

# GPS-X 8.1 기술 참고서



**GPS-X 8.1 Version**

Copyright ©1992-2022 Hydromantis, Inc. 및 하이드로소프트 판권 소유

No part of this work covered by copyright may be reproduced in any form or by any means - graphic, electronic or mechanical, including photocopying, recording, taping, or storage in an information retrieval system - without the prior written permission of the copyright owner.

The information contained within this document is subject to change without notice. Hydromantis Environmental Software Solutions, Inc. makes no warranty of any kind with regard to this material, including, but not limited to, the implied warranties of merchantability and fitness for a particular purpose. Hydromantis Environmental Software Solutions, Inc. shall not be liable for errors contained herein or for incidental consequential damages in connection with the furnishing, performance, or use of this material.

### **Trademarks**

GPS-X, GMI and all other Hydromantis trademarks and logos mentioned and/or displayed are trademarks or registered trademarks of Hydromantis, Inc. in Canada and in other countries

ACSL is a registered trademark of AEGIS Research Corporation

Adobe and Acrobat are trademarks of Adobe Systems Incorporated

MATLAB is a registered trademark of The MathWorks, Inc.

JAVA is a trademark of Sun Microsystems, Inc.

Microsoft, Windows XP, Window Vista, Window 7, Window 8, Window 10 are trademarks of Microsoft Corporation.

GPS-X uses selected Free and Open Source licensed components. Please see the readme.txt file in the installation directory for details.



[www.hydrosoft.co.kr](http://www.hydrosoft.co.kr)

**하이드로소프트**

# 목 차

<b>CHAPTER 1</b> .....	<b>7</b>
<b>모델링 기초</b> .....	<b>7</b>
모델링 및 시뮬레이션 소개 .....	7
컴퓨터 모델링의 장점 .....	9
플랜트의 물리적 데이터 .....	11
플랜트의 운전상 데이터 .....	11
유입수 성상 .....	12
생물 반응조 및 최종 침전조 .....	12
<b>CHAPTER 2</b> .....	<b>17</b>
<b>GPS-X 객체</b> .....	<b>17</b>
객체의 정의 .....	17
객체의 유형 .....	17
<b>CHAPTER 3</b> .....	<b>21</b>
<b>GPS-X 상태 변수 라이브러리</b> .....	<b>21</b>
라이브러리의 이해 .....	21
라이브러리의 유형 .....	21
상태 변수 .....	22
<b>CHAPTER 4</b> .....	<b>30</b>
<b>GPS-X 합성 변수 계산</b> .....	<b>30</b>
합성 변수란? .....	30
화학양론 설정 .....	30
화학양론 계산 .....	30
CNLIB 에서의 합성 변수 .....	31
CNIPLIB 에서의 합성 변수 .....	34
CNPLIB 에서의 합성 변수 .....	34
CNIPLIB 에서의 합성 변수 .....	41
mantis2lib 에서의 합성 변수 .....	41
비모델화 상태에서 계산한 상태 변수 .....	49
<b>CHAPTER 5</b> .....	<b>51</b>
<b>유입수 모델</b> .....	<b>51</b>
소개 .....	51
유입수 조연자 .....	51
유입수 객체 (CNLIB, CNPLIB, CNIPLIB, CNIPLIB) .....	54
유입수 모델 .....	56
강우 유출 .....	61
화학약품 주입 객체 .....	62
회분식 유입 객체 (Batch influent object) .....	63
유입수 추가설명 .....	64
Mantis2lib 에서 유입수 객체 .....	69
<b>CHAPTER 6</b> .....	<b>79</b>
<b>부유-성장 모델</b> .....	<b>79</b>
소개 .....	79
공통적인 특징 .....	79
포기 입력 파라미터의 개요 .....	89
포기 출력 변수 .....	98
공기 전달 수두-손실 모델 .....	98
활성 슬러지 생물학적 모델 .....	102

활성 슬러지 모델 No. 1 (ASM1) .....	104
활성 슬러지 모델 No. 2 (ASM2) .....	105
활성 슬러지 모델 No. 2d (ASM2d) .....	106
활성 슬러지 모델 No. 3 (ASM3) .....	108
Mantis 모델 (MANTIS).....	108
NEWGENERAL 모델 (NEWGENERAL) .....	109
통합 모델 (MANTIS2) .....	112
PRE-FERMENTER 모델 (PREFERMENTER) .....	123
활성 슬러지 모델을 선택하기 위한 제안 .....	126
특별한 활성 슬러지 단위 공정 .....	128
심층 포기 반응조 .....	128
Membrane Bioreactor (mbr) .....	128
혐기성 MBR (Mantis2 및 MANTIS3) .....	138
연속 회분식 반응조 (SBR).....	140
Pond/라군.....	146
산화구.....	150
Continuous flow sequencing reactor (cFsr).....	152
순산소 (HPO) 시스템 .....	155
개방형 순산소조 (mantis2lib) .....	156
분말 활성탄 (PAC).....	175
IP 라이브러리에서 독성 억제 .....	176
<b>CHAPTER 7 .....</b>	<b>179</b>
부착-성장 모델 .....	179
소개 .....	179
살수 여상 모델 .....	179
회전 생물막 접촉 (RBC) 모델 .....	187
침지형 생물학적 접촉 (SBC) 모델.....	191
단순 BAF (Biological aerated filter) 모델 .....	196
advanced biological aerated filter(BAF) Model.....	198
하이브리드 시스템.....	204
탈질 막.....	205
막 결합 생물반응조 (MABR).....	207
<b>CHAPTER 8 .....</b>	<b>216</b>
침전 및 부상 모델.....	216
침전 모델 .....	216
침전/정화 유형 .....	223
부상 모델 .....	223
<b>CHAPTER 9 .....</b>	<b>229</b>
사 여과 모델.....	229
소개 .....	229
연속 모델 .....	229
물질수지 모델 .....	230
1-차원 모델 .....	231
<b>CHAPTER 10 .....</b>	<b>235</b>
소화 모델 .....	235
기본 혐기성 소화 모델 .....	235
혐기성 소화 모델 #1(ADM1).....	246
호기성 소화 모델 .....	250
UASB / EGSB.....	250
<b>CHAPTER 11 .....</b>	<b>255</b>
기타 모델 .....	255
분배기.....	255

콘트롤 분배기(Control spiltter).....	255
펌핑장.....	256
막 여과.....	257
유량 조정조.....	258
슬러지 전처리.....	258
인라인 화학약품 주입.....	259
침사지.....	265
struvite 침전 모델.....	265
소독 객체.....	267
염소소독 모델.....	268
탈수.....	272
디스크와 벨트 마이크로스크린.....	274
하이드로사이클론 (Differential).....	274
High-Rate 모델 (고속 여과 모델).....	275
고도산화 공정 (AOP).....	281
블랙 박스.....	281
펌프 모델.....	282
건물.....	290
방류 객체.....	291
<b>CHAPTER 12.....</b>	<b>294</b>
<b>도구 및 공정 제어 객체.....</b>	<b>294</b>
Sampler.....	294
pH 도구.....	294
Low-Pass Filtering.....	298
On/Off 제어.....	299
PID 제어.....	300
Feedforward-Feedback 제어기.....	305
타이머 제어.....	308
Multivariable 제어기.....	308
Flow Timer 모델.....	308
Scheduler 모델.....	309
<b>CHAPTER 13.....</b>	<b>314</b>
<b>운전 비용 모델.....</b>	<b>314</b>
소개.....	314
모델 구조.....	314
운전 비용 모델 파라미터.....	317
운전 비용 모델 출력 변수.....	320
운전 비용 모델의 보정.....	321
<b>CHAPTER 14.....</b>	<b>324</b>
<b>최적화.....</b>	<b>324</b>
소개.....	324
최적화 설명.....	324
목적 함수 옵션.....	325
종료 기준.....	327
최적화 유형(형식).....	328
최적화 설정 및 파라미터의 정리.....	330
최적화 전략.....	334
Appendix A: 최대 우도 이론.....	335
Appendix B: 최적화 결과 보고서.....	338
Appendix C: Nomenclature.....	350
Appendix D: References.....	352
<b>CHAPTER 15.....</b>	<b>355</b>
<b>기타.....</b>	<b>355</b>

하수처리 모델링에서 시뮬레이션 결과를 평가하기 위한 통계 분석 .....	355
통계 지수 .....	357
통계 그래프 .....	358
잔차 그래프 .....	359
Real time clock .....	362
정상-상태 솔버 .....	362
수치 제어 .....	364
큰 (large) 모델 .....	367
통합 고려 사항 .....	368
<b>APPENDIX A .....</b>	<b>1</b>
<b>Petersen Matrices .....</b>	<b>1</b>
<b>APPENDIX B .....</b>	<b>1</b>
<b>호흡 측정학 .....</b>	<b>1</b>
소개 .....	1
이론적 배경 .....	1
성분 측정 .....	2
적용 .....	5
<b>APPENDIX C .....</b>	<b>1</b>
<b>References .....</b>	<b>1</b>

# CHAPTER 1

## 모델링 기초

### 모델링 및 시뮬레이션 소개

이 장의 목적은 모델링 및 시뮬레이션의 기본적인 소개를 제공하는 것입니다. 이 장은 기술 참조서 전반에 사용될 용어에 대한 기본적인 정의를 수립하는데 도움을 줄 것입니다. 또한 시뮬레이션의 이점에 중점을 둘 것입니다.

모델링 및 시뮬레이션에 관해 말할 때, 다음의 용어들을 흔히 사용합니다:

- 시스템
- 실험
- 모델
- 시뮬레이션

### 시스템

시스템은 지정된 기능을 실행하기 위해 결합된 상호 의존적인 성분들의 한 셋트입니다.

일반적인 의미로, 시스템의 개념은 물적 자원, 에너지 및 정보의 분류와 제어에 의해 지정된 목표를 달성하기 위해 서로 연결되고 구성되는 구조상 및 비-구조상 요소들의 다양한 모음으로 정의할 수 있습니다(Smith et al., 1983).

시스템의 기본적인 면 중 하나는 조절하는 것과 관찰하는 것이 가능하다는 것입니다. 환경과 시스템의 상호작용은 2 가지 종류로 분류됩니다.

1. 시스템의 거동에 영향을 미치는 환경에 의해 만들어지는 변수(입력이라 합니다)
2. 환경의 거동에 영향을 미치는 시스템에 의해 결정되는 변수(출력이라 합니다)

그러므로, 시스템은 입력 값으로 정의될 수 있고 시스템의 거동에 대한 관찰로 만들 수 있는 데이터에 대한 잠재적인 소스입니다.

## 실험

실험은 입력 값의 조작을 통해 시스템으로부터 데이터를 받아 내는 공정입니다.

실험은 실험을 통해 시스템의 더 나은 이해를 발달시킬 수 있는 시스템의 유일하고도 가장 중요한 개념입니다. 실험은 시스템의 2 가지 기본적인 특성을 이용하고 있다는 것을 뜻합니다:

1. 통제 가능성,
2. 관찰 가능성

실험을 수행하는 것은, 외부 조건을 시스템에 입력(예, 사용 가능한 입력)하기 위한 일종의 응용 부분을 포함하며, 출력(예, 사용 가능한 출력)의 거동을 기록하여 시스템의 반응을 관찰하는 것입니다. 이는 시스템의 이점들이 나타나기 시작한 지점입니다. “실제” 또는 “진짜” 시스템과는 대조적으로 “시뮬레이션한” 시스템으로 실험하는 주요 이점 중 하나는, 실제 시스템은 보통 추가하기 어려운 많은 입력(예, 방해)의 영향을 받고 측정을 통해 유용한 많은 출력을 이용할 수 없을지도 모릅니다(예, 시스템의 내부 상태).

시뮬레이션의 주요 동기부여 중 하나는 시뮬레이션 내에서는 모든 입력과 모든 출력이 접근 가능하다는 것입니다. 이는 실제 시스템에 적용 가능한 실험의 범위를 그 이상으로 속이는 시뮬레이션의 실행을 허용합니다.

## 모델

모델은 시스템의 추상(abstraction)입니다.

모델의 정의: 모델은 시스템에 대한 질문에 대답하기 위해 실험을 적용할 수 있는 시스템에 가까운 것입니다. **모델은 컴퓨터 프로그램을 뜻하는 것이 아닙니다.** 우리는 모델과 컴퓨터 프로그램을 구별하는 것을 명확하게 해야 합니다. 모델은 시스템이 어떤 식으로 작동하는지에 대한 간단한 이해 또는 하드웨어의 한 부분일 수 있습니다. 모델은 컴퓨터 프로그램으로 대개 코드화됩니다.

### 모델링의 중요성

모델링은 주어진 시스템에 대한 정보를 체계화하는 과정을 의미합니다. 실험을 실행하여, 시스템에 대한 정보를 얻습니다. 처음에 정보는 체계적이지 않습니다. 원인과 결과 관계를 이해하고 시간적 및 공간적 순서에 따라 관찰하는 것으로, 실험 동안에 체계화된 정보를 얻게 됩니다. 따라서, 시스템은 모델링의 공정으로 이해하기 쉽습니다.

## 시뮬레이션

시뮬레이션과 모델의 관계는 실험과 시스템의 관계와 같습니다.

다시, 시뮬레이션 용어를 위해 존재하는 수많은 정의들 중 가장 간단한 정의: 시뮬레이션은 모델로 실행된 실험입니다. 다시 말해, 시뮬레이션은 컴퓨터로 실행된 시뮬레이션을 뜻하는 것이 아닙니다. 그러나, 대다수의 공학 시뮬레이션은 컴퓨터 프로그램을 사용하여 실행됩니다. 수학적 시뮬레이션은 실험이 적용될 모델의 기준점으로 이 실험을 코드화한 서술적 묘사입니다. 시뮬레이션의 목적은 모델을 쉽고 편리하게 실제 시스템처럼 실험할 수 있다는 것입니다. 시설의 운전에서 제어 차트처럼 쉽게 시뮬레이션 도구를 사용할 수 있기를 희망합니다.

과학자는 계를 이해하고 관찰하는 것에 보통 만족할지라도, 계의 모델을 만들고, 엔지니어(응용 과학자)는 자신들의 이점에 맞게 수정하고자 합니다. 과학은 분석이지만, 공학의 본질은 설계하고 제어하는 것입니다. 따라서, 시뮬레이션은 분석과 설계를 위해 사용할 수 있습니다.

### 시뮬레이션의 중요성

실제 시스템에 맞게 실험하는 것을 제외하고, 시뮬레이션은 임의의 시스템 거동 분석에 이용할 수 있는 최적의 기술입니다. 과학적 발견의 전형적인 시나리오는 다음과 같습니다:

1. 실제 시스템상에서 실험을 실행하고 정보를 얻기 위해 데이터를 추출하십시오(실제 계의 인과관계 이해).
2. 데이터와 관계된 다수의 전제를 가정하십시오.
3. 분석을 다루기 쉽게 하는데 도움이 되도록 문제를 단순화하십시오.
4. 단순화 가정이 정당하다는 것을 증명하기 위해 다른 실험적인 파라미터에 대한 다수의 시뮬레이션을 실행하십시오.
5. 시스템을 분석하고, 가정을 증명하여 결론을 내리십시오.
6. 결론을 내리기 위해 시뮬레이션을 실행합니다.

### 시뮬레이션 도구

이번 과제에서 여러분에게 도움을 주기 위해 다양한 시뮬레이션 도구를 이용할 수 있습니다. 여러분이 폐수 처리 동적 모델링에 특히 관심이 있을 것으로 추측되기 때문에, 이 과제에 알맞은 도구는 강조됩니다.

시설의 동적 모델링의 공정은 한 쌍의 비선형 상미분방정식의 수천 가지 해결책을 포함합니다. 문제에 대한 이러한 유형의 공식과 해결책은 CSL(Continuous Simulation Languages)를 사용하여 순조롭게 진행됩니다. CSLs 는 IBM 이 CSMP (Continuous System Modeling Program)라 불리는 언어를 소개한 1960년대 후반을 거슬러 올라갑니다. 사용 가능한 매우 특수화된 시뮬레이션 언어들 중에서, GPS-X 는 시뮬레이션을 실행하기 위해 ACSL 를 사용합니다.

## 컴퓨터 모델링의 장점

컴퓨터 모델은 시스템 거동의 완전한 이해를 계발하고 다양한 시스템 운전 전략을 평가하는데 도움이 됩니다. 제안된 시스템은 컴퓨터 모델을 만들지 않고 평가될 수 있습니다. 비용이 많이 들거나 안전하지 못한 시스템은 실제 시스템을 교란하는 것보다 오히려 모델을 사용하여 확인할 수 있습니다.

### COD 이해의 중요성

폐수처리 플랜트의 운전을 점검하는 가장 중요한 방법 중 하나는, 분석적 절차의 일관성과 수학적 모델의 성질은 다른 화합물에 대한 시스템 주위의 물질수지를 실행하기 위한 것입니다. 이 작업은 구성 성분이 다른 기질, 박테리아의 세포 성장, 호흡 및 사멸로 변형되므로 늘 간단한 것은 아닙니다.

유기물에 대하여, 일반적으로 측정할 수 있는 파라미터는 화학적 산소요구량(COD)입니다. 우리는 플랜트에서 총 유기 탄소 (TOC: Total Organic Carbon)로 유기 탄소를 측정할 수 있습니다. 그러나 산화 이후에 CO<sub>2</sub> 가스 형태로 제거된 부분은 놓칠 것입니다. 다른 기질은 유기물질의 화학 성분에

따라서 다른 산소의 양을 요구하기 때문에, TOC 에 근거한 산소 요구 조건을 결정하는 것은 어렵습니다. 유입 폐수는 이러한 점에서 정밀하게 비-균질의 혼합물입니다.

우리는 북아메리카의 대부분의 플랜트에서 5 일 생물학적 산소 요구량(BOD5: Biochemical Oxygen Demand)과 부유 물질을 측정할 수 있었습니다. 부유물질은 산화에 대하여 TOC 와 동일한 문제를 가지고 있습니다. BOD5 는 관련된 정보를 제공하는 것처럼 보이지만, 연속 모니터링에 부적당하고, 결과의 정확도는 다른 분석법과 필적할 수 없습니다. BOD5 는 5 일 동안의 BOD 실험에서 호흡에 사용된 유기물의 일부분만을 측정하고, 박테리아 세포로 전환된 양에 대한 정보는 제공하지 않습니다. 최종 BOD(BOD<sub>u</sub>: Ultimate BOD)는 이러한 문제점을 바로잡지만 분석 시간과 때론 그 정확도를 받아들이기 어렵습니다. BOD 실험은 잉여 슬러지 생산 법에 주요 원인이 되는 유입 폐수(비활성 입자상)의 매우 중요한 분율을 완전하게 무시합니다.

COD 는 위에 언급한 문제들을 극복합니다. COD 는 자동화될 수 있으며 폐수의 모든 유기물 분율을 측정합니다. 슬러지 COD 또한 쉽게 결정될 수 있습니다. COD 는 산소 당량으로 모든 유기물을 측정합니다; 당량은 유기물의 수용 량을 증여하는 전자입니다. 이러한 방법으로 당량은 유기물 부하와 필요한 포기조건 사이의 직접 연결을 제공합니다. 수율 상수는 오직 COD 단위로 표현될 경우에만 정확하게 일정합니다. 물질 수지는 비 질산화 플랜트에서 COD 로 입증하기 쉽습니다: 정상 상태에서, 유입 COD 는 유기물의 분해에서 소모된 산소량, 폐 슬러지의 COD, 유출수의 COD 의 합과 같아야만 합니다.

이런 이유로 국제 수질 학회(IAWQ: International Association on Water Quality) 위원회에서 선택되었고 활성 슬러지 플랜트의 시뮬레이션에서 유기물 파라미터의 측정에 COD 사용을 추천합니다.

## 데이터 요구조건

모델링의 목적에서, 각 단위 공정/운전은 상세한 공정의 동적 거동을 반영하는 공정 모델(수학적 모델)로 표현합니다. GPS-X의 주요 특징 중 한가지는 모델-독립적, 즉 GPS-X는 특정 공정 모델로 한정되지 않는다는 것을 의미합니다. 그러므로, 모델링의 다양한 접근법(공정 모델)은 GPS-X 내에서 특정한 단위 조작 또는 단위 공정을 취급하여 이용할 수 있습니다. 예를 들면, 활성 슬러지 공정은 다음의 GPS-X 활성 슬러지 공정 모델 중에서 한가지를 사용하여 만들 수 있습니다:

- IAWQ Task Group 의 활성 슬러지 공정 모델 (Henze et al., 1987a; Henze et al., 1994; Henze et al., 1998)
- 일반적인 (bio-P) 모델 (Dold, 1990, Barker and Dold, 1997)
- 확장된 IAWQ(Mantis), 멘티스 모델 (Mantis)에서 파생됨 (Chapter 6 에서 설명)
- Hydromantis 에서 개발한 종합 플랜트 전체 모델 (Mantis2/Mantis3)

따라서, GPS-X 의 일반적인 보정/검증 접근법은 확실히 정의되어야 합니다. 개별 공정 모델의 보정 조건은 각 모델의 특징(즉, 기계학적 기초)에 근거하여 성립시킵니다. 다른 대안으로, 모델러는 특정한 모델의 보정 필요조건을 보다 세부적으로 산정하기 위해 원문 참조서를 참고할 수도 있습니다.

보정/검증 연구는 동일한 일반적인 원리를 따릅니다. 그러므로, 이 섹션의 목적은 폴-스케일의 폐수 처리 플랜트 모델의 보정에 관련된 몇몇 지침을 제공하기 위해서입니다. 묘사할 목적으로 선택해 온 가장 대중적인 공정 모델에는 IAWQ 의 Activated Sludge Model No. 1 (Henze et al., 1987a) 및 Hydromantis (Takács et al., 1991) 가 개발한 층으로 구분한 침전 모델이 포함되어 있습니다.

## 데이터 필요조건의 개요

일반적으로, 대규모 폐수 처리 플랜트의 모델링은 광범위한 플랜트와 모델 파라미터의 수를 평가할 것을 요구합니다. 많은 파라미터는 문헌에서 가져온 경험적 데이터에 근거하거나 직접 측정할 수도 있습니다. 직접 측정하거나 문헌으로부터 추정할 수 없는 파라미터는 보통 플랜트 또는 실험실에서 수집한 실제 플랜트 기록/경험적 데이터를 근거로 한 비선형 동적 최적화 기술을 사용하여 결정합니다. 보정한 모델의 신뢰도는 수학적으로 최적화한 파라미터의 수가 늘어남에 따라 낮아진다고 알려져 있습니다.

데이터 필요조건은 다음의 종류 중 한가지와 일치합니다:

1. 물리적 플랜트 데이터: **공정 흐름 시트** (흐름선, 경로, 재순환선, 바이패스, 등); **흐름 패턴** (플러그 흐름, 연속 교반식 생물 반응조(CSTR), 등); **슬러지 수거와 회수 위치** (위치, 방법, 시기, 등); **다양한 반응조의 치수** (길이, 너비, 깊이).
2. 운전상 플랜트 데이터: **유량, 제어 변수** (독립 제어 변수), **반응 변수** (종속 변수).
3. 유입 폐수 특성: **기본 수질 파라미터**, **유입수 유기물 분율**, **유입수 질소 분율**.
4. 유기물을 위한 동역학 및 화학양론 모델 파라미터, 인의 성분, 침전 파라미터 (1 차 및 2 차).
5. 데이터/파라미터의 몇몇은 하루 동안에 변하거나, 그 외의 다른 데이터/파라미터는 상대적으로 일정하게 존재합니다.

## 플랜트의 물리적 데이터

이 데이터 그룹의 구성 요소는 일반적으로 플랜트 설계도 및 운영 설명서(manuals)로부터 쉽게 얻을 수 있습니다. 반응의 물리적 부피는 실제 또는 운전상 부피 단위의 근사치라는 것을 알고 있어야 합니다. 잘 설계된 시스템에서 비활성 공간(dead-space)과 수리학적 단회로 현상(short-circuiting)의 영향은 일반적으로 미미합니다. 다른 경우 즉 준 플러그 흐름 포기조와 같이, 특정 단위 공정의 정확한 수리학적 특성을 결정하는 것이 필요할 수도 있습니다. 이 경우에는, CSTRs 의 수가 모델 파라미터가 되는 것과 같이 염료 테스트가 보통 요구됩니다.

## 시스템 구성

GPS-X는 여러가지 종류의 유량을 실제적으로 다룰 수 있습니다. 플랜트의 수리학적 특성, 바이패스, 월류, 유량 분산 및 조합, 속성, 폐 슬러지로 SRT 조정 또는 유지 등의 사항들을 가능한 한 정밀하게 확인하여 적용하는 것이 중요합니다. 병렬 단, 복수 단위 및 플러그 흐름 시스템은 쉽게 시뮬레이션 되지만, 가능한 한(보정을 하기 위해 필요한 보충자료가 없다면) 단순화되어야 합니다.

## 플랜트의 운전상 데이터

### 유량 조절 변수 (독립 변수)

유량 조절 변수는 다음의 유량 흐름을 나타냅니다: 유입수 유량, 슬러지 재순환 유량, 폐 슬러지 비율, 바이패스 플랜트, 유량 분산 및 공기 유량.

이것은 중요한 데이터 그룹입니다. 예를 들면, 포기량을 모를 경우 (또는 송풍기 동력 또는 다른 수단에서 추정할 수 없을 경우), 정확한 용존 산소 (DO: Dissolved Oxygen)의 수준을  $KLa$  또는 몇몇 화학양론

또는 동역학 파라미터(수율 계수, 성장률, 등등)를 변경하여 설정할 수 있습니다. 이는 그 파라미터의 정확한 추정을 어렵게 만듭니다. 유사하게, 폐기물이 알려지지 않았을 때 포기조 혼합액 부유물질(MLSS: Mixed Liquor Suspended Solids)에 강력한 영향을 미치는 모델 파라미터를 추정하는 것은 어렵습니다.

## 활성 슬러지 응답 변수

MLSS, 휘발성 부유 물질(VSS: Volatile Suspended Solids), 혼합액의 COD, 산소 소모율(OUR: Oxygen Uptake Rate)은 모델의 활성 슬러지 부분에 대한 측정이 필요합니다. (앞서 설명한 **COD 이해의 중요성** 참고) 일반적으로, 혼합액의 화학양론(% VSS 및 COD/MLSS)은 한동안 상대적으로 일정하고 보정/검증 연구의 진행 동안 임시로(예, 월별 또는 격주를 기준으로) 평가될 수 있습니다. 그러나 다른 파라미터는 일반적으로 동적이거나 플랜트의 주간 패턴에 따릅니다.

시스템 주위에서 고형물 물질 수지를 실행할 수 있는 것은 중요합니다. 그러므로, 슬러지 블랭킷 높이 (및 가급적이면 고형물 농도 프로파일) 및 저류 고형물 농도를 모델의 침전지 부분에서 측정할 것을 요구합니다.

## 1차 및 최종 유출수 응답 변수

(저해된) BOD<sub>5</sub>, 총 부유물질(TSS: Total Suspended Solids), 총 Kjeldahl 질소 (TKN: Total Kjeldahl Nitrogen), 암모니아(NH<sub>3</sub>) 및 질산(NO<sub>3</sub>)과 같은 수질 구성 요소는 각종 단위 공정의 측정에 필요합니다. 예를 들면, BOD는 (COD 부족에서) IAWQ 활성 슬러지 모델의 탄소성 성분을 검증하고 보정하는데 사용하고, 부유물질 측정은 Hydromantis의 층을 이룬 침전기 모델의 침전 파라미터를 확인하는데 유용합니다. 질소 화합물은 모델의 질산화-탈질화 성분을 보정하는데 필요합니다.

## 유입수 성상

### 기초 파라미터

BOD<sub>5</sub>, BOD<sub>u</sub>, COD, TSS, VSS, 및 TKN과 같은 기본적인 유입 폐수 특성은 우리에게 전반적인 시스템의 물질 수지를 세우는데 있어서 중요한 요소입니다. BOD는 유기물 유입 부하(앞서 설명한 **COD 이해의 중요성** 참고)의 부분적인 정보만 제공합니다. COD 측정은 몇몇 폐수 처리 플랜트에서 쉽게 이용할 수 없습니다. 이런 경우에, BOD<sub>5</sub>/BOD<sub>u</sub> 비율은 유입 유기 부하를 더 잘 추정할 수 있습니다. SS, 유입 VSS 및 BOD와 함께, **GPS-X** 객체에서 논의된 대로, 중요한 IAWQ 활성 슬러지 모델의 적절한 사용으로 다른 유입 유기물 분율을 결정하는데 사용될 수 있습니다. 유입 TKN이 일반적으로 단독의 암모니아 농도 보다는 더 유용합니다.

## 생물 반응조 및 최종 침전조

### 유기 화합물

IAWQ 활성 슬러지 모델은 활성 슬러지 공정에서 유기물의 분해를 설명하는 (Henze *et al.*, 1987a) 화학양론과 동역학 파라미터의 대다수를 포함합니다. 몇몇 분석 실험은 어렵고 여기서 논의하지 않습니다. 디폴트 모델의 많은 파라미터는 높은 신뢰도로 사용될 수 있습니다. 특정-지역 모델 파라미터는 최대 성장률과 종속 영양 미생물의 수율 계수를 포함합니다. 이전 섹션에서 기술된 데이터가 알려져 있을 경우(예, 폐 슬러지 비율 및 폐수 유입 분율), 측정 MLSS, 슬러지 생산 및 산소 섭취율과 일치되는 종속 영양 미생물의 수율 계수와 최대 성장률을 최적화 하는 것은 상대적으로 쉽습니다.

## 질소 화합물

실험을 근거로 하여, IAWQ 모델에서 측정에 가장 중요한 파라미터는 독립영양미생물의 성장률입니다. 천장의 암모니아 및 질산염 데이터 입력을 사용하여 이 파라미터를 측정할 수 있습니다.

1. 플랜트는 과부하 되지 않습니다. 즉, 플랜트는 적어도 부분적으로 질산화됩니다.
2. 플랜트는 심각할 정도로 빈부하 되지 않습니다. 이 경우, 성장률 상수 값(보통 0.2-0.5 d<sup>-1</sup>)은 거의 완전한 질산화를 제공할 것입니다.

독립 영양 미생물의 성장률은 부분적으로 질산화 플랜트에서 확인하기 쉽습니다. 공정 시작 데이터(즉, 천천히 발달하는 질산화 균 개체에 상응하는)를 때로 사용할 수도 있습니다. 실험실 실험(암모니아 spike 의 산화) 또한 가능합니다.

## 침전 특성(1 차 및 2 차 침전)

침전조 모델에서 침전 속도 작용은 1 차 및 2 차 침전조에서 개별적으로 결정되어야 하는 5 개의 파라미터를 포함합니다. 모델의 예비 단계는 다른 곳에서 자세히 설명됩니다 (Takács *et al.*, 1991). 모델은 침전과 부상 모델 장에서 기술되는 통합된 침전 속도 방정식의 사용에 근거를 둡니다. 침전 속도 방정식의 파라미터는 수치 절차 및 실험의 조합으로 추정할 수 있습니다.

각 파라미터에 대해 제시된 실험적인 절차의 짧은 개요는 아래와 같습니다:

- **고형물의 최소 도달값.** 대체로, 최종 침전지에서 이 파라미터는 보통 10 mg/L 이하입니다. 대부분의 플랜트에서,  $x_{min}$  은 0 에 가까울 것입니다. 슬러지 샘플은 2 시간 동안 침전한 것에 해당합니다. 상등액의 부유물질 농도는  $x_{min}$  로 측정되고 같아지게 됩니다. 다른 대안으로,  $x_{min}$  은 플랜트의 수리학적 부하가 최소일 경우, 건조-기후 유량 조건에서 최종 침전지로부터의 부유물질 농도와 같다고 말할 수 있습니다.
- **최대 플록 침전 속도 파라미터.** 활성 슬러지를 1~2 g/L 로 희석하고, 배치 테스트에서 큰 단일 플록 입자의 침전 속도를 측정합니다 일반적으로, 플록 입자는 정지 조건하에서 단일 플록 입자의 침전 속도보다 빨리 침전하지는 않을 것입니다.
- **Vesilind 구역 침전 파라미터.** 두 개의 파라미터는 방해 침전 구역 (곡선의 지수 부분)에서 슬러지의 침전 속도를 나타냅니다. 그들은 일련의 칼럼 테스트 (Vesilind, 1968)를 통해서 결정될 수 있습니다.
- **응집 침전 파라미터.** 앞서 언급한 모든 침전 파라미터가 알려져 있을 경우, 모사한 유출수의 부유 물질 데이터를 실측 데이터에 맞추어 이를 추정하는 것은 일반적으로 쉽습니다.

다른 대안으로, 침전 속도 모델 파라미터는 유입수와 유출수(월류 및 저류)의 부유물질 시계열을 사용하여 추정할 수 있습니다. GPS-X 에서 이용 가능한 비선형 파라미터 최적화 절차는 특히 이 경우에 효과적으로 이용할 수 있습니다

## 일반적인 보정 작업

이상적인 경우 주어진 폐수 처리 플랜트의 모든 물리적, 운전상 및 유입수 파라미터는 알려져 있는 반면, 가장 중요한 동역학, 화학양론 및 침전 파라미터의 몇몇은 실험적으로 결정됩니다. 그러한 경우에 모델러는 처음부터, 디폴트를 사용하여 누락 파라미터를 추정하고, 그 후에 몇 가지 시스템 출력 변수의 결과를 관찰하여 파라미터를 수정합니다.

파라미터는 정상상태 보정에서 시작할 수 있습니다. 예를 들면, 처리 플랜트의 일지에서 날씨가 건조한 날을 잡아 파라미터 값의 평균값으로 최적화합니다. 높은 유량 기간(전형적인 월평균 또는 연평균)을 포함하는 평균값을, 정상 상태 보정에서 사용해서는 안됩니다.

동적 보정은 전형적인 주간 데이터 또는 선택한 높은 방해 요소(폭풍우 유량) 사건에 따라야 합니다. 적절한 한계 사이의 대규모 방해에서 보정 절차는 더 민감해 질 것입니다. 수리학적 충격은 주간 데이터, 공정 개시 또는 복구의 유기물 분해 및 질산화의 보정에 더 나을지라도, 보통 침전기 보정에 이상적입니다.

문서화된 조건(유량, 온도, 유입하는 화합물, 등등)에서 합리적인 신뢰도를 제공합니다. 모델을 다양한 조건하에서 (예, 겨울, 여름, 건조 기후, 습한 기후, 등등) 사용할 경우, 위 절차는 그에 알맞게 반복되어야만 합니다. 검증이란, 주어져 있는 보정 파라미터 세트를 가지고 동적인 현상을 시뮬레이션하되, 이들을 수정하지 않고서, 모사한 데이터와 실측치와의 합리적인 일치점을 찾아내는 것을 말합니다.

약간 혹은 몇몇 자료는 물리적, 운전상, 유입수 그룹으로부터 누락될지도 모릅니다. 이것은 처리 플랜트에서 상호 의존도가 복잡하고 디폴트 값이 상대적으로 잘 알려져 있기 때문에, 보정/검증을 불가능하게 하는 원인이 되지는 않습니다. 알려지지 않은 파라미터의 적절한 추정이 때때로 가능합니다. 저류의 경우, 포기조와 침전조 사이의 고형물 질량 분배는 반송 유량에 크게 의존합니다. 알고 있는 포기조 MLSS 와 저류 농도 (어쩌면 슬러지 블랭킷 높이), 누락된 값은 저류의 작용으로 이 변수를 수치적으로 일치시키는 것으로 재현할 수 있습니다. 그러나, 이러한 최적화된 파라미터 수의 증가는 모델 예측성의 신뢰도를 손상시킵니다.





## CHAPTER 2

# GPS-X 객체

### 객체의 정의

객체는 아이콘으로 표시되며 공정 테이블에서 선택할 경우 **GPS-X 드로잉 보드상**에 나타납니다. 객체는 단위 공정의 상징적인 표현입니다. 객체와 관련된 몇몇 항목은 다음과 같습니다:

1. 수리적 구성;
2. 물리적 특성;
3. 운전상 특성;
4. 출력 변수;
5. 흐름 라벨;
6. 소스

수리적 구성은 객체의 연결점 수와 이 연결점의 운전을 나타냅니다; 다시 말해, 연결점에서 들어오거나 나간다는 것입니다. 파라미터 및 흐름 라벨은 각각 **파라미터**의 하부메뉴와 **라벨...**의 하부메뉴에 있습니다. 공정 모델 및 특정 라이브러리의 추가 하부 메뉴 항목은 **파라미터** 메뉴 아래에 있습니다. **출력 변수** 메뉴 항목은 그래프상에 표시되는 모델 변수를 선택하는데 사용합니다. **소스** 메뉴 항목은 **파라미터**의 몇 가지 소스에 따라 작동하는 객체 수를 표시합니다.

모든 메뉴가 활성화되지는 않습니다. 예를 들면, 모델을 객체에서 선택할 때까지, **파라미터** 및 **초기** 메뉴는 (객체가 존재할 경우) 활성화되지 않고 회색으로 나타납니다.

### 객체의 유형

#### 공통적인 특성

GPS-X 공정 테이블에 나타난 각 객체를 설명하기 전에, 객체의 공통적인 특성을 설명합니다. **공정 테이블**에서 객체는 부피를 가지거나 가지지 않는 것으로 설명할 수 있습니다. 이는 일반 규칙에서 약간 벗어나 있으나, 지금 당분간은 무시할 수 있습니다. 예를 들면, 균등조는 부피를 갖고 있는 반면, 제어 분산기는 어떠한 부피(제로 부피라 불림)도 갖고 있지 않습니다. 부피를 가진 객체라고는 하지만 제로부피 객체는 어떤 회석시간 또는 체류 시간을 갖고 있지 않습니다.

부피를 가진 객체에는 1 개 이상의 유입하는 연결점과 1 개 이상의 유출하는 연결점이 있습니다. 예를 들면, 침전지는 1 개의 유입하는 연결점과 3 개의 유출하는 연결점을 갖고 있으며, **플러그 흐름-반응조(2)**

객체는 3 개의 유입하는 연결점과 2 개의 유출하는 연결점을 갖고 있습니다. 유출하는 연결점은 월류 연결과 1 개 이상의 펌프 연결을 가질 것입니다. 어떠한 추가 출력 연결은 객체의 바닥이나 오른쪽 하단에 위치하고, 월류는 객체의 오른쪽(공정 테이블 방향에서) 상단에 있습니다. 추가 출력 연결(펌프 또는 저류로 불림)은 상수 또는 변수로 펌프 유량을 시뮬레이션 합니다.

반응조에서 유체의 부피는 유입수-유출수의 순수 유량에 달려있습니다. 만약 이것이 음의 값인 경우, 반응조의 부피는 0에 도달할 때까지 감소할 것입니다. 그 시점에서 유출수는 펌프 유량 설정과 관계없이 유입수와 같게 할 것입니다. 최종 유입수-유출수 유량이 양의 값일 경우, 반응조 부피는 최대값(사용자가 지정한)까지 증가할 것입니다. 이 시점에서 유출수 유량(월류 유량과 펌프유량의 합)은 유입 유량과 같을 것입니다. 그리하여 반응조는 월류 하기 시작합니다. 유출수 유량을 넘고 유출수 펌프 유량 비율을 넘어 월류 연결점을 통해 나갈 것입니다. 최종 유입수-유출수 유량이 0 일 경우, 부피는 변하지 않을 것입니다.

변하기 쉬운 부피 반응조의 물질 수지 식은 2.1~2.4 와 같습니다.

$$Q_{in}C_{in} - Q_{out}C + r = \frac{d(C \cdot V)}{dt} = V \cdot \frac{\partial C}{\partial t} + C \frac{\partial V}{\partial t} \quad (2.1)$$

$$\frac{\partial V}{\partial t} = Q_{in} - Q_{out} \quad (2.2)$$

$$Q_{in}(C_{in} - C) + r = V \frac{dC}{dt} \quad (2.3)$$

$$\frac{Q_{in}}{V}(C_{in} - C) + \frac{r}{V} = \frac{dC}{dt} \quad (2.4)$$

여기서:

$Q_{in}$  = 유입량 ( $m^3/d$ )

$Q_{out}$  = 유출량 ( $m^3/d$ )

$C_{in}$  = 유입 농도 (mg/L)

$C$  = 유출 농도 (mg/L)

$r$  = 반응률 (mg/L/d)

$V$  = 액체 부피 ( $m^3$ )

$t$  = 시간 (d)

부피를 가진 객체의 또 다른 특징은 그들의 초기 부피입니다. 사용자는 시뮬레이션을 시작 할 때, 초기 조건 > 초기 부피에 있는 가득 찬 반응조에서 시작 이라 불리는 논리 변수를 사용하여 초기 반응조의 부피를 지정할 수 있습니다. 이 논리가 참일 경우에, 반응조는 시뮬레이션이 시작되는 시점에 가득 차 있을 것입니다. 이 논리 변수가 거짓일 경우, 사용자는 시뮬레이션의 시작에서 초기 반응조 부피를 지정할 수 있습니다. 이 결과로서, 사용자는 2 가지 방법으로 반응조의 초기 시작 부피를 지정할 수 있습니다:

1. 논리 변수를 "true"로 설정하거나
2. 변수를 "false"로 선택하고 수동으로 최대 반응조 부피와 같은 시작 부피를 지정하는 것입니다.

식 2.1 에서, 부피를 가진 객체에서 그 객체의 유입 농도와 관계되는 보존성 물질의 농도는, 다음의 방정식에서 보이는 것과 같이, 계산될 수 있습니다

$$\frac{dX}{dt} = \frac{Q_{in}}{V} \cdot X_{in} - \frac{Q_{out}}{V} \cdot X_{OUT} \quad (2.5)$$

여기서:

X = 보존 성분 농도 (g/m<sup>3</sup>)

Q = 유량 (m<sup>3</sup>/d)

t = 시간 (d)

Q<sub>in</sub> = 유입 흐름

Q<sub>out</sub> = 유출 흐름

X<sub>out</sub> = 유출 농도 (g/m<sup>3</sup>)

정상 상태에서, 시간에 따른 미분계수는 0 이고 식 2.5 가 됩니다:

$$Q_{in} \cdot X_{in} = Q_{out} \cdot X_{out} \quad (2.6)$$

SRT 정의는:

$$SRT = (V \cdot X) / (Q_{out} \cdot X_w) \quad (2.7)$$

여기서:

SRT = 고형물 체류시간 (solids retention time) (d)

V = 부피 (m<sup>3</sup>)

식 2.6 과 식 2.7 을 조합하여:

$$Q_{in} \cdot X_{in} = V \cdot X / (SRT) \quad (2.8)$$

수리학적 체류시간(HRT: hydraulic residence time)의 정의:

$$HRT = V / Q_{in} \quad (2.9)$$

식 2.8 과 식 2.9 를 조합하여:

$$X / X_{in} = SRT / HRT \quad (2.10)$$

이 식은 유입수 농도에 대한 보존성 성분의 농도 비율을 보여줍니다. 정상상태에서, 보존성 물질의 농도 비율은 SRT/HRT 값에 정비례합니다.



## CHAPTER 3

# GPS-X 상태 변수 라이브러리

### 라이브러리의 이해

GPS-X의 라이브러리는 상태변수 또는 기본 폐수 성상의 세트를 사용하는 폐수 공정 모델들의 집합체입니다. **상태 변수**는 시간이 흐르면서 지속적으로 통합되는 기본 변수를 나타냅니다. **합성 변수**는 **상태 변수**로부터 계산된 (또는 구성된) 변수입니다. 아래 열거된 다른 라이브러리에 대한 상태 변수를 논함에 있어, 부피는 모든 라이브러리에서 공통사항이므로 상태 변수로 명시하지는 않습니다. 이 장에서 설명하는 상태 변수와 합성변수 사이의 관계는 플랜트 레이아웃의 모든 연결점에 사용합니다.

#### Note

GPS-X에서, **BOD**는 다른 언급이 없는 한 **탄소성 BOD<sub>5</sub> (CBOD: carbonaceous BOD<sub>5</sub>)**로 나타냅니다. 이는 암모니아 산화에서의 산소 요구량과 유기물 탄소 제거에서의 산소 요구량을 구별하기 위해서입니다. 동일한 샘플에서 이러한 두 가지 분석 값은 상당히 다를 수 있습니다.

### 라이브러리의 유형

GPS-X에서 이용 가능한 9 가지 라이브러리:

- 복합 -탄소, 질소, 인, pH (MANTIS2LIB)
- 황 및 셀렌산염 (MANTIS2SLIB)
- 탄소 발자국 - 탄소, 질소, 인, pH (MANTIS3LIB)
- 정수 처리 분석용 라이브러리 (PROCWATERLIB)
- 석유화학 산업 폐수 분석용 라이브러리 (MANTISIWLIB)
- 탄소 - 질소 (CNLIB)
- 탄소 - 질소 - 산업 오염 물질 (CNIPLIB)
- 탄소 - 질소 - 인 (CNPLIB)
- 탄소 - 질소 - 인 - 산업 오염 물질 (CNIPLIB)

#### Note

정수 처리 분석용 라이브러리 (PROCWATERLIB)와 석유화학 산업 폐수 분석용 라이브러리 (MANTISIWLIB)는 추가로 구매하는 Add-on 모듈입니다. 기존 사용 고객 중 필요하신 분은 추가로 별도 구매가 가능하오니, 하이드로소프트사로 문의하십시오.

## 상태 변수 복합 라이브러리(MANTIS2LIB)

MANTIS2LIB 에서 이용 가능한 52 개의 상태 변수는 **Table 3-1** 와 같습니다.

**Table 3-1 Mantis2 라이브러리 상태 변수**

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
1	Dissolved oxygen	so	gO2/m3
2	Soluble inert organic	si	gCOD/m3
3	Colloidal organic substrate	scol	gCOD/m3
4	Fermentable substrate	ss	gCOD/m3
5	Acetate	sac	gCOD/m3
6	Propionate	spro	gCOD/m3
7	Methanol	smet	gCOD/m3
8	Dissolved hydrogen	sh2	gCOD/m3
9	Dissolved methane	sch4	gCOD/m3
10	Dissolved inorganic carbon	stic	gC/m3
11	Soluble organic nitrogen	snd	gN/m3
12	Ammonia nitrogen	snh	gN/m3
13	Nitrite nitrogen	snoi	gN/m3
14	Nitrate nitrogen	snoa	gN/m3
15	Dissolved nitrogen	sn2	gN/m3
16	Ortho-phosphate	sp	gP/m3
17	Dissolved calcium	sca	gCa/m3
18	Dissolved magnesium	smg	gMg/m3
19	Dissolved potassium	spot	gK/m3
20	Dissolved cation	scat	eq/m3
21	Dissolved anion	sana	eq/m3
22	Inert Particulate	xi	gCOD/m3
23	Un-biodegradable cell decay material	xu	gCOD/m3
24	Slowly biodegradable organics	xs	gCOD/m3
25	PHA accumulated in PAO	xbt	gCOD/m3
26	Heterotrophic biomass	xbh	gCOD/m3
27	Phosphate accumulating biomass	xbp	gCOD/m3
28	Ammonia oxidizer	xbai	gCOD/m3
29	Nitrite oxidizer	xbaa	gCOD/m3
30	Anammox biomass	xbax	g COD/m3
31	Methylophobic biomass	xmet	g COD/m3
32	Fermentative biomass	xbf	g COD/m3
33	Acetogen	xbpro	gCOD/m3
34	Acetate methanogens	xbacm	gCOD/m3
35	Hydrogen methanogens	xbh2m	gCOD/m3
36	Nitrogen in slowly deg. organics	xns	gN/m3
37	Phosphorous in slowly deg. organics	xps	gP/m3
38	Poly-phosphate accumulated in PAO	xpp	gP/m3
39	Particulate inert inorganic	xii	g/m3
40	Aluminum hydroxide	xaloh	gAl(OH)3/m3
41	Aluminum phosphate	xalpo4	gAlPO4/m3
42	Iron hydroxide	xfeoh	gFe(OH)3/m3
43	Iron phosphate	xfepo4	gFePO4/m3
44	Calcium carbonate	xcaco3	gCaCO3/m3
45	Calcium phosphate	xcapo4	gCa3(PO4)2/m3
46	Magnesium hydrogen phosphate	xmgghpo4	gMgHPO4.3H2O/m3
47	Magnesium carbonate	xmgco3	gMgCO3/m3
48	Ammonium magnesium phosphate(struvite)	xmgnh4po4	gMgNH4PO4.6H2O /m3
49	Soluble component "a"	sza	notset
50	Soluble component "b"	szb	notset
51	Particulate component "a"	xza	notset
52	Particulate component "b"	xzb	notset

**황 및 셀렌산염 라이브러리 (MANTIS2SLIB)**

MANTIS2SLIB 에서 이용하는 72 개 상태변수에 대해 **Table 3-2**에 나타나 있습니다.

**Table 3-2 MANTIS2SLIB 라이브러리 상태 변수**

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
1	Dissolved oxygen	so	gO <sub>2</sub> /m <sup>3</sup>
2	Dissolved hydrogen gas	sh <sub>2</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
3	Dissolved dinitrogen gas	sn <sub>2</sub>	gN/m <sup>3</sup>
4	Dissolved methane	sch <sub>4</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
5	Readily degradable soluble substrate	ss	gCOD/m <sup>3</sup>
6	Acetate	sac	gCOD/m <sup>3</sup>
7	Propionate	spro	gCOD/m <sup>3</sup>
8	Methanol	smet	gCOD/m <sup>3</sup>
9	Colloidal substrate	scol	gCOD/m <sup>3</sup>
10	Soluble inert material	si	gCOD/m <sup>3</sup>
11	Slowly biodegradable substrate 1	xs <sub>1</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
12	Slowly biodegradable substrate 2	xs <sub>2</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
13	Slowly biodegradable substrate 3	xs <sub>3</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
14	poly-hydroxy alkanoates in PAO	xbt	gCOD/m <sup>3</sup>
15	Ubbiodegradable cell products	xu	gCOD/m <sup>3</sup>
16	Particulate inert material	xi	gCOD/m <sup>3</sup>
17	Ammonia nitrogen	snh	gN/m <sup>3</sup>
18	nitrite	snoi	gN/m <sup>3</sup>
19	nitrate	snoa	gN/m <sup>3</sup>
20	soluble organic nitrogen	snd	gN/m <sup>3</sup>
21	nitrogen in slowly biodegradable substrate	xns	gN/m <sup>3</sup>
22	selenate selenium	sselna	gSe/m <sup>3</sup>
23	selenite selenium	sselni	gSe/m <sup>3</sup>
24	elemental selenium	xse <sub>0</sub>	gSe/m <sup>3</sup>
25	soluble sulfide sulfur	stssul	gS/m <sup>3</sup>
26	sulfate sulfur	ss <sub>04</sub>	gS/m <sup>3</sup>
27	sulfite sulfur	ss <sub>03</sub>	gS/m <sup>3</sup>
28	elemental sulfur	xsul <sub>0</sub>	gS/m <sup>3</sup>
29	particulate heavy metal sulfide	xhmes	gS/m <sup>3</sup>
30	ortho-phosphate	sp	gP/m <sup>3</sup>
31	phosphorus in slowly biodegradable substrate	xps	gP/m <sup>3</sup>
32	poly-phosphate in PAO	xpp	gP/m <sup>3</sup>
33	heterotrophic biomass	xbh	gCOD/m <sup>3</sup>
34	ammonia oxidizer biomass	xbai	gCOD/m <sup>3</sup>
35	nitrite oxidizer biomass	xbaa	gCOD/m <sup>3</sup>
36	phosphate accumulating biomass	xbp	gCOD/m <sup>3</sup>
37	selenium-reducing biomass	xbse	gCOD/m <sup>3</sup>
38	methylotrophic selenium-reducing biomass	xbsemet	gCOD/m <sup>3</sup>
39	propionate degrading sulfate-reducing biomass	xbsr <sub>1</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
40	hydrogen utilizing sulfate-reducing biomass	xbsr <sub>2</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
41	acetate utilizing sulfate-reducing biomass	xbsr <sub>3</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
42	methanol utilizing sulfate-reducing biomass	xbsr <sub>4</sub>	gCOD/m <sup>3</sup>
43	sulfur-oxidizing biomass	xbsox	gCOD/m <sup>3</sup>
44	fermenting biomass	xbf	gCOD/m <sup>3</sup>
45	acetogenic biomass	xbpro	gCOD/m <sup>3</sup>
46	acetoclastic methanogenic biomass	xbacm	gCOD/m <sup>3</sup>
47	hydrogenotrophic methanogenic biomass	xbh <sub>2</sub> m	gCOD/m <sup>3</sup>
48	methylotrophic biomass	xbmet	gCOD/m <sup>3</sup>
49	methylotrophic methanogenic biomass	xbmem	gCOD/m <sup>3</sup>
50	anammox biomass	xbax	gCOD/m <sup>3</sup>
51	total soluble inorganic carbon	stic	gC/m <sup>3</sup>
52	total soluble calcium	sca	gCa/m <sup>3</sup>
53	soluble heavy metal	shme	gMe/m <sup>3</sup>

Table 3-2 MANTIS2SLIB 라이브러리 상태 변수

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
54	total soluble magnesium	smg	gMg/m3
55	total soluble potassium	spot	gK/m3
56	other cation	scat	eq/m3
57	other anion	sana	eq/m3
58	inorganic inert particulate	xii	gSS/m3
59	aluminum hydroxide	xaloh	gAl(OH)3/m3
60	aluminum phosphate	xalpo4	gAlPO4/m3
61	iron hydroxide	xfeoh	gFe(OH)3/m3
62	iron sulfide	xfes	gFe(OH)3/m3
63	iron phosphate	xfepo4	gFePO4/m3
64	calcium carbonate	xcaco3	gCaCO3/m3
65	calcium phosphate	xcapo4	gCaPO4/m3
66	magnesium carbonate	xmgco3	gMgCO3/m3
67	magnesium hydrogen phosphate (newberyite)	xmgppo4	gMgHPO4.3H2O/m3
68	magnesium ammonium phosphate (struvite)	xmgnh4po4	gMgNH4PO4.6H2O/m3
69	soluble component a	sza	notset
70	soluble component b	szb	notset
71	particulate component a	xza	notset
72	particulate component b	xzb	notset

### 탄소발자국- C,N,P,PH(MANTIS3LIB)

MANTIS3LIB 에서 이용 가능한 56 개의 상태 변수는 **Table 3-3** 과 같습니다.

Table 3-3 탄소발자국(Mantis3) 라이브러리 상태변수

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
1	Dissolved oxygen	so	gO2/m3
2	Soluble inert organic	si	gCOD/m3
3	Colloidal organic substrate	scol	gCOD/m3
4	Fermentable substrate	ss	gCOD/m3
5	Acetate	sac	gCOD/m3
6	Propionate	spro	gCOD/m3
7	Methanol	smet	gCOD/m3
8	Dissolved hydrogen	sh2	gCOD/m3
9	Dissolved methane	sch4	gCOD/m3
10	Dissolved inorganic carbon	stic	gC/m3
11	Soluble organic nitrogen	snd	gN/m3
12	Ammonia nitrogen	snh	gN/m3
13	Nitrite nitrogen	snoi	gN/m3
14	Nitrate nitrogen	snoa	gN/m3
15	Dissolved nitrogen	sn2	gN/m3
16	Nitric oxide-Nitrogen	snrio	gN/m3
17	Nitrous Oxide	snroo	gN/m3
18	Hydroxylamine	snh2oh	gN/m3
19	Nitrosyl radical	snoh	gN/m3
20	Ortho-phosphate	sp	gP/m3
21	Dissolved calcium	sca	gCa/m3
22	Dissolved magnesium	smg	gMg/m3
23	Dissolved potassium	spot	gK/m3
24	Dissolved cation	scat	eq/m3
25	Dissolved anion	sana	eq/m3
26	Inert Particulate	xi	gCOD/m3
27	Un-biodegradable cell decay material	xu	gCOD/m3
28	Slowly biodegradable organics	xs	gCOD/m3
29	PHA accumulated in PAO	xbt	gCOD/m3
30	Heterotrophic biomass	xbh	g COD/m3

Table 3-3 탄소발자국(Mantis3) 라이브러리 상태변수

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
31	Phosphate accumulating biomass	xbp	g COD/m <sup>3</sup>
32	Ammonia oxidizer	xbai	g COD/m <sup>3</sup>
33	Nitrite oxidizer	xbaa	gCOD/m <sup>3</sup>
34	Anammox biomass	xbax	gCOD/m <sup>3</sup>
35	Methylophobic biomass	xmet	gCOD/m <sup>3</sup>
36	Fermentative biomass	xbf	gCOD/m <sup>3</sup>
37	Acetogen	xbpro	gCOD/m <sup>3</sup>
38	Acetate methanogens	xbacm	gCOD/m <sup>3</sup>
39	Hydrogen methanogens	xbh2m	gCOD/m <sup>3</sup>
40	Nitrogen in slowly deg. organics	xns	gN/m <sup>3</sup>
41	Phosphorous in slowly deg. organics	xps	gP/m <sup>3</sup>
42	Poly-phosphate accumulated in PAO	xpp	gP/m <sup>3</sup>
43	Particulate inert inorganic	xii	g/m <sup>3</sup>
44	Aluminum hydroxide	xaloh	gAl(OH) <sub>3</sub> /m <sup>3</sup>
45	Aluminum phosphate	xalpo4	gAlPO <sub>4</sub> /m <sup>3</sup>
46	Iron hydroxide	xfeoh	gFe(OH) <sub>3</sub> /m <sup>3</sup>
47	Iron phosphate	xfepo4	gFePO <sub>4</sub> /m <sup>3</sup>
48	Calcium carbonate	xcaco3	gCaCO <sub>3</sub> /m <sup>3</sup>
49	Calcium phosphate	xcapo4	gCa <sub>3</sub> (PO <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> /m <sup>3</sup>
50	Magnesium hydrogen phosphate	xmgppo4	gMgHPO <sub>4</sub> ·3H <sub>2</sub> O/m <sup>3</sup>
51	Magnesium carbonate	xmgco3	gMgCO <sub>3</sub> /m <sup>3</sup>

### 탄소 - 질소 라이브러리 (CNLIB)

CNLIB 에서 이용하는 16 개의 상태변수에 대해 [Table 3-4](#) 에 나타나 있습니다.

Table 3-4 탄소 - 질소 라이브러리 (CNLIB) 상태 변수

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
1	Soluble inert organics	si	gCOD/m <sup>3</sup>
2	Readily biodegradable (soluble) substrate	ss	gCOD/m <sup>3</sup>
3	Particulate inert organics	xi	gCOD/m <sup>3</sup>
4	Slowly biodegr. (stored, particulate) substrate	xs	gCOD/m <sup>3</sup>
5	Active heterotrophic biomass	xbh	gCOD/m <sup>3</sup>
6	Active autotrophic biomass	xba	gCOD/m <sup>3</sup>
7	Unbiodegradable particulates from cell decay	xu	gCOD/m <sup>3</sup>
8	Cell internal storage product	xsto	gCOD/m <sup>3</sup>
9	Dissolved oxygen	so	gN/m <sup>3</sup>
10	Nitrate and nitrite N	sno	gN/m <sup>3</sup>
11	Free and ionized ammonia	snh	gN/m <sup>3</sup>
12	Soluble biodegradable organic nitrogen (in ss)	snd	gN/m <sup>3</sup>
13	Particulate biodegr. organic nitrogen (in xs)	xnd	gN/m <sup>3</sup>
14	Dinitrogen	snn	gN/m <sup>3</sup>
15	Alkalinity	salk	mole/m <sup>3</sup>
16	Inert inorganic suspended solids	xii	g/m <sup>3</sup>

### 산업 오염 물질 라이브러리 (CNIPLIB)

산업 오염 물질 라이브러리에서 이용 가능한 상태 변수는 46 개입니다. 16 개는 사전-정의되었으며 30 개(용해성 15 개, 입자성 15 개)는 사용자-지정이 가능하며, CNIPLIB 에서 이용 가능한 46 개의 상태변수에 대해 아래 [Table 3-5](#) 에서 제시하였습니다.

Table 3-5 산업 오염 물질 (CNIPLIB) 라이브러리 상태

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
1	Soluble inert organics	si	gCOD/m <sup>3</sup>
2	Readily biodegradable (soluble) substrate	ss	gCOD/m <sup>3</sup>
3	Particulate inert organics	xi	gCOD/m <sup>3</sup>
4	Slowly biodegr. (stored, particulate) substrate	xs	gCOD/m <sup>3</sup>
5	Active heterotrophic biomass	xbh	gCOD/m <sup>3</sup>
6	Active autotrophic biomass	xba	gCOD/m <sup>3</sup>
7	Unbiodegradable particulates from cell decay	xu	gCOD/m <sup>3</sup>
8	Cell internal storage product	xsto	gCOD/m <sup>3</sup>
9	Dissolved oxygen	so	gO <sub>2</sub> /m <sup>3</sup>
10	Nitrate and nitrite N	sno	gN/m <sup>3</sup>
11	Free and ionized ammonia	snh	gN/m <sup>3</sup>
12	Soluble biodegradable organic nitrogen (in ss)	snd	gN/m <sup>3</sup>
13	Particulate biodegradable organic nitrogen (in xs)	xnd	gN/m <sup>3</sup>
14	Dinitrogen	snn	gN/m <sup>3</sup>
15	Alkalinity	salk	mole/m <sup>3</sup>
16	Inert inorganic suspended solids	xii	g/m <sup>3</sup>
17	Soluble component "a"	sza	notset
18	Soluble component "b"	szb	notset
19	Soluble component "c"	szc	notset
20	Soluble component "d"	szd	notset
21	Soluble component "e"	sze	notset
22	Soluble component "f"	szf	notset
23	Soluble component "g"	szg	notset
24	Soluble component "h"	szh	notset
25	Soluble component "i"	szj	notset
26	Soluble component "j"	szj	notset
27	Soluble component "k"	szk	notset
28	Soluble component "l"	szl	notset
29	Soluble component "m"	szm	notset
30	Soluble component "n"	szn	notset
31	Soluble component "o"	szo	notset
32	Particulate component "a"	xza	notset
33	Particulate component "b"	xzb	notset
34	Particulate component "c"	xzc	notset
35	Particulate component "d"	xzd	notset
36	Particulate component "e"	xze	notset
37	Particulate component "f"	xzf	notset
38	Particulate component "g"	xzg	notset
39	Particulate component "h"	xzh	notset
40	Particulate component "i"	xzi	notset
41	Particulate component "j"	xzj	notset
42	Particulate component "k"	xzk	notset
43	Particulate component "l"	xzl	notset
44	Particulate component "m"	xzm	notset
45	Particulate component "n"	xzn	notset
46	Particulate component "o"	xzo	notset

## 탄소 - 질소 - 인 라이브러리 (CNPLIB)

CNPLIB 에서 이용 가능한 27 개의 상태 변수에 대해 **Table 3-6** 에 제시하였습니다.

**Table 3-6** 탄소 - 질소 - 인 (CNPLIB) 라이브러리 상태 변수

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
1	Soluble inert organics	si	gCOD/m <sup>3</sup>
2	Readily biodegradable (soluble) substrate	ss	gCOD/m <sup>3</sup>
3	Particulate inert organics	xi	gCOD/m <sup>3</sup>
4	Slowly biodegr. (stored, particulate) substrate	xs	gCOD/m <sup>3</sup>
5	Active heterotrophic biomass	xbh	gCOD/m <sup>3</sup>
6	Active autotrophic biomass	xba	gCOD/m <sup>3</sup>
7	Unbiodegradable particulates from cell decay	xu	gCOD/m <sup>3</sup>
8	Dissolved oxygen	so	gO <sub>2</sub> /m <sup>3</sup>
9	Nitrate and nitrite N	sno	gN/m <sup>3</sup>
10	Free and ionized ammonia	snh	gN/m <sup>3</sup>
11	Soluble biodegradable organic nitrogen (in ss)	snd	gN/m <sup>3</sup>
12	Particulate biodegradable organic nitrogen (in xs)	xnd	gN/m <sup>3</sup>
13	Polyphosphate accumulating biomass	xbp	gCOD/m <sup>3</sup>
14	Poly-hydroxy-alkanoates (PHA)	xbt	gCOD/m <sup>3</sup>
15	Stored polyphosphate	xpp	gP/m <sup>3</sup>
16	Volatile fatty acids	slf	gCOD/m <sup>3</sup>
17	Soluble phosphorus	sp	gP/m <sup>3</sup>
18	Alkalinity	salk	mole/m <sup>3</sup>
19	Dinitrogen	snn	gN/m <sup>3</sup>
20	Soluble unbiodegradable organic nitrogen (in si)	sni	gN/m <sup>3</sup>
21	Fermentable readily biodegradable substrate	sf	gCOD/m <sup>3</sup>
22	Stored glycogen	xgly	gCOD/m <sup>3</sup>
23	Stored polyphosphate (releasable)	xppr	gP/m <sup>3</sup>
24	Metal-hydroxides	xmeoh	g/m <sup>3</sup>
25	Metal-phosphate	xmep	g/m <sup>3</sup>
26	Cell internal storage product	xsto	gCOD/m <sup>3</sup>
27	Inert inorganic suspended solids	xii	g/m <sup>3</sup>

## CNP 산업 오염 물질 라이브러리 (CNPIPLIB)

CNP 산업 오염 물질 라이브러리(CNPIPLIB)에서 이용 가능한 상태 변수는 57 개입니다. **Table 3-7** 에서와 같이 CNPLIB 의 27 개 상태 변수, 이에 더하여 30 개(용해성 15 개, 입자성 15 개)의 사용자 지정이 가능한 변수를 포함합니다.

**Table 3-7** CNPIPLIB 라이브러리 상태 변수

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
1	Soluble inert organics	si	gCOD/m <sup>3</sup>
2	Readily biodegradable (soluble) substrate	ss	gCOD/m <sup>3</sup>
3	Particulate inert organics	xi	gCOD/m <sup>3</sup>
4	Slowly biodegr. (stored, particulate) substrate	xs	gCOD/m <sup>3</sup>
5	Active heterotrophic biomass	xbh	gCOD/m <sup>3</sup>
6	Active autotrophic biomass	xba	gCOD/m <sup>3</sup>
7	Unbiodegradable particulates from cell decay	xu	gCOD/m <sup>3</sup>
8	Dissolved oxygen	so	gO <sub>2</sub> /m <sup>3</sup>

Table 3-7 CNPIPLIB 라이브러리 상태 변수

	상태 변수	GPS-X 내성 변수	단위
9	Nitrate and nitrite N	sno	gN/m <sup>3</sup>
10	Free and ionized ammonia	snh	gN/m <sup>3</sup>
11	Soluble biodegradable organic nitrogen (in ss)	snd	gN/m <sup>3</sup>
12	Particulate biodegradable organic nitrogen (in xs)	xnd	gN/m <sup>3</sup>
13	Polyphosphate accumulating biomass	xbp	gCOD/m <sup>3</sup>
14	Poly-hydroxy-alkanoates (PHA)	xbt	gCOD/m <sup>3</sup>
15	Stored polyphosphate	xpp	gP/m <sup>3</sup>
16	Volatile fatty acids	slf	gCOD/m <sup>3</sup>
17	Soluble phosphorus	sp	gP/m <sup>3</sup>
18	Alkalinity	salk	mole/m <sup>3</sup>
19	Dinitrogen	snn	gN/m <sup>3</sup>
20	Soluble unbiodegradable organic nitrogen (in si)	sni	gN/m <sup>3</sup>
21	Fermentable readily biodegradable substrate	sf	gCOD/m <sup>3</sup>
22	Stored glycogen	xgly	gCOD/m <sup>3</sup>
23	Stored polyphosphate (releasable)	xppr	gP/m <sup>3</sup>
24	Metal-hydroxides	xmeoh	g/m <sup>3</sup>
25	Metal-phosphate	xmep	g/m <sup>3</sup>
26	Cell internal storage product	xsto	gCOD/m <sup>3</sup>
27	Inert inorganic suspended solids	xii	g/m <sup>3</sup>
28	Soluble component "a"	sza	notset
29	Soluble component "b"	szb	notset
30	Soluble component "c"	szc	notset
31	Soluble component "d"	szd	notset
32	Soluble component "e"	sze	notset
33	Soluble component "f"	szf	notset
34	Soluble component "g"	szg	notset
35	Soluble component "h"	szh	notset
36	Soluble component "i"	szj	notset
37	Soluble component "j"	szk	notset
38	Soluble component "k"	szl	notset
39	Soluble component "l"	szm	notset
40	Soluble component "m"	szn	notset
41	Soluble component "n"	szo	notset
42	Soluble component "o"	xza	notset
43	Particulate component "a"	xzb	notset
44	Particulate component "b"	xzc	notset
45	Particulate component "c"	xzd	notset
46	Particulate component "d"	xze	notset
47	Particulate component "e"	xzf	notset
48	Particulate component "f"	xzg	notset
49	Particulate component "g"	xzh	notset
50	Particulate component "h"	xzi	notset
51	Particulate component "i"	xzj	notset
52	Particulate component "j"	xzk	notset
53	Particulate component "k"	xzl	notset
54	Particulate component "l"	xzm	notset
55	Particulate component "m"	xzn	notset
56	Particulate component "n"	xzo	notset
57	Particulate component "o"		



## CHAPTER 4

# GPS-X 합성 변수 계산

### 합성 변수란?

GPS-X에서, 상태 변수의 그룹은 (산소, 중속 영양 미생물, 질산염, 암모니아, 용해성 기질, 입자성 기질, 등과 같은) 플랜트 레이아웃의 개별 연결점에서 계산됩니다. 상태 변수는 개별 라이브러리 모델에서 공정에 의해 실행되는 중요한 구성 성분입니다.

특정 상태 변수 구성 성분은 실제 적용에서 쉽게 측정할 수 있거나 해석할 수 없습니다. 그리하여, 일련의 합성 변수는 상태 변수로부터 계산됩니다. 합성 변수는 TSS, BOD, COD 및 TKN 과 같은 형상으로 상태변수를 결합시킵니다.

### 화학양론 설정

상태 변수에서 합성 변수를 계산하는 방법은 라이브러리, 모델에 따라 매우 크게 바뀝니다.

상태 변수에서 *화학양론 계수*를 사용하여 합성 변수를 계산합니다. 이 계수는 다양한 상태와 합성의 관계를 설명하고, 사용된 합성 계산의 유형에 의존합니다.

### 화학양론 계산

#### 명명법

도식과 표는 하나의 라이브러리에 포함된 상태 변수 및 합성 변수의 관계를 설명하기 위해 사용됩니다.

#### 상자-화살표 도식화

그림 4-1에서 네모상자-화살표 도식에 사용한 명명법을 설명합니다.

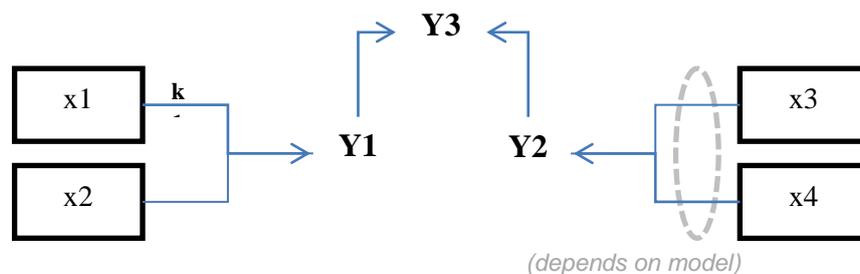


그림 4-1 명명법 다이어그램

상자 속과 연결선 위의 변수들은 이미 (사전에 추정하거나 사용자가 입력함) 알려져 있습니다. **이탤릭체의 대문자로 진하게 표시(BOLD ITALIC CAPITALS)**한 변수를 계산할 것입니다. 계산은 항상 상자 속 또는 알려져 있는 변수값에서 시작하고, 연결선은 계산의 방향을 보여줍니다. 여러 개의 선은 각 하부의 값을 합을 연산하여 하나의 값으로 합쳐집니다. Xx 라인은 기본값으로 1 을 나타냅니다. 타원의 점선모양은 모델의 값에 의존하는 양론 파라미터입니다. 어떤 상황에서는 두개 이상의 합성변수가 연산되어서, 다른 합성변수를 만들기도 합니다. 위에 보이는 예제에서, 변수 **Y1** 은  $(x1 * k) + (x2 * k)$  를 계산한 값입니다. 미지 변수에 모이는 다중 선은 연산자 합계를 의미합니다. 예를 들어, **Y2** 는  $x1$  에 **k2** 를 곱하고 이에  $x2$  와 **k3** 곱의 결과를 더한 것으로 계산합니다. 연결선 위에 파라미터가 나타나 있지 않을 경우, 디폴트 값 1 을 의미합니다. **Y3** 은 합성변수 **Y1** 과 **Y2** 의 합입니다.

합성 변수 표는 모델-특정 계산을 설명하는데 사용합니다. 합성 변수 표에 사용된 명명 법은 **Table 4-1** 합성 변수 계산의 예에서 설명합니다.

**Table 4-1** 합성 변수 계산의 예

	<b>SCOMP</b>	<b>XCOMP</b>	<b>TCOMP</b>
sa	1		1
sb	ksb		ksb
xa		1	1
xb		kxb	kxb

계산될 합성 변수는 각 열의 상부에 제시되고, 계산에 사용되는 상태 변수는 표의 왼쪽 편에 제시됩니다. 합성 변수를 계산하기 위해, 개별 상태 변수는 표에서 특정 합성 변수에 대한 계수를 곱하고, 그 후에 열 아래의 값들을 각각 더해줍니다.

Table 4-1 에 주어진 예제데이터에서, **SCOMP**, **XCOMP** 및 **TCOMP** 의 계산은 다음과 같습니다:

$$\mathbf{SCOMP} = 1 * sa + ksb * sb + 0 * xa + 0 * xb = sa + ksb * sb$$

$$\mathbf{XCOMP} = 0 * sa + 0 * sb + 1 * xa + kxb * xb = xa + kxb * xb$$

$$\mathbf{TCOMP} = 1 * sa + ksb * sb + 1 * xa + kxb * xb = sa + ksb * sb + xa + kxb * xb$$

## **CNLIB 에서의 합성 변수**

**그림 4-2** 에서 CNLIB 상태 변수와 TSS, BOD 및 COD 합성 상태 변수의 관계를 살펴 볼 수 있습니다. **Table 4-2** 에서는 표 형식으로 동일한 합성 변수 계산을 설명합니다.

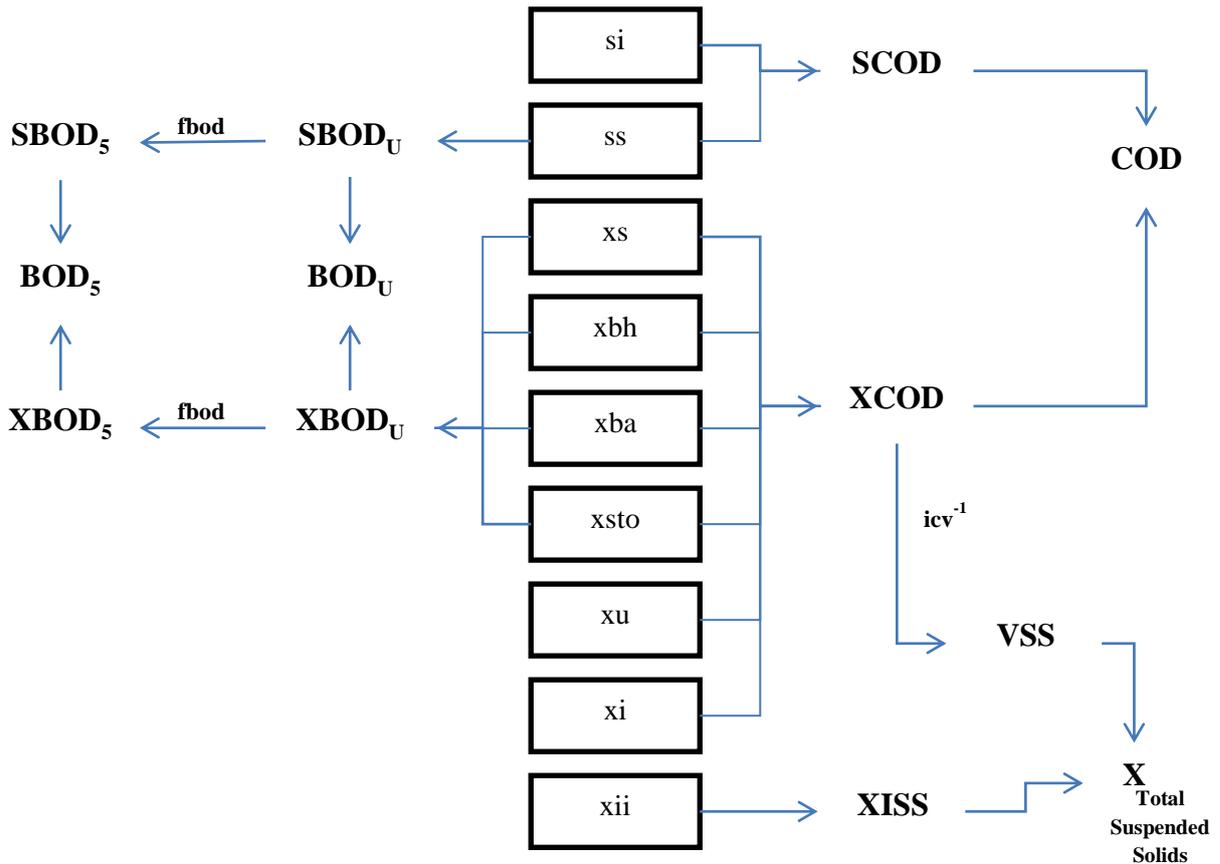


그림 4-2 CNLIB: BOD, COD 및 SS 합성 변수와 상태변수의 관계

Table 4-2 CNLIB BOD, COD 및 TSS 합성 변수 (모든 모델)

	SBODU	XBODU	BODU	SBOD	XBOD	BOD	SCOD	XCOD	COD	VSS	XISS	X
$s_i$							1		1			
$ss$	1		1	$fbod$		$fbod$	1		1			
$x_i$								1	1	$icv^{-1}$		$icv^{-1}$
$x_s$		1	1		$fbod$	$fbod$		1	1	$icv^{-1}$		$icv^{-1}$
$x_{bh}$		1	1		$fbod$	$fbod$		1	1	$icv^{-1}$		$icv^{-1}$
$x_{ba}$		1	1		$fbod$	$fbod$		1	1	$icv^{-1}$		$icv^{-1}$
$x_u$								1	1	$icv^{-1}$		$icv^{-1}$
$x_{sto}$		1	1		$fbod$	$fbod$		1	1	$icv^{-1}$		$icv^{-1}$
$x_{ii}$											1	1

COD 합성 변수는 상태 변수의 합입니다(단위는  $gCOD/m^3$ ). 용해성 COD (**SCOD**)는 용해성 비활성 유기물 ( $s_i$ )과 쉽게 생분해 가능한 기질 ( $ss$ )의 합이고, 입자성 COD (**XCOD**)는 천천히 생분해 가능한 기질 ( $x_s$ ), 활성 종속 영양 미생물 ( $x_{bh}$ ), 활성 독립 영양 미생물 ( $x_{ba}$ ), 셀 내부 저장 산물 ( $x_{sto}$ ), 세포 사멸로 인한 생분해 불가능한 입자상 물질 ( $x_u$ ), 입자성 비활성 유기물 ( $x_i$ )의 합입니다. 총 COD (**COD**)는 용해성 및 입자성 COD의 합입니다.

부유 물질 합성 변수 (**X**)는 입자성 COD (**XCOD**)를 XCOD:VSS (*icv*) 비율로 나누어 계산하는 과정에서 얻게 되는데, 이 때 휘발성 부유 물질 (**VSS**) 합성 변수의 단위는 gVSS/m<sup>3</sup>가 됩니다. 부유 물질 합성 변수 (**X**)를 계산하기 위해, VSS에 입자성 비활성 무기 물질 (**XII**)을 더해줍니다. CN 라이브러리에서 디폴트로, 입자성 비활성 부유물질 (**XISS**)은 xii 와 같습니다.

생물학적 산소 요구량 (BOD) 합성 변수는 상태변수로부터 계산됩니다. 첫 번째로, 생분해 가능한 상태 변수 (BOD에 쓰이는 상태 변수는 gO/m<sup>3</sup> 단위)는 입자성 및 용해성 최종 BOD (**XBODU**, **SBODU**)의 합계입니다. 그 구성 성분의 합은 총 최종 BOD (**BODU**) 측정치입니다. BOD<sub>5</sub>를 결정하기 위해, 계산된 **BODU**에 화학양론 비율, BOD<sub>5</sub>:BOD<sub>U</sub>의 비율인 **fbo**를 곱합니다.

질소를 포함한 변수에서, 합성 변수의 계산은 다양한 상태 변수의 추가와 다른 상태변수와 적절한 비율의 곱을 포함합니다(그림 4-3). 용해성 총 Kjeldahl 질소(**STKN**)는 유리 및 이온화 된 암모니아(*snh*), 용해성 생분해 가능한 유기 질소 (*snd*), 용해성 기질 (*ss*) 및 용해성 비활성 (*si*) 질소 성분(*asm3*에서만)의 합입니다. 입자성 총 Kjeldahl 질소 (**XTKN**)는 입자성 생분해 가능한 유기 질소 (*xnd*)에, 미생물의 질소 성분 (*xbh* 및 *xba*), 생분해 불가능한 세포 생산(*xu*), 입자성 기질 (*xs*) 및 입자성 비활성 (*xi*)을 더합니다. 총 Kjeldahl 질소 (**TKN**)는 용해성 TKN (**STKN**) 및 입자성의 TKN (**XTKN**)의 합입니다. 총 질소 (**TN**)는 질산성 질소(*sno*)와 **TKN**의 합입니다.

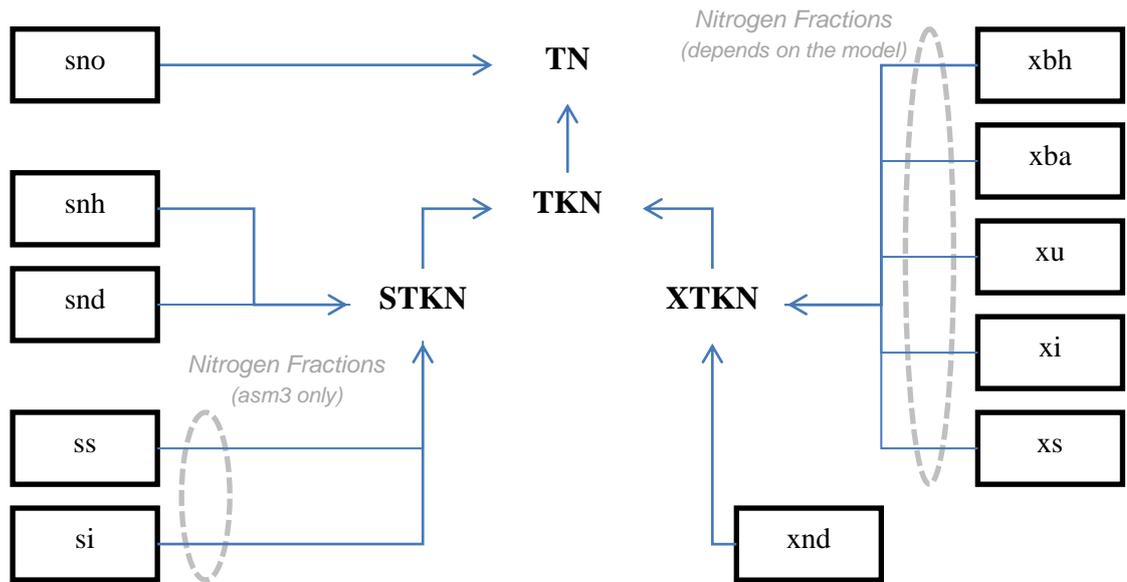


그림 4-3 CNLIB: 질소 합성 변수 및 상태변수의 관계

*xbh*, *xba*, *xu*, *xi*, *ss* 및 *si*의 질소 비율은 모델에 따라 달라집니다. **mantis**, **asm1** 및 **asm3** 모델에서 질소 합성 변수 관계는 **Table 4-3 ~ Table 4-5**에 걸쳐서 살펴볼 수 있습니다.

Table 4-3 CNLIB 질소 합성 변수 - MANTIS 모델

	STKN	XTKN	TKN	TN
sno				1
snh	1		1	1
snd	1		1	1
xnd		1	1	1
xbh		ibhn	ibhn	ibhn
xba		ibhn	ibhn	ibhn
xu		iuhn	iuhn	iuhn
xi		iuhn	iuhn	iuhn

Table 4-4 CNLIB 질소 합성 변수 - ASM1 모델

	STKN	XTKN	TKN	TN
sno				1
snh	1		1	1
snd	1		1	1
xnd		1	1	1
xbh		ixbn	ixbn	ixbn
xba		ixbn	ixbn	ixbn
xu		ixun	ixun	ixun
xi		ixun	ixun	ixun

Table 4-5 CNLIB 질소 합성 변수 - ASM3 모델

	STKN	XTKN	TKN	TN
sno				1
snh	1		1	1
si	insi		insi	insi
ss	inss		inss	inss
xbh		inbm	inbm	inbm
xba		inbm	inbm	inbm
xs		inxs	inxs	inxs
xi		inxi	inxi	inxi
snd	1		1	1
xnd		1	1	1

## CNIPLIB 에서의 합성변수

상태 변수와 합성 변수의 관계는 CNLIB (그림 4- 및 Table 4-5) 에서와 동일합니다. Table 4-3 ~

Table 4-5CNIPLIB 에서 mantis, asm1 및 asm3 모델에 대한 합성 변수 계산을 설명합니다.

## CNPLIB 에서의 합성 변수

그림 4-4 는 CNPLIB 상태 변수와 TSS, BOD 및 COD 합성 변수의 관계를 보여줍니다. Table 4-6 에서는 표 형식으로 동일한 합성 변수 계산을 설명합니다. 모든 상태 변수는 gCOD/m<sup>3</sup> 단위이고, COD 합성 변수는 적절한 상태 변수의 단순한 합입니다. 통상적으로, 용해성 COD (**SCOD**) 는 용해성 비활성 유기물 (*si*), 휘발성 지방산 (*sif*), 발효성으로 쉽게 생분해 가능한 기질 (*sf*), 쉽게 생분해 가능한 기질 (*ss*)의 합입니다. 입자성 COD (**XCOD**) 는 천천히 생분해 가능한 기질 (*xs*), 활성 종속영양 미생물 (*xbh*), 활성 독립영양 미생물 (*xba*), poly-P 축적 미생물 (*xbp*), 저장된 글리코겐 (*xgly*), PHA(poly-hydroxy-alkanoates) (*xbt*), 케이크의 셀 사멸에 의한

생분해 불가능한 입자상 물질 ( $x_u$ ), 셀 내부 저장 산물 ( $x_{sto}$ ), 입자성 비활성 유기물 ( $x_i$ )의 합입니다. 총 COD (**COD**)는 용해성 COD와 입자성 COD의 합입니다.

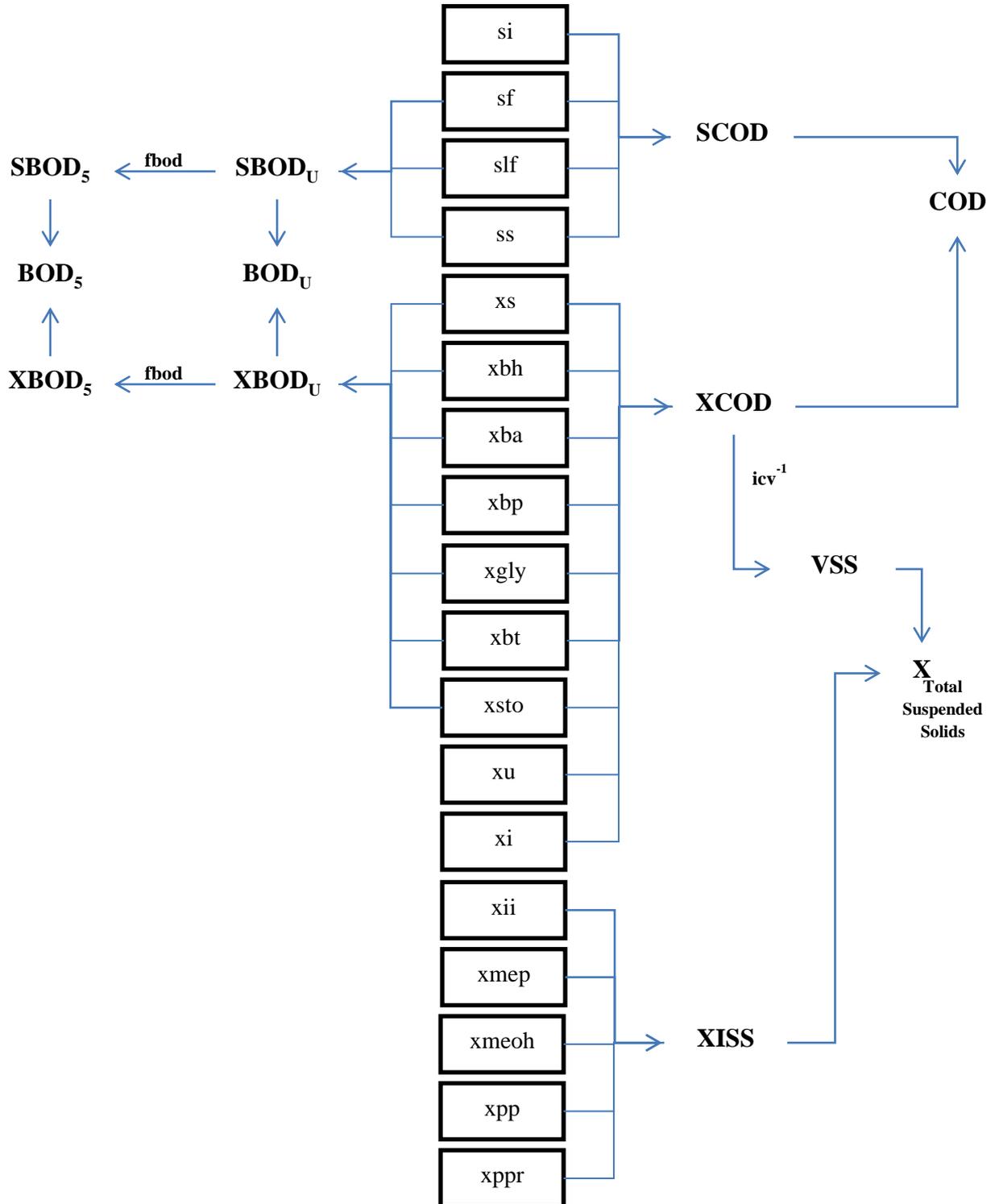


그림 4-4 CNPLIB: BOD, COD, SS 합성 변수와 상태 변수의 관계

부유 물질은 입자성 COD (**XCOD**)에 XCOD:VSS (*icv*) 비율로 나누어 계산합니다. 그 결과로, 휘발성 부유 물질 (**VSS**)에 대한 합성 변수 XCOD의 단위는 gVSS/m<sup>3</sup>로 변경됩니다. 부유 물질 합성 변수 (**X**)를 계산하기 위해, VSS에 입자성 비활성 무기물 (**XII**), 금속 수산화기 (*xmeoh*), 금속 인산 (*xmep*), 저장된 복합 인산 (gP/m<sup>3</sup>에서 g/m<sup>3</sup>로 변경하기 위해 3을 곱함)의 농도를 더해줍니다.

