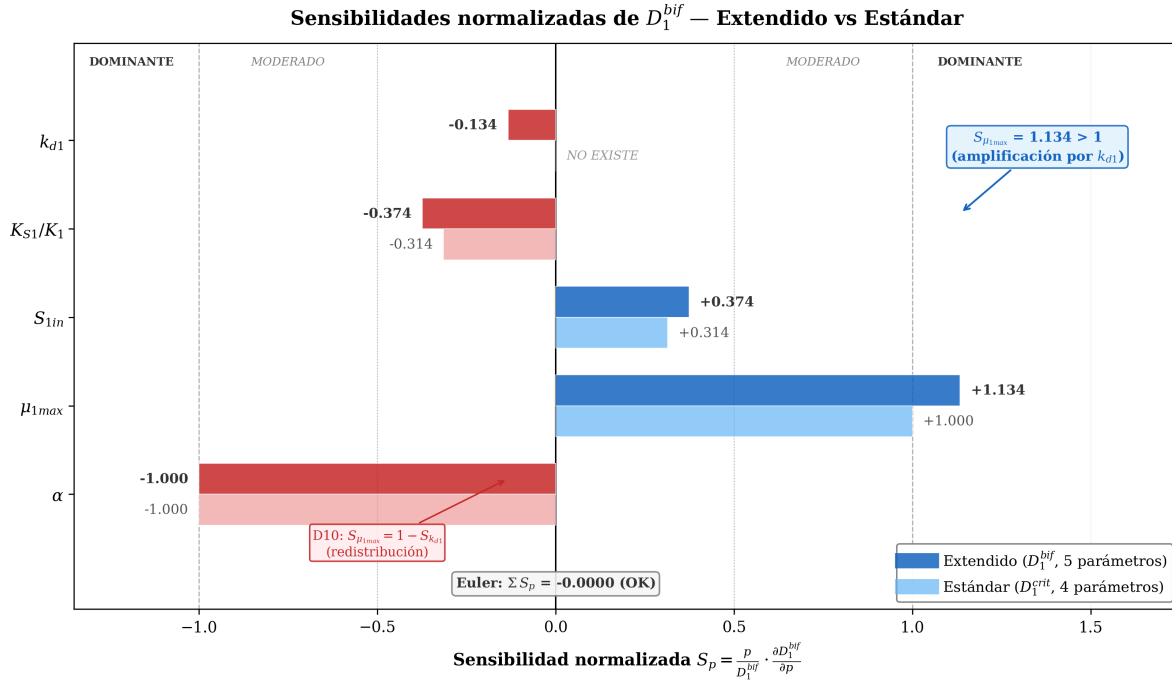


Figura 5.27: Sensibilidades normalizadas de D_1^{bif} : modelo extendido (barras oscuras) vs estándar (barras claras). Líneas verticales en $|S| = 0.5$ y $|S| = 1.0$. El parámetro k_{d1} (muerte acidogénica) es nuevo y no tiene paralelo en el estándar.

Resultado principal: el problema de coexistencia es estructural. Las sensibilidades de la tabla caracterizan la frontera de bifurcación D_1^{bif} (lavado de acidogénicos), pero el problema central del modelo extendido — la inexistencia de coexistencia — depende de la condición $Z^* > S_2^*$, que involucra otros parámetros (k_2/k_1 , N_{bac} , Z_{in}). **El déficit de alcalinidad no se debe a valores imprecisos de los parámetros cinéticos, sino a la estructura misma del modelo extendido con parámetros de estiércol:** incluso sustituyendo la relación estequiométrica k_2/k_1 por el valor de aguas residuales de Bernard (2.76 en vez de 8.72), el déficit $Z^* - S_2^*$ persiste (-8.8 mmol L^{-1}). Ninguna variación razonable de los parámetros cinéticos puede restaurar la coexistencia. La única intervención efectiva es aumentar la alcalinidad de entrada Z_{in} a $\geq 255 \text{ mmol L}^{-1}$ (Sección 5.2.12), lo que corresponde a la Recomendación R3 (Sección 5.3).

Amplificación por muerte bacteriana. Dentro del análisis de D_1^{bif} , la sensibilidad a μ_{1max} es $S = +1.134$, lo que significa que un aumento del 10 % en μ_{1max} produce un aumento del 11.3 % en D_1^{bif} — una amplificación superior a la proporcionalidad directa ($S = 1.000$ en el estándar). La diferencia se debe a la muerte bacteriana: al agregar $k_{d1} > 0$, el valor de D_1^{bif} se reduce y cualquier variación en μ_{1max} tiene un efecto proporcionalmente mayor. La sensibilidad a μ_{1max} y la sensibilidad a k_{d1} están ligadas por $1.134 = 1 - (-0.134)$: la muerte bacteriana “transfiere” sensibilidad hacia μ_{1max} , sin alterar la suma total ($\Sigma = 0$, propiedad

de Euler). Para el operador, la temperatura del reactor — que afecta directamente $\mu_{1\max}$ — es el factor más crítico para la viabilidad de los acidogénicos.

Propagación de incertidumbre y robustez. Asumiendo incertidumbres de $\delta = 20\%$ en parámetros cinéticos y 10% en operacionales, la propagación lineal da $\delta(D_1^{\text{bif}})/D_1^{\text{bif}} \approx 27\%$, lo que implica $D_{1,\min}^{\text{bif}} \approx 0.302 \text{ dia}^{-1}$. El margen mínimo para Mamiña es $0.302/0.027 = 11.2\times$, confirmando que el reactor opera lejos de la bifurcación incluso bajo incertidumbre paramétrica significativa.

Recomendaciones operacionales. Monitorear la temperatura del reactor (afecta $\mu_{1\max}$, el parámetro dominante con $|S| = 1.13$), la composición del estiércol de entrada (afecta $S_{1\text{in}}$, $|S| = 0.37$), y mantener un TRH > 30 días. La suplementación de alcalinidad con NaHCO_3 (Sección 5.2.12) es la acción prioritaria para modificar el comportamiento del reactor, ya que la sensibilidad de D_1^{bif} no captura el problema de la metanogénesis ausente — para restaurar la coexistencia se requiere intervenir sobre Z_{in} , no sobre los parámetros cinéticos.

5.2.14. Verificación numérica (Fase V)

El análisis de las Fases I–IV predijo que el reactor con parámetros de estiércol converge a un estado de acidogénesis pura (ε_3^* , $X_2^* = 0$) en toda la Región I, un resultado cualitativamente opuesto al del modelo estándar, donde el reactor converge a coexistencia (ε_5^* , $X_2^* > 0$, Sección 5.1.8). La verificación numérica tiene un doble objetivo: primero, confrontar estas predicciones analíticas —equilibrios, estabilidad (Proposición 3.13), clasificación por valores propios (Teorema de Hartman-Grobman, Teorema 3.10)— con la dinámica simulada del sistema completo de 6 EDOs; segundo, obtener evidencia de que la convergencia a ε_3^* ocurre desde condiciones iniciales lejanas —no solo cercanas al equilibrio—, lo que indica que su cuenca de atracción (Definición 3.12) es amplia. Esta verificación corresponde al OE6 (Tabla 1.2) y es estrictamente *numérica*, no una validación empírica (Sección 4.11).

Se seleccionó $D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$ para la Región I (punto interior, lejos de la bifurcación $D_1^{\text{bif}} = 0.4138$) y $D = 0.50 \text{ dia}^{-1}$ para la Región II (lavado total). Las condiciones iniciales CI1–CI4 (Tabla 4.2) fueron adaptadas respecto a las del modelo estándar: la alcalinidad inicial se elevó a $Z(0) = 110\text{--}120 \text{ mmol L}^{-1}$ y el carbono inorgánico a $C(0) = 50\text{--}90 \text{ mmol L}^{-1}$ para evitar que la variable $\psi = C + S_2 - Z$ sea negativa desde $t = 0$, lo que haría el pH indefinido inmediatamente. Esta adaptación es necesaria porque las CI del estándar ($Z(0) = 50$, $C(0) = 40 \text{ mmol L}^{-1}$) producen $Z(0) < S_2(0)$ con los valores de entrada del estiércol, una condición que en el modelo estándar no se presenta porque $Z^* = Z_{\text{in}}$ siempre (ecuación 2.9).

Región I ($D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$). En esta región, el análisis de estabilidad (Tabla 5.15) predice que ε_3^* (acidogénesis pura) es el único equilibrio asintóticamente estable: todos sus valores propios tienen parte real negativa. La pregunta que la simulación responde es si esta con-

vergencia ocurre efectivamente desde las cuatro condiciones iniciales CI1–CI4 (Tabla 4.2), distribuidas en diferentes regiones del espacio de estados, y no solo desde condiciones cercanas al equilibrio. En el modelo estándar, la verificación análoga (Sección 5.1.8) confirmó convergencia a coexistencia (ε_5^*); aquí se espera convergencia a acidogénesis pura ($X_2 \rightarrow 0$), resultado cualitativamente opuesto.

Las cuatro trayectorias convergen a ε_3^* con $X_1^* = 0.357 \text{ g L}^{-1}$, $X_2^* = 0$, $S_1^* = 6.96 \text{ g L}^{-1}$ (sustrato orgánico residual), $S_2^* = 193.6 \text{ mmol L}^{-1}$ (VFAs acumulados), $Z^* = 132.1 \text{ mmol L}^{-1}$ ($\neq Z_{\text{in}}$), $C^* = -61.5 \text{ mmol L}^{-1}$ (inadmisibles). La Figura 5.28 visualiza este resultado en el plano de biomasa.

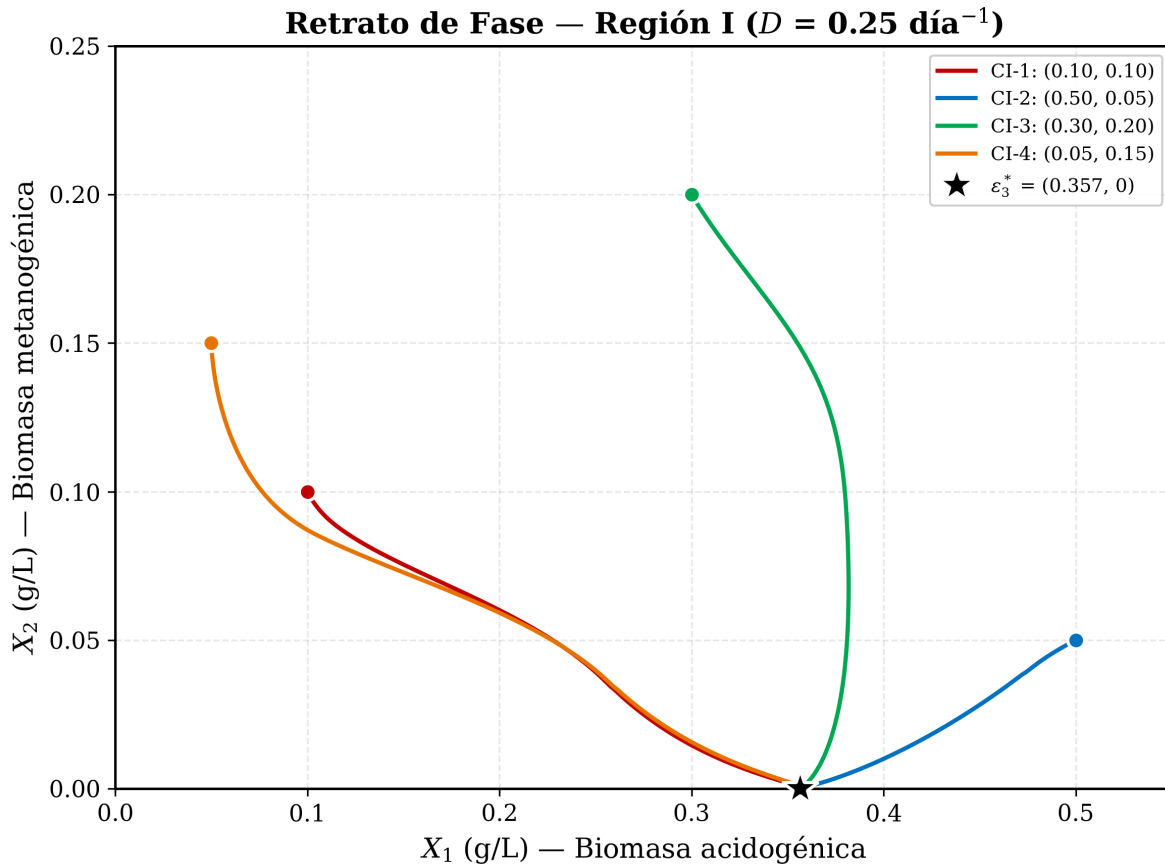


Figura 5.28: Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$ (Región I). Las cuatro órbitas convergen a $\varepsilon_3^* = (0.357, 0)$ sobre el eje X_1 . En el estándar (Figura 5.4), las órbitas convergen a un punto interior del primer cuadrante (coexistencia).

La Figura 5.28 confirma que ε_3^* es el único atractor en la Región I: las cuatro CI, incluyendo una con alta biomasa metanogénica ($X_2(0) = 0.80 \text{ g L}^{-1}$), convergen al eje X_1 ($X_2 \rightarrow 0$). El sistema pasa cerca del equilibrio numérico e_D^{num} sin ser capturado por él (Sección 5.2.6). El contraste con el modelo estándar es frontal: allí, las cuatro CI convergen a un

punto interior del primer cuadrante donde ambas poblaciones coexisten (Figura 5.4); aquí, todas convergen al eje horizontal, donde los metanógenos están ausentes. Biológicamente, los metanógenos se extinguen independientemente de su concentración inicial, confirmando los Descubrimientos **D2** y **D3** (Tabla 5.24).

Las Figuras 5.29–5.31 presentan las trayectorias temporales de las seis variables de estado para la condición inicial principal.

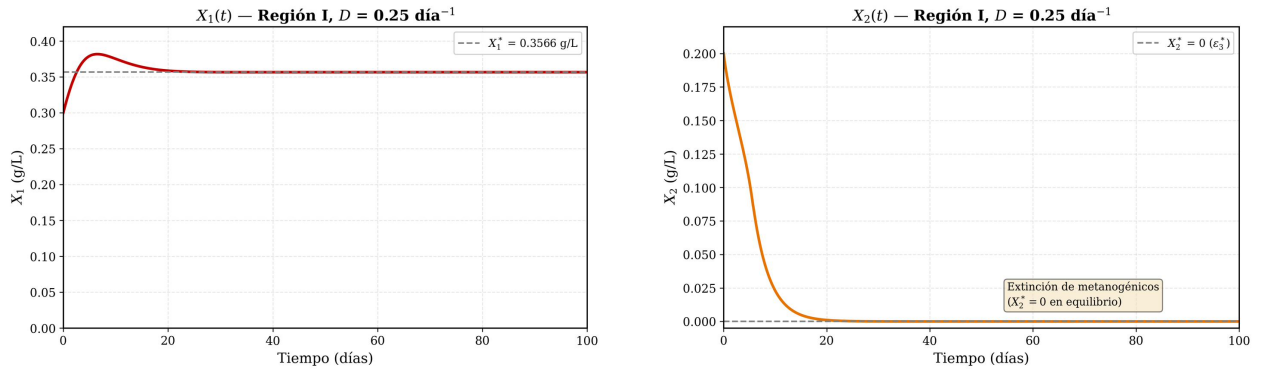


Figura 5.29: Trayectorias temporales de biomasa en Región I ($D = 0.25$ día $^{-1}$). Izquierda: $X_1(t)$, sobrepaso transitorio antes de converger a 0.357 g L $^{-1}$. Derecha: $X_2(t)$, decaimiento a cero (extinción de metanógenos).

La biomasa acidogénica $X_1(t)$ presenta un sobrepaso transitorio (máximo ~ 0.38 g L $^{-1}$ en $t \approx 7$ días) antes de converger monótonamente a $X_1^* = 0.357$ g L $^{-1}$. La biomasa metanogénica $X_2(t)$ decae exponencialmente a cero en menos de 30 días. La extinción de los metanógenos es la consecuencia directa de la monotonía de μ_2 y del acoplamiento $Z \leftrightarrow$ biomasas: sin capacidad buffer suficiente —es decir, sin alcalinidad Z que pueda neutralizar los VFAs para mantener el pH estable (Sección 2.2.2)—, la metanogénesis es estructuralmente inviable.

La Figura 5.30 muestra las trayectorias de los sustratos, donde se concentra el contraste más marcado con el modelo estándar.

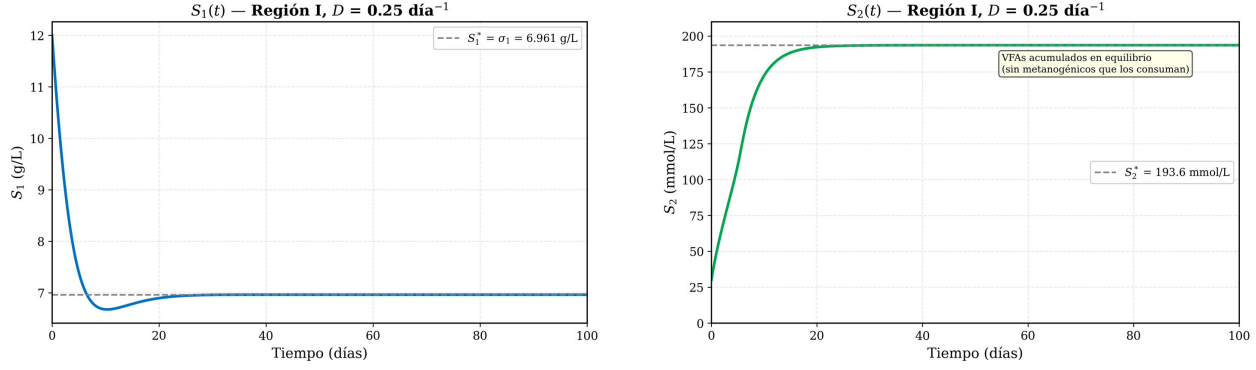


Figura 5.30: Trayectorias temporales de sustratos en Región I ($D = 0.25 \text{ día}^{-1}$). Izquierda: sustrato orgánico $S_1(t)$, converge a $\sigma_1 = 6.96 \text{ g L}^{-1}$. Derecha: VFAs $S_2(t)$, acumulación hasta $193.6 \text{ mmol L}^{-1}$. Comparar con Figura 5.6 del estándar, donde $S_2^* = 4.78 \text{ mmol L}^{-1}$.

El contraste con el modelo estándar es contundente: en la Región I del estándar (Figura 5.6), los VFAs convergen a $S_2^* = 4.78 \text{ mmol L}^{-1}$ porque los metanógenos los consumen activamente; en el extendido, $S_2^* = 193.6 \text{ mmol L}^{-1}$ porque $X_2^* = 0$ y los VFAs se acumulan sin ser procesados. La relación $S_2^*/S_{2\text{in}} = 193.6/94.95 = 2.04\times$ confirma la acidificación predicha analíticamente: la acidogénesis produce más VFAs de los que llegan con la alimentación. El sustrato orgánico $S_1(t)$ converge a $\sigma_1 = 6.96 \text{ g L}^{-1}$, lo que indica una degradación del 62% ($\eta_1 = 1 - 6.96/18.285 = 62\%$), significativamente menor que en Mamiña ($\eta_1 = 93.4\%$ a $D = 0.027$), porque la mayor tasa de dilución deja menos tiempo de contacto.

La Figura 5.31 muestra las variables auxiliares, donde se manifiesta la ruptura más profunda con el modelo estándar.

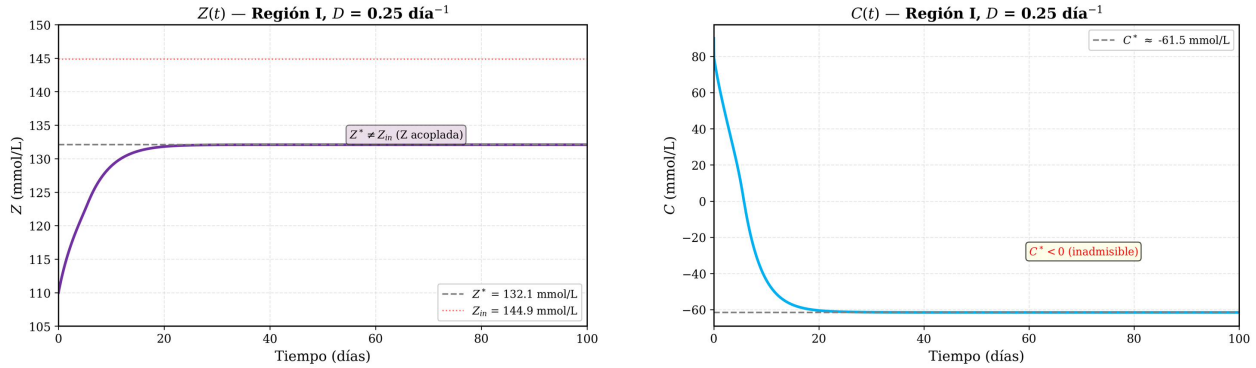


Figura 5.31: Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región I ($D = 0.25 \text{ día}^{-1}$). Izquierda: alcalinidad $Z(t)$, converge a $Z^* = 132.1 \text{ mmol L}^{-1} \neq Z_{\text{in}}$ (en el estándar, $Z^* = Z_{\text{in}} = 50$ siempre, Figura 5.7). Derecha: carbono inorgánico $C(t)$, converge a $C^* \approx -61.5 \text{ mmol L}^{-1}$ (negativo, inadmisibles).

Estas trayectorias muestran las dos diferencias más importantes con el modelo estándar. Primero, $Z(t)$ converge a $Z^* = 132.1 \neq Z_{\text{in}} = 144.9 \text{ mmol L}^{-1}$: la alcalinidad *no* se conserva,

confirmando que los N-términos de la ecuación (2.18) acoplan Z a la biomasa X_1 . La pérdida de 12.8 mmol L^{-1} de capacidad buffer refleja directamente el balance de nitrógeno negativo (ecuación 5.6): cada gramo de biomasa producida destruye 33.78 mmol de alcalinidad. En el estándar, $Z^* = Z_{\text{in}}$ siempre (Figura 5.7). Segundo, $C(t)$ converge a un valor **negativo** ($C^* \approx -61.5 \text{ mmol L}^{-1}$), resultado *físicamente imposible* que confirma numéricamente el Descubrimiento **D8** (Tabla 5.24): el equilibrio ε_3^* predice una concentración de carbono inorgánico inadmisibles. El sistema real no puede alcanzar completamente este equilibrio; el biodigestor de Mamiña opera necesariamente en un *estado transitorio*, no en ε_3^* (Sección 5.2.15).

Tabla 5.19: Verificación analítico vs numérico para ε_3^* ($D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$). Error relativo inferior a $4 \times 10^{-9} \%$ en las 5 variables admisibles; C^* incluido para documentar la inadmisibilidad (D8). Fuente: Maple P2-V12.

Variable	Analítico (ε_3^*)	Numérico ($t = 100$)	Error
X_1	0.3566 g L^{-1}	0.3566 g L^{-1}	$2.9 \times 10^{-9} \%$
X_2	0	1.76×10^{-14}	$\rightarrow 0$
S_1	6.962 g L^{-1}	6.962 g L^{-1}	$3.8 \times 10^{-9} \%$
S_2	$193.6 \text{ mmol L}^{-1}$	$193.6 \text{ mmol L}^{-1}$	$3.3 \times 10^{-9} \%$
Z	$132.1 \text{ mmol L}^{-1}$	$132.1 \text{ mmol L}^{-1}$	$3.3 \times 10^{-11} \%$
C	$-61.5 \text{ mmol L}^{-1}$	$-61.5 \text{ mmol L}^{-1}$	0.07% (inadmisibles)

Región II ($D = 0.50 \text{ dia}^{-1}$). Para $D > D_1^{\text{bif}}$, ε_3^* no existe ($\sigma_1 > S_{1\text{in}}$: el sustrato orgánico de entrada es insuficiente para sostener a los acidogénicos) y el único equilibrio es ε_1^* (lavado total): $X_1^* = X_2^* = 0$, $S_1^* = S_{1\text{in}}$, $S_2^* = S_{2\text{in}}$, $Z^* = Z_{\text{in}}$. Biológicamente, la tasa de dilución supera la capacidad de crecimiento de ambas poblaciones y el reactor pierde toda actividad biológica. La Figura 5.32 muestra el retrato de fase.