생물학적 산소 요구량 (BOD) 합성 변수는 상태 변수로부터 계산됩니다. 생물학적 상태 변수(BOD에 쓰이는 상태 변수는 gCOD /m<sup>3</sup> 단위)는 입자성 최종 BOD와 용해성 최종 BOD (**XBODU**, **SBODU**)의 합계입니다. 이 합성 변수의 합은 총 최종 BOD 측정치 (**BODU**)입니다. BOD<sub>5</sub>를 결정하기 위해, 화학양론 분율, BOD<sub>5</sub>:BOD<sub>20</sub>의 비율인 *fbod*에 계산된 **BODU**를 곱합니다.

Table 4-6 CNPLIB BOD, COD, TSS 합성 변수

	SBODU	XBODU	BODU	SBOD	XBOD	BOD	SCOD	XCOD	COD	VSS	XISS	X
ss	1		1	fbod		fbod	1		1			
sf	1		1	fbod		fbod	1		1			
slf	1		1	fbod		fbod	1		1			
xs		1	1		fbod	fbod		1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
xbh		1	1		fbod	fbod		1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
xba		1	1		fbod	fbod		1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
xbp		1	1		fbod	fbod		1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
si							1		1			
xi								1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
xu								1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
xgly		1	1		fbod	fbod		1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
xbt		1	1		fbod	fbod		1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
xsto		1	1		fbod	fbod		1	1	icv <sup>-1</sup>		icv <sup>-1</sup>
xii											1	1
xmeoh											1	1
xmep											1	1
xpp											3	3
xppr											3	3

질소를 포함한 변수에서, 합성 변수의 계산은 탄소 - 질소 라이브러리에서 행한 계산과 유사합니다. 차이점은 용해성 TKN (**STKN**)에 새로운 상태변수, 즉, 용해성 생분해 불가능한 유기 질소 (*sni*), 새로운 기질 형태의 질소 구성 성분 산입 (*sf*), 및 poly-P 축적 유기물의 질소 구성 성분 산입 (*xbp*)을 포함한다는 것입니다. 질소 합성 변수 계산의 일반적인 도식은 **그림 4-5** 와 같습니다.

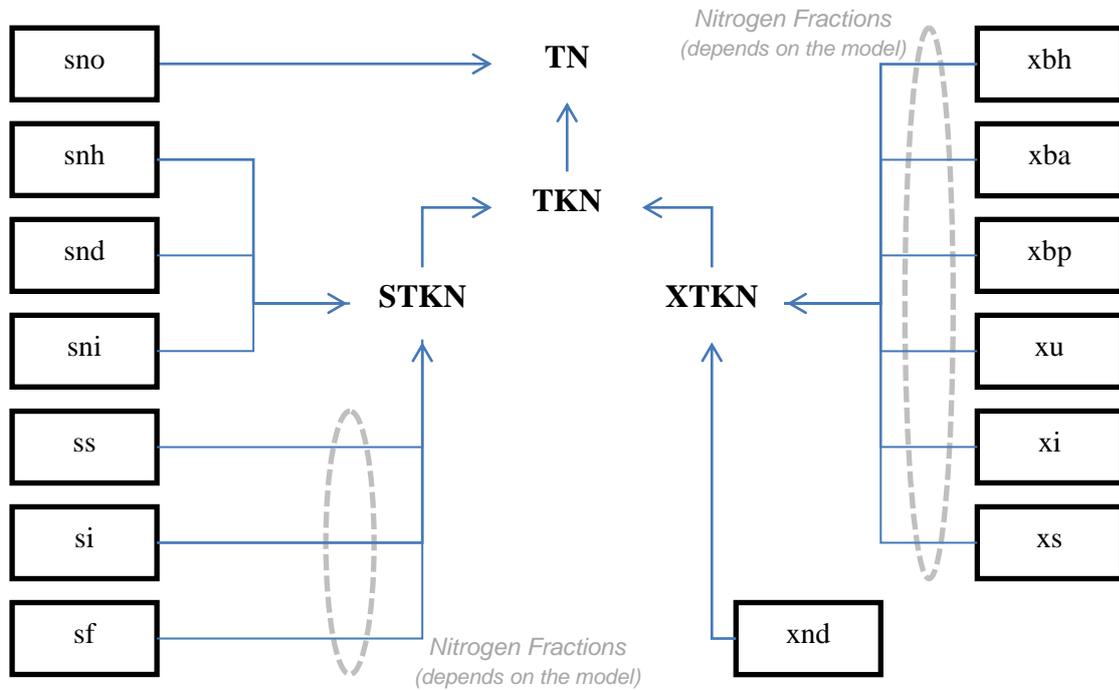


그림 4-5 CNPLIB: 질소 합성 변수와 상태 변수의 관계

Table 4-7 CNPLIB 질소 합성 변수 - MANTIS 모델

	STKN	XTKN	TKN	TN
sno				1
snh	1		1	1
sni	1		1	1
snd	1		1	1
xnd		1	1	1
xbh		<i>ibhn</i>	<i>ibhn</i>	<i>ibhn</i>
xba		<i>ibhn</i>	<i>ibhn</i>	<i>ibhn</i>
xi		<i>iuhn</i>	<i>iuhn</i>	<i>iuhn</i>
xu		<i>iuhn</i>	<i>iuhn</i>	<i>iuhn</i>

모델에 따라 질소 상태변수의 계산은 조금씩 다릅니다. 그 중에서도, 미생물의 질소 분율과 다른 입자성 구성 성분은 모델마다 다른 이름을 갖고 있습니다. **Table 4-7 ~ 4.11** 은 CNPLIB에서 **mantis**, **asm1**, **asm2d**, **asm3** 및 **newgeneral** 모델의 질소 합성 변수 계산을 보여줍니다.

Table 4-8 CNPLIB 질소 합성 변수 - ASM1 모델

	STKN	XTKN	TKN	TN
sno				1
snh	1		1	1
sni	1		1	1
snd	1		1	1
xnd		1	1	1
xbh		<i>ixbn</i>	<i>ixbn</i>	<i>ixbn</i>
xba		<i>ixbn</i>	<i>ixbn</i>	<i>ixbn</i>
xi		<i>ixun</i>	<i>ixun</i>	<i>ixun</i>
xu		<i>ixun</i>	<i>ixun</i>	<i>ixun</i>

Table 4-9 CNPLIB 질소 합성 변수 - ASM2d 모델

	STKN	XTKN	TKN	TN
sno				1
snh	1		1	1
sni	1		1	1
snd	1		1	1
xnd		1	1	1
si	<i>insi</i>		<i>insi</i>	<i>insi</i>
sf	<i>insf</i>		<i>insf</i>	<i>insf</i>
xbp		<i>inbm</i>	<i>inbm</i>	<i>inbm</i>
xbh		<i>inbm</i>	<i>inbm</i>	<i>inbm</i>
xba		<i>inbm</i>	<i>inbm</i>	<i>inbm</i>
xi		<i>inxi</i>	<i>inxi</i>	<i>inxi</i>
xs		<i>inxs</i>	<i>inxs</i>	<i>inxs</i>

Table 4-10 CNPLIB 질소 합성 변수 - ASM3 모델

	STKN	XTKN	TKN	TN
sno				1
snh	1		1	1
sni	1		1	1
snd	1		1	1
xnd		1	1	1
xbh		<i>inbm</i>	<i>inbm</i>	<i>inbm</i>
xba		<i>inbm</i>	<i>inbm</i>	<i>inbm</i>
xi		<i>inxi</i>	<i>inxi</i>	<i>inxi</i>
xs		<i>inxs</i>	<i>inxs</i>	<i>inxs</i>
ss	<i>inss</i>		<i>inss</i>	<i>inss</i>
si	<i>insi</i>		<i>insi</i>	<i>insi</i>

Table 4-11 CNPLIB 질소 합성 변수 - NEWGENERAL 모델

	STKN	XTKN	TKN	TN
sno				1
snh	1		1	1
sni	1		1	1
snd	1		1	1
xnd		1	1	1
xbp		fnzh	fnzh	fnzh
xbh		fnzh	fnzh	fnzh
xba		fnzh	fnzh	fnzh
xi		fnzeh	fnzeh	fnzeh
xu		fnzeh	fnzeh	fnzeh

일반적으로, 용해성 총 인 (STP)은 용해성 인 (sp)과 ss si, sf, 중 인 구성성분의 합과 같습니다. 입자성 총 인 (XTP)은 저장된 복합 인산염 (xpp 및 xppr)과 xs, xi, xbh, xba, xbp, xmeoh 중 복합 인 구성성분의 합입니다. 계산의 개략도는 그림 4-6 과 같습니다. 계산은 모델에 따라 조금씩 다릅니다. Table 4-12 ~ 4.15 는 인(P) 합성 변수 계산을 설명합니다.

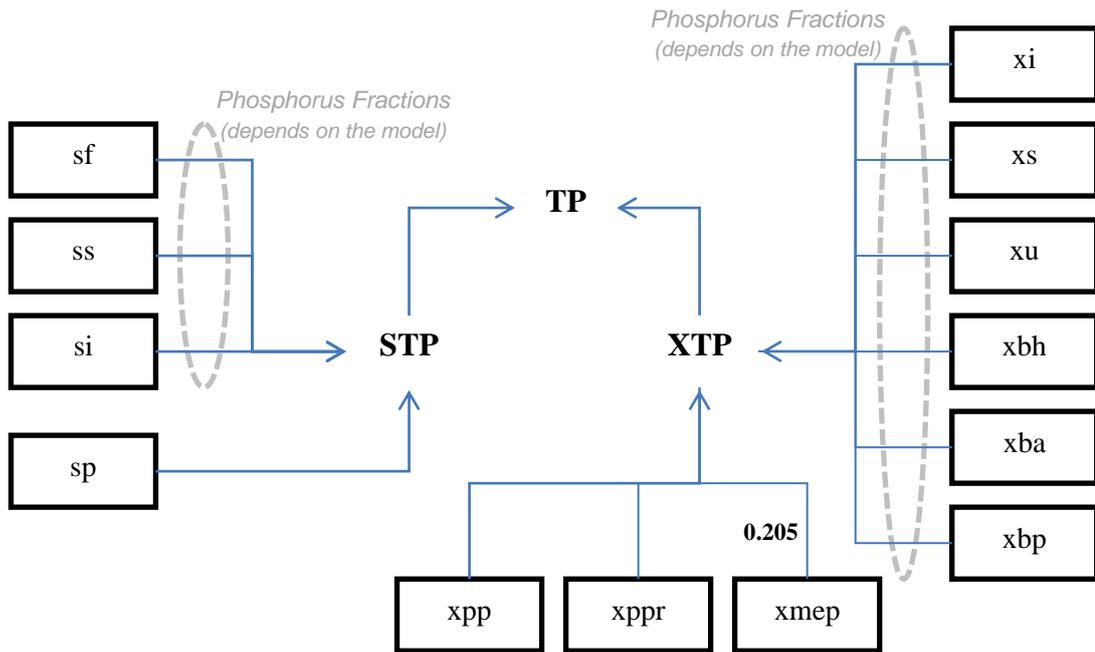


그림 4-6 CNPLIB: 인 합성 변수와 상태 변수의 관계

Table 4-12 CNPLIB 인 합성 변수 - ASM1/MANTIS 모델

	STP	XTP	TP
sp	1		1
xi		<i>ixup</i>	<i>ixup</i>
xu		<i>ixup</i>	<i>ixup</i>
xbh		<i>ixbp</i>	<i>ixbp</i>
xba		<i>ixbp</i>	<i>ixbp</i>
xbp		<i>ixbp</i>	<i>ixbp</i>
xmep		0.205	0.205
xpp		1	1
xppr		1	1

Table 4-13 CNPLIB 인 합성 변수 - ASM3 모델

	STP	XTP	TP
sp	1		1
ss	<i>ipss</i>		<i>ipss</i>
si	<i>ipsi</i>		<i>ipsi</i>
xi		<i>ipxi</i>	<i>ipxi</i>
xs		<i>ipxs</i>	<i>ipxs</i>
xbh		<i>ixbp</i>	<i>ixbp</i>
xba		<i>ixbp</i>	<i>ixbp</i>
xbp		<i>ixbp</i>	<i>ixbp</i>
xmep		0.205	0.205
xpp		1	1
xppr		1	1

Table 4-14 CNPLIB 인 합성 변수 - ASM2d 모델

	STP	XTP	TP
sp	1		1
sf	<i>ipsf</i>		<i>ipsf</i>
si	<i>ipsi</i>		<i>ipsi</i>
xi		<i>ipxi</i>	<i>ipxi</i>
xs		<i>ipxs</i>	<i>ipxs</i>
xbh		<i>ipbm</i>	<i>ipbm</i>
xba		<i>ipbm</i>	<i>ipbm</i>
xbp		<i>ipbm</i>	<i>ipbm</i>
xmep		0.205	0.205
xpp		1	1
xppr		1	1

Table 4-15 CNPLIB 인 합성 변수 - NEWGENERAL 모델

	STP	XTP	TP
sp	1		1
xpp		1	1
xppr		1	1
xi		<i>fpzeh</i>	<i>fpzeh</i>
xu		<i>fpzeh</i>	<i>fpzeh</i>
xbh		<i>fpzh</i>	<i>fpzh</i>
xba		<i>fpzh</i>	<i>fpzh</i>
xbp		<i>fpzh</i>	<i>fpzh</i>
xmep		0.205	0.205

## CNPIPLIB 에서의 합성변수

상태 변수와 합성 변수의 관계는 탄소-질소-인 라이브러리 CNPLIB 에서와 동일합니다. **Table 4-7 ~ 4-15**는 CNPIPLIB 에서 모델에 사용된 상태 변수와 합성 변수의 관계를 보여줍니다.

## MANTIS2LIB 에서의 합성 변수

**그림 4-7~ 그림 4-11**은 Mnatis2lib 에서 합성변수의 계산 관계를 나타낸 것입니다. 그림 4-7 는 용해성 BOD<sub>5</sub>(SBOD), 입자성 BOD<sub>5</sub>(XBOD), BOD<sub>5</sub>(BOD), 용해성 최대 BOD(BOD<sub>u</sub>), 입자성 최대 BOD(XBOD<sub>u</sub>), 최대 BOD(BOD<sub>u</sub>), 용해성 COD(SCOD), 입자성 COD(XCOD), COD(COD)의 계산 관계를 나타낸 것입니다. **Table 4-16**은 합성변수 계산에 사용되는 화학양론 파라미터의 값을 나타낸 것입니다.

**Table 4-16 BOD 와 BOD<sub>u</sub> 값 계산에 사용되는 양론 값**

화학양론 매개변수	기본값	설명
yhglobal	0.666	Heterotrophic biomass yield
fuu	0.206	Fraction of unbiodegradable residue in biomass
fssbodtossCOD	0.717	BOD <sub>5</sub> to COD ratio of soluble substrate
fpsbodtopscod	0.58	BOD <sub>5</sub> to COD ratio of particulate substrate
fbodtobcod	0.566	BOD <sub>5</sub> to COD ratio of biomass
icodtovssxsb	1.674	xCOD/VSS ratio of PHA

양론 변수들의 기본값은 **System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry** 에서 변경가능합니다.

**그림 4-8**은 VSS, XISS(Inorganic SS), TSS 농도 계산과 관련된 것입니다. VSS 계산에서 각 미생물 농도는 상응하는 VSS/COD factor 를 곱해서 계산이 됩니다. 예를 들어, *ivsstocodxbh* 는 **heterotrophic** 미생물 농도인 *xbh* 에 **VSS/COD** 비율을 곱한 것입니다. 각 미생물에 대한 **VSS/COD** 비율은 미생물 조성에 근거하여 계산합니다. 미생물의 기본 조성은 **system > input parameters > Global Fixed stoichiometry** 메뉴에서 변경할 수 있습니다.

Xs 와 xi 의 조성을 모를 경우, 이들에 대한 VSS/COD 비율은 직접 입력값으로 *ivsstocodxs* 와 *ivsstocodxi* 을 사용합니다. 이 비율은 **System > input parameter > influent Stoichiometry** 메뉴에서 변경 가능합니다. 상태변수 *xns* 는 VSS 의 미생물 N 분율을 고려해서 일치하도록 VSS 계산을 포함하고 있습니다. N/NH<sub>3</sub> 비율은 17.0/14.0 을 적용합니다.

무기물 SS(XISS)계산에서는, 각 미생물의 무기물 분율을 각 미생물 농도와 곱합니다. 각 미생물에 대한 무기물 분율은 1 에서 각 미생물 에 대한 VSS/SS 비율을 뺀 것으로 계산합니다. 각 미생물에 종류에 대한 **VSS/SS** 비율은 설정된 미생물 조성을 이용하여 계산합니다. 예를 들어, *ivsstossxbh* 는 *xbh* 미생물 종류에 대한 **VSS/SS** 비율입니다.

**XISS** 합성변수는 모델 내 무기물 상태로부터의 기여도를 포함하고 있습니다. *xpp* 와 *xps* 상태에서 질량 농도는 양론 계수 95/31 를 이용해서 계산합니다. 이 계수는 P 몰 질량과  $PO_4^{3-}$ 의 몰질량 전환을 반영한 것입니다. 다른 무기물 상태에 대한 양론 계수는 1 을 사용합니다.

**TSS** 농도는 추정된 **VSS** 와 **XISS** 의 합으로 계산합니다.

**그림 4-9**는 **STKN, XTKN, TKN, TN, TN**(용해 질소 포함한 총질소)에 대한 개략도입니다. **STKN** 은 si 상태변수에서 존재하는 유기 질소를 추정하기 위해 *insi* 의 비율을 사용합니다. **XTKN** 을 계산하기 위해서는 해당 미생물에 N 농도를 나타내는 양론 계수를 곱하여 추정합니다. *Inxbh* 종속영양미생물 *xbh* 의 N 함량을 대표하는 양론계수입니다. 각 미생물에 종류에 대한 N fraction 은 미생물 조성 따라 계산합니다. 미생물의 기본 조성은 **System > input parameters > Global Fixed stoichiometry** 에서 변경할 수 있습니다. **XTKN** 계산에서는  $MgNH_4PO_4$  에 포함된 N 도 계산을 합니다. 비록 엄격한 기준에서 보면 이는 유기 질소가 아니지만, 침전물에 암모니아가 포함되어 있기 때문에 분석적인 **TKN** 측정방법에서 이를 가정합니다.

**그림 4-10** 은 **STP**(soluble part of Total Phosphorus), **XTOP**(particulate organic part of Total Phosphorus), **XTIP**(particulate inorganic part of Total Phosphorus)에 대한 개략도입니다. *ipnsi* 양론 계는 si 상태변수에서 P 농도를 계산하기 위해서 사용합니다. **XTOP** 을 계산하기 위해서는 해당 미생물에 P 농도를 나타내는 양론 계수를 곱하여 추정합니다. 예를 들어 *lpxbh* 종속영양미생물 *xbh* 의 P 함량을 대표하는 양론계수입니다. 미생물의 기본 조성은 System > input parameters > Global Fixed stoichiometry 에서 변경할 수 있습니다. **XTIP** 계산을 수행할 때, P 는 다양한 P 침전물에 존재하고 있습니다. 각 침전물에대한 양론 계수는 침전물의 조성에 따라 계산합니다. 이 양론 계수는 Global Fixed stoichiometry 메뉴에서 확인 가능합니다. XTP 다양한 조성은 **XTOP** 와 **XTIP** 의 합으로 계산합니다. TP 는 **STP** 와 **XTP** 의 합입니다.

**그림 4-11**은 **STOC**(soluble part of Total Organic Carbon), **XTOC**(particulate part of Total Organic Carbon), **TOC**(Total Organic Carbon)에 대한 개략도입니다. 양론 계수 *icsac*, *icsmet*, *icspro* 는 기질의 조성에 근거하여 계산합니다. 다른 양론 계수인 *icscol*, *icssi*, *icss* 은 사용자가 직접 입력하는것으로 설정할 수 있습니다. 이 값은 **System > Input Parameters > Influent Stoichiometry** 메뉴에서 변경할 수 있습니다. **XTOC** 계산시, 각 미생물 농도에 탄소함량을 나타내는 해당 양론 계수를 곱하여 계산합니다. 예를 들어, *icpxbh* 는 종속영양미생물 *xbh* 의 C 함량을 나타내는 양론 계수입니다. 미생물 종류에 따른 C fraction 은 미생물의 조성에 따라서 계산됩니다. 미생물 조성의 기본값은 **System > Input parameters > Global Fixed Stoichiometry** 에서 변경 가능합니다. Xi 혹은 *xs* 와 같은 입자성 물질은 사용자가 직접 **System > Input Parameters > Influent stoichiometry** 메뉴에서 C 함량을 입력할 수 있습니다. **TOC** 는 **XTOC** 와 **STOC** 의 합으로 계산합니다.

**Table 4-17** 은 Mantis2lib 에서 사용하는 양론 계수와 기본값을 변경하는 위치에 대해서 설명한 표입니다.

Table 4-17 MANTIS2LIB 의 서로 다른 화학량론에 대한 접근 메뉴

Stoichiometry Parameter	Access Menu
yhglobal	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry
fuu	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry
fssbodtossCOD	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry
fpsbodtopscod	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry
fbodtobcod	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry
COD to VSS ratio for biomass	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry <b>(Calculated based on biomass composition)</b>
COD to VSS ratio for $x_s$ and $x_i$	System > Input Parameters > Influent stoichiometry
VSS to SS ratio for biomass	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry <b>(Calculated based on biomass composition)</b>
N fraction in biomass	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry <b>(Calculated based on biomass composition)</b>
N fraction in $x_i$ , $s_i$	Influent Characterization menu <b>of influent object</b>
P fraction in biomass	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry <b>(Calculated based on biomass composition)</b>
P fraction in $x_i$ , $s_i$	Influent Characterization menu <b>of influent object</b>
C fraction in biomass and $s_{ac}$ , $s_{pro}$ , $s_{met}$	System > Input Parameters > Global Fixed stoichiometry <b>(Calculated based on biomass/substrate composition)</b>
C fraction in $x_{col}$ , $x_{ss}$ , $s_i$ , $x_i$ , $x_s$	System > Input Parameters > Influent stoichiometry

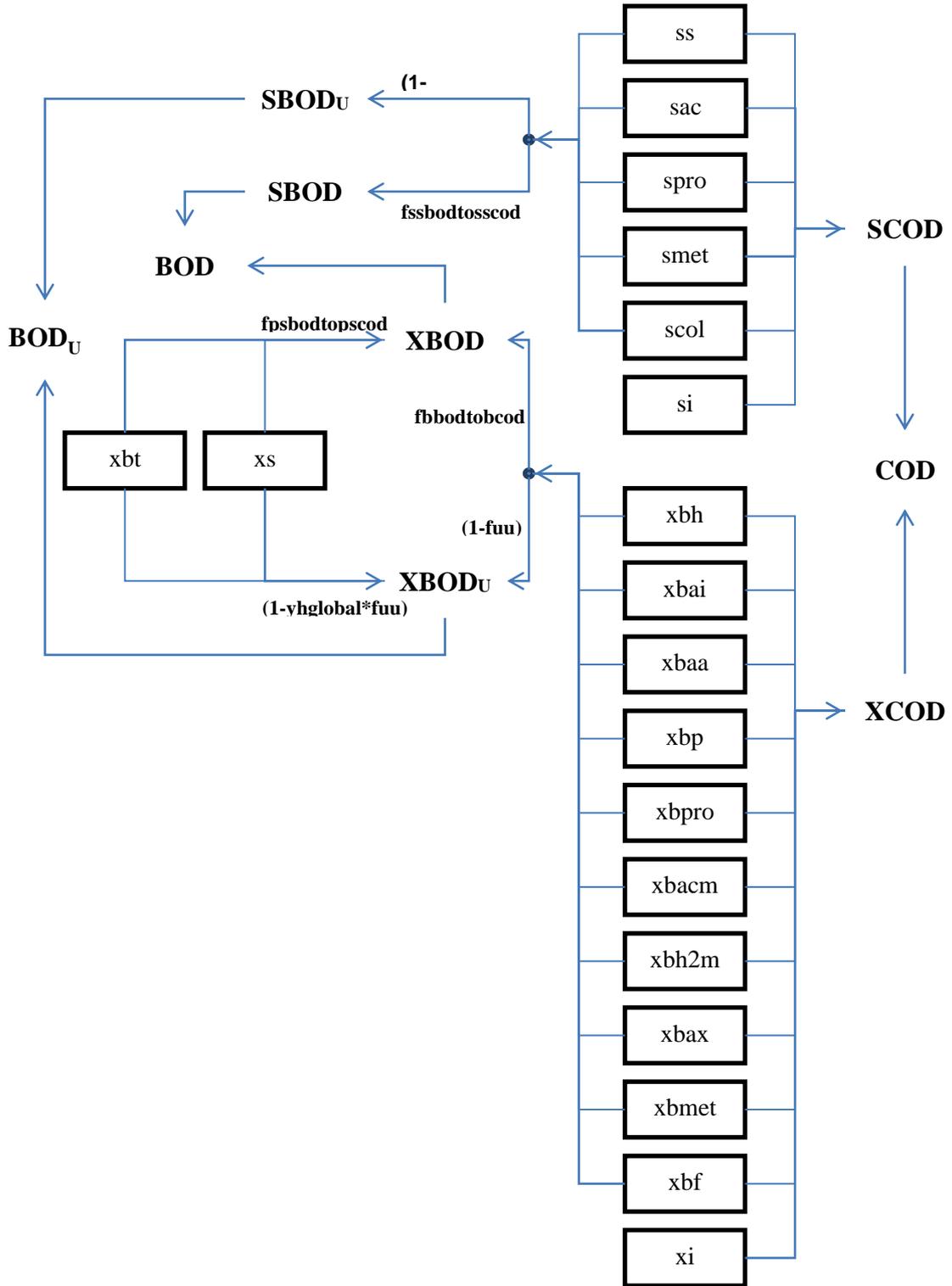


그림 4-7 MANTIS2LIB -SCOD, COD, SBOD, BOD, SBOD<sub>u</sub> and BOD<sub>u</sub> 합성변수에 대한 계산 과정

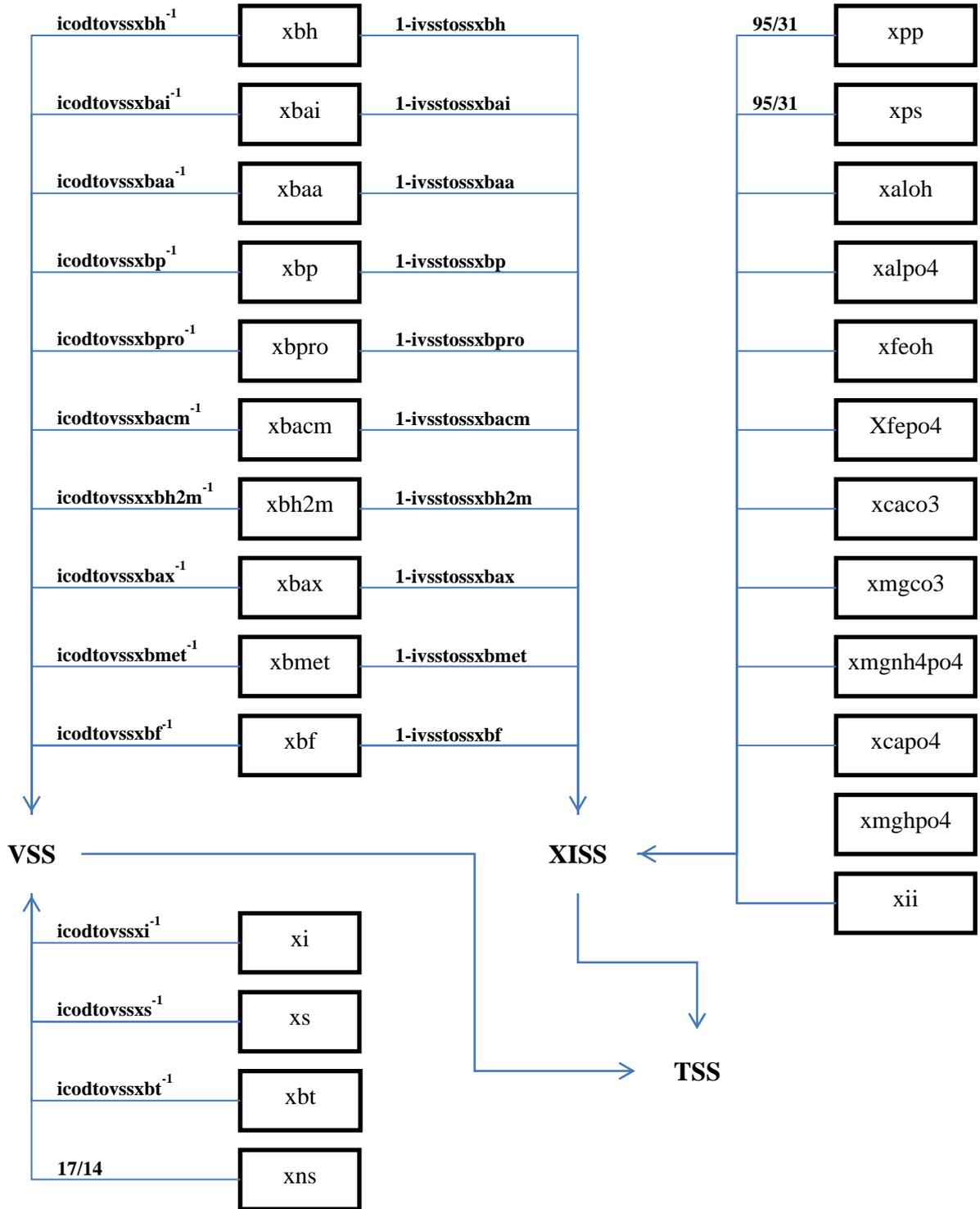


그림 4-8 MANTIS2LIB -합성변수 VSS, TSS 에 대한 계산 과정

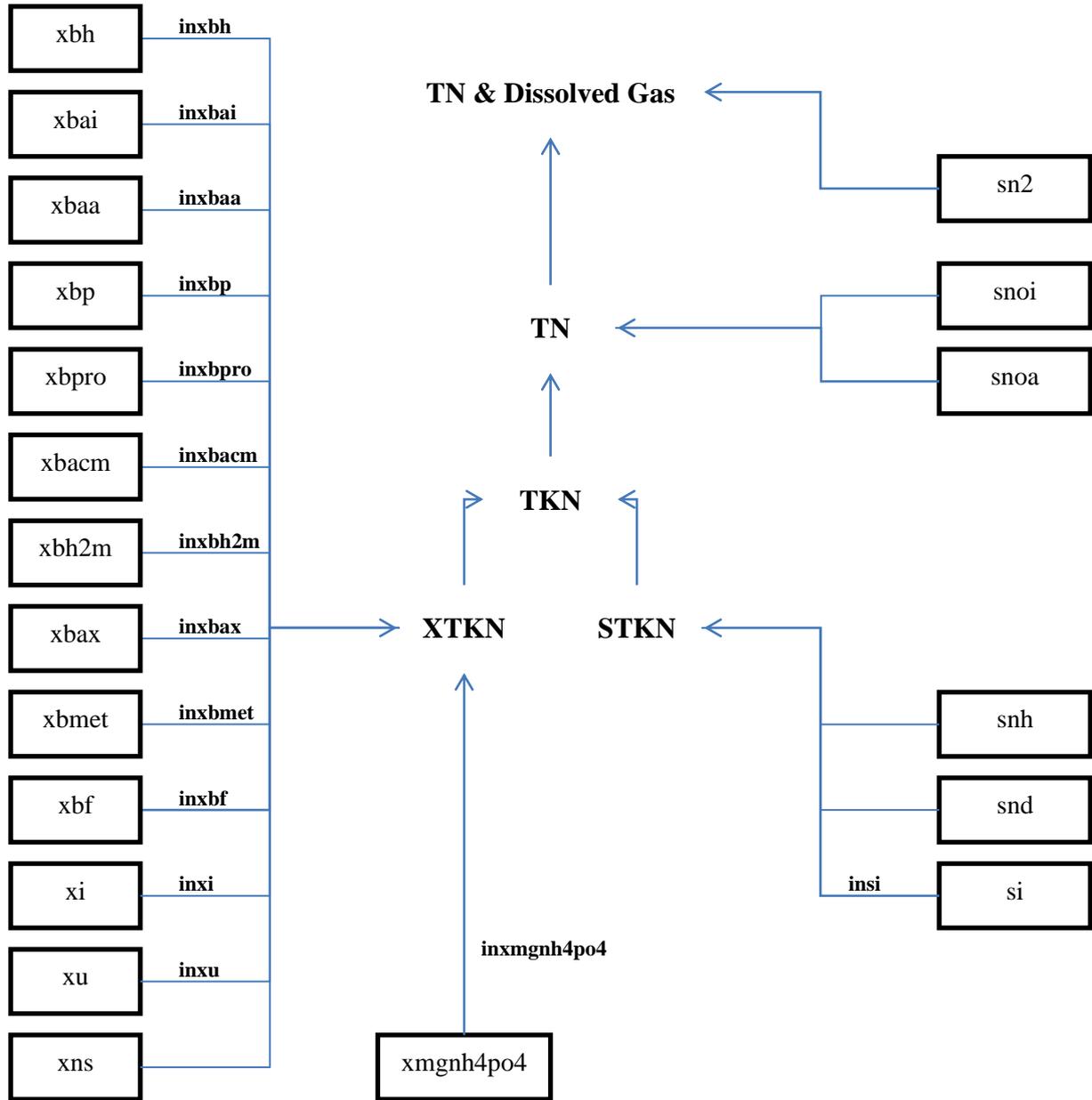


그림 4-9 MANTIS2LIB -합성 변수 STKN, TKN 에 대한 계산 과정

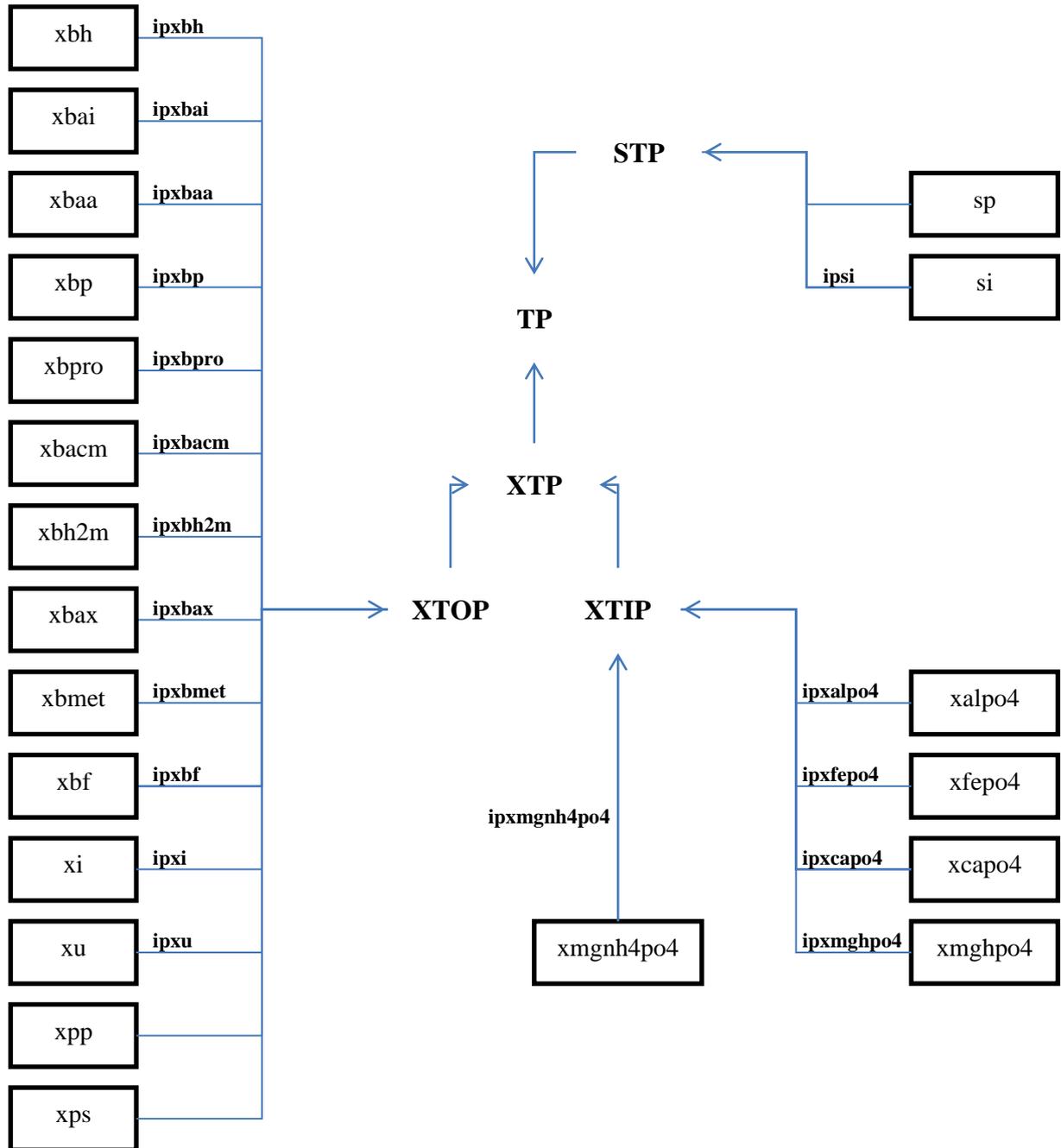


그림 4-10 MANTIS2LIB -합성 변수 STP, XTP, TP 에 대한 계산 과정

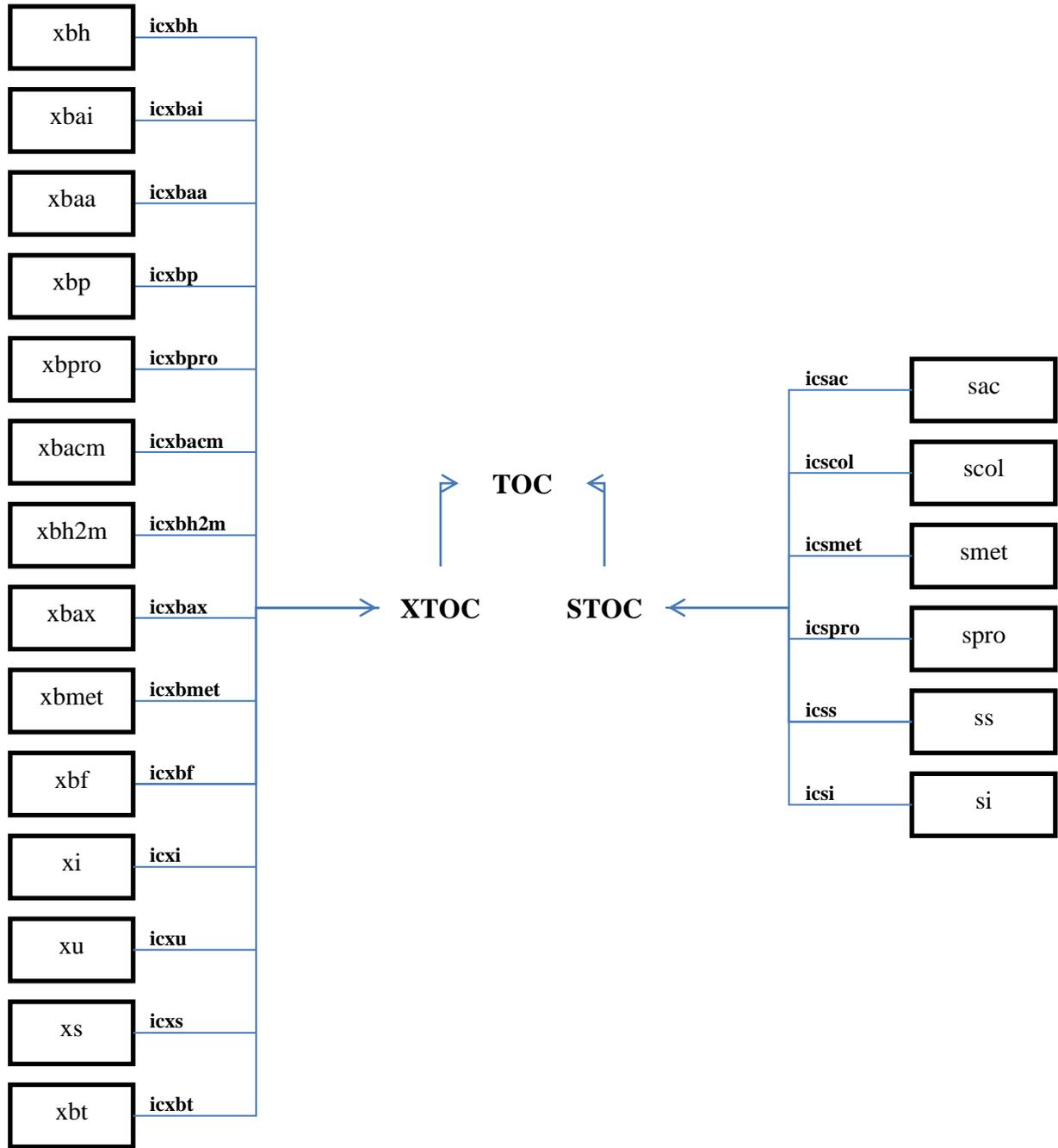


그림 4-11 MANTIS2LIB – 합성 변수 STOC and TOC 에 대한 계산 과정

### 합성 변수 보기

X (총 부유 물질), TKN (총 Kjeldahl 질소), BOD, COD, 기타 등등과 같이 가장 흔한 합성 변수를 포함하는 모든 합성 변수는, 변수 보기 > 합성 변수 메뉴를 선택하여 이용할 수 있습니다. 이 변수(및 상세... 버튼을 클릭하여 찾아낸 변수)는 출력 그래프상에 나타내거나 배치시킬 수 있습니다.

## 비모델화 상태에서 계산한 상태 변수

화학 양론이 개별 객체 내에서 전체적으로 설정되어 있건 국소적으로 설정되어 있건, 표시가 가능한 합성 변수의 목록은 그 특정 GPS-X 레이아웃(CNLIB, CNPLIB 등)에서 어떤 라이브러리가 사용될 것인가에 따라 다를 것입니다.

주어진 라이브러리(즉, CNPLIB 에 인 상태 변수가 있는데도 인을 포함하지 않는 **mantis** 모델)의 모든 구성 성분의 거동을 시뮬레이션 하지 않는 레이아웃 상의 모델을 사용하는 것이 가능합니다. 이러한 경우에, 이 초과 구성 성분들은 비활성(즉, 생물학적 변형이 적용되지 않고 혼합과 침전만 적용되는)으로 모델링됩니다.

변수 보기 > 합성 변수 메뉴에서 표시된 합성 변수 목록은 레이아웃을 만드는데 사용한 라이브러리(예, CNPLIB)와 관련된 목록입니다. 모든 합성 변수는 비록 구성 성분 상태가 반응조에서 생물학적으로 만들어지지 않더라도, 주어진 라이브러리에서 계산됩니다. 위의 예제에서(CNPLIB 에서 **mantis** 모델), 용해성 인 (*sp*)은 생물학적으로 만들어지지 않으므로 *si* (용해성 비활성)과 같이 동일하게 작용합니다. 그러나, CNPLIB 는 합성 변수 TP (총 인)을 포함하기 때문에, *sp* 가 비활성으로 만들어졌더라도 (*sp* 와 다른 구성 성분으로부터) 계산될 것입니다.

플랜트 레이아웃 만들때 어떤 모델과 라이브러리를 선정할 것인지 고려하는 것은 상당히 중요한 요소입니다.



## CHAPTER 5

# 유입수 모델

### 소개

플랜트 레이아웃에 사용되는 모든 유입수 모델에서, 유입수 특성과 유입수 화학양론을 적절하게 설정해 주는 것이 중요합니다.

### 유입수 조연자

사용자가 유입수 특성을 보다 잘 이해하는데 도움이 되도록, Hydromantis 에서는 유입수 조연자를 개발하였습니다. 이 도구를 사용하여 사용자는 유입수의 특성을 시각적으로 파악할 수 있고, 문제점을 디버그 할 수 있습니다. 유입수 에러를 피할 수 있도록 이 유틸리티 도구를 사용할 것을 권장합니다.

플랜트 모델로 공급되는 유입 폐수에 대한 수학적 설명은 시뮬레이션 시스템의 가장 중요한 단일 양상입니다. 유입수 특성을 신중하게 고려하지 않을 경우, 플랜트 모델은 플랜트의 동적 거동을 예측하는 능력이 제한됩니다.

유입수조연자는 유입수 객체를 마우스 우측 클릭하여 **유입수 > 유입수 성상** 메뉴에서 확인할 수 있습니다.

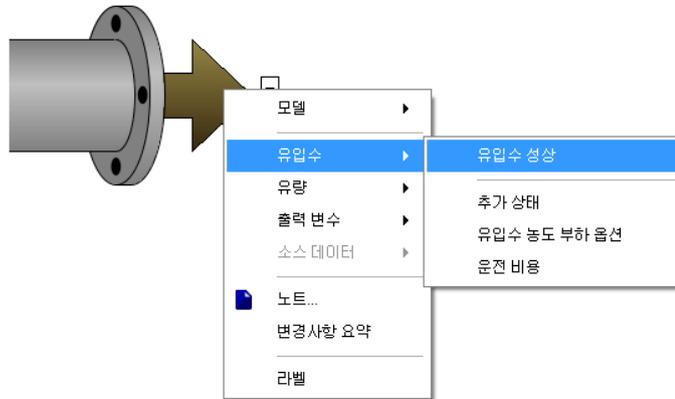


그림 5-1. 유입수조연자 메뉴 열기

유입수 조연자 화면은 그림 5-2 와 같고, 사용자 입력, 상태 변수, 합성 변수의 3 개 데이터 열을 나타내고 있습니다.

유입수 조연자 - 리아브러리: mantis2lib - 유입수 모델: codstates - 생물학적 모델: mantis2

사용자 입력			상태 변수			합성 변수				
<b>Influent Composition</b>			<b>Soluble Gases</b>			<b>Volatile Fraction</b>				
cod	총 COD	gCOD/m3	so	DO	gO2/m3	vt	VSS/TS...	gVSS/gTSS		
tkn	총 TKN	gN/m3	sh2	용존 수소 가스	gCOD/m3	x	총 부유물	g/m3		
tp	총 인	gP/m3	sn2	용존 N2 가스	gN/m3	vss	취말성 ...	g/m3		
<b>Nitrogen Compounds</b>			<b>Soluble Gases</b>			<b>Composite Variables</b>				
snh	암모니아성 질소	gN/m3	schn4	용존 메탄	gCOD/m3	xbss	총 무기...	g/m3		
snoi	아질산염	gN/m3	si	용해성 비활성 물질	gCOD/m3	bod	총 탄소...	gO2/m3		
snoa	질산염	gN/m3	scol	콜로이드 기질	gCOD/m3	cod	총 COD	gCOD/m3		
<b>Phosphorus Compounds</b>			<b>Soluble Organic Compounds</b>			<b>Additional Composite Variables</b>				
sp	오르토인산	gP/m3	ss	분해성 용해 기질	gCOD/m3	tkn	총 TKN	gN/m3		
xpp	PAO에 저장된 디인산염	gP/m3	<b>Other Soluble Organic Substrates</b>			tn	총 질소	gN/m3		
<b>Influent Fractions</b>			<b>Particulate Organic Compounds</b>			tp	총 인	gP/m3		
ivsstots	VSS/TS 비율	gVSS/gTSS	0.75	sac	아세데이트	totc	총 탄소	gC/m3		
<b>Organic Fractions</b>			<b>Nitrogen Compounds</b>			<b>Biomass Composite Variables</b>				
frsi	총 COD의 용해성 비활성분율	-	0.05	spro	propionate	gCOD/m3	0.0	sbod	용해성 ...	
fras	총 COD의 생분해성 분율	-	0.2	smet	메탄올	gCOD/m3	0.0	xbod	입자성 ...	
frxi	총 COD의 입자성 비활성 분율	-	0.13	<b>Phosphorus Compounds</b>			sbodu	용해성 ...	gO2/m3	
frscol	느리게 생분해하는 COD의 콜로이드 분율	-	0.15	xi	입자성 비활성 물질	gCOD/m3	55.9	xbodu	미립자 ...	
<b>Nitrogen Fractions</b>			<b>Phosphorus Fractions</b>			<b>Active Bacterial Biomass</b>				
frsnh	용해성 TKN의 암모니아 분율	-	0.9	xu	비생분해성 셀 생산물	gCOD/m3	0.0	xs	느린 생분해 기질	
insi	가용 비활성 물질의 질소 함량	gN/gCOD	0.05	xs	느린 생분해 기질	gCOD/m3	226.6	xbt	poly-hydroxy alkanoates...	
inxi	비활성 입자성 물질의 N 함량	gN/gCOD	0.05	xtb	poly-hydroxy alkanoates...	gCOD/m3	0.0	<b>Nitrogen Compounds</b>		
<b>Phosphorus Fractions</b>			<b>Inorganic Compounds</b>			<b>Phosphorus Compounds</b>				
ipisi	용해성 비활성 물질의 P 함량	gP/gCOD	0.01	stic	총 용해성 무기탄소	gC/m3	84.0	snh	암모니아성 질소	
ipxi	비활성 입자성 물질의 P 함량	gP/gCOD	0.01	sca	총 칼슘	gCa/m3	140.0	snd	용해성 유기 질소	
<b>Inorganic Compounds</b>			<b>Organic Fractions</b>			<b>Active Bacterial Biomass</b>				
smg	총 마그네슘	gMg/m3	50.0	scat	기타 양이온	eq/m3	3.0	snoi	아질산염	
spot	총 칼륨	gK/m3	28.0	sana	기타 음이온	eq/m3	12.0	snoa	질산염	
<b>Organic Fractions</b>			<b>Phosphorus Fractions</b>			<b>Active Bacterial Biomass</b>				
xbai	암모니아 산화 바이오매스	gCOD/m3	0.0	ipxi	비활성 입자성 물질의 P 함량	gP/gCOD	0.01	xms	느리게 생분해하는 기질...	

그림 5-2 유입수 조연자 화면

화면 맨 왼쪽의 사용자 입력은 사용자가 직접 입력할 수 있는 칸으로, 유입수의 농도 및 양론계수 값 등을 입력합니다. 화면 가운데와 오른쪽 칼럼은 사용자 입력 값으로 계산된 상태변수와 합성변수의 값을 의미합니다.

사용자가 왼쪽 칼럼의 어떤 변수의 값을 변경하여 입력하면, 가운데와 오른쪽 칼럼의 숫자는 자동적으로 업데이트 됩니다. 이런 방법을 통하여 유입수 특성을 파악할수 있고, 에러를 디버깅하는데 도움이 됩니다.

가운데와 오른쪽 칼럼의 변수를 클릭해보면 그 값들이 어떻게 해서 계산이 된것인지 알수가 있습니다. 계산식이 화면 중앙 하단에 하얀 박스로 된 부분에 표시가 됩니다. 그리고, 서로 계산식에서 관련이 되는 변수들은 다른 색깔로 하이라이트되어서 눈으로 쉽게 구분할 수 있습니다. 만일 어떤 유입수조연자에서 음수의 값이 나타날 경우에는 해당 칸의 숫자가 빨간색으로 표시됩니다. 농도의 값이 음수가 나오면 안되므로, 이를 수정하기 위해서 관련된 변수를 바꾸면서 수정할 수 있습니다.

유입수 조연자 - 리버브러리: mantis2lib - 유입수 모델: codstates - 생물학적 모델: mantis2

Variable	Unit	Value
xpp	FAO에 저장된 다인산염	gP/m3 0.0
ivstots	VSS/TSS 비율	gVSS/gTSS 0.75
frsi	총 COD의 용해성 비활성분율	0.05
frss	총 COD의 생분해성 분율	0.2
frxi	총 COD의 입자성 비활성 분율	0.13
frscol	느리게 생분해하는 COD의 콜로이드 분율	0.15
frsnh	용해성 TKN의 암모니아 분율	0.9
insi	가용 비활성 물질의 질소 함량	gN/gCOD 0.05
inxi	비활성 입자성 물질의 N 함량	gN/gCOD 0.05
ipssi	용해성 비활성 물질의 P 함량	gP/gCOD 0.01
ipxi	비활성 입자성 물질의 P 함량	gP/gCOD 0.01
stic	총 용해성 무기탄소	gC/m3 84.0
sca	총 칼슘	gCa/m3 140.0
smg	총 마그네슘	gMg/m3 50.0
spot	총 칼륨	gK/m3 28.0
scat	기타 양이온	eq/m3 3.0
sana	기타 음이온	eq/m3 12.0
fsac	총 COD의 아세트산 분율	0.0
fspro	총 COD의 propionate 분율	0.0
frsmet	총 COD의 메탄올 분율	0.0
frxbh	총 COD의 중속영양미생물 분율	0.0
frxba	총 COD의 암모니아 산화 바이오플록 분율	0.0
frxba	총 COD의 아질산염 산화제 미생물	0.0
frxpb	총 COD의 인산 축적 미생물 분율	0.0
frxpc	총 COD의 아세트산생성 바이오플록 분율	0.0
frxh2m	총 COD의 아세트산생성 바이오플록 분율	0.0
frxh2m	총 COD의 hydrogenotrophic methanog...	0.0
frxhmet	총 COD의 메틸리튬 바이오플록 분율	0.0
sac	아세트산	gCOD/m3 0.0
spro	propionate	gCOD/m3 0.0
smet	메탄올	gCOD/m3 0.0
xi	입자성 비활성 물질	gCOD/m3 55.9
xu	비생분해성 셀 생산물	gCOD/m3 0.0
xs	느리게 생분해 기질	gCOD/m3 226.6
xht	poly-hydroxy alkanolates...	gCOD/m3 0.0
snh	암모니아성 질소	gN/m3 25.0
snd	용해성 유기 질소	gN/m3 1.7
snoi	아질산염	gN/m3 0.0
snoa	질산염	gN/m3 0.0
xns	느리게 생분해하는 기질...	gN/m3 -12.8
sp	오르토인산	gP/m3 8.0
xps	느리게 생분해하는 기질내...	gP/m3 1.23
xpp	PAO의 다인산염	gP/m3 0.0
xbh	중속영양미생물	gCOD/m3 0.0
xbf	말초 미생물	gCOD/m3 0.0
xbai	암모니아 산화 바이오플록	gCOD/m3 0.0
xbaa	아질산염 산화제 미생물	gCOD/m3 0.0
xbp	인산 축적 미생물	gCOD/m3 0.0
xpro	아세트산생성 바이오플록	gCOD/m3 0.0
xbacm	아세트산생성 바이오플록	gCOD/m3 0.0
xh2m	hydrogenotrophic meth...	gCOD/m3 0.0
xbmet	메틸리튬 바이오플록	gCOD/m3 0.0
xbax	anammox 미생물	gCOD/m3 0.0
stic	총 용해성 무기탄소	gC/m3 84.0
tp	총 인	gP/m3 10.0
totc	총 탄소	gC/m3 221.6
sbod	용해성 BOD	gO2/m3 90.3
xbod	입자성 BOD	gO2/m3 131.4
sbodu	용해성 유기탄소	gO2/m3 108.7
xbodu	입자성 유기탄소	gO2/m3 195.5
bod	총 BOD	gO2/m3 304.2
substod	총 기질	gO2/m3 221.8
substscod	용해성 유기탄소	gCOD/m3 126.0
substcod	총 기질	gCOD/m3 352.6
scod	용해성 유기탄소	gCOD/m3 147.5
xcod	입자성 유기탄소	gCOD/m3 282.5
mnsod	용해성 유기탄소	gCOD/m3 113.4
mxcod	입자성 유기탄소	gCOD/m3 136.0
mncod	총 COD	gCOD/m3 249.4
xbcod	바이오플록	gCOD/m3 0.0
xbisc	바이오플록	gCOD/m3 0.0
bvss	바이오플록	g/m3 0.0
percactivesolid	활성 고형물	% 0.0
percinaactivesolid	비활성 고형물	% 100.0
stkn	용해성 TKN	gN/m3 27.8
xkn	입자성 TKN	gN/m3 -10.0
tmplusgas	미발효 가스	gN/m3 35.8
snox	아질산염	gN/m3 0.0
xtop	입자성 유기탄소	gP/m3 1.79
xtip	입자성 유기탄소	gP/m3 0.0
xtp	총 입자성 유기탄소	gP/m3 1.79
stp	총 용해성 유기탄소	gP/m3 8.22

그림 5-3 유입수조연자에서 음수의 값 표시와 관련된 변수의 표시

GPS-X 에서 사용되는 유입수 모델에 어떤 데이터가 유효한지 유효하지 않은지에 대한 가정을 확인합니다. 이를 테면, 유입수 모델이 COD 와 BOD 데이터 모두를 사용하지 않더라도, 이 데이터가 유효할 수도 있고 그 유기물이 유효한 상태 변수로 분배되는 방법에 대한 중요한 정보를 제공할 수도 있습니다. 유입수 조연자의 도움으로 이 결점을 극복합니다.

예를 들어서, 유입수 조건으로 BOD와 COD 데이터 모두 사용가능한데, 유입수 모델로는 BODbased 모델을 사용했을 경우입니다. 유입수 조연자에 BOD 및 그 외 입력사항을 입력하고서 프로그램이 계산한 COD의 값과 사용자가 이미 알고 있거나 측정된 COD 값을 비교할 수 있습니다. 두 개의 수치가 비슷하다면 그 값을 그대로 사용하면 되지만, 혹은 유입수조연자를 통해서 프로그램이 계산한 값과 측정값 내지는 알고 있는 COD 값과 다를 경우에는 관련된 사용자 입력에서의 변수들을 조정하여 최대한 조정할 수 있습니다.

**Note**

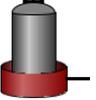
유입수 설정이 시뮬레이션 할 때, 상당히 중요하기 때문에 이에 대한 경고 메시지를 시뮬레이션 명령창에서 확인할 수 있습니다. 예를 들어, 사용자가 ASM1 모델을 적용해 놓고, 모르고 xsto 값을 입력할 경우에, (*time = <timestamp> xsto<streamlabel> is non-zero, xsto is not a state variable in ASM1*)와 같은 메시지가 나타납니다. 이런 경고는 유입수 조연자로 돌아가서 문제를 해결하고 수정해야한다는 것입니다. 이와 같이 유입수조연자를 이용하여 유입수 특성의 문제점을 디버깅하는데 사용하는 것을 권장하는 바입니다. **Hydromantis 는 사용자가 문제를 확인하고 상태 변수 및 합성 변수 간의 상호 연결 이해에 도움을 주는 유입수 조연자 도구를 더욱 유용하게 사용할 것을 권장합니다.**

시뮬레이션 중간에 에러메세지가 나타나날때가 있습니다. 대부분의 에러메세지는 유입수 부적절한 양론계수때문입니다. 이런 에러메세지가 발생하면, 유입수 양론계수 부분을 검토해보시기 바랍니다.

## 유입수 객체 (CNLIB, CNPLIB, CNIPLIB, CNPIPLIB)

GPS-X에는 5개의 유입수 객체가 있습니다.

표 5-1. 유입수 객체 종류

이름	객체	사용	이용 가능한 모델
유입수		연속적인 폐수 유입 (steady 또는 dynamic)	bodbased codbased codstates sludge states tssfrac
회분식 유입		정화조 폐액의 회분식 유입 또는 다른 비연속적인 하수 유입	bodbased codbased codstates sludge states tssfrac
COD 약품 주입		흐름 라인 또는 객체로 유입되는 COD 화학약품	codfeed
산 주입		pH 제어를 위한 산 주입	acidfeed
물 유입수		청수 유입 (steady 또는 dynamic)	Water

유입수 객체는 사용한 유입수의 종류와 관련된 모델, 옵션, 특징을 담고 있습니다. 예를 들면 연속적인 폐수 모델은 일일 유입 유량 형태를 지정하는 옵션을 가지고 있으며 화학 약품 주입 객체에서는 해당되지 않습니다.

## 유입 폐수 객체

유입 폐수 객체 (갈색 화살표)는 폐수 유량의 연속적인 흐름을 특징짓는데 사용합니다. 연속적인 유입 유량 비는 **유량 > 유량 정보** 유입수 객체의 메뉴에서 확인됩니다 (그림 5-4 및 그림 5-5).

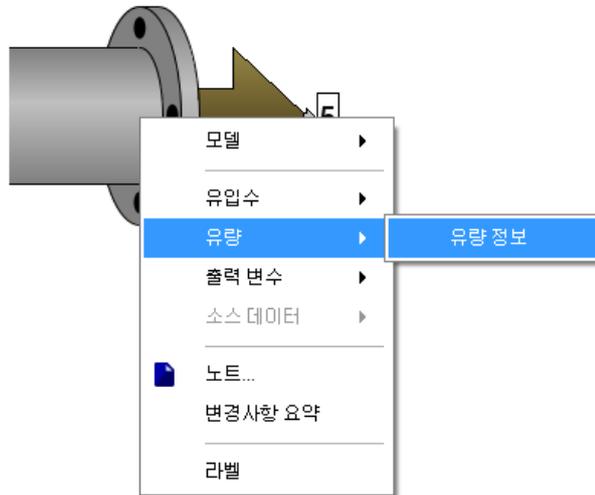


그림 5-4 유입 유량 정보 메뉴 선택

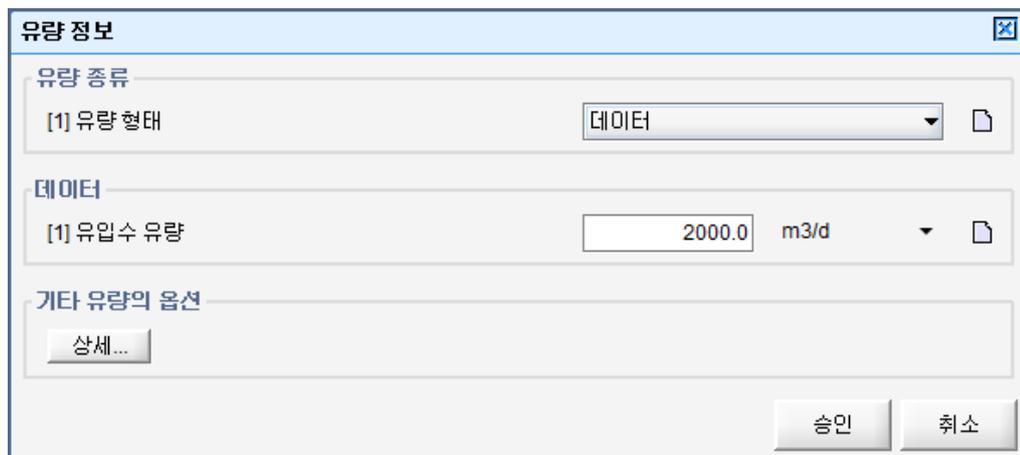


그림 5-5 유입 유량 데이터 메뉴에서 유량 형태 옵션 보기

유량 형태는 4 가지 방법 중 하나를 지정합니다:

1. **데이터** - 사용자가 파일 또는 메뉴를 이용하여 직접 유량을 설정합니다.
2. **사인곡선** - 파일 또는 유량 메뉴 설정에서 사인 곡선 유입을 적용합니다.
3. **24 시간 데이터** - 하루 24 시간 시간대별 유량을 설정합니다
4. **24 시간 데이터 계수** - 하루 24 시간 유량 패턴을 유입수 유량에 인자를 곱한 값으로 설정합니다.

## 유입수 모델

GPS-X 에서 이용가능한 유입수 모델은 합성 변수와 상태변수를 연관시키는데 사용되는 모델 라이브러리와 로컬 생물학적 모델에 달려있습니다. 상태 변수가 계산되는 방식은 모델과 라이브러리에 따라 다릅니다. 이 장에서는 이용가능한 모델과 회분식 유입 객체에서 이용가능한 유량 선택에 대하여 설명할 것입니다.

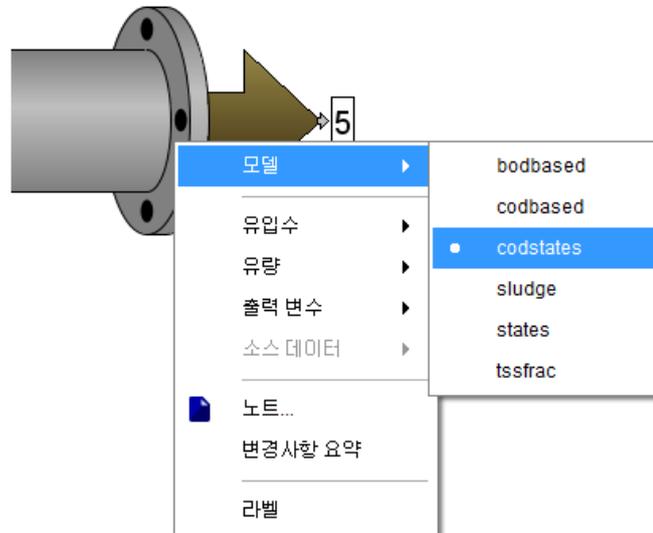


그림 5-6 유입수 모델

개별 유입수 모델은 플랜트 레이아웃 상의 나머지 부분을 통과하는 라이브러리에 의존하는 상태변수를 한 세트로 계산합니다. 유입수 모델은 모델에 입력으로 요구되는 정보의 형태만 다를 뿐입니다.

다음의 유입수 모델에 대한 설명은 각 모델이 어떻게 작용하는지에 대한 개요입니다. 그러나, 현재 사용되는 라이브러리 및 로컬 생물학적 모델에 대한 의존성과 복잡성 때문에, 사용자는 각 모델에서 만들어지는 계산을 이해하기 위해 **유입수 조연자**를 참고하십시오.

### **BODBASED**

**bodbased** 유입수 모델은 BOD 데이터를 사용할 수 있으나 COD 데이터는 사용할 수 없을 때 선택합니다. 그러나, BOD 성분의 실측치와 근사치에 기인하는, 입자성 비활성 유입수를 정확하게 추정하는데 각별한 주의를 기울여야 합니다. 이 모델을 선택한 경우, 사용자는 총 탄소성 BOD5, 총 TKN, 총 부유 물질, 상태 변수를 입력합니다. 상태 변수는 일반적으로 용해성 비활성 유기물, 용해성 오르토-인산 염(CNPLIB), 알칼리도 ([그림 5-7](#) 및 [그림 5-8](#)) 와 몇몇의 화학 양론 분율을 제외하면 0 입니다.

이 입력 값들은 잔존하는 유입수 상태 변수를 계산하는데 사용합니다: 쉽게 생분해 가능한 기질(ss), 천천히 생분해 가능한 기질 (xs), 입자성 비활성 유기물(xi), 유리 및 이온화 암모니아 (snh), 입자성 생분해 가능한 유기 질소 (xnd), 및 용해성 생분해 가능한 유기 질소 (snd).

사용자 입력			
Influent Composition			
bod	총 탄소성 BOD5	gO2/m3	230.0
x	총 부유물	g/m3	240.0
tkn	총 TKN	gN/m3	40.0
Organic Variables			
si	용해성 비활성 유기물	gCOD/m3	21.5
xbh	활성 증속영양 바이오매스	gCOD/m3	0.0
xba	활성 독립영양 바이오매스	gCOD/m3	0.0
xu	셀 사멸에 의한 생분해 불가능한 ...	gCOD/m3	0.0
Dissolved Oxygen			
so	DO	gO2/m3	0.0
Nitrogen Compounds			
sno	질산성 질소와 아질산성 질소	gN/m3	0.0
snn	미질소	gN/m3	0.0
Alkalinity			
salk	알칼리도	mole/m3	7.0
Influent Fractions			
icv	XCOD / VSS 비율	gCOD/gVSS	1.8
fbod	BOD5 / BODu 비율	-	0.66
BODbased Model Coefficients			
fss	용해성 물질/BODultimate	-	0.25
fnh	암모늄/TKN 비율	-	0.63
fxn	입자 유기 질소/총 유기 질소 비율	-	0.9
ivt	VSS/TSS 비율	gVSS/gTSS	0.75

그림 5-7 CNLIB Bodbased 유입수 모델 입력 값

지정된 라이브러리에서 계산한 상태 변수와 합성 변수 및 화학양론 분율의 관계는 이 장의 부록에서 살펴볼 수 있습니다. **BODultimate** 는 생분해 가능한 COD와 동등한 것으로 추정되고 그에 따라 mg COD/L의 단위를 가집니다.

화학 양론 분율 **fss** (용해성 기질: BODu), 용해성 기질(**asm2d**의 **sf** 또는 그 외의 생물학적 모델에서의 **ss**)은 총 BODu의 분율을 결정하는데 사용됩니다. 샘플 실측치에 의하여, **fss** 분율은 여과된 BOD<sub>20</sub>:BOD<sub>20</sub> 비로부터 계산할 수 있습니다. 입자성 기질 상태 변수 (**xs**)는 (예, **cnplib**에서, **xs = BODultimate \* (1-fss) - xba-xbh-xsto**)차에 의해 계산됩니다. 입자성 COD (**XCOD**)에서 다른 모든 입자성 탄소성 유기 상태 (**xsto**, **xbh**, **xba**, **xu** (사용자에 의한 모든 입력))와 (위에서 계산한) **xs**를 빼주어 입자성 비활성 유기물 (**xi**) 상태변수를 계산합니다.

불명확한 3 가지 질소 상태 변수의 계산은 생물학적 모델에 의존하는 TKN의 계산에 달려있습니다: 그러므로, 가장 적절한 생물학적 모델을 선택하고 적절한 데이터 입력으로 선택 모델과 일치시키는데 주의를 기울여야 합니다. 이를 테면, **asm1** 또는 **mantis**를 로컬 생물학적 모델로 선택한 경우, 유리 및 이온화 암모니아 (**snh**)의 양은 TKN에 암모니아의 분율(**fnh**)을 곱한 것입니다. 나머지는 입자성 상태 변수의 질소 분율 및 **fxn** 분율을 사용하는 용해성 및 입자성 유기 질소(**snd** 및 **xnd**)와 입자성 상태 변수와 관련된 질소 (예, **xbh**, **xba**, **xi** and **xu**)를 포함하여 세 지역으로 분할되는 생분해 가능한 유기 질소입니다 (그림 5-8).

Mantis Nutrient Fractions			
ibhn	활성 생물량의 N 함량	gN/gCOD	0.068
iuhn	내생 호흡/비활성 물질의 N 함량	gN/gCOD	0.068

그림 5-8 CN 라이브러리에서 BODbased 유입수모델에 대한 Nutrient Fractions

*snd* 및 *xnd* 가 **asm3** 의 상태 변수가 아니기 때문에 로컬 생물학적 모델로 **asm3** 을 선택했을 때 만들어진 계산과는 다릅니다. 이 경우, 용해성 TKN 은 총 TKN 과 입자성 TKN 의 차이로 계산합니다. 용해성 상태 변수(*ss* 및 *si*) 와 관련된 질소는 용해성 TKN 과 암모니아(*snh*)와 동일한 잔여 TKN 의 차이입니다. 따라서, **asm3** 의 BOD based 유입수 모델에서, *fnh* 와 *fxn* 는 사용되지 않습니다. 유입수 조연자는 사용자에게 각 모드에서 필요한 파라미터가 무엇인지 결정하는데 도움을 줄 것입니다.

## CODFRACTIONS

이 모델은 총 COD, 총 TKN, 총 인 (CNPIib 에서), 상태 변수(상태변수는 암모니아, 용해성 오르토-인산 염 및 알칼리도를 제외하고 일반적으로 0 의 값) 및 몇 가지 화학양론 비에 관한 입력이 필요합니다. 이 입력 값으로부터, 상태 변수, 합성 변수 및 질소 분율 전체를 계산합니다. (그림 5-18 과 5-19)

**codfractions** 유입수 모델에서 질소 및 인(CNPIib) 상태 변수와 분율의 계산은 복잡합니다. 이는 유입수의 질소 및 인성분이 유기물 상태 변수 (예, 활성 생물량의 N 함량)와 관련되기 때문입니다. 그러므로, 모델은 적용 가능한 합성 변수 모델 및 현재 유기물 상태에 따라서 조절 해야만 합니다. 다른 유입수 모델과 같이, 질소 분율은 이 모델에서 지정됩니다. 그러나, 물질 수지가 사용자 입력 데이터로 맞지 않을 경우에는, **codfractions** 모델이 물질수지를 맞추기 위해 그 질소 분율을 다시 계산합니다. **codfractions** 의 계산을 이해하고 설정하는데 유입수 조연자를 사용할 것을 권장합니다.

이 모델에는 각각의 계산이 총 COD, 총 TKN, 총 인(CNPIib), 용해성 오르토-인산 염(CNPIib) 및 암모니아 입력에 근거한다는 이점이 있습니다. 그러므로, 일정 기간 동안 일련의 데이터를 데이터 파일에서 읽어올 수 있고 유입수 상태 변수는 그 값에 따라 달라질 것입니다. 다른 유입수모델과 다른 것은 일부 상태변수의 값을 직접 입력하고 변화에 따라서 자동으로 바뀌지 않습니다.

## CODSTATES

이 모델은 CODfraction 유입수 모델과 유사합니다. 그러나 유입수 성상을 입력할 때, 총 COD 의 분율로 모든 COD fraction 의 값을 입력합니다. 사용자는 입력값으로 총 COD, TKN, 암모니아 농도를 입력합니다. 그림 5-9와 같이 용해성 비활성 COD(*si*), 느린 생분해 기질(*ss*, *sf* 또는 *slf*), 입자성 비활성 물질(*xi*), 비분해성 셀합성(*xu*) 및 미생물농도(*xbh*, *xba*, *xbp*)를 모두 총 COD 의 fractions 으로 설정합니다.

사용자 입력			
<b>Influent Composition</b>			
cod	총 COD	gCOD/m3	430.0
tkn	총 TKN	gN/m3	40.0
snh	유리 미온화된 암모니아	gN/m3	25.0
<b>Dissolved Oxygen</b>			
so	DO	gO2/m3	0.0
<b>Nitrogen Compounds</b>			
sno	질산성 질소와 아질산성 질소	gN/m3	0.0
snn	미질소	gN/m3	0.0
<b>Alkalinity</b>			
salk	알칼리도	mole/m3	7.0
<b>Influent Fractions</b>			
icv	XCOD / VSS 비율	gCOD/gVSS	1.8
fbod	BOD5 / BODu 비율	-	0.66
ivt	VSS/TSS 비율	gVSS/gTSS	0.75
<b>Organic Fractions</b>			
frsi	총 COD의 용해성 비활성분율	-	0.05
frss	총 COD의 생분해성 분율	-	0.2
frxi	총 COD의 입자성 비활성 분율	-	0.13
frxu	총 COD의 입자성 세포 사멸 생성 ...	-	0.0
frxbh	총 COD의 종속영양미생물 비율	-	0.0
frxba	총 COD의 독립영양미생물 분율	-	0.0
<b>Nitrogen Fractions</b>			
frsnh	용해성 TKN의 암모니아 분율	-	0.9
<b>Mantis Nutrient Fractions</b>			
ibhn	활성 생물량의 N 함량	gN/gCOD	0.068
iuhn	내생 호흡/비활성 물질의 N 함량	gN/gCOD	0.068

그림 5-9 CODstates 유입수 모델 입력

### SLUDGE

이 모델은 슬러지 흐름의 입력을 모의하기 위해 디자인되었습니다. 이런 경우에, 모든 상태 변수 계산은 로컬 생물학적 모델로부터 독립되어 있습니다. 사용자는 TSS, 몇몇 상태 변수, 2 개의 화학양론 비를 입력합니다. 이 입력에서, 유기 고형물은 종속영양 미생물(예, 분해 가능한 입자상 물질), 복합 인산염 축적 미생물(CNPLIB 만) 및 생분해되지 않는 입자성 물질로 나누어집니다. 잔여 입자상 유기 상태 변수는 0으로 설정합니다. 용존 산소 및 알칼리도를 제외하면, 모든 용해성 상태 변수는 이 모델에서 0으로 디폴트화 되어 있습니다.

### STATES

이 모델은 전체 유입수 특성화가 수행되고 유입수 상태 변수가 수동으로 계산된 경우에 적합합니다. 사용자가 상태 모델을 선택하면 상태 변수에 대한 입력 값과 복합 변수를 계산하는데 사용되는 몇 가지 화학양론 분율이 필요합니다. CNlib 상태에서 데이터 입력 폼 (유입수 > 유입수 성상)은 그림 5-9와 같습니다., 화학양론 입력 폼(유입수 > 유입수 화학양론)은 그림 5-10과 같습니다.

사용자 입력			
Inorganic Suspended Solids			
xii	비활성 부유 고형물	g/m3	59.7
Organic Variables			
si	용해성 비활성 유기물	gCOD/m3	21.5
ss	쉽게 생분해가능한 기질	gCOD/m3	86.0
xi	입자성 비활성 유기물질	gCOD/m3	58.1
xs	느린 생분해 기질	gCOD/m3	264.0
xbh	활성 증속영양 바이오매스	gCOD/m3	0.0
xba	활성 독립영양 바이오매스	gCOD/m3	0.0
xu	셀 사멸에 의한 생분해 불가능한 ...	gCOD/m3	0.0
Dissolved Oxygen			
so	DO	gO2/m3	0.0
Nitrogen Compounds			
snh	유리 이온화된 암모니아	gN/m3	25.0
snd	용해성 생분해 유기성 질소	gN/m3	2.78
xnd	생분해성 입자성 유기성 질소	gN/m3	8.27
sno	질산성 질소와 아질산성 질소	gN/m3	0.0
snn	미질소	gN/m3	0.0
Alkalinity			
salk	알칼리도	mole/m3	7.0
Influent Fractions			
icv	XCOD / VSS 비율	gCOD/gVSS	1.8
fbod	BOD5 / BODu 비율	-	0.66
Mantis Nutrient Fractions			
ibhn	활성 생물량의 N 함량	gN/gCOD	0.068
iuhn	내생 호흡/비활성 물질의 N 함량	gN/gCOD	0.068

그림 5-10 CN 라이브러리 States 유입수 모델 유입수 화학양론 입력

## TSSCOD

**tsscod** 유입수 모델은 COD와 SS를 주요 성분으로 사용하여 유입수 특성을 나타낼 경우에 성공적으로 사용할 수 있습니다. **tsscod** 유입수 모델은 ASM2 보고서(Henze *et al.*, 1995)에 근거하여 개발되었습니다.

이 모델을 선택한 경우, 사용자는 총 COD, 총 TKN, 총 부유물질, 약간의 상태변수(상태 변수는 용해성 비활성 유기물, 용해성 오르토-인산 염(CNlib) 및 알칼리도)와 몇몇의 화학양론 비를 입력합니다. 이 입력 값들은 잔여 상태 변수를 계산하는데 사용됩니다(그림 5-7 및 그림 5-8).

입자성 COD(XCOD)는 2개의 화학양론 비를 사용하는 TSS에서 계산됩니다. 다시 입자성 COD(XCOD)는 화학양론 비에 의해 구성 성분 부분으로 나뉘지고 그때 데이터 입력 폼에서 읽히는 것과 같이 잔여 COD에 계산된 구성 성분을 빼주면 입자성 비활성 유기물 구성 성분(**xi**)이 남게 됩니다. **그림 5-12**는 용해성 COD(SCOD)가 COD, XCOD, 화학양론 파라미터, **frsi**에서 어떤 식으로 계산되는지를

보여줍니다. **bodbased** 모델(CNPIib)에서 질소 및 인의 상태 변수 계산을 살펴보십시오. 이 계산을 이해하고 설정하는데 유입수 조연자를 사용할 것을 권장합니다.

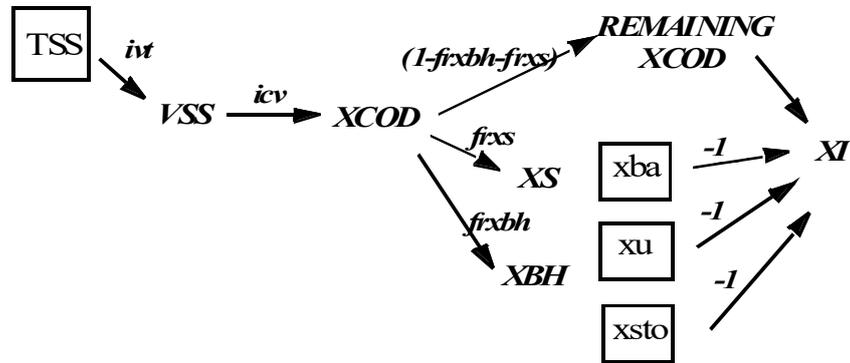


그림 5-11 CN 라이브러리 tsscod 모델 입자성 비활성 계산

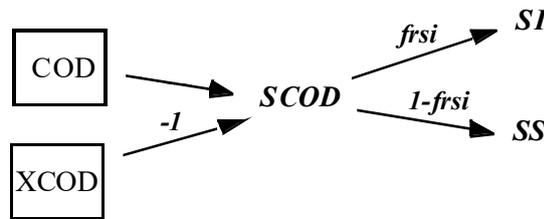


그림 5-12 CN 라이브러리 tsscod 유입수 용해성 구성 성분 계산

## 강우 유출

### 유출 모델

유출 유량 모델은 평행 선형 배수지 모델을 사용해서 오수와 합류식 하수 시스템의 우기시 유량을 모사합니다. 이 모델은 기계학적인 수문학 모델이 아니라, 단순한 수학적 변형입니다. 그 식은:

$$P_d \times C_d = P_{total} \quad (5.1) \text{이고}$$

$$P_i \times C_i = P_{total} \quad (5.2)$$

여기서:

$P_d$  = 하수 시스템에 직접 들어가는 강우량

$P_i$  = 하수 시스템에 간접적으로 들어가는 강우량

$P_{total}$  = 집수 구역의 총 강우량

$C_d$  = 하수 시스템에 직접 들어가는 총 강우량 분율

$C_i$  = 하수 시스템에 간접적으로 들어가는 총 강우량 분율

총 유출( $Q_{total}$ )은 다음 식으로 계산됩니다:

$$Q_{total} = Q_d + Q_i \quad (5.3)$$

이는 다음 방정식에 근거합니다:

$$Q_i = K_i \times V_i \quad (5.4)$$

$$Q_d = K_d \times V_d \quad (5.5)$$

$$\frac{dV_i}{dt} = (P_i \times A) - Q_i \quad (5.6)$$

$$\frac{dV_d}{dt} = (P_d \times A) - Q_d \quad (5.7)$$

여기서:

$K_d$  = 직접 유출을 나타내는 선형 저수지의 분해율

$K_i$  = 간접 유출을 나타내는 선형 저수지의 분해율

$A$  = 총 집수 구역

## 화학약품 주입 객체

화학약품 주입 유입수 객체(빨간 화살)는 화학제품 및 희석수를 하수 처리 공정에 주입하기 보다는 일반적이지 않는 유입 폐수 흐름을 특성화하는데 사용합니다. 화학약품 주입 유입수에 있는 모델은 이러한 목적을 위해 개발되어 왔으며 전형적인 화학 구성요소를 생물학적 모델에서 사용하는 상태 변수로 쉽게 변환할 수 있도록 맞춰져 있습니다. 유량은 [그림 5-5](#)에 서술된 데이터 옵션을 통해 지정합니다.

### ACETATE

**acetate** 유입수 모델은 처리 공정에 아세트산의 추가를 시뮬레이션 하는데 사용할 수 있습니다. 아세트산 주입량은 아래에 나타난 드롭-다운 단위 메뉴 ([그림 5-13](#))를 선택하여, 순도 및 다양한 단위 (mol acetate/L, g(acetate\*COD)/m<sup>3</sup>, g(acetate)/L, 등등)로 입력할 수 있습니다. 아세트산의 COD 당량은 **asm2d** 또는 **newgeneral** 로컬 생물학적 모델을 선택한 경우 자동적으로 *s/l*로, 그 외 다른 로컬 생물학적 모델을 선택한 경우에는 *ss* (쉽게 생 분해 가능한 기질)로 변환됩니다.

그림 5-13 CN 라이브러리 Acetate 유입수 모델 - 입자성 비활성 아세트산 주입 폼

## METHANOL

**methanol** 유입수 모델은 처리 공정에 메탄올의 추가를 시뮬레이션 하는데 사용할 수 있습니다. 메탄올 주입량은 아래에 나타낸 드롭-다운 단위 메뉴 (**그림 5-14**) 를 선택하여, 순도 및 다양한 단위 (mol methanol/L, g(methanol\*COD)/m<sup>3</sup>, g(methanol)/L, 등등)로 입력할 수 있습니다. 메탄올의 COD 당량은 **asm2d** 로컬 생물학적 모델을 선택한 경우 자동적으로 *sf* 로, 그 외 다른 로컬 생물학적 모델을 선택한 경우에는 *ss* (쉽게 생 분해 가능한 기질)로 변환됩니다.

그림 5-14 CN 라이브러리 Methanol 유입수 모델 입력

## WATER

이 유입수 모델은 플랜트로 유기물 및 질소 부하 증가는 없고 수리학적 부하만 증가할 경우 강우 및 알칼리도의 추가를 시뮬레이션 하기 위해 개발되었습니다. **water** 유입수에서, 유일하게 변수로 작용하는 것은 알칼리도이며, 모든 다른 상태변수는 0 으로 설정합니다.

## 회분식 유입 객체 (BATCH INFLUENT OBJECT)

회분식 유입(트럭) 객체와 연속식 유입 객체(화살표)는 유량과 부하 타입에 따른 차이입니다. 회분식 유입 객체에서 이용 가능한 유량과 부하 타입은 **평균** 과 **개별** 입니다.

회분식 유입에서, **평균** 유량과 부하 타입을 선택한 경우, 모델은 정확하게 연속식 유입으로 거동합니다.

**개별** 유량 타입을 선택한 경우, 간헐(회분식)유입으로 간주됩니다. **유량 보조-메뉴** 항목 **개별** 에서, 사용자는 회분식 유입의 시작과 끝 시간, 및 개별 트럭의 부피를 지정할 수 있습니다(디폴트로 1 트럭/일 - 하루당 트럭의 수는 **유입수 혼합물 보조-메뉴**에서 지정 가능). 지정한 총 부피는 지정한 총 덩핑 시간에 평균 비율로 유입될 것이며, 이것은 1 개의 유입 유량피크를 나타낼 것입니다.

**개별** 부하 형태를 선택한 경우, 부하는 **개별** 서브-메뉴에서 지정한 양에 의해 결정됩니다. 화학양론은 **유입수 화학 양론 보조-메뉴**에서 지정하고, 하루당 트럭의 수는 **유입수 혼합물 보조-메뉴 (그림 5-15)**에서 지정합니다.

그림 5-15 Batch Input 메뉴 – Flow data 모델 입력

## 유입수 추가설명

### 모델 의존성 상태 및 합성 변수

유입수 모델을 설정할 때, 개별 생물학적 모델에 사용된 상태변수가 무엇이었는지 이해하는 것이 중요합니다. 다음은 다른 라이브러리와 모델에 사용된 상태 변수에 대한 설명입니다.

합성 변수가 상태변수로부터 어떤 식으로 계산되었는지 이해하는 것이 중요합니다. 이유는 많은 유입수 모델이 이와 반대로 계산되기 때문(즉, 합성 변수에서 상태변수로)입니다. 그러므로, 이들 관계를 이해한다면 디버깅이 필요할 경우에 도움이 될 것입니다. 유입수 조연자는 더 복잡한 유입수 모델을 실행하는데 도움을 주기 위해 개발하였습니다. 다음의 그림은 이러한 이해를 돕기 위해 첨부하였습니다.

합성 변수 그림은 이 참조서의 합성 변수 장에 나타났지만, 유입수 모델 계산의 중요성 때문에 여기에서 다시 한번 살펴봅니다.

### CN 및 CNIP 라이브러리

GPS-X 에서 **cnlib** 상태변수가 어떻게 계산되고, 사용하고 있는 생물학적 모델에 따라 어떤 상태 변수가 계산되는지를 이해하는데 도움이 되도록 1 개의 표와 2 개의 그림이 있습니다.

Table 5-2 CNLIB 및 CNIPLIB 에서 개별 생물학적 모델에 사용된 상태변수

State Variable	Mantis	ASM1	ASM3
<i>si</i>	✓	✓	✓
<i>ss</i>	✓	✓	✓
<i>xi</i>	✓	✓	✓
<i>xs</i>	✓	✓	✓
<i>xu</i>	✓	✓	
<i>xsto</i>			✓
<i>xbh</i>	✓	✓	✓
<i>xba</i>	✓	✓	✓
<i>so</i>	✓	✓	✓
<i>snh</i>	✓	✓	✓
<i>snd</i>	✓	✓	
<i>xnd</i>	✓	✓	
<i>sno</i>	✓	✓	✓
<i>snn</i>	✓	✓	✓
<i>salk</i>	✓	✓	✓
<i>xii</i>	✓	✓	✓

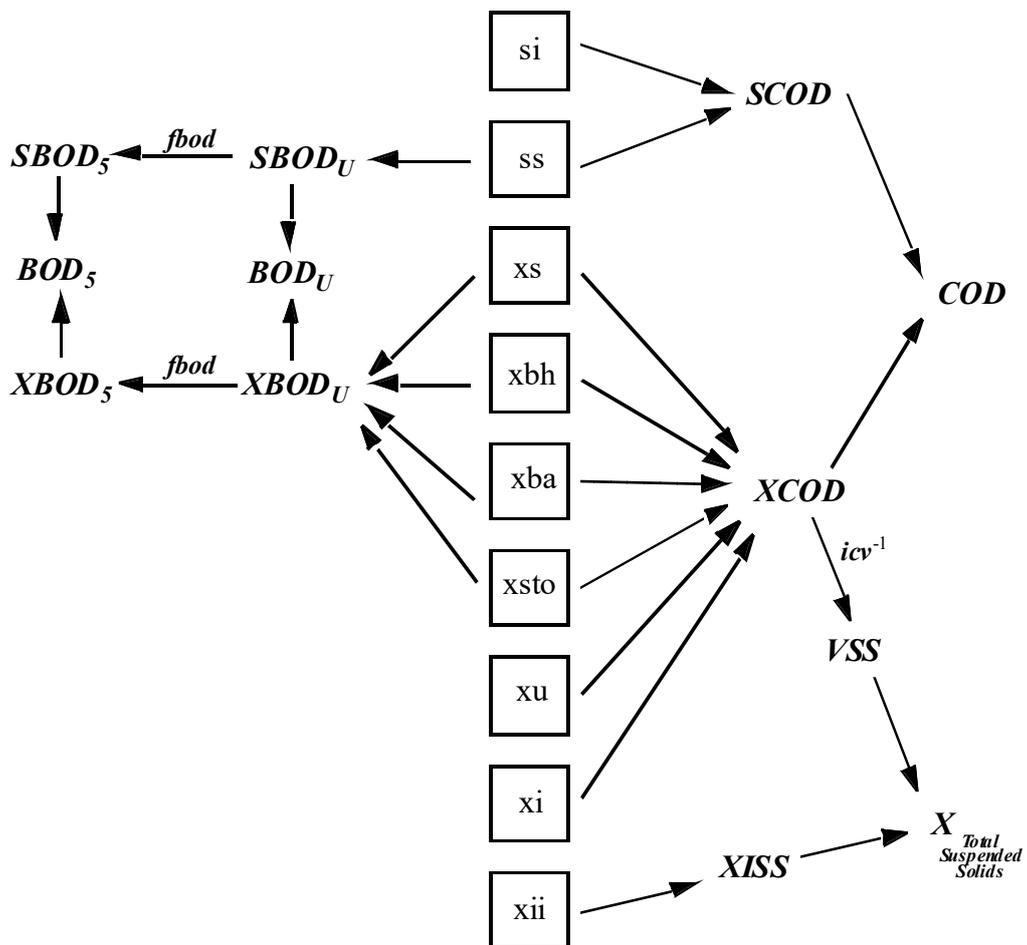


그림 5-16 CN 라이브러리 유기물 상태 및 합성 변수

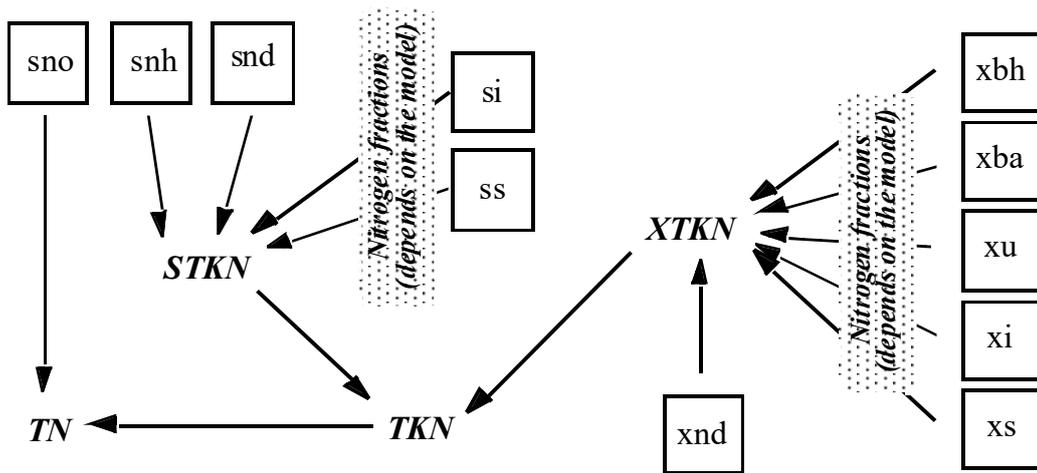


그림 5-17 CN 라이브러리 질소 상태 및 합성 변수

### CNP 및 CNPIP 라이브러리

GPS-X 에서 **cnplib** 상태변수가 어떻게 계산되고, 사용하고 있는 생물학적 모델에 따라 어떤 상태 변수가 계산되는지를 이해하는데 도움이 되도록 다음과 같이 1 개의 표와 3 개의 그림이 있습니다.

Table 5-1 CNLIB 및 CNPIPLIB 에 포함된 개별 생물학적 모델에 사용된 상태변수

State Variable	Mantis	ASM1	ASM2d	ASM3	NewGeneral
si	✓	✓	✓	✓	✓
ss	✓	✓		✓	✓
sf			✓		
slf			✓		✓
xi	✓	✓	✓	✓	✓
xs	✓	✓	✓	✓	✓
xu	✓	✓			✓
xbh	✓	✓	✓	✓	✓
xba	✓	✓	✓	✓	✓
xbp			✓		✓
xbt			✓		✓
xsto				✓	
so	✓	✓	✓	✓	✓
sp			✓		✓
xpp			✓		✓
xppr					✓
snh	✓	✓	✓	✓	✓
snd	✓	✓			✓
xnd	✓	✓			✓
sno	✓	✓	✓	✓	✓
snn	✓	✓		✓	
salk	✓	✓	✓	✓	✓
xmeoh			✓		
xmep			✓		
xii	✓	✓	✓	✓	✓

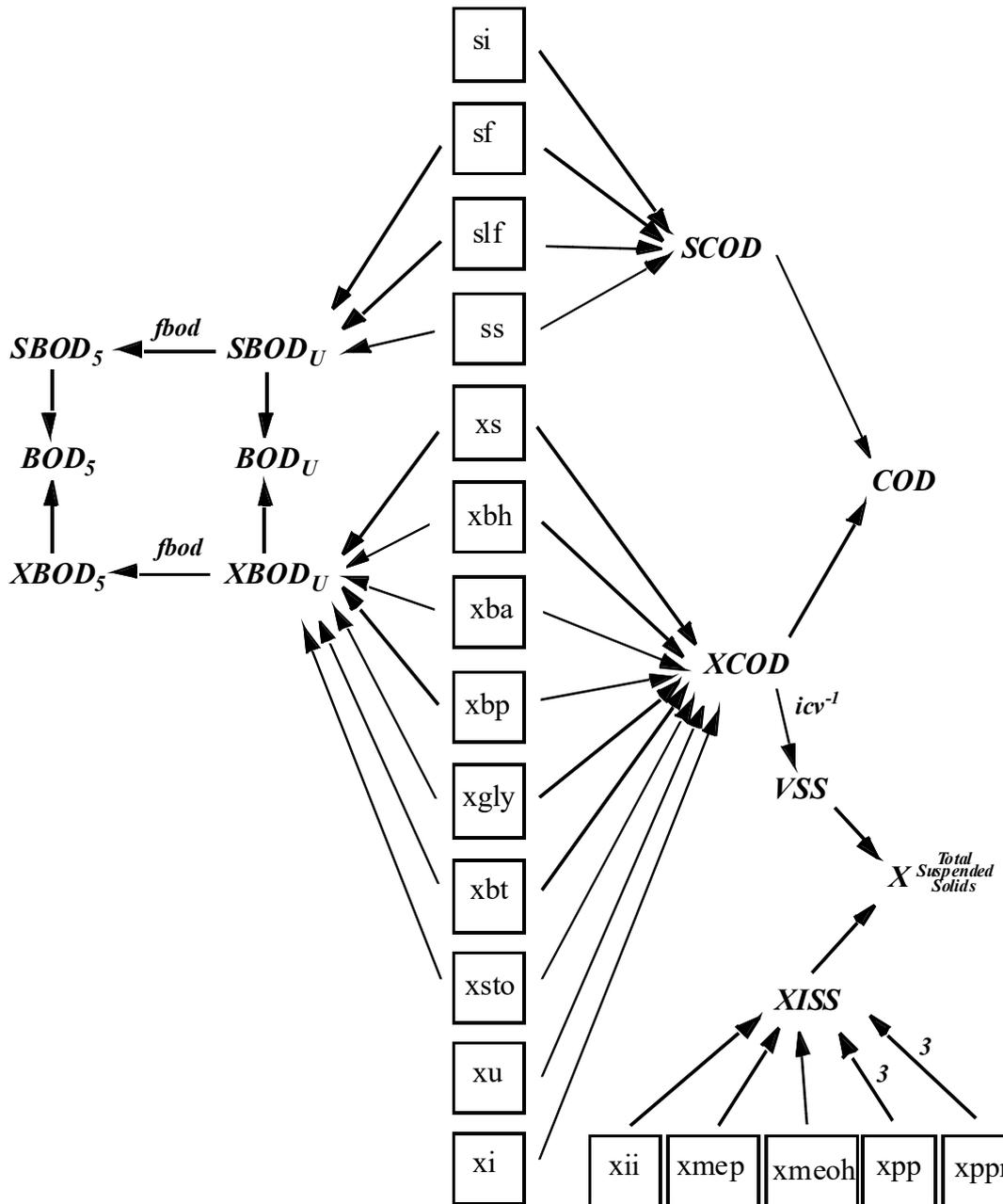


그림 5-18 CNP 라이브러리 유기물 상태 및 합성 변수

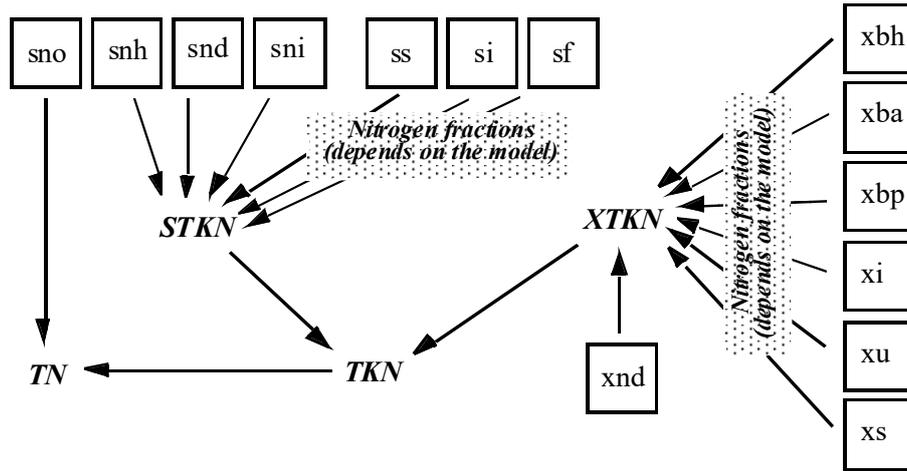


그림 5-19 CNP 라이브러리 질소 상태 및 합성 변수

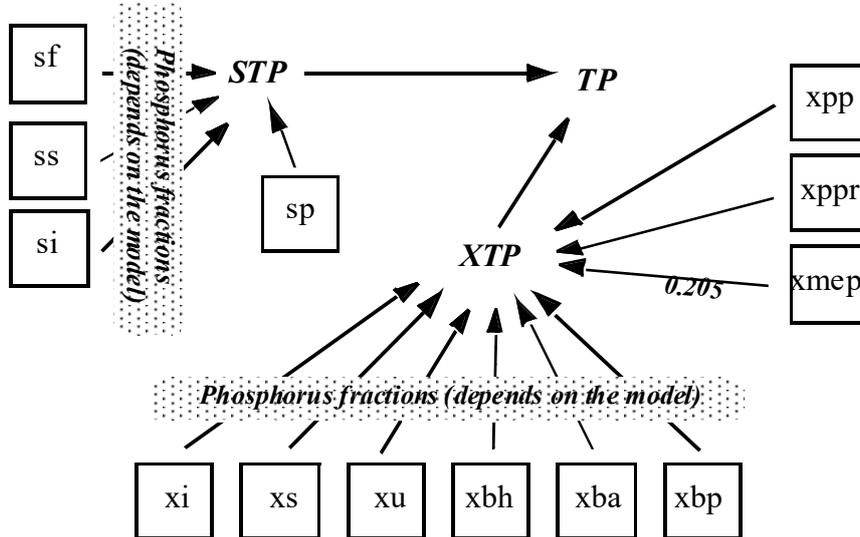


그림 5-20 CNP 라이브러리 인 상태 및 상태 변수

## MANTIS2LIB 에서 유입수 객체

Mantis2lib 에서 8 개의 유입수 객체가 있습니다.

표 5-4 Influent Objects in MANTIS2LIB

객체 이름	객체	사 용	이용 가능한 모델
유입수		연속적인 폐수 유입 (steady or dynamic)	<b>bodbased</b> <b>codbased</b> <b>codstates</b> <b>sludge</b> <b>states</b> <b>tssfrac</b>
Batch 유입		정화조 폐액의 회분식 유입 또는 다른 비연속적인 하수 유입	<b>bodbased</b> <b>codbased</b> <b>codstates</b> <b>sludge</b> <b>states</b> <b>tssfrac</b>
화학약품 주입		흐름 라인 또는 객체로 유입되는 COD 화학약품	<b>codfeed</b>
Water 유입수		청수 유입 (steady 또는 dynamic)	<b>water</b>
강우 유출		강우 사상으로 인한 청수 유입	<b>runoff</b>
Acid 주입		pH 제어를 위한 산 추가	<b>acidfeed</b>
Alkali 주입		pH 제어를 위한 염기 추가	<b>alkalifeed</b>
Nutrient Dosage		영양염류 추가	<b>nutrifeed</b>

8 개의 유입수 객체는 종류에 따라서 그에 해당하는 모델, 옵션 및 특징을 갖고 있습니다. 예를 들어, 유입수 객체에는 연속적으로 일일 유량 (diurnal pattern)을 설정하는 옵션이 있지만, 다른 유입수 객체에는 해당 기능이 없습니다. Mantis2lib 에서 유입수 모델은 다른 라이브러리의 유입수 모델과 유사하지만 근소한 차이를 갖고 있습니다.

## 유입수 객체

유입수 객체에서 유량을 설정하는 것은 다른 라이브러리에서 설정하는 것과 유사합니다. 다른 라이브러리와 마찬가지로 빌트인 되어있는 유입수 조언자를 사용하면 됩니다. 그러나, 이 라이브러리에서 합성변수에 대한 양론계수의 계산 및 설정 방법이 다소 다른 점이 있습니다. Mantis2lib 에서는 양론변수들을 시스템 > 입력 변수 > Biochemical Model Settings 에서 확인할 수 있습니다. (그림 5-21)

**COD 대 VSS 비 및 합성변수 계산에 사용되는 분율에서 사용할 수 있는 화학양론 매개변수는 그림 5-22와 5-23에 나와 있습니다. COD 대 VSS 비 그룹에서 이용 가능한 화학양론 매개변수는 미지 성분의 합성 성분을 특정하고 대표하는 유입수 매개변수입니다. 반면 합성변수 계산에 사용되는 분율에서 사용할 수 있는 화학양론 매개 변수는 구성 요소의 화학적 구성 (아세트산, 메탄올 등) 또는 근본적인 기본 추정 절차를 기반으로 계산할 수 있는 매개 변수입니다. 다른 유형의 바이오 매스에서 무기 분율 (N, P 등)의 기본값은 합성변수 계산에 사용되는 분율 그룹 (그림 5-24)의 상세... 버튼을 눌러 액세스 할 수 있습니다.**



그림 5-21. MANTIS2LIB 에서 화학양론 매개변수에 접근하기

COD대 VSS비			
입자성 기질의 XCOD/VSS 비율	<input type="text" value="1.8"/>	gCOD/gVSS	☐
불활성 입자의 XCOD/VSS 비율	<input type="text" value="1.8"/>	gCOD/gVSS	☐
혼합 기질에서의 Carbon Fraction			
용해성 비활성 물질의 C 함량	<input type="text" value="0.32"/>	gC/gCOD	☐
비활성 입자성 물질의 C 함량	<input type="text" value="0.32"/>	gC/gCOD	☐
천천히 생분해 가능한 기질의 C 함량	<input type="text" value="0.32"/>	gC/gCOD	☐
용해성 기질의 C 함량	<input type="text" value="0.32"/>	gC/gCOD	☐
클로미드성 물질의 C 함량	<input type="text" value="0.32"/>	gC/gCOD	☐

그림 5-12 유입수 화학양론 매개변수 지정

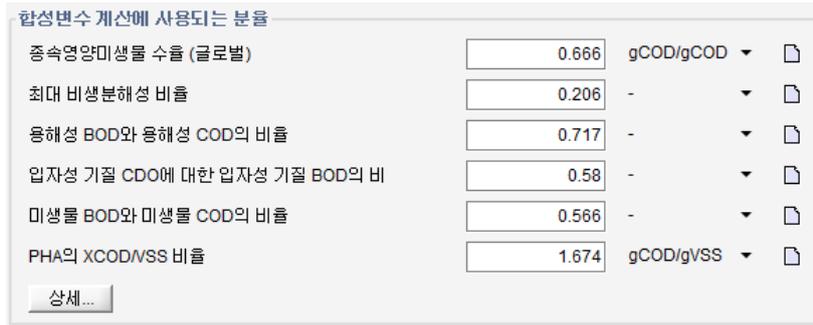


그림 5-23 MANTIS2LIB 에서 고정된 화학양론 매개변수

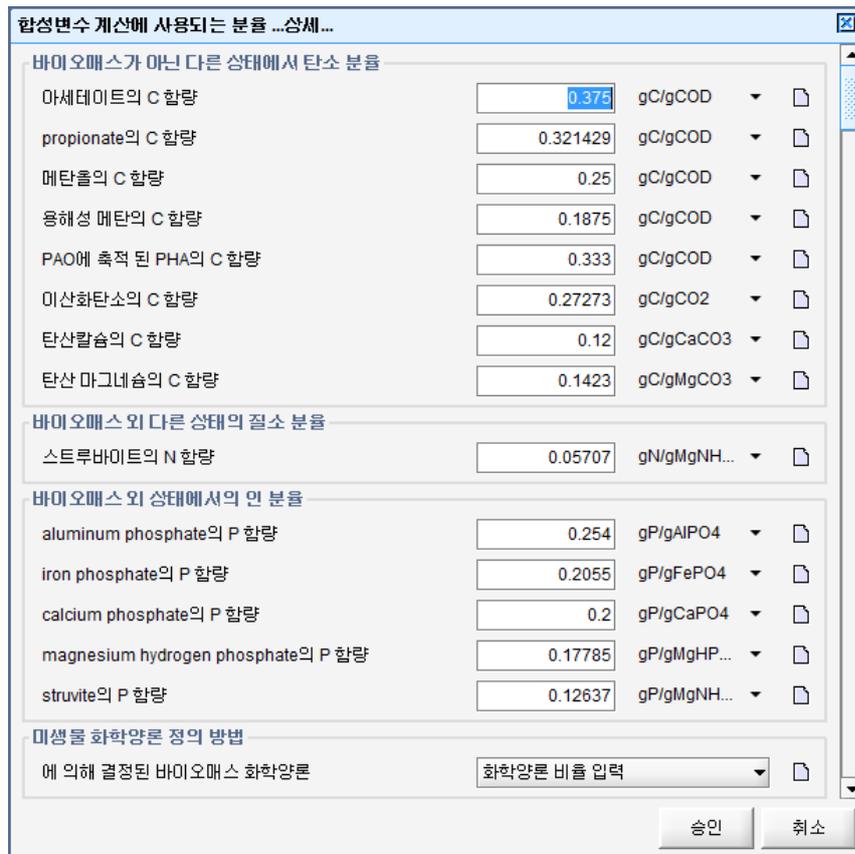


그림 5-24 More(상세) Fixed Stoichiometric Parameters in MANTIS2LIB

### BATCH 유입 객체

다른 라이브러리에 있는 Batch 유입 객체와 유사한 객체입니다.

### WATER 유입수 객체

다른 라이브러리에 있는 Water influent 객체와 유사한 객체입니다.

### 화학약품 주입 객체

그림 5-25과 같이 CDO chemical 주입 모델은 codfeed 모델을 사용합니다. 본 객체는 주입할 cod 의 형태를 고를수가 있습니다. COD 소스는 아세트산, 프로피온산, 메탄올, 당밀, 글리세롤 및 혼합기질의

6 가지를 사용할 수 있으며, 유입수 > 약품 상세정보 메뉴에서(그림 5-26) 확인할 수 있습니다. 약품 상세정보 메뉴는 그림 5-27 과 같습니다.

순수한 유기 화학 아세트산, 프로피온산, 메탄올 및 글리세롤의 경우, 선택된 순도에서 화학 용액의 순도 및 밀도의 두 가지 입력 매개변수가 입력값으로 필요합니다. 화학 물질 선택에 따라 해당 상태 변수의 농도가 설정됩니다. 예를 들어, 아세트산이 선택되면, 아세테이트 (sac)의 농도는 화학 용액의 순도 및 농도 %로 결정되는 값으로 설정된다. 당밀 및 혼합 기질의 경우, 화합물의 밀도 및 순도 % 이외에 기질의 N/COD 및 P/COD 비율은 사용자가 지정할 수 있습니다. 기질의 질소 화합물은 용해성 유기 질소 상태 변수 (snd)에 할당되는 반면 화학 물질의 인은 용해성 ortho-P 상태 변수 (sp)에 할당됩니다.

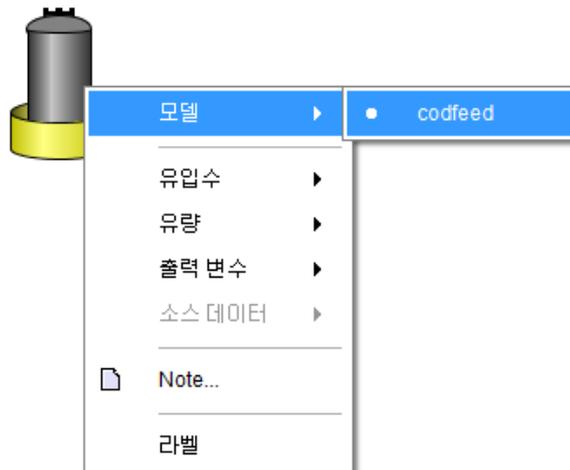


그림 5-25 COD 화학약품 주입 객체 모델



그림 5-26 화학약품 주입 상세 메뉴

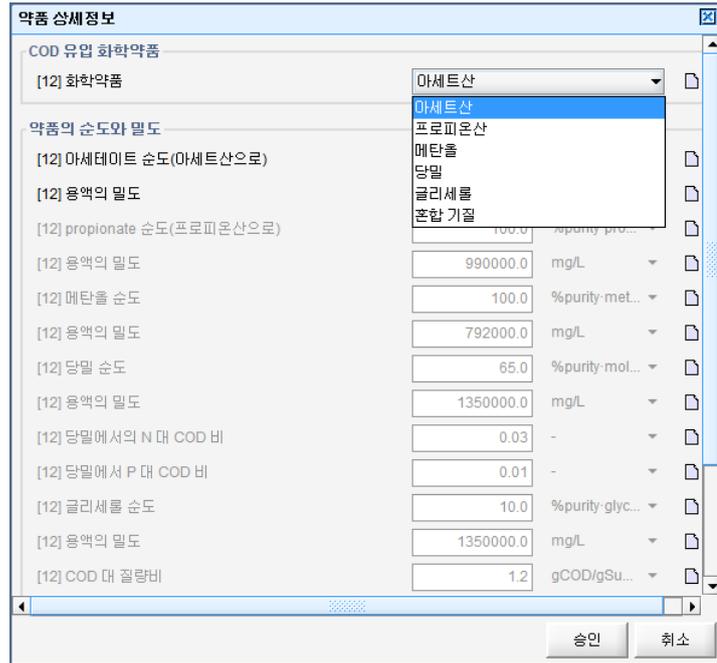


그림 5-27 화학약품 선택 및 특성 설정 대화창

COD 화학약품 주입 유입객체는 자체적으로 유량 제어가 내장되어 있습니다. 사용자가 정의한 제어 변수에 근거하여 COD의 주입 유량이 제어되는 유용한 틀입니다.

### 산 주입 객체

산 주입 객체는 Mantis2LIB에서만 가능합니다. 그림 5-28과 같이 acidfeed 모델을 사용합니다. 산 주입 객체는 주입할 산의 종류를 선택할 수 있습니다. 선택할 수 있는 산의 종류는 HCl, H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, HNO<sub>3</sub> 이고, 유입수 > 약품 상세정보 메뉴에서 선정합니다. (그림 5-29,30) 선택한 chemical에 대해서는 순도 %와 선택한 순도에서의 chemical 용액의 밀도(mg/L) 2 가지를 입력합니다. HCl 이나 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>를 선택했다면, 음이온 (sana)의 상태변수는 주입한 양과 동량으로 설정됩니다. HNO<sub>3</sub>를 선택했다면, 주입한 양과 동일한 농도로 Nitrate-N(snoa) 변수가 설정됩니다.

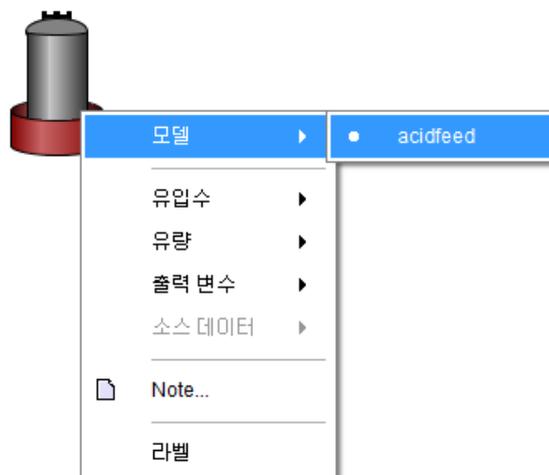


그림 5-28 산 주입 객체의 모델

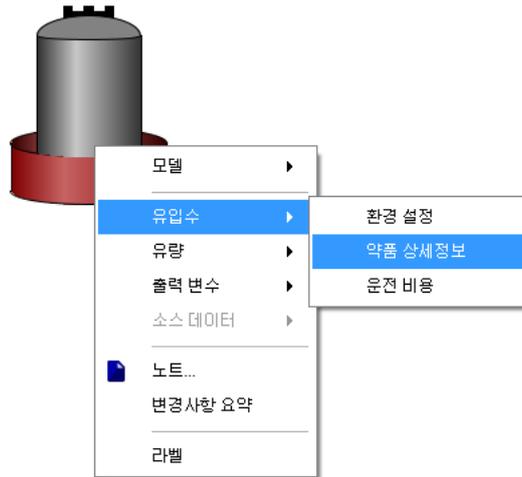


그림 5-29 Chemical 주입에 대한 상세 메뉴

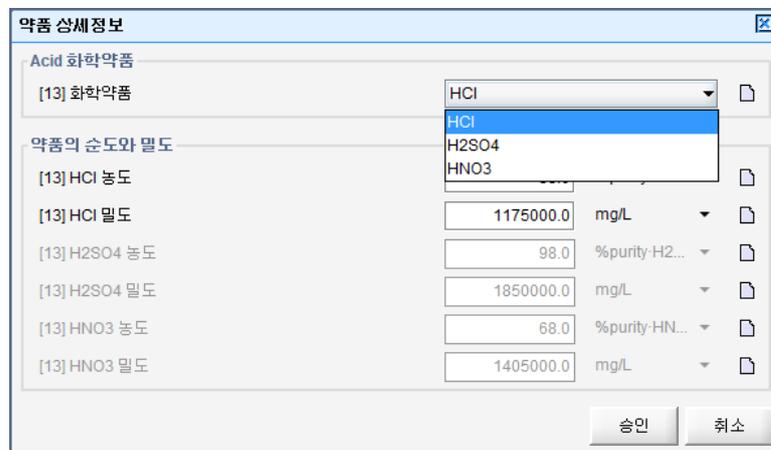


그림 5-30 주입할 Chemical의 종류 선택과 입력사항

산 주입 객체에는 주입 유량을 자동 조절할수 있는 컨트롤러가 내장되어 있습니다. 컨트롤러는 산 주입유량을 제어변수(즉, pH)에 근거하여 조절할 때 유용하게 사용가능합니다.

### 알칼리 주입 객체

알칼리 주입 객체는 Mantis2LIB에서만 가능합니다. 그림 5-31과 같이 알칼리 주입 객체는 akalifeed 모델을 사용합니다. 알칼리 주입 객체는 NaOH, Ca(OH)<sub>2</sub>, Mg(OH)<sub>2</sub>, NaHCO<sub>3</sub>, CaCO<sub>3</sub>, Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub> 중에서 유입수 > 약품 상세정보 메뉴에서 선택합니다 (그림 5-32). 약품 상세정보 메뉴는 그림 5-33과 같습니다. 선택한 chemical에 대해서는 순도 %와 선택한 순도에서의 chemical 용액의 밀도(mg/L) 2가지를 입력합니다. Chemical과 해당 상태 변수는 표 5-5와 같습니다.

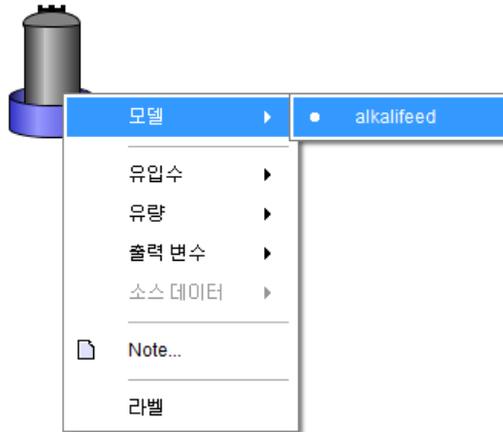


그림 5-31 알칼리 주입 객체의 모델



그림 5-32 주입할 Chemical 상세 메뉴

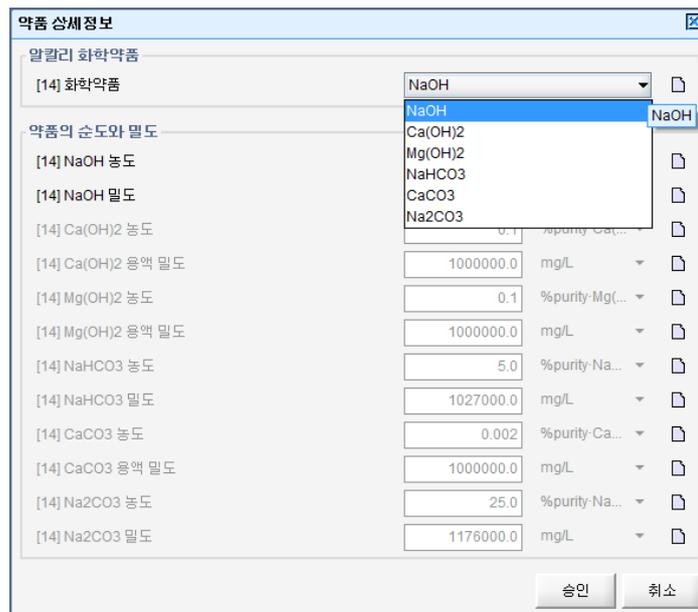


그림 5-33 Chemical의 선택과 세부사항 설정

표 5-5 알칼리 chemical 과 영향을 미치는 상태변수

화학약품	Chemical 주입에 영향을 받는 상태변수
NaOH,	sana
Ca(OH) <sub>2</sub> ,	sca
Mg(OH) <sub>2</sub> ,	smg
NaHCO <sub>3</sub>	sana, stic
CaCO <sub>3</sub>	sca, stic
Na <sub>2</sub> CO <sub>3</sub>	sana, stic

알칼리 주입 객체에는 주입 유량을 자동 조절할수 있는 컨트롤로가 내장되어 있습니다. 컨트롤러는 알칼리 주입유량을 관심있는 반응조에서의 제어변수에(즉, pH) 근거하여 조절할 때 유용하게 사용가능합니다.

### 영양분 주입 객체

영양분 주입 객체는 Mantis2lib 에서만 사용 가능합니다. 그림 5-39 와 같이 영양분 주입 객체는 *nutrifeed* 모델을 사용합니다 (그림 5-34). 영양분의 종류로는 NH<sub>4</sub>Cl, Urea, (NH<sub>4</sub>)<sub>3</sub>PO<sub>4</sub>, H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub> 이고, 유입수 > 약품 상세정보 메뉴에서 선택합니다 (그림 5-35). Feed Chemical Details 메뉴는 그림 5-36 과 같습니다. 선택한 chemical 에 대해서는 순도 %와 선택한 순도에서의 chemical 용액의 밀도(mg/L) 2 가지를 입력합니다. Chemical 과 해당 상태 변수는 표 5-6 과 같습니다.

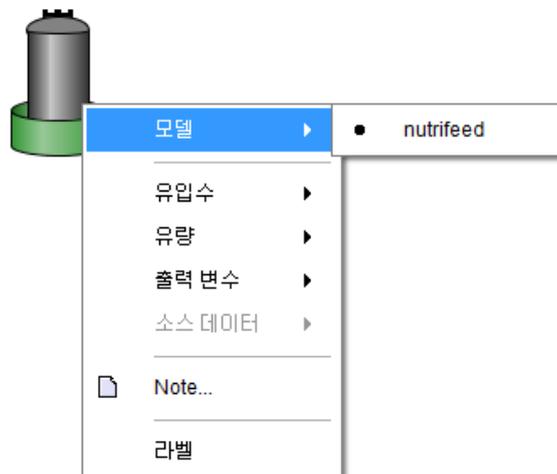


그림 5-34 영양분 주입 객체의 모델 선택

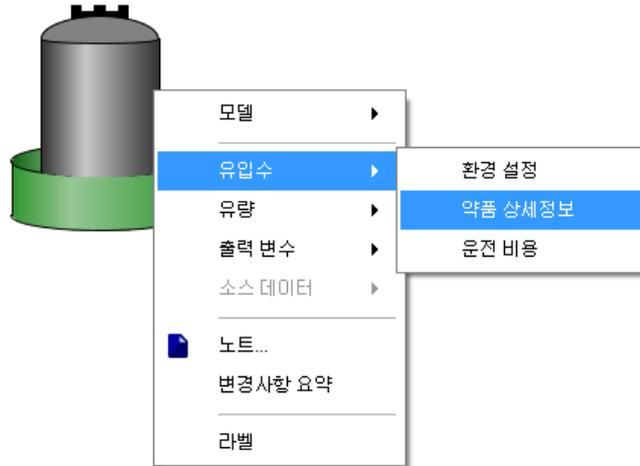


그림 5-35 주입할 Chemical 상세 메뉴

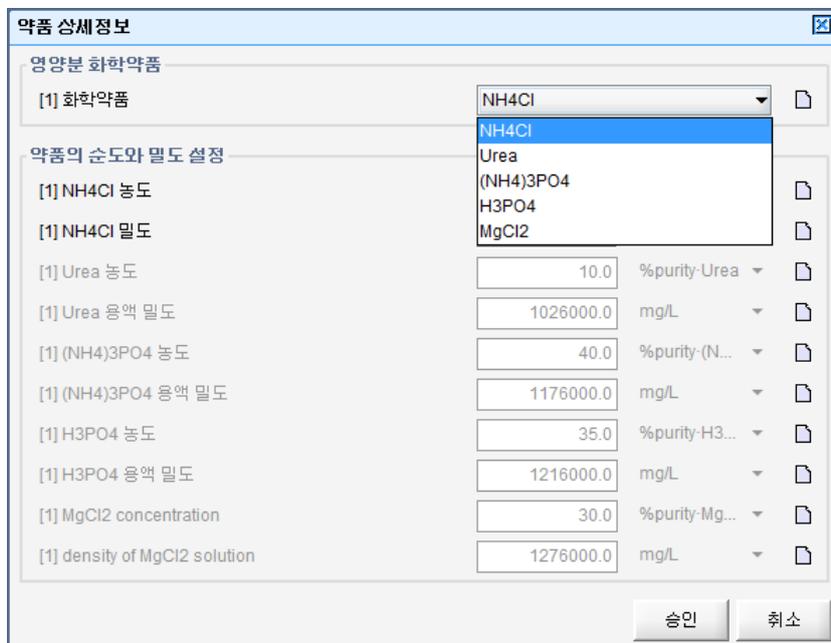


그림 5-36 Chemical의 선택과 세부사항 설정

표 5-6 영양분 chemical 과 영향을 받는 상태 변수

화학약품	Chemical 주입에 영향을 받는 상태변수
NH <sub>4</sub> Cl	snh, sana
Urea	snd
(NH <sub>4</sub> ) <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	snh, sp
H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	sp
MgCl <sub>2</sub>	smg, sana

영양분 주입 객체에는 주입 유량을 자동 조절할수 있는 컨트롤러가 내장되어 있습니다. 컨트롤러는 사용자 정의된 제어변수에 대한 영양분 주입유량을 조절할 때 유용합니다.



## CHAPTER 6

### 부유-성장 모델

#### 소개

이 장에서는 다른 GPS-X 라이브러리에서 이용 가능한 부유-성장 모델을 검토합니다. GPS-X에서 이용 가능한 개별 생물학적 모델은 다양한 단위 공정 객체에서 플러그-흐름 형식 및 완전 혼합 형식으로 실행됩니다. 생물학적 모델은 수리학적 거동에 관계없이 동일합니다.

특정 모델을 살펴보기 전에, 몇 가지 공통적인 특징에 대해 설명합니다.

#### 공통적인 특징

##### 산소 전달의 모델링

산소 전달율 모델은 USEPA Design Manual for Fine Pore Aeration Systems (USEPA, 1989) 및 Mueller *et al.* (2002)에 설명한 이론에 근거합니다. GPS-X 포기 모델은 확산 및 표면 기계 포기 시스템 설계에 적합합니다.

GPS-X에서, 생물학적 반응조의 벌크 액체 상에 산소 전달율은 용존 산소 가스에 대해 쓰여진 동적 물질 수지를 사용하여 모델링됩니다. 그 예로, CSTR (completely stirred tank reactor) 주위의 용존 산소 물질 수지를 아래 식 6.1에 나타내었습니다.

$$V \frac{dC_L}{dt} = QC_{in} - QC_L + K_L a (C_{\infty}^* - C_L) V + rV \quad (6.1)$$

여기서:

$V$  = 반응조 부피 ( $m^3$ )

$C_L$  = 반응조의 DO 농도 (mg/L)

$Q$  = 유입 유량 ( $m^3/d$ )

$C_{in}$  = 반응조로 들어가는 DO 농도 (mg/L)

$K_L a$  = 현장 조건에서 산소 질량 전달 계수 (1/day)

$C_{\infty}^*$  = 현장 조건에서 DO 포화 농도 (mg/L)

$r$  = 생물량에 의한 DO 사용 비율 (g/day), 내생 호흡률

부피, 유량 및 반응률은 사양서에 나와 있거나 아니면 반응조의 DO 농도에 대해 시간에 따른 용존 산소 질량 수지인  $C_L$ 을 풀기 위해 꼭 계산해야 하는, 두 가지 항목을 남겨 둔 다른 모델링 방정식을 통해서 알 수 있습니다:

1. 현장 조건에서 DO 포화 농도,  $C_{\infty}^*$ , 및
2. 현장 조건에서 산소 질량 전달 계수,  $K_L a$ .

### 현장 조건에서 DO 포화 농도의 계산

현장 조건에서 DO 포화 농도는 다음의 식으로 계산합니다:

$$C_{\infty}^* = \tau \times \beta \times \Omega \times C_{\infty 20}^* \quad (6.2)$$

여기서:

$\tau$  = 온도 보정 인자 (단위 없음)

$\beta$  = 염, 입자성 및 표면-활성 물질에 대한 보정 인자 (단위 없음)

$\Omega$  = 압력 보정 인자 (단위 없음)

$C_{\infty 20}^*$  = 20 °C, 1 atm 에서 DO 포화 농도 (mg/L)

보정 인자는 폐수의 염, 침전물, 표면-활성 물질, 및 디퓨저가 침지된 수위에서의 압력, 액체 온도 등에 대응하는 DO 포화 농도를 조절하는데 사용합니다.

온도 보정 인자는 다음의 식으로 계산합니다:

$$\tau = \frac{C_{st}^*}{C_{s20}^*} \quad (6.4)$$

여기서:

$C_{st}^*$  =  $t$  온도, 1 atm 에서 표면 DO 포화 농도 (mg/L)

$C_{s20}^*$  = 20 C, 1 atm 에서 표면 DO 포화 농도 (mg/L)

액체 온도  $t$ , 1 atm 에서 표면 DO 포화 농도는 온도는 GPS-X 의 테이블을 사용하여 구 할 수 있습니다. 색인 테이블 (lookup table) 데이터는 USEPA Design Manual – Fine Pore Aeration Systems (USEPA, 1989)의 Appendix C 에서 가져왔습니다. 테이블의 두 데이터 지점 사이에서 온도가 위치할때, GPS-X 는 선형 보간법을 사용하며  $C_{st}^*$  값을 결정하고,  $C_{s20}^*$  값은 9.09 mg/L 입니다.

염, 입자성, 표면-활성 물질,  $\beta$  에 대한 보정 인자는, 해당 폐수를 실제로 측정하거나 추정해야 합니다. GPS-X 에서는, 디폴트 값으로 0.95 가 사용됩니다.

압력 보정 인자는 다음의 식으로 계산합니다:

$$\Omega = \frac{P_b + p_{de} - p_v}{P_s + p_{de} - p_v} \quad (6.4)$$

여기서:

$P_b$  = 고도 및 대기 온도에서 기압 (kPa)

$P_s$  = 표준 기압 (101.325 kPa)

$p_v$  = 액체 온도에서 수증기압 (kPa)

$p_{de}$  = 디퓨저 침지 깊이에서 유효 압력 (kPa)

고도 및 대기 온도에서 기압은 Metcalf 및 Eddy 의 Appendix B-2(2003)에서 가져온 다음의 공식을 사용하여 계산됩니다:

$$P_b = \exp\left[-\frac{gM(z_b - z_s)}{RT_{air}}\right] P_s \quad (6.5)$$

여기서:

$g$  = 중력 가속도 (9.81 m/s<sup>2</sup>)

$M$  = 공기의 분자량 (28.964 kg/kg-mole)

$R$  = 이상 기체 상수 (8314 m/kg-mole K)

$T_{air}$  = 대기 온도 (K)

$z_i$  =  $i$  에서의 고도 (m)

액체 온도에서 수증기압은 Antoine 방정식을 사용하여 결정합니다:

$$\log_{10} p_v = A - \frac{B}{T + C} \quad (6.6)$$

여기서:

$A, B, C$  = Antoine 계수 (시스템 > 입력 변수 > 물리적 환경 설정의 사용자 정의 공기 특성 상세)

$T$  = 폐수 온도 (C)

디퓨저 침지 깊이에서 유효 압력은 다음 식을 사용하여 계산됩니다:

$$p_{de} = (\delta - 1)(P_s - p_v) \quad (6.7)$$

여기서  $\delta$  는 산소 포화를 위한 깊이 보정 계수로 다음과 같습니다

미세 기포 및 Jet

$$\delta = 1 + 0.03858(d) \quad (6.8)$$

거대 기포

$$\delta = 0.99 + 0.0291(d) \quad (6.9)$$

파라미터 d 는 디퓨저 침지의 깊이입니다.

20 °C, 1 기압에서 DO 포화 농도는 다음 식으로 계산됩니다.

$$C_{\infty 20}^* = \delta(C_{s20}^*) \quad (6.10)$$

### 현장 조건에서 산소 질량 전달 계수 계산

현장 조건에서 산소 질량 전달 계수,  $K_La$  의 값은, 포기조에 공급되는 산소의 양  $(C_{\infty}^* - C_L)$  포기조의 부피를 나타냅니다. GPS-X 는 사용자에게  $K_La$  를 지정하는 4 가지 방법을 제공합니다.

1. 알고 있는 경우, 사용자는 확산 및 기계식 포기 모두 20°C (알파, 오염, 온도 보정 없음)에서 직접  $K_La$  를 공급할 수 있습니다. GPS-X 는 현장 조건으로  $K_La$  를 변경합니다.
2. 기계식 포기의 경우, 사용자는 GPS-X 가 계산한  $K_La$  로부터 기계식 포기 산소 전달 및 포기 동력을 공급할 수 있습니다.
3. 확산 포기의 경우, 사용자는 GPS-X 가 현장 조건에서 계산한  $K_La$  로부터 표준 산소 전달 효율(SOTE) 과 유량을 (표준 또는 현장 조건에서) 공급할 수 있습니다.

다른 대안으로, 사용자는 기술한 DO 농도와 일치시켜주기 위해 직접 현장  $K_La$  을 조절하여 DO 제어기를 설정할 수 있습니다. 이 옵션의 유효성은 선택한 포기 이론에 달려있습니다. 확산 포기에 대해 사용자는 공기유량 입력,  $K_La$  입력, 또는 DO 제어기를 사용할 수 있습니다. 기계식 포기에서 사용자는 동력입력,  $K_La$  입력, 또는 DO 제어기를 사용할 수 있습니다.  $K_La$  지정에서 4 가지 선택권은 다음의 4 개의 섹션에서 보다 상세히 설명하겠습니다.

### 직접 $K_La$ 입력 - 확산 포기

현장 조건에서  $K_La$  은 방정식 6.11 을 사용하여 계산합니다.

$$K_La_T = (\alpha F)\theta^{(T-20)}K_La_{20} \quad (6.11)$$

여기서:

$K_La_T$  = T °C 온도에서 질량 전달 계수 (1/day)

$K_La_{20}$  = 20 °C 에서 질량 전달 계수

$\theta$  = 온도 보정 계수 (GPS-X 에서 디폴트 값은 1.024)

$\alpha = K_L a_{20}$  에 대한 폐수 보정 계수

$F$  = 디퓨저 오염 계수 (GPS-X 에서 디플트 값은 1.0)

$T$  = 폐수 온도 (°C)

$\alpha$  보정 계수는 플러그 흐름 단위 공정의 경우, 포기조의 길이에 따라 지정할 수 있습니다.

GPS-X 는 아래에 상세히 설명한 것과 같이 표준 및 현장  $K_L a$  로부터 다른 유용한 공정 변수를 계산합니다.

현장 조건에서 산소 전달율 (OTR: Oxygen Transfer Rate) g/d

$$OTR = K_L a_T (C_{\infty}^* - C_L) V \quad (6.12)$$

표준 산소 전달율 (SOTR: Standard Oxygen Transfer Rate) g/d

$$SOTR = K_L a_{20} (C_{\infty 20}^*) V \quad (6.13)$$

표준 조건에서 공기 유량  $m^3/d$

$$G_s = \frac{SOTR}{SOTE \times CF_1} \quad (6.14)$$

여기서:

$SOTE$  = 표준 산소 전달율 (분율로)

$CF_1$  = 표준 공기의 밀도, 분자량, O<sub>2</sub> 몰 비율에 대한 설명 (U.S. Standard = 277.6533841;  
European Standard = 300.495893)

사용자 지정 표준 공기의 경우(아래 공기유량 입력 참고), 공기유량은 방정식 6.15 를 사용하여 계산합니다.

$$G_s = \frac{SOTR}{SOTE \times molfr_{O_2} \times MW_{O_2} \times \frac{\rho_{user}}{MW_{user}}} \quad (6.15)$$

여기서:

$molfr_{O_2}$  = 사용자 지정 공기의 O<sub>2</sub> 몰 분율 (mole/mole)

$MW_{O_2}$  = O<sub>2</sub> 분자량 (32 g/mole)

$\rho_{user}$  = 사용자 지정 공기 밀도 (g/m<sup>3</sup>)

$MW_{user}$  = 사용자 지정 공기 평균 분자량 (g/mole)

U.S. 또는 European 표준 조건에서 공기유량은 이상 기체 법칙을 사용하여 현장 조건으로 재계산합니다.

$$G_{s,field} = \frac{(T_{field} + 273.15)}{(T_{standard} + 273.15)} \times \frac{P_s}{P_b} \times G_s \quad (6.16)$$

여기서:

$T_{standard}$  = 표준 조건에서 공기 온도 (°C)

$T_{field}$  = 현장 조건에서 공기 온도 (°C)

**식 6.16**은 현장 공기가 표준 공기와 동일한 습도를 가진다고 가정합니다. 현장 공기의 습도가 표준 공기와 다를 경우, 사용자는 표준 공기에 있는 공기의 물 분율과 현장 공기에 있는 산소의 물 분율의 비율에 GPS-X에서 계산한 현장 공기를 곱할 수 있습니다.

현장 조건으로의 변환은 사용자 지정 표준 공기에 대한 어떤 변환도 하지 않습니다.

### ***K<sub>L</sub>A 직접 입력 - 기계식 포기***

기계식 포기는 확산식 방법과 유사하지만 파울링과 깊이 보정인자는 필요가 없고, 산소전달이 기계식 포기를 계산하는데 사용되는 인자입니다.

기계식 표면적 포기에 대한, 현장 조건에서 DO 포화 농도의 식은 아래와 같이 수정되었습니다:

$$C_{\infty,mechanical}^* = \tau \times \beta \times \Omega \times C_{s20}^* \quad (6.17)$$

이 경우  $\delta = 1$  과 같고 압력 보정 계수는 다시 다음의 식으로 정의됩니다:

$$\Omega = \frac{P_b - p_v}{P_s - p_v} \quad (6.18)$$

현장 조건에서  $K_La$ 은 6.19 방정식을 이용하여 계산합니다.

$$K_La_T = \alpha \theta^{(T-20)} K_La_{20} \quad (6.19)$$

아래와 같이 OTR은 방정식 6.20을 이용하여 계산합니다:

$$OTR = K_La_T (C_{\infty,mechanical}^* - C_L) V \quad (6.20)$$

SOTR은 아래와 같이 계산합니다:

$$SOTR = \frac{K_L a_T}{\alpha \theta^{T-20}} \times C_{s20}^* V \quad (6.21)$$

기계적 동력은 SOTR 을 이용하여 계산합니다:

$$P_{mechanical} = \frac{SOTR}{\eta \times CF_2} \quad (6.22)$$

여기서:

$P_{mechanical}$  = 기계적 동력 (kW)

$\eta$  = 기계적 포기 산소 전달율 (1.75 kg O<sub>2</sub>/kW·h)

$CF_2$  = 보정 계수 (24,000)

GPS-X 에서 기계적 포기에 대한 디플트  $\alpha$  값은 0.9.

## 공기 량 입력

공기유량은 표준 또는 현장 조건에서 입력할 수 있습니다. 표준 조건에서 사용자는 3 가지 옵션을 선택할 수 있습니다:

### 1. U.S. 표준 조건:

- a. 온도 = 20 °C
- b. 압력 = 1 atm
- c. 상대 습도 = 36 %

### 2. European 표준 조건:

- a. 온도 = 0 oC
- b. 압력 = 1 atm
- c. 상대 습도 = 0 %

### 3. 사용자 지정 표준 조건:

사용자는 속성(공기에 대한 O<sub>2</sub> 의 몰 분율, 밀도, 분자량, 및 송풍기 역 방정식에서의 지수)을 지정해야만 합니다. 사용자 지정 표준 조건을 사용할 때, GPS-X 는  $C_{st}^*$  의 값을 조절하기 위해 헨리의 법칙을 이용합니다.

$$C_{st}^* = \frac{molfr_{O_2}}{0.2095} \times C_{st}^* \quad (6.23)$$

GPS-X 는 U.S. 표준 조건으로 공기유량을 변경하고 식 6.13을 이용하여 SOTR 를 계산합니다. OTR 은 식 6.24를 이용하여 계산됩니다.

$$OTR = \frac{SOTR(\alpha F)\theta^{T-20}(C_{\infty}^* - C_L)}{C_{\infty 20}^*} \quad (6.24)$$

현장 조건에서 산소 질량 전달 계수는 식 6.11를 이용하여 계산됩니다. 공기유량이 U.S. 또는 European 표준 조건에서 입력할 경우, 현장 조건에서 공기유량은 식 6.16을 이용하여 계산합니다.

### 기계식 동력 입력

기계식 동력을 입력할 경우, SOTR g/d 는 식 6.21를 이용하여 계산됩니다. 현장 조건에서  $K_La$  은 식 6.19로 계산되고 OTR 은 식 6.20을 이용하여 계산됩니다.

### DO 제어

사용자는 특정 용존 산소 설정치를 유지하는데 반응조로의 포기 공급량을 조절하는 옵션을 사용할 수 있습니다. 이 경우 모델은 DO 설정치로 유지하기 위해 현장 조건에서 필요한 산소 질량 전달 계수를 계산할 것입니다.

확산 포기 DO 제어에 대해, GPS-X 는 SOTR, OTR, 및 공기 유량을 계산하는데 식 6.12~ 6.14를 사용합니다. 기계식 포기 DO 제어에서, GPS-X 는 OTR, SOTR, 및 기계적 동력을 계산하는데 식 6.20, 6.21, 및 6.22를 사용합니다.

### 표준 산소 전달율 (SOTE)

사용자는 SOTE 값을 계산하기 위해서 상수 SOTE 값을 이용하거나, 상관관계를 이용하는 방법이 있습니다. SOTE 상수를 선택했을 때, 디플트 값(0.3)은 디퓨저 침지 4.3m(14 ft)에서 미세 기포에 대한 전형적인 표준 산소 전달 효율을 의미합니다.

다른 방법으로, GPS-X 는 디퓨저 유형으로 미세 기포, 거대 기포(coarse bubble), 및 jet 디퓨저에 대한 SOTE 상관관계를 선택할 수 있습니다. 미세 기포 포기에 대한, SOTE 상관관계는 아래에 나타난 Hur (1994)가 개발한 회귀 방정식에 근거합니다:

$$\text{미세 기포 SOTE} \\ SOTE = A_1 + A_2 \times AF + A_3 \times AF^2 + A_4 \times d + A_5 \times DD \quad (6.25)$$

여기서:

AF = 디퓨저 당 공기 유량 (scfm per diffuser)

d = 디퓨저 침지 깊이 (ft)

DD = 디퓨저 밀도 (diffusers/100ft<sup>2</sup>)

A1, A2, A3, A4, A5 = 회귀 변수

보이는 것처럼, 이 식은 디퓨저 당 공기 유량, 디퓨저 밀도, 디퓨저 침지의 깊이에 의존합니다. Hur (1994)에서 찾은 데이터와 위 식을 사용하여, Hydromantis 는 회귀의 적합성을 향상시키기 위해 회귀 변수를 재 추정하였습니다. 개별적 회귀는 세라믹 디스크(ceramic disc), 세라믹 돔(ceramic dome), 멤브레인 디스크(membrane disc), 및 멤브레인 튜브(membrane tube) 디퓨저로 실행됩니다. 회귀 계수 값은 시스템 > 입력 변수 > 물리적 환경 설정 > 사용자 정의 공기 특성의 상세 폼에서 찾을 수 있습니다.

사용자 정의 SOTE 상관관계를 사용하기 위한 옵션이 있습니다. SOTE 상관관계는 식 6.25와 동일한 형식입니다. 조절 할 수 있는 회귀 계수는 대부분 생물학적 객체의 입력 변수 > 운전조건 입력 > 산기식 포기의 상세 폼에서 찾을 수 있습니다.

거대 기포 및 jet 디퓨저에 대한 개별적 회귀는 식 6.26에 나타난 것처럼 Mueller *et al.* (2002)에서 찾아낸 데이터에 근거하여 Hydromantis 가 개발하였습니다:

#### 거대 기포 및 Jet SOTE

$$SOTE = A_1 + A_2 \times AF + A_3 \times AF^2 + A_4 \times d + A_5 \times d^2 \quad (6.26)$$

거대 기포 및 jet 디퓨저에 대한 SOTE 는 디퓨저 침지와 디퓨저 당 공기량에 따라 달라집니다.

모든 SOTE 상관관계에서, 디퓨저 당 공기량은 계산에 사용된 범위 내로 제한됩니다. 상관관계는 경험값이고, 보정 범위를 벗어나 외부보간 되어서 계산할수 없습니다. 사용되는 범위는 다음과 같습니다.

#### 미세 기포

*Ceramic Disc:*  $0.5 \leq AF \leq 5 \text{ m}^3/\text{h}/\text{diffuser}$

*Ceramic Dome:*  $0.5 \leq AF \leq 4.4 \text{ m}^3/\text{h}/\text{diffuser}$

*Membrane Disc:*  $0.8 \leq AF \leq 5 \text{ m}^3/\text{h}/\text{diffuser}$

*Membrane Tube:*  $0.8 \leq AF \leq 15 \text{ m}^3/\text{h}/\text{diffuser}$

#### 거대 기포

$14 \leq AF \leq 58 \text{ m}^3/\text{h}/\text{diffuser}$

#### Jet

$8 \leq AF \leq 140 \text{ m}^3/\text{h}/\text{diffuser}$

GPS-X 는 명령 창에 디퓨저 당 공기량이 위에 주어진 범위를 벗어날 경우에 경고 메시지를 보고합니다.

### 깊은 탱크에서 SOTE

8m 보다 깊은 탱크의 경우에는 미세 기포 SOTE 상관관계를 수정합니다. Pöpel 및 Wagner (1994)의 연구는 침지 깊이가 약 8 m 이상인 경우 SOTE 가 선형적으로 증가하지 않음을 보여줍니다(그림 8 의 Pöpel 및 Wagner (1994) 참고). 8 m 이상의 깊이에서 SOTE 가 일정한 값을 보이기 시작하므로 SOTE 는 100%보다 결코 커질 수는 없습니다.

식 6.25에서 보이는 것처럼 8 m 이상의 디퓨저 침지는 식 6.27에 디퓨저 침지에서 특정 2 차 항을 추가한 것입니다.

$$SOTE = A_1 + A_2 \times AF + A_3 \times AF^2 + A_4 \times d + A_6 \times d^2 + A_5 \times DD \quad (6.27)$$

회귀 변수 A6 는 GPS-X 에서 입력 변수 > 운전조건 입력 > 산기식 포기의 상세 폼에서 접근할 수 있습니다. 변수 A6 는 Pöpel 및 Wagner (1994)의 그림 8 에서 고품질 곡선으로 식 6.26 에 맞추기 위해 선형 회귀를 사용하여 Hydromantis 가 추정하였습니다. 회귀를 실행할 목적으로 Pöpel 및 Wagner (1994)의 그림 8 에서 보이는 5 m 에서 20%의 SOTE 를 맞추기 위해 디퓨저 밀도와 디퓨저 당 공기량을 우선 조절할 필요가 있었습니다.

깊은 탱크 SOTE correction 는 미세 기포 디퓨저에서만 적용할 수 있습니다. 또한 GPS-X 에서 A6 변수를 0 으로 설정하여 중단 시킬 수도 있습니다.

## 송풍기 동력

필요 공기를 전달하기 위해 송풍기가 소모한 전선 동력(kW)은 GPS-X 에서 다음과 같이 계산됩니다:

$$WP = \frac{DP}{e} \quad (6.28)$$

여기서:

DP = 송풍기에 전달되는 동력 (kW)

e = 기계식 장치의 전체 효율 (예, 송풍기, 모터, 커플링 및 변속 장치)

GPS-X 에서 기계적 장치의 전체 효율은 대부분의 생물학적 객체의 입력 변수 > 운전 비용 폼에서 입력합니다. 송풍기의 전달 동력은 단일 압축 방정식 (Mueller *et al.*, 2002)을 사용하여 산출합니다:

$$DP = \frac{wRT_a}{K} \left[ \left( \frac{P_d}{P_a} \right)^K - 1 \right] \quad (6.29)$$

여기서:

w = 공기의 질량 유량비

R = 이상 기체 상수

Ta = 송풍기 흡입구 공기 온도 (degrees K)

K=R/Cp 여기서 Cp 는 등압에서 공기의 열 용량 (U.S. Standard Air 에서 K = 0.283, European Standard Air 에서 K = 0.2857)

Pd=송풍기 하류부의 절대 압력 (배출 압력 kPa)

$P_a$ =송풍기 상류부의 절대 압력 (흡입 압력 kPa)

송풍기의 배출 압력은 아래와 같이 계산합니다:

$$P_d = P_s + g \times d + \Delta p_d \quad (6.30)$$

여기서:

$P_s$  = 기압 (디플트로 101.325 kPa)

$g$  = 중력 가속도 (9.81 m/s<sup>2</sup>)

$\Delta p_d$  = 파이핑과 블로워 후단 디퓨저의 압력차 (대부분 생물학적 객체의 입력 변수 > 운전 비용 폼에서 찾을 수 있음)

흡입 압력은 **식 6.41**에서 보는 것과 같이 계산됩니다:

$$P_a = P_s - \Delta p_a \quad (6.31)$$

여기서:

$\Delta p_a$  = 송풍기 관과 유입 필터에서의 압력차(대부분 생물학적 객체의 입력 변수 > 운전 비용 폼에서 찾을 수 있음)

## 포기 입력 파라미터의 개요

이 섹션은 대부분의 생물학적 객체에 적용 가능한 포기 폼에 대해 논의합니다. 설명을 위해 **완전-혼합-반응조**의 폼을 한 예로 사용합니다.

### 포기 설정 폼

포기 설정 폼은 생물학적 객체 위를 마우스 우측 클릭하여 **입력 변수 > 운전조건 입력**을 선택하여 접근할 수 있습니다. **그림 6-1**은 GPS-X 폼을 보여주고 각 파라미터에 대한 설명은 아래와 같습니다:

**포기 방법 (산기식/기계 교반식(표면 포기)):** 포기 시스템이 산기식인지 기계 교반식(표면 포기)인지를 지정합니다.

**산소 공급 방법 (1- Airflow 입력/ 2-  $K_La$  입력/ 3- Mechanical Power 입력/ 4- DO Controller 사용):** 산소 전달의 방법을 지정합니다: 공기량,  $K_La$ , 기계식 동력 입력, 또는 DO controller 사용 중에서 선택합니다. 회색으로 나타난 입력 항목은 사용할 수 없습니다. 예를 들어 포기 방법으로 산기식을 선택한 경우 산소 전달로 기계식 동력 입력을 지정할 수 없습니다.

**산소 질량 전달 계수 (청수):** 알파 또는 오염 지수 보정 없는 20 °C에서 청수의  $K_La$

**포기 동력:** 기계 교반식 포기 시스템의 동력.

**포기조 내로의 공기 흐름:** 포기조로 확산된 공기 유량. 공기 유량은 사용자의 선택에 따라 표준 조건이거나 현장 조건일 수 있습니다. 사용자는 **입력 변수 > 운전조건 입력 > 상세.....** 폼에서 표준 또는 현장 조건을 선택할 수 있습니다. O<sub>2</sub> 용해도에 대해 로컬 조건을 사용한 경우에는 **입력 변수 > 사이즈 입력 > 상세.....**에서, O<sub>2</sub> 용해도에 대해 글로벌 조건을 사용한 경우라면 **시스템 > 입력 변수 > 물리적 환경 설정** 폼에서 사용한 표준 조건을 선택할 수 있습니다.

그림 6-1 운전조건 입력 양식에서 포기 설정 양식

상세.....버튼을 클릭하여 [그림 6-2](#) 및 [그림 6-3](#) 과 같은 폼에 접근할 수 있습니다. 이 폼에 나타나는 변수는 다음 단락에서 설명합니다.

그림 6-2 포기 설정 > 상세... 양식

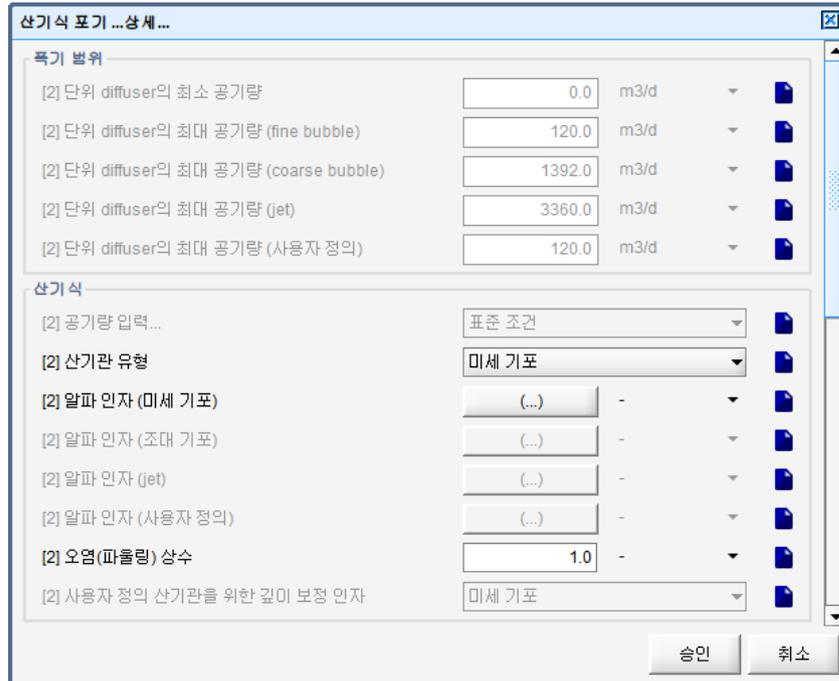


그림 6-3 포기 설정 > 상세... 양식 (Part 1)

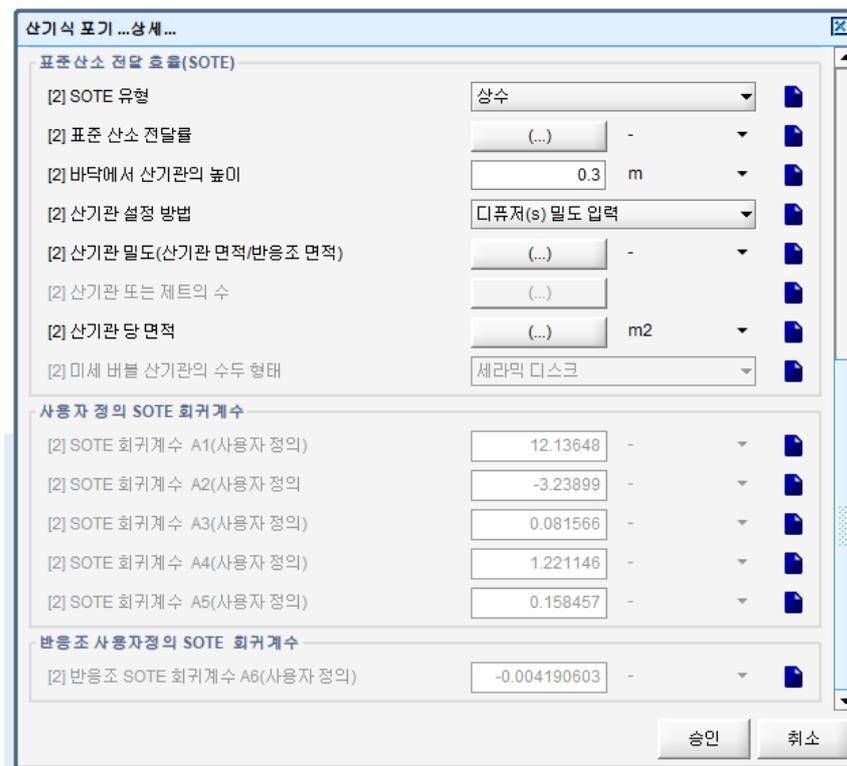


그림 6-4 포기 설정 > 상세... 양식 (Part 2)

### 일반(상세...내부 항목)

**베타 인자 (DO 포화):** 염, 입자성, 및 포면-활성 기질에 대한 DO 포화 농도 보정 인자를 지정합니다. 디폴트 값은 0.95 입니다.

**$K_{La}$ 의 온도 계수:**  $K_{La}$ ,  $\theta$ 에 대한 온도 보정 인자를 지정하는 것으로 디폴트 값은 1.024 입니다.

### $K_{La}$ (상세...내부 항목)

**최소 산소 질량 이동 계수:** 현장 조건에서  $K_{La}$  최소값을 지정합니다. GPS-X 는 모든 경우에 이 최소값 이상의 현장  $K_{La}$  를 사용합니다.

**최대 산소 질량 이동 계수:** 현장 조건에서  $K_{La}$  최대값을 지정합니다. GPS-X 는 모든 경우에 이 최대값 이하의 현장  $K_{La}$  를 사용합니다.

### 기계 교반식(표면 포기) (상세...내부 항목)

**기계식 포기 산소 전달율:** 기계식 포기를 위해서 사용된 에너지 단위 당 액체로 전달된 산소의 질량을 지정합니다.

**알파 인자 (기계적 포기):** 기계적 포기  $K_{La}$ 에 대한 폐수의 보정 인자로 디폴트 값은 0.9 입니다.

### 산기식(상세...내부 항목)

**공기량 압력... (Field Conditions/Standard Conditions):** 사용자는 확산 공기량을 표준 조건에서 입력할 것인지 현장 조건에서 입력할 것인지 지정할 수 있습니다. O<sub>2</sub> 용해도에 대한 로컬 조건을 사용한 경우에는 입력 변수 > 사이즈 입력 > 상세.....에서, O<sub>2</sub> 용해도에 대한 글로벌 조건을 사용한 경우에는 시스템 > 입력 변수 > 물리적 환경 설정 폼에서 사용한 표준 조건을 선택할 수 있습니다.

**산기관 유형 (Fine Bubble/Coarse Bubble/Jet/User-Defined):** 사용할 디퓨저 유형을 지정합니다. 이 옵션은 산기관을 선택한 경우에만 유효합니다. GPS-X 는 적합한 알파 값을 선택하고 적합한 SOTE 상관관계를 선택하기 위하여(적용 가능할 경우) 이 선택을 사용합니다.

**알파 인자 (fine bubble-미세기포):** 미세 기포  $K_{La}$ 에 대한 폐수 보정 인자 값을 지정하는 것으로 디폴트 값은 0.6 입니다.

**알파 인자 (coarse bubble-거대기포):** 거대 기포  $K_{La}$ 에 대한 폐수 보정 인자 값을 지정하는 것으로 디폴트 값은 0.8 입니다.

**알파 인자 (jet):** jet  $K_{La}$ 에 대한 폐수 보정 인자 값을 지정하는 것으로 디폴트 값은 0.85 입니다.

**알파 인자(사용자 정의):** 사용자 정의  $K_{La}$ 에 대한 폐수 보정 인자 값을 지정하는 것으로 디폴트 값은 0.6 입니다.

**오염 상수:** 디퓨저 오염 인자로 디폴트 값은 1(즉, 오염 없음)입니다.

사용자 정의 산기관을 위한 깊이 보정 인자 (**Fine Bubble/Course Bubble**): 사용자 정의 디퓨저 유형을 사용할 때, 식 6.8 이나 식 6.9 를 선택한 이 파라미터는 DO 포화 농도에 대한 깊이 보정 인자를 계산하는데 사용됩니다.

### **산소 전달 효율(SOTE) (상세...내부 항목)**

**SOTE 유형 (상수/상관관계):** SOTE 를 사용자가 설정하거나 상관관계로 계산될 것인지를 지정합니다. 사용된 상관관계는 선택한 디퓨저 형태에 달려있습니다.

**표준 산소 전달률: SOTE 유형을 상수로 설정할 경우, 이 값을 SOTE 에 사용합니다.**

**바닥에서의 산기관 높이:** 디퓨저 침지의 깊이를 지정합니다.

**산기관 설정 방법 (Enter Number of Diffusers/Enter Diffuser Density):** 사용자는 디퓨저 밀도 (디퓨저 면적/반응조 면적)와 디퓨저의 수, 둘 중 하나를 지정할 수 있습니다. 만일 SOTE 상관관계를 사용하거나 사용자가 GPS-X 에게 디퓨저당 공기량과 단위 면적당 디퓨저의 수의 정확한 수치 표시를 요구할 경우를 위해 디퓨저의 밀도나 수를 입력하는 것은 매우 중요합니다.

**산기관 밀도 (디퓨저 면적/반응조 면적):** 디퓨저 설정 방법으로 디퓨저 밀도를 선택했을 때, 이 파라미터는 % 또는 분율로 디퓨저 밀도를 입력할 수 있습니다. 디퓨저 밀도는 5~25% 사이가 전형적입니다.

**산기관 또는 제트의 수:** 디퓨저 설정 방법으로 디퓨저 수 입력을 선택한 경우 사용자는 이 파라미터로 디퓨저의 수를 입력할 수 있습니다.

**탱크 바닥 면적:** 만일 SOTE 상관관계를 사용하거나 사용자가 GPS-X 에게 단위 면적당 디퓨저의 수의 정확한 수치 표시를 요구할 경우, 탱크 바닥 면적을 입력하는 것은 매우 중요합니다.

**산기관 당 면적:** SOTE 상관관계를 사용하거나 사용자가 디퓨저의 밀도를 입력할 경우 디퓨저당 면적을 입력하는 것은 매우 중요합니다. 지름 9" 세라믹 디퓨저에 전형적인 디폴트 값은 0.038 m<sup>2</sup> 입니다.

**미세 버블 산기관의 수두 형태 (Ceramic Disc/Ceramic Dome/Membrane Disc/ Membrane Tube):** 이는 SOTE 상관관계를 사용하고 미세 기포 확산 포기를 지정할 때 미세 기포 디퓨저 수두 형태를 지정하기 위해 사용합니다.

### **사용자 정의 SOTE 회귀계수(상세...내부 항목)**

SOTE 회귀 계수 A1 (사용자 정의): 사용자 정의 SOTE 상관관계에서 회귀 변수 A1

SOTE 회귀 계수 A2 (사용자 정의): 사용자 정의 SOTE 상관관계에서 회귀 변수 A2

SOTE 회귀 계수 A3 (사용자 정의): 사용자 정의 SOTE 상관관계에서 회귀 변수 A3

SOTE 회귀 계수 A4 (사용자 정의): 사용자 정의 SOTE 상관관계에서 회귀 변수 A4

SOTE 회귀 계수 A5 (사용자 정의): 사용자 정의 SOTE 상관관계에서 회귀 변수 A5

## 깊은 반응조 사용자 정의 SOTE 회귀계수(상세...내부 항목)

반응조 SOTE 회귀계수 A6 (사용자 정의): 사용자 정의 SOTE 상관관계 에서 깊은 반응조 SOTE 항에 대한 회귀 변수

## O<sub>2</sub> 용해도에 대한 로컬 조건 - 물리적 품 (상세...내부 항목)

산소 용해도에 대해 로컬 환경을 사용할 경우, 포기 모델과 관련된 물리적 데이터는 대부분 생물학적 객체 위를 우측 클릭하여 입력 변수 > 사이즈 입력 > 상세...을 선택하여 접근합니다. 유효한 파라미터는 그림 6-5 와 같으며 아래 단락에서 상세히 설명하도록 합니다.

Section	Parameter	Value	Unit
로컬 환경 설정	[2] O2 용해도 및 생물학적 활성에 대한 로컬 설정 사용	OFF	
	[2] 생물학적 반응	ON	
	[2] 기체-액체 전달	ON	
	[2] 화학 반응	ON	
산소 용해도 (로컬 설정시)	[2] 수온	20.0	C
	[2] 송풍기 inlet 공기 온도	20.0	C
	[2] 해발 고도	0.0	m
	[2] 표준 대기 조건	미국(공기 온도 20C, 습도 36%)	
사용자 정의 공기 특성	[2] 사용자 정의 공기에서 산소 물분율	1.0	mole/mole
	[2] 사용자 정의 공기 밀도	1429.0	mg/L
	[2] 사용자 정의 공기의 분자량	32.0	g/mol
	[2] 송풍기 전력 방정식의 지수	0.284	-
비포기 상태에서 배출가스에 대한 가스의 최소 K1a	[2] CO2의 최소 K1a	3.0	1/d
	[2] H2의 최소 K1a	3.0	1/d
	[2] N2의 최소 K1a	3.0	1/d
	[2] CH42의 최소 K1a	3.0	1/d
	[2] NH3 최소 K1a	0.0	1/d

그림 6-5 객체 내부의 사이즈 입력 > 상세...폼

## 로컬 환경 설정

O<sub>2</sub> 용해도와 생물학적 활성도를 위해 로컬 설정을 사용(ON-OFF): 산소 용해도에 사용되는 조건이 로컬인지 또는 글로벌인지를 선택합니다.

## 산소 용해도 (개별 설정을 사용할 경우)

수온: 로컬 폐수 온도를 지정합니다.

송풍기 inlet 공기 온도: 송풍기 inlet 공기 온도를 지정합니다.

해발 고도: 해발고도를 지정합니다.

표준 대기 조건 (U.S. (air temp 20C, 36% humidity)/European (air temp 0C, 0% humidity)/User-Defined): 포기법이 확산일 경우, 기준 조건으로 표준대기조건을 사용하여 결과를 도출합니다. 사용자가 정의한 공기조건을 선택할 경우, 사용자는 사용자 정의 공기 특성 보조 섹션에서 공기 특성을 입력해야만 합니다. 사용자 정의 공기 옵션은 순 산소 지정 방법을 제공합니다.

## 사용자 정의 공기 특성

사용자 정의 공기의 산소 물분율: 사용자 정의된 표준 공기를 선택했을 때, 이 파라미터는 사용자 정의된 공기의 산소 물분율을 나타냅니다. 디폴트 값은 1 로 순 산소를 의미합니다.

사용자 정의 공기 밀도: 사용자 정의된 표준공기를 선택했을 때, 이 파라미터는 사용자 정의된 공기의 밀도를 지정합니다. 디폴트 값은 1,429 mg/L 로 순산소의 밀도입니다.

사용자 정의 공기 분자량: 사용자 정의된 표준공기를 선택했을 때, 이 파라미터는 사용자 정의된 공기의 분자량을 지정합니다. 디폴트 값은 32 g/mole 로 순산소의 분자량입니다.

송풍기 역방정식의 지수: 사용자 정의된 표준공기를 선택했을 때, 이 파라미터는 사용자 정의된 공기에 대한 식 6.28 에서 지수  $K$  의 값을 설정합니다. 디폴트 값은 0.284 로 순산소의 지수  $K$  값입니다.

## 레이아웃 전체 설정 - 물리적 폼

산소 용해도에 글로벌 조건이 사용되거나 또는 포기에 중요한 글로벌 물리적 상수를 바꾸고자 할 때, 관련된 물리적 데이터는 시스템 > 입력 변수 > 물리적 환경 설정을 선택하여 접근할 수 있습니다. 유효한 파라미터는 그림 6-6 과 같으며 다음 단락에 상세한 설명이 있습니다.

## 산소의 용해도 (레이아웃 확대 설정시)

레이아웃 확대 물리적 폼의 하부 섹션에서 대부분의 파라미터는 먼저 설명한 로컬 버전에서의 파라미터와 중복됩니다. 한가지 예외 파라미터는 아래와 같습니다.

해수면 기압: 해수면 기압을 지정하고 디폴트 값은 101.325 kPa 입니다.

## 사용자 정의 공기 특성

레이아웃 확대 물리적 폼의 하부 섹션에 있는 파라미터는 먼저 설명한 로컬 버전에서의 파라미터와 같습니다.

## SOTE 회귀계수

사용자 정의 공기 특성 섹션에서 상세 ... 버튼을 클릭하여 사용자는 이용가능한 SOTE 상관관계에서 사용된 회귀계수를 지정할 수 있습니다.

(레이아웃 메뉴 | 시스템 | 입력 변수 | 물리적 환경 설정 | 사용자 정의 공기 특성의 상세...)

Section	Parameter	Value	Unit
건조공기의 조성	대기 중 메탄의 물분율	2.0e-06	-
	대기 중 CO2의 물분율	0.000383	-
	대기 중 H2의 물분율	5.0e-07	-
	대기 중 N2의 물분율	0.78084	-
	대기 중 O2의 물분율	0.209476	-
	대기 중 NH3의 물분율	3.0e-09	-
물리적 상수	공기의 분자량 (@ U.S. Standard Conditions)	28.964	g/mol
	기체 상수	8314.0	J/kmol.K
	음이온 계수 A1	8.10765	-
	음이온 계수 A2	1750.286	-
	음이온 계수 A3	235.0	-
가스 KLa의 비	O2 가스의 KLa에 대한 O2 가스의 KLa 비율	1.0	-
	O2 가스의 KLa에 대한 N2 가스의 KLa 비율	0.87	-
	O2 가스의 KLa에 대한 CO2 가스의 KLa 비율	0.88	-
	O2 가스의 KLa에 대한 H2 가스의 KLa 비율	1.53	-
	O2 가스의 KLa에 대한 CH4 가스의 KLa 비율	0.89	-
암모니아 제거	암모니아 제거	OFF	-
	O2 가스의 KLa에 대한 NH3 가스의 KLa 비율	0.05	-

그림 6-6 물리적 품 (레이아웃 확대 설정 시)

**공기의 분자량 (@ U.S. Standard Conditions):** 지정된 공기 온도 및 고도에서의 기압을 계산하기 위해 식 6.5에서 사용된 U.S. 표준 조건에서 공기의 분자량을 설정합니다. GPS-X는 U.S. 표준 조건에서 이 내부 계산을 수행합니다.

**이상기체 상수:** 이상 기체 상수 값을 지정합니다.

**Antoine 계수 A1:** 주어진 수온에서 물의 증기압을 계산하는데 이용되는 Antoine 방정식의 계수 A.

**Antoine 계수 A2:** 주어진 수온에서 물의 증기압을 계산하는데 이용되는 Antoine 방정식의 계수 B.

**Antoine 계수 A3:** 주어진 수온에서 물의 증기압을 계산하는데 이용되는 Antoine 방정식의 계수 C.

### 송풍 비용 (운전 비용 폼)

송풍 비용 하부메뉴는 생물학적 객체를 우측 클릭하여 **입력 변수 > 운전 비용**을 선택하여 접근 할 수 있습니다. GPS-X 에서 운전 비용 폼은 **그림 6-7** 과 같고, 유효한 파라미터는 다음과 같습니다.

**송풍기/모터 조합 효율:** 기계식 포기 장치(예, 송풍기, 모터, 커플링 및 변속 장치)의 전체 효율을 지정합니다. 디폴트 값은 0.7 또는 70%입니다.

**송풍기의 관과 유입필터에서의 압력 강하:** 기계식 포기 장치로 공급되는 전선 동력을 추정하는 목적으로 송풍기의 관과 유입필터에서의 압력강하를 지정합니다. 디폴트 값은 1 kPa 입니다.

**송풍기의 산기관 하향과 관에서의 압력강하:** 기계식 포기 장치로 공급되는 전선 동력을 추정하는 목적으로 송풍기의 디퓨저 하향과 관에서의 압력강하를 지정합니다. 디폴트 값은 7 kPa 입니다.

Section	Parameter	Value	Unit
송풍기 비용	[2] 송풍기/모터 조합 효율	0.7	-
	[2] 송풍기의 관과 유입필터에서의 압력 강하	0.0098692327	atm
	[2] 송풍기의 산기관 하향과 관에서의 압력강하	0.069084629	atm
필핑 비용	[3] 펌프 효율	0.7	-
	[3] 정수두	1.0	m
	[3] 수두손실 계산 방법	수두손실 지정	-
	[3] 펌핑 수두손실	1.0	m
	[3] 관로 직경	0.5	m
	[3] 관로 연장	50.0	m
	[3] C 값 기법	고형물 기반 값 추정	-
	[3] Hazen Williams 공식의 C 값	100.0	-
내부 반송 필핑 비용	[2] 내부반송 수두	3.0	m
	[2] 내부반송 펌프 효율	0.7	-
교반 에너지 사용량	[2] 단위 부피당 교반 동력	3.0	W/m3
가열 에너지 사용량	[2] 가열 전력	0.0	kW
기타 전력 사용량	[2] 기타 부대 전력 사용	0.0	kW

그림 6-7 송풍 비용 양식

## 포기 출력 변수

포기 출력 변수는 생물학적 객체 위를 우측클릭하고 **출력 변수 > 산소 전달**을 선택하여 접근할 수 있습니다. 단일 반응조 객체에서, 동일한 품은 월류 흐름 위를 우측 클릭하여 접근할 수 있습니다. 플러그 흐름 탱크와 같은 복합-반응조 객체에서, 전체 공기량, SOTR, OTR, 및 기계적 동력은 월류 흐름 위를 우측 클릭하고 **전체 공기량, 전체 산소 전이**, 또는 **전체 기계적 동력**을 선택하여 접근할 수 있습니다.

송풍기 계산과 관련된 출력 변수는 객체(단일 반응조 객체만) 또는 월류 흐름 위에서 우측 클릭하고 **출력 변수 > 운전 비용**을 선택하여 접근할 수 있습니다.

## MBR 포기 모델

멤브레인 반응기 및 **완전 혼합 MBR** 객체에서 생물학적 공기와 멤브레인 반응기에서 교차-흐름 공기는 개별적으로 추적됩니다. 생물학적 공기는 유효하지 않는 표면 기계적 포기를 제외하고 GPS-X 에 있는 다른 객체에서와 같이 유사하게 조절됩니다.

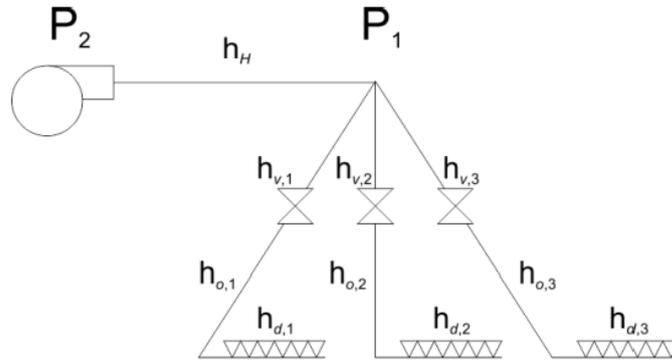
교차-흐름 공기는 거대 기포 포기 시스템을 사용하여 전달되는 것으로 추측됩니다. 사용자는 교차-흐름 공기: 공기량, 알파, 및 SOTE 의 변수들을 입력할 수 있습니다. 교차-흐름 공기는 생물학적 공기에서 지정한 조건(즉, **표준** 또는 **현장**)로 추측합니다. GPS-X 의 다른 객체와는 다르게, 비록 사용자가 생물학적 공기량을 입력하지 않더라도 표준 조건이거나 현장조건인 공기를 지정할 수 있습니다. GPS-X 는 생물학적 및 교차-흐름 공기를 개별적으로 추적할 뿐만 아니라 반응조에 전달된 전체 공기량, SOTR, 및 OTR 을 계산합니다. MBR 객체에서, MBRs 에서 전형적으로 발견되는 높은 MLSS 농도를 반영하기 위해 더 높은 디플트 알파 값을 사용합니다.

## 공기 전달 수두-손실 모델

이 모델은 활성 슬러지 단위 공정 모델에서 표준 포기 모델의 기능을 확장하여 공기 전달 모델의 수두 손실을 시뮬레이션하여 송풍기 배출 압력의 동적 변화를 시뮬레이션합니다. 공기 전달 수두 손실 모델은 공기 전달 시스템의 다음 손실을 시뮬레이션하는 데 사용할 수 있습니다.

- 1) 산기관
- 2) 공기 이송 관로 및 부속류
- 3) 제어 밸브

공기 전달 수두 손실 모델에서 각 생물학적 반응기 (사용자가 지정하거나 DO 컨트롤러로 계산)에서 필요한 공기 유량은 공기 전달 시스템의 다양한 구성 요소에서 수두 손실을 예측하는데 사용됩니다. 공기 전달 시스템을 모델링하기 위해 모델은 아래와 같이 사전 정의된 공기 전달 시스템을 사용합니다. 이 모델은 Grey 와 Kestel (2013)의 제안된 모델을 기반으로 일부 수정되었습니다.



- $h_d$ : Diffuser Pressure Loss, kPa
- $h_o$ : Distribution Pipe Pressure Loss, kPa
- $h_v$ : Valve Pressure Loss, kPa
- $h_H$ : Main Header Pressure Loss, kPa
- $P_i$ : Main Header Outlet Pressure, kPa
- $P_2$ : Blower Pressure, kPa

그림 6-8 사전 정의된 공기 전달 시스템

디퓨저, 공기 파이프 및 제어 밸브에 대한 압력 손실 계산은 다음 섹션에서 설명합니다.

### 산기관 손실

산기관 헤드 손실은 산기관 수두 손실 곡선을 기반으로 계산됩니다. 수두 손실 곡선은 산기관 당 공기 유량과 예상 수두 손실을 지정하는 다수의 점을 제공하여 사용자가 정의합니다. 산기관 당 공기 유량은 요구 공기량 및 포기 메뉴에서 사용자가 설정한 각 반응조의 산기관 수에 따라 계산됩니다. 사용자는 포기 시스템 공급 업체의 산기관 수두 손실 곡선을 사용할 수도 있습니다. 모델의 기본 산기관 수두 손실 곡선은 다음과 같습니다.

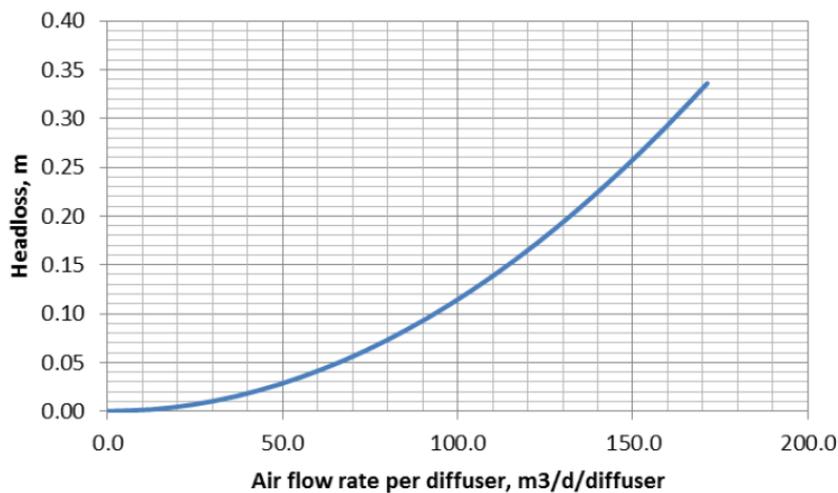


그림 6-9 산기관 수두 손실에 대한 기본 곡선

사용자는 다른 산기관 시스템에서 예상되는 산기관 수두 손실에 대해 폭기에 대한 ASCE (1988) 참고문헌을 참조할 수도 있습니다.