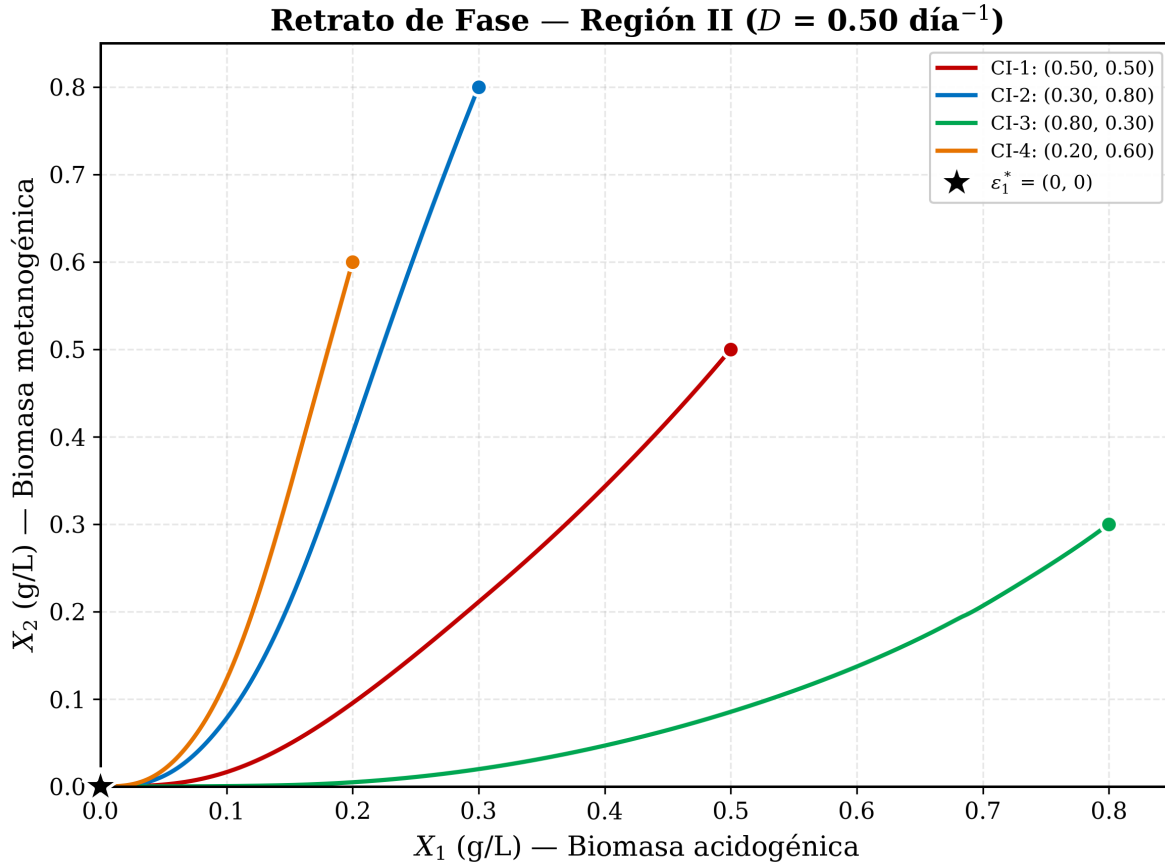


Figura 5.32: Retrato de fase en el plano (X_1, X_2) para $D = 0.50 \text{ día}^{-1}$ (Región II). Las cuatro órbitas convergen al origen $(0, 0)$: lavado total. El mismo valor de D corresponde a Región I en el estándar, donde aún hay coexistencia (Figura 5.4).

La Figura 5.32 confirma el lavado total: las cuatro CI, incluso con biomasa alta ($X_1(0) = 0.80$, $X_2(0) = 0.80 \text{ g L}^{-1}$), decaen monótonamente al origen. A diferencia de la Región I, no hay fase transitoria de crecimiento. Nótese que $D = 0.50 \text{ día}^{-1}$ se sitúa en la Región I del estándar, donde las cuatro CI convergen a coexistencia (Figura 5.4): la misma tasa de dilución que permite operación biológica plena en el estándar produce lavado completo en el extendido, reflejando la reducción del 74.6 % en el valor crítico ($D_1^{\text{bif}} = 0.414$ vs $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ día}^{-1}$). Las Figuras 5.33–5.35 muestran las trayectorias temporales de las seis variables.

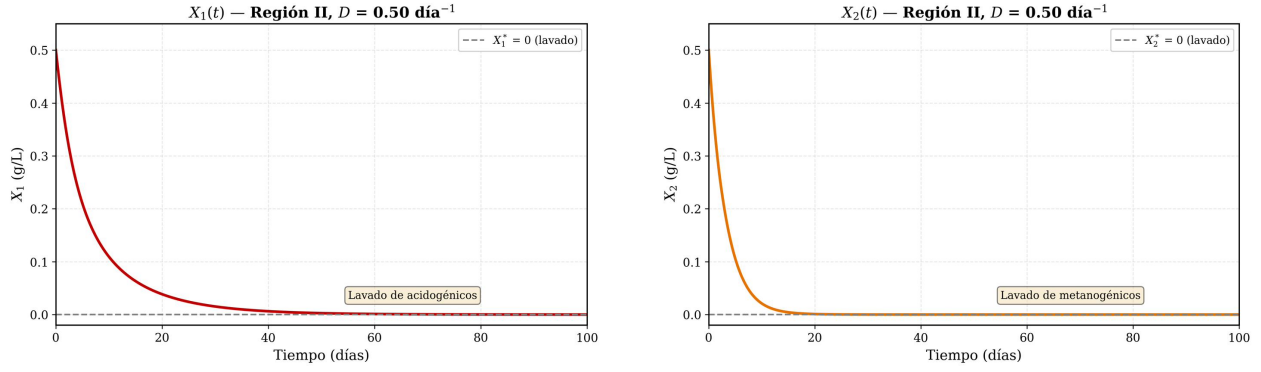


Figura 5.33: Trayectorias temporales de biomasa en Región II ($D = 0.50 \text{ día}^{-1}$). Ambas poblaciones decaen exponencialmente a cero (lavado total).

El lavado de ambas poblaciones es simultáneo pero con tasas distintas: X_2 decae más rápido que X_1 porque $\mu_{2\max} - k_{d2} = 0.34 < \mu_{1\max} - k_{d1} = 0.645 \text{ día}^{-1}$. Para el operador, la Región II representa el escenario de falla completa: si D superara $D_1^{\text{bif}} = 0.4138 \text{ día}^{-1}$ (TRH < 2.4 días), el reactor perdería toda actividad biológica.

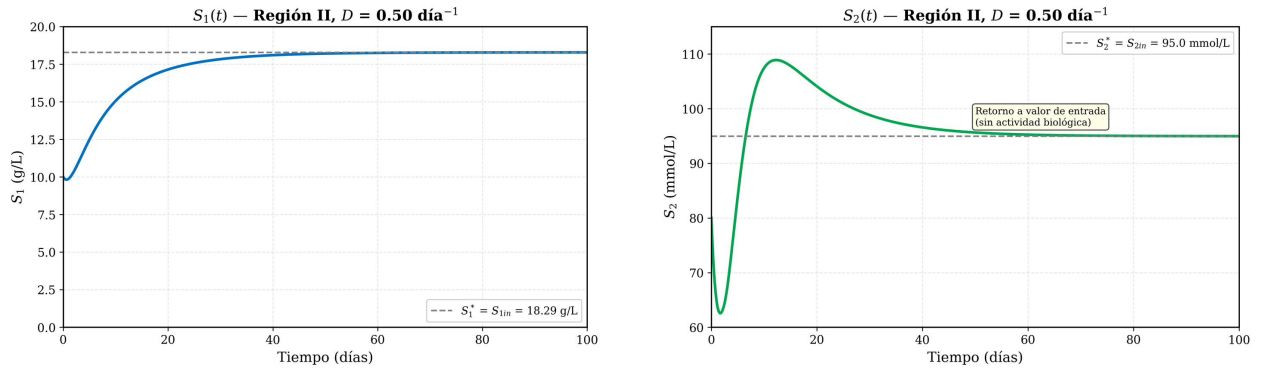


Figura 5.34: Trayectorias temporales de sustratos en Región II. Izquierda: sustrato orgánico $S_1(t)$, retorno a $S_{1\text{in}}$. Derecha: VFAs $S_2(t)$, pico transitorio ($\sim 109 \text{ mmol L}^{-1}$ en $t \approx 10$) seguido de retorno a $S_{2\text{in}}$.

El pico transitorio de $S_2(t)$ se explica porque X_1 (aún activa brevemente) produce VFAs mientras X_2 ya no puede consumirlos. Cuando X_1 también se lava, los VFAs retornan al valor de entrada. Este comportamiento es análogo al observado en la Región II del estándar. La Figura 5.35 muestra las variables auxiliares.

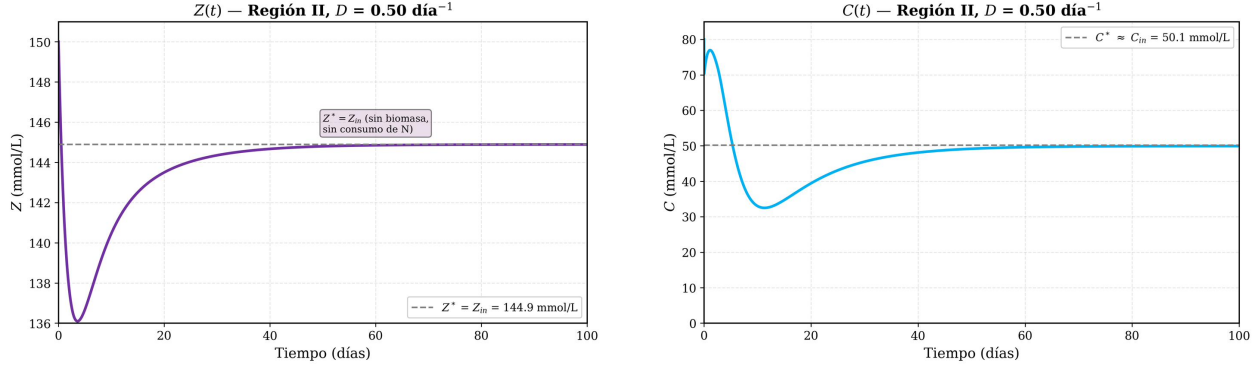


Figura 5.35: Trayectorias temporales de variables auxiliares en Región II. Izquierda: $Z(t)$, rizo transitorio seguido de retorno a Z_{in} . Derecha: $C(t)$, retorno a $C^* \approx C_{\text{in}} > 0$ (admisible, a diferencia de Región I).

En la Región II, sin biomasa activa, los N-términos de la ecuación (2.18) se anulan y las variables auxiliares retornan a sus valores de entrada: $Z^* = Z_{\text{in}}$ y $C^* \approx C_{\text{in}} > 0$. El contraste con la Región I es instructivo: C^* es positivo (admisible) porque no hay actividad biológica que agote el carbono inorgánico ni que consuma alcalinidad. En esta región, el modelo extendido se comporta idénticamente al estándar — la diferencia entre ambos modelos se manifiesta exclusivamente cuando hay biomasa activa que active los mecanismos de muerte y consumo de alcalinidad. Para el operador de Mamiña, la Región II es inalcanzable en operación normal: requeriría reducir el TRH de 37 a menos de 2.4 días.

Tabla 5.20: Verificación analítico vs numérico para ε_1^* ($D = 0.50 \text{ día}^{-1}$). Lavado total confirmado con error inferior a 0.01 %. Fuente: Maple P2-V12.

Variable	Analítico (ε_1^*)	Numérico ($t = 100$)	Error
X_1	0	3.50×10^{-5}	$\rightarrow 0$
X_2	0	4.73×10^{-13}	$\rightarrow 0$
S_1	18.285 g L^{-1}	18.284 g L^{-1}	0.0002 %
S_2	$94.95 \text{ mmol L}^{-1}$	$94.96 \text{ mmol L}^{-1}$	0.01 %
Z	$144.89 \text{ mmol L}^{-1}$	$144.89 \text{ mmol L}^{-1}$	0.001 %

Convergencia crítica en $D \approx D_1^{\text{bif}}$. Para verificar dinámicamente la bifurcación transcrítica, se simuló con $D = 0.414 \text{ día}^{-1}$ (apenas superior a $D_1^{\text{bif}} = 0.4138$). La convergencia a ε_1^* es muy lenta: $X_1(50) = 0.057$, $X_1(100) = 0.032$, $X_1(200) = 0.017$, $X_1(500) = 0.007 \rightarrow 0$. El decaimiento es *algebraico* (no exponencial), comportamiento característico de la proximidad a una bifurcación transcrtica donde el valor propio dominante $\lambda_2 \approx 0$. Esta convergencia lenta confirma dinámicamente el Descubrimiento **D4** (Tabla 5.24).

Síntesis de la verificación numérica. Las simulaciones del sistema completo de 6 EDOs en Región I ($D = 0.25 \text{ dia}^{-1}$) y Región II ($D = 0.50 \text{ dia}^{-1}$) confirman las predicciones analíticas de las Fases I–IV. En la Región I, las cuatro condiciones iniciales CI1–CI4 convergen al equilibrio de acidogénesis pura ε_3^* , confirmando que es el único atractor de la región (**D5**, Tabla 5.24). La biomasa metanogénica se extingue en todos los casos ($X_2 \rightarrow 0$), independientemente de la concentración inicial, como consecuencia de la cinética monótona y la imposibilidad estructural de coexistencia (**D2**, **D3**). La alcalinidad converge a $Z^* = 132.1 \neq Z_{\text{in}} = 144.9 \text{ mmol L}^{-1}$, confirmando que los N-términos de Ficara et al. (2014) acoplan Z a la biomasa y destruyen la capacidad buffer del medio — es decir, la capacidad del bicarbonato para neutralizar los VFAs sin que el pH descienda. El carbono inorgánico converge a $C^* = -61.5 \text{ mmol L}^{-1}$, un valor negativo y físicamente inadmisibles que confirma el pH indefinido en ε_3^* (**D8**). En la frontera de bifurcación ($D \approx D_1^{\text{bif}}$), la convergencia es algebraica, no exponencial, comportamiento característico de la proximidad a una bifurcación transcítica verificada formalmente por Sotomayor (**D4**, Tabla 5.17).

En la Región II, las cuatro CI convergen al lavado total ε_1^* ($X_1^* = X_2^* = 0$), confirmando que la estructura simplificada del modelo extendido posee solo dos equilibrios y dos regiones (**D6**), con un margen de seguridad $D_1^{\text{bif}}/D = 15.3\times$ para Mamiña (**D7**). En esta región, $Z^* = Z_{\text{in}}$ y $C^* > 0$ (admisibles): sin biomasa activa, los mecanismos de muerte y consumo de alcalinidad no operan y el modelo se comporta idénticamente al estándar. Los errores analítico-numérico son inferiores a $4 \times 10^{-9} \%$ en Región I y 0.01% en Región II (Tablas 5.19–5.20), validando la implementación del sistema de 6 EDOs y el protocolo de verificación cruzada (Sección 4.6).

Contraste global con el estándar. La verificación revela la discrepancia central entre ambos modelos. En la Región I del estándar (Sección 5.1.8), las cuatro CI convergen a coexistencia (ε_5^* , $X_2^* > 0$, $S_2^* = 4.78 \text{ mmol L}^{-1}$); en el extendido, convergen a acidogénesis pura (ε_3^* , $X_2^* = 0$, $S_2^* = 193.6 \text{ mmol L}^{-1}$): una diferencia de $40\times$ en los VFAs de equilibrio. En la Región II, ambos modelos coinciden en lavado total, pero la Región II del extendido comienza en $D_1^{\text{bif}} = 0.414 \text{ dia}^{-1}$, valor que en el estándar aún corresponde a Región I con coexistencia plena. Para el biodigestor de Mamiña ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$), estas verificaciones genéricas —a tasas de dilución $10\times$ y $19\times$ mayores que la operativa— se traducen en un fenómeno cualitativamente nuevo cuando se simula el punto operativo real: un transitorio de coexistencia de ~ 19 años que se analiza en la Sección 5.2.15. Con estos resultados, el OE6 (Tabla 1.2) **avanza**; resta la simulación de Mamiña y la síntesis de indicadores para cerrarlo.

5.2.15. Transitorio de Mamiña (Fase V)

Las verificaciones de la Sección 5.2.14 confirmaron que, para $D = 0.25$ y $D = 0.50 \text{ dia}^{-1}$, el reactor converge al equilibrio predicho en menos de 40 días. La simulación con $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ — la tasa de dilución real del biodigestor de Mamiña (Guzmán-Cood, 2024) — revela un fenómeno cualitativamente diferente: un período prolongado durante el cual los microorganismos acidogénicos (que degradan la materia orgánica) y los metanogénicos (que producen biogás y estabilizan los VFAs) coexisten y el reactor aparenta funcionar correctamente, a pesar de que el destino a largo plazo es la extinción de los metanogénicos (*transitorio de coexistencia*). Este transitorio dura décadas y no tiene análogo en el modelo estándar.

El problema. El modelo extendido predice que en equilibrio el biodigestor de Mamiña es un reactor puramente acidogénico: $X_2^* = 0$, $\eta_2 = 0\%$, sin producción de biogás — consecuencia directa de la cinética monótona y la inexistencia de coexistencia analítica (**D2**, **D3**, **D5**; Tabla 5.24). Sin embargo, Guzmán-Cood (2024) observó biogás y digestato funcional durante más de 12 meses. ¿Cómo puede un modelo que predice extinción ser compatible con la realidad?

La explicación. Cuando el reactor arranca con metanógenos presentes (como ocurre con cualquier inóculo natural), estos no desaparecen instantáneamente. La tasa neta de decaimiento de la biomasa metanogénica en el entorno de ε_3^* es:

$$\mu_2 - \alpha D - k_{d2} \approx 0.0868 - 0.027 - 0.060 = -3.2 \times 10^{-4} \text{ dia}^{-1}, \quad (5.12)$$

una cifra minúscula: la diferencia entre la tasa de crecimiento ($\mu_2 \approx 0.087 \text{ dia}^{-1}$) y la suma de dilución más muerte ($\alpha D + k_{d2} = 0.087 \text{ dia}^{-1}$). Esta diferencia produce una vida media de $\ln 2 / |-3.2 \times 10^{-4}| \approx 2\,200$ días (≈ 6 años), y la convergencia práctica a $X_2 = 0$ requiere varias vidas medias — del orden de ~ 19 años. Durante este período, el reactor *parece* funcionar correctamente: los metanógenos están activos, consumen VFAs (ácidos grasos volátiles), producen biogás. Pero ese funcionamiento es transitorio.

Por qué importa. El transitorio crea una ilusión operacional: el operador observa biogás y un digestato con propiedades parciales de fertilizante (materia orgánica degradada, patógenos removidos, VFAs aún moderados), y asume que estas condiciones se mantendrán. **Pero el modelo predice que son *transitorias*:** a largo plazo los metanógenos desaparecerán, los VFAs se acumularán hasta $S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$, y el digestato perderá incluso las propiedades parciales que tiene hoy. Las observaciones de Guzmán-Cood (2024) — biogás intermitente, pH al límite inferior del rango óptimo, dificultades con concentraciones mayores de estiércol — son exactamente lo que este transitorio predice. **Y el modelo estándar no puede detectarlo:** predice coexistencia estable con $\eta_2 = 99.9\%$ para siempre (Sección 5.1.8).

La Figura 5.36 muestra el retrato de fase para las cuatro condiciones iniciales CI1–CI4 (Tabla 4.2).

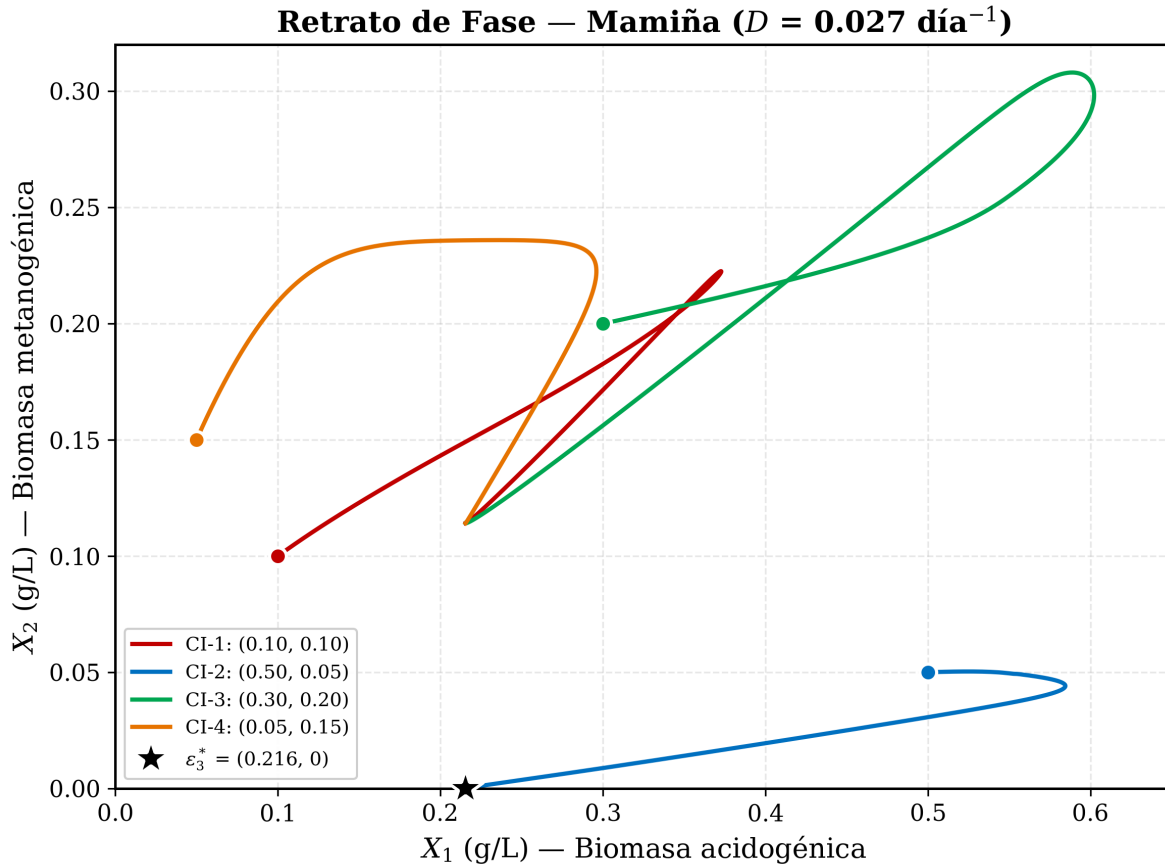


Figura 5.36: Retrato de fase (X_1, X_2) a $D = 0.027 \text{ día}^{-1}$ (Mamiña). Las órbitas NO convergen a $\varepsilon_3^* = (0.216, 0)$ en $t = 200$ días: transitorio de coexistencia. En el estándar (Figura 5.16), las órbitas convergen a ε_5^* (coexistencia estable) en ~ 50 días.

La Figura 5.36 muestra que las trayectorias se agrupan en la zona $(X_1, X_2) \approx (0.22, 0.11-0.22)$, lejos del eje X_1 donde se ubica ε_3^* . A diferencia de $D = 0.25$ (Sección 5.2.14), donde las 4 CI convergen a ε_3^* en $t < 40$ días, a $D = 0.027$ la convergencia requiere miles de días. El contraste con el modelo estándar (Figura 5.16) es radical: allí, las cuatro órbitas convergen rápidamente al punto de coexistencia $\varepsilon_5^* = (0.708, 0.960)$; aquí, quedan atrapadas en un estado transitorio donde ambas poblaciones coexisten durante toda la vida útil práctica del biodigestor.

¿Por qué tres órbitas alcanzan estados prácticamente indistinguibles? La Figura 5.36 muestra que las órbitas CI-1, CI-3 y CI-4 parecen converger a un punto común con coordenadas aproximadas $(X_1, X_2) \approx (0.216, 0.114)$. La evaluación numérica del vector de estado completo a $t = 200$ días confirma que los tres estados son prácticamente indis-

tinguibles en las seis dimensiones del espacio de estados, no solo en la proyección al plano (X_1, X_2) :

	X_1 (g L ⁻¹)	X_2 (g L ⁻¹)	S_1 (g L ⁻¹)	S_2 (mmol L ⁻¹)	Z (mmol L ⁻¹)	C (mmol L ⁻¹)
CI-1(200)	0.2156	0.1141	1.1991	9.416	124.10	114.69
CI-3(200)	0.2156	0.1141	1.1991	9.416	124.08	114.67
CI-4(200)	0.2156	0.1141	1.1991	9.416	124.10	114.69
CI-2(200)	0.2156	0.0000	1.1991	243.4	133.29	-110.1

Las diferencias entre CI-1, CI-3 y CI-4 son inferiores a 0.02 mmol L⁻¹ en todas las variables: las tres órbitas alcanzan estados *muy cercanos entre sí* en las seis dimensiones del espacio de estados. Este fenómeno se explica por la **separación de escalas temporales** del sistema (Sección 3.8): las variables X_1 y S_1 convergen a sus valores de cuasi-equilibrio en ~ 50 días (variables rápidas), mientras que X_2 decae con una tasa neta de apenas $\sim 10^{-4}$ día⁻¹ (variable lenta). Después de los primeros ~ 50 días, todas las órbitas que lograron establecer una población metanogénica viable se colapsan sobre una **variedad lenta** unidimensional, y a partir de ahí evolucionan juntas sobre esta variedad.

Nota sobre unicidad: las diferencias entre las tres órbitas, aunque inferiores a 0.02 mmol L⁻¹, son estrictamente no nulas: las órbitas **no se intersectan**. Esto es consistente con el teorema de existencia y unicidad de soluciones (Sección 3.2): dado que el campo vectorial $\mathbf{f}$ es localmente Lipschitz (tiene derivadas parciales continuas), por cada punto del espacio de estados pasa exactamente una órbita. La proximidad extrema de los estados a $t = 200$ refleja la compresión producida por la variedad lenta, no una violación de la unicidad. Más aún, ninguna de las tres órbitas *alcanza* el punto de cuasi-equilibrio en tiempo finito (Sección 3.8, consecuencia de la unicidad): los valores de la tabla son una instantánea a $t = 200$ días de un proceso que evoluciona indefinidamente.

Nota sobre la representación visual. La Figura 5.36 es una proyección de la dinámica 6-dimensional al plano (X_1, X_2) . Las variables X_1 y X_2 son las que más rápido convergen (variables rápidas); las diferencias en las restantes cuatro variables (S_1, S_2, Z, C) son mayores que las que el plano (X_1, X_2) sugiere. La aparente convergencia a un punto en la figura refleja tanto la compresión de la variedad lenta como la pérdida de información inherente a la proyección de un espacio 6D a un plano 2D.

Sin embargo, este punto de agrupación **no es un equilibrio**. La evaluación directa de las derivadas $\mathbf{f}(\mathbf{y})$ en el punto transitorio muestra que tres de las seis EDOs se anulan ($dX_1/dt \approx 0$, $dX_2/dt \approx 0$, $dS_1/dt \approx 0$), pero las otras tres no ($dS_2/dt \approx -10^{-6}$, $dZ/dt \approx +2.3 \times 10^{-3}$, $dC/dt \approx +2.3 \times 10^{-3}$ día⁻¹): la alcalinidad Z y el carbono inorgánico C siguen ajustándose

lentamente. Tampoco es el equilibrio numérico de coexistencia e_D^{num} de la Sección 5.2.6, que solo existe para $D \in [0.15, 0.25]$ dia^{-1} y no incluye $D = 0.027$.