## 공기 이송 관로 수두 손실

직선 파이프의 수두 손실은 다음 방정식을 사용하여 계산됩니다 (Qasim, 1999).

$$h_L = 9.82 \cdot 10^{-11} \frac{f \cdot L \cdot Q_{air}^2 \cdot T}{P \cdot D^5}$$

여기서:

$h_L$	- 수두 손실, m H <sub>2</sub> O
$f$	- 마찰 계수, -
$L$	- 관로 연장, m
$D$	- 관경, m
$Q_{air}$	- 공기량, m <sup>3</sup> /min
$P$	- 공기 공급 압력, atm
$T$	- 관로 내 온도, °K

마찰 계수는 다음 방정식을 이용하여 계산됩니다:

$$f = \frac{0.029 \cdot D^{0.027}}{Q^{0.148}}$$

관로 내 온도는 아래와 같이 추정됩니다:

$$T = T_o \cdot \left(\frac{P}{P_o}\right)^{0.283}$$

여기서:

$T_o$	- 주위 대기 온도, °K
$P_o$	- 주위 대기압, atm

## 부속류 미소 손실

위와 같은 관로 수두 손실 방정식을 사용하여 엘, 티 및 기타 곡관의 미소 손실을 추정합니다. 사용자는 피팅의 등가 길이를 추정하여 모델에 입력해야 합니다 (Qasim, 1999).

사용자는 다음 등식을 사용하여 부속의 등가 길이를 찾을 수 있습니다.

$$L = 55.4 \cdot C \cdot D^{1.2}$$

여기서:

- L - 관로 부속의 등가 길이, m
- C - 등가 관로 길이에 대한 C 값
- D - 부속의 관경, m

피팅의 C 값은 일반적으로 제조업체 / 공급자가 제공합니다.

### 밸브 수두 손실

밸브의 수두 손실은 Grey 와 Kestel (2013)이 사용한 다음 방정식을 토대로 추정됩니다.

$$C_V = \frac{Q}{962} \sqrt{\frac{S_g \cdot (T + 460)}{P_i^2 - P_o^2}}$$

여기서:

- Q - 공기유량, scfm
- P<sub>i</sub> - 유입부 압력, psia
- P<sub>o</sub> - 유출부 압력, psia
- T - 온도, °K
- S<sub>g</sub> - 공기의 비중, -
- C<sub>v</sub> - 밸브 유량 계수

공기의 비중은 관로 수두 손실에 대해 예측된 관로 내의 공기 압력 및 온도에서 평가됩니다. 밸브 유량 계수는 밸브 위치와 밸브 특성 곡선에 따라 달라집니다. 모델은 선형, 등비, 쌍곡선, 지수 및 제공된 밸브 특성 곡선 방정식을 사용하여 밸브 유량 계수를 추정합니다. 사용된 방정식은 다음과 같습니다.

선형

$$C_V = C_{V,max} \cdot V_P$$

등비

$$C_V = C_{V,max} \cdot V_R^{(V_P-1)}$$

쌍곡선

$$C_V = \frac{C_{V,max}}{[V_R - (V_R - 1)^{V_P}]}$$

지수

$$C_V = C_{V,max} \cdot V_P^m$$

제공근

$$C_V = C_{V,max} \cdot V_P^{0.5}$$

여기서:

- $C_V$  - 밸브 유량 계수, scfm/psia
- $C_{V,max}$  - 밸브 최대 개도에서의 밸브 유량 계수, scfm/psia
- $V_P$  - 밸브 위치 (0 - 1), -
- $V_R$  - 곡선에 대한 밸브 인자, -
- $m$  - 지수, -

각 반응조에서 주어진 공기 유량에 대해, 모델은 산기관, 드롭 파이프와 부속 및 제어 밸브의 수두 손실을 추정합니다. 정수압과 계산된 수두 손실에 기초하여 P1 점과 P2 점에서의 압력이 추정됩니다. 점 P1의 압력은 밸브 위치를 조작하여 균형을 이룹니다. Most Open Valve (MOV)와 Set Point Pressure의 두 가지 알고리즘이 구현되었습니다. MOV 알고리즘에서 최대 수두 손실에 해당하는 밸브는 지정된 최대 값까지 열고 다른 밸브는 MOV에 의해 추정된 것과 동일한 압력을 달성할 때까지 열립니다. Set Point Pressure 방법에서는 모든 밸브가 설정점 송풍기 압력을 달성하도록 조정됩니다.

## 활성 슬러지 생물학적 모델

### 상태 변수

개별 모델에 사용된 상태 변수에 관한 설명입니다. 모든 모델에서, 상태 변수의 기호 명은 입자성 구성 성분은 X, 용해성 구성 성분은 S, 가스 상태 구성 성분은 G 접두사로 이루어져 있습니다. 이 명칭은 IWA (Henze *et al.*, 1987a) 협정을 따르지만 몇몇 용해성 및 입자성 구성성분은 콜로이드 상태로 0.45 $\mu$ m 필터를 통과하지만 입자성 구성 성분의 부분으로 분류하기 때문에 다소 임의적입니다. 예를 들어 Xs라고 명시한 천천히 생분해 가능한 물질은, 용해성과 콜로이드 물질 또는 어느 한쪽만 포함할지도 모릅니다. 이러한 접근법은 모델을 개발하는데 있어서 상당히 유리합니다. 그러나 이는 모델 내에 몇 가지 에러를 창출합니다. 폐수 특성에 대한 사항은 중요하므로 아래에서 논의되는 개별적인 모델 목록에 따라 작성된 문헌을 참조해야 합니다.

**모델 매트릭스**

대부분의 생물학적 공정 모델은 현재 기본 행렬 양식을 따릅니다. 이 양식의 예는 **표 6-1** 과 같습니다.

**Table 6-1 Petersen Matrix 예 (Wentzel et al., 1987a)**

Component t →	i	1 X <sub>B</sub>	2 S <sub>S</sub>	3 S <sub>O</sub>	Process Rate, ρ <sub>j</sub> [ML <sup>-3</sup> T <sup>-1</sup> ]
j	Process				
1	Growth	1	-1/Y	-(1-Y)/Y	$\frac{\hat{\mu}S_s}{K_s + S_s} X_B$
2	Decay	-1		-1	bX <sub>B</sub>
Observed Conversion Rates (ML <sup>-3</sup> T <sup>-1</sup> )		$r_i \sum_j r_{ij} = \sum_j v_{ij} \rho_j$			Kinetic Parameters: Maximum specific growth rate: μ Half-velocity Constant: K <sub>S</sub> Specific decay rate: b
Stoichiometric Parameters: True growth yield: Y		Biomass [M(COD)L <sup>-3</sup> ]	Substrate [M(COD)L <sup>-3</sup> ]	Oxygen (Negative COD) [M(COD)L <sup>-3</sup> ]	

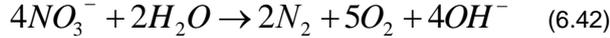
이 표에서, 아래에 적은 문자 i 로 변수에 의해 지정된 Monod-Herbert 모델(Herbert, 1958)의 *합성 변수* 또는 *상태 변수*는, 상단부분과 교차하여 열거 목록화됩니다. 각각의 열을 가진 3 개의 상태 변수(X<sub>B</sub>, S<sub>S</sub> 및 S<sub>O</sub>)가 정의됩니다. 개별 상태 변수에 대한 이름과 단위는 그 열의 맨 아래줄에 제공됩니다. 상태 변수 변화의 결과로 시스템에서 p<sub>j</sub> 라고 명시한 주요 공정은 분리된 줄에서 볼 수 있으며, 실제 공정율(동역학 식 또는 반응을 방정식)은 맨 우측의 열에서 살펴 볼 수 있습니다. 필요한 모든 동역학 파라미터는 테이블 우측하단에서 정의됩니다.

테이블 안에 들어 있는 값들은 v<sub>ij</sub> 라고 명시한 화학양론 파라미터 또는 관계식인데, 구성 성분에 대한 순수 공정율을 정의하는데 사용합니다. 이 파라미터는 구성 성분 사이의 질량 관계를 정의하고 테이블의 좌측 하단에 정의됩니다. 공정이 직접적으로 구성 성분 비율에 영향을 미치지 않을 경우, 테이블 셀은 비어있을 것입니다(이 경우 입력을 0으로 추측).

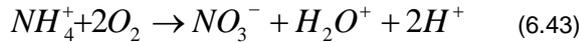
r<sub>i</sub> 로 명시한, 구성 성분의 순 반응율은 그 구성 성분의 질량 변화를 일으키는데 원인이 되는 모든 반응율의 합입니다. 순 비율을 결정하는데 사용한 식은 테이블에서 "Observed Conversion Rates"로 표시된 줄에 나옵니다. 모델을 매트릭스 형식으로 표현한다면, 이 식은 시각적으로 간단히 이해할 수 있게 됩니다. 구성 성분 변화에 대한 순 비율을 결정하기 위해서는, 관심 구성 성분의 열을 식별하는 것이 먼저이며 그 다음에는 입력 항목을 포함하는 테이블 셀을 찾을 때까지 그 열을 아래로 움직여 보십시오. 이 개별 공정 비의 합이 순 반응율입니다. 화학양론 파라미터를 포함하는 열에 있는 나머지 행에 대해서도 마찬가지로 해줍니다.

## 화학양론 파라미터

이 장의 생물학적 모델에서 나타나는 2 개의 일반적인 화학양론 파라미터는 그들의 각 화학 방정식에서 파생됩니다. 첫 번째는 탈질 방정식에 사용된 질소와 산소의 화학양론 파라미터입니다. 모든 생물학적 모델에 대한 모든 GPS-X 라이브러리에서 2.86 값을 사용합니다. 이 값은 다음식에 나타낸 물 비에서 파생됩니다:



산소 생산 질량: 질소 가스 생산 질량 비는 160:56 또는 2.86:1 입니다. 유사하게, 질산화에 필요한 산소와 질소의 화학양론 비(대부분의 생물학적 모델에 사용)는 4.57 로 다음식에 나타낸 물 비로부터 파생됩니다:



산소 질량: 질소 질량 비는 64:14 또는 4.57:1 입니다.

이 화학양론 비율은 변할 수 없으므로, 이 값은 사용자가 고치지 못하도록 GPS-X 에서 하드 코드화 되었습니다.

## 활성 슬러지 모델 NO. 1 (ASM1)

### 소개

IAWPRC (International Association on Water Pollution Research and Control) 위원회는 긴 SRT 및 박테리아의 낮은 성장률 때문에, 서로 다른 활성 슬러지 공정임에도 실제 유출 기질 농도가 크게 변하지 않는다는 것을 파악하였습니다. 확연히 다른 점은 MLSS 와 전자 수용체(산소 또는 질산염)의 레벨이었습니다. 이런 이유로 인하여 활성 슬러지 모델 No. 1 (GPS-X 에서 **asm1** 으로 칭함)은 고형물과 전자 수용체의 양과 변화를 예측하는 것에 중점을 두고 있습니다.

IAWPRC 는 모델 정확성과 실용성 사이에서 절충하였습니다. 그들은 시스템에서 일어나는 주요 생물학적 과정을 확인하고 실제 반응과 유사한 사용 가능한 가장 간단한 비율 식으로 그 과정을 특성화하였습니다.

현재 전자 수용체의 타입에 따라 달라지는 몇 가지 반응 때문에 *전환* 함수를 만들었습니다. 함수의 품은 다음과 같습니다:

$$\frac{S_o}{K_{OH} + S_o} \quad (6.44)$$

낮은 용존 산소 농도에서 ( $S_o$ ), 파라미터  $K_{OH}$ 는 식을 지배하고 0 에 가까워집니다.  $S_o$  값이 높을 경우에, 매개변수  $K_{OH}$ 는 무시할 수 있으며 식은 1 에 가까워집니다. *전환* 함수를 반대로 할 경우, 이렇게 높거나 낮을 때의 한계는 반대가 됩니다. 이 품의 *전환* 함수 사용의 결과는 시뮬레이션 하기 어려운 불연속 on/off 스위치와 다른 연속 함수입니다.

## 모델의 개념

활성 슬러지 모델링 개발에서, 유기물 양을 측정하는 방법(BOD, COD 또는 TOC)은 동일하지 않습니다. IAWRPC는 COD가 유기물 기질, 미생물 및 전자 수용체간에 전자 당량을 이뤄서 물질수지를 수행할 수 있기 때문에 이를 사용하기로 하였습니다.

유기 물질은 다양한 특성에 따라 분류됩니다. 첫째는 물질의 생분해성입니다. 비 생분해성 유기물은 시스템을 통과하면서 변하지 않고 물리적 상태(용해성 혹은 입자성)에 따라 분류되다가 다른 경로를 통해 제거됩니다. 입자성 물질은 일반적으로 펄슬러지와 함께 제거되는 반면, 용해성 물질은 유출수를 통해 제거됩니다. 생분해 가능한 물질은 쉽게 또는 천천히 생분해 가능한 것으로 분류됩니다. 전자는 용해성 물질로 취급하는 반면, 후자는 입자성 물질로 취급하였습니다(이는 엄밀히 말해 정확하지 않지만 물질을 단순화함). 쉽게 생분해 가능한 유기물은 세포 유지 또는 수용체로의 전자 이동에 따른 성장을 위해 이용될지도 모릅니다. 전자 수용체의 에너지원 이용이 없고 전자 수용체의 관련 이용이 없는 것을 전제로, 입자성 (천천히) 생분해 가능한 기질은 쉽게 생분해 가능한 물질로 가수분해됩니다.

가수분해율은 보통 쉽게 생분해 가능한 기질의 이용보다 더 느립니다. 따라서 천천히 생분해 가능한 기질만 유효할 경우에, 분해율 제한 단계가 있습니다.

미생물은 2 가지 형태로 구분:

1. 종속영양미생물
2. 독립영양미생물

종속영양 미생물은 호기 또는 무산소 조건하에서 쉽게 생분해 가능한 기질의 성장에 의해 생성되고 모든 조건하에서의 분해(내생 호흡, 사멸, 포식 및 세포 용해 포함)됩니다. 독립영양 미생물은 에너지원으로 암모니아만 이용하는 호기성 조건하에서 생성되고 모든 조건하에서 분해됩니다.

질소 물질은 물리적 상태와 질소의 생분해성에 따라 분류됩니다. 비 생분해성 입자성 물질은 비 생분해성 입자성 COD의 분율로 모델링 되는 반면, 비 생분해성 용해성 물질은 무시됩니다. 생분해성 질소 물질은 암모니아(유리 및 이온화)와 용해성 유기물과 입자성 유기물로 나뉩습니다. 입자성 유기물은 용해성 유기물로 가수분해 되는 반면, 용해성 유기물은 독립영양 미생물에 의해 암모니아로 변환됩니다. 독립영양 미생물에 의한 질산염의 암모니아 변환은 1 단계에서 일어나는 것으로 추정합니다.

asm1에 대한 모델 Matrix는 Appendix A에서 찾을 수 있습니다.

## 활성 슬러지 모델 NO. 2 (ASM2)

asm2는 최초 모델에서 에러와 결함을 바로잡은 asm2d 모델을 사용하기 때문에, GPS-X에서 더 이상 실행되지 않습니다.

## 활성 슬러지 모델 NO. 2D (ASM2D)

### 소개

이 모델(**asm2d**)은 활성 슬러지 모델 No. 2d (Henze *et al.*, 1998)를 실행합니다. 모델 구조, 디폴트 값 및 모든 다른 모델 양상은 간행물의 각 세부사항에 따릅니다.

이 모델은 **asm1**을 확장한 것으로, 1 차적으로 생물학적 인 제거 시스템을 다룹니다. 모델 매트릭스는 GPS-X 실행에 사용된 명명법으로 나타나 있습니다. 이 모델의 사용자는 이 모델의 세부사항에 대한 문헌을 참고하십시오(Henze *et al.*, 1998)

**asm2d** 모델은 CNP와 CNPIP 라이브러리에서 실행되고, 모델 Matrix는 Appendix A에서 찾을 수 있습니다.

### ASM2D 모델 구성

다른 모델과 비교하여 이 모델의 한 가지 주요 차이점은 매트릭스 설명에서 살펴볼 수 있습니다. 암모니아와 용해성 인의 화학양론 계수는 테이블 바깥 쪽에 열거되어 있습니다. 그 이유는 유기 질소 상태 변수(**xnd** 및 **snd**)를 소거하기 위함이며, 고정된 분율로써 다른 용해성 및 입자성 유기 성분들과 통합되어 있습니다. 유사하게, 인의 고정된 분율은 유기 성분에 포함됩니다. 상태 변수를 다음과 같이 설명합니다.

### 상태 변수

이 상태 변수의 각각은 유기 생분해 가능한 물질의 스펙트럼(spectrum)을 나타냅니다. 다른 상태 변수는 나머지 용해성 유기물을 모델하는데 사용되고 이는 생분해성이 아닙니다(**si**). 이 물질은 유입수 중의 일부분이고 가수분해 과정 중에 생성될 수도 있습니다. 용해성 질소 구성 성분은 1) 암모니아와 암모늄(**snh**); 그리고 2) 질산염과 아질산염(**sno**)으로 이루어져 있습니다. 이질소 가스(**snn**)가 만들어지는 것 또한 모델링되지만, 불 용해성으로 고려되어 액상에서 즉시 분리됩니다. 산소(**so**) 및 무기 용해성 인(**sp**)은 다른 2 가지 용해성 상태입니다. 무기 용해성 인은 전형적으로 정인산염(ortho-phosphate)입니다.

입자성 상태에서 보면, 모델은 미생물의 3 가지 형태를 포함합니다.

1. 유기 종속영양미생물 (**xbh**);
2. 질산화 미생물 (**xba**);
3. 인 축적 미생물 (**xbp**).

인 축적 미생물 상태 변수는 내부 저장 생산물을 포함하지 않고, 이는 따로 구별되는 상태변수입니다. 입자성 분해 불가능한 유기 물질 (**xi**)도 모델링됩니다. 비록 시스템에서 제거되지 않더라도, 세포 분해 동안에 생성될 수도 있습니다. 인 축적 미생물의 2 가지 내부 저장 생산물은:

1. 내부에 저장된 COD (**xbt**)
2. 다중-인산염 (**xpp**)

이러한 두 가지 구성 성분의 어느 쪽도 인 축적 미생물의 질량에 포함되지 않습니다. 마지막 상태 변수는 천천히 생분해 가능한 기질 (**xs**)로 기질로 이용하기 전에 가수분해를 겪어야만 합니다. 입자성 무기 비활성 고형물은 (**xii**) 시스템에 존재하지만, 생물학적 모델과 상호 작용하지는 않습니다.

## 공정

이 모델에서 설명한 공정은 네 그룹으로 분리합니다:

1. 가수분해를 포함하는 공정;
2. 종속영양미생물을 포함하는 공정;
3. 독립 영양미생물을 포함하는 공정;
4. 인 축적을 포함하는 공정.

가수분해 공정은 용해성 기질 (공정 1-3)로 천천히 생분해 가능한 유기 물질의 호기성, 무산소 및 혐기성 가수분해를 포함합니다. 3 개의 공정에 대한 비율 방정식은 유사합니다; 그러나, 각기 다른 환경 조건 하에서 비율 상수는 알려지지 않았습니다. 이 모델에서는 유기 질소의 가수분해를 포함하지 않습니다. 오히려, 유기 입자성 물질의 분율을 유기 질소로 추측하고, 그 결과 유기 입자성 기질로 동일한 비율에서 가수분해합니다.

종속영양 미생물 과정은 2 가지 기질 (공정 4 와 5), 무산소 관련 성장 (공정 6 과 7)을 포함합니다. 혐기성 조건 하에서 유기 물질의 발효작용 또한 공정 8 에서 설명합니다. 이 공정에 관해 조금 알려져 있기 때문에, 이 비율에 대한 동역학 파라미터의 큰 범위를 모델화 과정 중에 찾아낼 수도 있습니다. 공정 9 는 종속영양 미생물의 사멸 및 세포의 용해를 나타낸 것입니다.

공정 10-15 는 인 축적 박테리아를 설명합니다:

1. 발효 가능한 생산물의 내부 저장 (공정 10);
2. 다중-인산염의 내부 저장 (공정 11);
3. 다중-인산염 박테리아의 호기성 성장 (공정 12)
4. 박테리아 세포의 용해 및 그들의 관련 내부 저장 생산물 (공정 13~15).

모델에서 마지막 2 개의 공정은 질산화 균의 호기성 성장(공정 16)과 그들의 사멸과 세포 용해(공정 17)입니다. **mantis** 모델과 같은 모델의 동역학 파라미터는 온도에 따라 좌우됩니다. Arrhenius 타입과 유사한 함수는 이 의존성을 설명하는데 사용됩니다.

**asm2d** 모델은 **asm2** 모델의 확장입니다. **asm2d** 모델은 탈질 작용에서 세포 내부 저장 생산물을 사용하는 인 축적 미생물(PAOs)을 고려하기 위해 2 개의 추가 공정을 포함합니다. **asm2** 모델은 호기성 조건하에서 단지 성장하는 PAOs 를 추측하는데 반하여, **asm2d** 모델은 탈질 하는 PAOs 를 포함합니다.

### 활성 슬러지 모델 NO. 3 (ASM3)

활성 슬러지 모델 No. 3 은 (Gujer *et al.*, 1999) ASM1 과 관련되고 ASM1 의 몇 가지 결점을 수정합니다. 모델의 주요 특징은:

- 가수분해는 전자 공여체와 관계없고, 호기성 및 무산소 조건하에서 동일한 비율로 일어납니다.
- 낮은 무산소 수율 계수를 사용합니다.
- 내성 호흡으로써 미생물의 분해를 모델링 하였습니다 (asm1 에서 사용된 "사멸-재생" 개념 과 대응함).
- 무산소와 호기성 조건 하에서 종속영양 미생물에 의한 COD 의 저장을 모델링 하였습니다.
- 무산소와 호기성 단계에서 질산화 미생물의 분해율을 구별하는 것이 가능합니다.
- SND 의 암모니아화 및 생분해 가능한, 입자성 질소 (XND)의 가수분해는 생략합니다. 그 대신, 모든 유기물의 구성 성분이 일정하다고 가정합니다. (COD 비율에 따른 상수 N).
- 공정율에 따라 알칼리도 한계를 고려합니다.

그림 6-10 은 asm3 모델에서 시뮬레이션 되는 공정의 개략도를 나타냅니다.

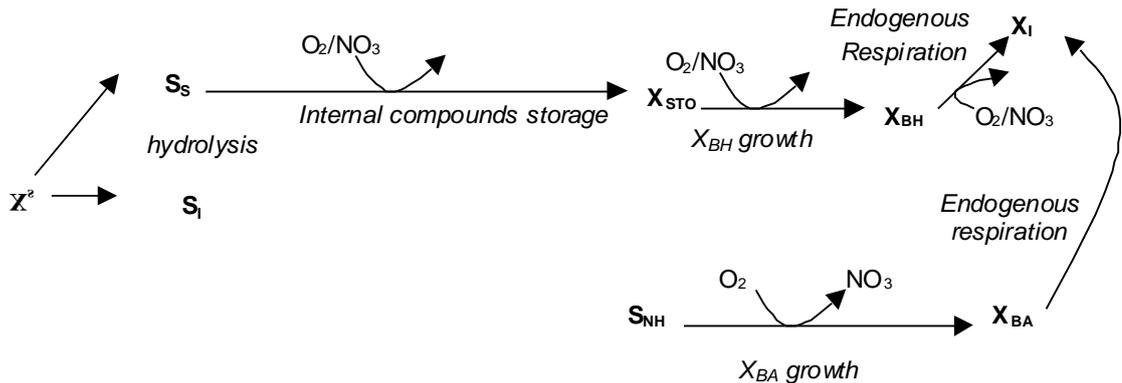


그림 6-10 ASM3 모델 프로세스

asm3 에 대한 모델 Matrix 는 Appendix A 에서 찾을 수 있습니다.

### MANTIS 모델 (MANTIS)

mantis 모델은 다음의 수정사항을 제외하고 IAWPRC 의 활성 슬러지 모델 No. 1(ASM1)과 동일합니다.

- 질산염을 영양소로 하는 종속영양 미생물의 성장을 허용하기 위해 두 가지 추가 성장 과정이 도입되었습니다.
- 성장을 위해 영양소 (및 적용 가능 라이브러리에서의 인)와 알칼리도로서 질소에 대한 전환 기능.
- 호기성 및 무산소 성장을 위해 산소에 대한 반포화 계수를 분리하여 동시에 질산화/탈질의 보정을 허용.

추가 성장 공정은 낮은 암모니아와 높은 질산염의 조건 동안에 관찰되는 미생물의 성장에 대해 설명합니다. 이런 조건에서, 미생물은 영양염류 원으로 질산염을 섭취할 수 있습니다.

동역학 파라미터의 온도 의존성은 Arrhenius 방정식으로 설명합니다. 이 모델을 설명하는 모델 matrix 에 대해서는 Appendix A 를 살펴보십시오.

호기성 탈질은 Münch 수정 (Münch 외, 1996)에 따라 모델에 포함되었습니다. 대다수의 경우, 모델러는 공간적으로 일어나는 분해능의 단순화 (이상적으로 혼합되는 포기조, floc 중핵에서 산소 확산 한계가 없음 등등)로 인해 그들의 모델에서 질산염 수준이 과하게 예측되는 것을 보아 왔습니다. 하나의 새로운 무산소 산소 반포화 계수로 구성된 새 수정은 호기성 성장과 무관하게 무산소 성장률을 조절할 수 있으며 계수 자체는 모델화된 플랜트 내에서 발생하는 호기성 탈질화 정도를 나타냅니다. 이 새로운 상수의 디폴트 값은 호기성 산소 반포화 계수와 동등하게 설정되어 있습니다.

## NEWGENERAL 모델 (NEWGENERAL)

### 소개

Dold's **general** 모델은 GPS-X 에서 더 이상 실행되지 않고 **newgeneral** 모델이 선호됩니다. 그러나 여기에서는 **general** 모델의 설명 (**newgeneral** 모델의 기초를 구성하는)을 하도록 하겠습니다.

다음 섹션에서 Dold's **general** 모델(1990)을 설명합니다. 이 모델은 non-polyP 종속영양 미생물 및 독립영양 미생물을 위한 ASM1 모델(Henze, 1987a, 1987b)과 polyP 미생물을 위한 Wentzel *et al.* (1989b) 모델의 조합에서 유도되었습니다.

### GENERAL 모델 구성 (NON-POLYP 미생물)

non-polyP 종속영양미생물 및 독립영양미생물 집단의 동역학 반응을 설명하기 위해 제안된 **general** 모델 구성 성분은 3 가지 수정/확장과 더불어 **asm1** 모델에 (Henze, 1987a, 1987b) 근거를 둡니다.

1. 세포 합성을 위한 질소원.
2. 짧은 사슬 지방산 (SCFAs: short-chain fatty acids) 으로 용해성 쉽게 생분해 가능한 COD 변환.
3. SCFA 를 이용하는 non-polyP 종속영양미생물의 성장.

### 세포 합성을 위한 질소원

초기 **asm1** 모델 버전 검토에서 Dold 및 Marais (1986)는, 특정 환경에서 암모니아성 질소 대신에, 질산염이 세포 합성 목적으로 질소원 역할을 할수 있다는 가정했습니다. 이 가정은 광범위한 기간에 걸쳐 긴 슬러지 일령과 높은 질산화 율을 나타내는 다단계의 반응조에서 수집된 데이터 분석으로부터 확인되었습니다. 암모니아 농도가 낮은 수준으로 떨어질 때, polyP 미생물 합성시 질소원으로써 질산염의 사용 Wentzel *et al.* (1989b)이 관찰되었습니다. 이 정보를 기반으로, 4 가지 성장 공정(세포 합성을 위한 질소원으로써 질산염이나 암모니아를 이용하는 non-polyP 종속영양미생물의 호기성 및 무산소 성장)을 주기 위해 추가적인 2 가지 공정을 **asm1** 모델 버전과 통합하였습니다.

## SCFA 상 NON-POLYP 종속영양미생물의 성장

**asm1** 모델에서 쉽게 생분해 가능한 용해성 COD 는 가능한 4 가지 성장 모드(목적에 대한 질소원으로써 질산염 또는 암모니아를 이용하는 호기성 또는 무산소 조건)에서 non-polyP 미생물에 의해 이용됩니다. BEPR (biologically-enhanced phosphorus removal) 시스템에서 "합성물"과 SCFA 쉽게 생분 가능한 COD 사이를 구별할 필요가 있습니다; 그러므로, 혼합 양식 시스템에서 쉽게 생분해 가능한 COD 의 2 가지 구성성분의 가능한 성장에 대해 설명하기 위하여 **asm1** 모델에 있는 4 가지의 성장 공정을 복제할 필요가 있습니다. SCFA 의 성장에 관하여 4 가지의 공정 중 질소원으로써 암모니아를 이용하는 무산소 성장 공정만이 중요할 것입니다. 이는 SCFAs 가 연속 흐름 시스템의 "front end"로 비포기 구역에서 제거되고 평가 가능한 농도로 호기성 구역에 들어가지 않기 때문입니다. 그러나, 명확성을 위해 **asm1** 모델에 있는 모든 4 가지 성장 공정은 기질로써 SCFA 를 이용하는 non-polyP 미생물의 성장에 대해 **general** 모델에서 설명하였습니다. "합성물" 쉽게 생분해 가능한 COD 와 SCFA 의 성장에 대한 동일한 동역학 공식 및 화학양론을 사용하였습니다.

## GENERAL MODEL 구성 성분 (POLYP 미생물)

polyP 종속영양미생물 및 독립영양미생물 집단의 동역학 반응을 설명하기 위해 제안된 **general** 모델 구성 성분은 Dold (1990)가 설명한 polyP 미생물의 무산소 성장에 대한 한 가지 추가 공정(및 무산소 성장에 대한 화학양론 계수인 *fup* 추가)과 더불어, Wentzel *et al.* (1989b)의 과잉 양식 모델에 근거를 둡니다. 과잉 양식에서 내생 공정으로부터 생분해 불가능한 용해성 COD 축적 현상을 주목했다는 것에 주의해야 합니다. Wentzel *et al.* (1989a)은 이 물질이 혼합 양식 시스템의 non-polyP 미생물에 의해 기질 원으로 이용될 것이라는 점을 시사하였습니다. 그렇다고 본다면, 혼합 양식 시스템에서의 발생 양이 작다는 측면에서 모델에는 아무런 수정이 하지 않았습니다.

동역학 파라미터 값은, **asm1** 모델과 같이, 섭씨 20°C에서의 값입니다.

**general** 모델의 결함을 바로잡은 **newgeneral** 모델 사용에 찬성하여, **general** 모델은 더 이상 GPS-X 에서 이용할 수 없습니다.

## NEW GENERAL 확장

**newgeneral** 모델은 영양염류 제거 시스템에서 보고되는 소위 'COD 손실'에 대한 부분의 설명이 추가되고 기본적으로 **general** 모델에 근거를 둡니다.

**newgeneral** 모델의 몇몇 주요 특징은 다음과 같습니다:

- 'COD 손실' 수율.
- 가수분해 효율 인자.
- 다른 전자 수용체 조건에서 종속영양미생물 증식 계수.

BNR 활성 슬러지 시스템의 모델링은 몇몇의 시설에서 물질 수지 문제를 확인하였습니다. 다시 말해, BNR 시설의 몇몇 실험과 플-스케일 평가로 플랜트에 들어가는 것과 나가는 것 사이의 불균형을 밝혔습니다(즉, 손실 COD 는 들어오는 것 보다 나가는 것이 더 적음, 다시 말해 COD'손실'). 이론적 및 모델링의 두 가지 관점에서, 이것은 몇몇 문제를 일으키고, 이러한 불균형에 관하여 전 세계적으로 인정된 설명은 없습니다. 그럼에도 불구하고, 이러한 불일치를 모델링해야 합니다:

- 가수분해 효율 인자 (무산소).
- 가수분해 효율 인자 (혐기조).
- 발효 휘발성 지방산 (VFA: volatile fatty acid) 수율.
- VFAs 가용화에서 PolyP PHB 수율.

**newgeneral** 모델은 BNR 공정에서 신뢰성이 높은 예측 도구임이 증명되었습니다. 그럼에도 불구하고, 사용자는 디폴트 조건에서 모델이 시스템 전반에 걸쳐 COD 균형의 결과를 가져오지 않는다는 것을 인식하고 있어야 합니다. COD 손실을 소거하기 위해 이 화학양론 손실과 관련된 개별 항은 1.0으로 설정되어 있습니다.

다양한 전자 수용체 조건에 따른 수율의 차이점에 대해 설명하기 위해 2가지 새로운 종속영양미생물 수율 항을 **newgeneral** 모델에 포함시켰습니다. **General** 모델은 전자수용체에 상관없이 동일한 수율을 가정하고, **Newgeneral** 모델은 산소와 질산염의 존재에 따라 다른 수율을 나타냅니다. 그 다른 수율은 다음과 같습니다.

- 수율 (무산소).
- 수율 (혐기성).

전체적으로, 2 개의 상태 변수와 8 개의 과정을 **general** 모델에 추가하였습니다:

## 상태 변수

- 비 방출 polyP (XPP).
- 용해성 무기 질소 (SNI).

## 과정

- 저장/포획된 COD의 무산소 가수분해.
- 저장/포획된 COD의 혐기성 가수분해.
- 호기성 분해상의 XPP 용해.
- 혐기성 분해상의 XPP 용해.
- PolyP 미생물의 무산소 용해.
- 무산소 분해상의 XPPR 용해.
- 무산소 분해상의 XPP 용해.
- 무산소 분해상의 XBT 용해.

## 인 섭취

모든 PolyP가 방출 가능한 것이 아니라는 증거가 존재하기 때문에, 비 방출 PolyP를 나타내는 새로운 상태 변수를 통합하였습니다. **newgeneral**에서 인 방출은 방출 가능한 PolyP와 방출 불가능한 PolyP 저장의 결과를 가져옵니다. 선택한 총 인에 근거하여 저장을 분할하는 것은 화학양론적으로 결정됩니다.

## POLYP 사멸

**general** 모델에서 PolyP 미생물은 호기성 또는 혐기성 공정에 따라 모델링됩니다. **newgeneral** 모델은 이 공정에 XBP 의 무산소 분해를 포함합니다. 이는 **general** 모델에서 이 변수의 호기성 용해와 유사한 방법으로 모델링 된 XBT 와 XPPR 의 무산소 용해의 결과를 가져옵니다. XPP 의 용해를 설명하기 위해, **newgeneral** 모델은 다음과 같은 과정 3 가지를 포함합니다: 호기성 용해, 무산소 용해, 혐기성 용해

## 가수분해

성장을 위해 적당한 용해성 물질로 입자성 COD 의 가수분해는 COD 주기에서 중요한 단계입니다. **general** 모델은 호기성 공정으로만 가수분해를 모델링 하였으나, **newgeneral** 모델은 무산소와 혐기성 조건하의 가수분해를 포함하고 COD '손실'에 대한 싱크(sink)로 이용합니다.

## 발효

SS 에서 SLF 로의 발효는 **general** 모델에서 비 성장 관련 과정인 반면에, **newgeneral** 모델에서 이 과정은 종속영양미생물의 성장과 관련되고 발효된 COD 의 양을 새로운 바이오매스로 규정짓습니다. 그러나 가수분해처럼 과정중에 COD 손실부분을 포함하기 때문에 이 과정의 화학양론은 똑같이 중요합니다.

**newgeneral** 에 대한 모델 Matrix 는 Appendix A 에서 찾을 수 있습니다.

## 통합 모델 (MANTIS2)

### 소개

폐수 처리 시설에서 가장 일반적으로 관찰되는 생물학적, 물리적 및 화학적 과정을 통합한 새로운 포괄적 모델이 GPS-X 에서 개발되고 구현되었습니다. MANTIS2 는 Hydromantis 가 연구 및 개발을 통해 고객에게 최첨단 모델을 제공하려는 결실의 결과입니다. MANTIS2 모델은 지난 10 년간 기술 문헌에서 많은 정보를 제공합니다. 포괄적인 모델 개발의 동기는 ASM2d 와 ADM1 의 발표 이후에 스트루바이트 결정화, 질소 제거를 위한 질산화 - anammox 와 같은 사이드 스트림 처리 공정과 다른 침강 공정들을 통합하기 위해 모델의 기능을 확장하는 것에 대한 관심이 커지고 있다는 사실에서 비롯되었습니다. ASM2d 와 ADM1 사이의 상태 변수 인터페이스는 잘 정의되어 있지만 두 모델 간의 상태 변수 매핑은 모델 구현시 실제적인 문제점을 나타내며 모델링의 융통성을 제한합니다.

### MANTIS2 모델 구성

MANITS2 모델의 주요한 구성은 다음과 같습니다.

- Carbon, Nitrogen and Phosphorous removal with integrated anaerobic digestion processes
- Mass balance for COD, C, N, P, Ca, Mg, K and charge
- 48 state variables (21 soluble + 27 particulate)
- 56 processes
- Two step nitrification using AOB, NOB

- Two step de-nitrification
- Methanol degradation process with methylotroph biomass
- ANAMMOX process
- Anaerobic digestion processes with gas phase modeling for N<sub>2</sub>, CO<sub>2</sub>, H<sub>2</sub> and CH<sub>4</sub>
- pH and alkalinity estimation in both liquid and solid train
- Precipitation of MgNH<sub>4</sub>PO<sub>4</sub> · 6H<sub>2</sub>O, CaCO<sub>3</sub>, MgHPO<sub>4</sub> · 3H<sub>2</sub>O, CaPO<sub>4</sub>, AlPO<sub>4</sub>, FePO<sub>4</sub>, Al(OH)<sub>3</sub> and Fe(OH)<sub>3</sub>
- Unified composite variable calculation

MANTIS2 모델은 MANTIS2 라이브러리에서 적용할 수 있습니다. 이 모델은 액체와 고체 라인의 pH 추정을 가능하게 합니다. 따라서, 유입수 객체에 pH 조절을 위하여 추가적인 산, 알칼리 주입을 할 수 있습니다.

통합 MANTIS2 모델의 기본적인 구조는 다음 모델에 근거하여 작성되었습니다.

1. ASM2d – 생물학적 C, N, P 제거에 대한 기본 반응
2. UCTADM1 – 혐기성 소화 공정
3. Musvoto 모델 – 무기물 침강 공정

이 외에도 newgeneral, ADM1, UCTCN, MANTIS 모델 등을 토대로, 동영학 계수 및 양론계수를 정리하여 구조화 하는데 참고하였습니다. 또한 최근 연구가 활발한 2 STEP 질산화, 2 STEP 탈질, 메탄을 탈질 및 ANAMMOX 공정 등을 추가하였습니다.

## 상태 변수

MANTIS2 모델 상태변수의 상세 설명은 3 장, **GPS-X 상태변수 라이브러리의 복합 모델 라이브러리 (MANTIS2LAB)**에 설명되어 있습니다.

용해성 상태는 4 가지 범주로 구분이 됩니다: 용해성 비활성 유기물, 용해성 생분해가능 유기물, 용해성 무기 이온, 용존 가스. 각 범주의 상태는 다음과 같습니다.

### Soluble Inert Organics

1. 용해성 비활성 유기물 (si)

이 상태변수는 하수에서 비활성유기물을 의미하는 것입니다. 용해성 비활성 유기물은 하수 처리공정에서 분해되지 않습니다. MANTIS2 모델은 느리게 생분해하는 기질의 가수분해 공정에서 용해성 비활성 유기물이 생성되는 것으로 간주합니다. 디플트 값으로, 용해성 비활성 유기산물의 비율은 0으로 설정되어 있습니다. 혐기성 소화 공정에서, 이 값은 0이 아니라 소화조의 용해성 비활성 COD의 값을 보정한 값으로 설정합니다.

### **Soluble Biodegradable Organics**

1. acetate (**sac**)
2. propionate (**spro**)
3. methanol (**smet**)
4. fermentable substrate (**ss**)
5. colloidal substrate (**scol**)

ASM2D 의 발효 기질 상태(slf)는 아세테이트(sac)와 propionate(spro) 상태 두가지로 나뉘어집니다. Spro 는 혐기성 소화에서 발생하는 중요한 부산물중의 하나의 기능도 포함하고 있습니다.

모델에 메탄올(smet)의 추가적인 상태도 포함하고 있습니다. 싱글 카본 메탄올은 일반적인 종속영양물질에 의한 것이 아닌 특수 미생물에 의한 분해를 포함하고 있습니다. 이 추가적인 상태는 methylophilic 미생물의 분해 기질에 근거한 분해과정을 추적하는데 도움이 됩니다.

콜로이드 상태의 기질에 대한 정확한 정의가 없지만, 모델링의 목적을 위하여 0.45 ~ 1.2 um(micro meter) 사이에 있는 기질 COD 의 할당량을 의미하는 것입니다. 일반적으로 이것들은 산화 전에 가수분해를 요구하는 고분자들입니다. 이런 COD 들은 각 단위 공정에서 다르게 행동합니다. 예를 들어, 콜로이드 COD 는 다음과 같습니다.

- 침전지에서 고액 구분에서 용해성
- 생물학적 분해에서 입자성
- 막 분리에서 용해성 혹은 입자성

### **용해성 무기물(Soluble Inorganic)**

용해성 유기물 상태변수에 추가로, mantis2 모델에서는 다음과 같은 무기물 상태를 고려합니다. soluble inorganic carbon (**stic**), soluble nitrite-N (**snoi**), soluble nitrate-N (**snoa**), soluble Ammonia-N (**snh**), soluble Organic nitrogen (**snd**), soluble ortho-P (**sp**), dissolved calcium (**sca**), dissolved (**smg**), dissolved potassium (**spot**), dissolved anion (**sana**), dissolved cation (**scat**). 이런 무기물 상태변수는 하수처리장의 다양한 공정에서 나타나는 pH 의 변화, 무기물 침강, N, P 전환 등을 고려하기 위해서 사용됩니다.

용해성 무기 탄소, stic 는 탄소계 산 시스템 즉,  $H_2CO_3$ ,  $HCO_3^-$ ,  $CO_3^{2-}$  에서 모든 이온 물질의 합을 나타내기 위해 사용됩니다. ASM2D, New General 과 같은 이전 모델에서는 알칼리도(salk)는 하수에서 buffer capacity 를 표현하기 위해 사용하였습니다. MANTIS2 에서 용해성 무기 탄소는 보존된 양이므로 알칼리도 대신 상태변수로 사용됩니다. 모델의 알칼리도는 용해성 무기 탄소와 시스템의 예상 pH 를 고려하여 추정됩니다.

용해성 질소의 두가지 산화 형식인 용해성 nitrite 와 nitrate 는 two step 질산화 공정을 모델링하기 위해 사용됩니다.

추가적인 무기물 상태변수인 용해성 칼슘(sca), 용해성 마그네슘(smג)는 이온 물질에 관한 침강 반응을 고려하는데 중요한 요소로 사용됩니다. 용해성 칼륨(spot)은 다중인산염의 형성과 분해 동안에 칼륨의 섭취와 방출을 모델링하는데 사용됩니다. 용해성 음이온(sana)과 양이온(scac)은 하수의 기타 모든 강 양이온, 음이온을 나타냅니다. 이들은 하수에서 pH 추정에 따른 전하 균형 수식을 만드는데 사용됩니다.

### 용해성 가스 (Soluble Gases)

용해성 산소 (so) 외에도, MANTIS2는 질소 (sn2), 메탄 (sch4) 및 수소 (sh2)에 대한 용해성 가스 상태를 포함합니다. 용해 가능한 CO<sub>2</sub>는 하수의 pH와 stic 농도에 의해 추정됩니다. 용해성 산소는 호기성 생물학적 시스템에서 중요한 역할을 합니다. 다른 가스는 혐기성 소화 및 발효 공정과 관련이 있습니다. 각각의 용해성 가스에 대해 기체-액체 전달 방정식을 사용하여 단위 공정에서 가스의 용해/스트리핑을 모델링합니다.

모델에서 입자성 상태는 입자성 비활성 유기물, 입자성 유기물 기질/저장, 활성 바이오매스 및 입자성 무기물의 4 가지 범주로 분류됩니다.

### 입자성 비활성 유기물

이 모델에는 모델 내 세포 사멸에서 비활성 유기 입자 (xi)와 생분해되지 않는 유기 물질 (xu)라는 두 가지 상태변수가 포함됩니다. 비활성 유기 입자는 유입 폐수에 의해 기여되는 비활성 유기물 분율이다. 비활성 유기 화합물에 대한 두 가지 상태를 갖는 것은 폐수로부터 축적된 비활성 유기물의 양과 시스템에서 세포 사멸에 의해 생성되는 양의 차이를 쉽게 구별 할 수 있게 합니다.

### 입자성 유기 기질/저장

MANTIS2는 하나의 입자성 유기 기질 (xs)과 세포 내 PHA (xbt)를 위한 하나의 유기 저장 화합물을 제공합니다. 이 상태는 ASM2D 및 New General 모델의 상태변수와 동일합니다.

### 활성 미생물 (active biomass)

Mantis2 모델에서는 몇 가지 바이오매스 상태변수가 추가되었습니다. Two step 질산화 공정을 모델링 하기 위하여 두가지 독립영양 미생물인 암모니아 산화제 (xbai)와 아질산염 산화제(xbaa)가 고려됩니다. Methylophilic 미생물 (xbmet)은 메탄올의 생분해를 모델링하기 위해 사용됩니다. 발효 미생물(xbf), Acetogen(xbpro), Acetate Methanogens(xbacm), Hydrogen methanogens(xbh2m)은 혐기성 소화에서 혐기성 전환을 모델링하는 것이 포함됩니다.

### 입자성 무기물(Particulate Inorganic)

입자성 무기물 상태변수는 Aluminum hydroxide, Aluminum phosphate, Iron hydroxide, Iron phosphate, Calcium carbonate, Calcium phosphate, Magnesium hydrogen phosphate, Magnesium carbonate, Ammonium magnesium phosphate (struvite)와 같은 침강물질을 모델링하는 것을 포함합니다. 추가적으로 이런 입자성 비활성 유기물 침강물질은 하수에서 확인되지 않은 무기물질에 대한 합성변수로 사용됩니다. 느리게 생분해되는 유기물과 관련한 N 과 P 구성요소는 느리게 분해하는 N, P 로 포함합니다. PAO 에 축적되는 무기 다중인산염 역시 상태변수로 포함합니다.

### 합성 변수 (Composite Variables)

Mantis2 모델은 합성변수를 추정하기 위한 각 상태변수에 대한 잘 정의된 동역학으로 사용합니다. 합성변수에 대한 상태변수와 해당 관계는 GPS-X 합성 변수 계산을 설명한 부분을 참고하십시오.

MANTIS2는 각 상태 변수에 대해 잘 정의된 화학양론을 사용하여 합성 변수를 추정합니다. 합성 변수에 대한 상태 변수와 그 관계는 4 장, **GPS-X 합성 변수 계산의 MANTIS2LIB 에서의 합성 변수** 섹션에 나와 있습니다.

### 공정

Mantis2 모델에서 포함되는 공정은 다음과 같습니다.

#### 흡착 / Enmeshment

1. **콜로이드성 COD 의 흡착:** 콜로이드성 COD(scol)는 종속영양미생물에 처음으로 흡착됩니다. 흡착된 콜로이드성 COD 는 느린 생분해가능한 COD (xs)의 일부가 되고 박테리아 대사 전에 가수분해를 필요로 합니다. 일반적인 종속영양 유기물과 발효 유기물은 가수분해 공정에 관여하므로, 흡착율은 두가지 유기물 농도의 합 (sum)으로 정의합니다. 흡착율은 콜로이드성 COD 에 대해 1 차 반응입니다. 흡착율을 감소시키기 위해서 저해 조건이 추가되었고, 흡착되는 미생물의 증가에 대한 느리게 생분해되는 COD 의 비율로 나타냅니다.

#### 종속영양 미생물 매개 공정

2. **호기성 가수분해:** 종속영양 미생물 미생물은 느린 생분해 기질 Xs 의 가수분해에 참여하는 것으로 고려되고 발효성 기질(ss)의 생성을 야기합니다. 표면층에 한정된 가수분해 동역학은 ASM1 과 ASM2d 모델과 유사합니다. 일반적인 종속영양 유기물과 발효 유기물은 둘 다 가수분해 공정에 관여합니다.
3. **무산소 가수분해:** 이 가수분해 공정은 무산소 조건에서 활성화 됩니다. 호기성 가수분해율의 산소 포화 조건은 산소 저해 조건으로 교체됩니다. NO<sub>x</sub> (NO<sub>2</sub>-N+NO<sub>3</sub>-N) 포화 조건을 추가합니다. 무산소 가수분해 저감 요소( $\eta_{nox}$ )로 특정 가수분해율을 감소시킵니다.
4. **혐기성 가수분해:** 이 가수분해 공정은 혐기성 조건에서만 활성화 됩니다. 반응율은 산소와 NO<sub>x</sub> 저해 조건을 포함하고 있습니다. 혐기성 가수분해 저감 요소 ( $\eta_{anaer}$ )로 특정 가수분해율을 감소시킵니다.
5. **암모니아화 (Ammonification):** 암모니아화 공정은 용해성 유기 질소를 암모니아성 질소로 전환합니다. 일반 종속영양 유기물과 발효 유기물은 둘 다 암모니아화 공정에 관여합니다. 암모니아화 동역학은 ASM1 과 유사합니다.
6. **전자 수용체로써, O<sub>2</sub> 를 사용하는 발효 기질 (ss)의 성장:** 종속영양 미생물의 성장은 호기성 조건에서 발생합니다. 이 공정의 반응율은 ASM2d 모델에서 다수 기질의 동역학의 개념과 관련합니다. 성장율은 종속영양 미생물에서 이용 가능한 총 용해성 기질 (ss+sac+spro)에 대한 발효성 기질의 비율에 비례합니다. 다른 미생물의 성장 화학양론과 주요하게 다른 점은 미생물 성장 동안에 N, P, Ca, Mg, K, 양이온, 음이온의 섭취입니다. Ca, Mg, K 의 농도는 성장할 동안 제한이

없는 것으로 가정합니다. 필요하다면, 각 미량 영양소에 대한 포화 조건을 모델 방정식에 간단하게 추가할 수 있습니다. 성장 동역학은 후에 성장 동역학 조건에 pH 저해 조건을 추가할 계획이므로, 알칼리도 포화 함수를 사용하지 않습니다.

7. 전자수용체로써,  $O_2$  를 사용하는 **acetate (sac)**의 성장: acetate 에서의 호기성 종속영양 미생물 성장 과정은 성장률이 종속영양 바이오매스에 이용 가능한 총 용해성 기질 (**ss+sac+spro**)에 대한 acetate 농도의 비율에 비례한다는 것을 제외하고는 공정 6 번과 유사합니다.
8. 전자수용체로써,  $O_2$  를 사용하는 **propionate (spro)**의 성장: propionate 에서의 호기성 종속영양 미생물 성장 과정은 성장률이 종속영양 바이오매스에 이용 가능한 총 용해성 기질 (**ss+sac+spro**)에 대한 propionate 농도의 비율에 비례한다는 것을 제외하고는 공정 6 번과 유사합니다.
9. 전자수용체로써,  $NO_3$  를 사용하는 **발효성 기질(ss)** 성장: 이 공정에서 종속영양미생물의 성장은  $NO_3-N$  가 있는 상태에서 발생합니다. 이 공정의 화학 양론은  $NO_3-N$  에서  $NO_2-N$  의 일부 감소를 고려하여 개발하였습니다. 이 반응 속도는  $NO_3-N$  에 대한 포화조건과 산소에 대한 저해조건을 사용합니다. 본 성장율은 종속영양 미생물에 이용가능한 총 용해성 기질(**ss+sac+spro**)에 대한 발효성 기질의 비율에 비례하는 것으로 간주합니다. 반응 속도는 시스템에서 총  $NO_x$  질소에 대한  $NO_3-N$  의 비율로 종속영양미생물의 양을 저감시킵니다. 종속영양 미생물이  $NO_3-N$  에서  $NO_2-N$  로 전환이 될 때,  $NO_2-N$  에서  $N_2$  가스 전환은 하지 않는 것으로 가정합니다.
10. 전자수용체로써,  $NO_3$  를 사용하는 **acetate (sac)** 성장:  $NO_3-N$  를 사용하는 acetate 의 종속영양미생물의 공정은 9 번 공정과 유사합니다. 단, 다른 점은 종속영양 미생물에서 성장율이 총 용해성 기질(**ss+sac+spro**)에 대한 acetate 농도의 비율에 비례한다는 것입니다.
11. 전자수용체로써,  $NO_3$  를 사용하는 **propionate (spro)** 성장:  $NO_3-N$  를 사용하는 propionate 의 종속영양미생물의 공정은 9 번 공정과 유사합니다. 단, 다른 점은 종속영양 미생물에서 성장율이 총 용해성 기질(**ss+sac+spro**)에 대한 propionate 농도의 비율에 비례한다는 것입니다.
12. 전자수용체로써,  $NO_2$  를 사용하는 **발효성 기질(ss)** 성장: 이 공정에서 종속영양미생물의 성장은  $NO_2-N$  가 있는 상태에서 발생합니다. 이 공정의 화학 양론은  $NO_2-N$  에서  $N_2$  가스의 일부 감소를 고려하여 개발하였습니다. 이 반응 속도는  $NO_2-N$  에 대한 포화조건과 산소에 대한 저해조건을 사용합니다. 본 성장율은 종속영양 미생물에 이용가능한 총 용해성 기질(**ss+sac+spro**)에 대한 발효성 기질의 비율에 비례하는 것으로 간주합니다. 반응 속도는 시스템에서 총  $NO_2-N$  질소에 대한  $NO_x$  비율로 종속영양미생물의 양을 저감시킵니다. 종속영양 미생물이  $NO_2-N$  에서  $N_2$  가스로 전환이 될 때,  $NO_3-N$  에서  $NO_2-N$  가스 전환은 하지 않는 것으로 가정합니다.
13. 전자수용체로써,  $NO_2$  를 사용하는 **acetate (sac)** 성장: 이 공정은 12 번 공정과 유사합니다. 다른 점은 종속영양 미생물에서 성장율이 총 용해성 기질(**ss+sac+spro**)에 대한 acetate 농도의 비율에 비례한다는 것입니다.
14. 전자수용체로써,  $NO_2$  를 사용하는 **propionate(spro)** 성장: 이 공정은 12 번 공정과 유사합니다. 다른 점은 종속영양 미생물에서 성장율이 총 용해성 기질(**ss+sac+spro**)에 대한 propionate 농도의 비율에 비례한다는 것입니다.

15. **중속영양 미생물의 사멸:** 중속영양 미생물의 사멸에 대한 공정은 ASM2d 모델과 유사합니다. 주된 차이점은 미생물 조성에 대한 N, P, Ca, Mg, K, 양이온, 음이온의 생성에 대한 것입니다.

### 독립영양 미생물 매개 공정

NH<sub>3</sub>-N 에서 NO<sub>3</sub>-N 로 전환하는 two step 전환을 고려한 것입니다. 이 과정은 순서적으로 ammonia oxidizer 와 nitrite oxidizer 에 의해서 발생합니다.

16. **Ammonia oxidizer 의 성장:** ammonia oxidizer 성장 과정은 산소의 존재 하에서 NH<sub>3</sub>-N 을 NO<sub>2</sub>-N 으로 산화시킵니다. 반응율은 암모니아 및 산소 포화도를 사용합니다. 공정의 화학양론은 NH<sub>3</sub>-N 의 NO<sub>2</sub>-N 으로의 전환에 기초하여 개발되었습니다.
17. **Nitrite oxidizer 의 성장:** nitrite oxidizer 의 성장 과정은 산소 존재 하에서 NO<sub>2</sub>-N 을 NO<sub>3</sub>-N 으로 산화시킵니다. 반응율은 NO<sub>2</sub>-N 과 산소 포화도를 사용합니다. 공정의 화학양론은 NO<sub>2</sub>-N 의 NO<sub>3</sub>-N 으로의 전환에 기초하여 개발되었습니다.
18. **Ammonia oxidizer 의 사멸:** 암모니아 oxidizer 사멸에 대한 공정은 ASM2d 모델과 유사합니다.
19. **Nitrite oxidizer 의 사멸:** nitrite oxidizer 사멸에 대한 공정은 ASM2d 모델과 유사합니다.

### PAO(Phosphate accumulating organisms) 매개 공정

PAO 와 관련된 본 공정은 ASM2d 모델에 근거한 것입니다. propionate 의 PHA 저장, 전자 수용체로서 NO<sub>2</sub> 를 사용하는 PHA 에 대한 PAO 의 성장, NO<sub>2</sub> 를 사용하는 XPP 의 무산소 저장의 3 가지 공정이 PAO 에 의해 매개되는 공정에 추가되었습니다.

20. **Acetate 를 사용한 PAO 에 의한 PHA 의 저장:** ASM2d 에서 acetate 를 사용하는 PAO 에 의한 PHA 저장의 반응 속도식은 PAO 에 의해 사용되는 또 다른 VFA 인 propionate 의 효과를 포함하도록 수정됩니다. PAO 가 각 기질의 가용성에 비례하여 동시에 acetate 와 propionate 를 활용할 수 있다고 가정하여 반응 속도식이 수정됩니다.
21. **Propionate 을 사용한 PAO 에 의한 PHA 의 저장:** 이 공정은 Mantis2 에서 제시된 새로운 공정이고 propionate 을 사용한 PAO 에 의한 PHA 의 저장을 설명합니다. 동역학과 화학양론은 20 번에서 설명한 개념에 근거합니다.
22. **전자수용체로서, O<sub>2</sub> 를 사용하는 PHA 에 대한 PAO 의 성장:** 이 공정에 대한 화학양론 및 반응 속도식은 ASM2d 와 유사합니다.
23. **전자수용체로서, O<sub>2</sub> 를 사용하는 PHA 에 대한 XPP 의 성장:** 이 공정에 대한 화학양론 및 반응 속도식은 ASM2d 와 유사합니다.
24. **전자수용체로서, NO<sub>3</sub> 를 사용하는 PHA 에 대한 PAO 의 성장:** 이 PAO 성장 과정은 NO<sub>3</sub>-N 의 존재 하에서 이루어집니다. 이 공정의 화학양론은 NO<sub>3</sub>-N 을 NO<sub>2</sub>-N 으로 부분적으로 환원시키는 것을 고려하여 개발되었습니다. 공정에 대한 반응 속도식은 산소에 대한 억제 항과 NO<sub>3</sub>-N 에 대한 포화 항을 사용합니다. 반응 속도식은 또한 시스템에서 이용 가능한 총 NO<sub>x</sub> 질소에 대한 NO<sub>3</sub>-N 의

분율에 의한 PAO 바이오 매스의 양을 감소시킵니다. PAO 바이오 매스가  $\text{NO}_3\text{-N}$  을  $\text{NO}_2\text{-N}$  으로 전환 될 때,  $\text{NO}_2\text{-N}$  을  $\text{N}_2$  가스로 전환시키는데 관여하지 않는다고 가정합니다.

25. **전자수용체로써,  $\text{NO}_3$  를 사용하는 PHA 에서 XPP 의 저장:** 이 공정에서, 폴리 인산염의 저장은 저장된 PHA 화합물이 전자 수용체로서  $\text{NO}_3\text{-N}$  을 사용하여 산화되는 동안 일어납니다.  $\text{NO}_3\text{-N}$  의  $\text{NO}_2\text{-N}$  로의 부분 환원만이 공정 화학양론 수식에서 고려됩니다. 24 번 공정과 유사하게,  $\text{NO}_3\text{-N}$  과  $\text{NO}_x\text{-N}$  의 비율에 해당하는 감소 인자가 이 공정을 매개하는 전체 바이오 매스 분율을 설명하기 위해 적용됩니다.
26. **전자수용체로써,  $\text{NO}_2$  를 사용하는 PHA 에서 PAO 의 성장:** PAO 성장의 이 과정은  $\text{NO}_2\text{-N}$  의 존재 하에서 일어납니다. 이 과정의 화학양론은  $\text{NO}_2\text{-N}$  에서  $\text{N}_2\text{-N}$  으로의 부분 환원을 고려하여 개발되었습니다. 이 공정의 반응 속도식은 산소에 대한 억제 항과  $\text{NO}_2\text{-N}$  에 대한 포화 항을 사용합니다. 또한 시스템에서 이용 가능한 총  $\text{NO}_x$  질소에 대한  $\text{NO}_2\text{-N}$  의 비율로 PAO 바이오매스의 양을 감소시킵니다. PAO 바이오매스가  $\text{NO}_2\text{-N}$  을  $\text{N}_2\text{-N}$  으로 전환 할 때,  $\text{NO}_3\text{-N}$  의  $\text{NO}_2\text{-N}$  으로의 전환에 관여하지 않는 것으로 가정합니다.
27. **전자수용체로써,  $\text{NO}_2$  를 사용하는 PHA 에 대한 XPP 의 저장:** 이 공정은 저장된 PHA 가 전자수용체로  $\text{NO}_2\text{-N}$  을 사용하여 산화하는 동안에 poly-phosphate 가 저장되는 것입니다.  $\text{NO}_2\text{-N}$  에서  $\text{N}_2$  로의 전환은 공정 화학양론 공식에서 고려됩니다. 26 번과 유사하게, 감소 계수는  $\text{NO}_2\text{-N}/\text{NO}_x\text{-N}$  농도 비율과 동일하고, 이 공정을 매개로 하여 총 미생물에 대한 비율을 설명합니다.
28. **PAO 의 사멸:** 이 공정에 대한 화학양론과 속도 반응식은 알칼리도 포화 조건을 사용하지 않는 것을 제외하고는 ASM2d 와 동일합니다.
29. **XPP 가수분해:** 이 공정에 대한 화학양론과 속도 반응식은 알칼리도 포화 조건을 사용하지 않는 것을 제외하고는 ASM2d 와 동일합니다.
30. **PHA 가수분해:** 이 공정에 대한 화학양론과 속도 반응식은 알칼리도 포화 조건을 사용하지 않는 것을 제외하고는 ASM2d 와 동일합니다.

### **Methylootrophs 매개 공정**

Methylootrophs 의 single population 은 모델에 포함된 single carbon 기질인 메탄올을 분해합니다. 이 미생물에 대한 4 가지 반응 공정이 고려됩니다.

31. **전자수용체로써,  $\text{O}_2$  를 사용하는 methanol 에 대한 methylootrophs 의 성장:** 이 공정의 동역학과 화학양론은 증속영양 미생물의 원리를 사용하여 개발되었습니다. Methylootrophs 성장에 대한 속도 반응식은 산소 포화와 메탄올 포화 조건을 포함하고 있습니다. 메탄올에 대한 미생물 수율은 기타 탄소원보다 상당히 작게 설정합니다. 따라서, 다른 수율 계수가 공정 화학양론에서 사용됩니다.
32. **전자수용체로써,  $\text{NO}_3$  를 사용하는 methanol 에 대한 methylootrophs 의 성장:** methylootrophs 은 메탄올을 산화하기 위해서 중간 전자수용체로  $\text{NO}_3\text{-N}$  를 사용합니다. 이 공정의 화학양론은  $\text{NO}_3\text{-N}$  에서  $\text{NO}_2\text{-N}$  로의 부분 환원을 고려하였습니다. 반응속도식은  $\text{NO}_3\text{-N}$  에 대한 포화 조건과 산소 저해 조건을 사용합니다. 시스템에서 총  $\text{NO}_x$  질소 에 대한  $\text{NO}_3\text{-N}$  의 비율로 미생물의 양을

감소시킵니다. methylotroph 미생물이  $\text{NO}_3\text{-N}$  에서  $\text{NO}_2^-$  로 전환될 때,  $\text{NO}_2\text{-N}$  에서  $\text{N}_2$  로의 전환에는 참여하지 않습니다.

33. **전자수용체로써,  $\text{NO}_2$  를 사용하는 methanol 에 대한 methylotrophs 의 성장:** 이 공정은 탈질의 두번째 과정에 해당합니다. 이 공정의 화학양론은  $\text{NO}_2\text{-N}$  에서  $\text{N}_2\text{-N}$  의 부분 환원을 고려한 것입니다. 반응속도식은  $\text{NO}_3\text{-N}$  에 대한 포화 조건과 산소 저해 조건을 사용합니다. 시스템에서 총  $\text{NO}_x$  질소 에 대한  $\text{NO}_2\text{-N}$  의 비율로 미생물의 양을 감소시킵니다. methylotroph 미생물이  $\text{NO}_2\text{-N}$  에서  $\text{N}_2\text{-N}$  로 전환될 때,  $\text{NO}_3\text{-N}$  에서  $\text{NO}_2\text{-N}$  로의 전환에는 참여하지 않습니다.

34. **methylotrophs 의 사멸:** methylotrophs 의 사멸은 미생물 농도와 관련하여 1 차 반응식을 이용하여 모델링합니다.

### 혐기성 미생물 매개 공정

Mantis2 모델에서는 혐기성 미생물에 관련된 공정을 포함하고 있습니다. 혐기성소화조와 기타 혐기성 처리기술을 이용한 엄격한 혐기성 조건에서 관찰되는 중요한 현상을 대표하는 것입니다. Cape Town 대학교(UCTADM1)에서 개발한 혐기성 소화조 모델을 토대로 개발하였습니다. 공정에 대한 속도반응식 및 양론은 molar 단위에서 COD 단위로 바꿉니다. phosphorus, Ca, Mg, K, 양이온과 음이온에 대한 물질수지(mass balance)를 수정합니다. 혐기성 미생물은 위에 언급한 사멸 공정에 따라서 사멸합니다. 느리 분해되는 기질은 공정 번에 따라서 혐기성으로 가수분해됩니다. 결국 용해성 발효 기질은 아래에 설명하는 공정에 따라서  $\text{CH}_4$ 와  $\text{H}_2$ 로 전환됩니다.

35. **낮은  $\text{H}_2$ 에서 발효성 박테리아의 성장:** 이 공정은 낮은  $\text{H}_2$ 의 부분압 조건에서 acidogen 에 의해서 발효가 되는 모델입니다. 화학양론식은 발효가능한 기질(glucose)에서 acetic acid,  $\text{H}_2$ ,  $\text{CO}_2$ 으로 전화되는 것을 기본으로 합니다. 동역학식은  $\text{H}_2$  부분압이 증가할 때 반응식의 감소시키기 위해서  $\text{H}_2$  저해조건을 사용합니다.

36. **높은  $\text{H}_2$ 에서 발효성 박테리아의 성장:** 이 공정은 높은  $\text{H}_2$ 의 부분압 조건에서 acidogen 에 의해서 발효가 되는 모델입니다. 화학양론식은 발효가능한 기질(glucose)에서 acetic acid,  $\text{H}_2$ ,  $\text{CO}_2$ 으로 전화되는 것을 기본으로 합니다. 동역학식은  $\text{H}_2$  부분압이 증가할 때 반응식의 증가시키기 위해서  $\text{H}_2$  포화조건을 사용합니다.

37. **발효 미생물의 사멸:** 발효 미생물의 사멸에 대한 화학양론과 동역학 식은 기타 미생물의 종류의 원리와 동일합니다.

38. **Propionate 에서 acetogens 의 성장:** 이 공정(Acetogenesis)은 낮은 수소 부분압 조건에서, acetogen 에서 propionic acid 로 전화되는 것입니다. 동역학 반응식은  $\text{H}_2$  저해조건과 propionic acid 포화조건을 포함하고 있습니다.

39. **Acetogen 의 사멸:** 발효성 미생물의 사멸에 대한 동역학 식과 화학양론 식은 기타 다른 미생물 종류에 대한 원리와 동일합니다.

40. **hydrogenotrophic methanogens 의 성장:** 이 공정은  $\text{H}_2$ ,  $\text{CO}_2$ ,  $\text{CH}_4$  로 전환되면서 성장하는 공정입니다. 화학양론 식은 이 공정을 묘사하는 화학 반응에 근거로 하고 있습니다. 동역학 반응식은 수소 포화조건을 사용합니다.

41. **hydrogenotrophic methanogens** 의 사멸: 이 공정은 발효성 미생물의 사멸에 대한 동역학과 화학양론식은 다른 미생물 종류의 원리와 같습니다.
42. **Acetoclastic methanogens** 의 성장: 이 공정에서 acetic acid 는 acetoclastic methanogens 에 의해서 CH<sub>4</sub>, CO<sub>2</sub>로 전환됩니다. 이 공정의 동역학 식은 acetate 포화 조건을 포함합니다.
43. **acetoclastic methanogens** 의 사멸: 발효성 미생물의 사멸 공정에 대한 화학양론 식과 동역학 식은 기타 다른 미생물 종류에 대한 원리와 동일합니다.

### 혐기성 독립영양 미생물에 매개 공정

혐기성 독립영양 미생물에 대한 새로운 개념은 혐기성 암모니아 산화 (ANAMMOX) 공정을 수행하기 위하여 Mantis2 에 포함되었습니다. 이 공정에 대한 화학양론 식은 Strous et al. (1998)에 다음과 같이 묘사되어 있습니다.



위의 반응과 관련하여, 암모니아성 질소의 물은 질산성 질소 1.32 물을 사용하여 N<sub>2</sub> 물 1.02 로 산화됩니다. 이 반응에 대한 질산성 질소 0.26 물을 생성하고, 독립영양 미생물의 성장을 유도합니다.

이 공정을 모델링하기 위해서는 Mantis2 에서 두가지가 추가되었습니다.

44. **Anammox 미생물의 성장**: 미생물의 수율을 표현하기 위한 화학양론 계수는 NO<sub>2</sub>-N 를 소비하고, N<sub>2</sub> 와 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>는 산화되는 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N 단위로 표현합니다. 해당 반응식은 산소 저해 기능과 NO<sub>2</sub>-N 과 NH<sub>3</sub>-N 포화 함수를 사용한다. 두가지 기질에 대한 총 농도는 (이온화 +비이온화) 동역학 식에서 사용합니다.
45. **Anammox 미생물의 사멸**: Anammox 미생물의 사멸은 미생물 농도와 관련하여 1 차 반응을 사용하여 모델링합니다.

### 화학적 침강 공정

Mantis2 에서 침강 반응을 묘사하기 위하여 2000 년 Musvoto 의 이론 일부를 수정하여 사용합니다. ASM2d 모델에서 이미 포함된 AlPO<sub>4</sub> 와 FePO<sub>4</sub>의 침강외에, 다섯 가지의 침강이 이 모델에 추가되었습니다. Musvoto et al. 2000 과 크게 다른 점은 다음과 같습니다. 1) ion-pair 의 효과를 계산에서 고려하지 않음 2) 동역학 식은 ASM2d 의 개념을 조금 수정하여 사용 3) 물 기반의 양론식이 모델의 연속성을 위하여 질량 기반의 양론식으로 바뀜. 침강에 대한 동역학 반응식은 침강 이온의 농도, 침강율, 침강물의 용해도 등을 이용하여 계산합니다. 동역학 반응식은 단일 방정식으로 침강과 용해 반응을 고려하여 수식으로 완성합니다.

46. **CaCO<sub>3</sub> 의 침강 및 용해**: CaCO<sub>3</sub> 는 calcite(방해석)로 침강된다고 가정합니다. Calcite 침강은 용액상에서 Ca<sup>2+</sup> 와 CO<sub>3</sub><sup>2-</sup> 가 있는 상태에서 발생한다고 가정합니다. CO<sub>3</sub><sup>2-</sup> 농도는 용해성 무기탄소와 pH 를 사용하여 추정합니다.
47. **MgNH<sub>4</sub>PO<sub>4</sub>·6H<sub>2</sub>O (struvite)의 침강 및 용해**: Struvite 는 소화조에 상층액에서 흔하게 볼수있는 침강물질입니다. 용액속에 Mg<sup>2+</sup>, NH<sub>4</sub><sup>+</sup>, PO<sub>4</sub><sup>3-</sup> 종류가 있을 경우 Struvite 가 생성됩니다. NH<sub>4</sub><sup>+</sup>, PO<sub>4</sub><sup>3-</sup> 농도는 pH 를 근거로 하여 추정합니다.

48. **MgHPO<sub>4</sub>·3H<sub>2</sub>O (newberyite)의 침강 및 용해:** Mg 와 P 의 침강물질로 주로 낮은 pH 에서 발생합니다. Mg<sup>2+</sup> 와 HPO<sub>4</sub><sup>2-</sup> 이온물질이 필요하고, HPO<sub>4</sub><sup>2-</sup> 이온 농도는 용액의 pH 에 근거하여 추정합니다.
49. **Ca<sub>3</sub>(PO<sub>4</sub>)<sub>2</sub> (ACP)의 침강 및 용해:** 침강과 관련된 물분자의 숫자가 다양해짐에 따라서, 무수(無水)형태로 침강물질의 질량 농도를 표현합니다. 이것은 적어도 안전한 침강물질이 좀 더 안정한 물질로 전이되는 것을 가르킵니다. Ca<sup>2+</sup> 이온과 PO<sub>4</sub><sup>3-</sup> 이온이 이 공정에서 사용됩니다.
50. **MgCO<sub>3</sub>의 침강 및 용해:** MgCO<sub>3</sub> (magnesite)는 모델에 포함된 마그네슘 침강물질입니다. Mg<sup>2+</sup> 와 CO<sub>3</sub><sup>2-</sup> 이온이 계산을 위해서 필요합니다.
51. **AlPO<sub>4</sub>의 침강 및 용해:** AlPO<sub>4</sub> 는 금속성 인의 침강을 모델링합니다. 공정의 화학양론 식은 ASM2d 와 유사하지만, 동역학 식은 침강물질의 용해도를 포함하여 수정한 것이 다른점 입니다.
52. **FePO<sub>4</sub>의 침강 및 용해:** FePO<sub>4</sub> 침강은 금속성 인의 침강을 모델링합니다. 공정의 화학양론 식은 ASM2d 와 유사하지만, 동역학 식은 침강물질의 용해도를 포함하여 수정한 것이 다른점 입니다.

### 가스-액체 전이 공정

산소의 기액 전이와 유사하게, 모델에 4 가지 공정이 추가되었습니다. 기액 전이는 질량 전이 상수(K<sub>La</sub>)와 주어진 온도와 압력에서 가스 포화 농도를 사용하여 계산합니다. 각 가스의 질량 전이 상수는 가스 확산을 통하여 산소 질량 전달에 관련됩니다. 각각의 질량 전달 상수를 얻기 위해서, 산소 질량 전달 상수에 단순화와 분율 계수를 적용하였습니다.

53. **CO<sub>2</sub>의 기액 전이 :** 액체로부터 (혹은 액체에서) CO<sub>2</sub>의 흡착과 탈착을 묘사하는 것입니다. 액체에서 CO<sub>2</sub>의 농도는 pH에 따라 달라지고, 따라서 이 공정은 용액의 pH에 매우 민감합니다.
54. **N<sub>2</sub>의 기액 전이 :** 이 공정은 액체로부터 (혹은 액체에서) N<sub>2</sub>의 흡착과 탈착을 묘사하는 것입니다.
55. **CH<sub>4</sub>의 기액 전이 :** 이 공정은 액체로부터 (혹은 액체에서) CH<sub>4</sub>의 흡착과 탈착을 묘사하는 것입니다.
56. **H<sub>2</sub>의 기액 전이 :** 이 공정은 액체로부터 (혹은 액체에서) H<sub>2</sub>의 흡착과 탈착을 묘사하는 것입니다.

## **ALGEBRAIC PH SOLVER**

Mantis2 모델에서 pH 는 공정의 모든 단위 객체에서 계산됩니다. 산과 염기의 용해 반응은 모델에 사용되는 다른 공정보다 훨씬 빠릅니다. 따라서, 산염 용해 반응을 표현하기 위해서 대수방정식은 미분방정식으로 선택합니다. 각 단위 공정의 pH 계산은 각 이온에 대한 평형 방정식과 전하 균형 방정식을 포함하는 대수방정식의 셋트로 구성되어서 계산합니다. 모델에서 용해상수의 온도 의존성을 고려하지만, 방정식에서 이온 활동 보정 관계는 적용하지 않습니다. 일반적인 하수에서 이온 활동 보정은 중요하지 않습니다. 그러나 높은 이온 농도에 대한 pH 값은 주의를 하면서 적용해야 합니다.

Mantis2 모델에서는 carbonic acid (diprotonic), phosphoric acid (triprotonic), ammonium (monoprotonic), acetic acid (monoprotonic), propionic acid (monoprotonic), nitrous acid (monoprotonic)에 대한 용해 방정식을 사용합니다. [H<sup>+</sup>] 농도를 풀기 위한 전하 균형 방정식은 약 산/염기와 강 양이온/음이온 (NO<sub>3</sub><sup>-</sup>, sara, Ca<sup>2+</sup>, Mg<sup>2+</sup>, K<sup>+</sup>, scat)을 사용하여 계산합니다.

## PRE-FERMENTER 모델 (PREFERMENTER)

GPS-X 에서 실행된 pre-fermentation 모델은 Munch *et al.* 모델 (1999)에 근거를 둡니다. 이는 VFAs 생성률에 대한 운전 파라미터와 설계의 영향을 설명하는 기계학적 모델입니다. prefermenter 모델은 CSTR 객체에서만 찾을 수 있습니다.

일반적인 반응 경로는 그림 6-11과 같습니다.

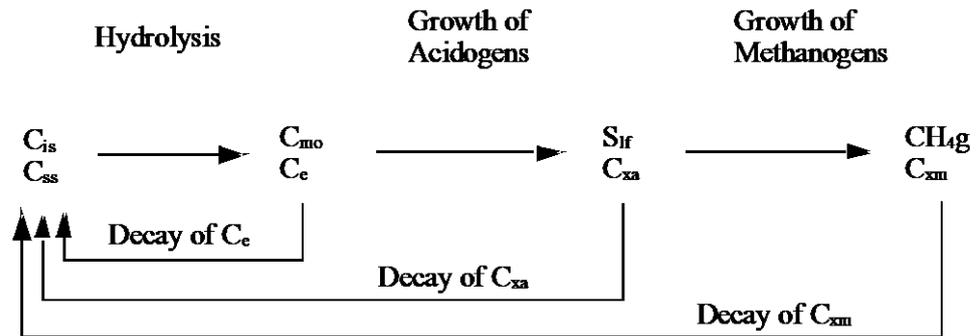


그림 6-11 일반적인 반응 경로

다음은 **prefermenter** 모델에서의 상태 변수 목록입니다:

- $C_{is}$ : (0.45 mm 필터를 통과하지 못하는) 셀룰로오스, 지방, 불용성 단백질과 같은 불용성 기질 (mg COD/L).
- $C_{ss}$ : 용해성 탄수화물(전분) 및 용해성 단백질(구상)과 같은 용해성, 고분자 량 기질 (mg COD/L).
- $C_{mo}$ : 포도당, 긴-사슬 지방 산, 아미노산과 같은 단량체 비 (mg COD/L).
- $S_{if}$ : 휘발성 지방산 (mg COD/L).
- $C_e$ : 단백질 및 용해성 고분자 량 기질, 불용성 기질을 가수분해 하기 위한 촉매제로 작용하는 가수분해 효소 (mg COD/L).
- $C_{xa}$ : 그들의 기질로 단량체( $C_{mo}$ )를 이용하는 산생성균 (mg COD/L).
- $C_{xm}$ : 메탄 가스로 변환할 때 그들의 기질로 휘발성 지방산(VFAs) 이용하는 메탄 생성균 (mg COD/L).
- $C_{prot}$ : 입자성 단백질에 포함된 유기 질소, 이는 입자성 단백질이 가수분해 됨에 따라 암모니아화에서 암모니아 질소로 변환됩니다. 또한 이는 박테리아 세포의 분해로부터 생산됩니다. (mg N/L).
- $S_{nh}$ : 암모니아 질소 (mg N/L).
- $CH_{4,g}$ : 메탄 가스.

**화학양론 파라미터:**

유입수 섹션에서 지정할 화학양론 파라미터는 용해성의 농도, 유입하는 쉽게 생분해 가능한 기질 (ss)에서 고분자 량 기질 ( $C_{is}$ ) 및 유입하는 천천히 생분해 가능한 기질 ( $X_s$ )에서 메탄 생성균 ( $C_{xm}$ )의 농도를 계산하는데 사용합니다:

- $f_{ss}$ : 유입하는 쉽게 생분해 가능한 기질 (ss)의 고분자 량 기질 ( $C_{is}$ )의 비율.
- $f_{xm}$ : 유입하는 천천히 생분해 가능한 기질 ( $X_s$ )의 메탄 생성균 ( $C_{xm}$ )의 비율.
- $f_m$ : g COD 당  $m^3$ 의 메탄 생성 변환 인자( $m^3 \text{ CH}_4 / \text{g COD}$ ).

다음의 증식계수는 "가수분해", "산 생성균" 및 "메탄생성균"에서 지정된 화학양론 파라미터입니다:

- $Y_e$ : 불용성 또는 용해성 기질을 이용하는 가수분해 효소의 수율 ( $C_e/C_{ss}$ ).
- $Y_a$ : 단량체 비를 이용하는 산 생성균의 수율 ( $C_{xa}/C_{mo}$ ).
- $Y_m$ : 휘발성 지방산을 이용하는 메탄 생성균의 수율 ( $C_{xm}/S_{if}$ ).

**동역학 파라미터:**

모델 동역학 파라미터:

- $k_{his}$ : 불용성 기질의 가수분해율 상수(g COD/ $m^3 \cdot d$ ).
- $k_{hs}$ : 용해성 기질의 가수분해율 상수 (g COD/ $m^3 \cdot d$ ).
- $k_{amm}$ : 단백질에 포함된 유기 질소의 암모니아화 비율 상수 (g N/ $m^3 \cdot d$ ).
- $k_{mo}$ : 산 생성균에 의한 최대 단량체 비 소비율 (g COD/ $m^3 \cdot d$ ).
- $k_{ac}$ : 메탄 생성균에 의한 휘발성 지방산 비 소비율 (g COD/ $m^3 \cdot d$ ).
- $d_a$ : 산생성균의 분해율 상수(g COD/ $m^3 \cdot d$ ).
- $d_m$ : 메탄생성균의 분해율 상수 (g COD/ $m^3 \cdot d$ ).
- $d_e$ : 가수분해 효소의 비활성율 상수 (g COD/ $m^3 \cdot d$ ).

**공정율:**

모델에서 설명한 공정율은:

불용성 기질의 가수분해

$$r_{his} = k_{his} \frac{C_s \cdot C_e}{C_{xa}} \quad (6-45)$$

불용성 기질의 가수분해율은 불용성 기질의 농도 및 가수분해 효소의 농도에 대해 비례하고, 산생성균의 농도에 대해서는 반비례합니다. 왜냐하면 제한된 표면적으로 인해 질량 전달 제한될 수 있기 때문입니다.

용해성 기질의 가수분해

$$r_{hs} = k_{hs} \cdot C_{ss} \cdot C_e \quad (6-46)$$

용해성 기질의 가수분해는 용해성 기질의 농도 및 가수분해 효소의 농도에 대해 비례합니다.

단백질의 암모니아화

$$r_{amm} = k_{amm} \frac{C_{prot} \cdot C_e}{C_{xa}} \quad (6-47)$$

단백질의 암모니아화는 단백질의 농도, 가수분해 효소의 농도에 비례하는 것으로, 산생성균 농도에는 반 비례하는 것으로 고려됩니다. 단백질은 표면적 제한에 따라 입자성 물질로 고려됩니다.

산생성균에 의한 단량체의 소비

$$r_{xa} = k_{mo} \cdot \frac{C_{mo}}{K_a + C_{mo}} \cdot \frac{S_{nh}}{K_n + S_{nh}} \cdot C_{xa} \quad (6-48)$$

단량체 소비율은 단량체와 암모니아 질소 기질 함수 및 산생성균의 농도에 비례하는 것으로 가정합니다.

메탄생성균에 의한 VFAs의 소비

$$r_{xa} = k_{ac} \cdot \frac{S_{lf}}{K_m + S_{lf}} \cdot \frac{S_{nh}}{K_n + S_{nh}} \cdot C_{xm} \quad (6-49)$$

휘발성 지방산의 소비율은 휘발성 지방산과 암모니아 질소 기질 함수 및 메탄생성균의 농도에 비례하는 것으로 고려됩니다.

산생성균의 분해

$$r_{d,a} = d_a \cdot C_{xa} \quad (6-50)$$

산생성균의 분해율은 농도에 비례하는 것으로 가정합니다.

메탄생성균의 분해

$$r_{d,m} = d_m \cdot C_{xm} \quad (6-51)$$

메탄생성균의 분해율은 농도에 비례하는 것으로 가정합니다.

효소의 분해

$$r_{d,e} = d_e \cdot C_{xm} \quad (6-52)$$

효소의 분해율은 농도에 비례하는 것으로 가정합니다.

### 모델 구조

모델의 개략도는 **그림 6-12**에서 살펴볼 수 있습니다(Munch *et al.*, 1999로부터 수정됨).

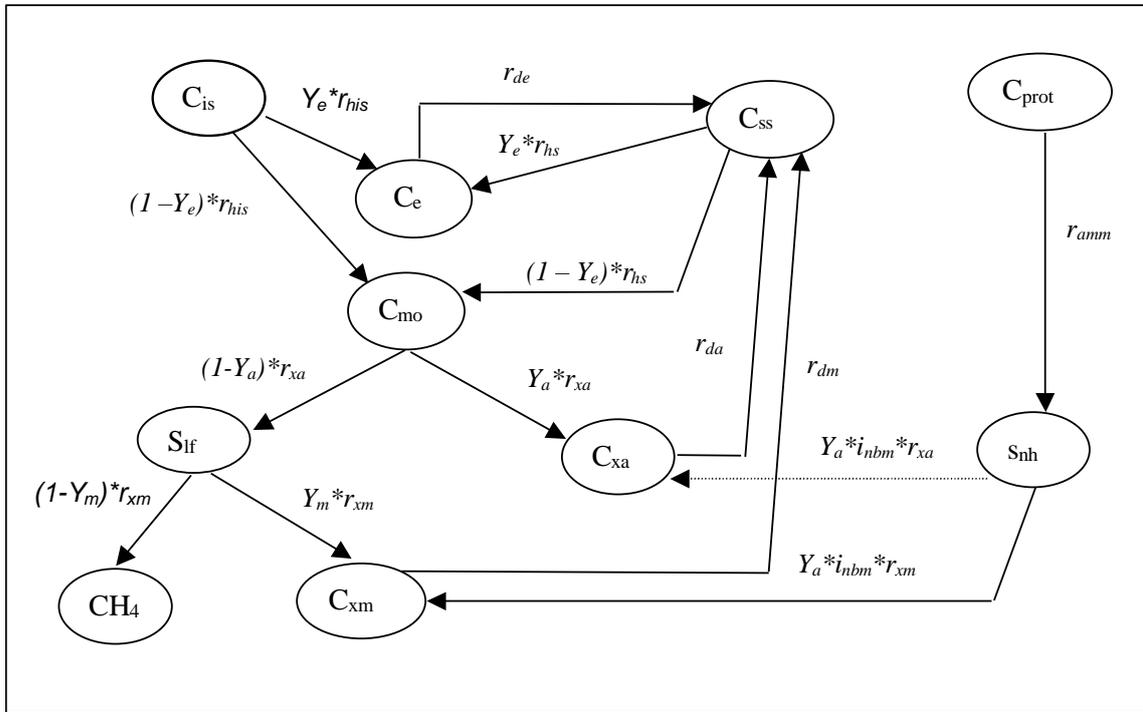


그림 6-12 prefermenter 모델의 개략도

prefermenter 모델에 대한 모델 Matrix는 Appendix A에서 찾을 수 있습니다.

### 활성 슬러지 모델을 선택하기 위한 제안

GPS-X 혹은 그외의 문헌 등에 여러가지의 모델이 있고, 어떤 모델을 선택하여 최적의 모델링을 적용할 것인지는 상당히 중요한 사항입니다. 다음의 간단한 가이드는 활성 슬러지 모델을 선택하기 위한 "경험에 바탕을 둔 방법" 과 약간의 조언을 제공합니다.

1. 첫 번째 선택은 GPS-X 매크로 라이브러리입니다. 탄소와 질소 공정에만 관심이 있다면 CN (1-단계 질산화) 라이브러리를 사용해야 합니다. 인의 모델링에 관심이 있다면 CNP 또는 Comprehensive 라이브러리를 사용해야 합니다. pH, 무기 침전 또는 사이드 스트림 공정의 모델링에 관심이 있다면 Comprehensive 라이브러리를 사용합니다. CNIP 또는 CNPIP와 관련된 IP (Industrial Pollutant) 라이브러리를 선택하여 추가 사용자 정의 구성 요소를 모델에 추가할 수 있습니다.
2. 사용자가 결과를 해석하고 그 모델의 복잡성 수준이 편해질 때까지, 처음부터 모델을 가능한 한 간단하게 유지하여 연습하는 것이 좋습니다. 그 이후에 사용자는 더 복잡한 모델을 다룰 수 있습니다. 만약 시작할 모델이 불확실할 경우, **asm1** 또는 **mantis**의 사용을 권장합니다.
3. 모델 선택은 사용을 지원하는데 사용할 수 있는 데이터의 양과 유형에 따라 달라집니다. 예를 들어, 시스템의 기질 유형에 대한 정보가 거의 없다면 기질이 적은 모델을 사용하는 것이 좋습니다.

4. 고품물 취급 공정에서 활성 슬러지 라인으로 반송하는 플랜트를 모델링하는 경우 Mantis2 모델이 이러한 상황을 처리하는 데 가장 적합합니다. Comprehensive (Mantis2) 라이브러리에는 활성화된 슬러지와 혐기성 소화 과정을 모두 다루는 완전한 상태 변수가 포함되어 있습니다.

모델의 선택은 특정 공정을 시뮬레이션 하는데 필요한 것들을 반영해야 합니다. 예를 들면, 사용자가 P-제거 조사 또는 알칼리성 제어에 관심 있을 경우, 사용자는 그 구성요소와 관련된 공정을 포함하는 모델을 이용할 필요가 있을 것입니다. **Table 6-2**는 개별 모델의 공정을 요약하고, 모델을 선택하는데 유용할 것입니다. 이 장의 앞부분에 있는 모델 설명이나 부록 A에 있는 모델 매트릭스를 참조하면 각 모델에 포함된 프로세스의 세부 정보를 볼 수 있습니다.