La razón por la cual X_2 permanece casi constante es una cancelación numérica notable: $\mu_2 \approx 0.0870 \text{ dia}^{-1}$ y $\alpha D + k_{d2} = 0.0870 \text{ dia}^{-1}$, con una diferencia neta de apenas $\sim 10^{-9} \text{ dia}^{-1}$. El crecimiento metanogénico compensa casi exactamente la suma de dilución y muerte. Pero esta cancelación es transitoria: como Z sigue cayendo (la alcalinidad se consume) y C sigue subiendo, la relación $Z - S_2$ se deteriora progresivamente, el pH calculado con la ecuación (2.13) desciende, $I(\text{pH})$ aumenta, μ_2 disminuye, y la cancelación se rompe — iniciando el decaimiento lento de X_2 hacia cero que caracteriza al transitorio de ~ 19 años.

Destino final: convergencia asintótica a ε_3^* . Dado que ε_3^* es asintóticamente estable en toda la Región I (Sección 5.2.8) y es el único atractor, las tres órbitas convergen asintóticamente a ε_3^* cuando $t \rightarrow \infty$, pero no lo alcanzan en tiempo finito. La convergencia tiene dos fases: (1) una fase ultralenta sobre la variedad lenta (~ 19 años, mientras $\mu_2 \approx \alpha D + k_{d2}$), seguida de (2) un decaimiento final rápido ($\sim$ meses, cuando la cancelación se rompe y X_2 decae con tasa -0.087 dia^{-1} , vida media ~ 8 días). A $t = 200$ días, las órbitas están en la primera fase. El punto de cuasi-equilibrio no es un punto fijo: es un estado instantáneo sobre la variedad lenta que, él mismo, se desplaza lentamente a medida que Z y C evolucionan. Las órbitas *siguen* a la variedad lenta mientras esta se desplaza hacia ε_3^* .

La CI-2 no se une a este cluster porque su concentración inicial de metanógenos $X_2(0) = 0.05 \text{ g L}^{-1}$ (el valor más bajo de las cuatro condiciones iniciales, donde $X_2(0)$ denota la biomasa metanogénica al tiempo $t = 0$) fue insuficiente para que los metanógenos se establecieran: a $t = 200$, CI-2 ya convergió a ε_3^* con $X_2 = 0$ y $S_2 = 243.4 \text{ mmol L}^{-1}$.

La Figura 5.37 detalla la trayectoria de los VFAs (S_2), la variable que mejor sintetiza la calidad del digestato.

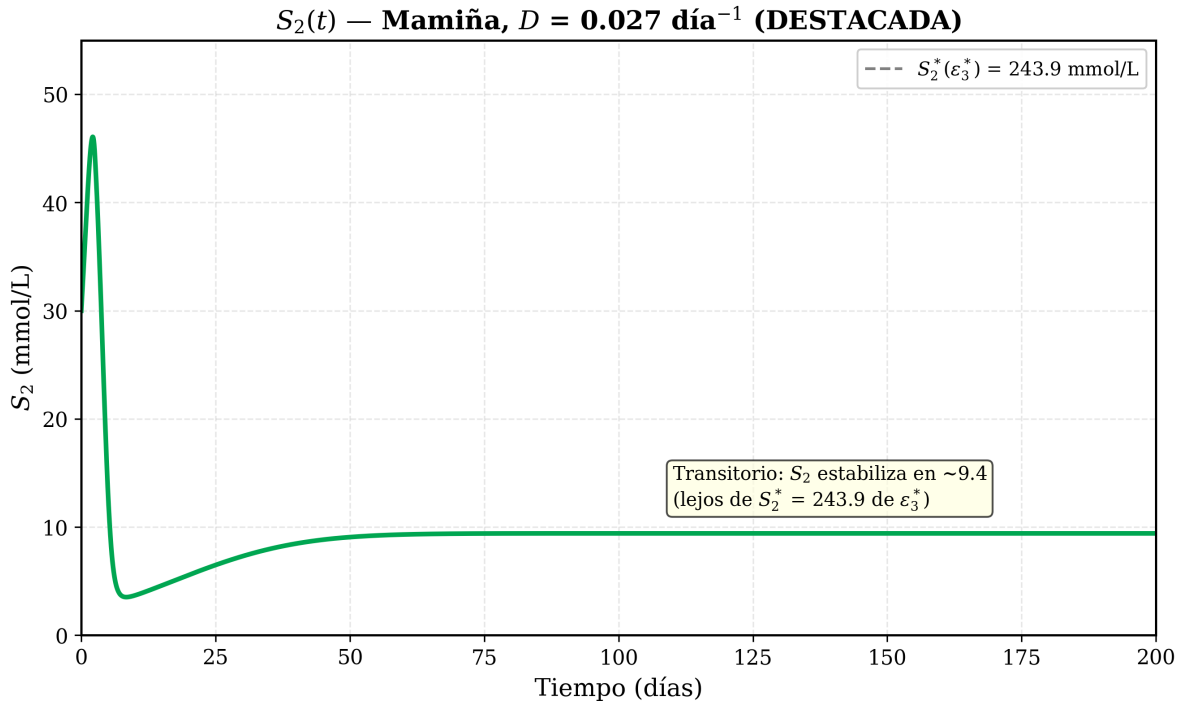


Figura 5.37: Trayectoria temporal de los VFAs $S_2(t)$ a $D = 0.027 \text{ día}^{-1}$ (Mamiña). S_2 se estabiliza en $\sim 9.4 \text{ mmol L}^{-1}$ a $t = 200$ días, lejos del valor de equilibrio $S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$ de ε_3^* . En el estándar (Figura 5.17), S_2 converge a 0.17 mmol L^{-1} en ~ 50 días.

La Figura 5.37 es el resultado más significativo para Mamiña. La dinámica de S_2 presenta tres fases: (a) caída abrupta de ~ 45 a $\sim 4 \text{ mmol L}^{-1}$ en $t \approx 10$ días (consumo masivo por metanógenos activos); (b) recuperación lenta hacia $\sim 9.4 \text{ mmol L}^{-1}$ (decaimiento gradual de X_2 , menor consumo); (c) aparente equilibrio a $t = 200$ —pero este estado es *transitorio*. El contraste con el estándar es marcado: allí, S_2^* converge a 0.17 mmol L^{-1} en ~ 50 días (coexistencia *estable*, $\eta_2 = 99.9\%$, Tabla 5.8); aquí, $S_2(200) = 9.4 \text{ mmol L}^{-1}$ *parece* moderado pero su destino es $S_2^* = 243.9$. A $t = 200$ los VFAs del extendido ya son $55\times$ mayores que los del estándar en equilibrio; a $t \rightarrow \infty$, la razón alcanza $1435\times$.

Para el operador, la paradoja es crítica: a escala de meses el biodigestor *parece* funcionar bien (S_2 bajo, biogás producido). Pero a escala de años, el modelo predice extinción de metanógenos y acumulación de VFAs. La “buena calidad” observada por Guzmán-Cood (2024) es consistente con este transitorio.

Sensibilidad de la duración del transitorio. La vida media depende de la tasa neta (ecuación 5.12), que es la diferencia entre dos cantidades de magnitud $\sim 0.09 \text{ día}^{-1}$. Una perturbación de $\pm 10\%$ en $\mu_{2\max}$ modifica esta tasa neta y puede cambiar la vida media entre ~ 5 y ~ 50 años. La conclusión cualitativa es robusta —el transitorio dura años, no días ni semanas— pero el valor exacto no debe interpretarse como una predicción precisa sino como

un orden de magnitud indicativo de que la extinción metanogénica es imperceptible a escala operacional. Las Figuras 5.38–5.40 detallan las trayectorias de las seis variables de estado.

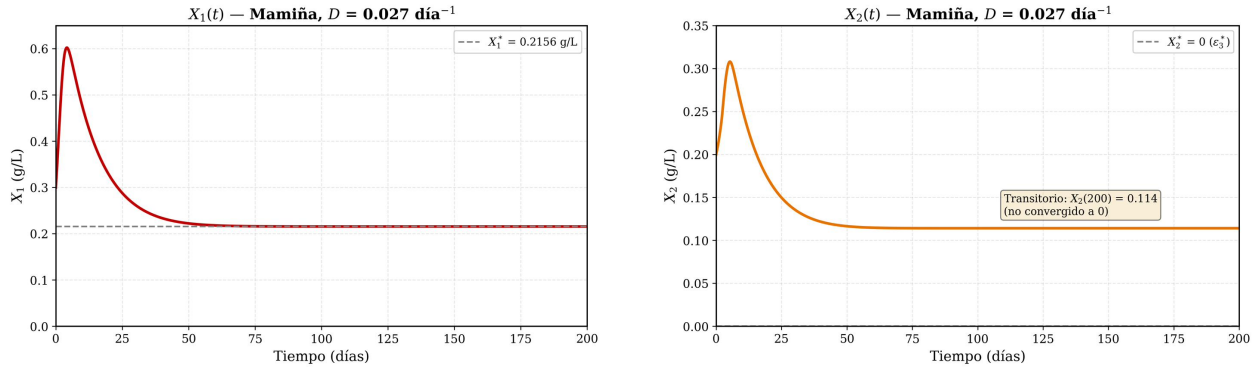


Figura 5.38: Trayectorias de biomasa a $D = 0.027$ (Mamiña). Izquierda: $X_1(t)$ converge a 0.216 g L^{-1} en $t < 50$ días. Derecha: $X_2(t)$, pico a ~ 0.31 seguido de decaimiento lento a 0.114 en $t = 200$ (no convergido a 0).

$X_1(t)$ converge rápidamente a $X_1^* = 0.216 \text{ g L}^{-1}$, valor compartido por ε_3^* y e_D^{num} (ambos tienen la misma σ_1 , Sección 5.2.6). En cambio, $X_2(t)$ muestra un pico a $\sim 0.31 \text{ g L}^{-1}$ seguido de un decaimiento en dos fases: durante el transitorio de coexistencia ($t < 200$), la tasa neta (ecuación 5.12) produce un decaimiento ultra-lento; a tiempos largos ($t \gg 200$), cuando $X_2 \rightarrow 0$ y $\mu_2 \rightarrow 0$, la tasa asintótica es $-(\alpha D + k_{d2}) = -0.087 \text{ día}^{-1}$ (ecuación 5.10; Maple: $X_2(1000) = 4.3 \times 10^{-39}$, $X_2(5000) = 3.2 \times 10^{-190}$). En la práctica, la escala temporal del transitorio excede la vida útil de cualquier biodigestor.

La Figura 5.39 muestra la trayectoria del sustrato orgánico $S_1(t)$.

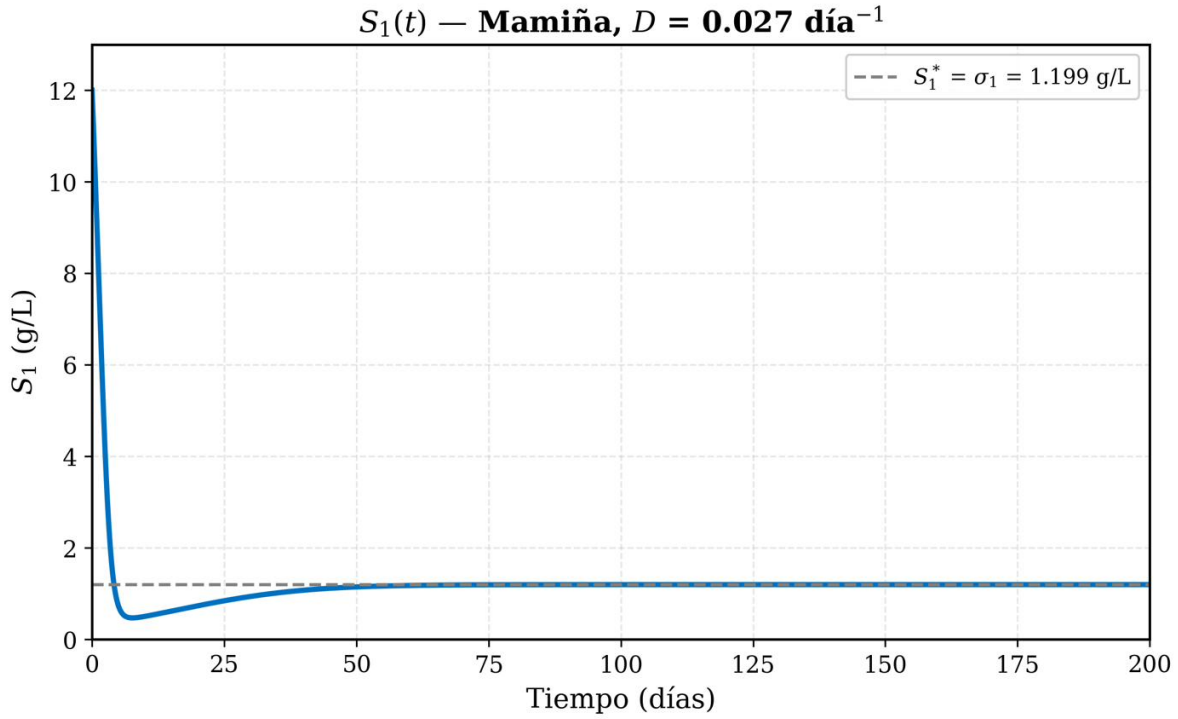


Figura 5.39: Sustrato orgánico $S_1(t)$ a $D = 0.027$ (Mamiña). Convergencia rápida a $\sigma_1 = 1.199 \text{ g L}^{-1}$ ($\eta_1 = 93.4\%$), independiente del destino de X_2 .

El sustrato orgánico $S_1(t)$ converge en $t < 50$ días, independientemente del destino de X_2 . La eficiencia de degradación $\eta_1 = (1 - \sigma_1/S_{1\text{in}}) \times 100 = 93.4\%$ es excelente, aunque inferior a la del estándar ($\eta_1 = 99.5\%$, Tabla 5.8): la diferencia de -6.1 puntos porcentuales refleja la menor $\mu_{1\text{max}}$ (0.7 vs 1.2 día^{-1}) y la presencia de $k_{d1} = 0.0553 \text{ día}^{-1}$.

La Figura 5.40 muestra las variables auxiliares, donde se manifiesta la doble inadmisibilidad del equilibrio ε_3^* (Sección 5.2.5).

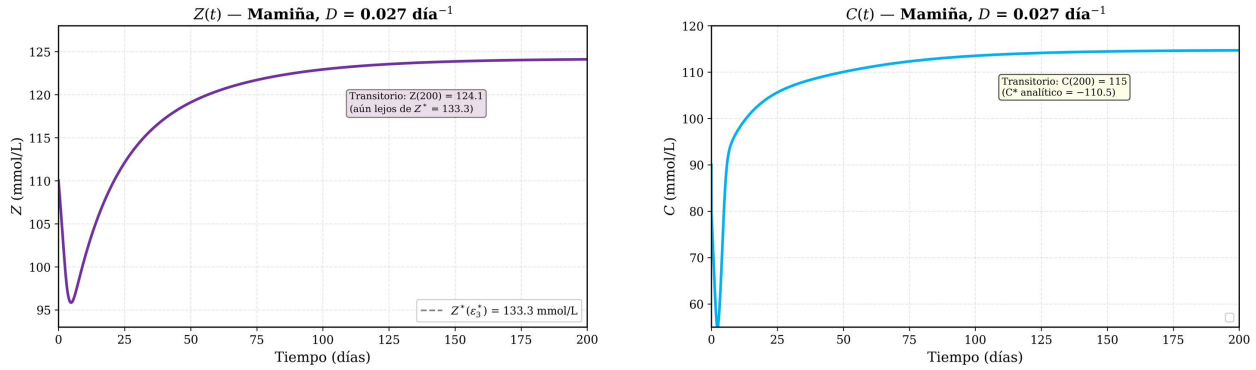


Figura 5.40: Variables auxiliares a $D = 0.027$ (Mamiña). Izquierda: alcalinidad $Z(t)$, transitorio en $Z(200) = 124.1 \text{ mmol L}^{-1}$, lejos de $Z^* = 133.3$. Derecha: carbono inorgánico $C(t)$, transitorio en $C(200) = 114.7 \text{ mmol L}^{-1}$ (*positivo*), vs $C^* = -110.5$ de ε_3^* (*negativo*, inadmisibles).

$Z(200) = 124.1$ y $C(200) = 114.7 \text{ mmol L}^{-1}$ no son valores de equilibrio sino transitorios. Solo cuando $X_2 \rightarrow 0$ ($t \rightarrow \infty$), Z y C alcanzarían sus valores analíticos. El hecho de que $C(200) > 0$ (admisibles) mientras $C^* < 0$ (inadmisibles) explica por qué el sistema se “atasca” en el transitorio: no puede alcanzar un estado con concentración de carbono inorgánico negativa. El equilibrio ε_3^* es **doblemente inadmisibles** (D8, Tabla 5.24; Sección 5.2.5): $Z^* - S_2^* < 0$ — la capacidad buffer del medio está agotada, es decir, la alcalinidad Z es insuficiente para neutralizar los VFAs y mantener el pH definido (ecuación 2.13) — y $C^* < 0$ (concentración negativa, físicamente imposible). Esta doble inadmisibilidad es la causa profunda del transitorio: el sistema no puede converger a un estado físicamente irrealizable, y queda “atrapado” en una coexistencia transitoria que decae a la tasa de la ecuación (5.12).

Tabla 5.21: Verificación analítico vs simulación para ε_3^* a $D = 0.027$ (Mamiña). X_1 y S_1 convergidos; X_2 , S_2 , Z , C en transitorio a $t = 200$ días. Fuente: Maple P3-V3.

Variable	Analítico (ε_3^*)	Simulación ($t = 200$)	Observación
X_1	0.2156 g L^{-1}	0.2156 g L^{-1}	Convergado
X_2	0	0.114 g L^{-1}	Transitorio
S_1	1.199 g L^{-1}	1.199 g L^{-1}	Convergado
S_2	$243.9 \text{ mmol L}^{-1}$	9.42 mmol L^{-1}	Transitorio
Z	$133.3 \text{ mmol L}^{-1}$	$124.1 \text{ mmol L}^{-1}$	Transitorio
C	$-110.5 \text{ mmol L}^{-1}$	$114.7 \text{ mmol L}^{-1}$	Transitorio ($C > 0$)

Tabla 5.22: Indicadores η_1 , η_2 del modelo extendido vs estándar a $D = 0.027$ (Mamiña). Comparar con Tabla 5.8 (estándar, Región I).

Indicador	Estándar (ε_5^*)	Ext. ε_3^* (analítico)	Ext. sim. ($t = 200$)
η_1 (degradación)	99.5 %	93.4 %	93.4 %
η_2 (estabilización VFAs)	99.9 %	0 %	~ 90 % (transitorio)

La Tabla 5.22 resume la tensión central de la tesis. La eficiencia de degradación η_1 difiere moderadamente: 99.5 % en el estándar vs 93.4 % en el extendido (-6.1 puntos porcentuales), reflejando la menor $\mu_{1\max}$ y la presencia de k_{d1} en el modelo extendido. Pero η_2 presenta la divergencia máxima — 99.9 % en el estándar (coexistencia estable, $S_2^* = 0.17 \text{ mmol L}^{-1}$) vs 0 % en el extendido (**D5**, acidogénesis pura en equilibrio, $S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$; Tabla 5.24). A $t = 200$, $\eta_2 \approx 90$ % transitorio crea la ilusión de funcionamiento correcto. Las observaciones de biogás intermitente y calidad variable reportadas por Guzmán-Cood (2024) son más consistentes con el transitorio del extendido que con la estabilidad del estándar.

Tabla 5.23: Compatibilidad de las predicciones con las observaciones de campo de Guzmán-Cood (2024).

Observación de campo	Predicción estándar	Predicción extendido
Biogás intermitente	Biogás estable ($\eta_2 = 99.9$ %)	Compatible (transitorio)
Calidad del digestato transitoria	Calidad estable (ε_5^*)	Compatible (S_2 transitorio)
Rendimiento menor al esperado	Rendimiento óptimo	Compatible ($\eta_2 \rightarrow 0$ %)

5.2.16. Indicadores, síntesis y cierre (Fase V)

Esta sección cierra el análisis del modelo extendido integrando tres elementos: los indicadores de calidad del digestato $\eta_1(D)$ y $\eta_2(D)$ como funciones de la tasa de dilución, la evidencia de que el equilibrio numérico de coexistencia e_D^{num} es dinámicamente inaccesible a pesar de ser localmente estable (paradoja del *atractor fantasma*), y la consolidación de los once descubrimientos **D1–D11** que emergen del primer análisis cualitativo del modelo AM2 con parámetros de estiércol. El contraste con la sección paralela del modelo estándar (Sección 5.1.9) es frontal: allí, η_2 varía entre 44 % y ~ 100 %; aquí, $\eta_2 \equiv 0$ % para todo D .

La Figura 5.41 presenta los indicadores de calidad en función de D , análogos a los de la Figura 5.18 del estándar.

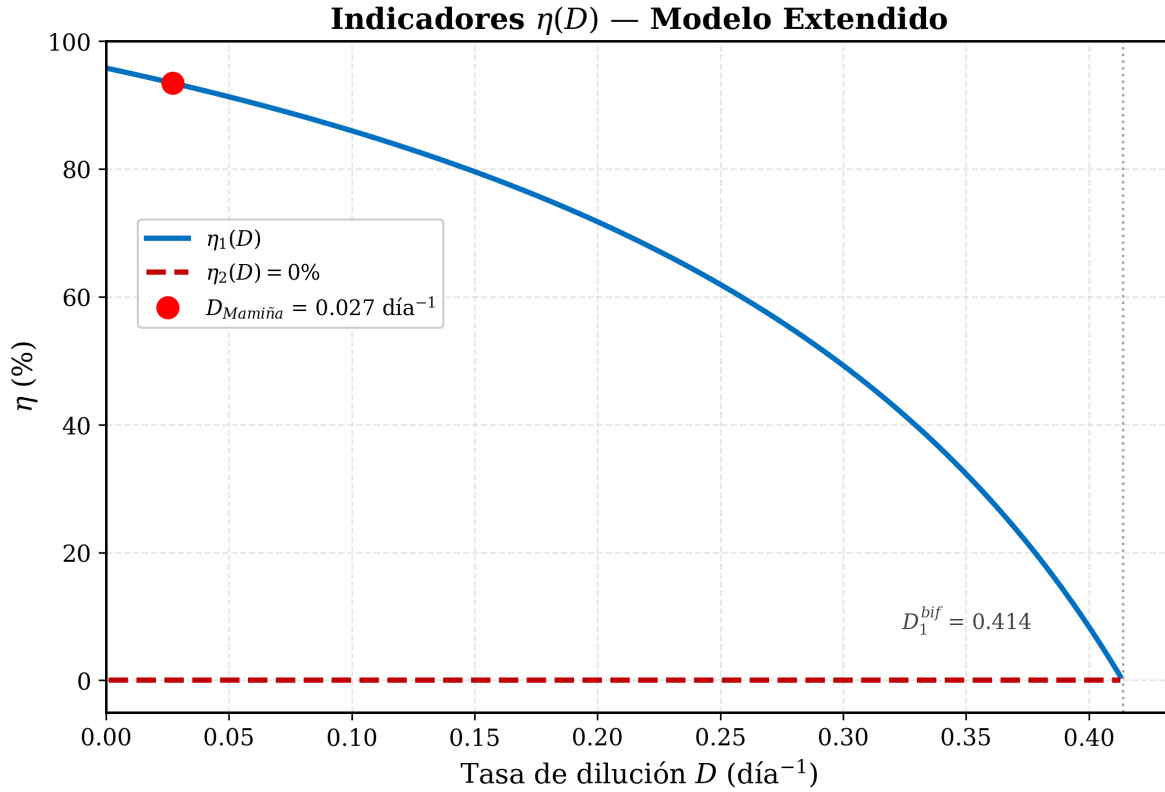


Figura 5.41: Indicadores $\eta_1(D)$ y $\eta_2(D)$ del modelo extendido. η_1 decrece con D ; $\eta_2 \equiv 0\%$ para todo D en la Región I. Comparar con Figura 5.18 del estándar, donde $\eta_2 > 44\%$ en toda la Región I.

La Figura 5.41 confirma el resultado central del modelo extendido: $\eta_2(D) \equiv 0\%$ para *todo* D en la Región I. No hay metanogénesis en equilibrio, independientemente de la tasa de dilución. Para el operador, esto significa que el equilibrio analítico del reactor no produce biogás y los VFAs se acumulan sin ser procesados — un resultado cualitativamente opuesto al del estándar, donde η_2 varía entre 44% ($D = D_2^{crit}$) y $\sim 100\%$ ($D \rightarrow 0$). La diferencia máxima alcanza 99.9 puntos porcentuales a $D = 0.027$ (Mamiña). La eficiencia de degradación η_1 decrece monótonamente con D , desde 93.4% en Mamiña hasta 0% en D_1^{bif} , comportamiento cualitativamente similar al estándar aunque con valores ~ 6 puntos porcentuales menores.

Los diagramas de bifurcación complementarios de la Figura 5.42 completan la información de la Sección 5.2.10.