**Table 6-2 GPS-X의 모델 공정**

공정	asm1	asm3	mantis (and 3dmantis)	asm2d	new general	Mantis2	Mantis3
발효 단계				X	X	X	X
질산화/탈질화	X	X	X	X	X	X	X
호기성 탈질화			X				
호기성 기질 저장		X					
COD "손실"					X		
2-단계 질산화/탈질						X	X
세포 합성의 질소원으로 NO <sub>3</sub> <sup>-</sup>			X		X		
알칼리도 소비/생성	X	X	X	X		X	X
알칼리도 (성장 공정의 제한 인자로)				X			
생물학적 인 제거				X	X	X	X
금속 수산화물에 따른 P 침전				X		X	X
온도 의존성	X*	X*	X	X	X	X	X
pH						X	X
Struvite, 기타 칼슘, 마그네슘 ppt						X	X
Anammox						X	X
Methylotroph						X	X
N <sub>2</sub> O 가스 생성							X

\* 공표된 모델 편은 아니나, GPS-X에서 추가함.

## 특별한 활성 슬러지 단위 공정

### 심층 포기 반응조

심층 포기 객체와 관련된 모델은 *mantis* 부유 성장 모델의 수정입니다(5 장 참조). 이는 심층 포기 반응조에서 높은 정역학적 압력을 찾아내고 수리학적 비를 고려합니다. 심층 포기 취수 탱크는 디플트로 2 개의 완전 혼합 반응조로 모델링되고, 대기압보다 작습니다. 하향파이프 및 수직도관 수로는 디플트로 20 개의 완전 혼합 반응조로 모델링 됩니다.

### MEMBRANE BIOREACTOR (MBR)

GPS-X 에는 두가지 MBR 객체가 있습니다. 이것들은 부유성장 활성슬러지 모델 과 단순한 SS 제거 필터가 조합된 모델입니다. 모든 라이브러리와 생물학적 모델을 적용할 수 있습니다. 아래 그림 6-13 과 같이 두 가지의 MBR 객체가 있고 각 연결점이 표시되어 있습니다.

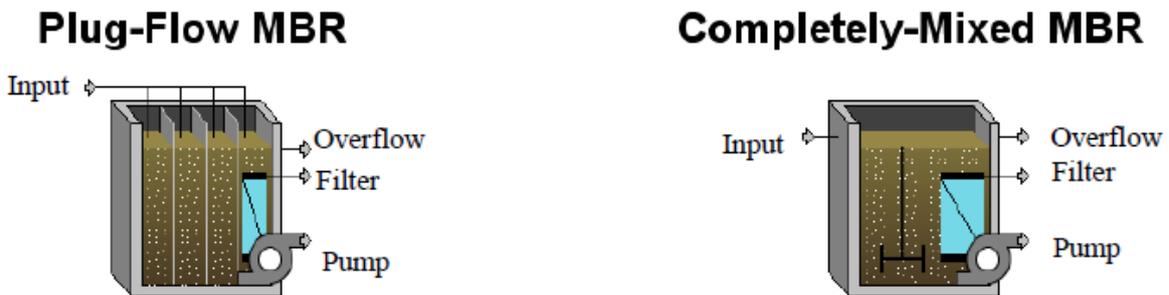


그림 6-13 GPS-X 의 MBR 객체

### 일반적인 모델 구조

MBR 모델의 구조는 그림 6-14 와 같이 일반적인 활성슬러지 반응조에 SS 를 제거하기 위한 필터가 들어 있는 형식입니다. 플러그 흐름 방식의 MBR 의 경우 반응조가 여러 개 있을 때 마지막 반응조에 필터가 있습니다. (이 경우 내부 반응이 가능하고 다음 그림에 모사되었습니다.) 필터 통과유량은 필터의 모델 종류에 따라 결정됩니다.

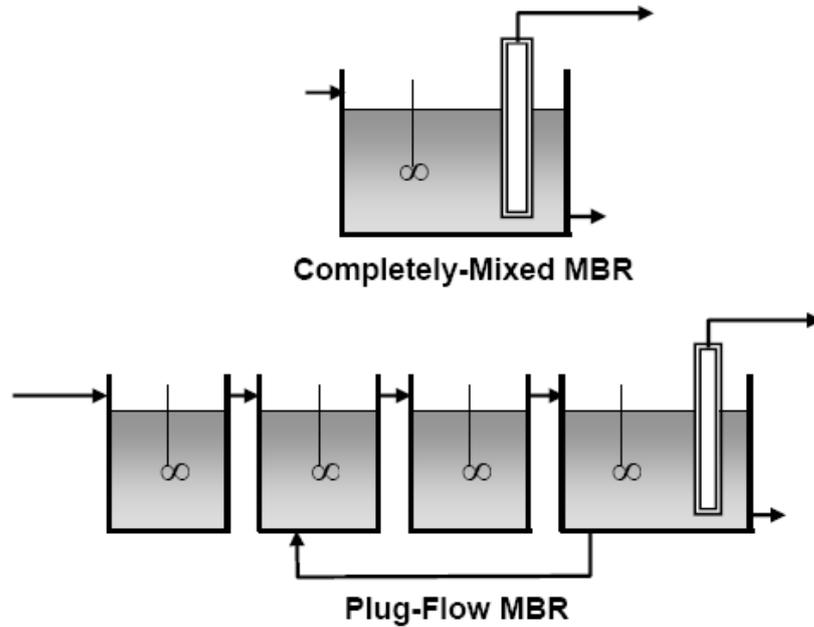


그림 6-14 MBR 모델의 구조

### MBR 모델의 모드

GPS-X에서 MBR은 3 가지의 작동 모드를 특징으로 합니다: 작동 모드는 입력 매개변수 > 모델 옵션 메뉴에서 토글로 켜고 끌 수 있습니다. 모델 옵션 설정을 통해 설정 가능한 3 가지 모드는 아래 표 6-3에 요약된 바와 같이, **Simple**, **Intermediat**, **Advanced** 모드입니다.

표 6-3. MBR 모델의 운전 모드

운전 변수	Backwash 와 TMP 계산	부피 계산
<b>Simple</b>	Backwash 혹은 TMP 계산하지 않음	고정 부피
<b>Intermediate</b>	Backwash 와 TMP 계산함	고정 부피
<b>Advanced</b>	Backwash 와 TMP 계산함	가변 부피

**Simple Mode**는 필터가 플럭스를 유지하기 위해 적절히 작동하는지 여부와 막간 차압 (TMP), 케이크 형성, 오염, 역 세척 및 막 저항의 영향을 고려하지 않은 것으로 가정합니다. **Intermediate** 모델 모드는 명시된 역세척 속도 및 세정 빈도를 토대로 TMP, 케이크 형성, 오염, 역세척 및 막 저항을 계산하지만 필요한 투과 플럭스는 유입 유량 및 폐기물 흐름을 기반으로 계산되어 마지막 탱크는 일정하게 유지됩니다. **Advanced** 모델 모드는 Intermediate 모델 모드와 비슷하지만 탱크의 액체 양은 가변적이며 계산된 투과 플럭스에 따라 증가 또는 감소할 수 있습니다. 사용자는 막간 차압을 조절하는 feedback controller를 사용하여 수위를 컨트롤 할 수 있습니다. **표 6-4**은 각 모드의 차이점을 요약한 것입니다.

표 6-4. MBR 모델의 운전 모드

운전 변수	운전 모드		
	Simple 모드	Intermediate 모드	Advancedd 모드
유량 밸런스와 반응조 부피	모델은 유입유량과 유출유량은 동일하고, 반응조 부피는 변하지 않는 것을 가정합니다. 모든 유입 유량은 막과 폐기 유량 흐름 (waste flow stream)을 통해 나가는 것으로 가정합니다.	필요한 멤브레인 플럭스는 반응조의 액체 부피가 일정하도록 하기 위해 유입 유량과 폐기 유량에 따라 결정됩니다.	멤브레인 플럭스는 막 모델로부터 결정됩니다. 반응조 부피는 유입과 유출의 차이에 따라 증가 및 감소합니다. 컨트롤러가 탱크 수위를 관리하기 위해 제공됩니다.
막 운전 (Filter Operation)	막 운전은 무시됩니다.	사용자가 막간차압, 백워싱/휴지 사이클 및 십자흐름 폭기를 지정해야만 합니다.	Intermediate 와 동일함
십자흐름 공기 (Cross-Flow Air)	교차 흐름 폭기로부터의 여과 케이크 고형물 제거는 무시되지만, 교차 흐름 공기로부터 벌크 액체로의 산소 이동이 계산되어 생물학적 활성에 포함됩니다.	고형물 제거와 산소 이동 모두 교차 흐름 폭기로 고려됩니다.	Intermediate 와 동일함
고형물 제거율	고형물 제거율은 혼합액 고형물이 반응조에 남아있는 비율을 결정합니다. 이들 고체는 벌크 액체 중에 부유 상태로 남아있습니다.	고형물 제거율은 혼합 고형물이 반응조에 남아있는 비율을 결정합니다. 이 고형물은 필터 케이크를 구성하고 백워싱 또는 교차 흐름 폭기를 통해 벌크 액체로 되돌릴 수 있습니다.	Intermediate 와 동일함
생물학적 활동	Simple, intermediate 또는 advanced 모드를 사용할 때 생물학적 모델에는 차이가 없습니다.		

### 모델 매개변수 - 물리적

활성 슬러지 반응기의 사양 및 운전과 관련된 모든 물리적 및 운전 매개 변수는 CSTR 및 플러그흐름 반응조 객체와 동일합니다 (단, 기계식 폭기는 사용할 수 없음). 멤브레인 필터의 물리적 특성 지정은 **그림 6-15** 와 같이 **입력 변수 > 물리적 - 멤브레인** 메뉴에서 수행됩니다. 모델이 Simple 모드로 설정되면 고형물 제거율을 제외한 모든 매개 변수가 무시됩니다 (이 메뉴에서는 회색으로 표시됩니다).

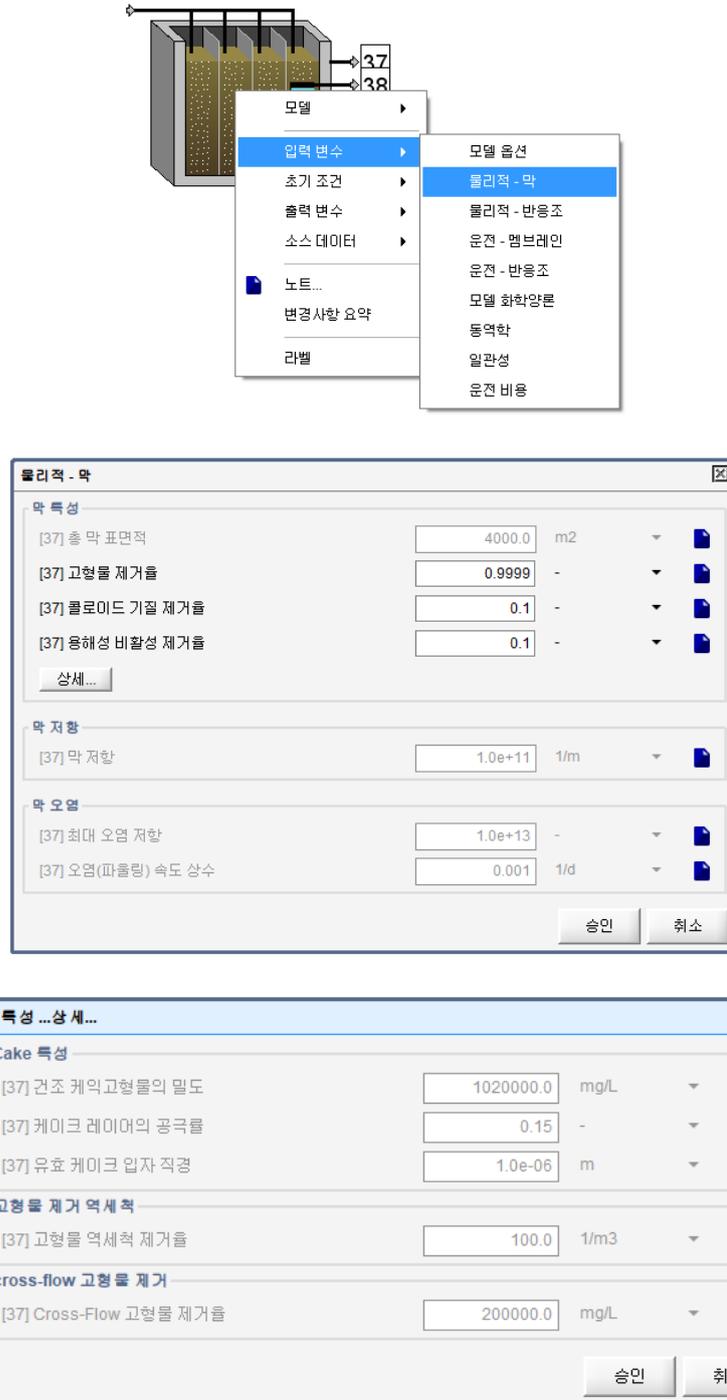


그림 6-15 물리적 - 멤브레인 양식

GPS-X MBR 모델은 물질 수지와 입력 매개 변수 > 물리적 - 멤브레인 양식에 지정된 고형물 제거율 (실제로는 일부)을 사용하여 멤브레인으로 인한 고형물 제거를 계산합니다. 기본 고형물 제거율은 전형적인 MBR MLSS 농도 (즉, 8,000-12,000 mg/L)에 대해 1 mg/L 이하의 투과 TSS 농도를 제공하도록 선택되었습니다. 별도의 물질 수지가 생물학적 모델의 각 입자성 성분에 적용됩니다.

Simple 모드에서, 투과 흐름 (및 플럭스)은 부피 밸런스 및 지정된 유입수 및 펌핑된 유량을 사용하여 계산됩니다. Advanced 모드에서 멤브레인을 통과하는 투과 플럭스는 아래에 나와있는 것처럼 직렬 여과저항 모델 (Choi et al., 2000)을 사용하여 모델링됩니다.

$$J = \frac{\Delta P}{\mu(R_m + R_c + R_f)} \quad (6-53)$$

- 여기서, J = 플럭스(m/s)
- $\Delta P$  = 막간 차압 (kPa)
- $\mu$  = 물의 점성계수(Pa's)
- Rm = 멤브레인 고유 저항 ( $m^{-1}$ )
- Rc = 케이크 레이어 저항 ( $m^{-1}$ )
- Rf = 파울링 저항 ( $m^{-1}$ )

막간 차압  $\Delta P$ 는 입력 변수 > 운전 - 멤브레인에서 설정할 수 있습니다. 물의 점성계수는 다음의 식을 이용하여 계산합니다. (Gunder, 2001)

$$\mu = 1.793 \times 10^{-3} (e^{-0.043 T^{0.864}}) \quad (6-54)$$

여기서, T = 수온 (°C)

막 고유 저항인 Rm은 입력 변수 > 물리적 - 멤브레인에서 설정할 수 있습니다. 기본값은 (Chang et al, 1999)에 근거한 데이터를 사용합니다. Advanced 모드에서는 멤브레인 표면의 케이크 레이어의 생성에 대해서 모델링 합니다. 케이크 레이어는 성상이 균일한 것으로 가정하고, 각 두께는 다음의 공식을 이용하여 계산합니다. (Choi et al, 2000)

$$\delta_c = \frac{m_p}{\rho_p(1-\varepsilon)A_m} \quad (6-55)$$

- 여기서,  $\delta_c$  = 케이크 레이어 두께(m)
- $m_p$  = 케이크 레이어의 건조 질량 (kg)
- $\rho_p$  = 케이크 레이어 입자의 밀도(kg/m<sup>3</sup>)

$\epsilon$  = 케이크 레이어의 다공성 (무차원)

$A_m$  = 총 멤브레인 표면적(m<sup>2</sup>)

케이크 레이어의 건조질량은(식 6-54) 다음의 동적 물질수지 식을 사용하여 계산합니다.

(식 6-56)

$$\frac{dm_p}{dt} = \underbrace{q_{perm} x_{liq} f_{capture}}_{\text{Bulk convection of solids to membrane surface}} - \underbrace{q_{backw} x_{cake} f_{bw}}_{\text{Solids removed due to backwashing}} - \underbrace{\left( \frac{q_{cross}}{A_m} \right) \left( \frac{x_{cake}}{x_{cake} + K_{s,cake}} \right) f_{cross}}_{\text{Solids removed due to cross-flow aeration (air scour)}}$$

여기서,  $q_{perm}$  = 투과유량 (m<sup>3</sup>/d)

$x_{liq}$  = MBR 내부 액상에 존재하는 고형물 농도 (kg/m<sup>3</sup>)

$f_{capture}$  = 고형물 제거율 (무차원)

$q_{backw}$  = 백워싱 유량 (m<sup>3</sup>/d)

$x_{cake}$  = 케이크 레이어의 고형물 질량 (kg)

$f_{bw}$  = 백워싱 고형물 제거율 (1/ m<sup>3</sup>)

$q_{cross}$  = cross flow 혹은 air scour 유량 (m<sup>3</sup>/d)

$A_m$  = 멤브레인 총 면적 (m<sup>2</sup>)

$f_{cross}$  = 교차 흐름의 고형물 제거율 (kg/ m)

$K_{s,cake}$  = 교차 흐름 공기에 대한 반포화상수 (kg)

케이크 레이어 물질수지는 멤브레인 표면의 고형물이 다시 액상으로 돌아오는 것을 고려합니다. 즉, 백워싱이나 cross-flow 유량으로 인하여 멤브레인에 붙어 있는 고형물이 멤브레인에서 떨어져나가면서 제거될 수 있습니다. 식 6-55에서는 물질수지에서 다른 조건과 비교할 때 그 양이 작기 때문에 케이크 레이어에서 액상으로 유입되는 고형물의 양을 무시했습니다. Cross-flow 공기량에 대한 반포화상수와 케이크 고체질량에 근거한 변환함수는 케이크 레이어가 없어질 때 고형물의 제거를 다소 부드럽게 처리되도록 사용하는 것입니다.

케이크 레이어 입자의 기본 밀도값 (식 6-54)은 GPS-X 고정상 생물반응조에서 사용하는 건조 바이오필름의 밀도와 동일합니다. 케이크 레이어 다공성의 기본값은 입력 변수 > 물리적 - 멤브레인 > 상세...를 클릭하면 추정하여 사용할 수 있고 그 값은 Chang et al(1999)를 기반으로 합니다. 막의

표면적은 사용자의 조건에 따라 다르므로 값을 입력하여 사용하시면 되고, 목적으로 하는 플럭스를 위해서는 제조사에서 권장하는 범위의 제품을 사용하시면 됩니다. (Wallis-Lage et al, 2005 문헌에 따르면, 일반적으로 중공사막의 경우 플럭스의 범위는 17~25L/m<sup>2</sup>/h 를 사용합니다.)

백워싱으로 인한 고형물 제거율 (식 6-55)은 입력 변수 > 물리적 - 멤브레인 > 상세... 양식에서 설정할 수 있습니다. 단위 시간당 필터 케이크에서 고형물이 제거되는 양을 구하기 위해서는 백워싱 유량과 케이크 고형물 질량을 곱하면 됩니다. 백워싱으로 인한 고형물 제거율은 Garcia and Kanji(2002) 문헌에서 사용된 자료를 보정한 것입니다. 백워싱 유량의 기본값은 (식 6-45) Garcia and Kanji(2002) 문헌에서 제공한 자료를 근거로 한 것이고, 입력 변수 > 운전 - 멤브레인에서 입력할 수 있습니다.

십자 흐름 고형물 제거율 (식 6-55)은 필터의 단위 표면적과 교차 흐름 단위 유량에 대한 필터 케이크에서 제거되는 고형물의 질량을 의미합니다. 입력 변수 > 운전 - 멤브레인 > 상세...에서 설정하면 되고 Garcia and Kanji(2002) 문헌의 자료를 근거로 보정한 값을 기본값으로 되어있습니다. 교차 흐름 공기 유량은 입력 변수 > 운전 - 멤브레인에서 설정할 수 있습니다. 단위표면적당 공기 유량의 기본값은 0.37m<sup>3</sup>/m<sup>2</sup>/h 입니다.(Wallis-Lage et al, 2005 문헌) 교차 흐름 공기량은 멤브레인 표면적이 변하게 되면 즉시 이를 반영해야 합니다.

케이크 레이어 저항값 Rc 는 식 6-54 과 Kozeny-Carman 공식을 조합하여 계산합니다.

$$R_c = 180 \frac{(1-\varepsilon)m_p}{d_p^2 \varepsilon^3 A_m \rho_p} \quad (6-57)$$

여기서, dp = 케이크 레이어 유효 입자직경 (m)

케이크 레이어의 유효 입자직경에 대한 기본값은 입력 변수 > 운전 - 멤브레인 > 상세...에서 찾아볼 수 있고, 이 값은 Shin et al(2002) 문헌을 이용하여 추정된 값입니다.

막오염 저항에 대한 계산은 다음과 같습니다. (Choi et al, 2000 에서 적용)

$$R_f = R_{f,max} (1 - e^{-k_f t}) \quad (6-58)$$

여기서,  $R_{f,max}$  = 최대 파울링 저항 (m<sup>-1</sup>)

$k_f$  = 파울링 반응율 (d<sup>-1</sup>)

t = 최종 재생후의 시간 (d)

최대 파울링 저항과 파울링 반응율은 입력 변수 > 물리적-멤브레인 에서 설정할 수 있습니다. 이 값들은 Merlo et al (2000) 문헌을 기반으로 설정된 것입니다. 이 모델은 파울링 대상이 재생 시간 동안에 완전히 제거되고 재생 시간이 끝난 후에 파울링 시간이 시작합니다.

## 모델 매개변수 - 운전 조건 입력

멤브레인의 운전조건 입력자료는 [그림 6-16](#) 에서와 같이 **입력 변수 > 운전 - 멤브레인**에서 설정할 수 있습니다.

그림 6-16 멤브레인 운영상 입력창

[공식 6-1](#) 에서 막간 차압이 위의 메뉴에서 설정할 수 있고, MBR 백워싱 옵션에 따라 달라집니다. (백워싱 주기, 기간, 백워싱 유량) 또한, level controller 는 반응조가 다시 채워질 시간에 대한 백워싱의 설정할 때 사용합니다. Level controller 가 on 상태이고, 이미 가득 차 있다면 백워싱을 수행하지 않습니다.

막 역세척 입력란의 상세 버튼을 누르면, 경고 알람 설정을 하실 수 있습니다. 반응조가 넘치거나 비었을 때 경고는 만일 필터가 있는 마지막 반응조가 월류하거나 비었을 경우 명령창에 그와 관련된 정보를 출력하는 기능입니다.

멤브레인 플렉스 제어기는 차압 증가에 대한 내장된 제어기를 사용하여 멤브레인 플렉스 설정값에서 주어진 막간 차압을 유지하면서 작동합니다.

Cross flow 공기량은 멤브레인을 청소하는데 사용되고, coarse bubble 포기 시스템을 사용하는 것으로 가정합니다. 교차흐름 공기 알파 인자는 MBR 에서 8,000~10,000mg/L 농도의 TSS 를 기반으로 하고 있습니다. Cross flow 의 표준산소전달계수는 4.3m 침수조건에서 coarse bubble 포기시스템을 기준으로 합니다.

세척주기는 멤브레인 파울링 저항값을 0 으로 재설정하기 위해 사용되는 것으로 물리적 화학적 세척주기를 의미하는 것입니다.

## 변수 보기

몇몇 멤브레인 지정변수들은 그래프로 출력하여 보실 수 있습니다. 멤브레인 출력변수를 보기 위해서는 MBR 반응조 월류 지점에 마우스 우측 클릭을 하여 **출력변수 > 막 필터 변수**를 선택하시면 됩니다. 그림 6-17와 같습니다.

**출력변수 > MBR 케이크 변수 (그림 6-18)**는 총 케이크 질량과 케이크 두께에 대한 대화창입니다.

## MBR 모델 사용의 TIP

다음의 사항들은 MBR 시뮬레이션을 설정 할 때, 유의하실 점입니다.

- 사용자는 반송 슬러지 (RAS) 흐름을 모델링할 때 **운전 - 반응조 > 내부 유량 분배**에 있는 내부 반송 기능을 사용하고 최종 (멤브레인) 탱크에서 원하는 탱크로 내부 반송을 설정할 수 있습니다.
- 초기 모드를 사용하여 MLSS, SRT, 폐기물 흐름 등과 같은 필요한 작동 조건을 설정하고 투과 플럭스의 유지에 대한 세부 사항이 요구되지 않는 경우, 시스템의 생물학적 처리 측면에만 관심이 있다면 **Simple 모드**를 사용합니다. 필터 작동의 물리적 측면 (즉, 역세척주기, 막간 차압 관리 등)을 시뮬레이션해야 하는 경우 **Advanced 모드**가 필요합니다.
- **Advanced 모드**를 사용할 때, 반응조 처리수 부피에 유의하셔야 합니다. 멤브레인이 포함된 반응조가 월류되거나 빌 수가 있기 때문입니다.
- 멤브레인의 백워싱 기간 외의 휴지 기간이 필요할 경우, 백워싱 기간과 주기는 기존상태로 놓아두고, 백워싱 유량을 0 으로 설정하시면 됩니다. 이 기간 동안 투과유량은 없어지고, 반응조 안으로 유입되는 백워싱 유량이 없습니다. 이 과정은 **Intermediate** 와 **Advanced** 모드에서 가능합니다.
- **Advanced 모드**에서 모델에 대한 정상상태 해결방법은 없습니다. 불연속적인 백워싱과 세척주기로 인하여 진정한 의미의 steady state 의 평형상태가 되기 힘들기 때문입니다. (SBR 객체 역시 동일한 이유로 인하여 정상상태 해석방법이 없음). **Advanced** 모드를 사용할 때는 일반적으로 100 일 이하의 긴 동적 상태 시뮬레이션을 구동함으로써 공정이 주기적인 평형을 이루도록 합니다. **Simple** 모드에서는 백워싱과 세척이 없기 때문에, 정상상태 해석을 사용할 수 있습니다.

GPS-X MBR 모델의 각종 파라미터에 대한 기본값은 표 6-5와 같습니다.

표 6-5 GPS-X MBR 모델의 각종 파라미터

모델 매개변수	단위	기본 값	참 조
Solids capture rate (고형물 제거율)	-	0.9999	Default value was selected to provide a permeate TSS concentration of 1 mg/L or less for typical MBR MLSS concentrations
Density of dry cake solids (건조 케이크 고형물의 밀도)	kg/m <sup>3</sup>	1,020	Hydromantis (2003)
Porosity of cake layer (케이크 레이어의 다공성(투과성))	-	0.15	Chang <i>et al.</i> (1999)
Solids backwash removal rate (Solids 백워시 제거율)	1/m <sup>3</sup>	100	Calibrated using data in Garcia and Kanj (2002)
Cross-flow solids removal rate (교차흐름으로 인한 고형물 제거율)	kg/m	200,000	Calibrated using data in Garcia and Kanj (2002)
Intrinsic membrane resistance (고유 막 저항)	1/m	1.0e+11	Chang <i>et al.</i> (1999)
Maximum fouling resistance (최대 파울링 저항)	-	1.0e+12	Calibrated using data in Merlo <i>et al.</i> (2000)
Fouling rate constant (파울링 속도 상수)	1/d	0.005	Calibrated using data in Merlo <i>et al.</i> (2000)

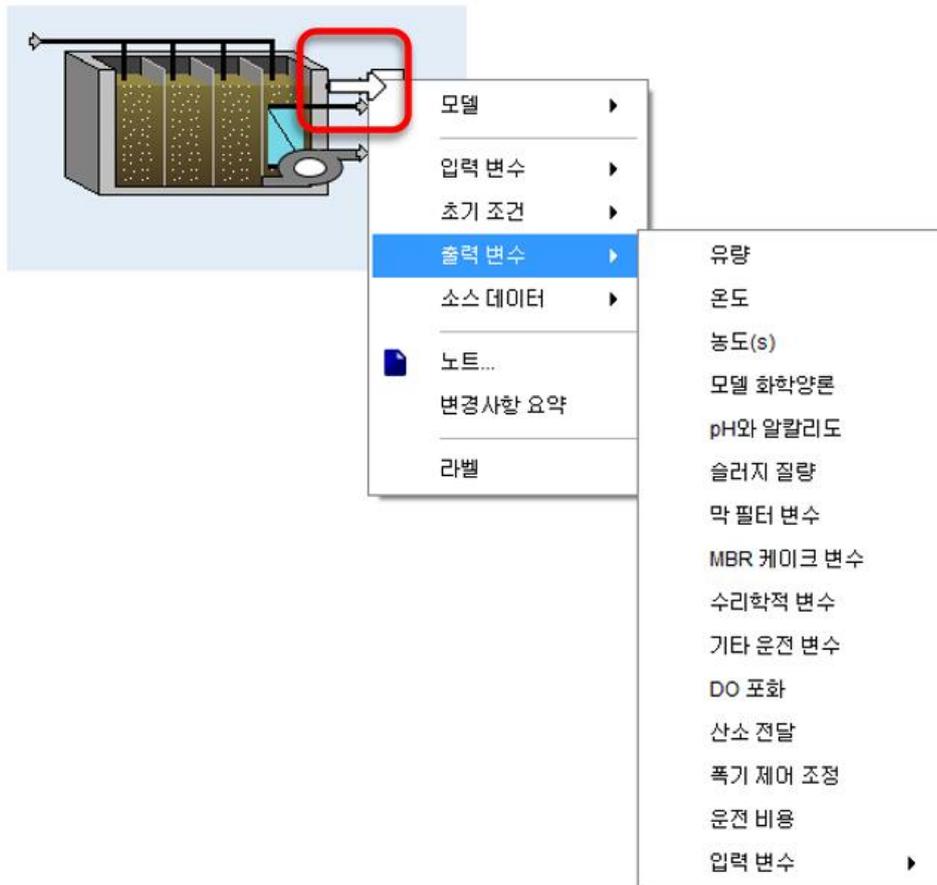


그림 6-17 멤브레인 변수 보기 메뉴

그림 6-18 MBR 케이크 변수 메뉴

## 협기성 MBR (MANTIS2 및 MANTIS3)

### 모델 구조

협기성 MBR 객체는 협기성 소화조 공정의 상부 공간 모델 및 가스 전달과 simple 모드에서의 완전 혼합 MBR 공정을 혼합한 공정입니다. 즉, 완전 혼합 MBR 공정에서 닫힌 상부공간과 가스 생성량을 결과로 볼 수 있습니다. 완전 혼합 MBR 과 달리, 막 표면의 케이크형성, 고형물 백워싱 또는 막간 차압 계산을 모델링할 수 없습니다.

이 모델은 폭기를 하지 않는 조건에서 완전 혼합되는 것을 가정합니다. 막을 통과한 여과수는 유입수에서 버려지는 유량을 뺀 것으로 가정합니다. 막은 유량에 관계없이 처리하는 것으로 가정하고, 막에 의해서 제거되는 고형물은 반응조의 액상내에서 존재하는 것으로 가정합니다.

협기성 MBR 공정은 Mantis2 라이브러리에서만 사용가능합니다. 협기성 생물 반응 및 화학적 반응은 협기성 소화조 및 UASB 모델과 동일하게 적용합니다.

## 모델 입력 변수

혐기성 MBR 객체의 우측을 클릭하여 **입력 변수 > 사이즈 입력** 메뉴에서 반응조의 사이즈와 상부공간을 정의합니다. 그 외에 그림 6-19 과 같이 총 가스 압력, 기체-액체 전달 상수 및 막 고형물 제거율 등을 설정합니다.

그림 6-19 혐기성 MBR 입력 변수 메뉴 – 사이즈 입력

운전 조건입력 메뉴에서는 객체의 우측 하단 펌프의 유량만을 입력하면 됩니다. PID 제어루프를 적용할 수 있습니다.

나머지 메뉴는 완전 혼합 반응조와 유사합니다.

## 모델 출력 변수

혐기성 MBR의 출력변수는 혐기성 소화조와 일반 CSTR 객체의 조합과 동일합니다. 액상 연결부에서는 운전 비용, 농도, 펌프량, 여과량등을 볼 수 있고, 가스 연결부에서는(객체의 상단) 가스량과 조성을 알 수 있습니다.

## 연속 회분식 반응조 (SBR)

### 공통 특징

연속 회분식 반응조(SBR) 객체와 관련된 모델은 부유-성장과 침전 모델의 조합입니다. 다양한 포기 및 혼합 단계는 완전 혼합 수리학적 환경을 추정하는 부유-성장 모델을 사용하는 반면, 침전 및 배출 단계는 반응성 침전 모델을 사용합니다. 이 모델은 하나의 통합된 단위 공정 모델이 되기위해 두 모델을 서로 결합한 것입니다.

### 운전 모드

GPS-X에는 3 개의 다른 SBR 객체가 있습니다: **단순 연속 회분식 반응조 (SBR)** 객체, **고급 SBR** 객체 및 **수동 SBR** 객체. 3 개의 객체 모두 동일한 기능과 외관 및 생물학적 모델 선택을 갖고 있습니다. 사용자가 지정한 SBR 단위의 운영 방법에 따라 달라집니다.

**단순 SBR** 및 **고급 SBR** 객체는 단계별 상태를 정의하기 위해 주기 및 유량 비율을 입력해야 합니다.. **수동 SBR** 객체는 사용자가 전체 운영 주기를 정의하거나 액체 유량, 공기 유량, 및 인터랙티브 제어기로 조절, 또는 파일 입력으로 전체 운영 주기를 정의합니다. **수동 SBR** 객체는 운전자 훈련에 적합하고, **단순 SBR** 및 **고급 SBR** 객체는 일반적인 SBR 적용에 적합합니다.

다수, 병렬 SBRs 을 사용할 때, 단위의 순환 시간을 서로 엇갈리게 하는 것이 바람직할지도 모릅니다. 예를 들어, 각각 6 시간의 사이클을 가진 2 개의 평행 SBRs 을 사용한다면, 3 시간마다 SBRs 중 하나를 교차하고 싶을지도 모릅니다. 두 SBR 모두 3 시간의 저류 시간을 가지게 되면, 지속되는 유입수는 2 개 단위 공정 사이를 교차할 수 있습니다. 단일 또는 고급 객체를 사용하여 SBR 모델에서 시간 변환을 지정하기 위해, 사용자는 **단순 모드와 고급모드에서의 시간 변환 파라미터**에서 원하는 시간변환을 입력합니다. 시간 변환 파라미터는 순환 시간보다 더 큰 값으로 설정할 수 없습니다.

아래에서 3 가지 운전 모드를 설명합니다.

### 단순 SBR 주기

운영 주기(고급 또는 수동이 아닌 보통의 SBR 에서)를 지정하는데 이용하는 파라미터는 **입력 변수 > 운전 - 주기 설정** 메뉴에서 찾을 수 있습니다. 이 파라미터는 하나의 완성한 주기의 지속 시간 및 사전 정의된 7 개의 분리 단계를 포함합니다. 파라미터는 **그림 6-20**과 같습니다. 각 주기에서 7 개로 고정된 단계는 아래 **그림 6-20**과 같습니다.



그림 6-20 일반 SBR의 운전 주기 설정 대화창

- 혼합(& 유입):** 포기가 없는 CSTR로 모델링됩니다(즉 공기 유량, 동력 및  $KL_a$ 를 0.0으로 설정). 이 단계는 보통 탱크에 액체의 채움이 시작되는 동안에 사용되는 시작단계입니다. 이 단계는 4가지 혼합 단계의 첫 번째를 나타냅니다.
- 포기(& 유입):** 포기하는 CSTR로 모델링됩니다. 이 단계는 포기가 켜진 후에 탱크가 채워지는 동안에 사용되고 두 번째 혼합 단계를 나타냅니다.
- 혼합만:** 포기가 없는 CSTR로 모델링됩니다. 이 단계는 탱크의 채움이 완료된 후에 일어나는 세 번째 혼합 단계를 보통 나타냅니다. 이는 전형적으로 탈질 단계로 사용됩니다.
- 포기:** 포기하는 CSTR로 모델링됩니다. 이 단계는 활성 슬러지를 재 포기하는데 일반적으로 이용되는 마지막 혼합 단계입니다. 그래야 활성 슬러지가 제대로 침전할 것입니다.

5. **침전:** 선택한 모델에 따라, 생물학적 반응의 유무와 관계없이 침전지로 모델링 됩니다. 혼합은 탱크의 내용물이 활동하지 않게 하기 위해, 침전을 진행시키기 위해 꺼집니다.
6. **배출:** 침전지로 모델링 됩니다. 이 단계 도중, 사용자 지정 배출 유량이 배출됩니다.
7. **슬러지 폐기:** 침전지로 모델링 됩니다. 이 단계는 주기(cycle)의 끝에서 일어나고, 사용자 지정된 폐 유량으로 버려집니다.

정상적인 SBR 객체로, 이 주기를 구성하는 7 개의 단계는 순서대로(폼에서 보이는 순서) 고정됩니다. 모든 7 가지 단계의 총 시간이 지정된 순환 시간을 초과해서는 안됩니다. 모든 7 단계의 총 시간의 합이 순환 시간보다 더 적을 경우에, 탱크는 순환 시간의 끝까지 대기할 것(idle 상태)입니다. 만약 순환 시간보다 더 큰 값을 가질 경우, 잔여 시간/순환 시간을 넘어서는 단계는 무시될 것입니다. 단계는 그 시간을 0 으로 설정하여 무시하게 할 수도 있습니다.

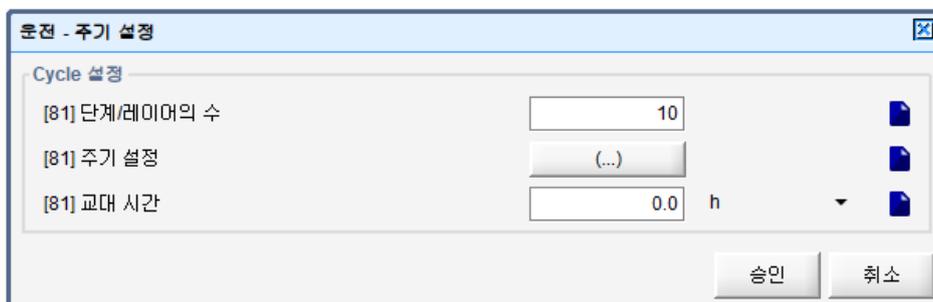


그림 6-21 고급 SBR 운전 조건 설정

배출 유량 비율(펌프 유량 파라미터) 및 폐 유량 비율 (하부 유량 파라미터)는 입력 변수 > 운전 - 유량 제어 폼에서 입력합니다.

SBR 로 유입하는 유량은 1 번 유입 펌프 라벨 파라미터가 유량 제어 폼에서 여백 일 경우 상향 객체(예를 들면 유입수 객체)에서 가져옵니다. 사용자는 그 때 유입 유량이 SBR 주기에 따라 유입되는지를 (즉 적합한 단계에 맞춰서 SBR 에 들어가기) 확인해야 합니다. 다른 방법으로, 유량 제어 폼에서, 사용자는 1 번 유입 펌프 라벨 파라미터의 흐름 라벨, 첫 번째 유입 유량 파라미터의 유입 비율을 입력할 수 있습니다. SBR 유입 유량은 주기 내의 입력된 시간에 맞춰 자동적으로 유입 됩니다. (자동적으로 연동) 흐름 라벨은 펌프 유량 라벨 ('qcon' 변수)과 결합되어야 합니다(예를 들면 유입수 아이콘 또는 탱크의 펌프 유량 폼). 2 번 유입 펌프 라벨 파라미터는 무시됩니다.

## 고급 SBR 주기 설정

고급 SBR 모델에서 SBR 운영 주기 파라미터는 **그림 6-21**에서 살펴 볼 수 있습니다. 고급 SBR 주기는 단순 SBR 모델 보다 더 일반적이고, 사용자는 열 가지 이상의 단계를 정의할 수 있습니다. 정의된 개별 단계에서, 관련 기간, 혼합(ON/OFF), 포기(산소 질량 전달 계수), 배출 유량 비율, 및 폐 유량 비율을 지정할 수도 있습니다. 사용자-정의 단계의 순서는 폼에 나타난 그 순서로 고정됩니다.

SBR 에 유입하는 유량은 전단에 유입수 객체등에서 들어오고, 만일 **유량 제어** 입력란인 **1 번 유입 펌프 라벨** 및 **2 번 유입 펌프 라벨** 이 빈칸으로 남겨져 있을경우, 사용자는 유입수가 SBR 사이클과 연동되어서 유입된다는점을 명심하십시오. (즉 적합한 단계에 맞춰서 SBR 에 들어가기) 다른 방법으로, **유량 제어** 폼에서, 사용자는 **1 번 유입 펌프 라벨** 및 **2 번 유입 펌프 라벨** 파라미터의 흐름 라벨, (고급 섹션) 폼에서 **1 번 유입 펌프 라벨** 및 **2 번 유입 펌프 라벨** 파라미터의 **유입 유량** 파라미터의 유입 비율을 입력할 수 있습니다. SBR 유입 유량은 주기 내의 적합한 단계 동안의 흐름에서 자동적으로 가져 갈 것입니다(자동 연동).

흐름 라벨은 펌프 유량 라벨 ('qcon' 변수)과 결합되어야 합니다(예를 들면 유입수 아이콘 또는 탱크의 펌프 유량 폼). 대부분의 적용에서는 한 개의 유입을 사용하지만, 예를 들어 메탄올을 추가할 경우, 2 개의 유입을 사용합니다.

## 수동 SBR 모델

수동 SBR 객체를 사용할 경우, 사용자는 시뮬레이션 진행 동안 주요 파라미터를 변경하는 인터랙티브 제어기에 공기 유량 비율, 혼합, 배출 유량 비율, 및 폐 유량 비율과 같은 모든 주요 파라미터를 설정해야 합니다. 다른 방법으로, 파라미터는 파일 입력으로 설정하거나 또는 .usr file 에서 맞춤 코드로부터 제어할 수 있습니다.



그림 6-22 수동 주기의 운전 파라미터

수동 SBR 모델에서, 운영 파라미터는 단일 모드 및 고급 모드 모델에서와 같이 주기 설정이 없습니다. 혼합 타이밍, 포기 및 펌핑을 모두 직접 제어해야만 합니다.

배출 유량 비율 (펌프 유량 파라미터) 및 폐 유량 비율 (하부 유량 파라미터)는 입력변수 > 운전 - 유량 제어 폼에서 입력할 수 있습니다.

SBR로 유입하는 유량은 1번 유입 펌프 라벨 파라미터가 유량 제어 폼에서 여백일 경우 상향 객체(예를 들면 유입수 객체)에서 가져옵니다. 사용자는 그 때 유입하는 유량이 SBR 주기에 따라 발생하는지를 (즉 적합한 단계에 맞춰서 SBR에 들어가기) 확인해야 합니다. 다른 방법으로, 유량 제어 폼에서, 사용자는 1번 유입 펌프 라벨 파라미터의 흐름 라벨, 첫 번째 유입 유량 파라미터의 유입 비율을 입력할 수 있습니다. SBR 유입 유량은 주기 내의 적합한 단계 동안의 흐름에서 자동적으로 가져 갈 것입니다(자동 맞춤). 흐름 라벨은 펌프 유량 라벨 ('qcon' 변수)과 결합되어야 합니다(예를 들면 유입수 아이콘 또는 탱크의 펌프 유량 폼). 2번 유입 펌프 라벨 파라미터는 이 주기 형태에서는 무시됩니다.

## POND/라군

pond 객체는 pond의 상태 변수의 변환, 희석 및 혼합을 시뮬레이션 하는 **empiric** 모델만을 포함합니다. 활성 슬러지 모델과는 달리, **empiric** 모델은 실제로 경험적입니다. 이는 상태 변화의 비율을 결정하는 데에 기계학적 동적 공정 원리를 사용하지 않으나, (Appendix A의 Petersen Matrices에서 찾아낸 것과 같이) bench-scale 연구 및 pilot-scale 연구, 기존 pond에서 관찰된 거동으로 시뮬레이션 합니다.

**empiric** 모델은 혐기성, 조건적 및 호기성의 3 가지 다른 pond를 모의합니다. Pond 모델은 아래에 보다 상세히 설명하였습니다.

Pond/라군 객체는 오직 GPS-X 레거시 라이브러리 (cnlib, cniplib, cnplib, cnpilib)에서만 사용 가능합니다.

### 혐기성 POND

혐기성 Pond 모델에서, BOD와 TSS 제거는 북아메리카 (Beier, 1987)의 혐기성 Pond 거동에서 파생된 단순 복귀 모델을 사용하여 시뮬레이션 했습니다.

다음의 방정식은 BOD 및 TSS 제거량을 설명합니다:

$$REMOVAL_{BOD} = (A_{BOD} \cdot \ln(n) + B_{BOD}) \left( \frac{hrt}{K_{hrt} + hrt} \right) \quad (6-59)$$

$$REMOVAL_{TSS} = (A_{TSS} \cdot \ln(n) + B_{TSS}) \left( \frac{hrt}{K_{hrt} + hrt} \right) \quad (6-60)$$

여기서,  $A_{TSS}, A_{BOD}, B_{TSS}, B_{BOD}, K_{hrt}$  = 보정 파라미터

$n$  = 연속된 pond의 개수

상기 경험식은 GPS-X 합성 변수 (BOD 및 TSS)만 다루기 때문에, 상태 변수로 되돌려 져야합니다. 다음의 목록은 CNLIB에 있는 상태 변수에 대한 관계를 설명합니다.

각 입자성 상태 변수 (CNLIB에서  $xbh, xba, xs, xi, xu, xsto$ )의 분율은 유입되는 **xcod** 농도인 변수와 동일하도록 계산합니다.

새로운 TSS 값 ( $x$ )는 상기 경험적 제거 방정식에서 계산합니다.

새로운 VSS (**vss**) 및 입자성 COD (**xcod**) 농도는 다음과 같이 계산합니다:

$$\begin{aligned} vss &= ivt * x \\ xcod &= icv * vss \end{aligned}$$

새로운 BOD 값은 상기 경험적 제거 방정식에서 계산되고, 그 때 단계 1에서 분율의 합계로 계산된 BOD 값과 비교하면 새로운 **xcod** 공급기  $fbod$ 입니다.

분율에서 계산된 BOD 가 경험식에서 계산된 BOD 보다 더 적을 경우, 잉여 용해성 BOD (**bod** 와 **xbod** 의 차이)는 **ss** 로 처리하여 계산됩니다.

분율의 단계 3 에서 계산된 BOD 가 경험식에서 계산된 BOD 보다 더 클 경우, 잉여 입자성 BOD (**xbodu**)는 **xu** 로 변환되는 것으로 가정합니다. 그때의 용해성 기질 (및 용해성 BOD)은 0 으로 가정합니다.

비활성 및 비-반응 변수는 pond 객체 (**si**, **salk** 및 **snn**)를 통해 맵핑 됩니다.

유출하는 산소 농도 (**so**)와 질산염 농도 (**sno**)는 혐기성 pond 환경에서 0 이라고 가정합니다.

입자성 생분해 가능한 유기 질소 (**xnd**)는 **xs** 의 변환 대 **snh** 로 변환되는 것으로 가정합니다.

용해성 생분해 가능한 유기 질소 (**snd**)는 **ss** 의 변환 대 암모니아 (**snh**)로 변환되는 것으로 가정합니다.

종속영양미생물 (**xbh**)과 독립영양미생물 (**xba**)의 손실은 암모니아 (**snh**)의 생성의 결과를 가져옵니다.

### 조건적 (FACULTATIVE) POND

Facultative pond 의 이론은 혐기성 pond 에 대한 그것과 유사하나, BOD 제거에 대해 다른 모델, 및 상태 변수 농도를 결정하는데 조금 다른 이론을 사용합니다. Facultative pond 에 사용된 경험적 BOD 제거 모델은 Thirumurthi (1974)에 근거합니다:

$$BOD_{EFF} = BOD_{INF} \cdot K_S \cdot C_{TEMP} \cdot C_O \quad (6-61)$$

여기서,

$BOD_{EFF}$  = 유출 BOD (g/m<sup>3</sup>)

$BOD_{INF}$  = 유입 BOD (g/m<sup>3</sup>)

$K_S$  = 20°C에서 1 차 반응 BOD 제거율 계수 (1/d)

$C_{TEMP}$  = 온도 보정 인자

$C_O$  = 유기물 유입량 보정 인자

그리고,

$$C_{TEMP} = \theta^{(TEMP-20)} \quad (6-62)$$

$$C_O = \left[ 1 - 0.083 \log \left( \frac{SLR}{LR} \right) \right] \quad (6-63)$$

여기서,

TEMP = 온도, C

$\theta$  = 온도 보정 상수

SLR = 표준 부하율 (kg/ha/d)

LR = 현재 부하율 (kgBOD/ha/d)

상태 변수  $xba, xbh, xs, xu, xi, xsto, si, salk, snn, ss, snd, xnd$  결정 방법은 혐기성 pond 에서와 동일합니다.

산소는 호기성 상태에서 DO 는 포화되고, 혐기성 상태에서 DO 는 0 으로 가정하는 것에 의해 결정됩니다.  $so$  의 농도는 다음의 방정식에서 결정됩니다:

$$so = SOST \cdot AERDEPTH \quad (6-64)$$

여기서,

SOST = 포화된 산소 농도 ( $gO_2/m^3$ )

AERDEPTH = 호기 조건을 유지하는 깊이의 분율 (무차원)

질소 합성 변수에서, 질산염은 혐기성 상태에서 질소 가스로 변환되는 것으로 가정합니다. 그리하여:

$$sno_{EFF} = sno_{INF} \cdot (1 - AERDEPTH) \quad (6-65)$$

바이오매스와 생분해 가능한 질소의 혐기성 변환이 일부 pond 에서만 발생하기 때문에, 혐기성 모델에서 보이는 것처럼 암모니아 ( $snh$ )의 증가는 AERDEPTH 를 곱합니다.

## 호기성 POND

호기성 pond 은 Facultative pond 모델과 동일한 경험적 BOD 와 TSS 제거 모델을 사용합니다. 그러나, BOD 제거율 계수의 기본값은 호기성 조건 (Eckenfelder 1980)을 반영하기 위해 변경되었습니다.

상태 변수  $xba, xbh, xs, xu, xi, xsto, si, salk, snn, ss, snd, xnd$  의 결정 방법은 Facultative pond 에서와 동일합니다.

산소는 호기성 pond 의 유출 지점에서 포화되는 것으로 가정합니다. 이는 완전한 산소 환경에 기인하여, 질산염은 변하지 않고 남아 있는 것으로 가정하고, pond 객체를 통해 맵핑 됩니다.

암모니아는 바이오매스의 대부분이 water column 바깥에서 침전될 것이라는 가정에 따라, 변하지 않는 것으로 추정합니다. 그러므로,  $snh$  는 pond 객체를 통해 맵핑 됩니다.

## 보정

Pond 객체의 입력 변수 > 사이즈 입력에서 찾아낸 파라미터는 pond 형태와 pond 규모 설정을 포함합니다. 연속된 셀의 수는 pond 시스템에 대한 플러그 흐름의 정도(degree)를 설명합니다. 일반적으로, 연속된 셀의 수 증가에 따라 BOD 와 TSS 제거는 증가합니다. 상세.....페이지의 온도 값은 통기성과 호기성 pond 모델의 온도 보정 식에 사용됩니다.

입력 변수 > **Empirical Model** 상수에 있는 파라미터는 BOD 와 TSS 제거를 보정하는데 사용된 파라미터를 포함하고, 매우 짧은 HRTs 에 대한 제거 효율을 줄이는데 사용되는 반 포화 계수  $K_{HRT}$  를 포함합니다.

**표 6-6**는 **empiric** 모델에서 찾아낸 경험적 pond 모델에 대해 제안된 보정 기술을 요약합니다.

**Table 6-6 보정 방법**

모 델	보 정
혐기성	우선, TSS 제거에 대한 A 계수를 보정한 다음, BOD 에 대한 A 계수를 조절하십시오.
Facultative	우선, TSS 제거에 대한 A 계수를 보정한 다음, BOD 제거율 상수를 조절하십시오. 더 나아가서, 세부조정은 KHRT 와 온도/부하 계수를 조절하는 것으로 실행할 수 있습니다. 마지막으로, 암모니아를 보정하기 위해 호기성 상태의 깊이를 조절하십시오.
호기성	TSS 제거에 대한 A 계수를 보정한 다음, BOD 제거 비율 불변의 것을 조정하십시오. 더 나아가서, 제거율 상수를 조절하십시오. 더 나아가서, 세부조정은 KHRT 와 온도/부하 계수를 조절하는 것으로 실행할 수 있습니다.

### 다른 라이브러리에서 POND 모델

경험적 pond 모델에서 상태 변수 값의 결정하기 위해 위에 제시한 방법은 CNLIB 에서만입니다. 이 방법은 새로운/다른 상태 변수에 근거한 추가 및 수정으로 다른 라이브러리를 확장했습니다. **표 6-7**은 차이점에 대해 설명합니다:

**Table 6-7 Empiric Pond Model 에서 라이브러리-지정 알고리즘**

라이브러리	CNLIB pond 이론에서 추가/변경
CNIPLIB	모든 입자성 IP 구성 성분 ( <b>xza ~ xzo</b> )은 xi 와 유사하게 침전합니다 (생물학적으로 변화하지 않으나, 적절하게 침전되고 혼합 됨). 용해성 IP 구성 성분 ( <b>sza ~ szo</b> )은 생물학적 활동도에 영향을 받지 않고, 혼합됩니다.
CNPLIB	<b>slf</b> 및 <b>sf</b> 는 <b>ss</b> 와 유사하게 거동합니다. PAOs 는 <b>xbh</b> 및 <b>xba</b> 와 유사하게 변환됩니다. <b>sp</b> 는 모델링 되지 않으며, <b>si</b> 와 동일한 것으로 처리됩니다.
CNIPLIB	<b>slf</b> 및 <b>sf</b> 는 <b>ss</b> 와 유사하게 거동합니다. PAOs 는 <b>xbh</b> 및 <b>xba</b> 와 유사하게 변환됩니다. <b>sp</b> 모델링 되지 않으며, <b>si</b> 와 동일한 것으로 처리됩니다. 모든 입자성 IP 구성 성분 ( <b>xza ~ xzo</b> )는 xi 와 유사하게 침전합니다 (생물학적으로 변화하지 않으나, 적절하게 침전되고 혼합됨). 용해성 IP 구성 성분 ( <b>sza ~ szo</b> ) 은 생물학적 활동도에 영향을 받지 않고, 혼합됩니다.

## 산화구

### 재순환 유량 설정

16 개 CSTR 시리즈(1 개의 플러그 흐름 반응조)인 산화구 객체 운전은 마지막 탱크에서 첫 번째 탱크로 재순환합니다. 재순환은 **그림 6-23**에 보이는 것과 같이, **운전조건 입력** 메뉴에서, **산화구 순환 모드**를 사용하여 4 가지 다른 방법으로 지정할 수 있습니다.



The diagram shows a circular tank with a central column. A flow arrow labeled '89' indicates recirculation from the bottom to the top. A context menu is open, listing options: 모델, 입력 변수, 초기 조건, 출력 변수, 소스 데이터, 노트..., 변경사항 요약, 라벨. A sub-menu is also visible with options: 사이즈 입력, 운전조건 입력, 모델 화학양론, 동역학, 일관성, 운전 비용.

**운전 조건 입력**

유입, 반송, 펌프, 유출 장치

[89] 유입 분배 (...) -

[89] 반송 분배 (...) -

**산화구 유량 운전**

[89] 산화구 순환 모드 산화구 속도 설정

[89] 산화구 속도 25920.0 m/d

[89] 순환 유량 800000.0 m3/d

[89] 순환 유량/유입 유량 비율 200.0 -

[89] 출구 유량 비율 0.005 -

**폭기 설정**

[89] 포기 방법 산기식

[89] 산소 공급 방법 DO 제어기 사용

[89] 산소 물질 전달 계수 (청수) (...) 1/d

상세...

**산기식 포기**

[89] 포기조 유입 총공기량 100000.0 m3/d

[89] 공기량 분배 (...) -

상세...

**기계식 브러쉬 포기**

[89] 브러쉬 포기 동력 (...) kW

상세...

**폭기 제어**

[89] DO 고정치 (...) mgO2/L

상세...

승인 취소

그림 6-23 산화구 재순환 모드 설정

- 산화구 유속 설정- 산화구 유량의 표면 속도 상수를 지정
- 산화구 유속 상수 설정- 속도 지정이라기보다는, 유량 설정
- 산화구 비례 유속 설정- 산화구에 들어오는 유량 대 산화구 유량의 비로 통상, 산화구 유량은 유입량의 50~200 배일 것입니다.
- 출구 분율 상수 설정- 각 시간 동안 산화구를 나가는 산화구 유량의 분율 지정.

## 2-D 그레이 스케일 출력 변수

산화구에서는 2-D 그레이스케일 출력으로 표시되기 위해 설계한 일종의 특별 2 차원 출력 변수가 있습니다. 이 변수는 출력 변수 메뉴 **2-D 그레이스케일 산화구 출력** 에서 발견할 수 있습니다. 이 그래프는 우측 하단 구석에 있는 탱크 #1, 및 우측 상단 구석에 있는 유출과 더불어, 산화구 평면도를 보여줍니다(실제 유입 지점은 유입 분율 메뉴에서의 설정에 따라 결정됨). 유량은 산화구 주위를 시계방향으로 돌게 됩니다. 5 개의 다른 변수가 출력에서 이용 가능합니다: 용존 산소 (DO), 암모니아, 질산염, 실제 산소 섭취율 (OUR) 및 탈질 (DNR). **그림 6-24**은 전형적인 산화구에서 2-D 그레이스케일 DO 그래프의 한 예를 보여줍니다.

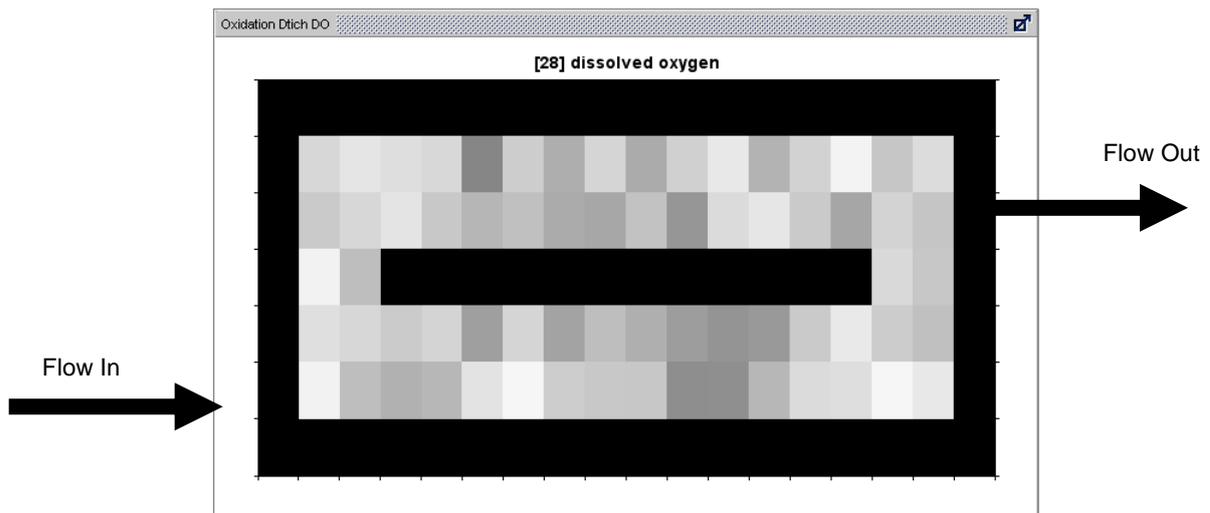


그림 6-24 2-D 그레이스케일 산화구 출력 - DO

### Note

객체 내의 높은 재 순환율(및 이에 따른 산화구의 개별 섹션에서의 짧은 HRT) 때문에, 산화구 모델은 수시로 정상-상태 솔버로 정상-상태를 수렴시키기 위해 더 오랜 시간이 걸릴 것입니다. 사용자는 합리적인 해결책에 도달하기 위해 정상 상태 솔버 메뉴에 있는 **iteration termination criteria** 그리고/또는 **damping factor on final approach** 를 증가시킬 필요가 있다는 것을 발견할 지도 모릅니다.

정상 상태 해결책에 어려움이 있을 경우, 사용자는 더 높은 반복 중지 값에서 정상 상태 솔버를 중단시킬 수 있고, 정상 상태 솔버 해결책이 충분한 경우, 테스트에 대한 짧은 동적 시뮬레이션을 실행 할 수 있습니다. 동적 해결책이 정상 상태 조건에서 뚜렷하게 발산하지 않을 경우, 더 높은 반복 종료 값이 적당합니다. 어떤 질문이나 문제가 있을 경우, [support@hydrossoft.co.kr](mailto:support@hydrossoft.co.kr) 로 연락하십시오.

## CONTINUOUS FLOW SEQUENCING REACTOR (CFSR)

### 공통 기능

Continuous flow sequencing reactor(CFSR) 모델은 CSTR(PFR) 반응조가 연속적으로 이어진 생물반응조에서 마지막조에서 맨 첫번째 조로 대용량의 반송이 이루어지는 경우입니다. 반송되는 양(Recirculation)의 유량은 다음 **그림 6-25** 에서와 같이 **운전조건 입력** 메뉴에서 **순환 모드** 설정을 사용하여 5 가지 방법으로 지정할 수 있습니다. CSTR 번호의 오름차순으로 흐름이 반응기 주위로 시계 방향으로 이동합니다.

그림 6-25 CFSR 반송(recirculation) 설정

- 순환 속도 설정 – CFSR 흐름의 일정 표면 유속을 지정
- 순환 유량의 고정값 설정 – 속도를 지정하는 대신 유량 설정
- 순환 유량의 비례값 설정 – CFSR 유량을 CFSR 로 들어오는 유량에 비례하도록 만듭니다.
- 출구 비율의 고정값 설정 – 매번 CFSR 을 빠져 나가는 유량의 비율을 지정합니다.

- **Bridge 회전주기에 비례 설정** – 폭기 브릿지의 회전주기에 비례하여 재순환 속도를 설정합니다 (이 옵션은 회전하는 폭기 브릿지 시뮬레이션이 필요가 없습니다).

### Note

상대적으로 짧은 SRT 에 비해 객체 내부의 많은 양의 반응으로 인하여 간혹 CSR 모델이 정상상태 수렴에 실패하는 경우가 있습니다. 이 경우 iteration termination criteria 를 증가시키거나, 정상상태 솔버 메뉴에서 damping fator 를 증가할 수 있습니다.

정상상태 해석이 힘들 경우, 높은 iteration termination 값에서 정상상태 솔버를 중지하고, 정상상태 솔버가 적합한지 확인하기 위해서 짧은 기간동안의 다이내믹 상태로 돌려봅니다. 다이내믹 결과가 정상상태 조건에서 발산하지 않는다면, 높은 iteration termination 값이 적당한 것으로 판단할 수 있습니다. 이와 관련하여 궁금한 사항이 있으시면 [support@hydrosoft.co.kr](mailto:support@hydrosoft.co.kr) 로 문의하시기 바랍니다.

## 회전 폭기 브릿지 (ROTATING AERATION BRIDGE)

CFSR 은 순환 브릿지에 매달린 폭기 격자를 가진 원형 탱크로 구성되어 있지만 탱크 주변을 따라 바닥에 고정식 폭기 격자를 설치할 수 있습니다. 회전식 폭기 브릿지를 모델링할 때 회전식 산기관에 대한 총 공기량에 지정된 공기량은 지정된 회전주기 동안 한 CSTR 셀에서 다음 CSTR 셀로 탱크 주변으로 이동합니다. 폭기 브릿지의 회전주기는 회전하는 산기관이 탱크 주변에서 1 회전하는 데 필요한 시간을 지정합니다.

Section	Parameter	Value	Unit
유량 조건	[54] 순환 모드	브릿지 회전주기에 비례 설정	-
	[54] 순환 속도	25920.0	m/d
	[54] 순환 흐름	800000.0	m3/d
	[54] 순환 유량/유입 유량 비율	200.0	-
	[54] 출구로 가는 순환유량의 비율	0.005	-
	[54] 폭기 브릿지 회전 비율	0.2	-
회전 폭기 브릿지	[54] 폭기 브릿지의 회전 기간	0.001388888	d
폭기 설정	[54] 산소 공급 방법	공기량 입력	-
	[54] 산소 물질 전달 계수 (형수)	200.0	1/d
	상세...		
산기식 폭기	[54] 회전 디퓨저 유입 총공기량	100000.0	m3/d
	[54] 고정 디퓨저 유입 총공기량	0.0	m3/d
	상세...		
DO 제어기	[54] DO 고정치	2.0	mgO2/L
	상세...		

그림 6-26 CFSR 회전 폭기 브릿지 설정

## CONTROLLER 옵션

CFSR 객체는 DO 컨트롤러 옵션을 사용하거나  $KLa$  대신 조작된 변수로 공기량을 입력하여 산소 전달을 지정합니다 (GPS-X의 다른 DO 컨트롤러와 유사). PID DO 제어기는  $KLa$  를 조작하고 필요한 공기량을 계산합니다.

CFSR 객체는 하나의 추가적인 산소 공급 방법 옵션을 포함합니다. **DO ON/OFF 제어기**는 지정된 DO 상한 및 하한에 따라 반응조로의 공기량을 켜고 끕니다. 제어기가 얼마나 빨리 반응을 취하는가는 (상한 또는 하한에 도달 한 후) 컨트롤러의 지정된 샘플링 시간에 따라 다릅니다.

GPS-X의 CFSR 객체에는 타이머, 질산염 제어기 및 암모니아 제어기와 함께 지정된 산소 공급 방법 중 하나와 쌍을 이루는 세 가지 추가 포기 제어기가 있습니다. 이러한 추가 제어기는 [그림 6-27](#)에서 볼 수 있습니다. 제어기 옵션에 의한 산소 공급 지정은 DO 농도만을 제어하지만, 포기 제어기는 탱크에서 보다 복잡한 포기 설정을 다룹니다. 포기 제어기의 각 포기 단계에서 선택한 산소 공급 방법 옵션은 다음 전략에 따라 공기량을 조작합니다.

Section	Parameter	Value	Unit
DO 제어기	[54] DO 고정치	2.0	mgO <sub>2</sub> /L
	[54] DO 상한선	4.0	mgO <sub>2</sub> /L
DO의 ON/OFF 제어기	[54] DO 상한선	4.0	mgO <sub>2</sub> /L
	[54] DO 하한선	2.0	mgO <sub>2</sub> /L
	[54] 제어기 샘플링 시간	0.1	d
특기 제어기	[54] 제어기	타이머	
	[54] 제어기 샘플링 시간	0.1	d
	[54] 혐기성 상 기간	0.2	d
특기 타이머	[54] 포기 시작 시간	0.0	d
	[54] 포기 종료 시간	0.5	d
	[54] 사이클 시간	1.0	d
질산염 제어기	[54] 호기 상태에서 질산염 high limit	8.0	mgN/L
	[54] 무산소 상태에서 질산염 low limit	0.1	mgN/L
	[54] 무산소 상태에서 최소 질산염 제거율	1.0	mgN/(L.d)
암모니아 제어기	[54] 산소 조건에서 암모니아 low limit	2.0	mgN/L
	[54] 무산소 조건에서 암모니아 high limit	4.0	mgN/L

그림 6-27 CFSR 추가 포기 제어기

- **타이머** – 타이머 제어기는 정해진 주기의 포기 및 비포기 단계의 고정 사이클을 생성합니다. 타이머 제어기는 포기 시작 시간, 포기 종료 시간 및 전체 사이클의 길이를 지정하여 구성되며, 사이클의 남은 시간에는 포기가 되지 않습니다.
- **암모니아 제어기** - 암모니아 제어기는 암모니아가 무산소 조건에서 암모니아 상한선에 도달할 때 공기를 켜서 공기량을 조절하고 암모니아가 산소 조건에서 암모니아 하한선에 도달하면 공기를 차단합니다.
- **질산염 제어기** – 질산염 제어기는 호기, 무산소, 혐기성의 3 가지로 구성됩니다.
  - **Oxic(호기)** – 호기 단계에서 CFSR의 포기 시스템이 가동됩니다. 탱크의 포기는 호기 상태에서 질산염 상한치(질산염 농도)에 도달할 때까지 계속됩니다. 규정된 상한 농도 한계에 도달하면, 제어기는 무산소 상태로 전환합니다.
  - **Anoxic(무산소)** – 무산소 단계에서 CFSR의 포기 시스템은 꺼져 있습니다. 무산소 단계는 무산소 상태에서 질산염 하한치가 될 때까지 계속됩니다. 특정 저농도에 도달하면, 제어기는 혐기성 상으로 전환합니다. 낮은 질산염 농도에 도달하기 전에 무산소 단계에서 CSR을 통한 평균 질산염 제거율이 무산소 상태에서 최소 질산염 제거율 아래로 떨어지면 제어기는 무산소 단계를 끝내고 혐기성 단계를 실행하지 않고 직접 호기 상태로 돌아갑니다.
  - **Anaerobic(혐기성)** – 혐기성 단계는 무산소 단계의 완료 시점에서 시작되는 특정 기간의 시간 단계입니다. 혐기성 단계에서 CFSR의 포기 시스템은 꺼져 있습니다. 혐기성 상 기간으로 지정된 시간이 경과하면 제어기는 호기 상태로 돌아갑니다.

## 순산소 (HPO) 시스템

순산소 (HPO) 활성 슬러지 객체는 포기 시스템이 일반 공기 대신 HPO 가스 공급 장치를 사용한다는 점을 제외하고는 플러그흐름 반응조 객체와 동일한 방식으로 작동합니다. 또한, 전체 플러그흐름 시스템에 덮개가 달리고 개별 반응조의 상부에 공간이 있어서 하향류 방향으로 연결됩니다. 가스 하향류 유량은 가스 입력 및 배출 유량에서 결정되고, 모든 반응조 상부공간에서 압력을 동등하게 합니다. **그림 6-28**은 HPO 시스템의 물리학적 구성을 보여줍니다.

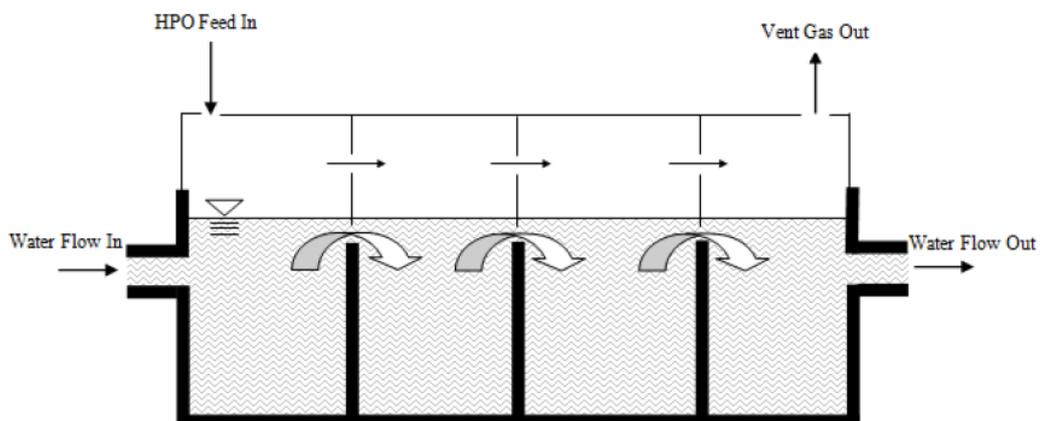


그림 6-28 고순도 산소 (HPO) 시스템의 개략도

가스의 흐름과 물의 흐름은 개별적으로 모델링됩니다. 공기/물 경계 면에서 O<sub>2</sub> 가스, N<sub>2</sub> 가스 및 CO<sub>2</sub> 가스의 교환은 헨리의 법칙을 사용하여 결정되고, 온도 및 수두공간 압력을 수정합니다.

CO<sub>2</sub> 가스 발생량을 계산하기 위해 통상적인 생물학적 모델의 화학양론이 HPO 객체에서 추가되었습니다. 가스가 하향류로 이동함에 따라, O<sub>2</sub> 는 액체로 전이되고 생물학적 활성도에 의해 소모됩니다. N<sub>2</sub> 와 CO<sub>2</sub> 는 각 수두공간에서 가스 농도로 생성되고, 평형을 유지하게 됩니다. 따라서, 플러그 흐름 시스템에서 각 반응조에 대한 가스의 구성 성분(O<sub>2</sub>, N<sub>2</sub> 및 CO<sub>2</sub> 가스의 분율)을 표시할 수 있습니다. 가스 구성 성분에 대한 출력 변수는 출력 변수 메뉴 **HPO 시스템 변수**에서 찾을 수 있습니다.

HPO 시스템이 천장이 막혀있고, CO<sub>2</sub> 가스가 대기압 값보다 더 높은 농도로 수두공간에 포함되기 때문에, HPO 시스템은 전형적이지 않은 pH 값을 가질 수도 있습니다. GPS-X HPO 객체는 개별 반응조에 대한 액체의 pH 를 결정하는 pH 계산기를 포함합니다. pH 모델에 대한 보다 세부적인 사항은, “도구” 장에서 pH 설명을 참고하십시오(툴 박스에서의 모델은 여기 사용된 것과 동일). 추정된 pH 계산을 얻기 위해 반응조에서 양이온 및 음이온의 농도를 정확하게 지정하는 것이 중요합니다.

개별 반응조에서 결정된 pH 는 **사이즈 입력** 매개변수 **상세...버튼**에서 **pH 저해** 설정을 이용하여 생물학적 성장 저해를 설정할 수 있습니다. pH 저해는 기본적으로 OFF 로 설정되어 있습니다.

바이오매스의 성장은 Grady and Lim (1980)에서 가져온, pH 저해 인자의 곱입니다. 이는 0 과 1 사이의 어떤 값을 가집니다. pH = 7.2 및 pH ≈ 6.0 사이의 선형 기울기를 만듭니다.

$$inhib = [1 - 0.833(7.2 - pH)] \quad (6-66)$$

## 개방형 순산소조 (MANTIS2LIB)

Open basin HPO 객체는 슬러지 활성을 위해서 순수 산소를 주입하여 기-액 전이를 실현하는 공정입니다. 본 공정은 더 많은 CO<sub>2</sub> 교환을 허락하면서 좋은 산소 전달율을 제공하는 것으로 알려져 있습니다. 더 많은 CO<sub>2</sub> 교환으로 인하여 pH의 급격한 하락을 예방할 수 있습니다. HPO 객체는 다음과 같은 특징을 따릅니다.

1. 주입가스와 출구가스 조성에 따른 기-액전이
2. 에너지 균형에 따른 온도 추정
3. 고온과 동역학 파라미터 관계

에너지 균형 모델과 산소 전달 모델을 이용한 일반적인 결과물은 [그림 6-29](#)과 [그림 6-30](#)과 같습니다.

Enthalpy	
[miss] 포기로 인한 엔탈피 변화율	-17.35 kW
[miss] 열 손실-액체-air wall에 의한 엔탈피 변화율	-17.17 kW
[miss] 열 손실-액체-soil wall에 의한 엔탈피 변화율	-0.3594 kW
[miss] 포기기 에너지로 인한 엔탈피 변화율	15.8 kW
[miss] 호기성 산화로 인한 엔탈피 변화율	201.7 kW
[miss] 무산소 산화로 인한 엔탈피 변화율	12.13 kW
[miss] 암모니아 산화로 인한 엔탈피 변화율	37.52 kW
[miss] 추가 냉각 작업	0.1189 kW

Temperature	
[miss] 모델에서 사용한 온도	39.28 C
[miss] 온도 예측(온도 계산 옵션 설정시에만 사용 가능)	39.28 C

그림 6-29 온도 추정을 위한 에너지 균형 모델의 일반적인 결과

Saturation Concentrations	
[miss] 산소 포화(현장 조건)	36.54 mg/L
[miss] N2 포화(현장 조건)	0.0 mg/L
[miss] CH4 포화(현장 조건)	0.0 mg/L
[miss] H2 포화(현장 조건)	0.0 mg/L

Oxygen Transfer	
[miss] KLa(표준조건)	44.3 1/d
[miss] KLa(현장조건)	62.99 1/d
[miss] 표준 산소 전달률(SOTR)	2148 kg/d
[miss] 실제 산소 전달속도(OTR)	1845 kg/d
[miss] 표준 산소 전달률	0.9 -
[miss] 산소 전달 효율	0.7728 -
[miss] 가스 유량(표준 조건)	1794 m3/d
[miss] 가스 유량(현장조건)	1794 m3/d
[miss] 축동력	14.69 kW
[miss] 전원 중단	15.8 kW
[miss] 믹싱(혼합) 최소 전력	7.2 kW

그림 6-30 산소 전달율의 일반적인 결과

### 개방형 순산소조에서 가스 전달 모델링

생물반응조에서 가스가 벌크 액체상으로 전달되는 것은 각 용해된 가스의 동적 물질수지를 이용해서 모델링합니다. (Hydromantis, 2011) 예를 들어, CSTR의 용해된 산소 물질수지는 다음과 같습니다.

$$V \frac{dC_L}{dt} = QC_{in} - QC_L + K_L a (C_{\infty}^* - C_L)V + rV \tag{6-67}$$

여기서,

V = 반응조 부피 (m<sup>3</sup>)

C<sub>L</sub> = 반응조의 용해된 산소(DO) 농도 (mg/L)

Q = 유입수 유량 (m<sup>3</sup>/d)

C<sub>in</sub> = 반응조로 유입되는 DO 농도 (mg/L)

$K_{La}$  = 현장 조건에서 산소 전달 계수 (1/day)

$C_{\infty}^*$  = 현장 조건에서 DO 포화 농도 (mg/L)

$r$  = 미생물의 DO 소모율 (g/day), 호흡률

반응기 CL의 DO 농도에 대한 용존 산소 물질 수지를 시간에 따라 구하기 위해 계산되어야하는 두 개의 항을 빼고 부피, 유량 및 반응 속도는 사양 또는 다른 모델링 식에서 알 수 있습니다.

1. 현장 조건에서 DO 포화 농도,  $C_{\infty}^*$
2. 현장조건에서 산소 질량전달 계수,  $K_{La}$

### 현장 조건에서 DO 포화 농도 계산

현장 조건에서 DO 포화농도는 계산은 다음과 같이 계산합니다.

$$C_{\infty}^* = \tau \times \beta \times \Omega \times \eta \times C_{\infty 20}^* \quad (6-68)$$

여기서,

$\tau$  = 온도 보정 계수 (단위 없음)

$\beta$  = 염분, 입자, 표면 활성 성분에 대한 보정 계수 (단위 없음)

$\Omega$  = 압력 보정 계수 (단위 없음)

$C_{\infty 20}^*$  = 20°C 1atm 에서 DO 포화 농도(mg/L)

보정 계수들은 액체 온도, 디퓨저의 설치 위치 및 하수에서 발견되는 염분, 침전물, 표면 활성 물질 등에 대한 DO의 포화농도를 조절하는데 사용합니다.

온도 보정 계수는 다음과 같이 계산합니다.

$$\tau = \frac{C_{st}^*}{C_{s 20}^*} \quad (6-69)$$

여기서,

$C_{st}^*$  = t 온도, 1 atm 대기압에서 DO 표면 포화 농도 (mg/L)

$C_{s 20}^*$  = 20°C, 1 atm 에서 DO 표면 포화 농도 (mg/L)

액체 온도 t에서, 1 atm 대기압에서 표면 DO 포화농도를 구하기 위해서는 온도에 근거한 GPS-X의 lookup table 을 사용합니다. Lookup table 은 USEPA 설계 매뉴얼 – Fine Pore Aeration Systems(USEPA, 1989)의 Appendix C 를 인용한 것입니다. 만약에 온도가 테이블 내의 2 가지 데이터

사이의 값이라면, GPS-X 는  $C_{st}^*$  값을 결정하기 위해서 선형 보간법을 이용합니다.  $C_{s\ 20}$  값은 9.09mg/L 입니다.

염분, 입자 및 표면 활성 성분에 대한 보정 계수인  $\beta$ 는 측정값이어야 합니다. 그렇지 않다면 관심 대상 하수에 대해 예측을 해야 합니다. GPS-X 에서는 기본값을 0.95 를 사용합니다.

압력에 대한 보정 계수는 다음과 같이 계산합니다.

$$\Omega = \frac{P_b - P_v}{P_s - P_v} \quad (6-70)$$

여기서,

$P_b$  = 대기온도에서 해발 고도 압력 (kPa)

$P_s$  = 표준 기압(101.325kPa)

$P_v$  = 액체 온도에서의 수증기압 (kPa)

해발 고도와 대기 온도에서 압력은 다음의 Metcalf and Eddy (2003 의 Appendix B-2 를 인용해서 계산합니다.

$$P_b = \exp \left[ -\frac{gM(z_b - z_s)}{RT_{air}} \right] P_s \quad (6-71)$$

여기서,

$g$  = 중력가속도 (9.81m/s<sup>2</sup>)

$M$  = 공기의 몰중량 (28.964kg/kgmole)

$R$  = 가스 상수 (8314N.m/kg-mole.K)

$T_{air}$  = 대기온도 (K)

$z_i$  =  $i$ 에서의 해당 고도 (m)

액체온도에서의 물의 수증기압은 Antoine 공식을 이용하여 계산합니다. (Felder and Rousseau, 1986)

$$\log_{10} P_v = A - \frac{B}{T+C} \quad (6-72)$$

여기서,

A, B, C = Antoine 계수

T = 하수 온도 (°C)

산소 포화도에 대한 깊이 보정계수는 다음과 같습니다.

$$\delta = \frac{(P_s + 9.8 \frac{d}{2})}{P_s} \quad (6-73)$$

d 는 반응조의 깊이입니다.

20℃ , 1 atm 에서 DO 포화 농도는 다음과 같이 계산합니다.

$$C_{\infty 20}^* = \delta(C_{s 20}^*) \quad (6-74)$$

각 가스에 대한  $\eta$  는 다음의 식으로 계산합니다.

$$\eta = \frac{\text{molfr}_{O_2}}{\text{molfratm}_{O_2}} \quad (6-75)$$

여기서,

$\text{molfr}_{O_2}$  = 버블에서 산소의 평균 몰분율

$\text{molfratm}_{O_2}$  = 대기에서 산소의 몰분율

버블에서 산소의 평균 몰분율은 다음과 같이 추정합니다.

$$\text{molfr}_{O_2} = w_{f_{feed}} \times \text{molfr}_{feedO_2} + (1 - w_{f_{feed}}) \times \text{molfr}_{outO_2} \quad (6-76)$$

여기서,

$\text{molfr}_{feedO_2}$  = feed 가스의 산소 몰분율

$\text{molfr}_{outO_2}$  = 배출 가스에서의 산소 몰분율

$w_{f_{feed}}$  = 평균에 대한 가중 인자 (기본값으로 1)

배출 가스의 가스 조성에 대한 추정은 다음 섹션에서 살펴보도록 하겠습니다.

현장조건에서 DO 포화 농도에 대한 최종 공식은 다음과 같습니다.

$$C_{\infty}^* = \tau \times \beta \times \Omega \times \delta \times \eta \times C_{\infty 20}^* \quad (6-77)$$

### 현장 조건에서 산소 질량 전달 계수의 계산

GPS-X 에서는 개방형 순산소조에서 기액전달을 계산하기 위해서 사용자가 입력해야 하는 사항 4 가지 옵션으로 제공합니다.

1. 20℃에서 깨끗한 물의  $K_L a$  값 직접 사용

2. 20°C, 1atm 에서 표준 조건에서 특정 가스의 유량
3. 산소발생기의 wire point 입력
4. DO 컨트롤러 사용

상기의 각 옵션에서, 사용자는 특정 SOTE 값을 사용할 수 있습니다. 고순도 산소에 대한 SOTE 기본값은 90%로 간주합니다.

## ***K<sub>L</sub>A 직접 입력하기***

### ***현장 조건에서 K<sub>L</sub>a 추정하기***

현장 조건에서 K<sub>L</sub>a는 다음 공식을 사용하여 계산됩니다:

$$K_L a_T = (\alpha F) \theta^{\tau-20} K_L a_{20} \quad (6.78)$$

여기서,

$K_L a_T$  = T °C 온도에서 질량 전달 계수 (1/day)

$K_L a_{20}$  = 20°C에서 질량 전달 계수

$\Theta$  = 온도 보정계수 (기본값으로 1.024)

$\alpha$  =  $K_L a_{20}$ 에 대한 하수 보정 인자

F = 디퓨저 파울링 상수 (기본값으로 1.0)

T = 하수 온도(°C)

### ***현장 조건에서, 산소전달률 (OTR) g/d 로 계산하기***

$$OTR = K_L a_T (C_{\infty}^* - C_L) V \quad (6.79)$$

### ***표준 산소전달률(SOTR) g/d 로 계산하기***

$$SOTR = K_L a_{20} (C_{20}^*) V \quad (6.80)$$

### ***표준 조건에서 m<sup>3</sup>/d 로 공기량***

공기량은 다음과 같이 계산합니다.

$$G_s = \frac{SOTR}{SOTE \times \text{molfr}_{O_2} \times MW_{O_2} \times \frac{\rho_{user}}{MW_{user}}} \quad (6.81)$$

여기서,

$\text{molfr}_{O_2}$  = 사용자 정의된 공기에서  $O_2$ 의 몰분율 (mole/mole)

$MW_{O_2}$  =  $O_2$ 의 분자량 (32 g/mole)

$\rho_{user}$  = 사용자 정의된 공기의 밀도 (g/m<sup>3</sup>)

$MW_{user}$  = 사용자 정의된 공기의 평균 분자량 (g/mole)

### 현장 조건에서 공기량 추정

표준 조건의 공기량은 이상기체 상태 방정식을 이용해서 현장 조건으로 바꿔줍니다.

$$G_{s,field} = \frac{(T_{field} + 273.15)}{(T_{standard} + 273.15)} \times \frac{P_{feed}}{P_b} \times G_s \quad (6.82)$$

여기서,

$T_{standard}$  = 현장 조건에서 대기 온도 (°C)

$T_{field}$  = 현장 조건에서 대기 온도 (°C)

### SAE 추정하기

SAE 는 Praxair 의 보정방법을 근거로 추정합니다. SOTE 는 86%~100% 범위에서 유효합니다. SOTE 값이 80% 보다 작으면 SAE 는 7.11kg/kWh 로 결정됩니다.

$$SAE = 17.861 \times (SOTE)^2 - 40.518 \times SOTE + 28.092 \quad (6.83)$$

여기서,

SAE = Specific aerator energy (wire), kgO<sub>2</sub>/kW-hr

SOTE = 표준 산소 전달율, %

Mechanical power 는 다음의 공식에 따라서 계산합니다.

$$P_{mechanical} = \frac{SOTR}{SAE \times CF_2 \times \eta_{motor}}$$

(6.84)

여기서,

$P_{mechanical}$  = mechanical power (kW)

SAE = mechanical aerator 산소 전달율(kgO<sub>2</sub>/kW.h)

CF<sub>2</sub> =전환 계수(24,000)

$\eta_{motor}$  = 모터 효율

### 공기량 입력하기

20°C, 1atm 표준 조건에서 가스량을 입력합니다.

**표준 산소전달율(SOTR, g/d)**

SOTR 은 다음과 같이 계산합니다.

$$SOTR = G_s \times SOTE \times molfr_{O_2} \times MW_{O_2} \times \frac{\rho_{gas}}{MW_{gas}}$$

(6.85)

여기서,

molfr<sub>O<sub>2</sub></sub> = feed gas 에서 O<sub>2</sub>의 mole fraction (mole O<sub>2</sub> / mole gas)

MW<sub>O<sub>2</sub></sub> = O<sub>2</sub>의 분자량 (32 g/mole O<sub>2</sub>)

$\rho_{gas}$  = feed 가스의 밀도(g/m<sup>3</sup>)

MW<sub>gas</sub> = 가스의 평균 분자량(g/mole gas)

### OTR 계산하기

OTR 은 다음과 같이 계산합니다.

$$OTR = \frac{SOTR(\alpha F)\theta^{T-20}(C_{\infty}^* - C_L)}{C_{\infty 20}^*} \quad (6.86)$$

표준 상태에서  $K_La$  는 다음과 같습니다.

$$K_La_{20} = \frac{SOTR}{C_{\infty 20}^* \times V} \quad (6.87)$$

현장 조건에서  $K_La$  는 다음과 같습니다.

$$K_La_T = \frac{OTR}{(C_{\infty}^* - C_L) \times V} \quad (6.88)$$

표준 상태에서 공기량 ( $m^3/day$ )

$$G_s = \frac{SOTR}{SOTE \times \text{molfr}_{O_2} \times MW_{O_2} \times \frac{\rho_{gas}}{MW_{gas}}} \quad (6.89)$$

여기서,

$\text{molfr}_{O_2}$  = feed 가스에서  $O_2$ 의 mole fraction (mole  $O_2$ / mole gas)

$MW_{O_2}$  =  $O_2$ 의 분자량 (32 g/mole  $O_2$ )

$\rho_{gas}$  = feed gas 의 밀도 ( $g/m^3$ )

$MW_{gas}$  = 가스의 평균 분자량 ( $g/mole$  gas)

현장 조건에서 공기량 ( $m^3/day$ )

이상기체 상태 방정식을 이용해서 표준 조건을 현장조건으로 변환합니다.

$$G_{s,field} = \frac{(T_{field} + 273.15)}{(T_{standard} + 273.15)} \times \frac{P_{feed}}{P_b} \times G_s \quad (6.90)$$

여기서,

$T_{\text{standard}}$  = 표준 조건에서 대기 온도(°C)

$T_{\text{field}}$  = 현장 조건에서 대기 온도(°C)

#### SAE 계산하기

SAE 는 Praxair 의 보정방법을 근거로 추정합니다. SOTE 는 86%~100% 범위에서 유효합니다. SOTE 값이 80% 보다 작으면 SAE 는 7.11kg/kWh 로 결정됩니다.

$$SAE = 17.861 \times (SOTE)^2 - 40.518 \times SOTE + 28.092 \quad (6.91)$$

여기서,

SAE = Specific aerator energy (wire), kgO<sub>2</sub>/kW-hr

SOTE = 표준 산소 전달율, %

Mechanical power 는 다음의 공식에 따라서 계산합니다.

$$P_{\text{mechanical}} = \frac{SOTR}{SAE \times CF_2 \times \eta_{\text{motor}}} \quad (6.92)$$

여기서,

$P_{\text{mechanical}}$  = mechanical power (kW)

SAE = mechanical aerator 산소 전달율(kgO<sub>2</sub>/kW.h)

$CF_2$  =전환 계수(24,000)

$\eta_{\text{motor}}$  = 모터 효율

### 산소 발생기 POWER 입력하기

#### SAE 계산하기

SAE 는 Praxair 의 보정방법을 근거로 추정합니다. SOTE 는 86%~100% 범위에서 유효합니다. SOTE 값이 80% 보다 작으면 SAE 는 7.11kg/kWh 로 결정됩니다.

$$SAE = 17.861 \times (SOTE)^2 - 40.518 \times SOTE + 28.092 \quad (6.93)$$

여기서,

SAE = Specific aerator energy (wire), kgO<sub>2</sub>/kW-hr

SOTE = 표준 산소 전달율, %

### SOTR 계산하기

Mechanical power 요구량은 다음의 식을 이용해서 계산합니다.

$$SOTR = P_{mechanical} \times SAE \times CF_2 \times \eta_{motor} \quad (6.94)$$

여기서,

P<sub>mechanical</sub> = mechanical power (kW)

SAE = mechanical aerator 산소 전달율(kgO<sub>2</sub>/kW.h)

CF<sub>2</sub> = 변환 계수(24,000)

η<sub>motor</sub> = 모터 효율

### OTR 계산하기

OTR 은 다음의 식을 이용합니다.

$$OTR = \frac{SOTR(\alpha F) \theta^{T-20} (C_{\infty}^* - C_L)}{C_{\infty 20}^*} \quad (6.95)$$

표준 조건에서 K<sub>L</sub>a

$$K_L a_{20} = \frac{SOTR}{C_{\infty 20}^* \times V} \quad (6.96)$$

현장 조건에서  $K_L a_T$

$$K_L a_T = \frac{OTR}{(C_\infty^* - C_L) \times V} \quad (6.97)$$

표준 상태에서 공기량 ( $m^3/day$ )

$$G_s = \frac{SOTR}{SOTE \times \text{molfr}_{O_2} \times MW_{O_2} \times \frac{\rho_{gas}}{MW_{gas}}} \quad (6.98)$$

여기서,

$\text{molfr}_{O_2}$  = feed gas 에서  $O_2$ 의 몰분율 (mole  $O_2$  / mole gas)

$MW_{O_2}$  =  $O_2$ 의 분자량 (32g/mole  $O_2$ )

$\rho_{gas}$  = feed 가스의 밀도(g/ $m^3$ )

$MW_{gas}$  = 가스의 평균 분자량 (g/mole gas)

현장 조건에서 공기량 계산하기

이상기체 상태방정식을 이용해서 표준 조건을 현장 조건으로 전환합니다.

$$G_{s,field} = \frac{(T_{field} + 273.15)}{(T_{standard} + 273.15)} \times \frac{P_{feed}}{P_b} \times G_s \quad (6.99)$$

여기서,

$T_{standard}$  = 표준 조건에서 대기 온도( $^{\circ}C$ )

$T_{field}$  = 현장 조건에서 대기 온도( $^{\circ}C$ )

**DO 컨트롤 (DO 제어)**

현장 조건에서  $K_La$

현장 조건에서  $K_La$  는 컨트롤러로 계산합니다.