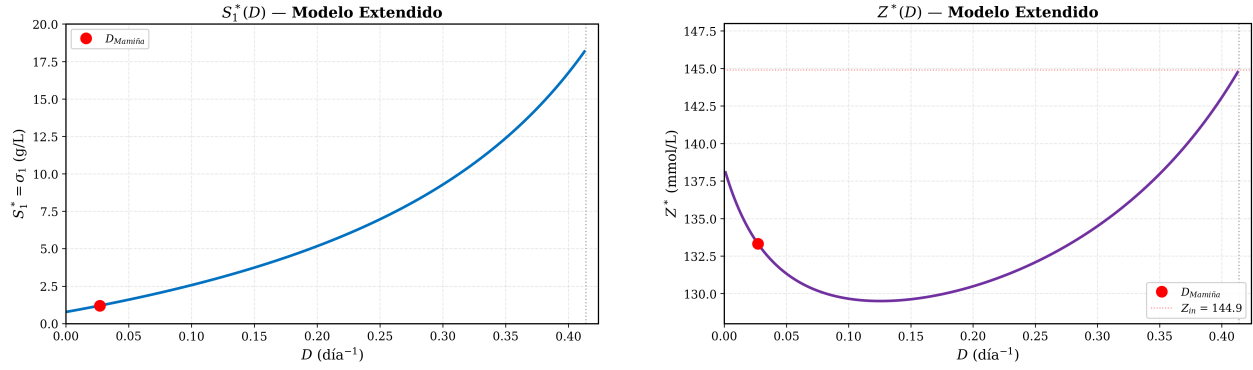


Figura 5.42: Diagramas de bifurcación complementarios. Izquierda: sustrato orgánico residual $\sigma_1(D)$, creciente convexa. Derecha: alcalinidad $Z^*(D)$, forma de U con $Z^* < Z_{in}$ siempre — la capacidad buffer nunca se recupera (ecuación 5.6).

El diagrama de $\sigma_1(D)$ muestra que a mayor D , más sustrato orgánico queda sin degradar (menor η_1). El diagrama de $Z^*(D)$ confirma que la alcalinidad nunca recupera su valor de entrada ($Z^* < Z_{in}$ para todo D en Región I): el balance de nitrógeno negativo (ecuación 5.6) destruye capacidad buffer — es decir, alcalinidad que el medio necesita para neutralizar los VFAs y mantener el pH estable — en cada gramo de biomasa producida. En el estándar, $Z^* = Z_{in}$ siempre (ecuación 2.9).

La Figura 5.43 visualiza la inadmisibilidad del carbono inorgánico en el equilibrio ε_3^* .

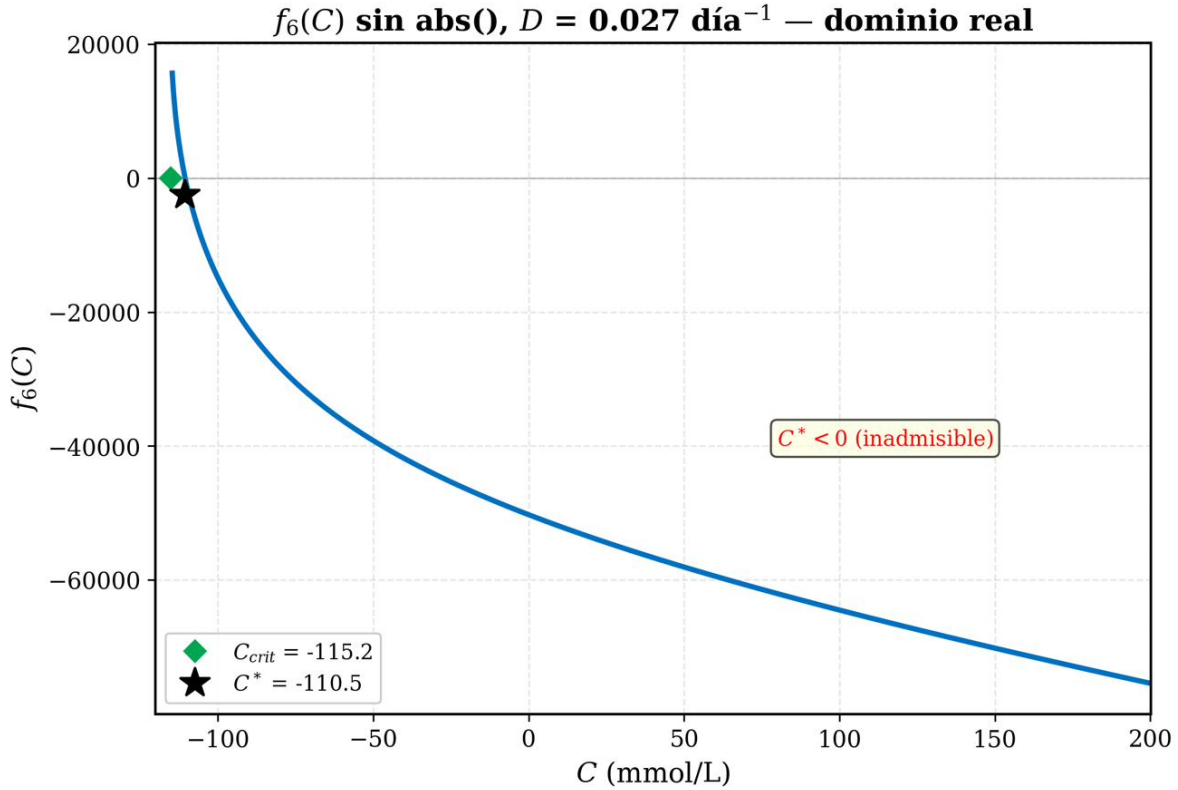


Figura 5.43: Ecuación estática $f_6(C) = 0$ para $D = 0.027$ (Mamiña). La raíz $C^* = -110.5 \text{ mmol L}^{-1}$ es negativa: concentración de carbono inorgánico inadmisibile (D8, Tabla 5.24).

La Figura 5.43 confirma el Descubrimiento **D8** (Tabla 5.24): la ecuación estática del carbono inorgánico tiene su única raíz en $C^* = -110.5 \text{ mmol L}^{-1}$, un valor físicamente imposible. Este resultado se reproduce para todo D en la Región I (a $D = 0.25$, $C^* = -61.5 \text{ mmol L}^{-1}$; Tabla 5.19), confirmando que ε_3^* es inadmisibile no solo por $Z^* < S_2^*$ (pH indefinido) sino también por $C^* < 0$ (Sección 5.2.5).

Cuenca inaccesible y paradoja del atractor fantasma. El equilibrio numérico e_D^{num} es localmente estable para $D > D_{\text{bif2}} \approx 0.1903$ (Sección 5.2.11), lo que en principio permitiría la coexistencia de ambas poblaciones. Sin embargo, las Figuras 5.44 y 5.45 demuestran que su cuenca de atracción es inaccesible desde cualquier condición inicial física.

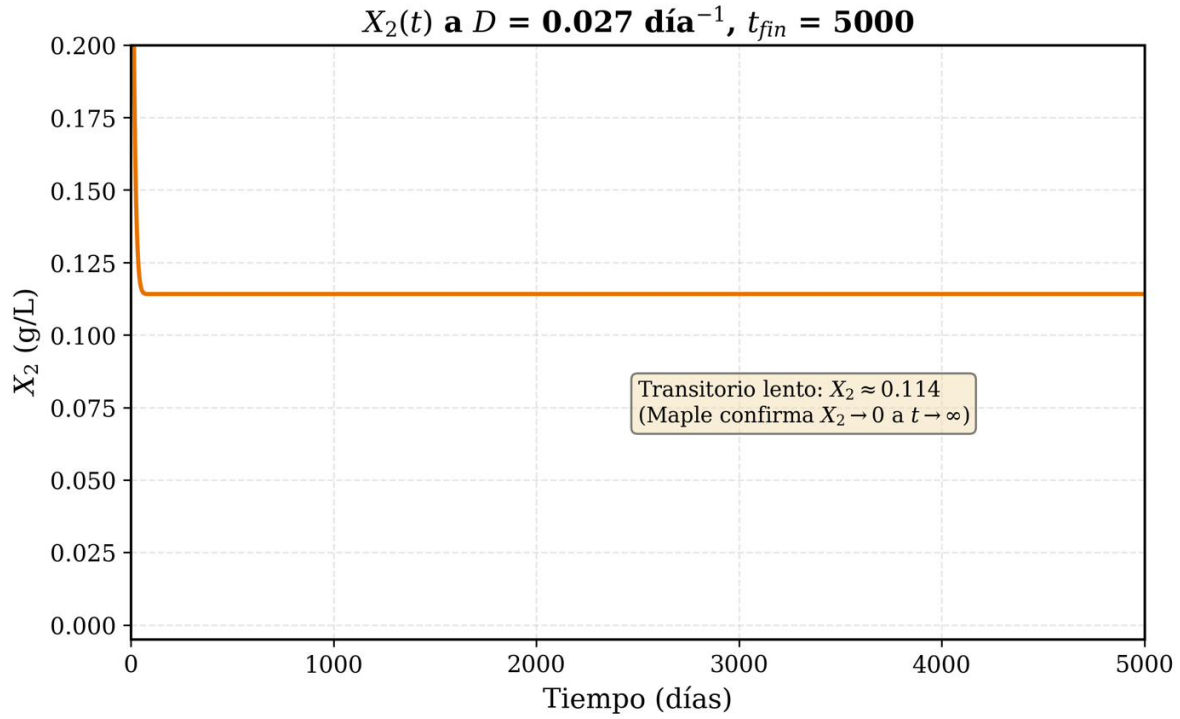


Figura 5.44: Biomasa metanogénica $X_2(t)$ a $D = 0.027$ con $t_{fin} = 5000$ días. El transitorio lento (Python, línea azul) precede la convergencia a $X_2 = 0$ confirmada por Maple ($X_2(5000) = 3.2 \times 10^{-190}$).

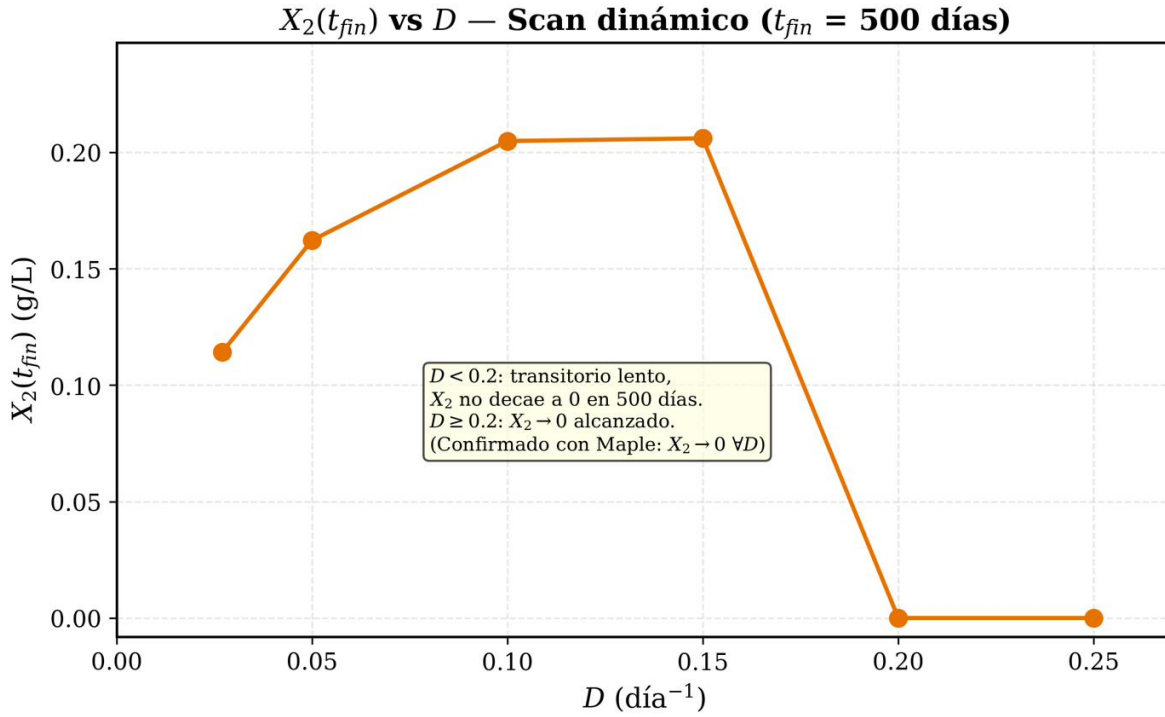


Figura 5.45: Biomasa metanogénica $X_2(t_{fin})$ en función de D . Para $D < 0.2$: transitorio de coexistencia persistente (Sección 5.2.15). Para $D \geq 0.2$: convergencia a $X_2 = 0$. La frontera $D \approx 0.19$ coincide con D_{bif2} (D11, Tabla 5.24).

Las figuras documentan la paradoja del *atractor fantasma*: todas las trayectorias convergen a ε_3^* ($X_2 \rightarrow 0$), nunca a e_D^{num} , incluso para $D > 0.19$ donde e_D^{num} es estable. La frontera $D \approx 0.19$ en la Figura 5.45 separa el régimen de transitorio lento ($D < 0.19$, incluyendo Ma-miña) del régimen de convergencia rápida ($D \geq 0.2$). Para el operador, un trade-off teórico existe: operar con $D > 0.19$ día⁻¹ (TRH < 5.3 días) podría estabilizar e_D^{num} , pero η_1 caería a 73.4% — una pérdida de 20 puntos porcentuales de degradación a cambio de metanogénesis estable.

Descubrimientos del modelo extendido. La Tabla 5.24 consolida los once hallazgos que emergen del primer análisis cualitativo del modelo AM2 con parámetros calibrados para estiércol de ganado. Ninguno de estos resultados aparece en la literatura previa sobre AM2, enfocada en aguas residuales (Benyahia et al., 2012; Bernard et al., 2001). Cada descubrimiento se describe de forma autocontenida; la columna “Detalle” indica la sección donde se encuentra la demostración técnica completa.

Tabla 5.24: Descubrimientos D1–D11 del modelo extendido. Los tres grupos —topológicos (D1–D4), operacionales (D5–D8) y de sensibilidad (D9–D11)— revelan diferencias cualitativas con el modelo estándar que no dependen de ajustes paramétricos sino de la estructura del modelo.

Hallazgo	Detalle
<i>Topológicos: estructura del espacio de equilibrios</i>	
D1 La cinética metanogénica monótona del modelo extendido reduce el espacio de equilibrios de seis a dos equilibrios admisibles, eliminando las familias de coexistencia y de metanogénesis pura que existen en el estándar.	§5.2.2
D2 La tasa de crecimiento metanogénico μ_2 es monótona creciente en S_2 , lo que impide la existencia de un segundo sustrato break-even σ_2^+ . En consecuencia, $X_2^* = 0$ en el equilibrio analítico ε_3^* para todo D .	§5.2.2
D3 La coexistencia analítica no existe: el sistema de ecuaciones estacionarias carece de solución con ambas biomasas positivas. A diferencia del estándar, donde ε_5^* es solución cerrada, el extendido no admite equilibrio analítico de Clase D.	§5.2.2
D4 El modelo posee una sola bifurcación transcítica ($D_1^{\text{bif}} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}$), verificada formalmente por el Teorema de Sotomayor, en lugar de las dos del estándar (D_2^{crit} y D_1^{crit}).	§5.2.10
<i>Operacionales: comportamiento del reactor con estiércol</i>	
D5 El único atractor en la Región I es ε_3^* (acidogénesis pura): los VFAs se acumulan hasta $S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$ y $\eta_2 = 0 \%$. El equilibrio no produce biogás.	§5.2.8
D6 El diagrama de operación se simplifica a dos equilibrios (ε_1^* , ε_3^*) y dos regiones, frente a seis equilibrios y tres regiones en el estándar.	§5.2.3
D7 El margen de seguridad respecto al lavado es $D_1^{\text{bif}}/D_{\text{Mam}} = 15.3\times$, suficiente para la operación pero $2.6\times$ menor que el del estándar ($40\times$).	§5.2.3
D8 El pH está indefinido en el 87 % de la Región I ($D < 0.361$), porque $Z^* < S_2^*$ agota la capacidad buffer del medio. Además, $C^* < 0$ en toda la Región I: el equilibrio ε_3^* es doblemente inadmisibile.	§5.2.5
<i>De sensibilidad y fenómenos exclusivos</i>	
D9 La ventana de pH definido en ε_3^* tiene un ancho de apenas 0.052 dia^{-1} con valores fuera del rango óptimo para la metanogénesis. No existe una región segura en el plano (D, pH).	§5.2.12
D10 La alcalinidad de entrada Z_{in} es la variable de control más sensible: $Z_{\text{in}}^{\text{crit}} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$ es el umbral para que el pH esté definido a $D = 0.027$, pero incluso con suplementación el pH resultante permanece lejos del óptimo.	§5.2.13
D11 El equilibrio numérico de coexistencia e_D^{num} experimenta una bifurcación silla-nodo en $D_{\text{bif2}} \approx 0.1903 \text{ dia}^{-1}$: dos ramas colisionan y desaparecen. Este fenómeno, exclusivo del modelo extendido, emerge del acoplamiento $Z \leftrightarrow \text{pH} \leftrightarrow \mu_2$.	§5.2.11

Síntesis de la verificación numérica completa. Las simulaciones en las tres condiciones —Región I ($D = 0.25$, Sección 5.2.14), Región II ($D = 0.50$), y Mamiña ($D = 0.027$, Sección 5.2.15)— confirman la totalidad de los resultados analíticos de las Fases I–IV. Los descubrimientos **D1–D10** quedan verificados numéricamente; **D11** (bifurcación silla-nodo) queda confirmado por la frontera visible en la Figura 5.45. Con este resultado, el objetivo OE6 (Tabla 1.2) queda **cerrado** para el modelo extendido. El objetivo OE7 (indicadores η_1 , η_2) queda parcialmente cerrado: los valores están calculados ($\eta_1 = 93.4\%$, $\eta_2 = 0\%$), y la comparación formal con el estándar se realizará en la Sección 5.3.

Diagnóstico para Mamiña. El modelo extendido ofrece un diagnóstico cualitativamente diferente al del estándar (Sección 5.1.9): la metanogénesis es estructuralmente vulnerable con parámetros de estiércol, y la operación estable observada por Guzmán-Cood (2024) depende de un transitorio de coexistencia (Sección 5.2.15) cuya duración excede la vida útil del biodigestor. La causa raíz es el balance de nitrógeno negativo del estiércol (ecuación 5.6), que destruye la capacidad buffer necesaria para sostener el pH y, con él, la metanogénesis.

5.3. Comparación sistemática (Fase VI)

Esta sección ejecuta la tercera etapa de la estrategia comparativa definida en la Metodología (Sección 4.7): la confrontación formal entre los modelos AM2 estándar (Sección 5.1) y extendido (Sección 5.2), utilizando los ocho criterios predefinidos en el marco de comparación (Sección 2.4). Las Fases I–V aplicaron el mismo protocolo de siete fases (Tabla 4.1) a cada modelo por separado; ahora la Fase VI evalúa si las extensiones estructurales —tasas de muerte bacteriana (Ficara et al., 2014) y cinética metanogénica con pH (Arzate et al., 2017)— modifican las predicciones cualitativas y enriquecen la información disponible para el operador del biodigestor de Mamiña. La pregunta central es la que motivó toda la tesis: ¿el modelo extendido aporta valor adicional respecto al estándar, o el estándar es suficiente por parsimonia (Sección 2.4.4)? Los once descubrimientos **D1–D11** (Tabla 5.24) proporcionan la evidencia para responderla.

5.3.1. Diferencias paramétricas

Las diferencias entre ambos modelos no son ajustes de calibración sobre un mismo sistema: reflejan *sustratos completamente diferentes* —aguas residuales de planta depuradora (Bernard et al., 2001) frente a estiércol de ganado (Arzate, 2019). La Tabla 5.25 complementa la comparación paramétrica de la Tabla 5.9 (Sección 5.2.1) con los ratios ext/std que cuantifican la magnitud de las diferencias.

Tabla 5.25: Ratios paramétricos extendido/estándar. Las diferencias reflejan el cambio de sustrato, no un ajuste del modelo. [†]Valores de Bernard et al. (2001) que no intervienen en las ecuaciones del estándar ($Z^* = Z_{in}$). Fuentes: Bernard et al. (2001), Arzate (2019).

Parámetro	Descripción	Estándar	Extendido	Ratio Ext/Std	Unidad
N_{bac}	N en biomasa	0.25 [†]	34.4	138×	mmol g ⁻¹
k_5	CO ₂ por metanogénesis	343.6	24.8	0.072×	mmol g ⁻¹
N_{S_1}	N en sustrato	0.16 [†]	0.024	0.15×	mmol g ⁻¹
k_{La}	Transferencia CO ₂	19.8	80.4	4.06×	dia ⁻¹
k_2/k_1	VFAs por sustrato	2.77	8.72	3.15×	—
μ_{1max}	Tasa máx. acidog.	1.2	0.7	0.58×	dia ⁻¹
μ_{2max}	Tasa máx. metanog.	0.74	0.4	0.54×	dia ⁻¹
α	Fracción dilución	0.5	1.0	2.00×	—
k_{d1}	Muerte acidog.	0	0.0553	Nuevo	dia ⁻¹
k_{d2}	Muerte metanog.	0	0.060	Nuevo	dia ⁻¹
<i>Resultado derivado</i>					
D_1^{crit} / D_1^{bif}	Lavado acidog.	1.629	0.4138	0.25×	dia ⁻¹

La diferencia más extrema es N_{bac} (138×): el nitrógeno asimilado por cada gramo de biomasa producida es 138 veces mayor con estiércol que con aguas residuales, lo que desencadena toda la cascada de resultados cualitativamente diferentes documentada en la Sección 5.2. Le sigue k_5 (0.072×): la producción de CO₂ por metanogénesis es 14 veces menor con estiércol, afectando el balance de carbono inorgánico. Los tres parámetros nuevos (k_{d1} , k_{d2} , $\alpha = 1$) actúan sinérgicamente: los microorganismos crecen más lento ($\mu_{1max} = 0.7$ vs 1.2), mueren ($k_{d2} = 0.060$ vs 0) y no cuentan con retención ($\alpha = 1$ vs 0.5). El resultado neto es un crecimiento metanogénico de $\mu_{2max} - k_{d2} = 0.34$ dia⁻¹, un 54 % menor que el $\mu_{2max} = 0.74$ dia⁻¹ del estándar.

5.3.2. Comparación cuantitativa: CQ1–CQ4

Los cuatro criterios cuantitativos definidos en la Sección 2.4.2 responden una pregunta directa: ¿cuánto difieren los dos modelos en las magnitudes que importan para el operador? CQ1 compara los umbrales de dilución donde el reactor falla; CQ2 compara cuánta holgura tiene el operador de Mamiña antes de esa falla; CQ3 compara la calidad del digestato (eficiencia de degradación y estabilización); y CQ4 compara la sensibilidad del sistema a perturbaciones en D . La Tabla 5.26 presenta la evaluación consolidada con los resultados de las Secciones 5.1 y 5.2.

Tabla 5.26: Evaluación de los criterios cuantitativos CQ1–CQ4. Umbral de significancia: $> 10\%$ para CQ1, $> 5\%$ para CQ3. Los cuatro criterios resultan significativos.

CQ	Estándar	Extendido	Diferencia	Veredicto
CQ1	$D_1^{\text{crit}} = 1.629$	$D_1^{\text{bif}} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}$	$= -74.6\%$	Significativo
CQ2	$D_2^{\text{crit}}/D = 39.7\times$	$D_1^{\text{bif}}/D = 15.3\times$	$2.6\times$ menor	Significativo
CQ3	$\eta_1 = 99.5\%; \eta_2 = 99.9\%$	$\eta_1 = 93.4\%; \eta_2 = 0\%$	$\eta_1: -6.1 \text{ pp}; \eta_2: -99.9 \text{ pp}$	Muy signif.
CQ4	2 bifurcaciones	1 + D11	Mayor sensibilidad	Significativo

CQ1 — Valores críticos. El valor crítico de lavado acidogénico pasa de $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$ (ecuación 5.2) a $D_1^{\text{bif}} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}$ (ecuación 5.9), una reducción del $74.6\%^3$, muy superior al umbral de 10% . Pero la diferencia más importante es que D_2^{crit} —el umbral de coexistencia, que en el estándar vale 1.072 dia^{-1} (ecuación 5.3)— **no existe** en el extendido: la coexistencia analítica está eliminada (Sección 5.2.2).

CQ2 — Margen de seguridad para Mamiña ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$). En el estándar, el margen relevante es $D_2^{\text{crit}}/D = 39.7\times$ (distancia al lavado de metanogénicos); en el extendido, la comparación directa no aplica porque D_2^{crit} no existe —los metanogénicos ya están ausentes en equilibrio. El margen comparable like-for-like es el de lavado acidogénico: $D_1^{\text{crit}}/D = 60.3\times$ (estándar) frente a $D_1^{\text{bif}}/D = 15.3\times$ (extendido), un factor 4 menor (Sección 5.2.3). Aunque $15.3\times$ sigue siendo aceptable, el operador del modelo extendido opera con un cuarto de la holgura del estándar ante perturbaciones en el caudal de alimentación.

CQ3 — Indicadores de calidad. La degradación del sustrato η_1 difiere moderadamente: 99.5% (estándar, Tabla 5.8) frente a 93.4% (extendido, Sección 5.2.15), una diferencia de -6.1 puntos porcentuales que refleja la menor $\mu_{1\text{max}}$ y la presencia de k_{d1} . La estabilización de VFAs η_2 presenta la divergencia máxima: 99.9% (estándar, Tabla 5.8) frente a 0% (extendido, Tabla 5.22), la máxima discrepancia posible. Este resultado supera ampliamente el umbral de significancia de 5% . En el transitorio ($t = 200$ días), el extendido muestra $\eta_2 \approx 90\%$ —una ilusión de funcionamiento correcto que oculta la extinción progresiva de los metanógenos (Sección 5.2.15).