표준 조건에서  $K_La$

$$K_L a_{20} = \frac{K_L a_T}{(\alpha F) \theta^{(T-20)}} \quad (6.100)$$

여기서,

$K_L a_T$  = T 온도에서 질량 전달 계수 (1/day)

$K_L a_{20}$  = 20°C에서 질량 전달 계수

$\theta^{(T-20)}$  = 온도 보정계수 (기본값으로 1.024)

$\alpha F$  =  $K_{La20}$ 에 대한 하수 보정 인자

F = 파울링 인자 (기본값으로 1.0)

T = 하수 온도(°C)

현장 조건에서 OTR(Oxygen Transfer Rate) 계산 (g/d)

$$OTR = K_L a_T (C_{\infty}^* - C_L) V \quad (6.101)$$

표준 조건에서 OTR(Oxygen Transfer Rate) 계산 (g/d)

$$SOTR = K_L a_{20} (C_{\infty 20}^*) V \quad (6.102)$$

표준 조건에서 공기량 (m<sup>3</sup>/d)

$$G_s = \frac{SOTR}{SOTE \times \text{molfr}_{O_2} \times MW_{O_2} \times \frac{\rho_{gas}}{MW_{gas}}} \quad (6.103)$$

여기서,

$\text{molfr}_{O_2}$  = feed gas 에서  $O_2$  의 몰분율 (mole  $O_2$  / mole gas)

$MW_{O_2}$  =  $O_2$  의 분자량 (32 g/mole  $O_2$ )

$\rho_{gas}$  = feed 가스의 밀도(g/m<sup>3</sup>)

$MW_{gas}$  = 가스의 평균 분자량 (g/mole gas)

현장 조건의 공기량은 이상기체 상태 방정식을 이용해서 표준 조건을 변환해서 계산합니다.

$$G_{s,field} = \frac{(T_{field} + 273.15)}{(T_{standard} + 273.15)} \times \frac{P_{feed}}{P_b} \times G_s \quad (6.104)$$

여기서,

$T_{standard}$  = 표준 조건에서 대기 온도(°C)

$T_{field}$  = 현장 조건에서 대기 온도(°C)

#### SAE 계산하기

SAE 는 Praxair 의 보정방법을 근거로 추정합니다. SOTE 는 86%~100% 범위에서 유효합니다. SOTE 값이 80% 보다 작으면 SAE 는 7.11kg/kWh 로 결정됩니다.

$$SAE = 17.861 \times (SOTE)^2 - 40.518 \times SOTE + 28.092 \quad (6.105)$$

여기서,

SAE = Specific aerator energy (wire), kgO<sub>2</sub>/kW-hr

SOTE = 표준 산소 전달율, %

Mechanical power 는 다음의 공식에 따라서 계산합니다.

$$P_{mechanical} = \frac{SOTR}{SAE \times CF_2 \times \eta_{motor}}$$

(6.106)

여기서,

$P_{mechanical}$  = mechanical power (kW)

SAE = mechanical aerator 산소 전달율(kg O<sub>2</sub>/kW.h)

CF<sub>2</sub> =전환 계수

$\eta_{motor}$  = 모터 효율

### 배출 가스의 조성 계산하기

개방형 순산소조 객체는 Mantis2 모델에서 O<sub>2</sub>, CO<sub>2</sub>, N<sub>2</sub>, H<sub>2</sub> 및 CH<sub>4</sub>의 기액 전달을 모델링합니다. Mantis3 모델에서는 N<sub>2</sub>O의 기액전달 모델링도 가능합니다. 반응조 표면에서의 각 가스의 부분압은 가상의 가스 headspace의 볼륨이 조에서 갇혀있는 gas의 양과 동일하다는 가정으로 계산합니다. 가상의 headspace 양은 조 내의 버블의 양으로 표현합니다.

다음의 식은 가상의 headspace의 양에 대한 계산식입니다.

$$V_{headspace} = V_{liquid} \times \phi_{holdup}$$

(6.107)

여기서,

$V_{headspace}$  = headspace의 부피 (m<sup>3</sup>)

$V_{liquid}$  = 조내의 액체 부피 (m<sup>3</sup>)

$\Phi_{holdup}$  = 조내의 가스 보유

Headspace에서의 각 가스의 부분압은 다음의 미분 방정식을 이용해서 적분하여 계산합니다. (식 6-108)

$$\frac{dg_{i,o}}{dt} = \frac{(p_{total} \times r_{g,i} \times V_{liquid} \times f_{molarvolume} + g_{i,in} \times Q_{gas,in} - g_{i,o} \times Q_{vent})}{V_{headspace}}$$

여기서,

$g_{i,o}$  = i 가스의 부분압 (atm)

$P_{total}$  = head space 에서 가스의 총압(atm)

$r_{gi}$  = i 가스에 대한 가스 전달율 (mole/m<sup>3</sup>/d)

$V_{liquid}$  = 액체의 부피 (m<sup>3</sup>)

$f_{molarvolume}$  = 표준 상태에서 가스의 몰 부피

$g_{i,in}$  = feed 가스의 부분압 (atm)

$Q_{gas,in}$  = feed 가스 유량 (m<sup>3</sup>/d)

$Q_{vent}$  = 배출가스 유량(m<sup>3</sup>/d)

## 온도 영향을 받는 동역학의 모델링

일반적으로 성장 동역학과 온도 사이의 관계는 비대칭 종 모양의 곡선을 사용하여 표현 될 수 있습니다. 곡선의 정상부분은 최적의 온도에서 최대 성장 속도를 나타냅니다. 정상의 양쪽부분 성장 속도는 몇 가지 적절한 성장 속도 - 온도 관계에 따라 줄어 듭니다.

생물학적 반응에서 온도에 민감한 동역학을 모델링하는데는 여러가지 모델이 있습니다. 모델의 구조에 따라서 각 모델들은 일반적인 하수처리 공정에서 사용하는 온도 계수와는 다른 모델의 파라미터가 필요합니다. 일반적으로 아레니우스 공식은 5~35℃ 온도 범위에서 동역학 계수의 영향을 모델링합니다. 이 공식은 온도 계수에 대해서 하나의 파라미터가 필요합니다. 온도 계수의 값은 문헌상에서 찾기 쉽습니다. 따라서 이 관계와 상관없는 다른 모델을 사용할 때는 모델 파라미터를 재계산해야 합니다. 이러한 곡선을 모델링하기 위해 다음 세 가지 매개변수 모델이 사용되었습니다.

1. 최적 온도에서 동역학 계수 추정 - GPS-X의 동역학 계수는 20℃로 설정된 것입니다. 따라서 이 값은 다음의 공식에 따라 다른 최적 온도로 전환될 수 있습니다. (식 6-109, 6-110)

$$\begin{aligned} k_{opt} &= k_{20} \cdot [\theta_1]^{(T_{opt}-20)} & T_{opt} > 20 \\ k_{opt} &= k_{20} \cdot [\theta_2]^{(20-T_{opt})} & T_{opt} < 20 \end{aligned}$$

여기서,

$K_{opt}$  =  $T_{opt}$ 에서의 동역학 계수

$K_{20}$  = 20℃에서 동역학 계수

$T_{opt}$  = 동역학 계수가 최대가 되는 최적의 온도, ℃

$\theta_1$  = 낮은 온도에서의 아레니우스 계수

$\theta_2$  = 높은 온도에서의 아레니우스 계수

2. 주어진 온도 T에서 동역학 계수의 계산은 다음 식과 같습니다. (식 6-111, 6-112)

$$k_T = k_{opt} \cdot [\theta_1]^{(T-T_{opt})} \quad T < T_{opt}$$

$$k_T = k_{opt} \cdot [\theta_2]^{(T_{opt}-T)} \quad T > T_{opt}$$

여기서,

$k_T = T$ 에서 동역학 계수

T = 실제 온도, °C

동역학 계수의 온도 의존도 관계는 **그림 6-31**과 같이 표현할 수 있습니다. 낮은 온도 범위에서 기본 GPS-X 온도 계수는 모든 동역학 계수에 적용합니다. 높은 온도 범위( $\theta_2$ )에서는 종속 영양 미생물의 성장률과 독립영양 미생물의 성장율은 각각 1.15와 1.25입니다.

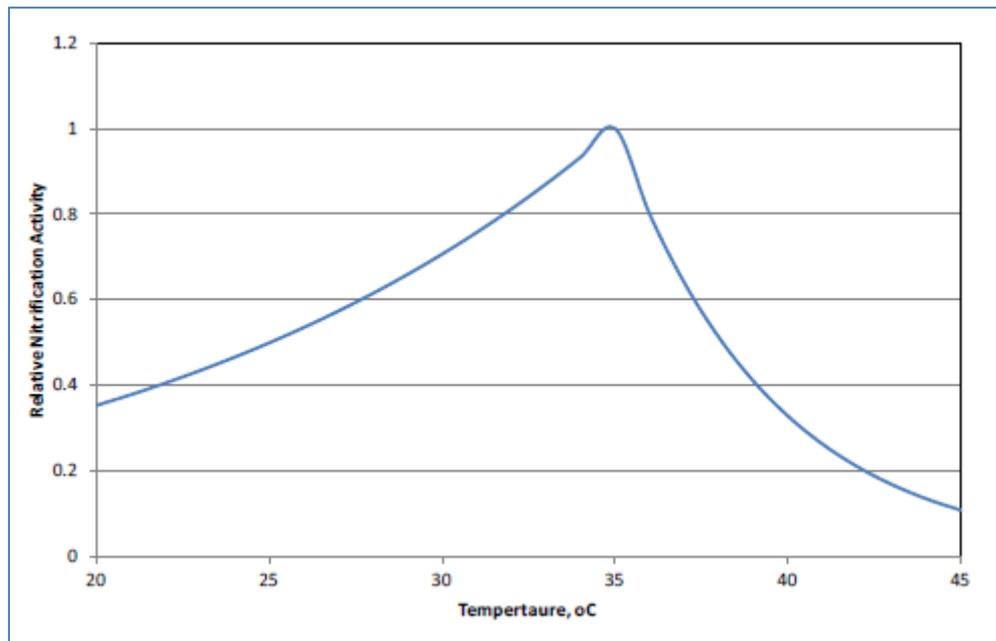


그림 6-31. 온도에 대한 질산화 동역학 파라미터의 변화

## 온도 모델링

현재 GPS-X에서는 단위 공정 객체에 사용자가 지정한 온도를 설정할 수 있습니다. 이는 사용자가 여러 생물학적 반응조에 온도에 대한 영향을 사전에 알고 있는 것을 가정한 것입니다. 열의 손실과 획득으로 인한 heat balance를 근거로 하여 생물학적 모델링의 온도에 대한 영향을 고려합니다.

단순한 Heat balance 모델링은 van der Graff (1976)가 제안했고, 후에 Gillot and Vanrolleghem (2003)이 생물반응조에서 열의 변화를 검증하였습니다. 이는 탈질과 질산화 반응동안에 열의 생성에 대하여 것입니다. 모델의 자세한 사항은 다음과 같습니다.

Gillot and Vanrolleghem(2003)은 정상상태 조건에서 CSRT 에 대해서 해당 공식을 정의하였습니다. 이 공식은 다이내믹 조건에서의 온도 모델링에 수정됩니다. CSTR 의 가정은 모든 조내에서 온도는 균일하다고 가정해서 조의 outlet 에서도 온도는 동일합니다. 조의 전체 에너지 발란스는 다음과 같이 표현합니다. (식 6-113)

$$V \cdot \rho_w \cdot c_{pw} \cdot \frac{dT_{wo}}{dt} = Q_w \cdot \rho_w \cdot c_{pw} \cdot [T_{wi} - T_{wo}] + \Delta H$$

여기서,

$V$  = 조의 부피,  $m^3$

$\rho_w$  = 물의 밀도,  $kg/m^3$

$c_{pw}$  = 물의 비열,  $J/kg/^\circ C$

$Q_w$  = 하수 유량,  $m^3/s$

$T_{wi}$  = 유입수 온도,  $^\circ C$

$T_{wo}$  = 조내의 온도,  $^\circ C$

$\Delta H$  = 열 전달에 따른 엔탈피 변화,  $J/s$

$\Delta H$  조건은 그림에서 보여준 것처럼 다음의 조건을 포함합니다.

1. aeration 으로 인한 반응조의 표면에서 증발 및 대류로 인한 손실( $H_i$ )
2. 반응조 벽에서 대류로 인한 열 손실 ( $H_{tw}$ )
3. Mechanical 과 송풍기 에너지로 인한 열 입력 ( $H_p$ )
4. 생물학적 연 발생으로 인한 열 입력( $H_b$ )

표 6-8은 각 열 전달 조건에 대한 계산 방법을 나타낸 것입니다. 현재 모델은 태양광과 장파로 인한 열전달은 고려하지 않습니다. 표면 대류와 증발로 인한 손실은 aeration 으로 인한 대류와 증발로 인한 열 전달로 포함됩니다.

표 6-8. 공식의 열전달 조건

열 전달 조건	계산식	설명
$H_i$	$U_i A (T_a - T_{wo})$	Aeration 동안 대류 및 증발 손실
$H_{tw} = H_{tla} + H_{tsw}$	$H_{tla} = U_{la} A_{la} (T_{wo} - T_a)$ $H_{tsw} = U_{ls} A_{ls} (T_{wo} - T_s)$	접촉벽의 액체/공기 열전달 접촉벽의 액체/토양 열전달
$H_p$	$P_{aer}$	송풍기 혹은 표면 aerator 의 전력
$H_b = H_{baer} + H_{bdn} + H_{baut}$	$H_{baer} = H_{uaer} * r_{ou}$ $H_{bdn} = H_{udn} * r_{DN}$ $H_{baut} = H_{unr} * r_{aut}$	호기조 산화로 인한 열 생성 탈질로 인한 열 생성 질산화로 인한 열 생성

표 6-9은 온도 계산에서 사용되는 파라미터의 목록입니다.

표 6-9. 온도 모델에 대한 파라미터

파라미터	설명	단위	값
$U_i$	열 계수	$W/m^2/^\circ C$	Subsurface aeration, $U_i = 25$ Surface aeration, $U_i = 11.4$ , $P_{aer}/V$
$A$	반응조의 표면적	$m^2$	고정값 아님
$V$	반응조 부피	$m^3$	고정값 아님
$T_a$	공기 온도	$^\circ C$	고정값 아님
$T_{wo}$	반응조 수온	$^\circ C$	고정값 아님
$U_{la}$	액체/공기 열전달 계수	$W/m^2/C$	1.0(기본값)
$A_{la}$	액체/공기 접촉 면적	$m^2$	고정값 아님
$U_{ls}$	벽에서 액/공기 열전달 계수	$W/m^2/^\circ C$	1.0(기본값)
$T_s$	토양 온도	$^\circ C$	고정값 아님
$A_{ls}$	액체/토양 접촉 면적	$m^2$	고정값 아님
$P_{aer}$	총 aerator 전력	$W$	고정값 아님
$H_{uaer}$	호기 반응동안 단위 열 발생	$J/gO_2$ 소모	13985.0 (기본값)
$H_{udn}$	탈질 중 단위 열발생	$J/gNO_3-N$ 소모	32000.0(기본값)
$H_{uaut}$	질산화중 단위 열발생	$J/gNH_4-N$ 소모	25000.0(기본값)
$r_{ou}$	산소섭취율(OUR)	$gO_2$ 소모/s	모델에서 계산
$r_{dn}$	탈질율	$gNO_3-N$ 소모/s	모델에서 계산
$r_{aut}$	암모니아 산화율	$gNH_3-N$ 산화/s	모델에서 계산

모든 열 전달 조건 및 heat balance 에 대한 모델링은 정상상태와 다이내믹 상태에서 둘 다 계산할 수 있습니다. 정상상태에서 온도를 계산하기 위해서 Newton-Rapson 방법을 사용합니다.

## 분말 활성탄 (PAC)

분말 활성탄 (PAC) 객체는 일반적인 CSTR 객체에 분말 활성탄을 추가하여 강화시킨 것입니다. 탄소는 경쟁적 수착 등온선을 사용하여 한 개 이상의 구성 성분을 흡수 흡착합니다. 흡착된 구성 성분은 하향류로 움직이기 전에 입자성 비활성으로 변환됩니다. PAC 모델 버전은 IP 라이브러리마다 차이가 있습니다. 3 가지 사용자 정의 구성 성분이 상태 변수의 기존 수착 세트에 추가되고, 생물학적 활성도에 독성 저해물질로 이용될 수 있습니다.

분말 활성탄 객체는 오직 GPS-X 레거시 라이브러리 (cnlib, cniplib, cnplib, cnpiplib)에서만 사용 가능합니다.

## 수착 등온 식

CN 과 CNP 라이브러리에서는, PAC 용액에서 흡착되는 유일한 구성 성분은 ss (용해성 기질)와 si (용해성 비활성)입니다. 이 두 구성 성분 시스템에서, 흡착률은 다음 식 6-114, 6-115 와 같습니다.

(식 6-114)

$$adsrate_{SI} = \frac{MA_{SI} \cdot SI}{KL_{SI} \cdot \left(1 + \frac{SS}{KL_{SS}}\right)} \cdot X_{PAC} \cdot R_{ADS}$$

(식 6-115)

$$adsrate_{SS} = \frac{MA_{SS} \cdot SS}{KL_{SS} \cdot \left(1 + \frac{SI}{KL_{SI}}\right)} \cdot X_{PAC} \cdot R_{ADS}$$

여기서,

adsrate <sub>SI</sub>	=	SI 의 흡착률 (gCOD/m <sup>3</sup> /d)
adsrate <sub>SS</sub>	=	SS 의 흡착률 (gCOD/m <sup>3</sup> /d)
MA <sub>SI</sub>	=	SI 의 최대 흡착능 (gCOD/gPAC)
MA <sub>SS</sub>	=	SS 의 최대 흡착능 (gCOD/gPAC)
KL <sub>SI</sub>	=	SI 흡착 반포화 계수 (gCOD/m <sup>3</sup> )
KL <sub>SS</sub>	=	SS 흡착 반포화 계수 (gCOD/m <sup>3</sup> )
X <sub>PAC</sub>	=	액체 상 PAC 농도 (gPAC/m <sup>3</sup> )
R <sub>ADS</sub>	=	흡착률 (1/d)

PAC 모델은 “fresh” PAC (fresh PAC: 구성 성분을 흡착하는데 사용 가능한 PAC), 및 “사용한” PAC(used PAC: 구성 성분이 이미 흡착되어 그 이상 사용할 수 없는 PAC)의 양, 흡착에 사용 가능한 “새로운” PAC의 총 분율을 계산합니다.

모델은 PAC 와 결합한 개별 구성 성분의 농도를 계산합니다. PAC-결합(PAC-bound) 용해성 기질에서, 바이오매스는 농축 기질 원의 존재여부에 기인하여, 과잉 비율로 성장할 것입니다. 이 성장의 향상은

모든 생물학적 성장률(ss 에 성장)을 증가시키는, 즉 **미생물 재생 인자**에 의해 제어됩니다. PAC-결합 ss 의 소비는 다시 “새로운” PAC 가 되기 위해 “사용한” PAC 를 탈리합니다.

## IP 라이브러리에서 독성 억제

CNIP 및 CNPIP 라이브러리에서, 상기-설명된 기능은 사용자-정의 독성물질의 추가 및 그들의 수확 특성에 의해 강화됩니다. 사용자는 독성물질을 흡착하기 위한 PAC 추가 및 독성 물질에 의한 저해 사이의 관계를 조사하기 위해 PAC 객체의 IP 라이브러리 버전을 사용할 수 있습니다.

### 독성 억제

**Mantis** 생물학적 모델에서 바이오매스(독립영양미생물 및 종속영양미생물)에 대한 성장률은 독성 물질 억제제의 존재 여부에 대한 전환기능을 추가하였습니다. 사용자는 독성 물질이 어떤 구성성분인지를 확인하고, 개별 구성 성분과 관계된 억제제를 지정해야만 합니다. **독성 저해** 메뉴는 억제 전환 기능에 사용된 파라미터를 포함합니다. **그림 6-32** 는 독성 물질 1 에서 *sza*(IP 상태 변수 “용해성 구성성분 ‘a’”)로 기입된 **독성 물질 억제** 메뉴를 보여줍니다.

그림 6-32 독성 물질 억제 메뉴

라벨링 없이 내성변수를 지정해야 한다는 것에 주의하십시오. 보통의 상태 변수 (sno, snh, xnd, 등등) 및 IP 상태 변수 (*sza*, *szb*, *xza*, *xzb*, 등등)을 포함하여, 어느 것이든지 독성 물질로 상태변수를 지정할 수도 있습니다.

독성 물질 1 저해 상수는 생물학적 성장률의 값이 보통 반이 될 때의 농도를 나타내는 반포화 계수입니다.

### 독성 물질의 수확

독성 물질에 대한 수확 파라미터는 **PAC 투입** 메뉴의 **상세...버튼**에서 찾을 수 있습니다. 이 구성 성분은 5 가지 구성 성분으로 경쟁적 수확 시스템을 만들기 위하여 상기 설명한 ss 및 si 수확 등온선에, 추가됩니다. 5 가지 구성 성분 시스템에 대한 흡착률은 다음 **식 6-116**과 같습니다:

(식 6-116)

$$adsrate_{var} = \frac{MA_{var} \cdot var1}{KL_{var1} \left( 1 + \frac{SI}{KL_{SI}} + \frac{SS}{KL_{SS}} + \frac{var2}{KL_{var2}} + \frac{var3}{KL_{var3}} \right)} \cdot X_{PAC} \cdot R_{ADS}$$

여기서,

var1, var2, var3 = 독성 물질 농도 (g/ m<sup>3</sup>)MA<sub>var</sub> = 최대 수착 능 (g/gPAC)KL<sub>var</sub> = 수착 반포화 계수 (g/ m<sup>3</sup>)

다중-구성 성분 경쟁적 수착 모델은 가장 낮은 수착 반 포화 계수로 그 구성 성분의 수착을 촉진할 것입니다.



## CHAPTER 7

### 부착-성장 모델

#### 소개

이 장에서는 GPS-X 에서 이용 가능한 호기성 부착-성장 모델을 설명합니다. 이 모델은 살수 여상(trickling filter), 회전 생물막 접촉(RBC: rotating biological contactor), 침적 생물막 접촉(SBC: submerged biological contactor) 및 단순/고급호기성 생물막 (BAF: biological aerated filter), 하이브리드(IFAS, MBBR 객체)와 관련됩니다. 생물막 모델 또한 3 차 처리 공정 모델 그룹에서 무산소 탈질 필터 객체에서 사용되었습니다.

이 모델과 6 장에서 설명한 부유 성장 모델의 주요한 차이점은 생물막 확산 공정의 포함입니다. 확산이 부유 성장 시스템에서 발생할지라도 (기질과 산소는 활성 슬러지 flocc 으로 확산해야 합니다), 단계를 제한하는 비율은 생물학적 반응이기 때문에 보통 무시됩니다. 그러나, 부착 성장 공정에서, 확산 및 생물학적 반응은 모델의 복잡성을 증가시키는 것으로 고려되어야 합니다.

살수 여상, RBC 및 SBC 공정은 유사합니다. 이들은 침전지 객체에서 분리된 잉여 생물막 sloughing 을 가진 생물학적 처리 생물막을 제공합니다. SBC 및 RBC 는 기계적 추가 포기과 함께 물에 잠기는 공정입니다.

BAF 는 다음과 같은 점에서 다른 공정과 다릅니다.

- 생물학적 공정 및 고형물 분리 공정이 결합된 것입니다
- 잉여 바이오매스 성장 및 포획된 고형물 제어에 대한 기계적 공정을 갖고 있습니다(즉, 역세척).

고급 BAF 객체는 부착 성장 모델과 여과 모델이 결합한 것입니다. 여과 모델은 8 장의 1 차원 모델 섹션에서 설명합니다.

#### 살수 여상 모델

##### 소개

살수 여상 모델은 적절한 라이브러리의 부유-성장 모델에서 찾아낸 동일한 생물학적 반응을 이용하여, 모든 라이브러리에서 이용 가능합니다. 모델은 탄소와 질소 제거 (섭취 또는 산화로) 및 탈질, 뿐만 아니라 인 섭취와 방출 (CNP 라이브러리에서)의 양을 예측할 수 있습니다. 이 모델은 관련 상태 변수에 대한 성장 동역학 및 이동 공정을 통합합니다. 다른 환경(호기성, 무산소 및 혐기성)이 생물막 내에 존재할 수 있기 때문에 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 프로파일이 모델링 됩니다.

모델의 복잡성을 감소시키기 위해, 몇 가지 가정이 필요합니다. 이 모델의 한계는 살수여상과 생물막 자체의 수리적인 문제에 있습니다. 필터에 로딩되는 유량 비율과 고형물이 항상 처리될 수 있다고 모델은 가정합니다; 다시 말해, 필터를 통하는 손실 수두 (head loss) 및 폐색은 모델링 되지 않습니다. 또한 생물막 최대 두께는 계산되지 않으므로, 사용자가 이 값을 지정해야 합니다. 이러한 가정은 최대 막 두께 계산의 보정/검증에 대한 데이터가 거의 없기 때문입니다. 살수 여상의 전체 표면적과 살수여상 내부

여재 전체에 들어가는 유량 분배는 동등한 것으로 가정합니다. 회전 분배기의 회전 속도 영향은 무시됩니다.

살수 여상 모델의 차원은 상태 변수가 하향 살수여상뿐만 아니라 막을 통과하는 것으로 모델링 되기 때문에 부유-성장 모델보다 더 큽니다. 부유-성장 모델(1 차원)은 반응조를 따르는 상태변수만 고려했습니다. 생물막에서 추가 차원은 시뮬레이션 속도에 약간 영향을 줍니다; 그러므로, 이 모델을 사용할 경우 더 많은 시간이 요구됩니다. 이 모델의 속도는 다른 빈도를 가진 상태 변수들을 통합하여 향상시켰습니다. 예를 들면, 입자성 구성 성분은 생물막을 통해서 확산되고 있기 때문에 용해성 구성 성분 보다 더 천천히 변화한다는 것을 발견했습니다. 그에 따라 용해성 구성 성분의 통합은 입자성 구성 성분과는 다르게 조절하였습니다. (그림 7-3)

### 개념 모델

살수 여상은 각각의 깊이에서 살수 여상의 단면을 나타내는 'n'개의 수평 단면(horizontal section, 디폴트로 6 단면)으로 각각 분할됩니다. 액체 막을 통과하는 각 수평 단면 사이에서 상태 변수 전달은 액체 흐름을 통해서입니다. 각 수평 단면에서 생물막은 다수의 레이어 (디폴트는 생물막에 대한 5 개의 레이어와 그 상부에 액체 막에 대한 1 개의 레이어) 로 모델링됩니다. 각 레이어 사이에서 용해성 상태 변수의 전달은 확산에 의해서만 이루어집니다. 입자성 변수는 이들과 관련된 어느 정도의 물리학적 부피를 가지고 있으며 성장 공정에 의해 인접한 레이어로 치환될 수 있습니다. 생물막의 각 레이어는 부유-성장 생물학적 모델과 동일한 생물학적 반응을 가진 CSTR 로 모델링됩니다(mantis 모델에 대한 Appendix A 참고). 부착 및 탈착 계수는 생물막 표면과 액체 막 사이의 입자성 구성성분의 전달 방법을 규정하는데 이용됩니다. 이 개념도는 그림 7-1 에서 살펴볼 수 있습니다. 개별 입자성 상태 변수의 농도는 생물막의 건조 물질 함량과 생물막의 밀도 (둘 다 사용자 입력)에 근거한 부피로 변환됩니다. 각 레이어의 부피가 채워지면 (최대 생물막 두께와 생물막의 수에 근거하여) 다음 레이어를 채우기 시작합니다. 막 두께가 지정한 최대치에 근접할 때, 생물막의 박리가 증가하는 현상이 나타날 것입니다.

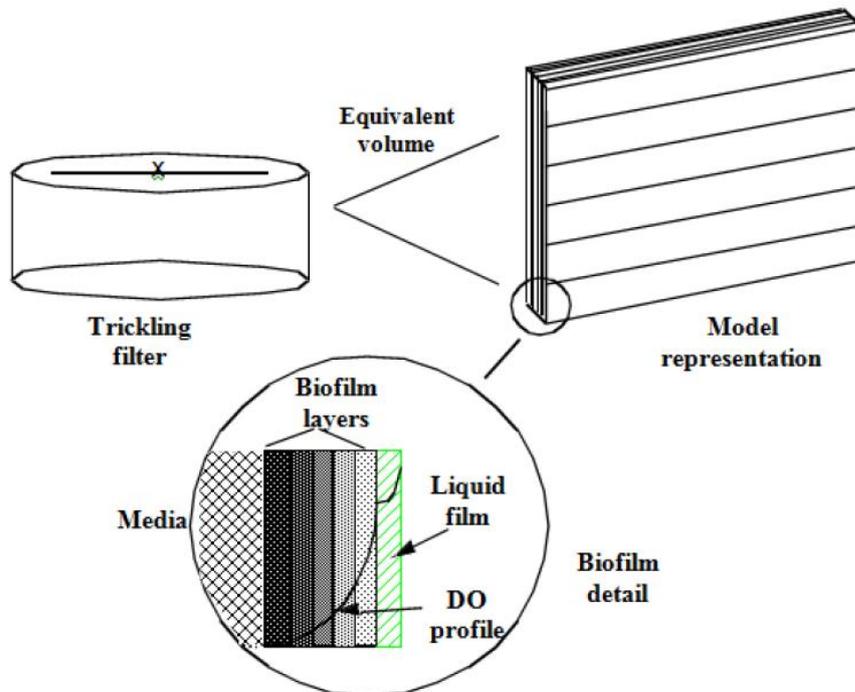


그림 7-1 살수 여상 모델의 개념도

## 수치 모델

생물막 각 레이어에서 사용된 수학적 방정식은 관련 Petersen matrix 에서 규정합니다(예, mantis 모델에 대한 Appendix A 참고). 생물막으로 벌크(bulk) 액체로부터 상태 변수 확산에 사용된 방정식은 다음과 같습니다. 생물막을 통한 확산은 Fick's 제 2 법칙에 의해 설명되고 생물학적 반응으로 보충됩니다: (식 7.1)

$$\begin{array}{cccc}
 \text{액체 막에서의 축적} & \text{액체 플럭스} & \text{생물막내} & \text{기:액 교환} \\
 & & \text{확산} & \text{(예, DO 적용 시)} \\
 \hline
 A_a \delta_L \left( \frac{dS^L}{dt} \right) & = Q_L (S_{j-1}^L - S_j^L) - K_M A_a (S_j^L - S_j^{BLi}) + K_{ML} A_a (S^o - S_j^L)
 \end{array}$$

여기서:

$A_a$  = 이동이 발생하는 생물막의 표면적 ( $m^2$ )

$\delta_L$  = 부착된 액체 레이어의 두께 (m)

$S_j^L$  = 액체 막 수평 단면 j의 기질 농도 (mg/L)

t = 시간 (days)

$S_j^{BLi}$  = 액체 막 경계 면 j에서 기질 농도 (mg/L)

$S^o$  = 분리된 액체-막 기질 농도 (mg/L)

$Q_L$  = 부착된 액체 레이어의 용적 유량 비율 (L/d)

$K_M$  = 액체에서 생물막으로 질량 전달 계수 (m/d)

$K_{ML}$  = 공기에서 액체 막으로 산소 전달 계수 (m/d)

$$\begin{array}{cccc}
 \text{생물막에서의} & \text{생물막내} & \text{생물막} & \text{감소} \\
 \text{축적} & \text{확산} & \text{사이의} & \text{비율} \\
 & & \text{이류} & \\
 \hline
 \frac{\partial S}{\partial t} & = -D_s \frac{d^2 S}{dy^2} + (S_{j-1}^B - S_j^B) \left( \frac{Q_B}{A \delta_B} \right) - R_s
 \end{array}$$

(7.2)

여기서:

A = 부착된 미생물의 표면적 ( $m^2$ )

$D_s$  = 상태 변수 확산 계수 ( $m^2/d$ )

$Q_B$  = 부착된 생물막 레이어의 용적 유량 비율 (L/d)

$R_s$  = 기질 이용률 (mg/L/d)

S = 레이어에서 상태 변수 농도 (mg/L)

$S_j^\beta$  = 부착된 생물막 레이어 j 에서 상태 변수 농도 (mg/L)

t = 시간 (days)

y = 생물막 레이어의 두께 (m)

$\delta_L$  = 레이어에 부착된 생물막 두께 (m)

## 모델 파라미터

이번 단락은 사용자가 이 모델을 사용할 때 접하게 되는 다양한 입력 및 모델 파라미터에 대해 설명합니다. 그 예와 설명은 CN 라이브러리의 **mantis** 모델을 토대로 합니다.

## 물리적 (사이즈 입력)

이 메뉴 항목은 **입력 변수** 아래 **사이즈 입력** 보조 메뉴 항목에서 찾을 수 있고 물리적 시스템을 어떤 식으로 모델링 할 것인지를 사용자가 정할 수 있도록 모델 차원뿐만 아니라, 모델링한 실제 살수 여상을 설명하기 위한 실제 물리적 치수도 포함합니다. **속도** 항목에는 사용자가 용해성 구성 성분에 대한 통합 빈도를 수정하는 것으로 이 모델의 시뮬레이션 속도를 최적화하는 것을 허용하는 두 가지 하부 항목이 있습니다. **그림 7-2** 에서 볼 수 있는 것처럼, 살수 여상의 **실제 치수**는 다음과 같은 항목의 입력을 요구합니다: **여과상 깊이**, **여과상 표면적**, 및 **여재의 비표면적**. 이 3 가지 파라미터는 모델에서 총 생물막 표면적의 추정을 제공합니다. **필터내 액체 체류 시간**은 생물막을 지나치면서 흐르는 액체의 체류시간을 나타내고, **최대 부착 액상막 두께**는 마찰로 인해 생물막을 지나치면서 이동하지 않는 액체 막(미끄러짐이 없는 레이어: no-slip layer)을 나타냅니다. **최대 생물막 두께**는 무한한 sloughing 이 있을 때에만 도달하게 될 것입니다. **생물막의 밀도**와 **생물막의 건조 물질 함량**은 부피 실측 치료 개별 상태 변수의 농도를 변환하는데 사용됩니다.

Section	Parameter	Value	Unit
유닛 특성	[2] 여과상 깊이	2.0	m
	[2] 여과상 표면적	200.0	m <sup>2</sup>
	상세...		
여재	[2] 여재의 비표면적	100.0	1/m
	[2] 필터내 액체 체류 시간	10.0	min
	[2] 최대 부착 액상막 두께	5.0e-05	m
	[2] 최대 생물막 두께	0.001	m
	[2] 생물막의 밀도	1020000.0	mg/L
	[2] 생물막의 건조 물질 함량	0.1	-
모델 특성	[2] 필터내 수평 레이어수	6	
속도	[2] 용해성 integration period	0.05	d
	[2] 용해성 integration length	0.005	d

그림 7-2 살수 여상의 물리적 치수

모델 특성은 고정되며, 필터내 수평 레이어 수는 6 입니다(1 개의 액체 레이어와 5 개의 생물막 레이어). 또한, 모델에서 수평 및 수직 단면의 레이어 수는 각각 1 개씩, 6 개로 고정됩니다.

이 품에서 다음 두 번째 항목은, 속도 항목으로, 용해성 상태 변수의 통합과 관계가 있습니다. 이 변수는 생물막을 통해 확산되기 때문에, 그들의 성장률에만 기인하여 변화하는 입자성 상태 변수와 비교했을 때 쉽게 변하고, 수치 해석기에 대해 우위를 차지하려는 경향이 있습니다. 시뮬레이션 속도를 증가시키기 위해, 용해성 상태는 정확도의 감소 없이 보다 적은 손실로 통합될 수 있습니다. 변수의 통합을 계획할 때, 그들의 미분계수는 상기 제시된 (식 7.1)과 (식 7.2) 식으로부터 계산합니다. 다른 방법으로, 미분계수를 0 로 설정합니다. 용해성 상태가 얼마나 자주 통합되는지를 사용되는 2 개의 변수가 있습니다: 용해성 통합 기간 (soluble intergration period), 및 통합의 지속 또는 각 기간에 대해 통합되는 용해성 상태의 범위(용해성 통합 길이, soluble intergration length). 이 개념은 그림 7-3 에서 나타낸 암모니아 결과와 함께 그림 7-4 에서 볼 수 있습니다.

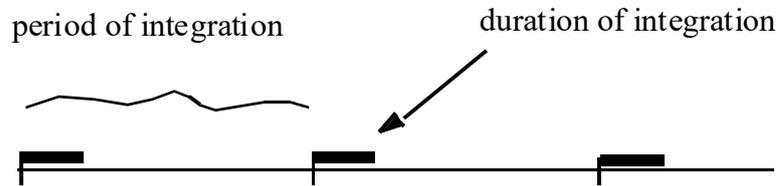


그림 7-3 용해성 구성 성분의 통합

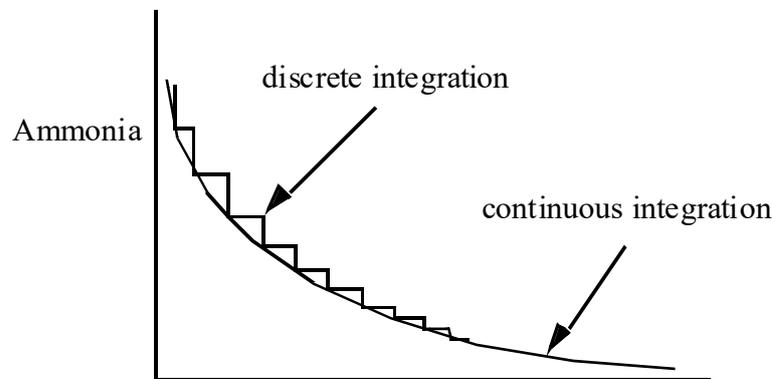


그림 7-4 통합

## 질량 이동

그림 7-5 에 보이는 파라미터는 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 이동 모델 (확산)에 사용합니다. 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 확산에 대한 문헌 상의 데이터가 부족하기 때문에, 생물막에서의 확산 감소에서 보듯이, 물을 통과하는 확산에 사용된 값은 고정 분율로 감소됩니다. 물에 대해 나타낸 디플트 확산 계수는 생물막의 액체 레이어에서 첫 번째 레이어(바깥쪽)까지의 구성 성분 확산에 사용합니다. 탈착 비율 및 부착 비율은 각각 생물막의 sloughing 비율 및 입자성 구성 성분 부착 비율을 계산하는데 사용합니다.

**질량 이동**

수중 성분의 확산

[2] 용존 산소에 대한 확산 상수	2.5e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 용존 수소에 대한 확산 상수	5.84e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 용존 미질소 가스에 대한 확산 상수	1.9e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 용존 메탄에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 용해성 비활성 물질에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 콜로이드성 기질에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 쉽게 분해 가능한 기질에 대한 확산 상수	6.9e-06	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 아세테이트에 대한 확산 상수	1.24e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 프로피오네이트에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 메탄올에 대한 확산 상수	1.6e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 총 암모니아에 대한 확산 상수	2.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 용해성 유기 질소에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 마질산염에 대한 확산 상수	1.23e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 질산염에 대한 확산 상수	1.23e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 오르토인산염에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 총 용해성 무기 탄소에 대한 확산 상수	1.96e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 총 칼슘에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 총 마그네슘에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 총 포타슘에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 기타 양이온에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 기타 음이온에 대한 확산 상수	3.1e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 용해성 성분 "a"에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄
[2] 용해성 성분 "b"에 대한 확산 상수	1.0e-05	cm <sup>2</sup> /s	▼	📄

상세...

승인 취소

수중 성분의 확산 ...상세...

확산에 대한 생물막의 효과

[2] 생물막내 확산 저감	0.5	-	▼	📄
----------------	-----	---	---	---

고형물

[2] 부착물	0.5	m/d	▼	📄
[2] 탈착물	0.04	kg/(m <sup>2</sup> .d)	▼	📄
[2] 내부 고형물 교체율	2.0e-05	m/d	▼	📄

승인 취소

그림 7-5 질량 이동 파라미터

살수여상과 관련된 물리적 치수는 산소와 관련된 물리적 구성 성분을 상세하게 보여줍니다. 산소 질량 전달 계수는 필터내의 물리적 조건(생물막의 두께와 산소의 확산 비율)에서 계산되고, 온도와 포화된 용존 산소 농도의 영향을 받습니다(5 장 참고). 이 값은 일반적으로 데이터 입력 부분에서 입력되거나 [그림 7-6](#)에 나타난 것과 같이 개별 객체에서 명확하게 설정합니다.

Section	Parameter	Value	Unit
유닛 특성	[2] 여과상 깊이	2.0	m
	[2] 여과상 표면적	200.0	m <sup>2</sup>
여재	[2] 여재의 비표면적	100.0	1/m
	[2] 필터내 액체 체류 시간	10.0	min
	[2] 최대 부착 역상막 두께	5.0e-05	m
	[2] 최대 생물막 두께	0.001	m
	[2] 생물막의 밀도	1020000.0	mg/L
	[2] 생물막의 건조 물질 함량	0.1	-
모질 특성	[2] 필터내 수평 레이어수	6	-
속도	[2] 용해성 integration period	0.05	d
	[2] 용해성 integration length	0.005	d

그림 7-6 살수 여상의 사이즈 입력 메뉴

## 화학양론 및 동역학 파라미터

이 메뉴에 나타난 파라미터는 제 6 장에서 설명한 생물학적 반응을 참고하십시오.

## 출력 변수

표준 유출 파라미터뿐만 아니라, 다수의 고정 막 특정 변수를 나타낼 수 있습니다. [그림 7-7](#) 은 살수 여상을 나타내는데 유효한 변수들을 보여줍니다:

## 살수 여상 변수

살수 여상 변수는 필터의 상단에서 바닥까지의 각 수평 단면에 대한 생물막 두께를 포함합니다.

## 생물막 프로파일

생물막 프로파일은 살수 여상의 각 수평 단면에 대한 부유 고형물 합성 변수를 더한 모든 상태 변수를 제공합니다(즉, 6 개의 수평 단면에 대한 6 개의 프로파일). 프로파일의 첫 번째 레이어는 생물막 레이어보다 앞에 있는 액체 막입니다(즉, 액체 및 최대 5 개의 생물막 레이어).

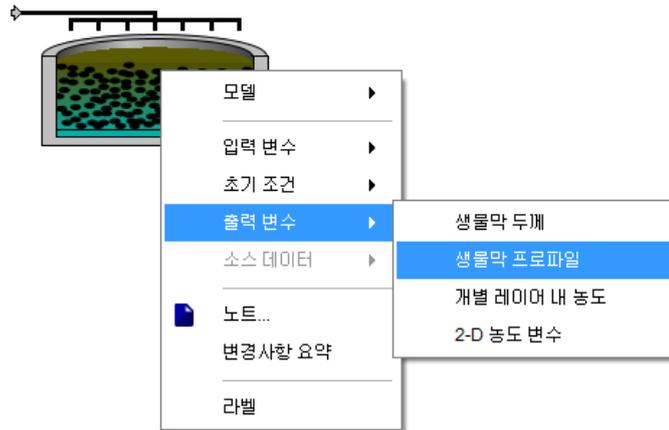


그림 7-7 살수 여상 출력 변수

## 액체 막 농도

액체 막 농도는 정상 (단면 1)에서 바닥 (단면 6)까지, 살수 여상의 각 수평 단면에 대한 액체 막 상태 변수를 제공합니다.

## 2 차원 상태 변수

2 차원 상태 변수는 **3D 막대 차트** 또는 **그레이스케일** 출력을 사용하여 생물막 레이어 변수와 필터 수평 단면 둘 모두를 출력하는데 사용합니다. 그 예를 **그림 7-8**에 나타내었습니다. 왼쪽이 액체 레이어이고 그 다음 오른쪽 방향으로 5 개의 생물막 레이어가 출력됩니다. **3D 막대 차트**에서, 필터 상단은 전경에, 필터 바닥은 원경에 있습니다. **그레이스케일** 그래프에서, 6 개의 수평 살수 여상 수평 단면은 상부에서 바닥까지를 보여줍니다(즉, 필터의 상단 레이어는 그래프의 상단에 나타남).

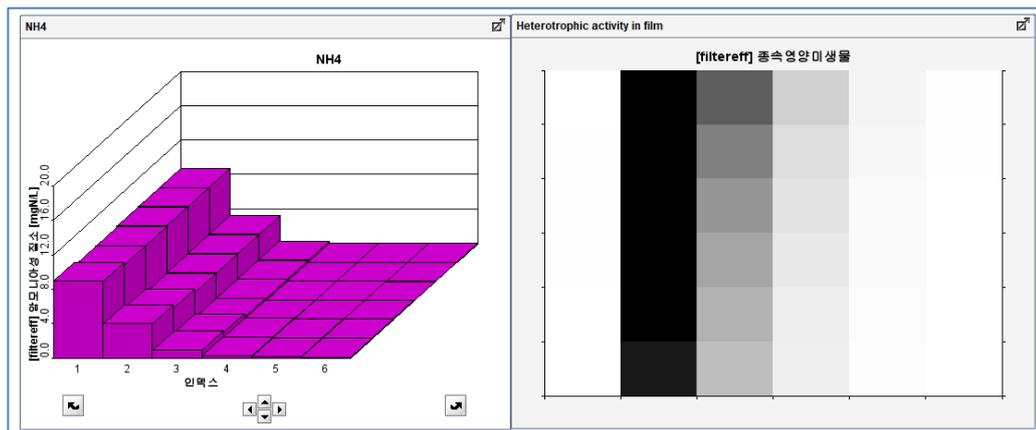


그림 7-8 2D 변수 출력

## 회전 생물막 접촉 (RBC) 모델

### 소개

회전 생물막 접촉 (RBC) 모델은 적절한 라이브러리의 부유-성장 모델에서 찾아낸 동일한 생물학적 반응을 이용하여, 모든 라이브러리에서 사용할 수 있습니다. 모델은 탄소와 질소 제거 (섭취 또는 산화로) 및 탈질, 뿐만 아니라 인 섭취와 방출 (CNP 라이브러리에서)의 양을 예측할 수 있습니다. 이 모델은 관련 상태 변수에 대한 성장 동역학 및 이동 공정을 통합합니다. 다른 환경(호기성, 무산소 및 혐기성)이 생물막 내에 존재할 수 있기 때문에 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 프로파일이 모델링 됩니다.

모델의 복잡성을 감소시키기 위해, 몇 가지 가정이 필요합니다. 이 모델의 한계는 회전 생물막 접촉과 생물막 자체의 수리적인 문제에 있습니다. RBC 에 로딩되는 유량 비율과 고형물이 항상 처리될 수 있다고 모델은 가정합니다; 다시 말해, 손실 수도 (head loss) 및 폐색은 모델링 되지 않습니다. 또한 생물막 최대 두께는 계산되지 않으므로, 사용자가 이 값을 지정해야 합니다. 이러한 가정은 최대 막 두께 계산의 보정/검증에 대한 데이터가 거의 없기 때문입니다. RBC 의 방향 및 회전 속도 그리고 여재 sloughing 에 대한 영향 및 포기 요구 조건의 영향은 무시됩니다.

살수 여상 모델과 유사한, RBC 모델은 상태 변수가 다양한 RBC 단계를 통과할 뿐만 아니라 생물막을 통과하여 모델링 되기 때문에 부유 성장 모델 보다 더 복잡합니다.

### 개념 모델

회전 생물막 접촉은 도류벽이 있는 RBC 시스템을 나타내는 'n' 개의 단계(디폴트 1 단계)로 각각 분할됩니다. 액체 막을 통과하는 각 수평 단면 사이에서 상태 변수 전달은 액체 흐름을 통해서입니다. 각 단계에서 생물막은 다수의 레이어로 모델링 됩니다(디폴트로, 생물막에 대한 5 개의 레이어와 그 위에 액체 막 레이어 1 개). 각 레이어 사이에서 용해성 상태 변수의 전달은 확산에 의해서만 이루어집니다. 입자성 변수는 이들과 관련된 어느 정도의 물리학적 부피를 가지고 있으며 성장 공정에 의해 인접한 레이어로 치환될 수 있습니다. 생물막의 각 레이어는 부유-성장 생물학적 모델과 동일한 생물학적 반응을 가진 CSTR 로 모델링됩니다(**mantis** 모델에 대한 Appendix A 참고). 부착 및 탈착 계수는 생물막 표면과 액체 막 사이의 입자성 구성성분의 전달 방법을 규정하는데 이용됩니다.

이 개념화는 **그림 7-9**에서 살펴볼 수 있습니다. 개별 입자성 상태 변수의 농도는 **생물막의 건조 물질 함량과 생물막의 밀도** (둘 다 사용자가 입력)에 근거한 부피로 변환됩니다. 각 레이어의 부피가 채워지면 (최대 생물막 두께와 생물막의 수에 근거하여) 다음 레이어를 채우기 시작합니다. 생물막 두께가 지정된 최대치에 근접할 때, 생물막의 박리가 증가하는 현상이 나타날 것입니다.

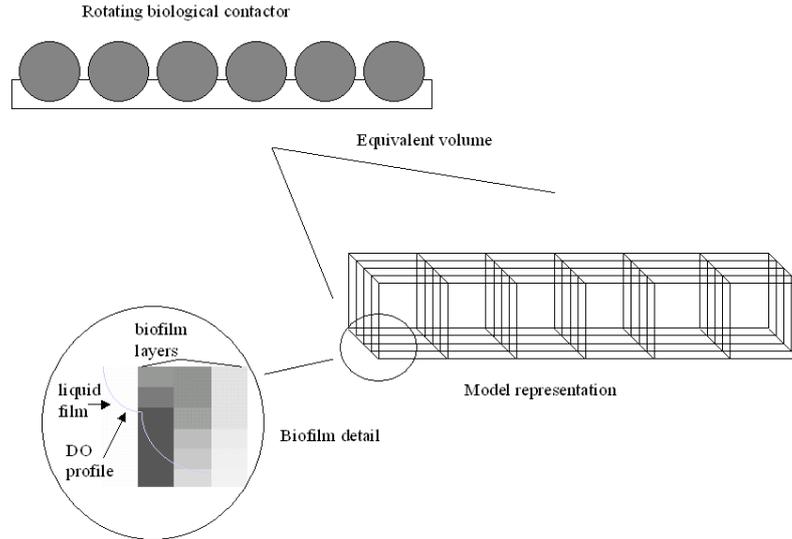


그림 7-9 RBC 모델의 개념도

## 수치 모델

생물막 각 레이어에서 사용된 수치 방정식은 관련 모델 matrix 에서 규정합니다 (예, **mantis** 모델에 대한 Appendix A 참고). 생물막으로 벌크(bulk) 액체로부터 상태 변수 확산에 사용된 방정식은 살수 여상 단락에서 설명하였습니다.

## 모델 파라미터

이번 단락은 사용자가 이 모델을 사용할 때 접하게 되는 다양한 입력 및 모델 파라미터에 대해 설명합니다. 그 예와 설명은 CN 라이브러리의 **mantis** 모델을 토대로 합니다.

## 물리적

이 메뉴 항목은 **입력 변수** 아래 **사이즈 입력** 보조 메뉴 항목에서 찾을 수 있고 물리적 시스템을 어떤 식으로 모델링 할 것인지를 사용자가 정할 수 있도록 모델 차원뿐만 아니라, 모델링 한 실제 회전 생물막 접촉을 설명하기 위한 실제 물리적 치수도 포함합니다. **속도** 항목에는 사용자가 용해성 구성 성분에 대한 통합 빈도를 수정하는 것으로 이 모델의 시뮬레이션 속도를 최적화하는 것을 허용하는 두 가지 하부 항목이 있습니다. **그림 7-10**에서 볼 수 있는 것처럼, 회전 생물막 접촉의 **실제 치수**는 **RBC의 액체 부피**, **RBC의 여재 부피** 및 **여재의 비 표면적**과 같은 항목의 입력을 요구합니다. 이 3 가지 파라미터는 모델에서 총 생물막 표면적의 추정을 제공합니다. 생물막의 침적 분율은 정해진 기간에서 침적된 RBC의 퍼센트를 나타내고 **최대 부착 액상막 두께**는 마찰로 인해 생물막을 지나치면서 이동하지 않는 액체 막(no-slip layer)을 나타냅니다. **최대 생물막 두께**는 무한한 sloughing 이 있을 때에만 도달하게 될 것입니다. **생물막의 밀도**와 **생물막의 건조 물질 함량**은 부피 실측 치료 개별 상태 변수의 농도를 변환하는데 사용됩니다. **모델 특성**은 RBC 연속된 탱크 또는 단계의 수를 포함합니다. 모델은 각 탱크 또는 단계가 동등한 크기인 것으로 가정합니다. 단계가 동등하지 않는 크기 (여재 밀도 및/또는 parallel feeding 이 다름) 일 경우, 사용자는 공정을 시뮬레이션 하기 위해 개별 RBC 객체를 서로 연결시켜야 합니다.

Section	Parameter	Value	Unit
사이즈	[2] RBC의 액체 부피	500.0	m3
	[2] RBC의 여재 부피	500.0	m3
여재	[2] 여재의 비표면적	100.0	1/m
	[2] 생물막의 잠긴 정도	40.0	%
	[2] 최대 부착 액상막 두께	5.0e-05	m
	[2] 최대 생물막 두께	0.001	m
	[2] 생물막의 밀도	1020000.0	mg/L
	[2] 생물막의 건조 물질 함량	0.1	-
모델 특성	[2] 반응조 개수	1	
속도	[2] 용해성 integration period	0.05	d
	[2] 용해성 integration length	0.005	d

그림 7-10 RBC의 물리적(사이즈 입력) 메뉴

이 폼에서 다음 두 번째 항목은, 속도 항목으로, 용해성 구성 성분의 통합과 관계가 있습니다. 이 구성 성분은 생물막을 통해 확산되기 때문에, 그들의 성장률에만 기인하여 변화하는 입자성 구성 성분과 비교했을 때 쉽게 변하고, 수치 해석기에 대해 우위를 차지하려는 경향이 있습니다. 시뮬레이션 속도를 증가시키기 위해, 이 구성 성분이 정확도의 감소 없이 보다 적은 손실로 통합될 수 있다는 것을 발견했습니다. 용해성 변수의 통합을 계획할 때, 그들의 미분계수는 (식 7.1)과 (식 7.2) 방정식으로부터 계산합니다. 다른 방법으로, 미분계수를 0로 설정합니다. 용해성 통합 기간 및 통합 기간 또는 각 기간에 대한 상태 통합 기간 (용해성 통합 길이)은 상태 통합 빈도를 지정하는 데 사용되는 두 가지 변수가 있습니다. 이 개념은 그림 7-3에 나와 있으며 암모니아의 결과는 그림 7-4에 나와 있습니다.

그림 7-11은 산소 용해도와 관련된 물리적 구성 성분을 상세하게 보여줍니다. 산소 질량 전달 계수는 필터내의 물리적 조건(생물막의 두께와 산소의 확산 비율)에서 계산되고, 온도와 포화된 용존 산소 농도의 영향을 받습니다 이 값은 일반적으로 데이터 입력 부분에서 입력되거나 개별 객체에서 명확하게 설정합니다.

사이즈 ...상세...

**일반**

[2] 가스 질량전달계수 (clean water)  1/d

[2] 베타 인자 (DO 포화)  -

[2] KLa의 온도 계수  -

**온도**

[2] 로컬 온도 사용  OFF

[2] 생물학적 반응  ON

[2] 기체-액체 전달  ON

[2] 화학 반응  ON

**산소 용해도 (로컬 설정시)**

[2] 로컬 수온  C

[2] 송풍기 inlet 공기 온도  C

[2] 해발 고도  m

[2] 표준 대기 조건

**사용자 정의 공기 특성**

[2] 사용자 정의 공기에서 산소 물분율  mole/mole

[2] 사용자 정의 공기 밀도  mg/L

[2] 사용자 정의 공기의 분자량  g/mol

**비포기 상태에서 배출가스에 대한 가스의 최소 KLa**

[2] CO2의 최소 KLa  1/d

[2] H2의 최소 KLa  1/d

[2] N2의 최소 KLa  1/d

[2] CH4의 최소 KLa  1/d

[2] NH3의 최소 KLa  1/d

승인 취소

그림 7-11 RBC의 물리적 치수, 규모 상세

## 질량 이동

그림 7-5 에 보이는 파라미터는 RBC 의 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 이동 모델 (확산)에 사용됩니다. 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 확산에 대한 문헌 상의 데이터가 부족하기 때문에, 생물막에서의 확산 감소에서 보듯이, 물을 통과하는 확산에 사용된 값은 상수 분율로 감소됩니다. 물에 대해 나타난 디플트 확산 계수는 생물막의 액체 레이어에서 첫 번째 레이어(바깥쪽)까지의 구성 성분 확산에 사용됩니다. 탈착 비율 및 부착 비율은 각각 생물막의 sloughing 비율 및 입자성 구성 성분 부착 비율을 계산하는데 사용됩니다.

## 화학양론 및 동역학 파라미터

이 메뉴에 나타난 파라미터는 제 6 장에서 설명한 생물학적 반응을 참고하십시오.

### 출력 변수

표준 유출 파라미터 뿐만 아니라, 다수의 고정 막 특정 변수를 나타낼 수 있습니다. 이들은 객체의 출력 변수 메뉴 항목 내에 있습니다.

- **RBC 변수** (살수 여상 모델 단락의 살수 여상 변수 참고)
- **액체 농도** (살수 여상 모델 단락의 액체 막 농도 참고)
- **2 차원 상태 변수** (살수 여상 모델 단락의 2 차원 상태 변수 참고)

## 침지형 생물학적 접촉 (SBC) 모델

### 소개

침지형 생물막 접촉 (SBC) 모델은 압축 공기를 동력으로 하거나 또는 추가 포기가 제공되는 장치에 대한 RBC 모델의 수정판입니다. 산소를 얻기 위한 장치가 대기에 의존하지 않기 때문에, 추가 포기에 따른 장치는 유입수와 함께 여재의 추가 접촉을 제공하는 전통적인 RBCs 보다 더 침적하기가 (전통적인 RBCs 는 일반적으로 40% 정도 침적) 쉽습니다.

여기서 설명하는 SBC 모델은 적절한 라이브러리 부유-성장 모델에서 찾아낸 동일한 생물학적 반응을 이용하여, 모든 라이브러리에서 사용할 수 있습니다. 모델은 탄소와 질소 제거 (섭취 또는 산화로) 및 탈질, 뿐만 아니라 인 섭취와 방출 (CNP 라이브러리에서)의 양을 예측할 수 있습니다. 이 모델은 관련 상태 변수에 대한 성장 동역학 및 이동 공정을 통합합니다. 다른 환경(호기성, 무산소 및 혐기성)이 생물막 내에 존재할 수 있기 때문에 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 프로파일이 모델링 됩니다.

모델의 복잡성을 감소시키기 위해, 몇 가지 가정이 필요합니다. 이 모델의 한계는 회전 생물막 접촉과 생물막 자체의 수리적인 문제에 있습니다. SBC 에 로딩되는 유량 비율과 고형물이 항상 처리될 수 있다고 모델은 가정합니다; 다시 말해, 손실 수도 (head loss) 및 폐색은 모델링 되지 않습니다. 또한 생물막 최대 두께는 계산되지 않으므로, 사용자가 이 값을 지정해야 합니다. 이러한 가정은 최대 막 두께 계산의 보정/검증에 대한 데이터가 거의 없기 때문입니다. SBC의 전체 표면적과 SBC 내부 여재 전체에 들어가는 유량 분배는 동등한 것으로 가정합니다. SBC의 회전 속도 및 마찰 그리고 여재 sloughing 에 미치는 영향은 무시됩니다. 여재가 공기에 있을 때 생물막으로 확산된 산소는 SBC 여재가 일반적으로 80% 이상 물속에 잠겨 있기 때문에, 무시됩니다. 그러므로, SBC 는 완전하게 침적된 것으로 모델링 됩니다.

살수 여상 및 RBC 모델과 유사한, SBC 모델은 상태 변수가 다양한 SBC 단계(또는 shafts)를 통과할 뿐만 아니라 생물막을 통과하여 모델링 되기 때문에 부유 성장 모델 보다 더 복잡합니다.

### 개념 모델

침지형 생물막 접촉은 도류벽이 있는 SBC shaft 를 나타내는 다수의 단계로 (디폴트로 2 단계) 각각 분할됩니다. 액체 막을 통과하는 각 수평 단면 사이에서 상태 변수 전달은 액체 흐름을 통해서입니다. 각

단계에서 생물막은 다수의 레이어로 모델링 됩니다(디폴트로, 생물막에 대한 5 개의 레이어와 그 위에 액체 막 레이어 1 개). 각 레이어 사이에서 용해성 상태 변수의 전달은 확산에 의해서만 이루어집니다. 입자성 변수는 이들과 관련된 어느 정도의 물리학적 부피를 가지고 있으며 성장 공정에 의해 인접한 레이어로 치환될 수 있습니다. 생물막의 각 레이어는 부유-성장 생물학적 모델과 동일한 생물학적 반응을 가진 CSTR 로 모델링됩니다(**mantis** 모델에 대한 Appendix A 참고). 부착 및 탈착 계수는 생물막 표면과 액체 막 사이의 입자성 구성성분의 전달 방법을 규정하는데 이용됩니다.

SBC 에 대한 공정은 RBC 와 동일합니다(그림 7-9 의 개념도 참고). 개별 입자성 상태 변수의 농도는 **생물막의 건조 물질 함량과 생물막의 밀도** (둘 다 사용자가 입력)에 근거한 부피로 변환됩니다. 각 레이어의 부피가 채워지면 (**최대 생물막 두께와 생물막의 수**에 근거하여) 다음 레이어를 채우기 시작합니다. 생물막 두께가 지정한 최대치에 근접할 때, 생물막의 박리가 증가하는 현상이 나타날 것입니다.

## 수치 모델

생물막 각 레이어에서 사용된 수치 방정식은 관련 모델 matrix 에서 규정합니다(예, **mantis** 모델에 대한 Appendix A 참고). 생물막으로 벌크(bulk) 액체로부터 상태 변수 확산에 사용된 방정식은 살수 여상 단락에서 설명하였습니다.

## 모델 파라미터

이번 단락은 사용자가 이 모델을 사용할 때 접하게 되는 다양한 입력 및 모델 파라미터에 대해 설명합니다. 입자성에서 이는 다른 고정 막 모델과는 다릅니다. 그 예와 설명은 CN 라이브러리의 **mantis** 모델을 토대로 합니다.

## 물리적 (사이즈 입력)

이 메뉴 항목은 **입력 변수 > 사이즈 입력** 항목에서 찾을 수 있고, 물리적 시스템을 어떤 식으로 모델링 할 것인지 사용자 지정이 가능하도록 모델 차원뿐만 아니라, 모델링 되는 실제 침적 생물막 접촉을 설명하기 위한 실제 물리적 치수도 포함합니다. **속도** 항목에는 사용자가 용해성 구성 성분에 대한 통합 빈도를 수정하는 것으로 이 모델의 시뮬레이션 속도를 최적화하는 것을 허용하는 두 가지 하부 항목이 있습니다.

**그림 7-12** 에서 볼 수 있는 것처럼, 침적 생물막 접촉의 실제 치수는 다음과 같은 항목의 입력을 요구합니다:

1. 연속된 탱크;
2. 부피 설정 방법;
3. 탱크 내부 SBC 액체 부피;
4. 탱크 내부 SBC 여재 부피;
5. SBC 총 부피;
6. SBC 총 여재 부피;
7. 부피 비율;

## 8. 여재의 비 표면적 (여재의 표면이 파라미터는 모델에서 총 생물막 표면적 추정)

부피 설정 방법 (입력 2)에 근거하여, 사용자는 탱크 당 개별 부피 (입력 3 및 입력 4), 또는 전체 부피에 근거한 부피 분율 (입력 5, 6 및 7)를 지정합니다. 뒤 두 항목은 부피 측정으로 개별 상태 변수의 농도를 변환하는데 사용됩니다. **모델 사이즈**는 SBC 연속된 탱크 또는 단계의 수를 포함합니다.

Section	Parameter	Value	Unit
사이즈	[4] 반응조 개수	2	
	[4] 조의 깊이	4.0	m
	[4] 부피 설정 방법	부피 비율	
	[4] 조 내부의 SBC 액체 부피	(...)	m3
	[4] 조 내부의 SBC 여재 부피	(...)	m3
	[4] SBC 총부피	500.0	m3
	[4] SBC 총 여재 부피	500.0	m3
	[4] 부피 비율	(...)	-
여재	[4] 여재의 비표면적	100.0	1/m
	[4] 최대 부착 액상막 두께	5.0e-05	m
	[4] 최대 생물막 두께	0.001	m
	[4] 생물막의 밀도	1020000.0	mg/L
	[4] 생물막의 건조 물질 함량	0.1	-
속도	[4] 용해성 integration period	0.05	d
	[4] 용해성 integration length	0.005	d

그림 7-12 SBC의 사이즈 입력

생물막의 특성은 다음과 같습니다:

1. **최대 부착 액상막 두께**, 마찰로 인해 생물막을 지나치면서 이동하지 않는 액체 막(no-slip layer)을 나타냅니다;;
2. **최대 생물막 두께**, 무한한 sloughing 이 있을 때에만 도달하게 될 것입니다;
3. **생물막의 밀도**;
4. **생물막의 건조 물질 함량**.

이 폼에서 다음 두 번째 항목은, 속도 항목으로, 용해성 구성 성분의 통합과 관계가 있습니다. 이 구성 성분은 생물막을 통해 확산되기 때문에, 그들의 성장률에만 기인하여 변화하는 입자성 구성 성분과 비교했을 때 쉽게 변하고, 수치 해석기에 대해 우위를 차지합니다. 시뮬레이션 속도를 증가시키기 위해, 이 구성 성분이 정확도의 감소 없이 보다 적은 손실로 통합될 수 있다는 것을 발견했습니다. 용해성

변수의 통합을 계획할 때, 그들의 미분계수는 전형적인 방정식으로 계산합니다. 다른 방법으로, 미분계수를 0로 설정합니다. 용해성 통합 기간 및 통합 기간 또는 각 기간에 대한 상태 통합 기간 (용해성 통합 길이)은 상태 통합 빈도를 지정하는 데 사용되는 두 가지 변수가 있습니다. 이 개념은 **그림 7-3**에 나와 있으며 암모니아의 결과는 **그림 7-4**에 나와 있습니다.

산소 질량 전달 계수는 필터내의 물리적 조건(생물막의 두께와 산소의 확산 비율)에서 계산되고, 온도와 포화된 용존 산소 농도의 영향을 받습니다. 이 값은 일반적으로 데이터 입력 부분에서 입력되거나 아래 화면에 보이는 것과 같이 개별 객체에서 명확하게 설정합니다. (**그림 7-13**)

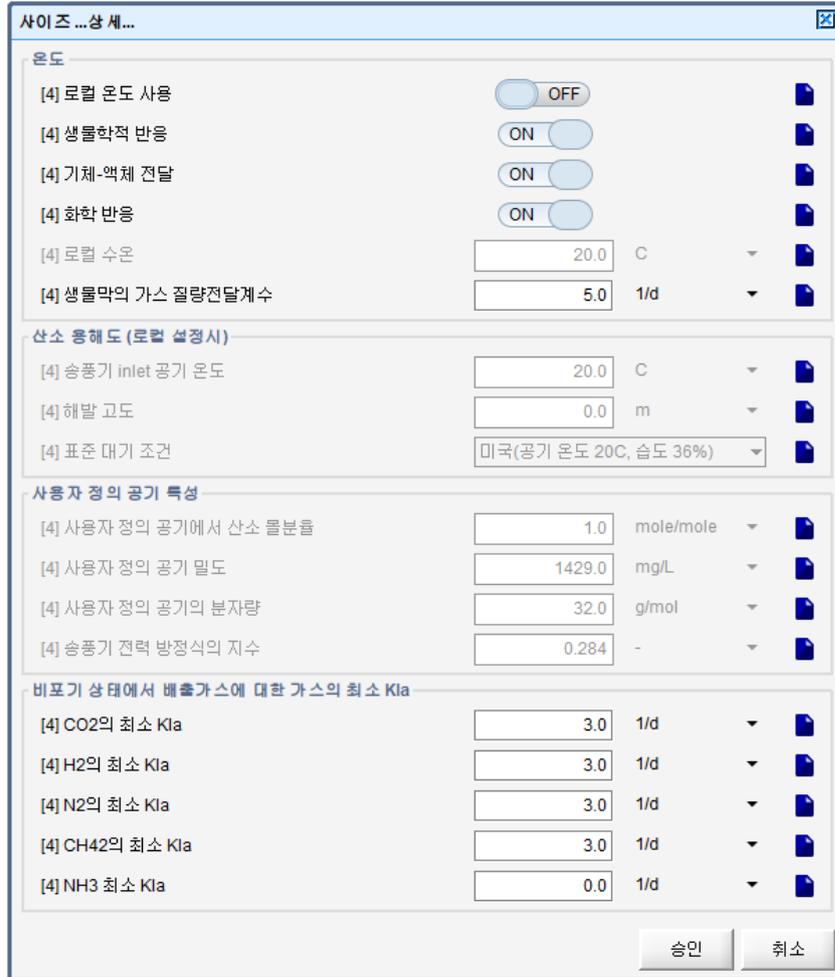


그림 7-13 SBC의 사이즈 입력 (상세...)

**운전조건 입력**

운전조건 매개변수는 활성 슬러지 모델과 유사합니다. 활성 슬러지 모델과 같이, 포기 방법은 "K<sub>La</sub> 입력"이나 "Airflow 입력" 중에서 선택할 수 있습니다. 기계적인 포기 방법은 SBC에 적합하지 않기 때문에 사용할 수 없습니다.

## 질량 이동

그림 7-5는 SBC의 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 이동 모델(확산)에 사용됩니다. 생물막을 통과하는 다양한 구성 성분의 확산에 대한 문헌 상의 데이터가 부족하기 때문에, 생물막에서의 확산 감소에서 보듯이, 물을 통과하는 확산에 사용된 값은 고정 비율로 감소됩니다. 물에 대해 나타낸 디플트 확산 계수는 생물막의 액체 레이어에서 첫 번째 레이어(바깥쪽)까지의 구성 성분 확산에 사용됩니다. 탈착 비율 및 부착 비율은 각각 생물막의 sloughing 비율 및 입자성 구성 성분 부착 비율을 계산하는데 사용됩니다.

## 화학양론 및 동역학 파라미터

이 메뉴에 나타난 파라미터는 제 6장에서 설명한 생물학적 반응을 참고하십시오.

## 출력 변수

표준 유출 파라미터뿐만 아니라, 다수의 고정 막 특정 변수를 나타낼 수 있습니다. 이들은 살수 여상에서와 동일하고 객체의 출력 변수 메뉴 항목 내에 있습니다.

- **SBC 변수** (살수 여상 모델 단락의 살수 여상 변수 참고)
- **액체 농도** (살수 여상 모델 단락의 액체 막 농도 참고)
- **2 차원 상태 변수** (살수 여상 모델 단락의 2 차원 상태 변수 참고)

## 단순 BAF (BIOLOGICAL AREATED FILTER) 모델

### 개념 모델

단순 BAF 모델은 포기모델과 살수여상에 사용된 1D 생물막 모델과 단순 고형물 분리 모델을 혼합한 것입니다. 호기조건을 추가한 것으로 탈질막 객체와 유사합니다. 단순 BAF 모델은 복잡하지 않게 설계되어 고급 BAF 모델의 대안으로 사용하기 편리합니다. 단순 BAF 모델은 GPS-X 정상상태 솔버를 사용하여 정상상태에서 해석합니다. 반면에 고급 BAF 는 평형상태에 도달하기 위해서 동적 시뮬레이션을 사용해야 합니다.

단순 BAF 객체는 여재를 통과하는 PFR 을 표현하기 위해서 수평 레이어(기본 6 개)를 이용합니다. 막(filter)은 바닥에 장착되어 있고, 유출수는 상단으로 배출됩니다.

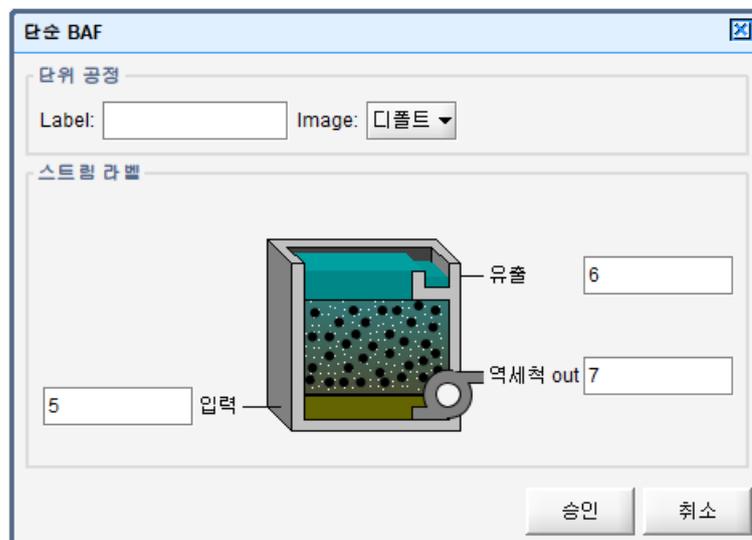


그림 7-14 단순 BAF 모델 구성

산소 용해도는 각 층마다 따로 계산되고, 산소포화 농도에 반영되도록 심도 효과(depth effects)를 계산합니다.

### 수리학

객체로 유입되는 유량은 객체 좌측 하단에 통해서 유입되고, 우측 상단 연결 포인트로 배출됩니다. 객체내에서 주기적으로 백워싱된 고형물은 연속적으로 우측 하단의 연결 포인트로 배출됩니다.

### 물리적 (사이즈 입력)

단순 BAF 의 사이즈 입력 메뉴는 [그림 7-15](#) 와 같습니다. 다양한 생물막 파라미터(예를 들어, 최대 생물막 두께 등)는 살수여상 모델에서 정의한 것과 동일합니다. 막 특성의 기본 파라미터 값은 일반적인 BAF 막특성으로 설정된 것입니다.

**사이즈 입력**

**유닛 특성**

[6] 여과상 깊이  m

[6] 여과상 표면적  m<sup>2</sup>

**여재의 성질**

[6] 여재의 비표면적  1/m

[6] 여재의 공극률  -

**생물막 특성**

[6] 최대 부착 역상막 두께  m

[6] 최대 생물막 두께  m

[6] 생물막의 밀도  mg/L

[6] 생물막의 건조 물질 함량  -

**모델 특성**

[6] 필터내 수평 레이어수

**속도**

[6] 용해성 integration period  d

[6] 용해성 integration length  d

그림 7-15 단순 BAF 모델 사이즈 입력 메뉴

## 운전조건 파라미터

운전 조건 파라미터는 막의 aeration 과 백워싱에 대한 설정을 포함하고 있습니다.

**고형물 제거율(solids capture fraction)**은 막에 의해 제거되는 고형물의 질량을 정의하는 것입니다. 백워싱된 고형물의 질량을 계산하기 위해서는 **백워싱 유량**과 **24 시간동안 사용된 백워싱 시간**을 이용합니다.(계산된 고형물 제거율을 이용해서) 백워싱 유량은 간헐적인 상태에서 당량의 질량 고형물로 환산해서 연속 흐름으로 계산됩니다. 이런 방식으로 인하여 정상상태 솔버를 사용해서 본 모델을 계산할수 있습니다. 포기 조건에 대한 좀더 상세한 설정을 하기 위해서는 **상세..** 버튼을 눌러서 입력합니다. (**그림 7-16**)

그림 7-16 단순 BAF 모델 운전조건 파라미터 메뉴

기타 나머지 메뉴는 살수여상 모델과 동일합니다.

## ADVANCED BIOLOGICAL AERATED FILTER(BAF) MODEL

고급 BAF 모델은 견고하고 기계적 기반을 둔 모델입니다. 6 장에서 언급한 부유성장식 모델의 생물학적 반응과 동일한 모델을 적용하고 있습니다.

### 개념 모델

BAF 모델은 4 가지 주요 구성 성분으로 이루어져 있습니다: 수리학 및 여과기 운전, 여과, 생물학적 반응, 및 생물막에 해당되고 다음과 같습니다.

### 수리학 및 여과기 운전

모델은 다른 운전 모드에서 1 개 이상의 Unit 로 이뤄진 바이오필터 각 단계의 복잡한 운전을 설명할 필요가 있습니다.

가장 간단한 실행에서 (**Unit** 의 수는 1); 모델은 단일 BAF Unit 의 거동을 시뮬레이션 합니다. 이 Unit 는 **여과, 대기, 역세척**, 또는 **세정** 모드에 있을 수 있습니다. **여과, 대기 및 세정** 모드에서, 여과기는 정해진 수평 단면의 수(디폴트는 6)로 이루어진 탱크로 수리학을 표현합니다. 실제 여층은 여층 아래 물 부피의 희석 영향을 설명하기 위해 필터 재료가 없는 혼합 탱크를 씁니다. 유사한 혼합 탱크는 필터 여재 위에 있는 액체를 설명하기 위해 추가됩니다. 필터의 **역세척** 모드 수평 단면은 1 개의 혼합 탱크로 결합되고 변환됩니다. 모델은 필터 여재가 역세척 되는 동안 이상적으로 혼합된다고 가정합니다.

필터로의 유입 부하는 필터의 **여과, 대기, 역세척**, 또는 **세정** 모드를 결정합니다. 여과 및 세정 모드에서, 유량은 입력 흐름을 통해 필터에 들어가고 출력 흐름을 통해 나갑니다. 대기모드에서는, 필터를 통과하는 유량은 없습니다. 역세척 모드에서, 유량은 역세척 입력 흐름을 통해 필터로 들어가고 역세척 출력 흐름을 통해 나갑니다.

복잡한 바이오필터 플랜트는 유출수 수질을 예측하고 플랜트 내 변화 조건을 설명하기 위해 드로잉 보드에 배치된 개별 필터 Unit 의 적절한 수로 나타낼 수 있습니다. 1 개의 필터 단위 내 복합성과

플랜트에서 전형적인 Unit 의 수 때문에 이 이론은 기본적인 계산 능력 조차 실행할 수 없습니다. 동일한 모드에서 운영되는 개별 단위 간의 차이점이 매우 크지 않기 때문에, 단순화된 운영 모드는 더 적은 경비로 더 좋은 유출수 조건과 운영의 접근을 실질적으로 제공합니다.

이러한 목적으로 필터의 수리학은 3 가지 다른 방법으로 설명합니다. Unit 의 총 수에서 특정 분율은, 필터를 통과하면서 흐르는 유입수 레이어, 즉 **여과** 모드입니다. 또 다른 분율은, 약한 포기와 더불어 유입 부하가 없는 **대기** 모드입니다. 세 번째 분율은 **역세척** 모드입니다. 세 가지 분율의 합은 Unit 의 총 수에 더해줍니다. 경우에 따라 이 분율 중 어느 한가지를 완전히 누락할 수도 있습니다. 역세척 또는 대기 모드에서 단위의 총 수는 0 일수 있습니다. GPS-X 에서, 개별 분율은 2 가지 방법으로 지정됩니다:

1. **상수**. 이것은 대기 모드에서 단위의 수가 변하지 않을 경우 간단한 실행을 허용합니다. 특정 역세척 기준에 도달하면, 필터 모드에서 특정 단위의 수(사용자가 지정한)를 역세척 합니다. 이 모드는 필터 플랜트의 실제 운영을 기록하고 GPS-X 에서 다시 실행해야 하는 경우에 사용될 수 있습니다. 단위의 수는 GPS-X 파일 입력 장치 및 원래의 로딩 조건 재현을 통해 입력될 수 있습니다.
2. **필터 구성 요소의 목표 부하율에 따라 변하는 부피 분율**. 운영 필터 부피 및 대기 부피의 비율 방법은 유입 부하의 변화에 따라 연속적으로 변화합니다. 이 운영은 로딩이 필터 부피에서 완전한 상수 이더라도 개별 바이오필터 단위 부피에 의한 생성제한이 무시되기 때문에 “고정 상수로 부하” 운전상 방법을 모의합니다.

시뮬레이션 동안 다른 운전 모드에서 부피 분율이 변할 경우, 모델은 그 요소에서 모든 모델 구성 성분의 질량을 재 계산하여 정확하게 물질 수지의 추경을 계속합니다. 한 가지 예로 필터에서의 로딩 증가로 인해 직접 들어오는 1 개의 대기 단위 사건을 고려하십시오. 계속 운전 중인, 필터의 다른 요소는 대기하고 있던 것 보다는 매우 높은 활성 미생물을 포함할지도 모릅니다. 대기 구성성분이 직접 들어올 경우, 부피 질량 평균 미생물 농도는 새로운 것으로 계산되고, 모든 생물막 레이어와 모든 수평 단면에 대한 필터 부피는 증가됩니다. 통합은 새로운 조건을 사용하여 계속됩니다.

## 여과 구성 요소

Kozeny 방정식은 손실 수두(headloss)를 계산하는 반면, 수정한 Iwasaki 방정식 (Horner *et al.*, 1986)은 여과 비율을 계산하는데 사용됩니다. 여과 모드에서, 수평 단면의 수는 BAF 여상(기본값으로 6)의 플러그 흐름 특성에 의해 결정됩니다. 모델의 구성 성분은 고형물 회수, 유출 부유물질 및 다른 구성요소와 역세척 질을 예측하는데 사용됩니다. 역세척 모드에서, 여상의 역세척 분율은 이상적인 혼합 탱크; 생물막 레이어는 유지되는 것으로 처리됩니다.

모델의 여과 요소는 9 장에서 설명하는 GPS-X 에서의 생물학적 반응이 없는 **1-dimensional** 모델을 이용할 수 있습니다.

## 생물학적 반응 구성 요소

BAF Unit 는 적절한 라이브러리의 부유-성장 모델에서 찾아낸 동일한 생물학적 반응을 이용합니다. **mantis** 모델은 Hydromantis 에 의해 몇몇 생물막 구성에 성공적으로 사용되고, 반응조와 생물막의 암모니아 및 BOD 프로파일을 예측할 수 있습니다. 생물학적 모델의 더 자세한 사항은 제 6 장을 참고하십시오.

## 생물막 구성 요소

GPS-X 에서 기존 생물막 모델은 Spengel 와 Dzombak (1992 년)에 근거합니다. 이 모델을 BAF 구성으로 개조하였습니다. 모델은 용해성 물질 확산, 생물막 성장 및 입자성 부착 및 탈착을 다루고 있습니다. 더 자세한 사항은 이 장의 **살수 여상 모델** 단락을 참고하십시오.

## 수치 모델

생물막 각 레이어에서 사용된 수치 방정식은 관련 모델 matrix 에서 규정합니다(예, **mantis** 모델에 대한 Appendix A 참고). 생물막으로 벌크(bulk) 액체로부터 상태 변수 확산에 사용된 방정식은 이 장의 살수 여상 단락에서 규정하였습니다. 여과 구성 요소에 사용된 방정식은 제 9 장에서 설명합니다(**1-dimensional** 모델).

## 모델 파라미터

이번 단락은 사용자가 이 모델을 사용할 때 접하게 되는 다양한 입력 및 모델 파라미터에 대해 설명합니다.

## 물리적 (사이즈 입력)

이 메뉴 항목은 **입력 변수 > 사이즈 입력** 보조 메뉴 항목에서 찾을 수 있습니다. 물리적 시스템을 어떤 식으로 모델링 할 것인지를 사용자가 정할 수 있도록 모델 차원뿐만 아니라, 모델링 한 실제 BAF 를 설명하기 위한 실제 물리적 치수도 포함합니다. 속도 항목에는 사용자가 이 모델의 시뮬레이션 속도를 최적화하는 것을 허용하는 3 가지 하부 항목이 있습니다.

**그림 7-17**에서 볼 수 있는 것처럼, BAF 의 실제 치수는 단일 여상 표면적, 전체 여상의 지지부에서의 깊이, 여재 충전 (공상 깊이) (여재 위 수심을 주는 마지막 2 개의 입력과는 다름), 지지부 아래 수심과 같은 항목의 입력을 요구합니다. 단위의 수는 간단한 복수 단위 조작을 가능하게 합니다.

이 품의 다음 항목, **여재**는, 필터에서 사용되는 여재를 특성화하기 위한 입력 값을 포함합니다: 여상 깊이 및 표면적과 더불어 **여재 비표면적**은 이 모델에서 총 생물막 표면적을 추정할 수 있게 해줍니다; 다중-여재 필터를 설명해 주는 것으로는 **등가 입자 직경**; **세척 여상의 공극률 (공극 부피)**와 **최종 벌크 생물막 부피** 분율이 있으며, 생물막의 최대 공간에는 필터가 완전히 막히기 전까지 들어 찰 수 있습니다.

생물막 품의 다음 두 항목, **생물막의 밀도** 및 **생물막의 건조한 물질 함량**은, 부피 실측 치로 개별 상태 변수의 농도를 변환하는데 사용됩니다. 모델 **Dimension** 단락은 필터의 구획 수를 포함하고, 모델은 각 수평 단면이 동등한 크기라고 가정합니다.

**그림 7-17**은 산소 용해도와 모델 속도와 관련된 물리적 구성 성분을 보여줍니다. 산소 질량 전달 계수는 필터 내 물리적 조건(생물막의 두께와 산소의 확산 비율)으로부터 계산되고 액체와 공기 온도, 및 대기 중 산소 분율(6 장 참고)의 영향을 받습니다. 이 값은 일반적으로 데이터 입력 부분에서 입력되거나 아래 화면에 보이는 것과 같이 개별 객체에서 명확하게 설정합니다. 속도 품에서 첫 번째 두 번째 항목은 용해성 성분의 통합과 관련되고, 이 장의 **살수 여상 모델** 단락에서 설명하였습니다. 세 번째 **액체의 DO 계산** 항목은, BAF 시설이 수중에서 상대적으로 높은 수준의 DO 를 유지할 경우 시뮬레이션 속도를 증가시키는데 사용합니다. 이 파라미터를 “끄기”로 설정하여, 액체에서 일정한 DO 수준을 유지하고 DO 상태 변수의 통합은 무시됩니다. 그로 인해 시뮬레이션은 가속화됩니다. 일정한 DO 수준은 초기 조건(**초기조건 > 초기 농도 > 초기 DO**)에서 조절할 수 있습니다.