CQ4 — Sensibilidad a D . El modelo extendido es más sensible a perturbaciones en la tasa de dilución por dos razones: D_1^{bif} es $4\times$ menor que D_1^{crit} , comprimiendo el rango operacional al 25% del estándar, y la bifurcación silla-nodo $D_{\text{bif2}} \approx 0.1903 \text{ dia}^{-1}$ (Sección 5.2.11)

³Las fuentes FaseV_Ext y FaseVI calculan 74.9% usando $D_1^{\text{crit}} = 1.646$ (con $S_{1\text{in}} = 15.5 \text{ g L}^{-1}$). El valor canónico de esta tesis es $D_1^{\text{crit}} = 1.629$ (con $S_{1\text{in}} = 15 \text{ g L}^{-1}$, Sección 5.1.3), lo que da 74.6% . Véase la nota al pie de la Sección 5.1.8.

introduce una segunda frontera sensible donde un pequeño cambio en D modifica cualitativamente la estabilidad de e_D^{num} . La sensibilidad normalizada de D_1^{bif} a $\mu_{1\text{max}}$ es +1.134 (amplificada respecto al +1.000 del estándar, Tabla 5.18).

5.3.3. Interpretación de las diferencias

Los cuatro criterios CQ significativos indican que los modelos son *cuantitativamente distintos*, no versiones del mismo sistema. La interpretación de esta discrepancia opera en tres niveles.

Causa matemática. La raíz de las diferencias es la monotonía de la cinética metanogénica $\mu_2(S_2)$. En el estándar, la cinética de Haldane (2.12) (exponente 2 en el denominador) genera un máximo en $S_2^{\text{opt}} = \sqrt{K_{S_2} \cdot K_{I_2}} \approx 48.7 \text{ mmol L}^{-1}$ y admite dos soluciones σ_2^-/σ_2^+ para la ecuación de equilibrio. En el extendido, la función de saturación (2.20) (exponente 1) es monótona creciente y admite a lo más una solución σ_2 (Sección 5.2.1). Esta pérdida de dualidad elimina dos familias enteras de equilibrios y produce el colapso topológico de 6 a 2 equilibrios admisibles (Sección 5.2.2).

Causa biológica. Tres factores actúan sinérgicamente. Primero, las tasas de muerte ($k_{d2} = 0.060 \text{ dia}^{-1}$) reducen el crecimiento neto metanogénico a $\mu_{2\text{max}} - k_{d2} = 0.34 \text{ dia}^{-1}$, un 54 % menor que el $\mu_{2\text{max}} = 0.74 \text{ dia}^{-1}$ del estándar. Segundo, la ausencia de retención ($\alpha = 1$ vs 0.5) duplica el efecto de la dilución. Tercero, el balance de nitrógeno fuertemente negativo ($N_{S_1}k_1 - N_{\text{bac}} = -33.78 \text{ mmol g}^{-1}$, ecuación 5.6) destruye la alcalinidad del medio, haciendo $Z^* < S_2^*$ e impidiendo la definición del pH en el 87 % de la Región I (Sección 5.2.12). Ninguno de estos tres factores, por sí solo, produce la eliminación completa de la metanogénesis: es su acción combinada con los parámetros de estiércol la que genera el resultado.

Causa operacional. El modelo estándar indica que basta mantener $D < D_2^{\text{crit}} = 1.072 \text{ dia}^{-1}$ para garantizar coexistencia estable —una recomendación simple y genérica (una sola variable de control). El extendido indica que, además, debe monitorearse el pH, suplementarse la alcalinidad (Z_{in}), y aceptarse que el reactor funciona como reactor acidogénico (Sección 5.3.6).

Resolución: estructural, no solo paramétrica. Siguiendo el protocolo de la Sección 4.7, se verificó computacionalmente que la estructura estándar (cinética de Haldane + Z desacoplada + $k_{d1} = k_{d2} = 0$) preserva la coexistencia estable incluso con los parámetros de estiércol de Arzate (2019): la simulación con estructura Haldane y parámetros Arzate produce $X_2^* = 0.39 \text{ g L}^{-1}$ y $\eta_2 = 99.0 \%$ a $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$. Recíprocamente, la estructura extendida (cinética monótona + Z acoplada) elimina la coexistencia incluso con los parámetros estándar de Bernard et al. (2001). La Tabla 5.27 resume las cuatro configuraciones evaluadas.

Tabla 5.27: Aislamiento del efecto estructura vs parámetros ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$). Las filas 3 y 4 son simulaciones adicionales que cruzan estructura y parámetros para aislar cada efecto. Resultado: la estructura determina la coexistencia.

Cinética μ_2	Ecuación de Z	Parámetros	X_2^* (g L $^{-1}$)	η_2	Coexistencia
Haldane (exp. 2)	Desacoplada	Bernard	0.960	99.9 %	Sí
Monótona (exp. 1)	Acoplada	Arzate	0	0 %	No
Monótona (exp. 1)	Acoplada	Bernard	0.004	0 %	No
Haldane (exp. 2)	Desacoplada	Arzate	0.390	99.0 %	Sí

La causa de la eliminación de la coexistencia es *estructural*: la monotonía de μ_2 (exponente 1 en vez de 2) y el acoplamiento de Z a las biomásas vía los N-términos son los factores determinantes, no los valores numéricos de los parámetros por sí solos. Esta conclusión refuerza la relevancia de las extensiones de Ficara et al. (2014) y Arzate et al. (2017): no son ajustes menores sobre el mismo modelo, sino modificaciones que cambian la estructura cualitativa del espacio de fases. La **trazabilidad paramétrica** (Tabla 2.5 $\rightarrow$ Arzate 2019) sigue siendo un producto esencial: cada predicción es rastreable a un parámetro medido, pero el comportamiento cualitativo depende de la estructura de las ecuaciones.

5.3.4. CC1: Riqueza de bifurcaciones

El criterio CC1 (Sección 2.4.3) evalúa si los modelos difieren en el tipo y la riqueza de sus bifurcaciones. El estándar posee dos bifurcaciones transcriticals: $D_2^{\text{crit}} = 1.072 \text{ dia}^{-1}$ (colisión $\varepsilon_4^* \leftrightarrow \varepsilon_5^*$, pérdida de coexistencia) y $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$ (colisión $\varepsilon_4^* \leftrightarrow \varepsilon_1^*$, lavado acidogénico), delimitando tres regiones de operación con biestabilidad $\varepsilon_4^*/\varepsilon_5^*$ en un subrango de la Región I (Secciones 5.1.6–5.1.7). El extendido posee una bifurcación transcritical en $D_1^{\text{bif}} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}$ (colisión $\varepsilon_3^* \leftrightarrow \varepsilon_1^*$, Sección 5.2.10) y una bifurcación silla-nodo (fold) en $D_{\text{bif2}} \approx 0.1903 \text{ dia}^{-1}$ (colisión de las Ramas A y B de e_D^{num} , Sección 5.2.11), delimitando dos regiones principales más una sub-región interna.

Los modelos difieren en *tipo*, no solo en cantidad. La bifurcación silla-nodo **D11** del extendido (Tabla 5.24) —donde dos equilibrios de coexistencia numérica colisionan y desaparecen— no tiene análogo en el estándar, porque su causa estructural es el lazo de retroalimentación $Z \rightarrow \text{pH} \rightarrow \mu_2 \rightarrow X_2 \rightarrow Z$ creado por los N-términos y la dependencia $\mu_2(\text{pH})$. Recíprocamente, la segunda bifurcación transcritical del estándar (D_2^{crit}) no tiene contraparte en el extendido, porque la monotonía de μ_2 impide la dualidad σ_2^-/σ_2^+ que la genera.

La consecuencia más importante es la **desaparición de la biestabilidad** (Sección 5.2.9). En el estándar, los equilibrios ε_4^* y ε_5^* coexisten como atractores para cierto rango de D , y la condición inicial determina el destino del sistema. En el extendido, ε_3^* es el *único* atractor

para todo $D < D_1^{\text{bif}}$: no hay elección por condición inicial ni histéresis. La causa es la monotonía de la cinética metanogénica con exponente 1 (Sección 5.2.1), que elimina la dualidad de soluciones del Haldane con exponente 2. Para el operador, esto significa que el modelo extendido predice un comportamiento determinista: **el sistema siempre converge a la acidogénesis pura, independientemente del estado inicial del reactor.**

Veredicto CC1: Diferente en tipo. El extendido revela la bifurcación silla-nodo **D11** y la desaparición de la biestabilidad, fenómenos invisibles para el estándar. El estándar revela la bifurcación D_2^{crit} y la biestabilidad $\varepsilon_4^*/\varepsilon_5^*$, fenómenos inexistentes en el extendido. Cada modelo ilumina un mecanismo de inestabilidad que el otro no puede detectar.

5.3.5. CC2: Información de pH

El criterio CC2 evalúa si el modelo extendido provee información sobre el pH que el estándar no puede ofrecer. La diferencia es estructural: en el estándar, la alcalinidad Z es una variable *desacoplada* ($Z^* = Z_{\text{in}}$ siempre, ecuación 2.9) y el pH es una variable derivada calculable a posteriori sin efecto sobre la dinámica. En el extendido, los N-términos de la ecuación (2.18) acoplan Z a las biomasaes, y la función $I(\text{pH})$ (2.21) hace que μ_2 dependa del pH: la alcalinidad es una variable *dinámica* que influye sobre la cinética metanogénica (Tabla 5.11).

Esta diferencia estructural produce información exclusiva del extendido. El Descubrimiento **D8** (Tabla 5.24, Sección 5.2.5) establece que el pH está *indefinido* en el 87 % de la Región I ($D < D_{\text{cruce}} = 0.3614$), donde $Z^* < S_2^*$ hace que el argumento del logaritmo en la fórmula del pH sea negativo. El diagrama (D, pH) de la Figura 5.25 muestra que la ventana de pH definido en ε_3^* tiene un ancho de apenas 0.052 dia^{-1} con valores (8.1–11.2) completamente fuera del rango óptimo para la metanogénesis. El equilibrio numérico e_D^{num} presenta $\text{pH} = 9.09$ a $D = 0.027$ y $\text{pH} = 5.52$ a $D = 0.25$, ambos extremos del rango viable. El diagrama alternativo (D, Z_{in}) de la Figura 5.26 identifica la alcalinidad de entrada Z_{in} como variable de control clave: $Z_{\text{in}}^{\text{crit}} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$ es el umbral para que el pH esté definido a $D = 0.027$ (Sección 5.2.12).

Para el operador, el modelo extendido ofrece una señal de monitoreo exclusiva: $\text{pH} > 8.5$ indica cercanía al transitorio de coexistencia; pH indefinido o extremo indica que $Z < S_2$ (alarma de acidificación sin buffer). El estándar no puede generar esta señal.

Veredicto CC2: Sí aporta. El extendido produce información de pH inherente a su estructura que el estándar no puede detectar: Z acoplada a las biomasaes ($Z^* \neq Z_{\text{in}}$), $C^* < 0$ (carbono inorgánico inadmisibles, **D8**), pH indefinido en el 87 % de la Región I (**D9**), y el diagrama (D, Z_{in}) como herramienta de diseño para el operador (**D10**, Sección 5.2.12).

5.3.6. CC3: Accionabilidad de recomendaciones

El criterio CC3 evalúa si las recomendaciones del extendido son más accionables que las del estándar. La diferencia es sustancial.

El modelo estándar genera una sola recomendación operacional: mantener $D < D_2^{\text{crit}} = 1.072 \text{ dia}^{-1}$ para preservar la coexistencia (Sección 5.1.9). Esta recomendación es simple, genérica, y opera sobre una única variable de control (D).

El modelo extendido genera recomendaciones sobre *múltiples variables controlables*:

Tabla 5.28: Recomendaciones operacionales: modelo estándar vs extendido. R3–R5 son exclusivas del extendido; R1 y R2 se enriquecen con la dinámica de Z . Cada recomendación se deriva de los descubrimientos indicados y se desarrolla en la Sección 6.5.

R	Variable	Extendido	Estándar	Descubrim.
R1	D	$D < D_1^{\text{bif}} = 0.414 \text{ dia}^{-1}$; margen $15.3\times$	$D < D_2^{\text{crit}} = 1.072$; margen $39.7\times$	D4, D7
R2	$S_{\text{lin}}/Z_{\text{in}}$	No modificar sustrato sin recalcular alcalinidad; dilución 1:3 es el mínimo viable	Depende solo de S_{lin} (Z desacoplada)	D1
R3	Z_{in}	Suplementar hasta $Z_{\text{in}}^{\text{crit}} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$; déficit $\approx 110 \text{ mmol L}^{-1}$	No aplica ($Z^* = Z_{\text{in}}$)	D8, D10
R4	pH	Monitorear: pH > 8.5 indica inhibición metanogénica total	No aplica (pH no está en la dinámica)	D9
R5	$X_2(t)$	Transitorio de coexistencia dura ~ 19 años; el biogás actual puede desaparecer sin señal de alerta	No aplica (coexistencia estable)	D5

Las recomendaciones R3, R4 y R5 son *exclusivas* del extendido: el estándar no puede formularlas porque Z está desacoplada, el pH no está en la dinámica y las tasas de muerte son nulas. La suplementación de alcalinidad (R3) —por ejemplo, con NaHCO_3 ($\approx 9 \text{ g L}^{-1}$)— es la acción correctiva de mayor impacto: aumentar Z_{in} hasta $Z_{\text{in}}^{\text{crit}}$ haría que $Z^* > S_2^*$ y el pH quedara definido en ε_3^* , pero no restauraría la coexistencia porque ε_3^* tiene $X_2^* = 0$ por construcción —la monotonía de μ_2 impide la existencia de un equilibrio de coexistencia analítico independientemente de Z_{in} (Tabla 5.27). El efecto esperable es prolongar el transitorio de coexistencia y sostener una metanogénesis parcial. La simulación de este escenario es la pregunta Q1 del trabajo futuro (Sección 6.7). Adicionalmente, el extendido sugiere la co-digestión con un sustrato de menor N_{bac} como alternativa para reducir el consumo de alcalinidad.

Veredicto CC3: Extendido más accionable. Las recomendaciones R3 (Z_{in} , derivada de **D8/D10**), R4 (pH, derivada de **D9**) y R5 (transitorio, derivada de **D5**) son exclusivas del modelo extendido y operan sobre variables que el estándar no puede identificar. El desarrollo cuantificado de R1–R5 se presenta en la Sección 6.5.

5.3.7. CC4: Predicciones opuestas y huella de nitrógeno

El criterio CC4 (Sección 2.4.3) evaluaba si ambos modelos predicen el mismo comportamiento para Mamiña ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$). El resultado es una **refutación total**: las predicciones son diametralmente opuestas. El estándar predice coexistencia estable (ε_3^* , $\eta_2 = 99.9\%$, biogás abundante, digestato apto como fertilizante); el extendido predice solo acidogénesis (ε_3^* , $\eta_2 = 0\%$, sin biogás sostenible, digestato ácido e inestable pero con propiedades parciales de fertilizante por la degradación de materia orgánica). **Para el mismo biodigestor, con la misma tasa de dilución, el mismo TRH de 37 días, y las mismas condiciones iniciales, un modelo predice éxito completo y el otro predice fracaso estructural.** Esta es la máxima discrepancia posible entre dos modelos del mismo sistema. Las Figuras 5.23 y 5.24 (Sección 5.2.11) visualizan este contraste: la Región I del estándar contiene equilibrios de coexistencia; la misma región en el extendido predice acidogénesis pura con acumulación de VFAs ($S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$, $2.57\times$ la concentración de entrada).

Causa raíz: la huella de nitrógeno del estiércol. La Tabla 5.29 muestra el contraste en el balance de alcalinidad entre sustratos.

Tabla 5.29: Huella de nitrógeno: estiércol (Arzate) vs aguas residuales (Bernard). El balance de signo opuesto es la causa raíz de la cascada **D1** $\rightarrow$ **D8** $\rightarrow$ CC4 refutado.

Componente	Estiércol (ext.)	Aguas resid. (std.)	Ratio
N_{bac} (mmol g^{-1})	34.4	0.25	$138\times$
$N_{S_1} \cdot k_1$ (mmol g^{-1})	0.624	6.74	$0.09\times$
Balance neto (mmol g^{-1})	-33.78	+6.49	Signo opuesto
Efecto sobre Z^*	Consumo	Liberación	—

En el estiércol, cada gramo de biomasa que crece destruye 33.78 mmol de alcalinidad: el nitrógeno asimilado por las bacterias ($N_{bac} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$) supera masivamente el nitrógeno liberado por la degradación del sustrato ($N_{S_1} \cdot k_1 = 0.024 \times 26.0 = 0.624 \text{ mmol g}^{-1}$). En las aguas residuales, la relación se invierte: la degradación *libera* alcalinidad (+6.49 mmol g^{-1}). A esta asimetría se suma que el estiércol produce $3.15\times$ más VFAs por gramo de sustrato ($k_2/k_1 = 8.72$ vs 2.77), agravando el déficit.

A $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ (Mamiña), las consecuencias del balance negativo son: $Z^* = 133.3 \text{ mmol L}^{-1}$,

menor que $S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$ (déficit de $110.5 \text{ mmol L}^{-1}$, pH indefinido), y $C^* = -110.5 \text{ mmol L}^{-1}$ (carbono inorgánico negativo, físicamente imposible). El equilibrio ε_3^* es doblemente inadmisibile (Sección 5.2.5), pero es el único atractor funcional del sistema. Esta cascada —del balance de nitrógeno negativo al pH indefinido, de la inadmisibilidad al diagnóstico de reactor acidogénico— es invisible para el estándar, donde $Z^* = Z_{\text{in}}$ siempre y toda la alcalinidad está preservada.

Evaluación cualitativa consolidada. La Tabla 5.30 resume los veredictos de los cuatro criterios cualitativos CC1–CC4 (Sección 2.4.3). Los cuatro criterios confirman que el modelo extendido aporta información cualitativamente nueva que el estándar no puede producir.

Tabla 5.30: Evaluación de los criterios cualitativos CC1–CC4 (Sección 2.4.3). Los cuatro veredictos favorecen al extendido: aporta bifurcaciones de tipo distinto, información de pH exclusiva, recomendaciones más accionables, y un diagnóstico opuesto para Mamiña.

CC	Estándar	Extendido	Veredicto
CC1	2 transcricas, 3 regiones, biestabilidad	1 transcrica + 1 fold (D11), 2 regiones, sin biestabilidad	Diferente en tipo
CC2	Z desacoplada, sin info pH dinámica	D8 , pH endógeno, diagrama (D, Z_{in}) , monitoreo	Sí aporta
CC3	Solo R1 (una variable)	R1–R5 $(D, Z_{\text{in}}, \text{pH})$ + co-digestión	Más accionable
CC4	$\eta_2 = 99.9\%$	$\eta_2 = 0\%$	Opuestas

El patrón que emerge de la tabla es claro: en cada dimensión evaluada, el modelo extendido revela un aspecto del sistema que el estándar no puede capturar. CC1 y CC2 aportan mecanismos y señales nuevas; CC3 traduce esos mecanismos en acciones concretas; y CC4 demuestra que la discrepancia no es marginal sino total. **El estándar ofrece un pronóstico optimista ($\eta_2 = 99.9\%$) que no refleja las limitaciones del estiércol; el extendido ofrece un diagnóstico realista ($\eta_2 = 0\%$ en equilibrio) con herramientas para intervenir.**

5.3.8. Validación con observaciones de campo

Las observaciones de Guzmán-Cood (2024) sobre el biodigestor de Mamiña fueron realizadas *antes e independientemente* del análisis matemático de esta tesis. El modelo extendido no fue calibrado con estos datos; la concordancia es una *consistencia a posteriori* que constituye evidencia sólida de que el modelo captura la física relevante del sistema. La Tabla 5.23

(Sección 5.2.15) detalla la comparación punto a punto.

Las cuatro observaciones clave son consistentes con el transitorio del modelo extendido. Primero, las diluciones 1:1 y 1:2 causaron estancamiento del biodigestor: el modelo predice que mayor concentración de estiércol agrava el déficit de alcalinidad, acidificando el medio. Segundo, la dilución 1:3 funcionó pero en el límite: el modelo explica que la dilución reduce $S_{2\text{eff}}$ a un nivel manejable pero precario, lo que Guzmán-Cood (2024) descubrió por ensayo y error. Tercero, el pH medido por Guzmán-Cood (2024) durante los primeros meses de operación (dentro del transitorio predicho por el modelo) oscila con promedio cercano a 7.0 y valores entre 6.5 y 7.2 (límite inferior del rango óptimo), consistente con un sistema operando al borde de su capacidad buffer (Z^* cercano a S_2^*). Cuarto, el biogás observado “en ciertos períodos” —intermitente, no constante— es consistente con la metanogénesis transitoria que el modelo predice: hay producción de biogás mientras $X_2 > 0$ (durante el transitorio de ~ 19 años, Sección 5.2.15), pero no en el equilibrio final.

En contraste, el modelo estándar predice biogás estable y abundante ($\eta_2 = 99.9\%$, coexistencia en ε_5^*): **Esta predicción es incompatible con las observaciones de intermitencia y rendimiento inferior al esperado.** La consistencia a posteriori no constituye una validación empírica formal (Sección 4.11), pero demuestra que el diagnóstico del extendido —reactor acidogénico con transitorio de coexistencia— es más realista que el pronóstico optimista del estándar.

5.3.9. Evaluación de hipótesis H1–H5

Las cinco hipótesis de trabajo formuladas en la Sección 1.7 (Tabla 1.3) fueron diseñadas con cautela. Los resultados revelan un escenario cualitativamente más drástico de lo previsto. La Tabla 5.31 sintetiza la evaluación.

Tabla 5.31: Evaluación de las hipótesis H1–H5. Las hipótesis fueron formuladas con cautela (Sección 1.7); los resultados superaron las expectativas en los cinco casos.

H	Enunciado	Resultado	Matiz	Evidencia
H1	Valores críticos más bajos	Verificada	Forma fuerte: D_2^{crit} no existe	§5.2.3
H2	Bifurcaciones asociadas al pH	Parcial	D11 nueva, pero conexión con pH indirecta	§5.2.11
H3	η ligeramente menores	Refutada	η_2 opuesto (0% vs 99.9%)	§5.2.15
H4	Región segura en (D , pH)	Parcial	Existe info, pero pH endógeno	§5.2.12
H5	Modelos coinciden para Mamiña	Refutada	Predicciones opuestas	§5.2.15

H1: “Valores críticos más bajos” — Verificada (forma fuerte). La hipótesis anticipaba que D_2^{crit} del extendido sería menor que 1.072 dia^{-1} . El resultado es más drástico: D_2^{crit} directamente **no existe** porque la monotonía de μ_2 y el acoplamiento $Z \rightarrow$ biomasa eliminan la coexistencia analítica (Sección 5.2.2). La hipótesis decía “más bajo”; la realidad es “inexistente”. El valor crítico de lavado acidogénico $D_1^{\text{bif}} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}$ sí existe y es un 74.6 % menor que $D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$, confirmando cuantitativamente la dirección prevista.

H2: “Bifurcaciones asociadas al pH” — Parcial. El modelo extendido presenta una bifurcación nueva: la silla-nodo **D11** en $D_{\text{bif2}} \approx 0.1903 \text{ dia}^{-1}$ (Sección 5.2.11), un descubrimiento original del modelo extendido. Sin embargo, **D11** no está asociada al pH en sentido estricto: es un cruce de valor propio por cero, no un cruce de pH por pH_L o pH_H . La conexión con el pH es indirecta: en D_{bif2} , la diferencia $Z^* - S_2^* = 0.0016 \text{ mmol L}^{-1}$ sitúa al equilibrio al borde de la singularidad del pH. La hipótesis acertó en predecir bifurcaciones nuevas, pero el mecanismo difiere del anticipado.

H3: “Indicadores ligeramente menores” — Refutada. La hipótesis esperaba una reducción moderada de η_1 y η_2 por efecto de las tasas de muerte. Para η_1 , la reducción es efectivamente moderada (-6.1 pp : 99.5 % vs 93.4 %), consistente con la hipótesis. Pero para η_2 , el resultado es una **eliminación total**: 0 % vs 99.9 %, no “ligeramente menor” sino “completamente opuesto”. La causa no es solo k_{d2} : es la sinergia de tres factores —muerte ($k_{d2} = 0.060 \text{ dia}^{-1}$), ausencia de retención ($\alpha = 1$) y consumo masivo de alcalinidad ($N_{\text{bac}} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$)— que destruyen conjuntamente la viabilidad metanogénica. Adicionalmente, la función $I(\text{pH})$ de Arzate et al. (2017) es monótona creciente, lo que elimina el mecanismo de autorregulación por pH que la cinética de Haldane provee en el estándar.

H4: “Región segura en (D, pH) ” — Parcial. El extendido produce información en el plano (D, pH) : para $D < 0.361$ el pH es indefinido en ε_3^* (Descubrimiento **D8**); para $D > 0.19$, e_D^{num} tiene pH entre 5.5 y 9.1 (Sección 5.2.12). Sin embargo, no existe una “región segura” formalmente definida porque el pH es *endógeno* (no controlable directamente), e_D^{num} es dinámicamente inaccesible (Sección 5.2.16), y la “seguridad” depende de si se evalúa en ε_3^* o en e_D^{num} . La hipótesis acertó en que el extendido aporta información de pH, pero la “región segura” no tiene la forma simple anticipada.

H5: “Modelos coinciden para Mamiña” — Refutada de raíz. Esta era la hipótesis central, formulada esperando “coincidencia con información adicional”. El resultado es una **contradicción total**: coexistencia estable ($\eta_2 = 99.9 \%$) en el estándar frente a acidogénesis pura ($\eta_2 = 0 \%$) en el extendido. El transitorio de coexistencia del extendido (Sección 5.2.15) —con $X_2(200) = 0.114 \text{ g L}^{-1}$ y $S_2(200) = 9.4 \text{ mmol L}^{-1}$ — podría crear la ilusión de concordancia a escala de meses, pero la tasa neta de decaimiento metanogénico $\mu_2 - \alpha D - k_{d2} \approx -10^{-4} \text{ dia}^{-1}$ conduce inevitablemente a $X_2 \rightarrow 0$ con vida media ~ 7000 días

(≈ 19 años). A largo plazo, el valor propio asintótico $-(\alpha D + k_{d2}) = -0.087 \text{ dia}^{-1}$ gobierna la extinción (Sección 5.2.15).