사이즈 입력			
<b>모델 특성</b>			
[9] 생물막+액막의 수	<input type="text" value="6"/>		
[9] 필터 섹션 개수	<input type="text" value="6"/>		
<b>유닛 특성</b>			
[9] 단일 여상 표면	<input type="text" value="20.0"/>	m <sup>2</sup>	
[9] 전체 여상의 지지부에서의 깊이	<input type="text" value="3.5"/>	m	
[9] 여재 충전 (공상 깊이)	<input type="text" value="3.0"/>	m	
[9] 지지부 아래 수심	<input type="text" value="1.0"/>	m	
[9] 유닛 개수	<input type="text" value="1"/>		
<b>여재</b>			
[9] 여재의 비표면적	<input type="text" value="1000.0"/>	1/m	
[9] 등가 입자 직경	<input type="button" value="(...)"/>	m	
[9] 여상의 공극률	<input type="text" value="0.34"/>	-	
[9] 최대 벌크 생물막 부피 분율	<input type="text" value="0.17"/>	-	
<b>생물막</b>			
[9] 생물막의 밀도	<input type="text" value="1002000.0"/>	mg/L	
[9] 생물막의 건조 물질 함량	<input type="text" value="0.1"/>	-	
<b>산소 용해도 (로컬 설정시)</b>			
[9] O <sub>2</sub> 용해도 및 생물학적 활성에 대한 로컬 설정 사용	<input checked="" type="checkbox"/>		
[9] 생물학적 반응	<input checked="" type="checkbox"/>		
[9] 기체-액체 전달	<input checked="" type="checkbox"/>		
[9] 화학 반응	<input checked="" type="checkbox"/>		
[9] 수온	<input type="text" value="20.0"/>	C	
[9] 대기 온도	<input type="text" value="20.0"/>	C	
[9] 공기 중 산소 비율	<input type="text" value="0.21"/>		
		<input type="button" value="승인"/>	<input type="button" value="취소"/>

그림 7-17 고급 BAF 사이즈 입력 메뉴

## 운전조건 입력

운전조건 입력 메뉴 항목의 첫 부분에서, 포기 상수는 이용 가능한 모든 호기 생물학적 Unit 와 유사합니다. BAF 의 지정은 각 필터 운전상 상태에 대해 다른  $KLa$ (또는 공기 유량, 포기 이론이 확산으로 설정된 경우)를 지정하는 기능입니다. 이 파라미터는 [그림 7-18](#) 에서 살펴 보실 수 있습니다.

**운전조건 입력**

**특기 설정**

[9] 포기 방법: 산기식

상세...

**산기식**

[9] 활성 Unit내 표준 온도 및 압력(STP)에서의 공기량: 10.0 Nm<sup>3</sup>/m<sup>2</sup>/h

[9] 대기 Unit내 표준 온도 및 압력에서 공기량: 1.0 Nm<sup>3</sup>/m<sup>2</sup>/h

[9] 성숙 과정 Unit내 표준 온도 및 압력에서 공기량: 0.1 Nm<sup>3</sup>/m<sup>2</sup>/h

[9] 역세척한 Unit내 표준 온도 및 압력에서 공기량: 20.0 Nm<sup>3</sup>/m<sup>2</sup>/h

[9] 산소 전달 효율: 0.35

**Kla**

[9] 산소 물질 전달 계수 (active): 100.0 1/d

[9] 산소 물질 전달 계수 (대기중): 10.0 1/d

[9] 산소 물질 전달 계수 (역세직전): 1.0 1/d

[9] 산소 물질 전달 계수 (역세척): 200.0 1/d

**주기**

[9] 역세척 운영: 시간함수

**다중 장치 가동**

[9] 필터 모드에서 유닛 개수: 1

[9] 동시에 역세척으로 씻어낸 유닛 개수: 1

[9] 일정 필터 부하를 제어기: OFF

[9] 필터 구성 요소의 목표 부하율: 96.0 m/d

[9] 자동 주기를 위한 시간변환: 0.0 h

[9] 역세척 주기: 0.5 h

[9] 역세척 후 세정기간: 0.5 h

승인 취소

그림 7-18 BAF 운전조건 입력 매개변수

주기 폼에서, **역세척 운영**은, 여과기가 운전될 때 역세척 운영이 시작되는 방법을 설정하는데 사용됩니다. **역세척 운영**은 시간 함수, 수두 손실 함수, 유출 수질 기반, 또는 메뉴얼로 할 수 있습니다. 필터는 단일 단위 모드(전체 부피는 필터, 역세척, 대기, 또는 세정 모드에서 이뤄짐), 또는 복수 단위 조작에서 운전될 수 있습니다. 복수 단위 조작(단위의 수는 1 보다 큼)에서, **필터 모드에서 단위의 수**를 지정할 수 있으며, 나머지 단위는 대기 모드에 있습니다. **동시에 역세척으로 씻어낸 Unit 의 수**는 **일정 필터 부하율 제어기**가 켜져 있을 경우 역세척 운영이 시작될 때 필터 모드를 불러내고 대기 단위로 교체될 것입니다. 필터 분율에 목표 부하율을 지정할 수 있고 이와 같이 여과 모드에서 필터의 부피는 목표 부하율을 유지하기 위해 변화할 것입니다.

이 폼은 역세척 운영에 관한 추가 정보를 포함합니다. 역세척은 특정 기간 (예, 24 시간) 이후, 또는 최대 허용 손실 수두(예, 1m) 달성 이후, 유출 고형물이 한계 수준(예, 10 g/m<sup>3</sup>)일 때 시작할 수 있습니다. 마지막 모드는 수학적 모델에서 플랜트 성과를 최적화하는데 사용될지도 모릅니다. 메뉴얼 모드에서, BAF 의 운영은 모든 운전상 변수를 설정할 필요가 있는, **제어 창**(또는 파일 입력)을 통해서 행해질 것입니다.

그 이상의 모델 파라미터는 BAF 모델에서 질량 이동, 화학양론, 동역학 및 여과 메뉴 항목에 포함되어 있습니다. 이 폼은 이 장의 **살수 여상 모델** 단락에서, 9 장의 사여과 모델 단락에서 설명되므로, 여기서 다시 설명하지 않겠습니다.

그림 7-19 더 많은 고급 BAF 운전조건 입력 매개변수

## 출력 변수

각 수평 필터 단면(디플트로 6)을 위해 수리학 정보를 사용하고 표시할 수 있습니다. 희석율과 수두 손실과 관련된 변수: 입자 레이놀즈 상수, 마찰 조건, 및 세척 여상의 손실 수두, 레이어에서의 손실수두를 포함합니다.

## 2D BAF

여과 중 고형물 회수율은 각 수평 필터 단면에서 표시될 수 있습니다. 3D 그래프 상에 다른 변수(산소 분압, 공극 크기, 생물막 두께, 침전 농도, 벌크 침전 부피)를 나타낼 수도 있습니다. X-축은 6 개의 수평 필터 단면, y-축은 5 개의 생물막 레이어와 액체 단계, z-축은 변수 값을 나타냅니다.

## 여과기 부분

3D 그래프에 상태 변수 및 고형물 합성 변수를 나타낼 수 있습니다. x-축에는 6 개의 수평 필터 단면, y-축은 5 개의 생물막 레이어와 액체 단계, z-axis 는 변수 값을 나타냅니다.

## 여과기 중 액체 막 농도

이 폼에서, 액체 단계에 있는 상태 변수와 비부착 고형물 합성 변수 값은 수평 필터 단면의 각각에 대해 선택될 수 있습니다. 표시된 값은 여과 모드에서 BAF 단위에 대해서만 유효합니다.

## 역세척 부분 변수

이 폼에서, 상태 변수는 각 생물막 레이어를 표시하는 것을 선택할 수 있습니다. 표시된 값은 역세척 모드의 단위를 위해서만 유효하고, 필터 모드에서 모든 수평 필터 단면의 평균을 나타냅니다; 여과기는 완전 혼합 탱크로 처리됩니다.

## 하이브리드 시스템

GPS-X 의 하이브리드 시스템 모델은 부유 성장 바이오매스와 표준 플러그 흐름 탱크 형상의 조합, 및 탱크에 삽입된 여재의 고정 막 성장을 대표하는 GPS-X 생물막 모델에 근거를 둡니다. 비표면적의 설정이 정확한 경우 어떤 유형의 여재가 모델에서 표현될 것입니다. 그러므로 모델은 슬러지 반응을 포함하던지 포함하지 않던지간에 MBBR, Ringlace, Captor, Bionet 및 하이브리드 시스템의 다른 유형과 같은 상업용 시스템을 표현할 수 있습니다.

## 생물학적 구성

하이브리드 시스템은 부유-성장 모델에서 찾아낸 동일한 생물학적 반응을 사용합니다. 생물학적 모델에 대한 더 자세한 사항은 제 6 장을 참고하십시오.

## 생물막 구성

GPS-X 에서 기존 생물막 모델은 Spengel 와 Dzombak (1992 년)에 근거합니다. 이 모델을 하이브리드 시스템으로 개조하였습니다. 모델은 용해성 물질 확산, 생물막 성장 및 입자성 부착 및 탈착을 다루고 있습니다. 더 자세한 사항은 이 장의 **살수 여상 모델**을 참고합니다.

## 모델 파라미터

이번 단락은 사용자가 이 모델을 사용할 때 접하게 되는 다양한 입력 및 모델 파라미터에 대해 설명합니다.

## 물리적 (사이즈 입력)

이 메뉴 항목은 **입력 변수 > 사이즈 입력** 보조 메뉴 항목에서 찾을 수 있습니다. 물리적 시스템을 어떤 식으로 모델링 할 것인지를 사용자가 정할 수 있도록 모델 차원뿐만 아니라, 모델링 한 실제 하이브리드 시스템을 설명하기 위한 실제 물리적 치수도 포함합니다.

하이브리드 시스템은 **여재의 비표면, 여재로 제거된 물, 및 여재의 밀도**를 입력합니다.

## 운전조건 입력

포기 상수는 이용 가능한 모든 호기 생물학적 Unit 와 유사합니다. 하이브리드 시스템의 지정은 2 개의 추가 재순환 흐름을 지정하는 기능입니다. 이 흐름은 **담체 포함 내부 반송** (내부 반송이 담체와 함께 운반될 경우) 및 **담체가 포함된 탱크의 유량** (담체가 셀에서 다음 셀까지 흐를 경우)입니다.

그 이상의 모델 파라미터는 하이브리드-시스템 모델에서 **질량 이동**, **화학양론**, **동역학** 메뉴 항목에 포함되어 있습니다. 이들은 이 장의 살수 여상 모델 단락에서 설명하였으므로 다시 설명하지 않습니다.

## 초기 조건

기본 초기 부피 입력 이외에, 하이브리드 시스템은 **초기 부피** 보조-메뉴 폼에서 입력할 수 있는, **여재로 채워진 반응조 부분** (여재 또는 공상 부피)의 입력을 요구합니다.

## 출력 변수

기본 유출 파라미터 이외에, 출력 가능한 다수의 고정 막 특정 변수들이 있습니다. 이들은 객체의 출력 변수 메뉴 항목을 통해 사용할 수 있습니다.

## 탈질 막

탈질 막 객체는 새롭게 생긴 객체로서 공정 객체 그룹중에서 “**후처리**”에서 확인할 수 있습니다. 다른 생물막 객체는 “**Attached Growth**(부착 성장)”그룹에 속해 있으므로 유의하시기 바랍니다.

탈질 막 모델은 수리학적 구조로 볼때는 살수 여상 모델과 유사하지만 몇 가지가 근본적으로 다른점이 있습니다.

1. 막은 완전히 잠긴 것으로 가정합니다. 살수여상 모델처럼 미디어 사이의 비어있는 빈 공간은 없는 것으로 가정합니다.
2. 살수 여상 모델은 **downflow**(하향류)로 가정합니다. 하지만 이 탈질막 모델에서는 상향과 하향 두 가지의 종류로 나눕니다. 해당 그림은 **그림 7-20** 과 같습니다.

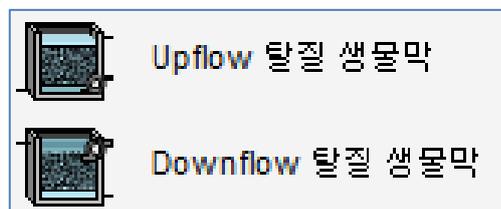


그림 7-20 상향 및 하향 탈질 막 객체

## 생물학적 구성

탈질막 모델은 부유성장 모델에서 찾아낸 동일한 생물학적 반응을 사용합니다. 좀더 자세한 설명을 위해서는 6 장을 참고하십시오.

## 생물막 구성

GPS-X에서 사용하는 생물막 모델은 Spengel and Dzombak (1992)의 이론을 따르고 있습니다. 이 모델은 하이브리드 시스템을 적용합니다. 용해성 물질의 확산, 생물막 성장, 입자의 부착 및 탈착 등을 고려합니다. 자세한 사항은 본 장의 **살수 여상 모델** 부분에서 설명합니다.

## 여과기 구성

고형물의 여과는 입자성 상태변수를 단순하게 필터링(제거)하는 것으로 모델링합니다. 사용자는 제거율을 설정하고, 제거된 모든 고형물은 백워싱을 통하여 회수되고 제거됩니다. 백워싱(과 관련된 고형물 제거)은 연속적인 흐름으로 모델링합니다.

## 모델 파라미터

이 모델을 사용할 때, 사용자가 입력할 여러 가지 모델 파라미터와 입력값에 대한 설명입니다.

### 물리적 (사이즈 입력)

물리적 매개변수는 **입력 변수 > 사이즈 입력** 메뉴에 있습니다. 여기에는 탈질화 필터를 설명하기 위한 물리적 치수와 실제 시스템을 모델링하는 방법을 지정할 수 있는 모델 치수가 포함됩니다.

탈질화 필터에는 여재의 특정 표면 및 여재의 다공성과 같은 입력이 필요합니다.

### 운전조건 입력

운전조건 입력 메뉴에서는 백워싱에 대한 고형물 제거를 정의하는 3 가지 파라미터에 대해서 입력합니다. 고형물제거율(Solids Capture Fraction)은 방류부에서 제거되는 농도 베이스의 이자성 상태변수의 fraction 으로 정의합니다. 하루에 백워싱을 통해서 나가는 총 유량을 결정하기 위해서 **Backwash duration during 24-hr period** 와 **backwash flow** 파라미터를 사용합니다. 백워싱 농도는 총 제거된 고형물을 매일 백워싱 유량으로 나눔으로써 계산합니다.

### 기타 메뉴

탈질 필터 모델에는 **mass transport, stoichiometric, kinetic** 과 같은 모델 파라미터가 포함되어 있습니다. 이 부분은 **살수여상 모델**에 설명되어 있습니다

### 초기화

탈질 필터 객체의 초기화 메뉴는 살수여상 객체와 동일합니다. 필터 각 레이어의 상태변수에 대한 초기값을 포함하고 있습니다.

### 변수 보기

일반적인 방류수 파라미터에 추가해서, **fixed film** 특정 변수도 볼 수 있습니다. 이 메뉴는 객체의 변수보기 메뉴에서 확인할 수 있습니다.

## 막 결합 생물반응조 (MABR)

MABR (Membrane-Aerated) 객체는 공정 테이블의 부착 성장식 공정 섹션에 있습니다.

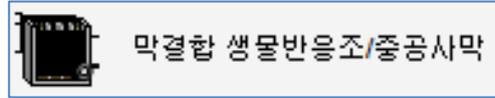


그림 7-21 MABR 객체

MABR 객체는 바이오 필름 성장을 지원하는 여재가 있는 부유성장 반응조라는 점에서 하이브리드 객체와 유사한 구조를 사용합니다. 하이브리드 객체와는 달리, 여재는 단지 고정 될 수만 있으며 (부유와 반대로), 생물막의 폭기는 막 표면 자체 (벌크 액체를 통한 것과 반대)에서 이루어 지므로 효과적으로 생물막 내부로 공기가 통하게 됩니다. 벌크 액체의 규칙적인 산기 또한 이 객체에서 이용 가능합니다.

그림 7-22 는 MABR 생물막 모델의 구조를 보여줍니다. 왼쪽의 여재 표면은 생물막의 성장을 지원합니다. 생물막은 5 개의 균일한 층으로 모델링 되고, 이어서 벌크 액체와의 접촉이 이어집니다. 벌크 액체로부터의 용해성 성분은 가장 바깥쪽 생물막 층 (액체와 접촉하는 층)으로 확산될 수 있습니다. MABR 막 표면은 막을 통해 가장 안쪽의 생물막 층으로 산소가 확산되도록 합니다.

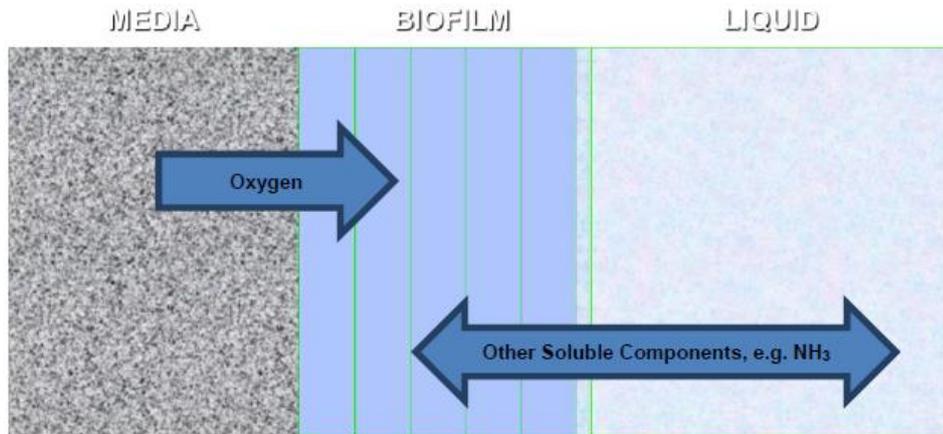


그림 7-22 용해성 성분의 확산을 보여주는 MABR 생물막 구조

GPS-X 의 다른 생물막 모델과 마찬가지로, 각 생물막 레이어는 완전혼합 반응조로 모델링됩니다. 고체 전달 (액체/생물막 인터페이스에서의 내부 고체 교환, 부착 및 분리)의 모든 측면은 모두 하이브리드 모델과 유사하게 모델링됩니다.

### 모델 매개변수

여기서는 모델을 사용할 때 사용자가 접하게 되는 다양한 모델 매개변수와 입력 값에 대해 설명합니다.

## 물리적 (사이즈 입력)

물리적 매개변수는 입력변수의 하위 메뉴의 사이즈 입력 항목에 있습니다. 여기에는 MABR 단위 공정의 물리적 치수, 객체 표면적 및 생물막 특성에 대한 세부 정보가 포함됩니다.

생물막을 성장시키는데 사용할 수 있는 표면적의 총량은 카세트 당 모듈과 모듈 당 코드 및 미디어 길이를 곱한 카세트 수와 같습니다. 여재의 길이 당 표면적은 여재 외경과 생물막의 두께로부터 결정됩니다. 따라서 여재의 길이 당 표면적은 여재 직경과 생물막 두께가 증가함에 따라 증가합니다.

사이즈 입력	
<b>사이즈</b>	
[14] 반응조 개수	<input type="text" value="4"/>
<input type="button" value="상세..."/>	
<b>부피</b>	
[14] 조의 깊이	<input type="text" value="4.0"/> m
[14] 부피 설정 방법	부피 비율
[14] 개별 부피	<input type="text" value="(...)"/> m <sup>3</sup>
[14] 최대 부피	<input type="text" value="1000.0"/> m <sup>3</sup>
[14] 부피 비율	<input type="text" value="(...)"/> -
<b>막 설정</b>	
[14] 여재 표면적 설정	코드 상세 입력
[14] 여재 외경	<input type="text" value="0.001"/> m
[14] 여재 길이	<input type="text" value="2.0"/> m
[14] 모듈당 코드	<input type="text" value="6400.0"/>
[14] 카세트(cassette)당 모듈	<input type="text" value="64.0"/>
[14] 카세트 당 면적	<input type="text" value="1920.0"/> m <sup>2</sup>
[14] 카세트 당 변위량(displaced volume)	<input type="text" value="0.15"/> m <sup>3</sup>
[14] 카세트(cassettes)의 수	<input type="text" value="(...)"/>
<b>생물막이 관련된 파라미터</b>	
[14] 여재로 치환된 물	<input type="text" value="0.18"/> m <sup>3</sup> /m <sup>3</sup>
[14] 부착된 액체막 두께	<input type="text" value="5.0e-05"/> m
[14] 최대 생물막 두께	<input type="text" value="(...)"/> m
[14] 생물막의 밀도	<input type="text" value="(...)"/> mg/L
[14] 생물막의 건조 물질 함량	<input type="text" value="(...)"/> -
<b>속도</b>	
[14] 용해성 integration period	<input type="text" value="0.05"/> d
[14] 용해성 integration length	<input type="text" value="0.005"/> d
<input type="button" value="승인"/> <input type="button" value="취소"/>	

그림 7-23 MABR 사이즈 입력 변수 메뉴

## 운전조건 입력

운전조건 입력 메뉴는 생물막 폭기, 전통적인 벌크 액체 폭기 및 MABR 단위 공정의 수리학적 설정 (예: 내부 혼합액의 반송)의 운전을 정의하는 매개변수를 포함합니다.

메뉴의 첫 번째 항목인 "내부 생물막 폭기"에는 막에서 가장 안쪽의 생물막 층으로의 산소의 물질 전달을 지정하는 설정이 있습니다. 산소 전달을 지정하는 데 사용할 수 있는 세 가지 옵션이 있습니다.

- 1) 질량 전달 계수  $K_L a$  설정, 1/d
- 2) 산소의 질량 전달 직접 설정, kg/d
- 3) 압력 차 방정식을 사용하여 입구 및 출구 압력과 산소 분율을 사용하여 막의 길이를 통한 산소 이동을 지정

압력 차 산소 전달 모델은 Côté (1989)에 기술되어 있으며 아래와 같습니다:

$$J = K \frac{\frac{p_{in}}{H} - \frac{p_{out}}{H}}{\ln \left( \frac{\frac{p_{in}}{H} - C_L}{\frac{p_{out}}{H} - C_L} \right)}$$

여기서,

$J$  = 산소 플럭스, mol/m<sup>2</sup>-sec

$K$  = 질량 전달 계수, m<sup>2</sup>/sec

$p_{in}$  = 유입부 산소 분압, Pa

$p_{out}$  = 유출부 산소 분압, Pa

$H$  = 헨리의 법칙 상수, Pa·m<sup>3</sup>/mol

$C_L$  = 액체 내 산소 농도, mol/m<sup>3</sup>

산소 전달 지정을 위한 방법 선택에 대한 운전조건 입력 메뉴는 다음과 같습니다.

**운전조건 입력**

**내부 생물막 특기**

[14] 내부 공기 설정 방법	차압 설정		
[14] 산소 막 확산 물질 전달 계수	(...)	1/d	
[14] 내부 생물막 레이어 산소 질량 전달	(...)	kg/d	
[14] 유입부 압력	(...)	atm	
[14] 출구 압력	(...)	atm	
[14] 입구부 대기 중 산소 분율	(...)	-	
[14] 출구부 대기 중 산소 분율	(...)	-	
[14] 총 질량 전달 계수(K)	3.3333	gO2/h/m2/b...	

**특기 설정**

[14] 산소 공급 방법	공기량 입력	
[14] 산소 물질 전달 계수 (형수)	(...)	1/d

상세...

**산기식 포기**

[14] 포기조 유입 총공기량	0.0	m3/d
[14] 공기량 분배	(...)	-

상세...

**특기 제어**

[14] DO 고정치	(...)	mgO2/L
-------------	-------	--------

상세...

**필프 유량 제어**

[15] 필프유량	0.0	m3/d
[blank] 제어기	OFF	
[blank] 제어 변수의 설정치	1.0	

상세...

승인    취소

그림 7-24 MABR 운전조건 입력 메뉴

$k_{la}$  및 차압 옵션은 산소 포화 기간을 전체 물질 전달에 포함합니다. 즉 액체 (또는 생물막, 이 경우)의 용존 산소가 포화에 가까워짐에 따라 산소 이동이 감소합니다. 직접적 산소 물질 전달 설정의 경우는 아닙니다. 산소 포화도에 관계없이 산소의 양 (단위 시간당 질량)이 전달됩니다. 사용자는 가장 내부의 생물막 층의 산소 농도가 포화 이상이 될 수 있음을 알아야합니다.

산소 전달 사양의 기본 설정은 차압 모델입니다.

## 질량 이동 메뉴

MABR 객체의 질량 이동 메뉴에는 구성 요소를 생물막의 레이어로 전달하는데 관련된 매개 변수가 들어 있습니다. 메뉴는 다음과 같습니다.

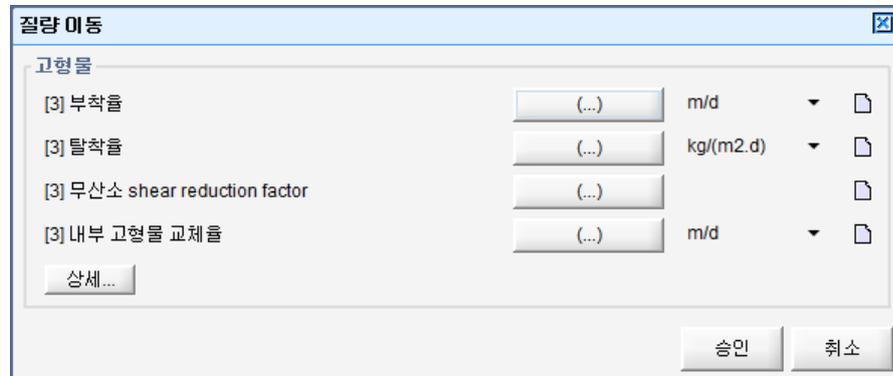


그림 7-25 MABR 질량 이동 메뉴

이 매개변수는 다른 생물막 개체에서 사용되는 매개변수와 유사합니다.

**부착율** - 벌크 액체에서 가장 바깥쪽에있는 생물막까지의 질량 흐름을 결정하는데 사용되는 속도 상수

**탈착율** - 가장 바깥 쪽의 생물막 층에서 벌크 액체까지 고체의 질량 흐름을 결정하는데 사용되는 속도 상수

**무산소 전단 감소 인자** - 폭기가 없는 탱크에서의 탈착량을 줄이고 확산되는 폭기가 없는 더 차분한 (clamer) 조건을 모의하기 위한 매개변수

**내부 고형물 교체율** - 생물막 내부 층 사이 고형물의 질량 흐름을 결정하는데 사용되는 매개변수

탈부착 및 고형물 교환율을 계산하는 방법에 대한 자세한 내용은 살수 여상 모델의 세부 정보를 참조하시기 바랍니다.

질량 이동 메뉴에는 생물막을 통한 용해성 구성 요소의 확산을 위한 상수가 포함되어 있습니다. 메뉴 하단에있는 **상세...** 버튼을 클릭하여 액세스 할 수 있습니다. 팝업 메뉴에는 각 용해성 구성 요소에 대한 확산 상수 및 생물막 감소 인자가 포함됩니다. 각 용해성 성분에 대한 확산 상수의 저감은 MABR 모델에서 GPS-X 의 다른 생물막 모델에서와 다르게 취급됩니다. 다른 모델에서는 모든 용해성 구성 요소에 적용되는 하나의 생물막 저감 요소가 있습니다 (기본값 = 0.5). MABR 모델에서 각 용해성 성분은 서로 다른 생물막 저감 인자를 가지고 있습니다. 일반적으로 다른 용해성 성분의 기본값은 Stewart (2003)에 따라 유기 성분의 경우 0.2, 무기 성분의 경우 0.8 입니다.

## 기타 메뉴

추가 모델 매개변수는 화학 양론 및 동역학 메뉴 항목에 포함되어 있습니다. 이 양식은 이 장의 살수 여상 모델 섹션에 설명되어 있습니다.

## 초기 조건

MABR 객체의 초기화 메뉴는 다른 생물막 객체와 동일하며 생물막의 각 층에서 상태 변수의 초기 농도를 포함합니다.

## 출력 변수

표준 유출 매개변수 외에도 표시 할 수 있는 고정 막 특정 변수가 많이 있습니다. 이것은 객체의 출력 변수 메뉴 항목을 통해 액세스 할 수 있습니다.

MABR 성능 변수 메뉴에는 생물막 전체의 다양한 원소의 물질 전달 및 농도 전달을 보여주는 몇 가지 고유 한 상태 변수가 포함되어 있습니다. 메뉴는 아래와 같습니다.

MABR 성능 변수		
<b>1-D 비율</b>		
[14] 단위 표면적 당 암모니아 제거율	(...)	gN/(m <sup>2</sup> .h) ▼
[14] 단위 코드 길이 당 암모니아 제거율	(...)	gN/d/km-cord ▼
[14] 총 산소 전달률(OTR)	(...)	kg/d ▼
[14] cord 당 총 산소 전달률(OTR)	(...)	g/d/km-cord ▼
[14] cord 표면 당 산소 전달률(OTR)	(...)	kg/(m <sup>2</sup> .d) ▼
[14] 막에 대한 표준 공기량	(...)	m <sup>3</sup> /d ▼
[14] 막으로의 공기 흐름장	(...)	m <sup>3</sup> /d ▼
<b>암모니아 거동(Fate)</b>		
[14] 반응조로의 암모니아 질량 흐름(모든 소스)	(...)	gN/d ▼
[14] bulk liquid에서 생물학적으로 제거된 암모니아의 ...	(...)	gN/d ▼
[14] 생물막으로 확산된 암모니아의 질량	(...)	gN/d ▼
[14] bulk liquid를 통해 배출되는 암모니아의 질량	(...)	gN/d ▼
[14] 생분해되는 암모니아의 분율	(...)	- ▼
[14] 확산되는 암모니아의 분율	(...)	- ▼
[14] 유출시 암모니아의 분율	(...)	- ▼
<b>1-D 질량</b>		
[14] 생물막에서 증속영양미생물 질량	(...)	gCOD ▼
[14] 생물막 내 AOB mass	(...)	gCOD ▼
[14] 생물막 내 NOB 질량	(...)	gCOD ▼
[14] 생물막 내 VSS 질량	(...)	gCOD ▼
[14] 수중 증속영양미생물 질량	(...)	gCOD ▼
[14] 수중 AOB mass	(...)	gCOD ▼
[14] 수중 NOB 질량	(...)	gCOD ▼
[14] 수중 VSS 질량	(...)	gCOD ▼
승인		취소

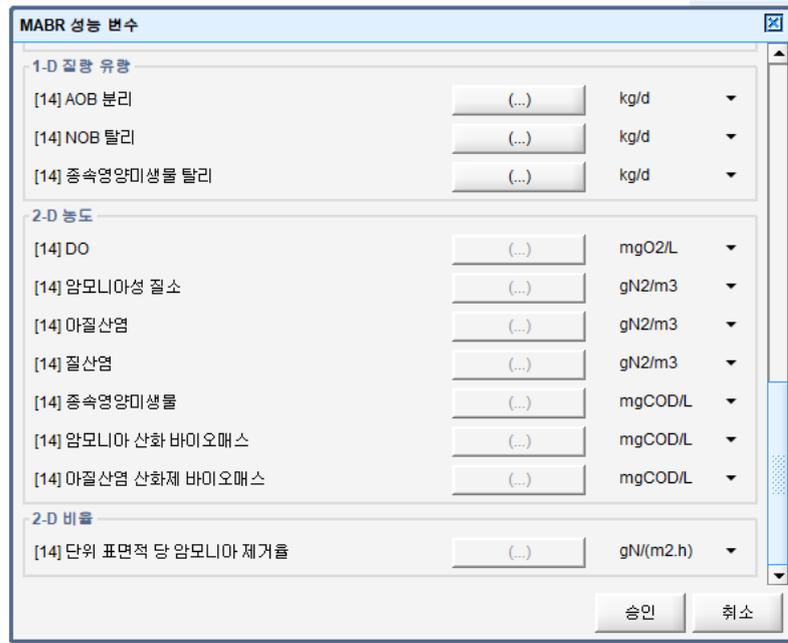


그림 7-26 MABR 성능 변수 메뉴

**1-D Rates** 섹션은 다양한 방식으로 계산된 질산화 속도 및 산소 전달률과 같은 출력 변수를 포함합니다. **암모니아 거동 (Ammonia Fate)** 섹션은 MABR 단위의 반응기에서 암모니아의 변환을 요약합니다 (예: 생물학적으로 제거되는 양, 생물막으로 얼마나 확산되는지, 벌크 액체에 얼마나 많이 남아 있는지 등).

**1-D Masses** 과 **1-D Mass Flows** 은 벌크 액체와 생물막에서 종속 영양, 암모니아 산화 및 아질산염 산화 바이오매스의 분포와 거동을 요약합니다. **2-D 농도** 섹션은 생물막에서 다양한 용해성 및 입자성 성분의 2 차원 배열 변수를 포함합니다. 이 변수는 "3D 막대 그래프" 유형으로 다음과 같이 표시됩니다.

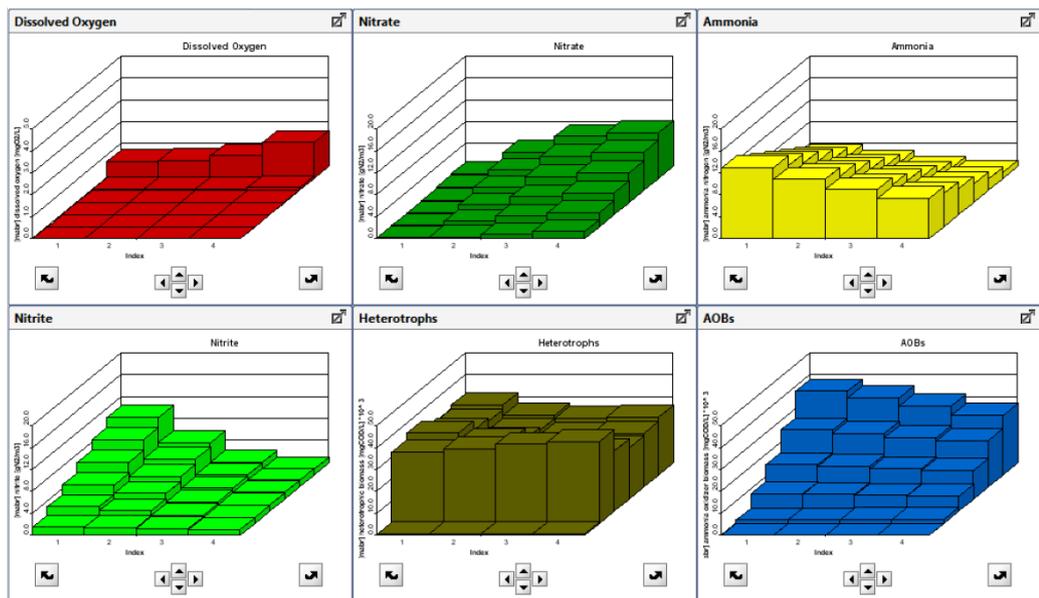


그림 7-27 MABR 성능 변수 메뉴

이 다이어그램에서 여재, 벌크 액체 및 생물막 레이어의 방향은 다음과 같습니다.

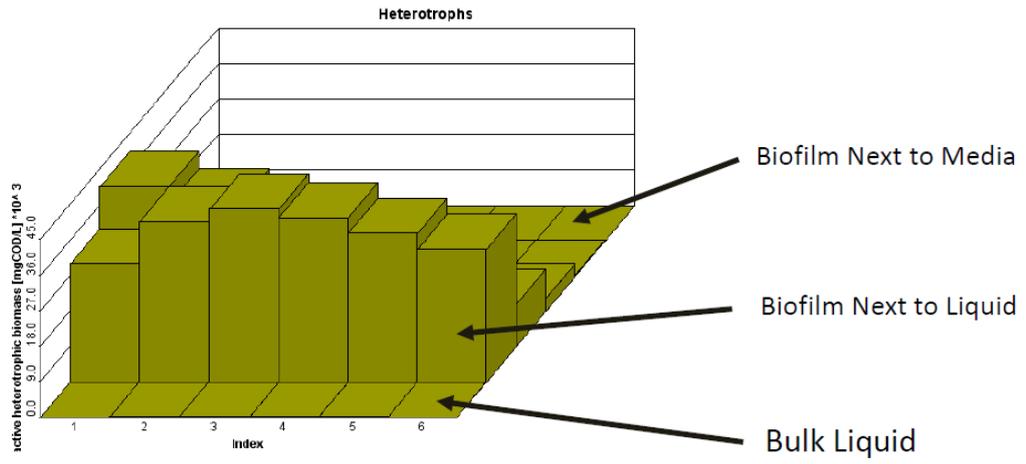


그림 7-28 MABR 성능 변수 메뉴



## CHAPTER 8

### 침전 및 부상 모델

이 장은 GPS-X에서 이용 가능한 침전 및 부상 모델에 대한 설명을 제공합니다.

#### 침전 모델

침전은 활성 슬러지 처리 플랜트의 시뮬레이션에서 중요한 단위 공정 중 한 가지입니다. 1 차 침전지, 2 차 침전지, 또는 슬러지 농축조 등의 침전 단위 공정은 침전과 농축의 2 가지 기능을 제공합니다. 2 차 침전지는 침전 과정을 이용하기 위해 설계하고 운영하는 반면, 1 차 침전지 및 슬러지 농축조는 농축 과정을 이용하기 위해 설계하고 운영합니다.

GPS-X에서, 침전 모델은 0-차원(**point**) 또는 1-차원(**1d** 접미사)이거나, 및 반응성 (**mantis, asm1...**) 또는 비반응성(**simple**)입니다:

- 0-차원, 비반응성: **point**
- 1-차원, 비반응성: **simple1d**
- 1-차원, 반응성: **mantis, asm1, asm2d, asm3, newgeneral.**

반응성 모델은, 생물학적 반응을 포함하고, 모델명은 제 6장에서 설명한 관련 부유-성장 모델과 관련됩니다. 예를 들면, **mantis** 침전 모델은 **mantis** 부유-성장 모델을 사용합니다.

#### 1-차원 모델

1-차원 모델에서, 침전지는 그림 8-1에 나타난 것과 같이, 동일한 간격의 다수의 레이어(디폴트로 10)로 각각 분할됩니다.

다음의 가정을 따릅니다.

1. 들어오는 고형물은 feed 레이어의 전체 단면적에 걸쳐서 즉시 그리고 균등하게 분배됩니다.
2. 수직 흐름만 고려됩니다.

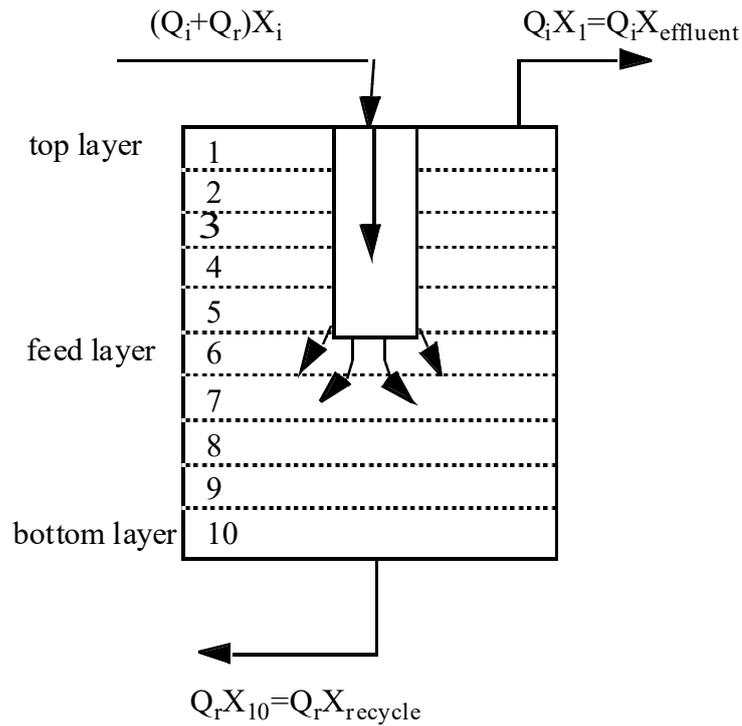


그림 8-1 1 차원 침전 모델

모델은 고형물 플럭스 개념에 근거를 둡니다: 물질 수지는 정상-상태 및 동적 조건하에서 침전 칼럼의 구석구석까지 고형물 프로파일의 시뮬레이션을 제공하는, 각 레이어에서 실행됩니다.

**표 8-1**은 물질 수지에 대한 침전조 각 레이어의 적절한 영향을 보여줍니다. feed 점과 관련된 각 레이어의 위치에 따라, 5 개의 다른 그룹으로 분류하였습니다. **그림 8-2**에서 개략적으로 보여줍니다.

모델은 전통적인 고형물 플럭스 분석에 기초해 있지만 특정 레이어 안에 든 고형물 플럭스는 인접한 레이어에서 처리할 수 있는 것에 따라 제한됩니다.

액체의 벌크 이동에 기인하는 고형물 플럭스는 고형물 농도 시간에 근거한 간단한 계산, feed 레이어를 기준으로 그것의 위치에 따라 올라가거나 내려가는 액체 벌크 속도입니다.

Table 8-1 침전 모델: 입력-출력 개요

		입력 (input)		출력 (output)	
레이어	Feed	침전	벌크 액체 플러스	침전	벌크 액체 플러스
상단	-	-	up	+	up
feed point 위 층	-	+	up	+	up
Feed	+	+	-	+	up-down
feed point 아래 층	-	+	down	+	down
바닥	-	+	down	-	down

*Note: + = phenomenon considered; - = phenomenon not considered*

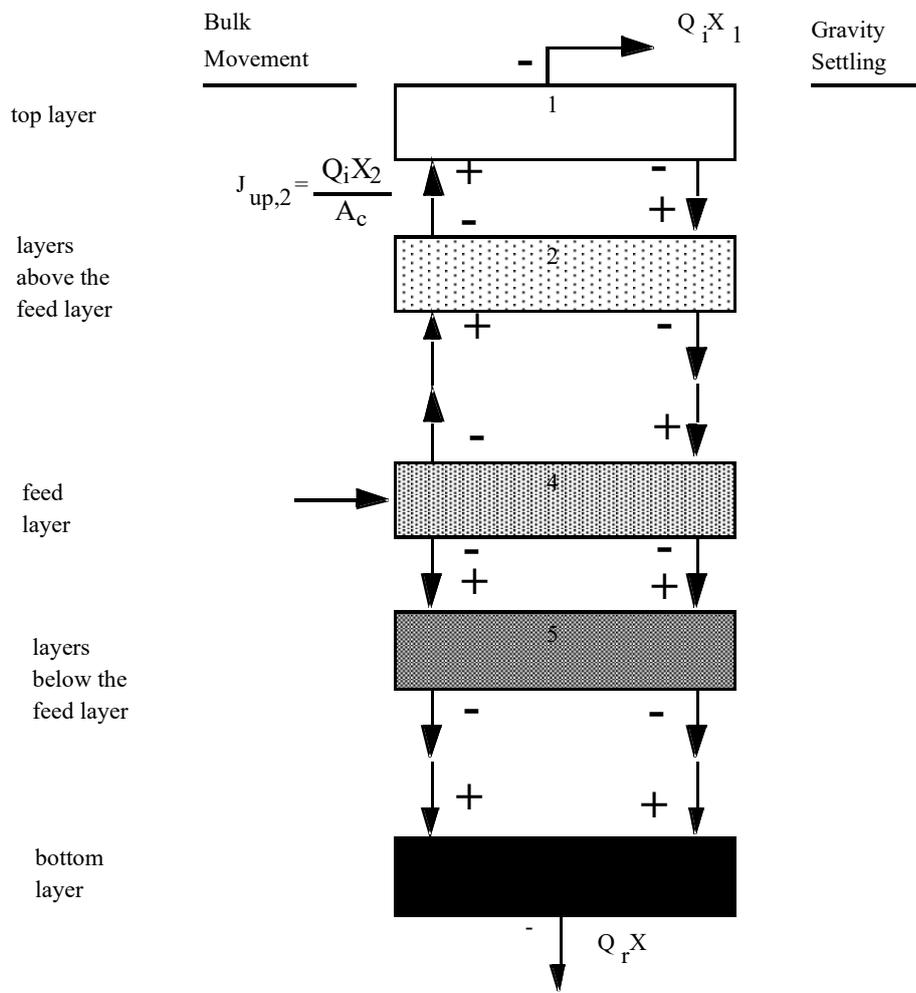


그림 8-2 침전 레이어의 고형물 수치

침전에 기인하는 고행물 플럭스는 침전 방해와 응집 침전 상태에 모두 적용 가능한 이중 지수 침전 함수로 지정합니다. 침전 함수는, Takács *et al.* (1991)가 기술하였으며 다음과 같습니다:

$$v_{sj} = v_{\max} e^{-rhin \bullet X_j^{\circ}} - v_{\max} e^{-rfloc \bullet X_j^{\circ}} \tag{8.1}$$

여기서:

$v_{sj}$  = 레이어  $j$ 에서 침전 속도(m/d)

$v_{\max}$  = 최대 Vesilind 침전 속도 (m/d)

$rhin$  = 침전 파라미터의 방해 구역 ( $m^3/gTSS$ )

$rfloc$  = 침전 파라미터의 응집 구역 ( $m^3/gTSS$ )

$X_j^{\circ} = X_j - X_{min}$ , 여기서  $X_{min}$  는 부유 고행물 최소 도달 농도,  $X_j$ 는 레이어  $j$ 에서 부유 고행물 농도

레이어에서 고행물 최소 도달 농도,  $X_{min}$ 는 침전지에 유입하는 고행물 농도의 비율(**비-침전 분율** 또는  $fns$ )로 계산됩니다.

$$X_{min} = fns * X_{in} \tag{8.2}$$

이는 사용자가 지정한 최대 값에 영향을 받습니다; **최대 비-침전성 고행물** 또는  $X_{minmax}$ . 침전 속도는 0의 하계에서 바운드 됩니다. 그로 인해 사용자가 음의 침전 속도를 가져오게 되는 파라미터 값을 지정할 경우, 경고 메시지가 시뮬레이션 로그 창에 나타나게 됩니다. 침전 속도 또한 사용자가 지정한 최대 값에 영향을 받습니다; **최대 침전 속도** 또는  $v_{bnd}$ .

침전 함수는 **그림 8-3**에서 보여줍니다. 이 그림에 나타난 4개의 영역은 다음과 같이 설명됩니다; I) 침전 속도는 고행물이 최소 도달 농도에 이르기 때문에 0과 같습니다; II) 침전속도는 입자성 물질의 응집 특성에 의해 좌우됩니다; 그러므로 침전 속도는  $rfloc$  파라미터에 민감합니다; III) 침전속도는 고행물 농도에서 독립됩니다 (입자성은 그들의 최대 사이즈에 도달함); IV) 침전 속도는 방해의 영향을 받고  $rhin$  파라미터에 의존하기 시작합니다(모델은 Vesilind 방정식으로 감소).

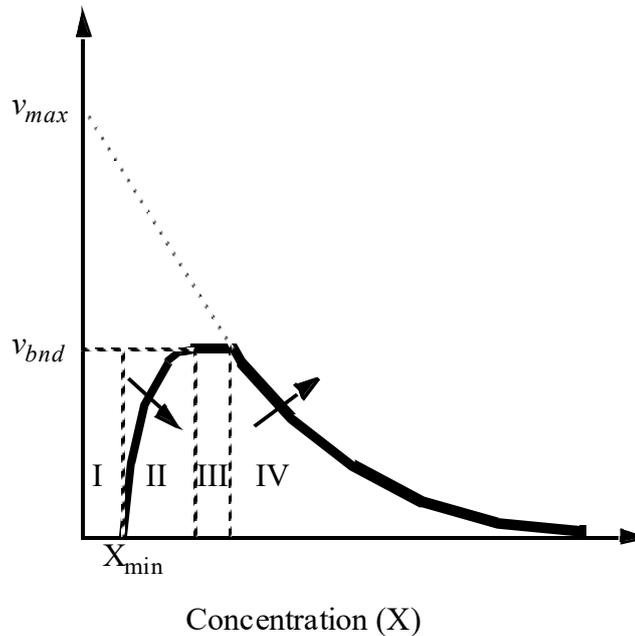


그림 8-3 침전 속도 대 농도

## SIMPLE 모델

**simple1d** 침전 모델에서, 유일하게 수적으로 통합된 변수는 부유 고형물 농도입니다. 침전지의 생물학적 반응을 무시할 때 이 모델을 사용할 수 있습니다. 침전지로 유입하는 입자성 상태 변수(중속영양 미생물, 등등.)의 농도는 침전지에 들어오는 총 부유 고형물 농도의 비율로 저장됩니다. 일단 모델이 침전지 레이어(수적인 통합 시간 상의 끝에서)에서 부유 고형물의 수적인 통합을 완료하고, 유출수에서 입자성 상태 변수의 농도, 저류 (RAS), 및 펌프 유량 (WAS)은 그 비율을 사용하여 복구됩니다. 용해성 상태 변수의 농도는 **simple1d** 모델에서 변하지 않습니다.

## 슬러지 블랭킷 한계 농도

이 변수는 출력 목적으로 슬러지 블랭킷 높이를 정의하는데 사용됩니다. 침전지 레이어에서 농도가 이 한계 값 (엄밀히 레이어 바닥에서 꼭대기까지의 값)보다 높을 경우, 슬러지 블랭킷은 그 레이어의 높이로 정의됩니다.

## 임계 슬러지 블랭킷 레벨

이 파라미터는 저류와 펌프 유량에서 용존 산소가 0 이 되기 위한 슬러지 블랭킷 높이를 정의하는데 사용됩니다.

## 용해성 및 입자성 구성 성분

비반응성 모델에서 용해성 상태 변수는 레이어에서 레이어로 이동하는 입자성 구성 성분과 다른, 완전 혼합 구역에 영향을 받습니다. 사용자가 연속된 탱크의 수로 용해성 구성성분에 영향을 주고 싶을 경우, 반응성 타입의 침전지를 선택해야만 합니다. 이 경우 모든 상태 변수는 벌크 유동성 이동에 따라 셀에서 셀로 이동합니다 (단, 입자성 구성성분은 침전 기간의 영향을 받음). Feed 레이어는 용해성 구성 성분이 연속적으로 흐르게 될 레이어 수를 확정 짓는 데 있어 중요한 항목이 될 것입니다.

## SVI와 침전 상관 관계

GPS-X에서 침전(2차 침전지) 모델의 특징은 침전 파라미터와 SVI 실측치 사이에서 고려되는 상관 관계입니다.

SVI 테스트는 침전지의 높은 고형물 농도 층에서 발생하는 침전 특성을 기술합니다. 전 농도 스펙트럼 이상의 침전 특성, 또 다른 파라미터, 정화 인자를 지정하는 것은 응집 또는 낮은 고형물 농도 영역에서의 침전 거동을 지정하는데 필요합니다. 이 인자와 관계된 정화 인덱스에서 높은 수 (1.0)은 좋은 정화를 지시하고 낮은 수 (0.1)은 나쁜 정화를 지시합니다. 상호관계식은:

$$v_{\max} = fcorr1 + (fcorr2 \cdot SVI) + (fcorr3 \cdot SVI^2) \quad (8.3)$$

$$rhin = fcorr4 + (fcorr5 \cdot SVI) + (fcorr6 \cdot SVI^2) \quad (8.4)$$

$$rfloc = fcorr7 + (fcorr8 \cdot clarif) + (fcorr9 \cdot clarif^2) \quad (8.5)$$

여기서:

$v_{\max}$  = 최대 Vesilind 침전 속도 (m/d)

$rhin$  = 침전 파라미터의 방해 구역 ( $m^3/gTSS$ )

$rfloc$  = 침전 파라미터의 응집 구역 ( $m^3/gTSS$ )

SVI = 슬러지 부피 지표 (mL/g)

$clarif$  = 정화 인자

$fcorr^1, fcorr^2, \dots, fcorr^9$  = SVI 상관 계수

상관 관계를 사용하기 위해, 사용자는 침전 파라미터 측정을 위해 SVI 사용 파라미터를 커기(입력 변수 > 침전)로 설정해야 합니다. 슬러지 부피 지표 및 정화 파라미터는 그때 지정될 수 있고, 침전 파라미터는 GPS-X가 자동적으로 계산합니다. 상관 계수는 옵션 > 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 기타 폼에 있습니다.

### Note

상관 관계 인자의 디폴트 값은 SVI에 대해서입니다. SSVI와의 상관 관계는 실행되지 않습니다. 상관 계수 디폴트 값은 5가지 하수 처리 플랜트에 근거합니다.

## 유입 유량 분배

침전 모델은 유입수 유량의 증가로 야기되는 수리학적 영향에 대해 설명할 것입니다. 유량 조건은 표면적으로 분할된 유입수 유량이 사용자가 지정한 정지부 최대 상향 유속보다 적을 때 표준으로 고려합니다. 표준 유량 조건 하에서 침전지로의 로딩은 침전지 feed 레이어로 들어갑니다. 그러나, 유입수 유량이 증가하는 만큼, 침전지로의 로딩은 feed 점 아래 레이어로 분배됩니다. 침전지에서 상향 속도가 사용자가 지정한 완전 혼합 최대 상향 유속을 넘어설 때, 전체 로딩은 침전지 바닥에 들어갑니다.

상향유속이 정지부 최대 상향 유속과 완전 혼합 최대 상향 유속 사이에 있을 때, feed 분배의 원활한 변이는 낮은 로딩 상태와 높은 로딩 상태 사이에서 생성됩니다. 평균 (중간) 로딩 조건은 상향 유속 ( $v_{uavg}$ )이 정지부 최대 상향 유속 ( $v_{umin}$ )과 완전 혼합 최대 상향 유속 ( $v_{umax}$ )의 평균인 곳에서 처음 계산됩니다. 이 수리학적 부하에서, 입력 분배는 feed 레이어와 그 아래의 모든 레이어에 균등합니다.

원활한 분배는 2 개의 선형 내삽법으로 달성됩니다. 첫 번째 내삽법은 *vumin* 와 *vuavg* 사이에 있습니다. *vumin* 에서, feed 레이어에 유입하는 분율은 1.0 이지만 (모든 유량은 feed 레이어에 들어감), *vuavg* 에서 feed 레이어에 유입하는 분율 1.0 은 feed 레이어 아래의 레이어 수(feed 레이어 포함)에 의해 분할됩니다. feed 레이어에 유입하는 분율이 계산되지만 하면, 잔여 유량은 아래 레이어로 균등하게 분배됩니다.

유사한 알고리즘은 *vuavg* 보다 더 원활한 유량 분배를 확보할 것입니다. 알고리즘은 먼저 바닥 레이어의 feed 분율을 계산합니다. *vu* 가 *vuavg* 보다 더 높을 경우, 알고리즘은 나머지에 대해 균등하게 분배합니다.

유량 분포의 이러한 절차는 유입하는 도류벽에 의해 침전지로의 feed 분배를 모델링 합니다. feed 분배는 숫자 **그림 8-4** 에 나타내었습니다. 더 높은 유량에서, 들어오는 유량의 추진력은, 침전지에서 feed 점을 효과적으로 변경하는, 유입하는 도류벽의 하단 끝을 지나 로딩을 그 이상으로 전하려는 경향이 있습니다. 모델의 유량 분배 양상은 이러한 현상을 포착합니다.

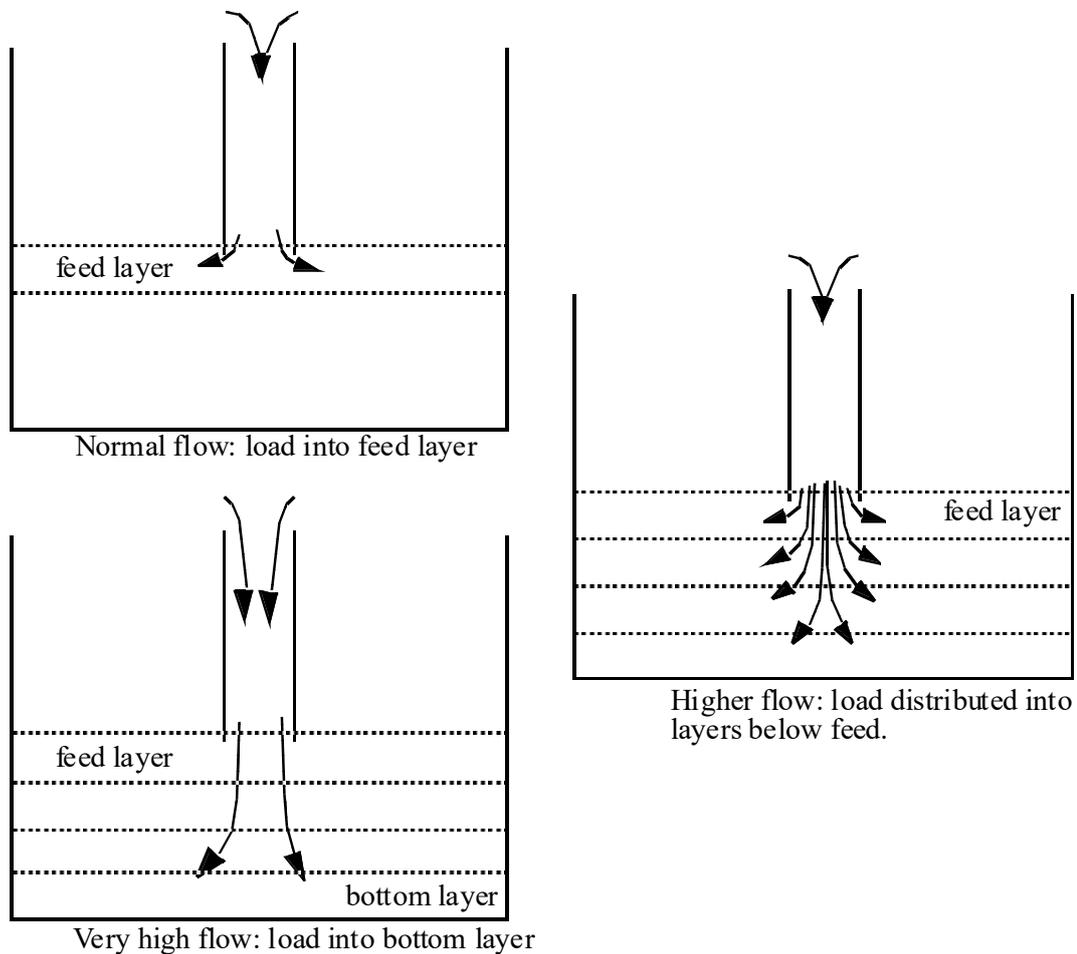


그림 8-4

침전지 내 부하 분배

## 침전/정화 유형

GPS-X의 침전지 객체의 4 가지 유형:

1. 장방형 일차 침전지
2. 원형 일차 침전지
3. 장방형 이차 침전지
4. 원형 이차 침전지

모든 침전지 객체는 (상기 설명한) 동일한 침전 모델을 포함합니다. 일차 침전지와 이차 침전지의 차이점은 기본 침전 파라미터와 SVI 상관 관계 (SVI 상관 관계는 일차 침전지에서 사용되지 않음)입니다.

원형과 장방형 형태의 차이점은 면적의 지정 및/또는 탱크의 기하학으로 제한됩니다. 장방형 탱크는 입력에서 전체 표면적만 요구하는 반면, 원형 탱크는 이용 가능한 몇 가지 형태를 갖고 있습니다.

### 원형 침전지 형태

그림 8-5에 보이는 것처럼, 원형 1 차 침전지 및 2 차 침전지 객체에서, 이용 가능한 4 가지 형태의 원형 침전지가 있습니다.

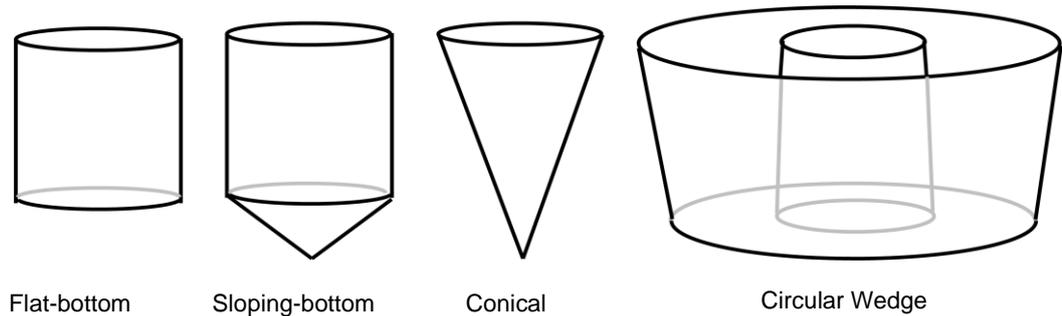


그림 8-5 원형 침전지의 형태

## 부상 모델

부상 모델(**simple1d**)을 설명하는 이장의 이번 단락은 DAF 단위공정과 관계가 있습니다.

부상 모델은 1-차원 침전 모델과 밀접한 관계가 있습니다. 이중-지수 함수에 일부는 근거하지만, 모델은 고형물의 침전과 반대하는 것으로서 고형물의 부상 능력을 활성화시키기 위해 반대가 됩니다. 부상 모델은 고형물의 부상을 설명하기 위해 고형물 플럭스 구성 성분을 포함합니다. 이 부상 구성 성분은 사용자가 지정한, 공기-고형물 비와 폴리머 주입량에 의해 일차적으로 제어됩니다.

### 1-차원 모델

1-차원 부상 모델은 DAF 단위공정의 고형물 제거 양을 예측합니다. 고형물은 부유 흐름에서 단위공정의 상단부분에서 제거됩니다. 유출수는 유출 흐름에서 DAF 단위공정의 바닥에서 제거됩니다. 1-차원 부상

모델은 이 장의 앞부분에서 나타난 고형물 플럭스 이론에 일차적으로 근거하지만, 침전과는 반대되는 것으로서 부상을 설명하기 위해 수정됩니다. 부상과 침전 모델의 주요 차이점은 고형물 플럭스의 방향과 고형물 플럭스를 제어하는 파라미터입니다.

1-차원 부상 모델에서, DAF 단위공정은 그림 8-6에 나타난 것과 같이, 동등한 간격의 레이어 수(10 디플트로)로, 분할됩니다.

DAF 는 다음과 같이 가정합니다.

1. 들어오는 고형물은 feed 레이어의 전체 단면적에 걸쳐 즉시 그리고 획일적으로 분배됩니다.
2. 수직 흐름만 고려됩니다.

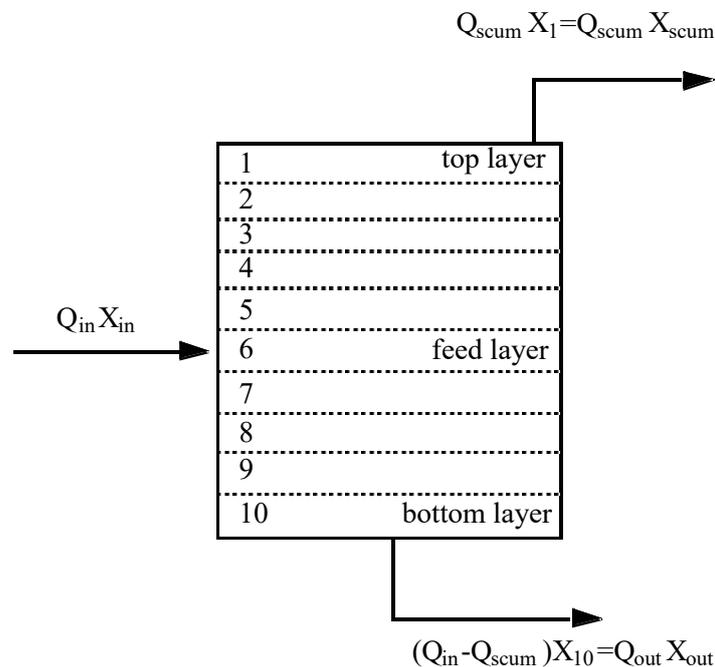


그림 8-6 층으로 구분된 부상 모델

모델은 고형물 플럭스 개념에 근거합니다: 물질 수지는 정상-상태 및 동적 조건하에서 DAF 단위 공정을 통해 고형물 프로파일의 시뮬레이션을 제공하는, 각 레이어에서 실행됩니다.

모델은 부상에 대한 전통적인 고형물 플럭스 분석에 근거하여 몇 가지를 추가하였습니다. 모델의 세부사항은 1-차원 침전 모델을 다룬 이 장의 이전 섹션에서 설명하였습니다.

액체의 벌크 이동에 기인하는 고형물 플럭스는 액체 벌크 속도 (유량/면적)에 의해 고형물 농도를 곱하는 것으로 계산됩니다.

부상에 기인하는 고형물 플럭스는 침전에 사용된 같은 이중 지수 함수로 지정합니다(식 8-1). 식 8-1 내의 파라미터는 부상의 영향을 설명하기 위해 다음과 같이 변경됩니다:

$v_{sj}$  = 레이어  $j$ 에서 부상 속도(m/d)

$v_{max}$  = 최적 공기-고형물 비의 부상 속도 (m/d)

$rhin$  = 부상 파라미터의 방해 구역 ( $m^3/gTSS$ )

$rflor$  = 부상 파라미터의 자유 부상 구역 ( $m^3/gTSS$ )

$X^o_j = X_j - X_{min}$ , 여기서  $X_{min}$  는 부유 고형물 최소 도달 농도,  $X_j$  는 레이어  $j$ 에서 부유 고형물 농도

레이어에서 고형물 최소 도달 농도,  $X_{min}$ 는 DAF 단위공정에 유입하는 고형물 농도의 분율(비-침전 분율 또는  $fns$ )로 계산됩니다:

$$X_{min} = fns * X_{in} \tag{8.6}$$

이는 사용자가 지정한 최대값인 최대 비-부상 고형물 또는  $X_{minmax}$  최대 값에 영향을 받습니다. 부상 속도는 0 의 하계에서 바운드 됩니다. 그로 인해 사용자가 음의 부상 속도를 가져오게 되는 파라미터 값을 지정할 경우, 경고 메시지가 시뮬레이션 로그 창에 나타나게 됩니다. 침전 속도 또한 사용자가 지정한 최대 부상 속도 또는  $v_{bnd}$  최대 값에 영향을 받습니다.

### 모델 파라미터

이 단락에서는 사용자가 부상 모델에서 사용하는 다양한 모델 파라미터와 입력에 대해 설명합니다.

### 물리적 (사이즈 입력)

이 메뉴 항목은 파라미터 아래 물리적 보조 메뉴 항목에서 찾을 수 있습니다. 이 입력 폼은 탱크 표면적, 탱크의 최대 수심 또는 높이, 및 탱크의 바닥과 관련된 feed 점의 위치를 포함하여, 모델링 되는 DAF 단위 공정의 실제 물리적 치수를 포함합니다. 네 번째 항목은 사용자가 모델에 포함된 동등한 레이어의 수를 정의할 수 있게 해줍니다. 물리적 파라미터 폼은 그림 8-7 과 같습니다.

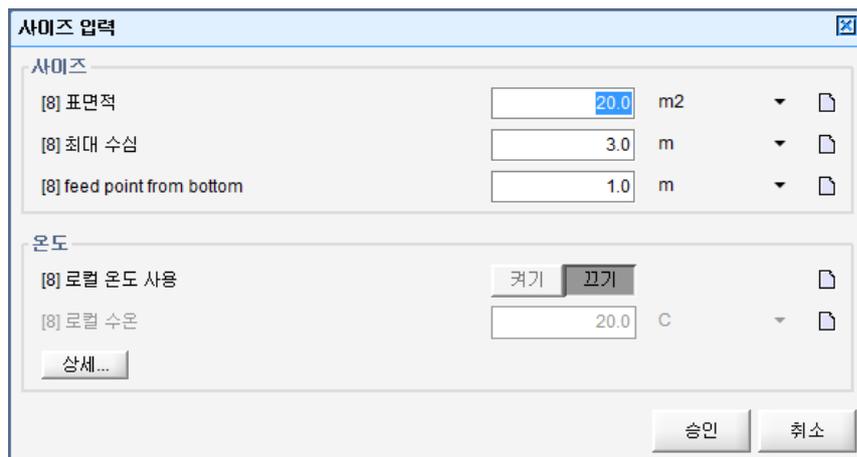


그림 8-7 DAF 단위 공정에서 사이즈 입력 변수

## 운전조건 입력

DAF 단위공정의 운전상 파라미터는 **입력 변수 보조-메뉴 항목 운전조건 입력** 안에 있습니다. 이 입력 폼은 **폴리머 주입량 (g polymer/kg 고형물)** 및 DAF 단위공정의 일별 운영을 위한 **공기-고형물 비 (g air/g 고형물)**를 포함합니다. 최대 부유 고형물량은 DAF 단위공정에서 제거될 수 있는 부유 고형물의 양을 위한 상계 제한 값입니다. 운전상 입력 폼은 **그림 8-8**과 같습니다.

다른 파라미터 폼의, **최적 폴리머 주입량**과 **최적 공기-고형물 비**를 정의합니다. 이 두 값은 최대 예측 고형물 조건의 추정을 제공합니다. 최적 값은 실제 DAF 단위 공정의 과거 운영 경험에 근거하여 나타낼지도 모르고 또는 제작자 조사 보고서를 통해서 제공될지도 모릅니다. 최적 폴리머 주입량에서 부유 고형물의 건조 물질 함량은 백분율로 정의합니다. 또한 최적 주입량이 없는 부유 고형물의 건조 물질 함량도 정의합니다. 모델은 실제 운영 조건하에서 부유 고형물의 건조 물질 함량을 예측하는데 이 두 값 사이의 범위를 사용할 것입니다.

그림 8-8 DAF 운전상 파라미터

## 부상

**그림 8-9**에 나타낸, 부상 파라미터는 모델 내에 포함된 변수를 정의하는데 사용됩니다(식 8.1). 최대 부상 속도는 모델의 상한 경계를 정해줍니다. 다음 변수는 운전상 입력 폼에서 정의된 것과 같이, **최적 공기-고형물 비의 부상 속도** 지수입니다. 부상 파라미터의 방해 구역 및 자유 부상 구역은 **식 8.1**에서 정의한 부상 속도를 제어합니다. 아마 부상으로 제거될 수 없는 고형물의 분율이 있을 것입니다. 이 분율은 **비-부상 분율**로 특성을 설명하고 농도에 따른 이 파라미터의 상계 값은 **최대 비-부상 고형물**로 설정합니다.

그림 8-9 DAF의 부상 파라미터





## CHAPTER 9

# 사 여과 모델

### 소개

이 장에서는 GPS-X 에서 이용 가능한 딥 베드 입상 여과 (deep bed granular filtration) 모델에 대해 설명합니다. 연속 및 물질수지 모델은 경험적 제거 효율에 근거합니다. **simple1d** 모델은 딥 베드 입상 여과기를 통해 부유 입자의 제거를 설명하는 동역학 방정식과 연속성에 근거한 기계학적 모델입니다.

### 연속 모델

연속 모델에 대한 기초는 역세척 유량 분율 및 역세척 고형물 질량 분율의 두 파라미터를 통해 여과기 효율을 직접 지정하는 것입니다(그림 9-1). 역세척 연결 (객체의 좌측 하단)은 이 모델에서 사용하지 않습니다.

역세척 유량 분율 ( $frqbw$ )은 역세척에 사용되는 여과기로 들어오는 유량의 분율입니다(입력 연결 - 객체의 좌측 상단). 이 파라미터를 사용하여, GPS-X 는 역세척 out 흐름 (객체의 우측 하단)과 관련된 **continuous** 역세척 유량( $Q_b$ )을 계산합니다.

$$Q_b = Q_i \times frqbw \quad (9-1)$$

**Continuous** 유출 유량(객체의 우측 상단)은, 입력 유량과 역세척 유량의 차로 계산합니다:

$$Q_o = Q_i - Q_b \quad (9-2)$$

역세척 고형물 질량 분율 ( $frxbw$ )은 여과기가 거르는 유입 고형물 중에서 결국 역세척 흐름으로 끝나는 부분의 분율입니다. 이 파라미터를 사용하여, GPS-X 는 역세척 out 흐름에서 고형물 농도 ( $X_b$ )를 계산할 것입니다.

$$X_b = \frac{Q_i \times X_i \times frxbw}{Q_b} \quad (9-3)$$

유출 흐름 ( $X_o$ )의 고형물 농도는 다음의 식에서 계산됩니다:

$$X_o = \frac{Q_i \times X_i \times (1 - frxbw)}{Q_o} \quad (9-4)$$

그림 9-1 운전조건 입력 매개변수 양식 - continuous 모델

## 물질수지 모델

물질수지 모델은 부유 고형물, BOD 및 TKN 파라미터에 대한 경험적 제거 효율에 근거합니다. '최적' 값은 역세척 후 그 즉시 제거 효율 값입니다. 여과기가 다음 역세척까지는 계속 오염되기 때문에 여과기 주기 시간 동안 제거 효율은 감소합니다. 제거 효율의 감소는 지수 함수로 모델링 됩니다:

$$out = \left(1 - \frac{bestefficiency}{100}\right) \times in \times e^{(foulingcoeff \times cycletime)} \quad (9-5)$$

여기서:

*out* = 여과기 유출수 성분 농도 (mg/L)

*in* = 여과기 유입수 성분 농도 (mg/L)

*bestefficiency* = 최대 제거 효율 (역세척 후) (%)

*foulingcoeff* = 오염 계수

*cycletime* = 마지막 역세척 이후 경과 시간 (h)

또한 부유 고형물 제거에 대한 최소 효율 값은 운전상 파라미터로 정의합니다. 이 파라미터는 모델이 계산하는 제거율에 영향을 미치지 않지만, 고형물 제거율이 사용자가 설정한 최소 값 이하로 내려 갈 경우, 여과기는 높은 손실 수두를 받는다고 사용자에게 경고합니다.

물질수지 모델은 여과기 주기 시간 동안 여과기에서 축적된 질량에 대해 설명합니다. 축적된 질량은 역세척 중에 제거합니다. 그러므로, 여과기 유출수 및 역세척에 대한 화학양론 파라미터를 지정합니다. 물질수지 모델의 운전조건 입력 파라미터는 **그림 9-2**와 같습니다.

운전조건 입력				
<b>시간 설정</b>				
[3] 여과기 운전 주기	<input type="text" value="24.0"/>	h	▼	📄
[3] 역세척 시간	<input type="text" value="1.0"/>	h	▼	📄
[3] 운전 주기 교대시간	<input type="text" value="0.0"/>	h	▼	📄
<b>유량</b>				
[3] 여과기 유입 펌프량	<input type="text" value="0.0"/>	m3/d	▼	📄
[2] 역세척 펌프량	<input type="text" value="0.0"/>	m3/d	▼	📄
<b>여과기</b>				
[3] 오염(파울링) 계수	<input type="text" value="0.03"/>	-	▼	📄
[3] 최대 제거 효율 (역세척 후)	<input type="text" value="75.0"/>	%	▼	📄
[3] 최소 제거 효율	<input type="text" value="30.0"/>	%	▼	📄
				승인    취소

그림 9-2 운전조건 입력 매개변수 양식 - massbalance 모델

## 1-차원 모델

simple1d 모델의 기초는 입상 여과기로 부유 입자의 제거를 설명하는 Horner et al. (1986)의 동역학 편 미분 방정식과 연속방정식(물질 수지)의 결합입니다:

$$\frac{d\sigma}{dt} = \left( \frac{\lambda \cdot C \cdot u}{1 - \varepsilon_d - C} \right) \tag{9-6}$$

여기서:

- $\sigma$  = 단위 여상 부피 당 퇴적 고형물의 부피
- $\lambda$  = 여과 계수
- $C$  = 시간 t, 깊이 L에서 부유 입자의 농도
- $u$  = 이론 속도
- $\varepsilon_d$  = 퇴적 고형물의 공극률
- $t$  = 시간

여과기에서 퇴적된 (부착된) 고형물 ( $X = \sigma \cdot d$ )과 비부착 고형물 ( $X=C \cdot \delta d$ )에 대한 방정식들을 정의하면서 조합해 보면, simple1d 모델을 위한 다음의 방정식이 파생됩니다:

$$\frac{dX_d}{dt} = \frac{\lambda \cdot (1 - \varepsilon_d) \cdot X \cdot u}{1 - \varepsilon_d - \left( \frac{X}{\delta d} \right)} \tag{9-7}$$

여기서:

$X$  = 비부착 고형물

$X_d$  = 부착(퇴적) 고형물

$\delta d$  = 밀도

여상은 레이어로 분할되고 각 레이어에 걸친 퇴적 비는 일정하다고 가정합니다. 역세척 과정 내내, 여과기의 모든 레이어에 평균 퇴적이 일어납니다. 역세척 후 평균 퇴적은 그 다음의 여과를 실행하기 위한 초기 조건으로 사용됩니다.

## 모델 파라미터

이번 단락은 사용자가 **simple1d** 모델을 사용할 때 접하게 되는 다양한 입력 및 모델 파라미터에 대해 설명합니다.

### 물리적 (사이즈 입력)

이 메뉴 항목은 **파라미터** 아래 **사이즈 입력** 보조 메뉴 항목에서 찾을 수 있고 레이어의 수와 효과적인 입자 직경을 사용자가 지정할 수 있도록 모델 차원뿐만 아니라, 모델링한 실제 여과기를 설명하기 위한 실제 물리적 치수도 포함합니다. 여과기의 실제 치수는 상의 깊이와 표면적입니다.

### 운전조건 입력

**파라미터** 아래 보조 메뉴 항목에서 찾을 수 있는 **운전조건 입력** 항목은, 여과 실행의 기간에 대한 기초를 포함합니다. 여과 실행의 기간은 사용자-지정 시간, 수도손실 또는 유출수 부유 고형물 농도에 근거할지도 모릅니다. 또한 여과 실행을 수동으로 설정할 수도 있습니다. 다른 운전조건 입력 매개변수는 유입수 유량과 역세척 파라미터(기간, 비율)의 지정을 포함합니다.

### 화학양론

모델에서 이용 가능한 화학양론 비율은 VSS 대 입자성 COD 대 VSS, TSS 대 VSS, 및  $BOD_{ultimate}$  대  $BOD_5$ 의 비입니다.

### 여과

모델에서 요구되는 여과 상수는 **그림 9-3**과 같습니다. 여과 상수는 세척 여상의 여과 계수 ( $\lambda_o$ ), 여상의 초기 공극률 ( $\epsilon_o$ ) 및 퇴적 공극률 ( $\epsilon_d$ ), 최종 비 고형물량 ( $\sigma_d$ ), 및 고형물의 밀도와 건조 물질 함량을 포함합니다. 포장 변수는 Ojha 및 Graham (1992)가 제시한 것과 같이 비 고형물량에 따라 여과 계수의 변화를 정의하는 방정식에 사용됩니다.

**여과기** ✖

---

**여과 상수**

[3] 여상의 여과 계수	2.0	1/m	▼	📄
[3] 충전(packing) 인자	5.7	-	▼	📄
[3] 초기 bed 공극률	0.34	-	▼	📄
[3] 퇴적 공극률	0.5	-	▼	📄
[3] 최대 특정 퇴적물	0.12	-	▼	📄
[3] 고형물의 밀도	1020000.0	mg/L	▼	📄
[3] 고형물의 건조물 함유량	0.1	-	▼	📄

---

**역세척**

[3] 고형물 제거율	100.0	1/d	▼	📄
-------------	-------	-----	---	---

그림 9-3 여과기 파라미터

### 출력 변수

유량과 여과기 유량의 특성 및 역세척을 출력 그래프상에 나타낼 수 있습니다. 출력 변수 보조- 메뉴에 이용 가능한 다양한 여과 변수들이 있습니다. 출력 변수는 여과기의 회석, 손실 수두 및 비율, 비부착 및 부착 고형물과 여과 조건(예, 퇴적량, 상의 공극률)을 포함합니다.



# CHAPTER 10

## 소화 모델

---

이 장에서는 GPS-X 에서 사용된 호기성 소화 모델과 혐기성 소화모델에 대해 설명합니다.

### 기본 혐기성 소화 모델

이 단락은 혐기성 소화 객체와 관련된 기본적인 혐기성 소화 모델을 설명합니다. Andrews (1969), 및 Andrews et al. (1971)에 의해 개발된 모델을 수정한 버전입니다. 본래 모델에서 수정 사항은:

- 휘발성 부유 물질 (VSS) 의 가수분해 및 메탄 생성균의 성장에서 온도 민감도의 추가. Arrhenius 방정식은 35°C 기준 온도에서 사용됩니다.
- 화학 평형은 Hydromantis 의 pH 모델을 도입하여 변경하였습니다. (12 장의 pH 도구 참고)
- 입자성 비활성 무기물(xii)의 도입. 이 구성 성분은 소화조 내에서 변하지 않고 그대로 있으며 소화조 하향류에 있는 다른 공정에 대한 xii 의 영향을 평가하기 위한 목적으로 도입하였습니다.
- 독성 물질 분해율을 위한 비율 추가.

### 모델의 이해

**basic** 혐기성 소화 모델은 액체상과 기체상의 2 개의 반응조로 이루어져 있습니다: 둘 모두 완전 혼합 반응조로 모델링 됩니다. 액체 상과 기체 상 사이에서 가스 물질의 전이는 표준 이중막 질량 전이 방정식을 사용하여 모델링 합니다. 기체 상의 이산화탄소 (CO<sub>2</sub>) 및 메탄 (CH<sub>4</sub>)는 이상 기체 법칙을 따르는 것으로 가정합니다. 그 이상의 반응은 전체 기체 압력 760 mm Hg (즉, 대기압)인 기체상에서는 일어나지 않습니다.

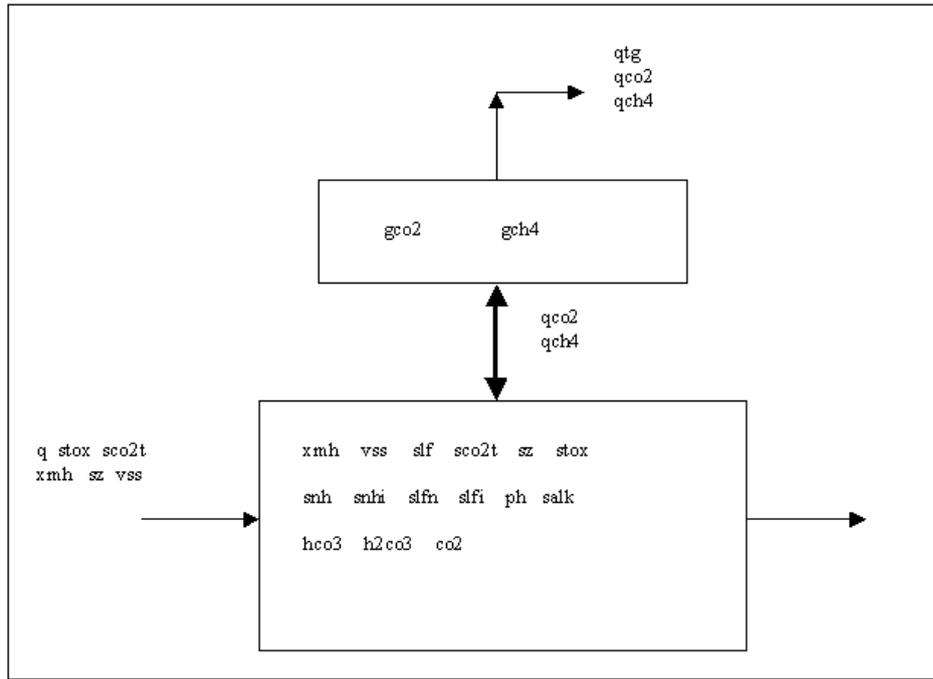


그림 10-1 혐기성 소화 모델의 개략도

혐기성 소화 공정의 개략도는 그림 10-1과 같습니다. 여기서:

**가스상**

- qtg: 총 가스 유량 (m<sup>3</sup>/d)
- qco2: CO<sub>2</sub> 가스 유량 (m<sup>3</sup>/d)
- qch4: CH<sub>4</sub> 가스 유량 (m<sup>3</sup>/d)
- gco2: CO<sub>2</sub>의 분압 (atm)
- gch4: CH<sub>4</sub>의 분압 (atm)

**액체상**

**상태 변수**

- xmh: 메탄 생성균 (gCOD/m<sup>3</sup>)
- vss: 휘발성 부유 물질 (gCOD/m<sup>3</sup>)
- slf: 총 휘발성 지방산 (gCOD/m<sup>3</sup>)
- sco2t: 총 가용성 CO<sub>2</sub> (moles/L)
- sz: 순 양이온 (moles/L)
- stox: 독성 물질 (g/m<sup>3</sup>)

### 합성 변수

*snhn*: 자유 암모니아 (moles/L)  
*snhi*: 암모늄 이온 (moles/L)  
*slfn*: 비-이온화 휘발성 지방 산 (moles/L)  
*slfi*: 휘발성 지방 상 이온 (moles/L)  
*pH*: pH  
*hco3*: 중탄산염 (moles/L)  
*h2co3*: 탄산 (moles/L)  
*co2*: 탄산염 (moles/L)  
*salk*: 알칼리도 ( $\text{g/m}^3$ )

### 수학적 모델

액체 상과 기체상에 사용된 수학적 방정식은 Appendix A 의 관련 Petersen matrix 에서 규정합니다. 일반적인 반응 경로는 그림 10-2 과 같습니다.

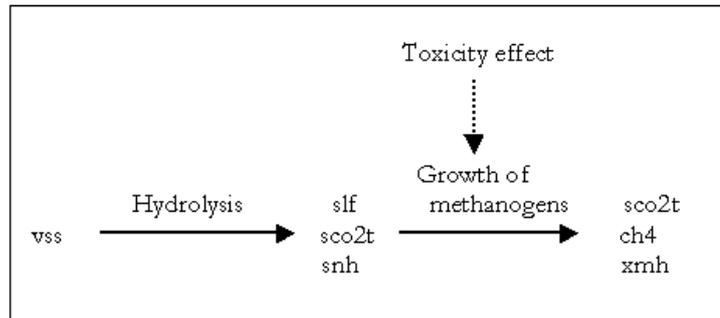


그림 10-2 일반적인 반응 경로

### 화학양론

혐기조 소화에서 생물학적 및 화학적 반응으로 생성되는 화학적 구성 성분의 상대적인 양은 화학양론 계수에 의해 지정됩니다. 화학적 반응 화학양론은 안정된 화학 반응 방정식을 통해 정의합니다. 생물학적 화학양론은 증식계수로 정의합니다.

7 개의 수율 계수가 **basic** 모델에서 사용됩니다:

$$\begin{aligned}
 ya &= slf / vss \\
 yb &= sco2t / vss \\
 yc &= xmh / slf \\
 yd &= sco2t / xmh \\
 ye &= gch4 / xmh \\
 yf &= snhi / vss \\
 yg &= xmh / snhi
 \end{aligned}$$

각각의 경우에서 수율은 반응물에서 변화 대 생성물에서 변화의 비로 정의됩니다. 휘발성 산과 휘발성 부유 고형물은 동등한 화학적 산소 요구량 (COD)로 표현됩니다.

## 수학적 모델에서 공정과 구성 성분

### 휘발성 부유 고형물

VSS의 가수분해율은 VSS의 농도에 관해서는 일차 순이 되는 것으로 가정합니다. 온도 보정 인자 ( $ftkco$ )는 35°C 기준 온도에 따라 Arrhenius 방정식을 사용하여 계산합니다. 온도 보정 인자는 가수분해율에 대한 방정식에서 통합됩니다:

$$r1 = kco \cdot vss \cdot ftkco \quad (10-1)$$

여기서,

$kco$  = VSS의 가수분해에 대한 비율 상수입니다.

### 메탄 생성 미생물

메탄의 생성을 초래하는 미생물의 성장은 전환 함수에 의해 수정된 Monod 방정식을 사용하여 모델링됩니다(IWA 모델과 유사). 메탄 생성균의 성장률( $r2$ )은 그들의 농도( $mumh$ )에 비례적인 것으로 가정합니다. 모델은 기질로 비-이온화 휘발성 산 ( $slfn$ )을 사용하고 저해에 대한 2 가지 전환 함수를 통합합니다:  $slfn$ 에 의한 저해와 자유 암모니아 ( $snh$ )에 의한 저해. 비율 방정식 결과는:

$$r2 = \frac{xmh \cdot mumh}{\left(1 + \frac{ks}{slfn} + \frac{slfn}{kia} + \frac{snh}{kin}\right)} \cdot ftmumh \quad (10-2)$$

여기서,

$F_{mum}$  = 메탄 생성균의 성장에 대한 온도 보정 인자

$mumh$  = 메탄 생성균에 대한 최대 비 성장률

$K_s$  = 반포화 계수,

$K_{ia}, k_{in}$  =  $slfn$ 와  $snh$ 에 대한 저해 상수

다른 생물학적 모델에서와 같이, 메탄 생성 균의 분해율 ( $r3$ )은 그들의 농도에 비례적인 것으로 가정합니다.

$$r3 = -kd \cdot xmh \quad (10-3)$$

여기서,

$Kd$  = 분해 계수입니다.

독성물질( $stox$ , 유입수 파라미터에 특정 성분으로 입력)의 영향은 메탄 생성균의 비활성화율 계수에 대한 1 차 식을 사용해서 고려합니다.

$$r4 = -ktox \cdot stox \quad (10-4)$$

여기서,

$Ktox$  = 비활성화율 계수

위 비율에 근거하여, 메탄 생성균( $xmh$ )의 순 생성률은:

$$rxmh = r2 - r3 - r4 \quad (10-5)$$

### 독성 물질

독성 물질 분해율 ( $r5$ )은 기본 모델에서 통합됩니다. 분해율은 독성 물질의 농도에 관한 1 차 반응으로 가정됩니다:

$$r5 = kb \cdot stox \quad (10-6)$$

여기서,

$Kb$  = 독성 물질 분해율

### 총 휘발성 지방 산

총 휘발성 지방 산( $sif$ )에 대한 동역학 식은 이전에 나타난 동역학 식과 적절한 증식 계수를 사용하여 성립시킬 수 있습니다.

$$\frac{d(sif)}{dt} = rsif = (ya \cdot r1) - \frac{r2}{yc} \quad (10-7)$$

여기서,

$(ya \cdot r1)$  = 가수분해에 의한  $sif$ 의 생성율

$-r2 / yc$  = 메탄 생성균 성장에 의한  $sif$ 의 이용률

**메탄**

메탄의 생물학적 생성은 박테리아 성장률과 증식 계수의 항으로 표현할 수 있습니다. 모델은 생성된 모든 메탄이 그 즉시 기체 상으로 전이되고 메탄의 가용성이 무시된다고 가정합니다:

$$\frac{d(ch4)}{dt} = qch4 = vm \cdot r2 \cdot ye \quad (10-8)$$

여기서,

$$vm = \text{소화조에서 액체상의 부피}$$

**이산화탄소**

액체와 기체 상 사이에서 이산화탄소의 질량 전이는 표준 이중 막 기체 전이 방정식을 사용하여 계산됩니다.

$$r6 = klaco2 \cdot (co2sat - h2co3) \quad (10-9)$$

여기서,

$$klaco2 = \text{이산화탄소에 대한 질량 전이 계수}$$

$$co2sat = \text{액체 상의 이산화탄소 포화 농도}$$

$$H2co3 = sco2t - hco3 - co2.$$

**Basic** 소화 모델 내의 pH 모델은 중탄산염 ( $hco3$ )와 탄산염 ( $co2$ )을 계산합니다. 평형( $co2sat$ )에서 액체 상의 용존  $CO_2$  농도는 헨리의 법칙을 사용하여 계산됩니다:

$$co2sat = henryco2 \cdot gco2 \quad (10-10)$$

여기서,

$$henryco2 = CO_2 \text{에 대한 헨리의 상수}$$

$$gco2 = \text{가스상 } CO_2 \text{의 분압입니다.}$$

위 방정식을 결합하면:

$$r6 = klaco2 \cdot (henryco2 \cdot gco2 - sco2) \quad (10-11)$$

총 가용성 이산화탄소 ( $rsc02t$ )의 생물학적 생성률은 증식 계수와 박테리아 성장률의 항으로 표현할 수 있습니다. 위 방정식과 결합한 용존  $CO_2$ ( $rsc02$ )의 총 반응율의 결과는 다음과 같습니다:

$$rsc02t = \frac{(yb \cdot r1) + (yd \cdot r2)}{\frac{gvol}{1000}} + r6 \quad (10-12)$$

여기서,

$(yb \cdot r1) = vss$  의 가수분해에 의한  $sco2t$ 의 생성률

$(yd \cdot r2) =$  메탄 생성균에 의한  $sco2t$ 의 생성률

$Gvol =$  CO<sub>2</sub> L/mole 에 대한 기체 상수

액체 상과 기체 상 사이의 CO<sub>2</sub> 질량 전이 ( $r6$ )은 CO<sub>2</sub>가 액체상에서 기체상으로 전이될 경우 음의 값을 가집니다.