Síntesis. Los resultados superaron las expectativas: una hipótesis verificada en forma fuerte (H1), dos refutadas (H3, H5), y dos parcialmente confirmadas (H2, H4). Las hipótesis fueron formuladas con cautela; el modelo reveló un comportamiento cualitativamente más extremo de lo anticipado. La lección metodológica es que las extensiones del modelo no son “ajustes menores” sino que pueden cambiar *cualitativamente* las predicciones cuando los parámetros del sustrato difieren sustancialmente.

5.3.10. Parsimonia y cierre de objetivos

Criterio de parsimonia (Sección 2.4.4). La parsimonia es el principio rector de la comparación: un modelo más complejo solo se justifica si aporta información que el más simple no puede producir. Para el biodigestor de Mamiña, la pregunta es concreta: ¿necesita el operador la información adicional del modelo extendido (pH, alcalinidad, transitorio), o puede gestionar el reactor con la única recomendación del estándar (mantener D bajo)? El criterio definido en la Sección 2.4 establece que el modelo extendido aporta valor adicional si y solo si: (a) CQ1–CQ3 muestran diferencias significativas, o (b) CC2 provee rangos operacionales de pH útiles. Si ninguna condición se cumple, el estándar es suficiente por parsimonia.

La condición (a) se cumple con amplitud: los cuatro CQ son significativos (Tabla 5.26), con η_2 difiriendo en 99.9 puntos porcentuales — la máxima discrepancia posible. La condición (b) también se cumple: CC2 aporta el Descubrimiento **D8** (pH indefinido en 87 % de la Región I), el diagrama (D, Z_{in}) como herramienta de diseño, y señales de monitoreo de pH exclusivas (Tabla 5.30). **Ambas** condiciones se satisfacen, no solo una. El veredicto es inequívoco: el modelo extendido **aporta valor adicional sustancial**. El estándar **no es suficiente** por sí solo para describir el comportamiento del biodigestor de Mamiña con parámetros de estiércol. **La parsimonia no aplica porque el modelo más simple produce un diagnóstico cualitativamente incorrecto para este sustrato.**

Cierre del objetivo OE7 (Tabla 1.2). La comparación sistemática fue completada utilizando los 8 criterios predefinidos (CQ1–CQ4, CC1–CC4). El resultado establece que las extensiones de Ficara et al. (2014) y Arzate et al. (2017) modifican las predicciones cualitativas de forma *sustancial* —no marginal— y enriquecen la información disponible para el operador con 6 contribuciones exclusivas: **D8** (pH indefinido), **D11** (bifurcación silla-nodo), VH-6 (trade-off coexistencia), cuenca inaccesible de e_D^{num} , Z acoplada ($Z^* \neq Z_{in}$), y $C^* < 0$. Las 5 hipótesis H1–H5 fueron evaluadas (Tabla 5.31) con resultados que superaron las expectativas formuladas en la Sección 1.7. Con este resultado, OE7 queda **cerrado**.

Cierre del objetivo OE8 (Tabla 1.2). Las recomendaciones operacionales para Mamiña

se sintetizan en tres componentes. (a) *Rangos*: $D < D_1^{\text{bif}} = 0.414 \text{ dia}^{-1}$ para evitar lavado (margen $15.3\times$ a $D = 0.027$); pH indefinido para $D < 0.361$ (87 % de Región I); suplementar Z_{in} hasta $Z_{\text{in}}^{\text{crit}} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$ (Sección 5.2.12). (b) *Indicadores*: $\eta_1 = 93.4\%$ (buena degradación, -6.1 pp vs estándar); $\eta_2 = 0\%$ en equilibrio, $\sim 90\%$ en transitorio ($t = 200$), 47.5% en e_D^{num} (Tabla 5.22). (c) *Información adicional*: las 6 contribuciones exclusivas listadas arriba, de las cuales la más relevante para el operador es el monitoreo de pH como indicador de estado (R4, Tabla 5.28). Con este resultado, OE8 queda **cerrado**.

El hallazgo principal. La inexistencia analítica de coexistencia y $\eta_2 = 0\%$ constituyen el resultado central de la tesis sobre el modelo extendido, que revela información cualitativamente nueva en cinco dimensiones —limitación estructural del estiércol, necesidad de intervención activa, fragilidad operacional oculta (transitorio ~ 19 años), causas identificables (balance de nitrógeno $-33.78 \text{ mmol g}^{-1}$, crecimiento neto 0.34 dia^{-1} , $\alpha = 1$), y acciones correctivas posibles (R1–R5, co-digestión, suplementación de Z_{in}). Estas cinco dimensiones, junto con los 11 descubrimientos **D1–D11** documentados en la Tabla 5.24 (Sección 5.2.16), constituyen la contribución original de esta tesis y se sintetizan en el Capítulo 6.

Capítulo 6

Conclusiones

El biodigestor de Mamiña fue diseñado, construido y sensorizado por Guzmán-Cood (2024), pero carecía de un modelo predictivo que relacionara los parámetros controlables con la estabilidad del proceso (Sección 1.3). Esta tesis abordó esa brecha aplicando un análisis cualitativo de los modelos AM2 estándar y extendido, mediante la estrategia comparativa de tres etapas (Sección 4.7) y la metodología de siete fases (Tabla 4.1). El análisis permitió determinar los equilibrios de cada modelo, clasificar su estabilidad, identificar las bifurcaciones que delimitan los regímenes de operación, y diagnosticar el estado del biodigestor de Mamiña frente a cada modelo. El resultado superó las expectativas formuladas en las hipótesis H1–H5: **los dos modelos predicen destinos diametralmente opuestos para el mismo reactor**. El modelo estándar predice coexistencia estable — ambas poblaciones bacterianas (acidogénicas y metanogénicas) sobreviven en equilibrio, el reactor produce biogás y estabiliza los ácidos grasos volátiles (VFAs) del digestato, con una eficiencia de estabilización $\eta_2 = 99.9\%$. El modelo extendido predice acidogénesis pura — los metanógenos se extinguen, no hay producción sostenible de biogás, y los VFAs se acumulan en el digestato sin ser estabilizados ($\eta_2 = 0\%$). La discrepancia de 99.9 puntos porcentuales en η_2 es la máxima posible entre ambos modelos.

Este capítulo sintetiza ese resultado central, responde a la pregunta de investigación y a las tres preguntas operacionales del Capítulo 1, formula diez conclusiones estratificadas, presenta once contribuciones originales, desarrolla las recomendaciones operacionales R1–R5, y propone líneas de investigación futura.

6.1. Síntesis del resultado central

El modelo AM2 extendido, con parámetros de estiércol de ganado (Arzate, 2019), predice que el biodigestor de Mamiña opera como **reactor acidogénico**: la eficiencia de estabiliza-

ción de ácidos grasos volátiles (VFAs) es $\eta_2 = 0\%$ en equilibrio (los metanógenos se extinguen y no hay producción sostenible de biogás), mientras que el modelo estándar (Bernard et al., 2001) predice coexistencia estable con $\eta_2 = 99.9\%$ (metanogénesis plena). La eficiencia de degradación del sustrato orgánico η_1 difiere moderadamente: 93.4% (extendido) vs 99.5% (estándar, Tabla 5.22). Esta combinación — η_1 alta pero η_2 nula — tiene una consecuencia directa sobre la calidad del digestato: la primera etapa (acidogénesis) degrada eficazmente la materia orgánica y contribuye a la remoción de patógenos, pero la segunda etapa (metanogénesis) no completa la estabilización de los VFAs. El resultado es un digestato con propiedades parciales de fertilizante — consistente con la caracterización de Guzmán-Cood (2024), quien reportó “biol con propiedades parciales de fertilizante”, validado “no tanto por la presencia de micro y macronutrientes, sino por la eficiencia de remoción de carga orgánica, remoción de patógenos y mínima presencia de metales pesados”. El modelo extendido explica por qué las propiedades son parciales y no completas: la acidogénesis funciona, la metanogénesis no. **La discrepancia en η_2 — 99.9 puntos porcentuales — es la máxima posible entre ambos modelos.**

Las observaciones de campo de Guzmán-Cood (2024) —biogás intermitente, pH al límite inferior del rango óptimo, dificultades con concentraciones mayores de estiércol— son consistentes con el diagnóstico del extendido e incompatibles con la predicción del estándar (Sección 5.3.8). El modelo extendido no fue calibrado con estos datos: la consistencia a posteriori es evidencia empírica sólida de que los parámetros de Arzate 2019 capturan la física relevante del sistema.

La razón es estructural, no paramétrica (Tabla 5.27): el modelo estándar asume $Z^* = Z_{\text{in}}$ (alcalinidad desacoplada de las biomasas, ecuación (2.9)), lo que lo hace incapaz de representar el consumo de alcalinidad por crecimiento bacteriano. Solo el extendido, al incorporar los N-términos — los términos de balance de nitrógeno que acoplan la alcalinidad a las biomasas (Ficara et al., 2014) — en la ecuación de Z , detecta que $Z^* < S_2^*$ (para Mamiña y el 87% de Región I) y que el pH queda indefinido en el equilibrio ε_3^* . Como consecuencia, las ecuaciones de coexistencia no tienen solución (el pH indefinido impide evaluar μ_2 cuando $X_2^* > 0$), y ε_3^* — que existe porque $X_2^* = 0$ hace trivial la ecuación de X_2 sin necesidad de evaluar μ_2 — es el único equilibrio con biomasa activa. La monotonía de la cinética metanogénica proviene tanto del denominador lineal en S_2 ($K_{S_2} + S_2$ en vez de $K_{S_2} + S_2 + S_2^2/K_{I_2}$) como de la función $I(\text{pH})$ monótona creciente de Arzate et al. (2017). La verificación computacional cruzada confirmó que la estructura Haldane preserva la coexistencia incluso con parámetros de estiércol, mientras que la estructura monótona la elimina incluso con parámetros estándar (Sección 5.3.3).

Las hipótesis H1–H5 (Tabla 1.3) fueron formuladas con cautela. Los resultados las su-

peraron de forma contundente: H3 esperaba indicadores “ligeramente menores” y obtuvo eliminación total (η_2 : 0% vs 99.9%); H5 esperaba que ambos modelos “coincidirían” y obtuvo predicciones opuestas. De las cinco hipótesis, una fue verificada en forma fuerte, dos parcialmente confirmadas y dos refutadas (Tabla 5.31).

Este resultado revela información cualitativamente nueva en cinco dimensiones (detalladas en la Sección 5.3.10):

1. **Causa raíz — el estiércol destruye la alcalinidad del reactor.** El crecimiento bacteriano con estiércol consume más alcalinidad de la que el sustrato libera. En términos cuantitativos, el balance de nitrógeno ($N_{S_1}k_1 - N_{bac} = -33.78 \text{ mmol g}^{-1}$) tiene signo negativo, invirtiendo completamente el comportamiento respecto a las aguas residuales ($+6.49 \text{ mmol g}^{-1}$), donde el balance es positivo y la alcalinidad se refuerza. Esta inversión es el origen de toda la cascada de diferencias cualitativas entre los modelos (**D1** $\rightarrow$ **D8** $\rightarrow$ CC4, Tabla 5.29).
2. **No hay una sola causa — tres factores actúan en sinergia.** La eliminación de la metanogénesis no se debe a un solo parámetro sino a la combinación de tres factores biológicos: los metanógenos crecen más lento (crecimiento neto 54% menor que en el estándar), no hay retención de biomasa en el reactor ($\alpha = 1$), y cada gramo de biomasa producida destruye una cantidad masiva de alcalinidad ($N_{bac} = 34.4 \text{ mmol g}^{-1}$). Ninguno de estos factores por sí solo elimina la coexistencia; es su acción conjunta la que produce el colapso. **Estos factores biológicos operan a través de los tres mecanismos matemáticos del colapso topológico:** la monotonía de μ_2 , el acoplamiento $Z \leftrightarrow$ biomasa, y los parámetros de estiércol (Sección 5.2.2; interpretación en Sección 5.3.3).
3. **El reactor necesita intervención activa para funcionar.** La alcalinidad natural del estiércol ($Z_{in} = 144.89 \text{ mmol L}^{-1}$) es insuficiente: se necesitan al menos $255.4 \text{ mmol L}^{-1}$ para que el pH esté definido, un déficit de 110 mmol L^{-1} que debe cubrirse con suplementación externa de bicarbonato de sodio (R3, Tabla 5.28, Sección 5.3.7).
4. **El problema es invisible a corto plazo.** El transitorio de coexistencia dura ~ 19 años: durante meses o incluso años, el biodigestor aparenta funcionar correctamente — produce biogás, degrada sustrato — mientras converge lentamente hacia la acidogénesis pura. Esta fragilidad oculta explica por qué Guzmán-Cood (2024) observó biogás en ciertos períodos a pesar de que el destino a largo plazo es la extinción de los metanógenos (Sección 5.2.15).

5. **El operador necesita cambiar su enfoque de gestión.** El modelo estándar sugiere que basta con controlar la frecuencia de alimentación (D) y el reactor funciona solo. El extendido revela que se requiere gestión activa sobre dos variables controlables (D y la alcalinidad de entrada Z_{in}), con el pH como variable observable de monitoreo, articuladas en cinco recomendaciones cuantificadas R1–R5 (Sección 6.5).

Estas cinco dimensiones están sustentadas por los once descubrimientos **D1–D11** documentados en la Tabla 5.24 (Sección 5.2.16), que constituyen la base empírica del diagnóstico.

6.2. Respuesta a la pregunta de investigación

El objetivo general de esta tesis (Sección 1.5) fue: “*Determinar, mediante análisis cualitativo de los modelos AM2 estándar y extendido, cómo la estabilidad de los equilibrios del sistema depende de los parámetros operacionales controlables (D , S_{1in}) y de variables observables como el pH, y evaluar si las extensiones del modelo (tasas de muerte bacteriana, efecto explícito del pH en la cinética metanogénica) proporcionan información cualitativamente valiosa adicional que permita al operador del micro biodigestor de Mamiña manejar la calidad del digestato.*”

Cómo depende la estabilidad de los parámetros operacionales. El objetivo preguntaba por la dependencia respecto a las variables controlables D y S_{1in} . El análisis confirmó la dependencia respecto a D , pero reveló un resultado inesperado: la variable que más determina si el reactor puede sostener la metanogénesis no es la concentración de estiércol (S_{1in}) sino la alcalinidad de entrada (Z_{in}) — una variable invisible para el modelo estándar, donde la alcalinidad no cambia durante el proceso ($Z^* = Z_{in}$ siempre, Sección 5.3.7). Este desplazamiento — de S_{1in} a Z_{in} como segunda variable de gestión — es, en sí mismo, un resultado de la tesis. La estabilidad depende críticamente de tres variables.

Tasa de dilución D . El umbral de lavado acidogénico es $D_1^{bif} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}$ en el extendido (vs $D_1^{crit} = 1.629$ en el estándar, Sección 5.2.3), con un margen de $15.3\times$ a $D = 0.027$ (vs $60.3\times$). El extendido reduce el rango operacional seguro a una cuarta parte del estándar.

Concentración de sustrato S_{1in} y alcalinidad de entrada Z_{in} . En el estándar, la estabilidad depende solo de D y S_{1in} (la dilución estiércol:agua). En el extendido, el análisis reveló que Z_{in} es la variable de control clave: el umbral para que el pH esté definido es $Z_{in}^{crit} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$, y con $Z_{in} = 144.89 \text{ mmol L}^{-1}$ (valor actual) el déficit es de 110 mmol L^{-1} — la alcalinidad del estiércol no sostiene la capacidad buffer, es decir, la capacidad del bicarbonato para neutralizar los ácidos grasos volátiles y mantener el pH estable. La relación entre S_{1in} y Z_{in} determina si el reactor puede sostener la metanogénesis (R2, Tabla 5.28, Sección 5.3.7).

pH. En el extendido, el pH no es solo un indicador derivado sino un determinante dinámico de la viabilidad metanogénica ($I(\text{pH})$ en μ_2). El pH está indefinido en el 87 % de la Región I (el rango de D donde el reactor tiene actividad biológica; **D8**, Sección 5.2.12). El estándar no puede revelar esta dependencia porque Z está desacoplada.

¿Las extensiones aportan valor? Respuesta en tres componentes.

(1) *Las extensiones no ajustan los números: cambian la predicción completa.* Los cuatro criterios cuantitativos CQ son significativos (Tabla 5.26): el umbral de lavado es 74.6 % menor, el margen operacional se reduce 4×, la eficiencia de estabilización pasa de 99.9 % a 0 %, y la sensibilidad a D está amplificada. El criterio cualitativo CC4 lo resume: los modelos producen predicciones diametralmente opuestas para el mismo reactor (Tabla 5.30). **No es un ajuste cuantitativo: es un cambio cualitativo — de coexistencia estable a acidogénesis pura.**

(2) *El modelo extendido aporta información que el estándar no puede generar.* Ambas condiciones del criterio de parsimonia (Sección 2.4.4) se satisfacen: (a) las diferencias cuantitativas CQ1–CQ3 superan los umbrales predefinidos, y (b) el modelo extendido aporta información exclusiva sobre el pH que el estándar no contiene (CC2). La señal de alerta $\text{pH} > 8.5$, el diagnóstico de pH indefinido, y la dependencia en Z_{in} son productos exclusivos del extendido (Secciones 5.2.12 y 5.3.6). **El estándar no es suficiente por sí solo para estiércol.**

(3) *El operador puede mejorar la calidad del digestato, pero necesita intervenir activamente.* El estándar prescribe gestión pasiva: basta con mantener D por debajo de un umbral y el reactor funciona solo. El extendido revela que con estiércol esto no es suficiente: el operador debe suplementar alcalinidad (R3), monitorear el pH (R4), y anticipar que el biogás actual es transitorio (R5). Estas tres acciones operan sobre dos variables controlables (D , Z_{in}) y una observable (pH), con el diagnóstico de reactor acidogénico (CONC-1) como punto de partida (Tabla 5.28). **El cambio de enfoque — de “funciona solo” a “requiere intervención y monitoreo” — es, en sí mismo, un resultado con implicaciones prácticas directas.**

Matiz esencial. El modelo estándar no es incorrecto —es excelente para aguas residuales (Bernard et al., 2001), el sustrato para el cual fue calibrado. La insuficiencia surge cuando se aplica a un sustrato cualitativamente diferente (estiércol, parámetros Arzate 2019) donde la huella de nitrógeno — el balance neto entre el nitrógeno consumido por las bacterias y el liberado por la degradación del sustrato — invierte el balance de alcalinidad e impide la metanogénesis. **Esta restricción operacional es sustrato-dependiente, no sitio-dependiente, y es en sí misma un resultado de la tesis.**

Respuesta a las preguntas operacionales. Las tres preguntas formuladas en la Sección 1.3 tienen ahora respuesta cuantificada:

¿Cuánto puede variar la frecuencia de alimentación? La operación actual ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$) tiene un margen amplio: el umbral de lavado del modelo extendido es $D = 0.414 \text{ dia}^{-1}$, es decir, $15.3\times$ la tasa actual. Esto significa que el operador podría aumentar considerablemente la frecuencia de alimentación sin riesgo de lavado bacteriano. Sin embargo, este margen es $4\times$ menor que el que predice el estándar ($60.3\times$), lo que muestra que el modelo extendido impone restricciones más estrictas (R1, Sección 5.2.3).

¿Qué sucede si el pH se desvía del rango óptimo? El pH es la señal diagnóstica más importante que revela el modelo extendido. Un pH sostenido por encima de 8.5 indica que la inhibición metanogénica es total: los metanógenos dejan de crecer. Un pH que no puede calcularse (indefinido) indica que la alcalinidad ha sido consumida por completo. Ambas señales son exclusivas del extendido e invisibles para el estándar (R4, **D9**, Sección 5.2.12).

¿Cuáles son las señales de alerta de un colapso inminente? El resultado más contraintuitivo es que el colapso no es inminente sino gradual: el transitorio dura ~ 19 años, durante los cuales el reactor aparenta funcionar. La señal de alerta no es un evento abrupto sino una tendencia: la producción de biogás se reduce progresivamente, y el pH tiende a subir. La acción recomendada es preventiva: suplementar alcalinidad (R3) y monitorear pH (R4) antes de que la extinción metanogénica sea irreversible (R5, Sección 5.2.15).

Márgenes de seguridad y rangos de pH. Las implicaciones prácticas anticipadas en la Sección 1.4 — rangos críticos de pH y márgenes de seguridad — se obtuvieron, pero con una forma distinta a la prevista. El margen de seguridad en D es $15.3\times$ (extendido) vs $39.7\times$ (estándar): cuantificado y accionable. Los rangos de pH, en cambio, no son “zonas seguras” prescriptivas sino señales diagnósticas: pH indefinido en el 87 % de la Región I (**D9**), $\text{pH} > 8.5$ como señal de inhibición total (R4), y el diagrama (D, Z_{in}) como herramienta de diseño para restaurar la definición del pH (Sección 5.2.12). La información de pH es más rica de lo anticipado, pero opera como variable observable de monitoreo, no como variable controlable.

Cierre de objetivos. La Tabla 6.1 resume el estado de los ocho objetivos específicos definidos en la Tabla 1.2.

Tabla 6.1: Cierre de los objetivos específicos OE1–OE8 (definidos en la Tabla 1.2). Todos cerrados.

OE	Resultado principal	Sección	Fase
OE1	Ambos modelos formulados (6 EDOs cada uno, 3 extensiones)	§2.2–2.3, §5.2.1	0
OE2	Colapso topológico $6 \rightarrow 2$ equilibrios admisibles (D1)	§5.2.2	I
OE3	$D_1^{\text{bif}} = 0.4138$, D_2^{crit} no existe, $Z_{\text{in}}^{\text{crit}} = 255.4$	§5.2.5–5.2.3	I
OE4	ε_3^* estable toda Reg. I; D11 en $D_{\text{bif}2} \approx 0.1903$	§5.2.8	II–III
OE5	1 transcítica + 1 fold D11 ; diagrama (D , pH)	§5.2.10–5.2.12	IV
OE6	30 figuras, error $< 0.01\%$, 6 verificaciones VH	§5.2.14	V
OE7	CQ1–4 significativos, CC1–4 evaluados, parsimonia	§5.3.10	VI
OE8	R1–R5, indicadores η_1/η_2 , 6 contribuciones exclusivas	§5.3.10	VI

6.3. Conclusiones del análisis

La respuesta a la pregunta de investigación se sustenta en diez conclusiones estratificadas en tres niveles: relevancia práctica para el operador de Mamiña (CONC-1, CONC-2), contribuciones a la investigación en biodigestión anaerobia (CONC-3 a CONC-7), y aportes metodológicos replicables (CONC-8 a CONC-10). Cada conclusión incluye su contexto, el resultado, y la referencia a la sección donde fue demostrada.

Relevancia práctica

CONC-1 — Reactor acidogénico. El biodigestor de Mamiña, operando a $D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$ con estiércol diluido 1:3, funciona como reactor acidogénico según el modelo extendido (**D5**, Tabla 5.24): la eficiencia de estabilización es $\eta_2 = 0\%$ en equilibrio. El valor propio metanogénico de ε_3^* es $\lambda_6 = -\alpha D - k_{d2} < 0$ siempre — no requiere evaluar μ_2 ni el pH (porque $X_2^* = 0$ en ε_3^* ; véase Sección 5.2.8). Los metanogénicos se extinguen asintóticamente. Para el digestato — el producto principal de Mamiña (Sección 1.2) —, esto implica que en equilibrio los VFAs no se estabilizan: la concentración residual $S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$ ($2.57\times$ la de entrada) produce un digestato no estabilizado. Sin embargo, dado que $\eta_1 = 93.4\%$, la acidogénesis sí degrada eficazmente el sustrato orgánico, lo que explica la remoción de carga orgánica y de patógenos reportada por Guzmán-Cood (2024). El digestato resultante tiene propiedades parciales de fertilizante — útil por su remoción de patógenos y materia orgánica, pero con alta carga de VFAs residuales que limitan su calidad. El biogás observado por Guzmán-Cood (2024) —producido solo en ciertos períodos del proyecto, a pesar de una producción estimada de $\sim 145 \text{ L/día}$ — corresponde a un transitorio de coexistencia de ~ 19 años, no a un estado estable (Secciones 5.2.15 y 5.3.8).

CONC-2 — Dilución necesaria pero insuficiente. La dilución 1:3, adoptada por Guzmán-Cood (2024) por ensayo y error tras el estancamiento con proporciones 1:1 y 1:2, reduce la concentración efectiva de VFAs a un nivel manejable, pero no es suficiente para sostener la metanogénesis a largo plazo. Se requiere intervención adicional: suplementación de alcalinidad (R3, **D8/D10**: déficit $\sim 110 \text{ mmol L}^{-1}$, equivalente a $\sim 9.2 \text{ g L}^{-1}$ de NaHCO_3) y monitoreo de pH (R4, **D9**: $\text{pH} > 8.5$ indica inhibición metanogénica total). La suplementación de Z_{in} haría el pH definido y restauraría la capacidad buffer, pero no genera coexistencia estable porque la monotonía de μ_2 lo impide estructuralmente (Tabla 5.27); su efecto esperable es prolongar el transitorio de coexistencia, lo que requiere verificación por simulación (Q1, trabajo futuro). Estas recomendaciones son exclusivas del modelo extendido (Sección 5.3.6, Tabla 5.28).

Investigación

CONC-3 — La monotonía como raíz matemática. El modelo estándar usa cinética de Haldane con denominador cuadrático en S_2 ($K_{S_2} + S_2 + S_2^2/K_{I_2}$), que genera un máximo en $S_2^{\text{opt}} \approx 48.7 \text{ mmol L}^{-1}$ y admite dos soluciones de equilibrio σ_2^-/σ_2^+ . El extendido usa denominador lineal ($K_{S_2} + S_2$) multiplicado por $I(\text{pH})$ monótona creciente. La monotonía resultante elimina la dualidad σ_2^-/σ_2^+ , produciendo el colapso topológico de 6 a 2 equilibrios admisibles (Descubrimiento **D1**, Tabla 5.24). Esta pérdida de una familia entera de soluciones es la raíz matemática del colapso que elimina la coexistencia analítica. Las demás diferencias cualitativas (**D8**, **D11**) tienen raíces adicionales en los parámetros (N_{bac}) y en el acoplamiento $Z \rightarrow \text{pH}$, pero todas se manifiestan sobre el espacio de equilibrios reducido que la monotonía produce. Para el operador: el estándar predice dos destinos posibles según condición inicial; el extendido predice un solo destino (acidogénesis) independientemente del estado inicial (Secciones 5.2.2 y 5.3.3).

CONC-4 — Once hallazgos originales. Los descubrimientos **D1–D11** (Tabla 5.24, Sección 5.2.16) emergen del primer análisis cualitativo sistemático del modelo AM2 con parámetros calibrados para estiércol de ganado y no aparecen en la literatura previa sobre AM2, enfocada en aguas residuales. Los más relevantes para Mamiña: **D1** (colapso topológico —sin coexistencia analítica), **D8** (pH indefinido en el 87 % de la Región I —la alcalinidad no sostiene el buffer), y **D11** (bifurcación fold —fenómeno estructuralmente nuevo por acoplamiento pH-alcalinidad).

CONC-5 — Transitorio ilusorio. La simulación del extendido a $D = 0.027$ (Mamiña), partiendo de una condición inicial con metanogénicos presentes, revela un transitorio de coexistencia con tasa neta de decaimiento $\mu_2 - \alpha D - k_{d2} \approx -10^{-4} \text{ dia}^{-1}$ (vida media ~ 7000 días ≈ 19 años). A $t = 200$ días, la eficiencia de estabilización transitoria $\eta_2 \approx 90\%$ —

aparente éxito. Pero el valor propio asintótico $-(\alpha D + k_{d2}) = -0.087 \text{ dia}^{-1}$ gobierna la extinción inevitable¹. Para el operador: el biogás observado actualmente podría desaparecer dentro de su horizonte de operación sin señal de alerta visible —a menos que se monitoree pH (R4, Tabla 5.28, Sección 5.2.15).

CONC-6 — Bifurcación D11 exclusiva. El modelo extendido posee un equilibrio de coexistencia numérico (e_D^{num}), obtenido por resolución numérica del sistema no lineal completo de 6 ecuaciones. La bifurcación silla-nodo (fold) **D11** en $D_{\text{bif2}} \approx 0.1903 \text{ dia}^{-1}$ es un descubrimiento exclusivo del extendido, sin análogo en el estándar: en D11, dos equilibrios de coexistencia numérica (Ramas A y B de e_D^{num}) colisionan y desaparecen. Aunque e_D^{num} es dinámicamente inaccesible (cuenca prácticamente vacía, Sección 5.2.16), la existencia de D11 demuestra que el acoplamiento $Z \rightarrow \text{pH} \rightarrow \mu_2 \rightarrow X_2 \rightarrow Z$ genera fenómenos estructuralmente nuevos en el modelo AM2, invisibles para el estándar (Secciones 5.2.11 y 5.2.16).

CONC-7 — Resolución estructural. La discrepancia entre modelos es de origen **estructural**, no solo paramétrico. **La estructura Haldane con Z desacoplada preserva la coexistencia incluso con parámetros de estiércol ($\eta_2 = 99.0\%$), mientras que la estructura monótona con Z acoplada la elimina incluso con parámetros estándar favorables** (Tabla 5.27). Por tanto, las extensiones de Ficara et al. (2014) y Arzate et al. (2017) no son ajustes menores: modifican la estructura cualitativa del espacio de fases. La trazabilidad paramétrica (Tabla 2.5 $\rightarrow$ Arzate 2019) sigue siendo un producto esencial: garantiza que cada predicción es rastreable a un parámetro medido, pero el comportamiento cualitativo depende de la forma de las ecuaciones. Dado que la causa es la estructura y no los valores puntuales de los parámetros, **la implicación se extiende más allá de Mamiña**: cualquier modelo de digestión anaerobia que adopte cinética monótona y acoplamiento de alcalinidad para sustratos con alto N_{bac} producirá resultados cualitativamente similares. La restricción operacional es sustrato-dependiente, no sitio-dependiente (Sección 5.3.3).

Metodología

CONC-8 — Marco CQ/CC replicable. La comparación entre variantes de modelos de biodigestión requiere criterios formales para evitar juicios subjetivos. El marco CQ1–CQ4 / CC1–CC4 (Sección 2.4), con criterio de parsimonia (Sección 2.4.4), es replicable para comparar variantes de otros modelos (ADM1, co-digestión, temperatura) porque define: (a) criterios con umbrales cuantitativos explícitos ($> 10\%$ para CQ1, $> 5\%$ para CQ3), (b) criterios cualitativos con veredictos binarios (Sí/No aporta), y (c) una regla de decisión de parsimonia sin juicio subjetivo (Secciones 2.4 y 5.3.10).

¹La tasa neta -10^{-4} durante el transitorio es $\sim 870\times$ menor que el valor propio asintótico -0.087 : son magnitudes distintas que no deben confundirse (Sección 5.2.15).

CONC-9 — Metodología de siete fases efectiva. La metodología de análisis paralelo diseñada en el Capítulo 4 con siete fases (0–VI) aplicadas a ambos modelos (Tabla 4.1) permitió un análisis sistemático que produjo 67 figuras (4 del marco teórico, 28 del modelo estándar, 35 del extendido), 28 tablas en los capítulos de resultados (8 del estándar, 13 del extendido, 7 de la comparación) y 11 descubrimientos, cerrando los 8 objetivos específicos. Las herramientas de sistemas dinámicos del Capítulo 3 —linealización (Hartman-Grobman), clasificación de bifurcaciones (Sotomayor), retratos de fase, diagramas de bifurcación— fueron esenciales para clasificar y demostrar formalmente cada resultado.

El aporte diferencial de la teoría cualitativa respecto a la simulación numérica pura es que revela la *estructura* del comportamiento: clasifica equilibrios, determina su estabilidad, identifica bifurcaciones como transiciones de régimen, y explica *por qué* se observa cada régimen. Sin este enfoque, el transitorio de CONC-5 se observaría en simulación pero su causa estructural (monotonía de μ_2 , colapso **D1**, desaparición de biestabilidad) permanecería invisible.

CONC-10 — Agenda de investigación abierta. El análisis cualitativo tiene un alcance definido (Sección 1.9) que excluye validación empírica, control automático y modelado de temperatura. Las preguntas Q1–Q3 (Sección 6.7) definen una agenda de investigación futura verificable experimentalmente, directamente derivada de los resultados de esta tesis. El análisis cualitativo completa su alcance; la validación empírica queda como el paso natural y necesario siguiente.

6.4. Contribuciones originales

Las contribuciones de esta tesis se organizan en tres categorías: descubrimientos nuevos para la literatura AM2, aportes metodológicos replicables, y productos prácticos para el operador.

Contribuciones de descubrimiento

Estas contribuciones son nuevas para la literatura AM2 con parámetros de estiércol y emergen del primer análisis cualitativo sistemático del modelo en este régimen. No tienen precedente publicado (Tabla 5.24, Sección 5.2.16).

(i) **pH indefinido (D8).** En el 87 % de la Región I, $Z^* < S_2^*$ hace que el pH no pueda calcularse: la alcalinidad del estiércol no sostiene la capacidad buffer del reactor. Este resultado es invisible para el modelo estándar, donde $Z^* = Z_{\text{in}}$ siempre (Sección 5.2.12).

(ii) **Bifurcación silla-nodo (D11).** En $D_{\text{bif2}} \approx 0.1903 \text{ dia}^{-1}$, dos equilibrios de co-

existencia numérica colisionan y desaparecen. Este fenómeno, causado por el acoplamiento $Z \rightarrow \text{pH} \rightarrow \mu_2 \rightarrow X_2 \rightarrow Z$, no tiene análogo en el estándar (Sección 5.2.11).

(iii) **Paradoja estabilidad-alcanzabilidad (VH-6).** El equilibrio e_D^{num} es localmente estable pero dinámicamente inaccesible: su cuenca de atracción es prácticamente vacía. Un equilibrio estable que el sistema no puede alcanzar (Sección 5.2.16).

(iv) **Alcalinidad acoplada.** $Z^* \neq Z_{\text{in}}$ es la diferencia estructural fundamental entre los modelos: la alcalinidad deja de ser un parámetro fijo y se convierte en una variable dinámica que depende de las biomásas (Sección 5.3.3).

(v) **Carbono inorgánico negativo.** $C^* < 0$ en ε_3^* : una inadmisibilidad física del equilibrio que sin embargo gobierna la dinámica del reactor (Sección 5.2.2).

Contribuciones metodológicas

(vi) **Marco CQ/CC.** Un protocolo formal de comparación entre variantes de modelos de biodigestión, con criterios cuantitativos (umbrales explícitos: $> 10\%$ para CQ1, $> 5\%$ para CQ3) y cualitativos (veredictos binarios), replicable para otras variantes (ADM1, co-digestión, temperatura). Secciones 2.4 y 5.3.10.

(vii) **Criterio de parsimonia operacionalizado.** Regla de decisión sin juicio subjetivo: el modelo más complejo se justifica si y solo si CQ1–CQ3 son significativos o CC2 aporta información de pH exclusiva. Ambas condiciones se cumplieron (Sección 5.3.10).

(viii) **Metodología de siete fases paralelas.** Un protocolo estructurado (Fase 0–VI, Tabla 4.1) aplicado en paralelo a ambos modelos, que produjo 67 figuras, 28 tablas y 11 descubrimientos cerrando los 8 objetivos específicos. Sección 4.4.

Contribuciones prácticas

(ix) **Diagnóstico “reactor acidogénico” para Mamiña.** Con recomendaciones R1–R5 cuantificadas: umbrales numéricos, dosis de NaHCO_3 , señales de alerta, escala temporal del transitorio. Cada recomendación se deriva de un descubrimiento trazable (Tabla 5.28).

(x) **Señal de monitoreo $\text{pH} > 8.5$.** Una señal de alerta exclusiva del modelo extendido, detectable con la instrumentación ya instalada por Guzmán-Cood (2024), que indica inhibición metanogénica total (Sección 5.2.12).

(xi) **Consistencia a posteriori con observaciones de campo.** Cuatro observaciones de Guzmán-Cood (2024) — biogás intermitente, pH al límite, estancamiento con concentraciones altas, dilución 1:3 viable — son compatibles con el transitorio del extendido, sin calibración previa. Esto constituye evidencia empírica de que los parámetros de Arzate 2019 capturan la física relevante del estiércol de ganado (Secciones 5.3.6 y 5.3.8).

Alcance de las contribuciones. Para el operador de Mamiña, cada contribución se traduce en información accionable que el modelo estándar no podía proveer. Más allá de Mamiña, los descubrimientos (i)–(v) y las herramientas (vi)–(viii) son aplicables a cualquier biodigestor rural que procese estiércol animal u otro sustrato con alto N_{bac} , ya que **la restricción operacional identificada — la destrucción de alcalinidad por el alto contenido de nitrógeno del estiércol, que impide la metanogénesis — es sustrato-dependiente, no sitio-dependiente**: cualquier biodigestor que procese este tipo de sustrato enfrentará el mismo problema, independientemente de su ubicación geográfica.

6.5. Recomendaciones operacionales

El análisis cualitativo del modelo extendido permite formular cinco recomendaciones operacionales para el biodigestor de Mamiña, resumidas en la Tabla 5.28 (Sección 5.3.6). R3, R4 y R5 son exclusivas del modelo extendido: el estándar no puede formularlas porque carece de dinámica de pH, acoplamiento de alcalinidad y tasas de muerte. R1 y R2 son formulables parcialmente desde el estándar, pero el extendido enriquece su fundamentación al incorporar la dinámica de Z y el balance de nitrógeno. La recomendación más relevante y accionable es R3 (suplementación de alcalinidad), que aborda la causa raíz del problema; R4 (monitoreo de pH) provee la señal de alerta; R5 (escala temporal) establece la urgencia.

R1 — Mantener $D < 0.414 \text{ dia}^{-1}$. La tasa de dilución actual ($D = 0.027 \text{ dia}^{-1}$) tiene un margen de $15.3\times$ respecto al umbral de lavado $D_1^{\text{bif}} = 0.4138 \text{ dia}^{-1}$. Superar este umbral causa la pérdida irreversible de la población acidogénica por bifurcación transcítica (Sección 5.2.10). En la práctica, esto significa no aumentar el caudal de alimentación más allá de lo actual sin verificar que se mantiene por debajo de D_1^{bif} . Esta bifurcación existe también en el modelo estándar ($D_1^{\text{crit}} = 1.629 \text{ dia}^{-1}$), pero el extendido reduce el umbral en un 74.6 % y el margen operacional de $60.3\times$ a $15.3\times$.

R2 — No aumentar la concentración de estiércol sin suplementar alcalinidad. La dilución 1:3 actual es el mínimo viable. Aumentar la carga orgánica (menor dilución o mayor S_{lin}) sin ajustar Z_{in} agrava el déficit de pH, porque la estabilidad depende de la relación entre S_{lin} , Z_{in} y D . Guzmán-Cood (2024) observó que las proporciones 1:1 y 1:2 causaron estancamiento del biodigestor, consistente con este mecanismo (Sección 5.3.8). Si se requiere mayor carga orgánica, la suplementación de alcalinidad (R3) debe acompañar el cambio. La dependencia en S_{lin} existe en el estándar, pero la dependencia en Z_{in} es exclusiva del extendido.

R3 — Agregar $\sim 9 \text{ g L}^{-1}$ de NaHCO_3 al afluente. El déficit de alcalinidad es de 110 mmol L^{-1} ($Z_{\text{in}} = 144.89$ vs $Z_{\text{in}}^{\text{crit}} = 255.4 \text{ mmol L}^{-1}$). Sin esta intervención, $Z^* < S_2^*$, el pH

queda indefinido y la metanogénesis colapsa (Sección 5.3.7). La causa es la huella de nitrógeno del estiércol: cada gramo de biomasa destruye 33.78 mmol de alcalinidad ($N_{S_1}k_1 - N_{\text{bac}} = -33.78 \text{ mmol g}^{-1}$). La suplementación restaura la capacidad buffer y hace el pH definido, pero la cinética monótona impide la coexistencia estable a largo plazo (Tabla 5.27): el efecto esperable es prolongar el transitorio de coexistencia. La simulación de este escenario es Q1 del trabajo futuro. *Exclusiva del extendido*.

R4 — Si el pH supera 8.5, suplementar alcalinidad de inmediato. Un pH sostenido por encima de 8.5 indica inhibición metanogénica total ($I(\text{pH}) \approx 1$, $\mu_2 \approx 0$): los metanógenos dejan de crecer. La acción correctiva es suplementar alcalinidad según R3 (NaHCO_3) para restaurar la capacidad del medio de neutralizar ácidos sin que el pH descienda (capacidad buffer) y reducir el pH al rango funcional. Si el pH persiste elevado, reducir temporalmente la carga orgánica (menor S_{lin} o mayor dilución) para disminuir la producción de VFAs. Esta señal precede al colapso de la producción de biogás y es detectable con la instrumentación ya instalada por Guzmán-Cood (2024). El estándar no incorpora el pH en la cinética metanogénica y no puede generar esta señal de alerta (Sección 5.2.12). *Exclusiva del extendido*.

R5 — Asumir que el biogás actual puede desaparecer en años, no en días. Guzmán-Cood (2024) estimó una producción de $\sim 145 \text{ L/día}$ de biogás, pero observó producción solo en ciertos períodos. El modelo extendido explica esta intermitencia: el transitorio de coexistencia dura ~ 19 años (~ 7000 días, tasa neta $\sim -10^{-4} \text{ día}^{-1}$), y el biodigestor puede aparentar funcionamiento correcto durante meses o años mientras converge al equilibrio ε_3^* (acidogénesis pura, $\eta_2 = 0\%$). La producción de biogás observada corresponde a este transitorio y se extinguirá progresivamente. La acción recomendada es implementar R3 (suplementación de alcalinidad) y R4 (monitoreo de pH) de forma preventiva, antes de que la extinción metanogénica sea irreversible. El análisis de sensibilidad muestra que una variación de $\pm 10\%$ en $\mu_{2\text{max}}$ altera la vida media en un orden de magnitud, pero la conclusión cualitativa es robusta: la extinción de los metanógenos tarda años, no días (Sección 5.2.15). *Exclusiva del extendido* (requiere k_{d2} para calcular la tasa neta).

6.6. Limitaciones

Las seis limitaciones declaradas en la Sección 4.11 del Capítulo 4 se retoman aquí con los matices que los resultados permiten agregar. L3 fue resuelta completamente durante el análisis (experimento cruzado estructura/parámetros); L4 fue reenmarcada (la estabilidad local, único objetivo declarado en OE4, fue completamente demostrada); las restantes se mantienen con matices.

L1 — Sin calibración con datos de Mamiña. Los parámetros cinéticos provienen de

Arzate (2019), calibrados para estiércol de ganado bovino, y se usaron como proxy para el estiércol de oveja de Mamiña. *Matiz*: la consistencia a posteriori con cuatro observaciones de Guzmán-Cood (2024) (Sección 5.3.8) sugiere que los parámetros capturan la física relevante del sistema.

L2 — Datos parciales para validación empírica. Existen datos de pH y temperatura de Mamiña (Guzmán-Cood, 2024), pero no de VFAs, biomasa ni producción de biogás como funciones del tiempo. Los datos de pH no se usaron para calibración formal, solo para verificar consistencia a posteriori. *Matiz*: el análisis cualitativo identifica propiedades estructurales (equilibrios, estabilidad, bifurcaciones) sin requerir series temporales; la validación empírica cuantitativa es trabajo futuro (Q1).

L3 — Separación estructura/parámetros (resuelta). Esta limitación fue resuelta durante el análisis. La comparación entre modelos involucra diferencias simultáneas en la estructura de las ecuaciones (k_{d1} , k_{d2} , $I(\text{pH})$, acoplamiento de Z) y en los parámetros (Bernard vs Arzate). Esta superposición es inherente al enfoque comparativo: cada modelo se analiza con los parámetros para los cuales fue diseñado y calibrado. Para aislar la contribución de cada factor, se diseñó el experimento cruzado de la Sección 4.10, que combina cada estructura con cada conjunto de parámetros en cuatro configuraciones (Tabla 5.27). Los resultados son concluyentes: la estructura Haldane con Z desacoplada preserva la coexistencia incluso con parámetros de estiércol ($\eta_2 = 99.0\%$), mientras que la estructura monótona con Z acoplada la elimina incluso con parámetros estándar favorables. La atribución causal es clara: la eliminación de la coexistencia se debe a la estructura de las ecuaciones, no a los valores de los parámetros.

L4 — Estabilidad local demostrada; global fuera de alcance. El objetivo OE4 establece explícitamente la estabilidad *local* como alcance del análisis (Hartman-Grobman para equilibrios hiperbólicos), y esta fue completamente demostrada. La estabilidad global no fue un objetivo de la tesis. *Matiz*: tres argumentos respaldan que ε_3^* es el atractor global en la Región I. Primero, las cuatro condiciones iniciales CI1–CI4 (Tabla 4.2), distribuidas en los cuadrantes del plano (X_1, X_2) con biomasa alta y baja, convergen todas a ε_3^* (Sección 5.2.14). Segundo, en la Región I solo existen dos equilibrios (ε_1^* inestable, ε_3^* estable); la variedad estable de ε_3^* tiene dimensión 6 (todos los valores propios con parte real negativa) mientras que ε_1^* tiene dos direcciones inestables, por lo que las trayectorias genéricas no pueden converger a ε_1^* . Tercero, el equilibrio numérico e_D^{num} es dinámicamente inaccesible (cuenca vacía, Sección 5.2.16). No se construyó una función de Lyapunov; una demostración formal de estabilidad global excede el alcance definido y no alteraría las conclusiones operacionales, que dependen de la estabilidad local ya demostrada.

L5 — Aproximación CSTR. El reactor real de Mamiña opera en flujo semi-continuo,

simplificado como reactor de mezcla completa. *Matiz*: consistente con la escala del micro biodigestor (~ 150 L, alimentación manual diaria) y con el modelo AM2 original (Bernard et al., 2001).

L6 — Indicadores de eficiencia teóricos. Los indicadores de degradación η_1 y de estabilización η_2 no han sido validados con mediciones de calidad del digestato. *Matiz*: para revertir la conclusión cualitativa (acidogénesis vs coexistencia), el parámetro N_{bac} tendría que reducirse de 34.4 a < 0.624 mmol g $^{-1}$ —un factor 55×— (Tabla 5.29), incompatible con cualquier incertidumbre paramétrica razonable.

6.7. Trabajo futuro

El análisis cualitativo completó su alcance definido (Sección 1.9): los equilibrios, su estabilidad y sus bifurcaciones fueron determinados para ambos modelos, y la comparación sistemática fue ejecutada con los ocho criterios predefinidos. Sin embargo, los resultados abren preguntas nuevas que requieren herramientas complementarias — simulación paramétrica, datos experimentales, extensiones del modelo — que exceden el alcance de esta tesis pero se derivan directamente de sus hallazgos. Se presentan tres preguntas prioritarias (Q1–Q3) y cuatro líneas adicionales.

Q1 (prioritaria) — Suplementación de alcalinidad. Simular el efecto de aumentar Z_{in} hasta $Z_{\text{in}}^{\text{crit}}$: la suplementación haría el pH definido y restauraría la capacidad buffer, pero la monotonía de μ_2 impide la coexistencia estable (CONC-2, Tabla 5.27). La pregunta abierta es si el efecto sobre el transitorio — prolongar la coexistencia práctica y elevar η_2 transitorio — es suficiente para mejorar la calidad del digestato a escala operacional, y si el costo del NaHCO $_3$ (~ 9 g L $^{-1}$) es viable para Mamiña (Sección 5.3.7, R3).

Q2 — Función $I(\text{pH})$ alternativa. Explorar una función de inhibición por pH sigmoideal (tipo Batstone/ADM1) en lugar de la lineal monótona de Arzate et al. (2017). La monotonía de $I(\text{pH})$ contribuye a eliminar la dualidad σ_2^-/σ_2^+ (CONC-3). ¿Una función con máximo restauraría la coexistencia analítica? (Sección 5.3.3).

Q3 — Relevancia experimental de D11. Investigar si la bifurcación silla-nodo $D_{\text{bif2}} \approx 0.1903$ día $^{-1}$ es detectable en laboratorio. La cuenca inaccesible (Sección 5.2.16) sugiere que puede ser puramente teórica, pero su existencia prueba que el modelo contiene fenómenos no triviales con potencial predictivo.

Calibración paramétrica. Los parámetros de Arzate (2019) provienen de estiércol de ganado bovino y se usan como proxy para el estiércol de oveja de Mamiña (L1). Con series temporales del sistema de monitoreo de Guzmán-Cood (2024) — datos de pH y temperatura ya disponibles — se podrían resolver L1 y L2 simultáneamente, ajustar los parámetros al

sustrato real, y verificar si el transitorio predicho coincide con la evolución observada del reactor.

Co-digestión. El descubrimiento central de esta tesis — que el alto N_{bac} del estiércol destruye la alcalinidad — sugiere que la co-digestión con un sustrato de menor contenido de nitrógeno en biomasa podría reducir el déficit de alcalinidad. Un análisis cualitativo del modelo AM2 con parámetros de sustrato mixto evaluaría si la co-digestión restaura la coexistencia o solo prolonga el transitorio.

Control activo. La recomendación R4 (monitoreo $\text{pH} > 8.5$) provee una señal de entrada para el diseño de una estrategia de alimentación variable (D adaptativo) basada en señales de pH. La instrumentación ya instalada en Mamiña (Guzmán-Cood, 2024) permitiría implementar un control retroalimentado que ajuste la frecuencia de alimentación en función del pH medido (Sección 5.3.6).

Efecto de temperatura. El biodigestor de Mamiña opera dentro de un mini invernadero que estabiliza la temperatura del reactor entre 20 y 30 °C (rango mesofílico), a pesar de la alta variabilidad térmica diurna/nocturna del desierto de Atacama a 3000 m.s.n.m. (Guzmán-Cood, 2024). Un análisis con parámetros cinéticos dependientes de temperatura (tipo Arrhenius) evaluaría si las fluctuaciones residuales dentro del invernadero afectan la estabilidad, particularmente durante eventos extremos donde la protección térmica sea insuficiente.

6.8. Reflexión final

El modelo estándar predice que el biodigestor de Mamiña debería funcionar excelentemente: $\eta_2 = 99.9\%$, biogás estable, digestato completamente estabilizado, coexistencia robusta con margen de 39.7 veces. Las observaciones de Guzmán-Cood (2024) cuentan otra historia: biogás solo en ciertos períodos (a pesar de una producción estimada de ~ 145 L/día), pH al límite inferior del rango óptimo, dificultades con concentraciones más altas de estiércol, y un digestato con propiedades solo parciales de fertilizante. Estas observaciones son incompatibles con la predicción del estándar y consistentes con el diagnóstico del modelo extendido, que predice $\eta_1 = 93.4\%$ (la acidogénesis funciona, el sustrato se degrada y los patógenos se remueven) pero $\eta_2 = 0\%$ (la metanogénesis no completa la estabilización de los VFAs).

La respuesta está en la huella de nitrógeno del estiércol: un sustrato donde cada gramo de biomasa destruye 33.78 mmol de alcalinidad impone una restricción estructural que ningún modelo sin dinámica de pH puede detectar. El modelo extendido, al acoplar la alcalinidad a las biomasa y el pH a la cinética metanogénica, revela esta restricción y transforma un diagnóstico aparentemente negativo —reactor acidogénico, $\eta_2 = 0\%$ — en una guía operacional

concreta.

La reorientación del proyecto original — de simulación numérica en MATLAB a análisis cualitativo con Maple (Sección 1.8) — resultó ser la decisión metodológica correcta. Una simulación numérica habría mostrado el transitorio de coexistencia, pero no habría revelado su causa: la monotonía de μ_2 , el colapso topológico **D1** (Sección 5.2.2), la desaparición de la biestabilidad, ni la cascada $N_{\text{bac}} \rightarrow Z^* < S_2^* \rightarrow \text{pH indefinido}$. Estas son propiedades *estructurales* del modelo — independientes de las condiciones iniciales y de los valores puntuales de los parámetros — y solo el análisis cualitativo puede identificarlas y demostrarlas formalmente.

El diagnóstico “reactor acidogénico” indica al operador tres acciones concretas: intervenir la alcalinidad (déficit 110 mmol L^{-1}), monitorear el pH (señal > 8.5), y considerar que el transitorio se mide en décadas, no en días. Para Mamiña, donde el producto principal es el digestato utilizado como biofertilizante (Sección 1.2), estas acciones determinan directamente la calidad del producto: un reactor con $\eta_2 = 0\%$ produce un digestato con alta concentración residual de VFAs ($S_2^* = 243.9 \text{ mmol L}^{-1}$, $2.57\times$ la concentración de entrada), que conserva propiedades parciales de fertilizante (la acidogénesis degrada sustrato orgánico y remueve patógenos, como reportó Guzmán-Cood 2024) pero no está completamente estabilizado; un reactor con suplementación de alcalinidad y monitoreo de pH puede sostener la metanogénesis transitoria y producir un digestato de mejor calidad.

Guzmán-Cood (2024) identificó explícitamente la necesidad de modelamiento matemático del biodigestor como trabajo futuro de su tesis. El presente trabajo cierra esa brecha — un biodigestor funcional y sensorizado, pero sin modelo predictivo (Sección 1.3). El *análisis matemático cualitativo del micro biodigestor anaeróbico* — su estabilidad, sus bifurcaciones y las recomendaciones adaptadas a sus condiciones de operación — provee al operador de Mamiña las herramientas que necesitaba.

En el contexto de la Estrategia Nacional de Residuos Orgánicos (Ministerio del Medio Ambiente, 2020), que busca expandir la biodigestión en zonas rurales de Chile, los resultados de esta tesis trascienden el caso de Mamiña: este hallazgo es sustrato-dependiente, no sitio-dependiente. Cualquier biodigestor rural que procese estiércol enfrentará la misma restricción operacional, y el marco CQ/CC junto con la metodología de siete fases ofrecen herramientas para evaluar cada caso antes de la implementación.

Bibliografía

- Amon, F., & Bosch, P. (2025). *Propuesta de un modelo matemático cinético para la producción de un micro biodigestor anaeróbico en operación* [Proyecto de tesis aprobado, Facultad de Ingeniería, Universidad del Desarrollo].
- Angenent, L. T., Karim, K., Al-Dahhan, M. H., Wrenn, B. A., & Domínguez-Espinosa, R. (2004). Production of bioenergy and biochemical from industrial and agricultural wastewater. *Trends in Biotechnology*, 22, 477-485. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2004.07.001>
- Appels, L., Baeyens, J., Degreè, J., & Dewil, R. (2008). Principles and potential of the anaerobic digestion of waste-activated sludge. *Progress in Energy and Combustion Science*, 34(6), 755-781. <https://doi.org/10.1016/j.pecs.2008.06.002>
- Aranda-Barradas, J., Rivera-Salvador, V., Espinosa-Solares, T., Robles-Martínez, F., & Toledo, J. (2010). El modelo de digestión anaeróbica IWA-ADM1: una revisión de su evolución. *Ingeniería Agrícola y Biosistemas*, 1(2), 109-117.
- Arzate, J. A. (2019). *Modeling and simulation of biogas production based on anaerobic digestion of energy crops and manure* [Tesis doctoral, Technische Universität Berlin].
- Arzate, J. A., Kirstein, M., Ertem, F. C., Kielhorn, E., Ramirez Malule, H., Neubauer, P., Cruz-Bournazou, M. N., & Junne, S. (2017). Anaerobic Digestion Model (AM2) for the Description of Biogas Processes at Dynamic Feedstock Loading Rates. *Chemie Ingenieur Technik*, 89, 686-695.
- Ávila, M., Sotomayor, E., Erlwein, A., & Cerda, F. (2016). *Biogás de residuos agropecuarios en la región de los ríos*. INDAP y Gobierno Regional de Los Ríos.
- Batstone, D., Keller, J., Angelidaki, I., Kalyuzhnyi, S., Pavlostathis, S., Rozzi, A., Sanders, W., Siegrist, H., & Vavilin, V. (2002). Anaerobic digestion model No 1 (ADM1). *Water Science and Technology*, 45(10), 65-73. <https://doi.org/10.2166/wst.2002.0292>
- Benyahia, B., Sari, T., Cherki, B., & Harmand, J. (2012). Bifurcation and stability analysis of a two step model for monitoring anaerobic digestion processes. *Journal of Process Control*, 22(6), 1008-1019. <https://doi.org/10.1016/j.jprocont.2012.04.012>

- Bernard, O., Hadj-Sadok, Z., Dochain, D., Genovesi, A., & Steyer, J.-P. (2001). Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process. *Biotechnology and Bioengineering*, 75(4), 424-438. <https://doi.org/10.1002/bit.10036>
- Delgadillo, L., Machado-Higuera, M., & Hernandez, M. (2018). Mathematical modelling and simulation for biogas production from organic waste. *International Journal of Engineering Systems Modelling and Simulation*, 10(2), 97-102.
- Donoso-Bravo, A. (2020). Modelación de la digestión anaerobia. Una visión integrada. *Red-BioLAC*, 4, 96-101.
- FAO. (2019). *Guía teórico-práctica sobre el biogás y los biodigestores*. Secretaría de Energía, Ministerio de Hacienda.
- Ficara, E., Hassam, S., Allegrini, A., Leva, A., Malpei, F., & Ferretti, G. (2012). Anaerobic Digestion Models: a Comparative Study. *IFAC Proceedings Volumes*, 45(2), 1052-1057.
- Ficara, E., Hassam, S., Allegrini, A., Leva, A., Malpei, F., & Ferretti, G. (2014). Parameter identification and model validation in the anaerobic digestion of waste activated sludge. *Biochemical Engineering Journal*, 86, 4-12. <https://doi.org/10.1016/j.bej.2014.02.007>
- Grobman, D. M. (1959). Homeomorphisms of systems of differential equations. *Doklady Akademii Nauk SSSR*, 128, 880-881.
- Guzmán-Cood, S. (2024). *Diseño e implementación de micro biodigestor sensorizado para la producción de bioinsumos* [Tesis de maestría, Universidad del Desarrollo].
- Hartman, P. (1960). A lemma in the theory of structural stability of differential equations. *Proceedings of the American Mathematical Society*, 11(4), 610-620.
- Layek, G. C. (2024). *An Introduction to Dynamical Systems and Chaos* (2nd). Springer.
- Merino, M. (2019). *Diseño e implementación de reactor anaerobio semicontinuo para aprovechamiento de cáscaras de cacao* [Tesis de maestría, Universidad de Piura].
- Ministerio del Medio Ambiente. (2020). *Estrategia Nacional de Residuos Orgánicos (ENRO)* (inf. téc.). Gobierno de Chile.
- Sari, T., & Benyahia, B. (2021). The operating diagram for a two-step anaerobic digestion model. *Nonlinear Dynamics*, 105, 2771-2802. <https://doi.org/10.1007/s11071-021-06722-7>
- Sotomayor, J. (1973). Generic Bifurcations of Dynamical Systems. En M. M. Peixoto (Ed.), *Dynamical Systems* (pp. 561-582). Academic Press.
- Strogatz, S. H. (2015). *Nonlinear Dynamics and Chaos: With Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering* (2nd). Westview Press.

- Varnero, M. T. (2011). *Manual de biogás*. Gobierno de Chile, Ministerio de Energía / PNUD / FAO / GEF.
- Weiland, P. (2010). Biogas production: current state and perspectives. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 85(4), 849-860. <https://doi.org/10.1007/s00253-009-2246-7>

Apéndice A

Parámetros de los modelos

Este apéndice consolida los parámetros de ambos modelos AM2 en una referencia única, permitiendo la verificación independiente de los cálculos y la consulta rápida sin necesidad de buscar en las tablas distribuidas del Capítulo 2. Los parámetros del modelo estándar provienen de la Tabla 2.4; los del extendido, de la Tabla 2.5. Los coeficientes estequiométricos k_1 – k_6 del modelo extendido (Tabla 4 de Arzate 2019), que difieren sustancialmente de los del estándar, se incluyen aquí porque no aparecen en la Tabla 2.5 del Capítulo 2.

A.1. Tabla comparativa completa

Tabla A.1: Parámetros completos de ambos modelos. Estándar: Bernard et al. (2001); extendido: Arzate (2019) (cinéticos/estequiométricos), Ficara et al. (2014) (k_{d1} , k_{d2} , N_{S1} , N_{bac}) y Arzate et al. (2017) (pH_L , pH_H). Las celdas “—” indican parámetros que no existen en ese modelo.

Símbolo	Descripción	Estándar	Extendido	Unidad
<i>Parámetros cinéticos</i>				
μ_{1max}	Tasa máx. crecimiento acidogénicos	1.2	0.7	dia ⁻¹
μ_{2max}	Tasa máx. crecimiento metanogénicos	0.74	0.4	dia ⁻¹
K_{S1}	Constante saturación S_1	7.1	9.0	g L ⁻¹
K_{S2}	Constante saturación S_2	9.28	33.7	mmol L ⁻¹
K_{I2}	Constante inhibición S_2	256	250	mmol L ⁻¹
k_{La}	Transferencia CO ₂ líquido-gas	19.8	80.4	dia ⁻¹
α	Factor retención biomasa	0.5	1.0	—
k_{d1}	Tasa muerte acidogénicos	—	0.0553	dia ⁻¹
k_{d2}	Tasa muerte metanogénicos	—	0.060	dia ⁻¹
<i>Coefficientes estequiométricos</i>				
k_1	Degradación de S_1	42.14	26.0	g g ⁻¹
k_2	Producción de VFAs	116.5	226.6	mmol g ⁻¹
k_3	Consumo de VFAs	268	637.6	mmol g ⁻¹
k_4	Producción CO ₂ (acidogénesis)	50.6	34.9	mmol g ⁻¹
k_5	Producción CO ₂ (metanogénesis)	343.6	24.8	mmol g ⁻¹
k_6	Producción CH ₄	453	155	mmol g ⁻¹
<i>Nitrógeno e inhibición por pH (solo modelo extendido)</i>				
N_{S1}	Contenido N en sustrato	—	0.024	mmol g ⁻¹
N_{bac}	Contenido N en biomasa	—	34.4	mmol g ⁻¹
pH_L	pH de inhibición mínima ($I(pH) \approx 0$)	—	5.5	—
pH_H	pH de inhibición total ($I(pH) = 1$)	—	8.3	—
<i>Constantes fisicoquímicas (compartidas)</i>				
K_H	Constante de Henry CO ₂	27	27	mmol L ⁻¹ atm ⁻¹
P_T	Presión total	1.003	1.003	atm
K_b	Constante de basicidad	6.53×10^{-7}	6.53×10^{-7}	mol L ⁻¹

A.2. Condiciones de entrada

Los valores de Arzate (2019) corresponden a estiércol de ganado sin diluir (Tabla A-2 de su tesis doctoral). La dilución 1:3 documentada por Guzmán-Cood (2024) para el biodigestor de Mamiña reduce las concentraciones por un factor 0.25. La Tabla A.2 presenta la derivación completa. Las condiciones iniciales CI1–CI4 utilizadas en la verificación numérica de ambos modelos se presentan en la Tabla 4.2.

Tabla A.2: Condiciones de entrada. Los valores de Mamiña se obtienen multiplicando los de Arzate (2019) por el factor de dilución 0.25 (proporción estiércol:agua = 1:3, Guzmán-Cood 2024). Los del estándar provienen de Bernard et al. (2001).

Variable	Descripción	Arzate (sin diluir)	$\times 0.25$	Estándar	Unidad
S_{1in}	Sustrato orgánico	73.14	18.285	15	g L^{-1}
S_{2in}	VFAs	379.8	94.95	87.5	mmol L^{-1}
Z_{in}	Alcalinidad	579.56	144.89	50	mmol L^{-1}
C_{in}	Carbono inorgánico	200.56	50.14	40	mmol L^{-1}
<i>Parámetro operacional</i>					
D	Tasa de dilución (Mamiña)	—	0.027	0.027	dia^{-1}

A.3. Balance de nitrógeno

En el modelo estándar, la ecuación de alcalinidad no contiene términos de nitrógeno ($Z^* = Z_{in}$, ecuación (2.9)). En el extendido, el balance $N_{S1}k_1 - N_{bac}$ determina si el crecimiento bacteriano libera o consume alcalinidad (Tabla A.3). Para estiércol, el balance es fuertemente negativo: cada gramo de biomasa producida destruye 33.78 mmol de alcalinidad, causando $Z^* < S_2^*$ y la indefinición del pH (Tabla 5.29).

Tabla A.3: Balance de nitrógeno del modelo extendido con parámetros de Arzate (2019). El balance negativo indica consumo neto de alcalinidad por crecimiento bacteriano.

Componente	Cálculo	Valor	Significado
$N_{S1} \cdot k_1$	0.024×26.0	$0.624 \text{ mmol g}^{-1}$	N liberado por degradación
N_{bac}	(calibrado)	34.4 mmol g^{-1}	N asimilado por biomasa
Balance neto	$0.624 - 34.4$	$-33.78 \text{ mmol g}^{-1}$	Consumo neto de alcalinidad

Apéndice B

Estructura de las matrices Jacobianas

Este apéndice presenta las matrices Jacobianas completas de ambos modelos AM2. En el cuerpo de la tesis, las Secciones 5.1.6 y 5.2.7 describen la estructura de las Jacobianas y sus consecuencias cualitativas; aquí se documentan las expresiones algebraicas entrada por entrada, las derivadas de las cinéticas, y la evaluación en cada clase de equilibrio. El objetivo es permitir la verificación independiente de los valores propios reportados en el Capítulo 5.

B.1. Matriz Jacobiana del modelo estándar

La matriz Jacobiana $\mathbf{J} = \partial \mathbf{f} / \partial \boldsymbol{\varepsilon}$ del modelo estándar (ecuaciones (2.5)–(2.10)) tiene 22 entradas no nulas y 14 ceros estructurales. La estructura triangular inferior por bloques permite descomponer el espectro como $\text{spec}(\mathbf{J}) = \{-D\} \cup \text{spec}(\mathbf{J}_{\text{acid}}) \cup \text{spec}(\mathbf{J}_{\text{meth}}) \cup \{\lambda_C\}$, donde $\mathbf{J}_{\text{acid}}$ y $\mathbf{J}_{\text{meth}}$ son los bloques 2×2 de la ecuación (5.5).

$$\mathbf{J}_{\text{std}} = \begin{pmatrix} \mu_1 - \alpha D & 0 & \mu'_1 X_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \mu_2 - \alpha D & 0 & \mu'_2 X_2 & 0 & 0 \\ -k_1 \mu_1 & 0 & -D - k_1 \mu'_1 X_1 & 0 & 0 & 0 \\ k_2 \mu_1 & -k_3 \mu_2 & k_2 \mu'_1 X_1 & -D - k_3 \mu'_2 X_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -D & 0 \\ k_4 \mu_1 & k_5 \mu_2 & k_4 \mu'_1 X_1 & k_5 \mu'_2 X_2 - \frac{\partial q_{\text{CO}_2}}{\partial S_2} & -\frac{\partial q_{\text{CO}_2}}{\partial Z} & -D - \frac{\partial q_{\text{CO}_2}}{\partial C} \end{pmatrix} \quad (\text{B.1})$$

donde las derivadas de las cinéticas son:

$$\mu'_1 \equiv \frac{d\mu_1}{dS_1} = \frac{\mu_{1\max} K_{S1}}{(K_{S1} + S_1)^2} > 0 \quad (\text{Monod, siempre positiva}), \quad (\text{B.2})$$

$$\mu'_2 \equiv \frac{d\mu_2}{dS_2} = \frac{\mu_{2\max} (K_{S2} - S_2^2/K_{I2})}{(K_{S2} + S_2 + S_2^2/K_{I2})^2} \quad (\text{Haldane, cambia signo en } S_2^{\text{opt}}). \quad (\text{B.3})$$

La fila 5 (Z variable esclava) proporciona el valor propio trivial $\lambda_5 = -D < 0$, siempre estable.

B.2. Matriz Jacobiana del modelo extendido

La matriz Jacobiana del modelo extendido (ecuaciones (2.16)–(2.18) con cinética (2.20)) tiene 26 entradas no nulas y 10 ceros estructurales. Las 4 entradas que pasan de cero a no nulas — J_{25} , J_{26} , J_{51} , J_{52} — representan el acoplamiento bidireccional entre las biomاسas y la química del medio, destruyendo la estructura triangular por bloques.

$$\mathbf{J}_{\text{ext}} = \begin{pmatrix} \mu_1 - \alpha D - k_{d1} & 0 & \mu'_1 X_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \mu_2 I(\text{pH}) - \alpha D - k_{d2} & 0 & f' I(\text{pH}) X_2 & \mu_2 \frac{\partial I}{\partial Z} X_2 & \mu_2 \frac{\partial I}{\partial C} X_2 \\ -k_1 \mu_1 & 0 & -D - k_1 \mu'_1 X_1 & 0 & 0 & 0 \\ k_2 \mu_1 & -k_3 \mu_2 I(\text{pH}) & k_2 \mu'_1 X_1 & J_{44} & -k_3 \mu_2 \frac{\partial I}{\partial Z} X_2 & -k_3 \mu_2 \frac{\partial I}{\partial C} X_2 \\ J_{51} & J_{52} & J_{53} & J_{54} & J_{55} & J_{56} \\ k_4 \mu_1 & J_{62} & k_4 \mu'_1 X_1 & J_{64} & -\frac{\partial q_{\text{CO}_2}}{\partial Z} & -D - \frac{\partial q_{\text{CO}_2}}{\partial C} \end{pmatrix} \quad (\text{B.4})$$

donde $f'(S_2) = \mu_{2\max} K_{S2} / (K_{S2} + S_2)^2 > 0$ (monótona, exponente 1), $\partial I / \partial Z$ y $\partial I / \partial C$ se obtienen por regla de la cadena $(\partial I / \partial \text{pH}) \cdot (\partial \text{pH} / \partial Z)$ y $(\partial I / \partial \text{pH}) \cdot (\partial \text{pH} / \partial C)$, y las entradas

compactas son:

$$\begin{aligned}
J_{44} &= -D - k_3 f' I(\text{pH}) X_2, \\
J_{51} &= (k_1 N_{S1} - N_{\text{bac}}) \mu_1 + k_{d1} N_{\text{bac}}, \\
J_{52} &= -N_{\text{bac}} \mu_2 I(\text{pH}) + k_{d2} N_{\text{bac}}, \\
J_{53} &= (k_1 N_{S1} - N_{\text{bac}}) \mu'_1 X_1, \\
J_{54} &= -N_{\text{bac}} \frac{\partial(\mu_2 I(\text{pH}))}{\partial S_2} X_2, \\
J_{55} &= -D - N_{\text{bac}} \frac{\partial(\mu_2 I(\text{pH}))}{\partial Z} X_2, \\
J_{56} &= -N_{\text{bac}} \frac{\partial(\mu_2 I(\text{pH}))}{\partial C} X_2, \\
J_{62} &= k_5 \mu_2 I(\text{pH}) - \frac{\partial q_{\text{CO}_2}}{\partial X_2}, \quad J_{64} = k_5 f' I(\text{pH}) X_2 - \frac{\partial q_{\text{CO}_2}}{\partial S_2}.
\end{aligned}$$

Las expresiones simbólicas completas de $\partial q_{\text{CO}_2} / \partial x_j$ (ecuación (2.14), que involucra la función auxiliar φ con el término q_{CH_4} / k_{La}) fueron computadas por Maple V2.3 y verificadas entrada por entrada; ocupan del orden de decenas a cientos de términos y se encuentran en los archivos de cálculo del proyecto.

La Tabla B.1 resume las diferencias estructurales entre ambas matrices Jacobianas.

Tabla B.1: Comparación estructural de las matrices Jacobianas: entradas que difieren entre el modelo estándar y el extendido. $\equiv$: entrada idéntica; $\neq$: entrada modificada; $\bullet$: entrada nula en el estándar, no nula en el extendido; 0: entrada nula en ambos modelos. Las diferencias se originan en las tasas de muerte (k_{d1} , k_{d2}), los N-términos en la ecuación de Z , y la función de inhibición por pH $I(\text{pH})$.

	X_1	X_2	S_1	S_2	Z	C
$f_1 (X_1)$	$\neq (-k_{d1})$	0	$\equiv$	0	0	0
$f_2 (X_2)$	0	$\neq (-k_{d2})$	0	$\neq$ (vía pH)	$\bullet$	$\bullet$
$f_3 (S_1)$	$\equiv$	0	$\equiv$	0	0	0
$f_4 (S_2)$	$\equiv$	$\neq$ (μ_2 vía pH)	$\equiv$	$\neq$ (vía pH)	$\neq$ (vía pH)	$\neq$ (vía pH)
$f_5 (Z)$	$\bullet$	$\bullet$	$\neq$ (N-term)	$\neq$ (vía pH)	$\neq$ ($-D + \text{pH}$)	$\neq$ (vía pH)
$f_6 (C)$	$\equiv$	$\neq$ (φ comp.)	$\equiv$	$\neq$ (φ comp.)	$\neq$ (φ comp.)	$\neq$ ($-D + \varphi$)

Las 4 entradas que pasan de nulas a no nulas (J_{25} , J_{26} , J_{51} , J_{52} , marcadas con $\bullet$ en la tabla) son la huella algebraica del acoplamiento bidireccional entre las biomasas y la química del medio: las biomasas afectan la alcalinidad (vía N-términos, fila 5) y la alcalinidad afecta el crecimiento metanogénico (vía pH, fila 2). Esta ruptura de la estructura por bloques explica por qué los valores propios del extendido requieren resolución numérica, mientras que los del estándar se obtienen analíticamente por bloques 2×2 independientes.

B.3. Evaluación en los equilibrios

La evaluación de $\mathbf{J}(\boldsymbol{\varepsilon}^*)$ en cada clase de equilibrio produce simplificaciones que permiten obtener valores propios analíticos.

Modelo estándar — Clase A (ε_1^* , lavado total, $X_1^* = X_2^* = 0$). Los productos $\mu'_i X_i^*$ se anulan; la matriz es diagonal con $\lambda = \{\mu_1(S_{1in}) - \alpha D, \mu_2(S_{2in}) - \alpha D, -D, -D, -D, -D - k_{La}\Delta\}$, donde Δ depende de las condiciones de saturación del CO_2 .

Modelo estándar — Clase B ($\varepsilon_2^*, \varepsilon_3^*$, solo metanogénicos, $X_1^* = 0, X_2^* > 0$). El valor propio de invasibilidad acidogénica $\lambda = \mu_1(S_{1in}) - \alpha D$ es positivo para todo $D < D_1^{\text{crit}}$, lo que hace estos equilibrios siempre inestables en la Región I. Además, ε_2^* y ε_3^* requieren $S_1^* = S_{1in}$ (sustrato sin degradar), una condición biológicamente irrelevante.

Modelo estándar — Clase C (ε_4^* , solo acidogénesis, $X_1^* > 0, X_2^* = 0$). El valor propio de invasibilidad metanogénica $\lambda = \mu_2(S_{2\text{eff}}) - \alpha D$ determina si los metanógenos pueden invadir. Para $D < D_2^{\text{crit}}$, este valor propio es positivo y ε_4^* es inestable; para $D > D_2^{\text{crit}}$, negativo y ε_4^* es estable.

Modelo estándar — Clase D (ε_5^* , coexistencia, $X_1^* > 0, X_2^* > 0$). Las condiciones $\mu_1^* = \alpha D$ y $\mu_2^* = \alpha D$ anulan las entradas diagonales J_{11} y J_{22} . Los valores propios se obtienen por traza y determinante de los bloques 2×2 .

Modelo extendido — ε_1^* (lavado total, $X_1^* = X_2^* = 0$). Las entradas $J_{25}, J_{26}, J_{51}, J_{52}$ se anulan (contienen factor X_i^*); la matriz es casi diagonal. La diferencia con el estándar: $J_{11} = \mu_1(S_{1in}) - \alpha D - k_{d1}$ y $J_{22} = \mu_2(S_{2in}) I(\text{pH}) - \alpha D - k_{d2}$.

Modelo extendido — ε_3^* (acidogénesis, $X_2^* = 0, \mu_2 = 0$ por pH indefinido). Se recupera parcialmente la estructura triangular por bloques: el bloque acidogénico $\{X_1, S_1\}$ es 2×2 cerrado (con $J_{11} = -k_{d1}$ en vez de 0). El valor propio del modo X_2 es $\lambda = -\alpha D - k_{d2} = -0.087 \text{ dia}^{-1}$ (Sección 5.2.15). Los modos $\{S_2, Z, C\}$ forman un bloque 3×3 acoplado unidireccionalmente.

Modelo extendido — e_D^{num} (coexistencia numérica, $X_1^* > 0, X_2^* > 0$). La matriz Jacobiana 6×6 es irreducible: las 4 entradas nuevas no se anulan. Los valores propios requieren resolución numérica de $\det(\mathbf{J} - \lambda \mathbf{I}) = 0$, realizada por Maple V2.3. Los resultados se presentan en la Sección 5.2.8.

En conjunto, las Jacobianas documentadas en este apéndice sustentan los resultados de estabilidad del Capítulo 5: la descomposición por bloques del estándar (que permite análisis analítico) y la ruptura de esa estructura en el extendido (que exige resolución numérica y genera los fenómenos cualitativamente nuevos descritos en los Descubrimientos **D1–D11**).