### 암모니아

암모니아( $snh$ )는 가수분해/산성화 단계에서만 생성되는 것으로 가정합니다. 메탄 생성균이 성장을 위해 암모니아( $snh$ )를 이용합니다. 자유 암모니아( $rsnh$ )의 생성률은 다음과 같이 모델링 됩니다:

$$rsnh = (yf \cdot r1) - \frac{r2}{yg} \tag{10-13}$$

여기서,

$(yf \cdot r1) =$  가수분해/산성화에 의한 암모니아의 생성률

$-r2/yg =$  메탄 생성균 성장에 기인하는 암모니아 소비율

화학적 평형과 암모니아( $snh$ )에 사용된 pH 및 암모늄 이온( $snh$ )은 Hydromantis pH 모델에 근거합니다.

### 모델 파라미터

이번 단락은 사용자가 이 모델을 사용할 때 접하게 되는 다양한 입력 및 모델 파라미터에 대해 설명합니다. 파라미터 메뉴는 그림 10-3과 같습니다.

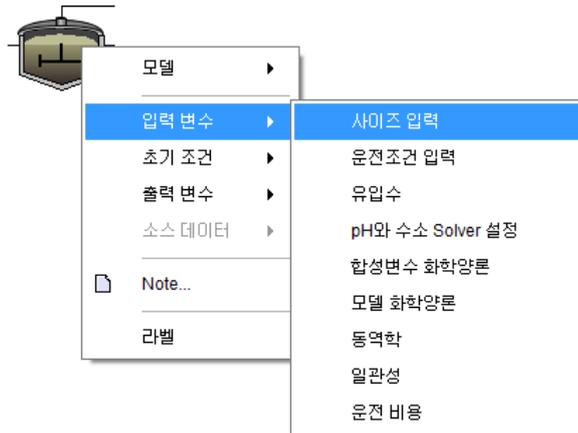


그림 10-3 혐기성 소화조의 매개변수 메뉴

### 물리적 (사이즈 입력) & 운전조건 입력 파라미터

Masntis2 소화조 모델에 대한 사이즈 입력 매개변수는 액체 상 부피 또는 최대 부피 ( $vm$ ), 유효 부피 비율 ( $effvol$ ), 상부공간 부피( $vgas$ ), 총 가스 압력( $itpcon$ ), 및 소화조 온도( $temp$ )가 있습니다.

유효 부피 비율은 설계 및 실제 소화조 용량 차이 (혼합, 비활성 고형물, 강수량 등으로 인한 것)를 설명합니다.

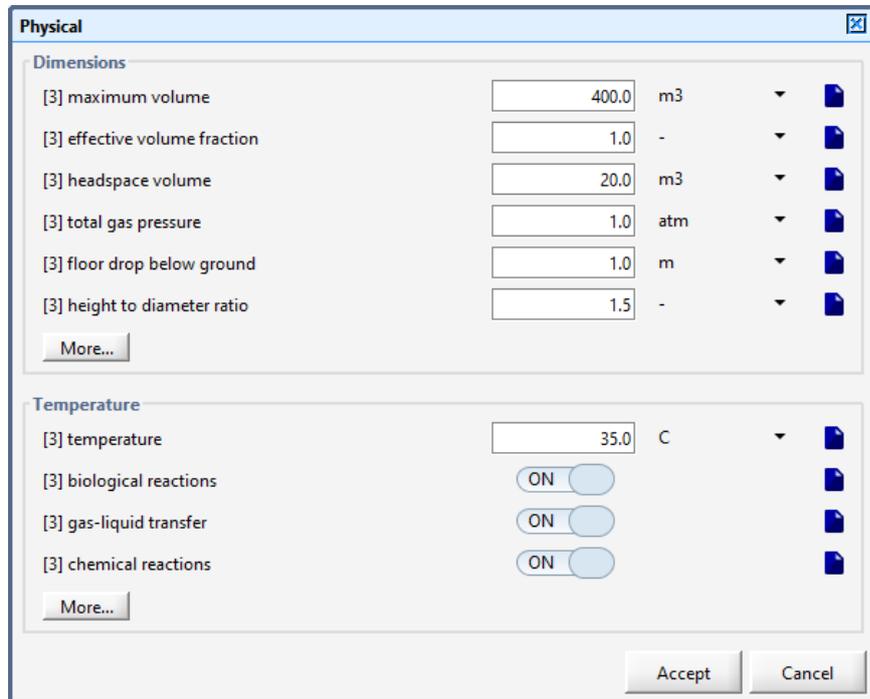


그림 10-4 사이즈 입력 파라미터

그림 10-5에 나타난 운전조건 입력 변수는 오로지 펌프 유량 제어와 관계가 있습니다. 이 파라미터는 다른 모델(예, CSTR 반응조)에서 사용된 제어 파라미터와 유사합니다.

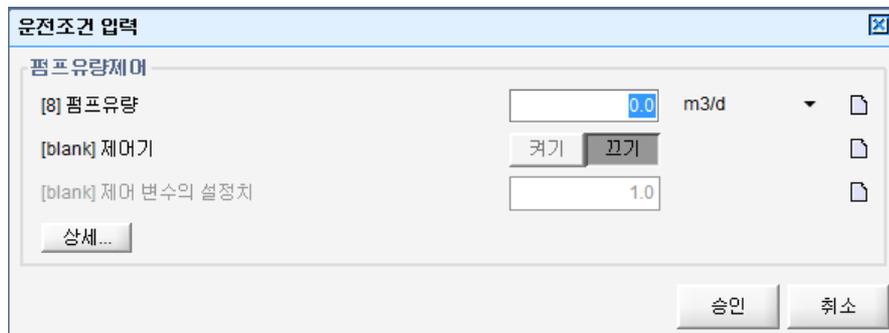


그림 10-5 운전조건 입력 파라미터

### 유입수 & 유출수 파라미터

이 메뉴 항목은 입력 변수 아래 유입수 및 유출수 를 선택하면 됩니다.

그림 10-6에 나타난 유입수 보조-메뉴에서, 사용자는 독립적인 **basic** 소화 모델 유입수 파라미터를 정의할 수 있습니다: 가용성 전체 CO<sub>2</sub> (*sco2t*), 독성 물질 농도 (*stox*), 메탄 생성 미생물의 농도 (*xmh*) 및 순 양이온 (강염기) (*sz*).

그림 10-7 에 나타난 유출수 보조-메뉴에서, 사용자는 혐기성 소화의 유출수로 특별 구성 요소를 정의할 수 있습니다: 비활성 가용 COD ( $s_i$ ) 및 비활성인 유출수 VSS의 비율 ( $frinert$ ).

그림 10-6 유입수 파라미터 (Basic 모델)

그림 10-7 유출수 파라미터 (Basic 모델)

### ***P*H** 슬러 설정 파라미터

이 파라미터는 입력 변수 아래 **pH** 슬러 설정 항목에서 찾을 수 있으며, 초기 pH 값 ( $ph$ ), pH 경계 값: 최소 값 ( $lowph$ ) 및 최대 값 ( $highph$ ), 그리고 요구되는 pH의 정확성 ( $errorph$ )을 정의합니다. pH의 검색 루틴에 대한 파라미터가 하위 항목에 나타나 있습니다.

그림 10-8 pH 해석 설정

## 동역학 & 화학양론 파라미터

동역학 파라미터(그림 10-9)는 입력 변수 아래 동역학 항목에서 찾을 수 있습니다. 메탄 생성균의 최대 비 성장률 ( $\mu_{mh}$ ) 및 VSS의 가수분해율 상수 ( $k_{co}$ )는 35°C에서 정의되고 이 메뉴 아랫부분에서 설정한 온도 계수에 따라 Arrhenius 방정식을 사용하는 모델로 보정됩니다. **basic** 모델에서 동역학 파라미터의 나머지 파라미터는 온도에 의존하지 않습니다.

동역학 파라미터	값	단위
[7] 35°C에서 $X_{mh}$ 의 최대 성장률	0.4	1/d
[7] 포화 계수	3.0e-05	moles/l
[7] VaH의 저해 상수	0.0008	moles/l
[7] NH <sub>3</sub> 의 저해 상수	0.0005	mol/m <sup>3</sup>
[7] X에 대한 사멸률 계수	0.04	1/d
[7] 비활성화를 계수	2.0	1/d
[7] 35°C에서 VSS의 가수분해 비율 상수	0.045	1/d
[7] 독성 물질 분해율	0.0	1/d
[7] $\mu_{mh}$ 의 온도 계수	1.072	-
[7] $k_{co}$ 의 온도 계수	1.072	-

그림 10-9 동역학 파라미터

화학양론 파라미터(그림 10-10)는 파라미터 아래 화학양론적인 항목에서 찾을 수 있습니다. 화학양론 파라미터의 첫 세트는 변환 인자로 이루어져 있습니다: 입자성 COD ( $x_{cod}$ ) 대 VSS 비율 ( $icvcon$ ), BOD<sub>5</sub> ( $bod$ ) 대 BOD<sub>ultimate</sub> ( $bodu$ ) 비율 ( $fbodcon$ ).

소화 **basic** 모델의 유일한 변환 인자는 아세트산 대 COD 인자 ( $ac2cod$ ), 지방산의 분자량 ( $mwfat$ ) 및 기체 상수( $gvo$ )입니다.

유출수 보조-메뉴에서 정의된 이 파라미터와 인자를 이용하여, 기본 소화 모델은 합성 파라미터의 값을 수립합니다. 이 파라미터는 유출수 흐름의 화학양론을 수정할 것입니다.

화학양론 파라미터의 다음 세트는 수율로 이루어져 있습니다. 혐기성 소화에서 생물학적 반응에 의해 발생하는 화학적 성분의 상대적인 양을 이 수율로 지정합니다. 이 수율은 화학양론 단락에서 설명합니다.

이 보조-메뉴에서 다른 화학양론 파라미터는 기본 모델에서 통합되고 pH 모델에서 이온화 성분을 계산하는데 사용된 해리 상수입니다. 암모늄 ( $kncon$ )의 해리 상수는 20°C에서 정의되고 온도에 민감하므로, 모델은 다음의 방정식을 사용하여 온도 변화에 대해 보정합니다.

(식 10-14)

$$kn = kncon - 0.336 \times 10^{-5} + (2.134 \times 10^{-7} \cdot temp) - (2.242 \times 10^{-9} \cdot temp^2)$$

해리 상수의 나머지 파라미터는 **basic** 모델에서 온도 변화에 대해 보정되지 않습니다.

기체 전이 파라미터 또한 이 폼에서 정의합니다. 액체 상과 기체 상 사이에서 이산화 탄소 가스(*sco2*)의 질량 전이 계수(*KLaco2*)는 **basic** 모델에서 온도에 따라 보정되지 않습니다. 이산화탄소에 대한 헨리의 법칙 상수(*henryco2*) 또한 이 항목에 포함되고 온도에 대해 보정되지 않습니다.

The screenshot shows a software window titled "화학양론적인" (Stoichiometric) with a scrollable list of parameters. The parameters are organized into three sections: "변환 인자" (Conversion factors), "수율" (Yields), and "기타 분율" (Other fractions). Each parameter has a text input field, a unit dropdown menu, and a folder icon.

Section	Parameter Name	Value	Unit
변환 인자	[7] 소화후 고형물의 N 함량	0.068	gN/gCOD
	[7] digested solids의 P 함량	0.021	gP/gCOD
	[7] 질량 마세트산 대 COD	1.06667	gCOD/gCH...
	[7] 지방산의 몰 중량	60.0	g/mole
	[7] 기체 상수	25.5	L/mole@38C
수율	[7] CO2/VSS	0.1	ICO2/gVSS
	[7] XMH/휘발성 산	0.065	gCOD/gCOD
	[7] CO2/Xmh COD	5.0	ICO2/gCOD
	[7] 암모늄 생성물/VSS	0.059	gN/gVSS
	[7] COD/암모늄 섭취	5.9	gXmh/gN
기타 분율	[7] 물의 해리 상수	0.0	(mM)2
	[7] 암모늄 해리 상수 (20C)	1.71e-05	
	[7] 마세트 해리 상수 (25C)	1.76e-05	
	[7] CO2 해리 상수, step 1 (25C)	4.3e-07	
	[7] CO2 해리 상수, step 2 (25C)	0.0	

그림 10-50 화학양론 파라미터

## 혐기성 소화 모델 #1(ADM1)

혐기성 소화 모델 #1 (ADM1) (Batstone *et al.*, 2002)는 다음의 수정사항과 더불어, ADM1 COST 벤치마크(Rosen 및 Jeppsson, 2002)에 따라 GPS-X에서 실행됩니다:

- 시스템의 산-염기 평형을 설명하는 몇몇 미분 방정식( $S_{va-}$ ,  $S_{bu-}$ ,  $S_{pro-}$ ,  $S_{ac-}$ ,  $S_{hco3-}$ , and  $S_{nh3}$ 에 대한 방정식)은 Batstone *et al.* (2002)의 테이블 B.3에서 설명된 대로 대수 방정식으로 변환되었습니다. 이 과정은 매우 빠르며 미분 방정식 시스템의 안정성에 기여합니다.
- $S_{h2}$ 에 대한 미분 방정식은 대수 방정식으로 시뮬레이션 속도를 향상시키기 위해 변환되었습니다. 이 이론은 Rosen *et al.* (2005)에서 설명됩니다.

이러한 변화는 실질적으로 GPS-X에서 ADM1의 해결 속도를 증가시키고 Gear's Stiff를 제외한 적분 알고리즘의 사용을 허용합니다. GPS-X에서 ADM1을 해석할 경우 이중 정밀도 산법을 사용해야 합니다(옵션 > 환경 설정 > 빌드 탭에서 접근 가능).

구축한 모델은 분해, 가수분해, 산 생성(acidogenesis), 아세트산 생성(acetogenesis) 및 메탄 생성(methanogenesis)을 포함하여 5개의 공정 단계를 포함합니다. 모델은 32개의 동적 상태 변수, 6개의 산-염기 동역학 공정, 19개의 생화학적 공정 및 3개의 기체-액체 전이 공정을 사용합니다.

간소화된 ADM1 물질 흐름도는 그림 10-11과 같습니다. 모델의 전체 설명을 위해, 사용자는 Batstone *et al.* (2002)를 참고하십시오. 보다 세부적인 실행은 Rosen 및 Jeppsson (2002)에서 찾을 수 있습니다.

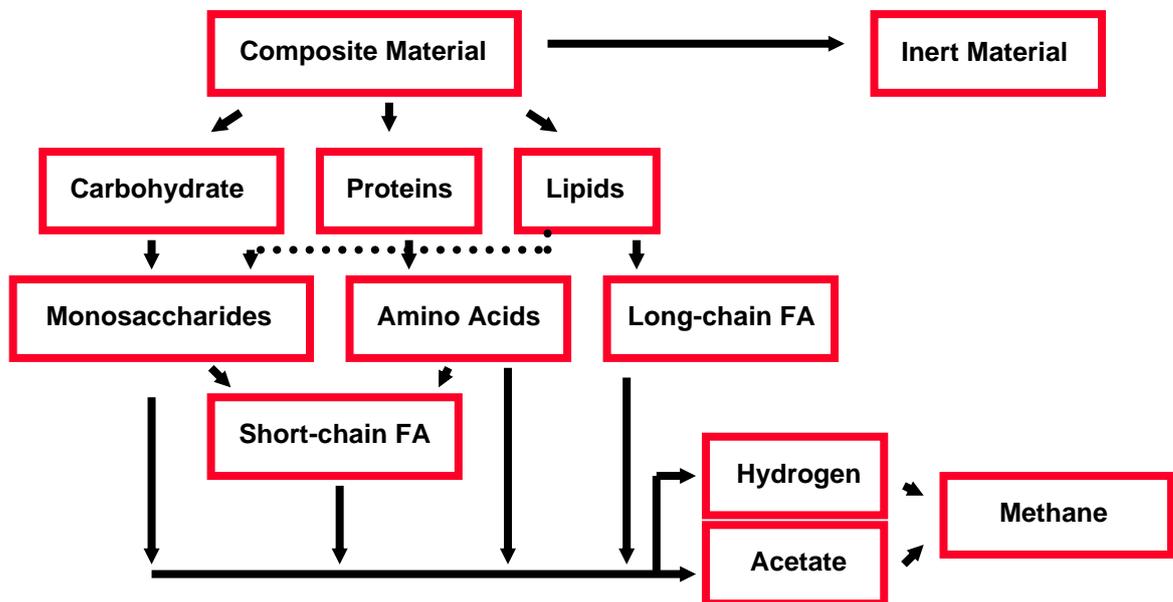


그림 10-61 간소화된 ADM1 물질 흐름도

GPS-X에서, ADM1 모델은 Copp *et al.* (2003)이 개발한 ADM1 인터페이스로 ASM1을 사용할 수 있게 되어 있습니다. 이 인터페이스는 활성 슬러지 공정을 모델링하기 위해 ASM1을 사용하는 총체적인 플랜트 레이아웃에 ADM1을 사용할 수 있도록 해 줍니다.

ADM1을 사용할 경우 2개의 실행 가능한 시나리오가 있습니다:

- 유입수 흐름은 유입수 객체로 표현합니다. 이 경우 유입수 객체와 소화조 객체의 유입수 폼에서 유입수를 지정할 것을 사용자에게 요구하며 이를 수행하기는 좀 어렵습니다. 이 절차의 시각적 설명을 위해 **그림 10-12** 를 살펴보십시오. “**ADM1 모델 설정 제안**”이라고 부르는 단락은 유입수 특성을 나타내는 방법에 대한 노하우를 제공합니다.
- 유입수 흐름은 다른 객체의 출력 흐름입니다. 이 경우 흐름 특성 자체를 처리할 소화조에 앞선 객체로써 위 경우보다 더 간단합니다. 사용자는 다시 소화조 객체의 유입수 폼에서 찾아낸 파라미터를 지정할 필요가 있습니다. 이 절차의 그래픽적인 설명으로 **그림 10-13** 을 살펴보십시오. “**ADM1 모델 설정 제안**”이라고 부르는 단락은 유입수 특성을 나타내는 방법에 대한 힌트를 제공합니다.

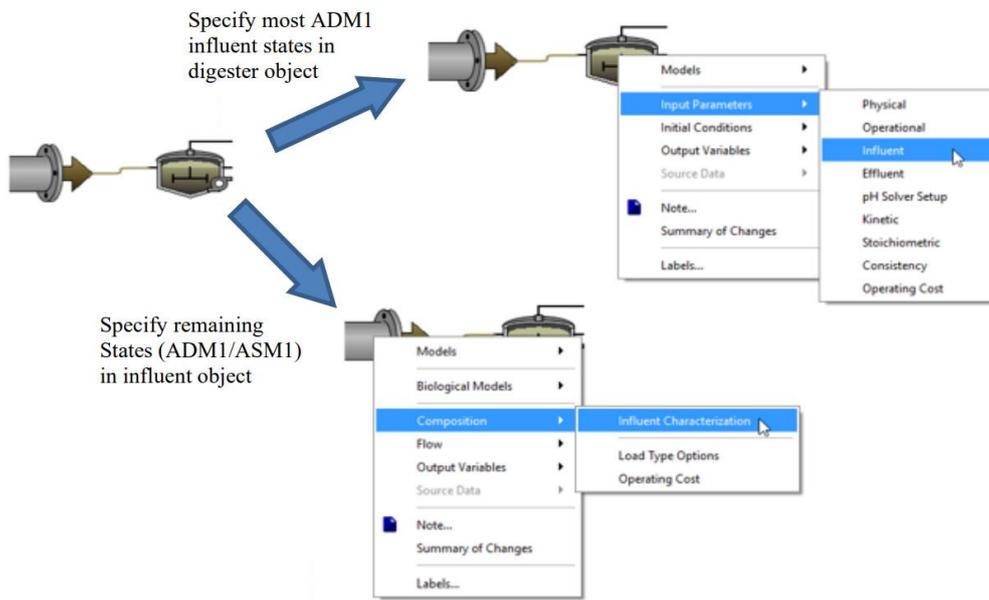


그림 10-72 유입수 흐름을 유입수 객체로 표현할 경우, ADM1 유입수의 지정 방법

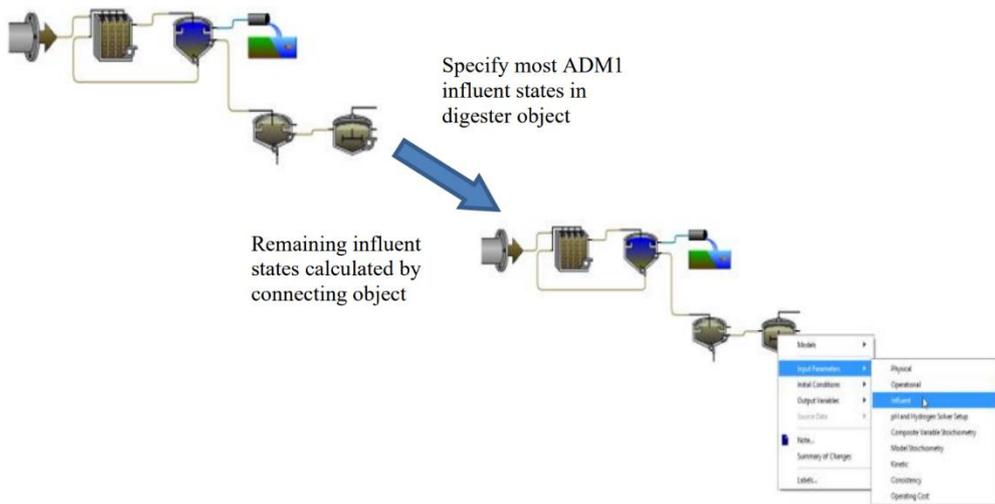


그림 10-83 유입수 흐름이 다른 객체의 출력 흐름일 경우, ADM1 유입수의 지정 방법

## ADM1 모델 설정 제안

다음의 힌트는 ADM1 모델을 사용하여 소화조 객체에 유입하는 흐름의 특성을 나타내는데 유용합니다. ADM1 모델이 ASM 활성 슬러지 모델과 다른 상태 변수 세트를 사용하기 때문에, ASM1/ADM1 인터페이스에 대한 추가 정보가 제공되어야 합니다.

전형적인 시뮬레이션 실행에서, 사용자는 사용자가 필요로 하는 모든 정보를 갖고 있지 않을 것이며, 다수의 ADM1 유입수 파라미터 값을 추정해야 할 것입니다. 이 지침은 추정이 정확하게 사용되는지를 확인하는데 유용합니다. 뒤따른 힌트는 탄소-질소 라이브러리 (CNLIB)에 대한 것입니다.

## ADM1 “유입수” 파라미터 메뉴상의 ADM1 상태 변수 세트

표 10-1 ADM1 “유입수” 메뉴의 상태변수 설명

파라미터	제안
양이온	ADM1 에서 Sic (무기 탄소) 상태 값으로 설정 또는 추정 또는 측정되어야 함.
음이온	ADM1 에서 Sin (무기 질소) 상태 값으로 설정 또는 추정 또는 측정되어야 함.
긴 사슬 지방 산	유입수 객체 폼에서, S <sub>s</sub> 로 추정 또는 측정되어야 함.
총 발레르산	유입수 객체 폼에서, S <sub>s</sub> 로 추정 또는 측정되어야 함.
총 뷰틸산	유입수 객체 폼에서, S <sub>s</sub> 로 추정 또는 측정되어야 함.
총 프로피온산	유입수 객체 폼에서, S <sub>s</sub> 로 추정 또는 측정되어야 함.
총 아세테이트	유입수 객체 폼에서, S <sub>s</sub> 로 추정 또는 측정되어야 함.
수소 가스	0 으로 설정
메탄 가스	0 으로 설정
단백질	유입수 객체 폼에서, X <sub>s</sub> 로 추정 또는 측정되어야 함.
당 분해제	0 으로 설정
아미노산 분해제	0 으로 설정
긴 사슬 지방 산 분해제	0 으로 설정
발레르산과 뷰틸산 분해제	0 으로 설정
프로피온산 분해제	0 으로 설정
아세트산 분해제	0 으로 설정
수소 분해제	0 으로 설정

## 유입수 객체에서 ADM1 상태 변수 세트

유입수 흐름이 유입수 객체로 표현될 때, 유입수 객체에서 상태 유입수 모델을 이용해야 합니다. 몇몇의 상태는 ADM1 상태이고 이들을 추정해야 할 필요가 있습니다. 몇몇의 상태는 ADM1 과 관련되지 않으며 무시할 수도 있습니다. 몇몇 상태는 ADM1 상태의 분율로 형성되고 상세한 설명은 다음과 같습니다:

표 10-2 유입수 객체의 ADM1 상태변수

파라미터	설명
비활성 무기 부유 물질	추정 또는 측정되어야 함. 이는 ADM1의 상태는 아니나 고형물 농도에 영향을 줄 것입니다.
용해성 비활성 유기물	ADM1에서 S <sub>i</sub> 와 동일함
쉽게 생분해 가능한 기질	ADM1에서 단당류, 아미노산, 긴 사슬 지방산, 총 발레르산, 총 뷰틸산, 총 프로피온산, 총 아세테이트 및 탄수화물 상태의 합. 이 값이 ADM1 유입수 흐름에서 이 상태를 위해 들어간 값의 합이라는 것을 확인하십시오.
입자성 비활성 유기물	ADM1에서 X <sub>i</sub> 와 동일함
천천히 생분해 가능한 기질	ADM1에서 합성물, 단백질 및 지질 상태의 합. 이 값이 ADM1 유입수 흐름에서 이 상태를 위해 들어간 값의 합이라는 것을 확인하십시오.
활성 종속영양미생물	추정하지 않은 경우 0로 설정.
활성 독립영양미생물	추정하지 않은 경우 0로 설정.
세포 사멸로 인한 생분해 불가능한 입자성 물질	ADM에서 X <sub>i</sub> 상태의 부분이 됨. X <sub>u</sub> 값을 모를 경우 위의 X <sub>i</sub> 값을 사용하고 이 값은 0으로 설정
셀 내부 저장 산물	사용되지 않음
용존 산소	ADM1에서 사용하지 않으나 유입수 흐름의 COD 요구량을 추정하기 위해 GPS-X에서 사용함. 산소와 질산성 질소 모두 혐기성 환경에 들어가는 즉시 감소될 것이라고 가정하므로 유입 흐름에서 나타나는 전자 수용체의 감소를 보충하기 위해 총 유입 COD는 이 유입 COD 요구량에 의해 감소됨.
자유 및 이온화 암모니아	ADM1에서 S <sub>in</sub> (무기 질소) 상태. 보정 단위가 사용되었는지 확인하십시오.
용해성 생분해 가능한 유기 질소	(아미노 산에서 질소 분율 = 0.098) × 아미노 산 농도
입자성 생분해 가능한 유기 질소	<p>다음의 공식을 사용</p> $X_{nd} = \text{total TKN} - S_{nd} - S_{nh} - i_{nxu} \cdot X_u - i_{nxi} \cdot X_i$ $\text{total TKN} = S_{in} + N_i \times S_i + N_i \times (X_i + X_u) + N_{aa} \times S_{aa} + N_{xc} \times X_c$ <p>여기서:</p> <p>S<sub>nd</sub> = 용해성 생분해 가능한 유기 질소의 농도</p> <p>S<sub>nh</sub> = 자유 및 이온화 암모니아의 농도</p> <p>i<sub>nxu</sub> = 세포 사멸로부터 생분해 불가능한 입자성 질소 분율 (Mantis에서 0.068, ASM1에서 0.06)</p> <p>i<sub>nxi</sub> = 입자성 비활성 질소 분율(Mantis에서 0.068, ASM1에서 0.06)</p> <p>X<sub>u</sub> = 세포 사멸로부터 생분해 불가능한 입자성의 농도</p> <p>N<sub>i</sub> = S<sub>i</sub> 및 X<sub>i</sub>의 질소 분율</p> <p>S<sub>i</sub> = 용해성 비활성의 농도</p> <p>X<sub>i</sub> = 입자성 비활성의 농도</p> <p>N<sub>aa</sub> = 아미노산의 질소 분율(0.098)</p> <p>S<sub>aa</sub> = 아미노산의 농도</p> <p>N<sub>xc</sub> = 합성물의 질소 분율(0.0376)</p> <p>X<sub>c</sub> = 합성물의 농도</p>

파라미터	설명
질산성 질소와 아질산성 질소	ADM1 에서 사용하지 않으나 유입수 흐름의 COD 요구량을 추정하기 위해 GPS-X 에서 사용함. 산소와 질산성 질소 모두 혐기성 환경에 들어가는 즉시 감소될 것이라고 가정, 그리하여 총 들어오는 COD 는 들어오는 흐름에서 나타나는 전자 수용체의 감소를 보충하기 위해 이렇게 들어오는 COD 요구량에 의해 감소됨.
이질소	0 으로 설정
알칼리도	ADM1 에서 S <sub>ic</sub> (무기 탄소) 상태

## 호기성 소화 모델

호기성 소화 공정의 목적은 처분을 위해 고형물의 질량을 안정시키고 감소시키기 위해서입니다. 이 공정에서, 미생물은 에너지원으로 그들 자신의 원형질을 소모합니다; 즉, 내생 단계인 것으로 추측합니다. 이 단계는 CSTR 객체와 관련된 생물학적 모델에 대해 설명하나, 호기성 소화에서, 입자성 비활성 유기 물질의 파괴 또한 일어납니다.

호기성 소화와 관련된 모델은 **<model>dig** 이름으로 주어지고 여기서, **<model>**은 관련 활성 슬러지 모델입니다. 활성 슬러지 모델과 관련 호기성 소화 모델의 유일한 차이는 추가된 1-차 반응입니다. 이 추가 반응은 비활성 유기물의 파괴에 대해 설명하기 위해 입자성 비활성 유기물 농도를 조절합니다.

$$r_{xi} = -ki * xi \quad (10-15)$$

여기서,

$r_{xi}$  = 입자성 비활성 유기물에 대한 반응율 ( $xi$ ) (호기성 소화조 객체 **파라미터 - 동역학 메뉴**)

$ki$  = 비활성 유기물 생변환율

COD 손실은 이 공정에 포함되지 않으며, 전자 수용체를 이용하지 않습니다. 이 파괴 공정은 입자성 비활성 유기물을 ( $xi$ ) 천천히 생분해 가능한 기질 ( $xs$ )로 변환시킵니다. 형성된 천천히 생분해 가능한 기질은 쉽게 생분해 가능한 COD 가 등가의 양을 방출하면서 가수분해됩니다.

## UASB / EGSB

UASB/EGSB 모델은 Mantis2lib 에서만 사용 가능합니다. Mantis2 모델은 조에서의 생물 화학적 반응을 모델링합니다. 모델에 대한 가정은 다음과 같습니다.

1. UASB/EGSB 에서 수리적인 내용은 완전 혼합반응을 가정으로 합니다.
2. Granule 로 기질 확산은 제한을 두지 않고, 부유성장 시스템과 유사하게 반응하는 것으로 가정합니다.
3. 평균 Granule 의 특성은 조에서 granule 침전 속도와 bed 확장을 추정하는데 사용합니다.

4. Bed 위에 고형물 농도 분포를 추정하기 위해서 Semi-empirical 모델을 사용합니다.

단순화된 모델 구조는 실제적인 엔지니어링 문제에 대해서 UASB/EGSB 모델링하기 위한 처음 시도입니다.

이 모델의 중요한 입/출력은 다음과 같습니다.

### 반응조 파라미터

UASB/EGSB 을 모델링하기 위해서는 granule 침전 속도, bed 유동성, 슬러지 베드위의 고형물 분포 프로파일등을 추정하기 위한 몇가지 추가 입력사항이 있습니다.

객체를 우측클릭해서 입력변수의 서브메뉴인 반응조 파라미터를 클릭하면 그림 10-14~ 10-15 과 같습니다.

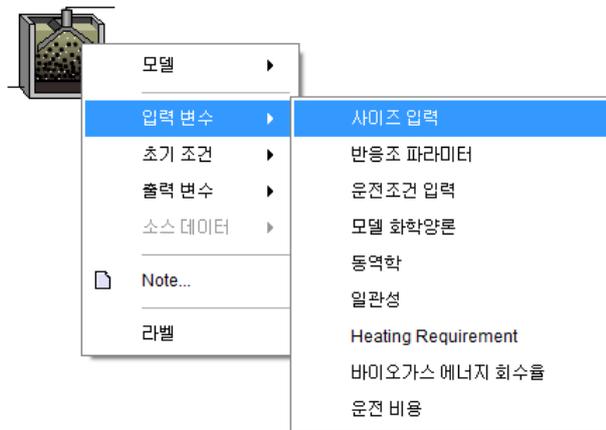


그림 10-14 UASB / EGSB 반응조에 대한 파라미터 메뉴

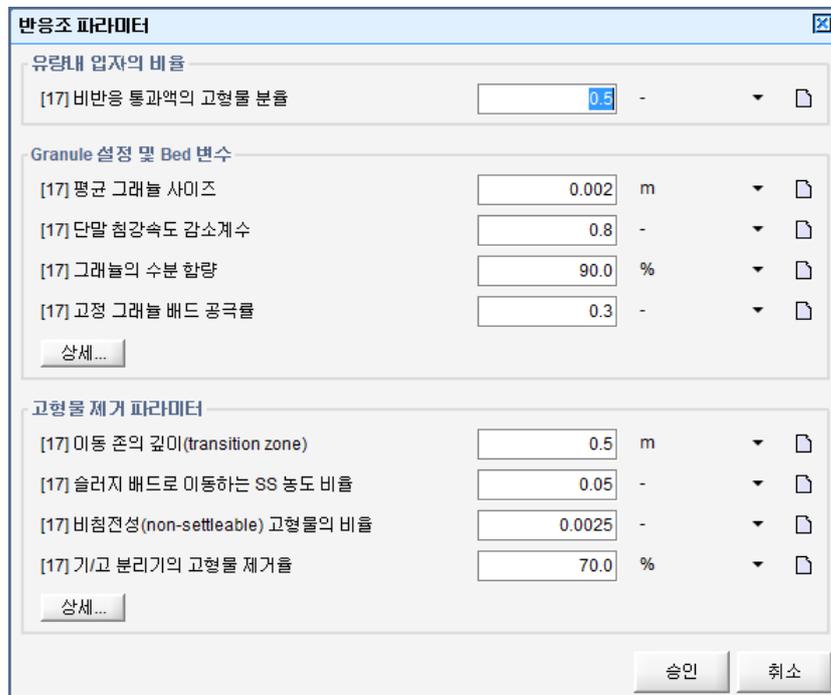


그림 10-15 Reactor Parameter 입력 양식

### 비반응 통과액의 고형물 분율 (Fraction of un-reacted flow-through solids)

UASB/EGSB 반응조는 SS를 처리하는데 있어서 그다지 효율적이지 않은 것으로 잘 알려져 있습니다. 유입수의 고형물 분율이 반응조에서 흡수 내거나 처리되지 않고 UASB/EGSB 반응조로 유입될 수 있습니다. 이 변수는 이럴 경우 특정 고형물의 분율이 반응하지 않은 것으로 통과시키는 기능을 합니다. 이런 현상이 일반적으로 관측되기는 하지만 실제적으로 정량적으로 알기는 힘듭니다. 기본값으로 이 변수는 0.5로 설정되어 있으나 실제로는 베드의 확장성과 같은 현장 조건에 따라서 많이 달라질 수 있습니다.

### 평균 그레놀 사이즈

이 변수는 granule 베드에서 granule의 침전 속도를 계산할 때 사용합니다. 침전 속도는 조에서의 베드의 확장성을 추정할 때도 사용합니다. 기본값은 2mm로 설정되어 있습니다.

### 단말 침강 속도 감소 계수 (Terminal velocity reduction factor)

관측된 생물학적 granule의 침전속도는 추정된 침전속도보다는 대체적으로 작은 것으로 나타났습니다. 문헌적으로 0.7 ~ 0.8의 감소 계수를 사용합니다.

### 그레놀의 수분 함량

granule에서의 water content를 정의합니다. 그리고, granule의 밀도를 추정할 때도 이용합니다.

### 고정 그레놀 베드 공극률

flow가 없는 조건에서 granular bed에서 공극율을 의미합니다.

### 이동 존의 깊이

UASB / EGSB 모델은 확장된 granule bed 상단의 고형물 프로파일을 계산하기 위해서 semi-empirical 모델을 사용합니다. 현재 모델에서는 슬러지 베드 상부에 transition zone이 있는 것으로 간주하여 고형물의 농도가 transition zone 경계의 농도로 바뀌는 것으로 가정합니다. 이 transition zone의 깊이는 고형물 프로파일 및 고형물 제거율에 영향을 미칩니다.

#### *슬러지 베드로 이동하는 SS 농도 비율 (Ratio of SS in transition zone to sludge bed)*

위에서 언급한대로 이 변수는 granule 베드에서의 고형물 농도에 대한 transition zone 경계에 있는 고형물의 비율(ratio)을 의미합니다.

#### *비 침전성 고형물의 비율 (Fraction of non-settlable solids)*

이 변수는 베드에서 침전되지 않는 아주 미세한 입자들의 비율을 의미합니다. 이 비율은 반응조의 고형물 농도 대비로 표현합니다.

#### *기체 분리기의 고형물 제거율 (Solid recovery efficiency of gas solid separator)*

---

Granule 베드 상부의 고형물 분포 곡선은 UASB/EGSB 반응조 상부의 기체/고체 분리기에 도달하는 고형물의 농도를 추정하기 위해서 사용합니다. 기체/고체 분리기의 효율에 따라서 반응조 밖으로 나가는 고형물의 농도가 결정됩니다.



# CHAPTER 11

## 기타 모델

### 분배기

GPS-X에서 비례 분배기는 유량 분배를 상수, 시간 함수, 또는 유량에 기초하여 설정할 수 있습니다. **입력 변수 > 분배기 설정** 폼에서 사용자는 적절한 분배 모드를 선택할 수 있습니다. 각각에 대한 설명은 다음과 같습니다.

#### 상수

이 분배 모드를 사용할 경우, 분배 비율은 변하지 않으며 (**상수** 단락 아래에서 입력함), 또는 파일로부터 읽어오거나, 다른 방법(제어기 도구 또는 맞춤화)으로 조절합니다.

#### 시간 함수

이 분배 모드를 사용할 경우, **상수** 단락 아래에서 입력하는 분배 비율은 지정한 시간 간격에 따라 연결점을 통해 교대할 것입니다.

#### 유량 기초

이 분배 모드를 사용할 경우, **상수** 단락 아래에서 입력하는 분배 비율은 지정한 부피에 따라 연결점을 통해 주기적으로 교대할 것입니다. 일단 지정한 부피가 분배기 입력을 통과하면, 비율은 다음 출력 연결로 이동할 것입니다.

이 기능을 사용하는 전형적인 예는 유입수가 시간제어나 배출되는 부피에 의해 다른 SBR 반응조에 보내져야 하는 다중열(multiple train) SBR 플랜트입니다.

### 콘트롤 분배기(CONTROL SPILTTER)

제어 분산기는 유량 비율 및 월류로 유량을 분산시키는데 사용할 수 있습니다. 이 객체는 바이패스 유량 제어 설정에 유용합니다.

**펌프 유량 비율**은 **입력 변수 > 펌프 유량** 메뉴에서 설정합니다. 들어오는 유량이 **펌프 유량 비율**보다 작거나 같을 경우, 모든 유량은 펌프 연결 점을 통해 빠져나갈 것입니다. 혹은 들어오는 유량이 **펌프 유량 비율**보다 클 경우, 초과 유량은 월류 연결 점을 통해 빠져나갈 것입니다.

자동 PID 제어기는 **펌프 유량 비율**과 더불어 GPS-X에서 또 다른 변수를 제어하는데 이 객체에서 사용할 수 있습니다.

## 펌핑장

펌핑장의 **noreact** 모델을 사용하여 높이 또는 부피 기반 제어를 기반으로 연속 또는 간헐 펌핑을 사용할 수 있습니다.

### 모델 데이터 입력

그림 11-1 은 펌핑장 운전 조건의 입력 양식입니다.

운전조건 입력			
<b>펌프 흐름 제어</b>			
[28] 연속 펌핑	<input type="checkbox"/> 켜기 <input type="checkbox"/> 끄기		
[29] 일평균 펌프 유량	<input type="text" value="2000.0"/>	m3/d	
<b>제어 형식</b>			
[28] 제어 유형	<input type="text" value="부피 기반"/>		
[28] low volume threshold for pump	<input type="text" value="200.0"/>	m3	
[28] 펌프에 대한 high volume 임계치	<input type="text" value="800.0"/>	m3	
[28] low height threshold for pump	<input type="text" value="2.0"/>	m	
[28] 펌프에 대한 high height 임계치	<input type="text" value="4.0"/>	m	
<b>펌프 흐름</b>			
[29] 낮은 임계치에서의 펌프 유속	<input type="text" value="0.0"/>	m3/d	
[29] 높은 임계치에서의 펌프 유속	<input type="text" value="5000.0"/>	m3/d	
		<input type="button" value="승인"/>	<input type="button" value="취소"/>

그림 11-1 펌핑장 메뉴

#### 연속 펌핑(Continuous pumping)

연속적인 펌핑 혹은 간헐적인 펌핑을 사용할 것인지 확인하는 메뉴입니다.

#### 일평균 펌프 유량 (Average daily pump flow rate)

연속 펌핑일 때 일 평균 유량을 적고, 간헐 펌핑일 경우에도 정상상태 계산을 위해서 입력합니다.

#### 제어 유형 (Control Type)

이 옵션은 연속 펌핑이 꺼져있을 때 활성화됩니다. 사용자는 부피 또는 높이 기반 제어 옵션 중에서 선택할 수 있습니다.

#### 펌프에 대한 최저 부피 임계치 (Low volume threshold for pump)

이 변수는 펌프가 펌핑 용량의 최저 임계치에서 작동하는 탱크의 부피를 정의합니다. 부피 기반 제어가 선택되면 이 옵션이 활성화됩니다.

**펌프에 대한 최고 부피 임계치 (High volume threshold for pump)**

이 변수는 펌프가 펌핑 용량의 최고 임계치에서 작동하는 탱크의 부피를 정의합니다. 부피 기반 제어가 선택되면 이 옵션이 활성화됩니다.

**펌프에 대한 최저 부피 임계치 (Low height threshold for pump)**

이 변수는 펌프가 펌핑 용량의 최저 임계치에서 작동하는 탱크의 높이를 정의합니다. 이 옵션은 높이 기반 컨트롤을 선택한 경우에 활성화됩니다.

**펌프에 대한 최고 부피 임계치 (High height threshold for pump)**

이 변수는 펌프가 펌핑 용량의 최고 임계치에서 작동하는 탱크의 높이를 정의합니다. 이 옵션은 높이 기반 컨트롤을 선택한 경우에 활성화됩니다.

**최소 펌프 유량 (Minimum pump capacity)**

반응조의 부피가 Low volume 밑으로 떨어질 경우 최소 펌프량

**최대 펌프유량 (Maximum pump capacity)**

반응조의 부피가 High volume 위로 올라 갈 경우 최대 펌프량

## 막 여과

한 가지 모델이 막 여과 객체에서 이용 가능합니다(empiric).

이 zero-volume 모델에서는, 용해성 상태 변수의 영향을 받지 않습니다, 그러나 고형물은 사용자 정의 고형물 분리 인자에 근거를 둔 2 가지 흐름 가운데 하나로 분할됩니다. 유량은 유출하는 연결 관의 어느 쪽에서든지 펌핑할 수 있고 펌핑한 유량과 유입하는 유량의 차이는 다른 유출하는 연결로 우회됩니다. 2 개의 유출하는 흐름에 있는 고체 농도는 유량과 분리 인자에 근거를 둔 질량 수지를 통해서 산출됩니다. 예제 계산은 아래와 같습니다:

유입수 유량	= 100 m <sup>3</sup> /d
유입수 xbh 농도	= 1000 g/m <sup>3</sup>
유입수 xbh 질량	= 100 x 1000 = 100,000 g/d
펌프 유량 (사용자-지정)	= 10 m <sup>3</sup> /d – 농축액
필터 효율 (사용자-지정)	= 0.90
여과액 유량	= 90 m <sup>3</sup> /d
여과액 xbh 농도	= 100 g/m <sup>3</sup>
여과액 xbh 질량	= 90 x 100 = 9,000 g/d
농축액 xbh 질량	= 100,000 - 9,000 = 91,000 g/d
농축액 xbh 농도	= 91,000 / 10 = 9,100 g/m <sup>3</sup>

## 유량 조정조

비반응성 **noreact** 모델에서, 폐수 구성성분에 대한 희석의 영향을 설명하나, 모든 반응률은 0 으로 설정합니다(생물학적 반응이 일어나지 않음). 탱크는 포기 기간(사전-포기 모델링에서)과 내장 펌프를 가지고 있으며, 포기과 펌프 유량은 포기조 및 침전/정화 객체에서 찾아낸 것과 유사한 피드백 제어기 (P, PI, PID)로 제어할 수 있습니다.

이 모델은 부피를 변수로 두어, 오프-라인 또는 직렬 유량 조정조를 시뮬레이션 하는데 이용할 수 있습니다. 오프-라인 또는 변수 부피 모드 (유량 조정)에서, 고정 부피 탱크의 농도 조절에 대한 월류 연결은 잘 사용되는 반면, 펌프 연결은 적절한 제어기 설정과 함께 사용해야 합니다.

반응은 모델 (**noreact**)을 이중-선택해서 추가하고 개별 구성 성분의 비율 방정식을 편집할 수 있습니다.

## 슬러지 전처리

슬러지 전처리에서 입자성 유기물은 용해성 유기물로 전환됩니다. 용해도는 일반적으로 처리의 강도에 따라 달라집니다. 슬러지 전처리를 하는데는 다양한 많은 방법이 있습니다. 일반적으로 열처리, 기계, 화학적 처리로 나눌 수 있습니다. 열적, 기계적 분리, 초음파, 마이크로웨이브, 알카리 처리, 오존화, Fenton 등 다양한 방법이 적용되고 있습니다. 열적, 기계적 처리방법은 주로 용해도에 영향을 미치는 운전변수와 관련이 되어 특정 에너지 등을 입력해야 하고, 화학적 처리 방법은 특정 화학약품을 입력해야 합니다. 에너지와 화학약품의 입력 양식은 단위 고형물에 대한 조건으로 표시합니다. 기계적인 처리방법은 모델링 하기 복잡한 면이 있어서, 경험 모델을 적용하여 계산합니다. 일반적인 엔지니어링 목적을 위해서는 이런 방법이 의사결정을 돕거나 여러가지 옵션을 평가하는데 충분한 방법입니다.

GPS-X 에서 일반적인 슬러지 전처리 방법은 다음과 같습니다.

1. 용해도 포화곡선을 이용하여 특정 에너지 입력값 혹은 화학약품 주입량와 같은 운전 변수와 용해도 관계를 나타냅니다.
2. 비생분해성 유기물이 생분해성 유기물로 전환되는 것을 고려합니다.
3. 반응 하는 동안에 손실(loss)되는 양을 고려합니다.

슬러지 전처리 모델은 Mantis2lib 에서만 사용 가능하고, 모델에서 주요하게 형성되는 것은 다음과 같습니다.

### 1. 박테리아 미생물의 비활성화

일반적인 슬러지 전처리 방법은 박테리아 비활성화를 초래합니다. 박테리아 비활성화는 셀 벽이 분해되면서 용해성 유기물이 방출되기 때문에 발생합니다. 생물학적 비활성화는 용해성과 입자성 유기물의 생성을 초래합니다. COD 의 일환으로 처리하는 것은 산화로 인해 손실될 수 있습니다.

### 2. 비활성 유기물의 전환 ( $X_i$ , $X_u$ )

입자성 비활성 COD 는 슬러지 전처리 동안에 감소합니다. 입자성 비활성 COD 의 일부는 느린 생분해 COD 로 전환된다고 가정합니다. 또, 입자성 비활성 COD 는 용해되서 용해성 생분해와 용해성 비활성 COD 로 전환됩니다. 일부 비활성 유기물 COD 는 손실(loss)될 수 있습니다.

### 3. 느린 생분해 COD(Xs)의 전환

입자성의 매우 느린 생분해 COD가 용해되어서 용해성 생분해 기질로 바뀝니다.

이 모델은 입출력 모델로서 모든 입력한 상태가 즉시 출력 상태로 전환됩니다. 반응조에서 화학-기계적 분리되는 지체시간은 아주 작은 것으로 가정합니다.

## 인라인 화학약품 주입

화학약품 주입 모델 (chemeq)은 용해성 인 제거를 위해 화학약품 추가 및 응고/응집을 시뮬레이션하는데 이용할 수 있습니다. chemeq 모델은 **그림 11-2**에 보이는 것과 같이 인라인 화학약품 주입 객체에서 사용할 수 있습니다. 본 객체에는 chemeq와 metadd 모델 두가지가 있습니다. **metadd** 모델은 상태변수로 용해성 인을 가지는 모든 라이브러리에서 사용가능합니다. **chemeq** 모델은 mantis2lib 에서만 사용가능합니다. metadd 모델은 금속물질 침전 반응에서 용해도와 pH의 영향을 고려하는 모델입니다.

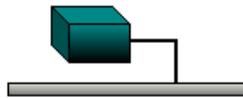


그림 11-2 인라인 화학약품 주입 객체

## CHEMEQ 침전 모델

P-제거 모델은 CNP 라이브러리에서만 이용 가능합니다. 모델은 용해성 인의 화학적 침전 화학양론에 근거합니다. 모델은 가능한 4 가지 화학약품 중 한가지를 추가하는 것으로 시뮬레이션을 설정할 수 있습니다:

1. 알룸 (alum)
2. 제 2 철 화합물 (ferric compounds)
3. 제 1 철 화합물 (ferrous compounds)
4. 사용자가 정의한 다른 금속 화합물

각각의 경우, 주입량은 금속 이온의 질량으로 나타냅니다. 예를 들면, 알룸 주입에 대한, 주입량은 알루미늄 이온의 질량으로 나타냅니다.

하나의 예로, 알루미늄과 인의 기본적인 반응식은 **식 11-1**과 같습니다.



이것으로, 알루미늄 이온 1 몰은 인산염 1 몰과 반응하거나, 또는 질량에 기초하여, 알루미늄 이온( $Al^{3+}$ ) 1 g 과 인산염 (P) 1.148 g 과 반응합니다. 요구되는 주입량은 알루미늄의 질량보다는 추가되는 알루미늄 이온의 질량입니다. 이는 수화물 등등의 다른 형태일수도 있습니다. 알루미늄 및 다른 화학약품에 대한 화학양론 필요조건을 계산하는 이 이론은 다른 화합물 및 그들의 분자량의 문제점을 예방합니다. 알루미늄 및 다른 화학약품에 대한 인 화학양론 계수는 이미 정의되었으나, 미리 정의하지 않은 또 다른 화학약품을 모델링 하기 위해 수정할 수도 있습니다.

화학양론 비율이 침전 모델의 기초로 사용되기는 하지만, pH, 알칼리도 및 다른 요소의 영향을 포함해서, 폐수 화학의 복잡성이 의미하는 것은 화학양론 비율이라는 것이 화학 약품의 과잉 주입 상태에 직면해서 도달 가능한 최대 인 제거량만을 가리킨다는 것입니다. 실제로, 추가된 모든 화학 약품이 인 추가에서 이용 가능하지 않기 때문에 상당히 낮은 제거가 달성됩니다. 그러나, 이용 가능한 분율, 및 이에 따라 요구되는 주입량은, 현장에 따라 예측하거나 보정해서 모델에 지정해 주어야 합니다.

폐수에 금속 이온의 과잉 주입으로 인해, 인의 대부분은 제거될 것입니다; 그러나, 계속해서 인의 양을 추적합니다. 이 현상을 모델링 하기 위해, 모델에 포화함수를 짜 넣었습니다. 제거된 인(또는 용해성 유기 성분, *si* 및 *ss* 응집)의 양은 인 농도(또는 용해성 유기 성분 농도)의 함수가 됩니다. 화학양론적 제거량은 (반-포화 계수에 관한)인의 농도가 높을 경우에만 달성됩니다. 제거는 (반-포화 계수에 관한) 인 농도가 작을 경우 최대 화학양론 양보다 적게 됩니다. 이 현상은 **그림 11-3**으로 설명됩니다.

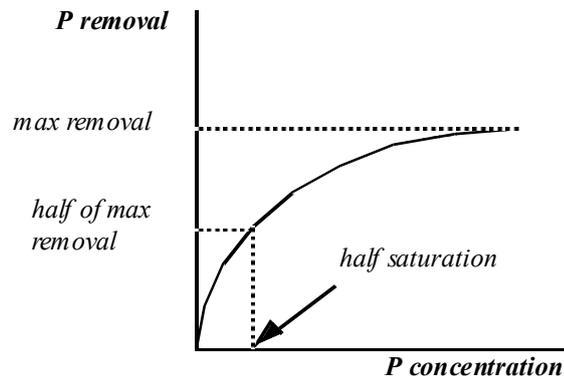


그림 11-3 P 농도의 제거 함수

형성된 화학 침전제의 질량은 입자성 비활성 무기 성분(*xii*)으로 추가되고 또한 계산됩니다. 생산된 화학적 슬러지 화학양론적 양은 기초 반응의 화학양론에 근거합니다. 예를 들면, **식 11-1**에서, 화학 침전제 ( $AlPO_4$ )의 양은 반응한 알루미늄 이온 1g 당 4.52g 입니다.

모델은 사용자에게 2 가지 주입 방법을 제공합니다: **질량 유량 기준** 및 **유량 비례**. 전자는 사용자에게 화학 약품에 대한 연속적인 유량 비율을 지정할 것을 요구하는 반면, 후자는 사용자에게 액체의 단위 유량당 조에 들어가는 화학약품의 유량 비율을 지정할 것을 요구합니다. 주입 비율은 화학 약품 추가의 어떤 하향 흐름에서 지정된 설정치로 인을 유지하기 위한 촉진 변수로 설정 가능합니다.

화학약품은 인을 침전시킬 뿐만 아니라, 입자성 물질에서 몇몇 콜로이드 유기물을 응집시킵니다. 이는 모델에서, 용해성 비활성 COD 와 입자성 비활성에서 용해성 기질 및 입자성 기질로 시물레이션 됩니다. 응집의 양은 개별 종류에 대한 반-포화 상수에 의존할 것입니다. 응집 모델로 각 플랜트에서의 측정을 필요로 하는 이 상수는 경험적입니다.

화학약품 주입량 메뉴 항목의 각 항에 대한 세부 설명은 다음과 같습니다:

**화학 약품의 종류:** 현재 4 가지 화학약품 (alum ion, ferrous 및 ferric ion, 사용자 정의 금속 이온)을 이용할 수 있습니다.

**질량유량 기반으로 주입:** 질량/시간 단위.

**유량 기반으로 주입 :** 질량/부피 단위.

다음의 화학양론 파라미터는 상세... 버튼 아래에서 찾을 수 있고 **Table 11-1**에서 설명하겠습니다.

**Table 11-1 Chemeq 파라미터**

파라미터	설 명
인 침전 화학양론	gP/gMe (금속이 과잉일 경우) 화학양론적으로 침전됨
용해성 비활성 COD 응집 화학양론	gCOD/gMe 용해성 비활성 COD는 입자성 비활성 COD로 변환 (si가 xi로)
용해성 기질의 응집 화학양론	gCOD/gMe 용해성 기질은 입자성 기질로 변환 (ss가 xs로)
금속-수산화물 화학양론	g/gMe 추가된 금속 1g 당 형성된 MeOH g
인 침전 반-포화 상수	gP/m <sup>3</sup> 이 반응에서 이용 가능한 금속의 반포화 상수에서 인 침전에 사용할 농도
용해성 비활성 응집 반-포화 상수	gCOD/m <sup>3</sup> 이 반응에서 이용 가능한 금속의 반포화 상수에서 용해성 비활성 응집에 사용할 농도
용해성 기질의 응집 반-포화 상수	gCOD/m <sup>3</sup> 이 반응에서 이용 가능한 금속의 반포화 상수에서 용해성 기질 응집에 사용할 농도

P 침전에서 무기 비활성 고형물 생성에 대한 화학양론은 이 모델의 이전 버전(**chemdos**)에서는 파라미터로 이용 가능하였지만 현재는 알려진 화학양론으로부터 계산됩니다.

더하여, **chemeq** 모델은 모든 침전 및 응집이 즉시 일어나는 것으로 가정하고, 직렬 화학약품 주입 객체의 흐름이 진행되는 과정에서 완료된다는 것을 의미하는 **평형** 모델로 쓰여집니다.

COD 구성 성분의 모든 질소와 인 분율은 침전이 일어난 후에 물질 수지에 대하여 재계산됩니다.

## 주입 제어기

chemeq 모델은 입력 변수 > 화학약품 주입량 메뉴에서 이용 가능한, P- 제거 주입 제어기를 포함합니다(**그림 11-4** 참고).

The dialog box titled '화학약품 주입량' (Chemical Substance Injection) contains the following fields and controls:

- [31] 화학약품: 알루미늄 이온 (Aluminum Ion)
- [31] 주입 모드: Mass Flow 기준 (Mass Flow Basis)
- [31] Mass flow 기준으로 주입: 0.0 kgMe/d
- [31] 유량에 비례하게 주입: 0.0 gMe/m3
- Buttons: 상세... (Details...), 승인 (Approve), 취소 (Cancel)

그림 11-4 주입 제어기 파라미터

제어기는 사용자가 원하는 유출수 P 농도를 지정할 수 있게 해주고, 화학양론 설정에 근거하여, 요구되는 금속 이온 주입량을, 역으로 계산합니다.

### **METALADD PRECIPITATION / COAGULATION MODEL**

**Metaladd** 모델은 metal 을 주입함으로써 용해성 P 의 제거를 모델링하는 semi-mechanistic 모델입니다. 모델 개발에 대한 중요한 가정사항은 다음과 같습니다.

1. Metal 의 종류는  $Me(OH)_3$  의 형태로 존재합니다. 다른 종류의 용해성 혹은 비용해성 metal 은 모델링되지 않습니다. 따라서 pH 범위 6 ~8 을 벗어나는 모델 결과는 적용되지 않습니다.
2. 침강성 물질의 양을 추정하기 위해서 금속성 인삼염의 용해성 생성물을 사용합니다.
3. 용해성 생성물은  $PO_4^{3-}$  이온을 근거로 하고, 이 이온은 용액의 pH 와  $H_3PO_4$ 의 해리 계수를 근거로 하여 추정합니다.
4. 제거 메커니즘은 즉각적인 것으로 가정합니다. 따라서, 반응조의 볼륨은 없는 것으로 가정합니다.

인라인 화학품 주입 객체에서 여러 가지 인 물질에 대한 mass balance 공식은 다음과 같습니다.

**Me(OH)<sub>3</sub> 농도에 대한 물질 수지 공식**

$$X_{me(oh)3,o} = X_{me(oh)3,in} + a.P_{me} - b.X_{mepo4,formed} \quad (11-2)$$

**용해성 인 농도에 대한 물질 수지 공식**

$$S_{p,o} = S_{p,in} - c.X_{mepo4,formed} \quad (11-3)$$

**MePO<sub>4</sub> 농도에 대한 물질 수지 공식**

$$X_{mepo4,o} = X_{mepo4,in} + X_{mepo4,formed} \quad (11-4)$$

메탈 이온, 인산염 이온, 용해성 물질 간의 관계를 묘사한 공식은 다음과 같습니다.

$$\frac{X_{me(oh)3,o}}{a} \cdot S_{p,o} \cdot \alpha = k_{SP} \quad (11-5)$$

여기서,

$X_{me(oh)3,o}$  = 출구(outlet)에서 metal hydroxide 농도, gMe/m<sup>3</sup>

$X_{me(oh)3,in}$  = 입구(inlet) 에서 metal hydroxide 농도, gMe/m<sup>3</sup>

$P_{me}$  = metal 주입, gMe /m<sup>3</sup>

$a$  = 전환 계수, gMe(OH)<sub>3</sub> /g Me

$X_{mepo4,formed}$  = 형성된 침강물의 농도, g MePO<sub>4</sub>/m<sup>3</sup>

$b$  = 전환 계수, gMe(OH)<sub>3</sub>/ g MePO<sub>4</sub>

$c$  = 전환 계수, g P/g MePO<sub>4</sub>

$\alpha$  = 총 orthophosphate 농도에서 PO<sub>4</sub><sup>3-</sup> 추정하기 위한 해리 계수

위의 방정식들은 인라인 화학품 주입 객체에서 용해성 인을 제거를 계산하기 위해서 동시에 계산됩니다. 모델에서 주요 보정 계수는 금속성 인산염의 용해성 물질의 생성입니다. 기본값은 문헌의 보고된 값들을 기본으로 하고 있습니다. 그러나, 이 값들은 하수의 성상, P 침강 공정에 영향을 미치는 기타 상황이나 혼합 방법등에 따라서 달라질수 있기 때문에 사용자가 조절할 수 있습니다.

추가로, P 침강에 대해서 metaladd 모델은 응집(flocculation) 동안에 콜로이달 COD(scol), 용해성 비활성 COD(si), 용해성 유기 질소(snd)의 제거를 모델링합니다. 다음은 경험적인 응집을 모델링하기 위해서 사용하는 공식과 가정(assumption) 사항입니다.

1. 용해성 물질을 응집하기 위해서 Metal 을 주입하는 것은 용해성 물질의 농도에 대한 함수입니다.
2. 제거 하려고 하는 단위 용해성 물질당 필요로 하는 metal 주입량은 최소 한계에서 exponential 함수로 표현합니다.

제거할 단위 SS 당 metal 주입량에 대한 방정식은 다음과 같습니다.

$$F = F_{\max} \cdot e^{-k_a C} + F_{\min} \quad (11-6)$$

여기서,

$F$  = 용해성 물질의 농도 C 에서 단위 용해성 물질당 소비되는 metal , g Me/g component

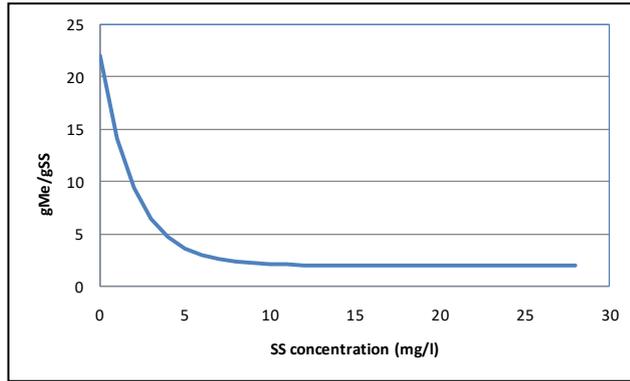
$C$  = 용해성 물질의 농도, g/m<sup>3</sup>

$F_{\max}$  = 단위 용해성 물질에 대한 최대 metal 소비량, g Me/g component

$F_{\min}$  = 단위 용해성 물질에 대한 최소 metal 소비량, g Me/g component

$k_a$  = 친화도 계수, m<sup>3</sup>/g

위의 방정식을 표현한 그래프로서 **그림 11-5**와 같다.



**그림 11-5 용해성 물질의 농도와 필요한 metal 주입양에 대한 그래프**

**그림 11-5** 는  $S_{in}$ (유입수의 용해성 물질 농도)와  $S_o$ (방류수의 용해성 물질의 농도) 사이의 통합 그래프로서 다음과 같은 표현을 유도합니다. 주어진 metal 주입과 inlet 농도에 대해서, 방정식은 방류수의 용해성 물질 농도인  $S_o$  를 추정하기 위해서 계산합니다.

$$P_{me} = \frac{F_{\max}}{k_a} \cdot [e^{-k_a S_o} - e^{-k_a S_{in}}] + F_{\min} \cdot (S_{in} - S_o) \quad (11-7)$$

$$P_{me,c} = \frac{F_{\max}}{k_a} \cdot [e^{-S_o k_a} - e^{-S_{in} k_a}] + F_{\min} \cdot (S_{in} - S_o) \quad (11-8)$$

여기서,

$P_{me}$  = metal 주입양, gMe/m<sup>3</sup>

$S_{in}$  = 유입수의 용해성 물질 농도, g/m<sup>3</sup>

$S_o$  = 방류수의 용해성 물질 농도, g/m<sup>3</sup>

이 모델에서  $F_{\max}$ ,  $F_{\min}$ ,  $k_a$  를 사용합니다.  $F_{\max}$  는 매우 낮은 농도에서 필요로 하는 metal 의 양으로 해석될 수 있습니다. 일반적으로 높은 용해성 물질의 농도에서 필요로 하는 metal 의 양보다, 낮은 농도에서 필요한 metal 의 양이 더 높은 것으로 관측되고 있습니다. ,  $F_{\min}$  은 높은 농도에서 필요한 metal 의 양으로 해석됩니다.  $k_a$  는  $F_{\min}$  과  $F_{\max}$  사이의 변환(전환)을 의미합니다. 높은 값의  $k_a$  는  $F_{\min}$  과  $F_{\max}$  사이의 급격한 변화를 의미하고, 높은 제거율을 의미합니다. 반대로, 낮은 값의  $k_a$  는 완만한 변화를 의미하고, 낮은 제거율을 의미합니다.

제거되는 용해성 물질의 처리에 대해서 중요하게 생각해야 합니다. 응집 공정을 통해서 질량의 손실을 야기하지 않지만, 제거된 용해성 물질은 입자성 상태로 전환됩니다.  $S_i$ ,  $s_{col}$ ,  $s_{nd}$  는 각각  $x_i$ ,  $x_s$ , 톤로 전환됩니다.

위에서 언급한 이와 같은 계수들은 주변의 환경적인 요소, 온도, pH, 혼합, 하수의 성상 등에 따라서 달라진다는 것을 유념해야 합니다. 따라서, 특별한 경우에 대해서는 적절한 데이터를 이용하여 보정하는 것을 권장하는 바입니다.

## 침사지

이 객체와 관련된 모델은 침사지에 들어오는 유량에 정비례하는 그릿 생성에 대한 간단한 실험적 모델입니다. 생성된 그릿의 양(g/유입수 m<sup>3</sup>)은 사용자가 지정합니다.

## STRUVITE 침전 모델

Struvite 침전 모델은 recycle 을 포함하고 있는 up-flow granular bed 반응조를 뜻합니다. 유출수 라인의 고형물농도와 그레놀상 높이를 예측하기 위해서 유동성 배드를 모델에서 사용합니다. 사용자가 설정한 배드의 유동성 속도를 맞추기 위해서 내부 반송을 설정합니다. 일반적인 struvite 반응조의 적용 레이아웃은 그림 11-6과 같습니다. Struvite 침전 객체의 일반적인 결과물은 그림 11-7과 그림 11-8과 같습니다.

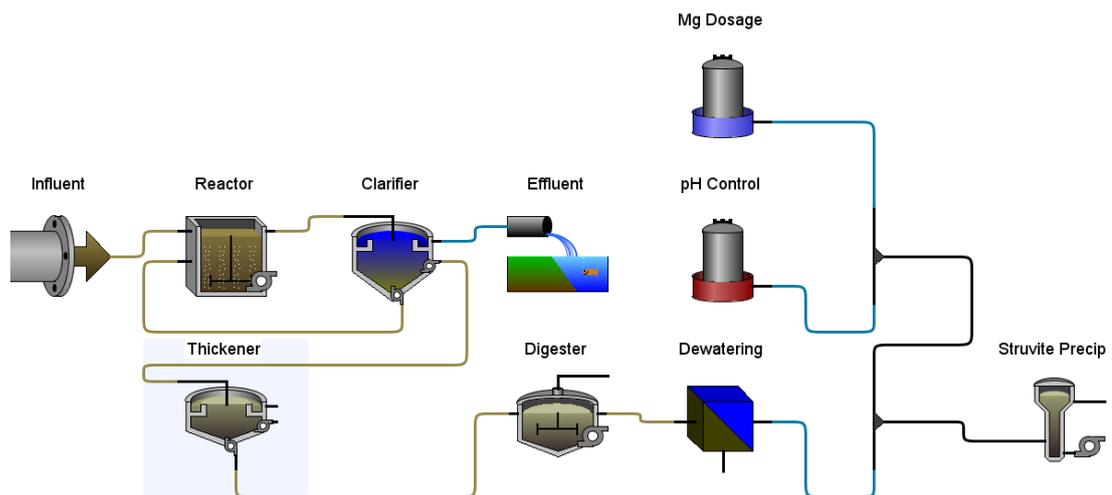


그림 11-6 전형적인 Struvite 공정 레이아웃

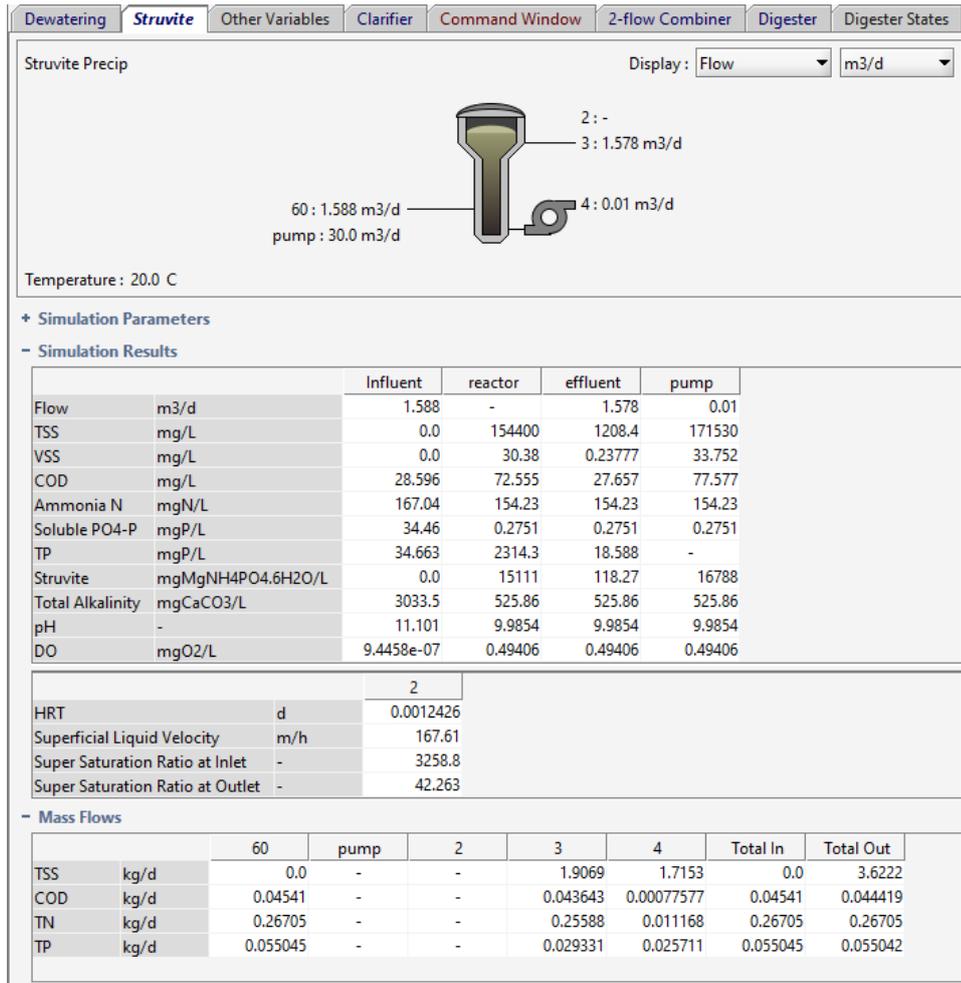


그림 11-7 Struvite 반응조에 대한 전형적인 공정 결과값

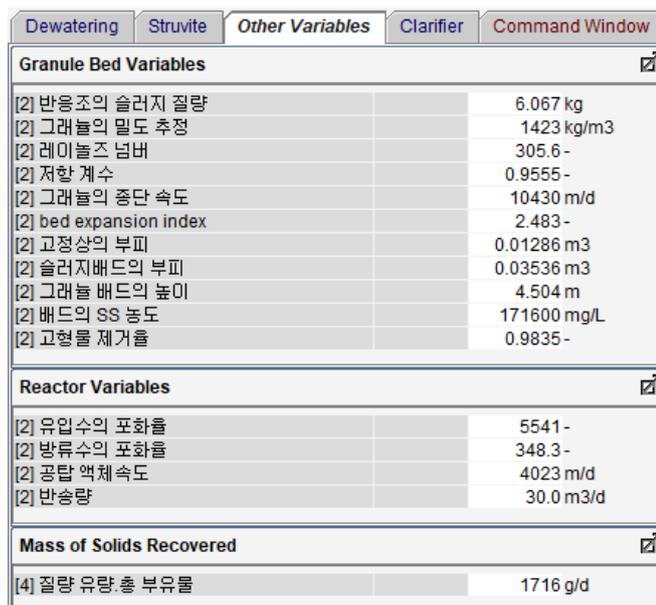


그림 11-8 Struvite 반응조 고형상 배드 부피에 대한 결과 화면

## 소독 객체

### 염소 소독에 따른 경험적 모델 (EMPIRIC)

이 객체와 관련된 **empiric** 모델은 소독 장치의 체류 시간에 근거하여 생존하는 대장균의 분율을 계산합니다. 상태 변수는 이 모델의 영향을 받지 않습니다. 생존 분율을 계산하는 모델로 다음의 방정식을 사용합니다:

$$survecoli = \exp(-kill \times ccl_2 \times t_{det}) \quad (11-9)$$

여기서:

$survecoli$  = 생존 *E.coli* 분율

$kill$  = 파괴 비율 ( $m^3/g/min$ )

$ccl_2$  = 염소 주입량 ( $g/m^3$ )

$t_{det}$  = 체류 시간(부피 / 유량 비율로 계산)

부피 및 염소 주입량, 파괴 비율은 운전상 파라미터에서 지정해 줍니다.

### UV 소독에 따른 WERF 모델 (WERFUV)

**werfuv** 모델은 UV 조사를 염소 소독에 비유한 1995 WERF 보고서(Water Environment Research Foundation, 1995)에서 설명한 경험적 모델에 근거합니다. 모델은 유출수 대장균 밀도를 추정합니다.

$$N = f(D)^n \quad (11-10)$$

여기서:

$N$  = 유출수 대장균 밀도 (MPN/100mL)

$D$  = UV 투여 ( $mW \cdot s/cm^3$ )

$n$  = UV 투여에 따른 경험적 상수 (단위 없음)

$f$  = 경험적 수질 요소 (단위 없음)

경험적 수질 요소,  $f$ 는 다음 식으로 설명되는 회귀로부터 결정됩니다:

$$f = A(SS)^a (UFT)^b \quad (11-11)$$

여기서:

$SS$  = 부유 고형물의 농도 (mg/L)

$UFT$  = 253.7nm 에서 비 여과 UV 투과율 (분율)

$A, a, b =$  경험적 상수 (단위 없음)

## 염소소독 모델

염소는 비용 효율성과 고효율로 인해 소독에 널리 사용됩니다. 소독 능력 외에도 염소는 폐수의 암모니아를 감소시킬 수 있습니다. 그러나 소독제로 염소를 사용하는 데 있어 주요 관심사는 Tri-Halo-Methane (THM) 및 Halo-Acetic Acid (HAA)와 같은 독성 부산물의 형성입니다. 부산물 생성은 하수에 존재하는 다양한 화합물과 차아염소산의 높은 반응성 때문에 제어 및 모니터링하기가 극히 어려울 수 있습니다. 소독 요구 사항을 충족시키기 위해서는 종종 염소 투여량을 최적화해야 합니다. 부산물 형성을 최소화하고 수생 환경에 대한 피해를 막기 위해 하수 유출수에서의 자유 염소 배출 한계를 충족시킬 수 있습니다.

염소와 암모니아 사이의 화학양론적 반응을 추정된 결합 및 유리 염소 잔류량으로 모델링 할 수 있는 경험적 염소화 모델이 개발되었습니다. 모델은 THM 생성과 HAA 형성을 산정하기 위해 경험적 관계를 사용합니다. 사용 가능한 염소량에 따라 소독 효과도 평가됩니다.

### 순간 염소 요구량

다음 식은 물에서 유기 화합물이 요구하는 순간 염소 요구량을 추정하는데 사용된다 (Dharmarajah et al., 1991). TOC 와 UV<sub>254</sub> 의 매개변수는 순간적인 염소 요구를 선도하는 대표적인 유기 화합물로 사용됩니다. (식 11-12)

$$C_{inst} = \exp \left[ -A_{1,inst} + A_{2,inst} \cdot \log \left( \frac{C_{dose}}{TOC} \right) + A_{3,inst} \cdot \log(UV_{254}) + A_{4,inst} \cdot \log(sTOC) \right]$$

여기서,

$C_{inst}$  – 순간 염소 요구량, mgCl<sub>2</sub>/L

$A_{1,inst}$  – 경험 상수 1, -

$A_{2,inst}$  – 경험 상수 2, -

$A_{3,inst}$  – 경험 상수 3, -

$A_{4,inst}$  – 경험 상수 4, -

sTOC – 용해성 총 유기 탄소, mg/L

UV<sub>254</sub> - 254nm 에서의 흡광도, cm-1

UV<sub>254</sub>는 UV<sub>254</sub>와 폐수에서 용해성 비활성 유기 화합물 (si) 사이의 선형 관계를 사용하여 계산됩니다.

### 염소 감쇠

일차 속도 방정식이 하수의 염소 감쇠를 모델링하는데 사용됩니다. (식 11-13)

$$\frac{C_{available}}{C_{dose}} = \frac{1}{1 + k_{inact} \cdot t}$$

여기서,

$C_{available}$  – 이용가능한 염소,  $mgCl_2/L$

$C_{dose}$  – 염소 투입량,  $mgCl_2/L$

$K_{inact}$  – 감쇠 상수,  $1/hr$

$t$  – 체류 시간 ( $t_{10}$ ),  $hr$

위의 식에서 염소 투입량은 순간 요구량으로 인해 손실된 염소에 대해 조정됩니다. 사용 가능한 순 염소는 염소 - 암모니아 반응 및 부산물 형성에 사용됩니다.

## 염소 - 암모니아 반응

전형적인 파괴점 염소처리 곡선은 그림 11-9 와 같습니다. 암모니아를 포함한 물에 염소를 첨가하면 모노 클로라민이 생성됩니다 (1 구역). 모든 암모니아가 반응한 후에 유리 염소는 모노 클로라민과 반응하여 디클로라민과 질소 가스 (2 구역)를 형성합니다. 유리 잔류 염소는 파괴점 염소처리 (3 구역) 이후에 나타나기 시작합니다.

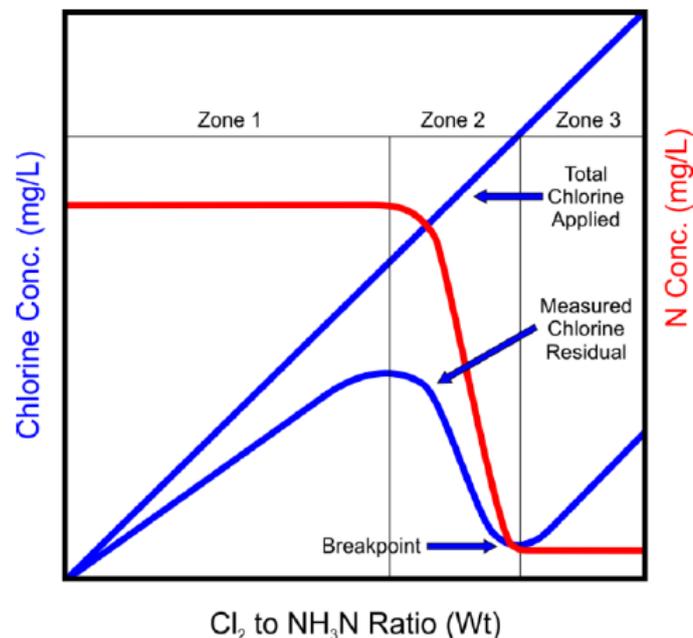


그림 11-9 파괴점 염소처리

구역 1 은  $Cl_2/NH_3-N$  비가 5.07 이하이고 클로로 유기 화합물과 모노 클로라민 화합물의 형성을 포함 할 때 발생한다. 디 클로 라민과 질소 트리 클로라이드의 생성은 무시할 만하다고 가정한다.

구역 2 는  $Cl_2/NH_3-N$  비가 5.07 이상 7.58 미만일 때 발생합니다. 클로라민과 클로로 유기 화합물은 이 구역에서 파괴되고 클로라민 농도는 파괴점에서 가장 낮아집니다. 이론상,  $Cl_2/NH_3-N$  비가 7.58 일 때 파괴점이 발생하고 모든 암모니아 질소가 염소에 의해 소비되고 유리 염소가 구역 3 에서 사용 가능하게 됩니다. 실제 화학양론 비가 수질 조성에 영향을 받을 수 있으므로 기본 화학양론 비는 모델의 사용자가 변경할 수 있습니다. 염소화 모델은 그림 11-9 에 표시된 파괴점 곡선을 재현하도록 개발되었습니다. 위의 반응 체계를 사용하여 시스템은 유리 염소 ( $HOCl$  및  $OCl^-$  형태의 염소), 결합 염소 (암모니아와

결합된 형태의 염소 및 총 염소 (자유 염소 + 결합 염소)를 계산합니다. 구역 3은 유리 염소 농도가 증가함에 따라 부산물 형성이 지배적이라고 가정하는 구역입니다.

구역 1에서는 암모니아가 클로라민으로 전환되므로 질소의 손실은 고려하지 않습니다. 구역 2에서 클로라민의 일부는 완전히 산화되어 질소 손실을 질소 가스로 유도합니다.

### 부산물 생성 - 트리할로메탄 (TTHM)

Trihalomethane (THM)의 형성은 차아염소산 (유리 염소)의 존재 하에서 발생합니다. 총 trihalomethane (TTHM) 형성의 농도를 결정하는 데 사용되는 표현은 Amy et al. (1987)에 의해 수행된 배치 실험 작업을 기반으로 하며 아래에 제시됩니다.(식 11-14)

$$C_{TTHM} = A_{1,TTHM} (UV_{254} \cdot TOC)^{A_{TOC,TTHM}} \cdot (Cl_2)^{A_{Cl,TTHM}} (t)^{A_{dt,TTHM}} \cdot (T)^{A_{T,TTHM}} \cdot (pH - 2.6)^{A_{pH,TTHM}} \cdot (C_{Br} + 1)^{A_{Br,TTHM}}$$

여기서,

$C_{TTHM}$  = 총 트리할로메탄 농도 ( $\mu\text{mole/L}$ )

$UV_{254}$  = 254nm 에서 물의 UV 흡광도; 1cm 경로 길이 ( $\text{cm}^{-1}$ )

$Cl_2$  = 잔류 염소 ( $\text{mgCl}_2/\text{L}$ )

$t$  = 배치 반응조에서의 반응 시간 (hr)

$T$  = 온도 ( $^{\circ}\text{C}$ )

$pH$  = 염소 반응 후의 pH (-)

$Br$  = 원수의 브롬화물 농도 ( $\text{mg/L}$ )

반응 시간  $t$ 는 단위 공정에 대한  $t_{50}$  값으로 표시되는 것으로 간주됩니다. 클로라민이 존재하는 경우, TTHM 형성은 염소만 존재하는 경우에 비해 감소하는 것으로 관찰되었습니다. 결과적으로, 일반적인 TTHM 방정식의 0.2 배는 클로라민이 존재할 때 적용됩니다 (USEPA, 1992).

### 부산물 생성 - HALOACETIC ACID (HAA)

Haloacetic Acid (HAA) 형성은 AWWA Technical Advisory Workgroup's (TAW) 작업을 기반으로 합니다. 자료는 8 개 시설의 물을 사용하여 96 시간 동안 일련의 배치 실험에서 얻은 것입니다. 작업은 USEPA (1992)에 제시되어 있으며 기본 모델로 사용됩니다. HAA 형성을 결정하는데 사용된 표현은 아래에 제시되어 있으며 USEPA (1992)에서 얻은 것입니다. (식 11-15~11.17)

$$C_{MCAA} = A_{1,MCAA} (sTOC)^{A_{TOC,MCAA}} \cdot (Cl_2)^{A_{Cl,MCAA}} (t)^{A_{dt,MCAA}} \cdot (pH)^{A_{pH,MCAA}} \cdot (C_{Br} + 0.01)^{A_{Br,MCAA}}$$

$$C_{DCAA} = A_{1,DCAA} (sTOC)^{A_{TOC,DCAA}} (Cl_2)^{A_{cl,DCAA}} (t)^{A_{dt,DCAA}} (UV_{254})^{A_{UV,DCAA}} (C_{Br} + 0.01)^{A_{Br,DCAA}} (T)^{A_{T,DCAA}}$$

$$C_{TCAA} = A_{1,TCAA} (sTOC)^{A_{TOC,TCAA}} (Cl_2)^{A_{cl,TCAA}} (t)^{A_{dt,TCAA}} (pH)^{A_{pH,TCAA}} (C_{Br} + 0.01)^{A_{Br,TCAA}} (UV_{254})^{A_{UV,TCAA}}$$

여기서,

$C_{MCAA}$  = 모노클로로아세트산 ( $\mu\text{g/L}$ )

$C_{DCAA}$  = 디클로로아세트산 ( $\mu\text{g/L}$ )

$C_{TCAA}$  = 트리클로로아세트산 ( $\mu\text{g/L}$ )

sTOC = 용해성 TOC, mg/L

$A_i, j$  는 경험적 모델 상수입니다.  $t_{50}$  값은 반응기 시간  $t$  를 나타내는 것으로 가정합니다. 클로라민이 존재할 경우, 0.2 의 인자가 각각의 HAA 항목별 농도에 적용되며, 클로라민이 존재할 때 TTHMS 에 사용된 접근법과 유사합니다.

## 소독 모델

다음 방정식은 소독에 대한 로그 불활성화를 추정하는데 사용됩니다. (식 11-18~11-20)

$$\log \text{ inactivation} = \frac{(\text{chlorine dose})(t)(t_{10} \text{ ratio})}{(0.2828)(pH^{2.69})(\text{chlorine dose}^{0.15})(0.933^{(T-5)})}$$

$$\text{coliform count} = \frac{(\text{initial coliform count})}{10^{(\log \text{ inactivation})}}$$

$$t = \frac{24 * 60 * V}{Q}$$

여기서,

$t$  = 배치 반응조에서의 시간 (min)

$V$  = 배치 반응조의 부피 ( $\text{m}^3$ )

$Q$  = 하수 유량 ( $\text{m}^3/\text{d}$ )

염소 투입량 = 배치 반응조의 현재 염소량 ( $\text{g}/\text{m}^3$ )

$t_{10}$  비 = 배플 인자 (짧은 단락 인자)

pH = 염소 반응 후 pH (-)

$T$  = 온도 ( $^{\circ}\text{C}$ )

## 탈수

탈수 객체에는 4 가지의 모델이 적용가능합니다. **asce**, **empiric**, **simple** 및 **press** 모델입니다. 모든 모델은 고형물 제거에 대해서 시뮬레이션하지만 각 모델마다 다른 탈수 기술을 적용하여 보정합니다.

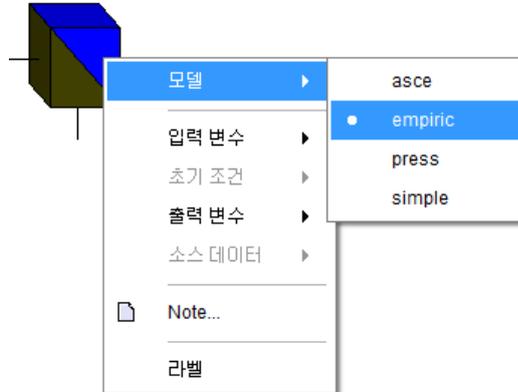


그림 11-10 탈수 객체 모델

### ASCE 모델

**asce** 모델은 ASCE (American Society of Civil Engineers, 1988)의 벨트 여과 압력 Task Committee 의 연구 논문에 근거합니다. 미국 전역에서 실시한 조사의 일부로 수집된 정보와 관계된 이러한 작업을 기초로, feed 고형물과 케이크 농도 사이에서 관계식을 개발하였습니다. **일차 슬러지 분율**(즉, 일차 슬러지를 발생시키는 공정에서 슬러지의 퍼센트)는 장치의 케이크 고형물 결정에서 주된 파라미터입니다. **고형물 제거**는 고형물 농도를 결정하는데 사용하고 개발된 관계는 케이크 고형물을 결정하는데 사용합니다. 물질 수지는 2 개의 출력 흐름을 결정하는데 사용합니다.

### EMPIRIC 모델

탈수기 객체의 Empiric 모델은 사용자가 반송 슬러지 농도와 반송량을 직접 입력하거나, 반송량 혹은 고형물 농도에 대한 농도 제거율을 직접 입력하고자 할 때 사용합니다.

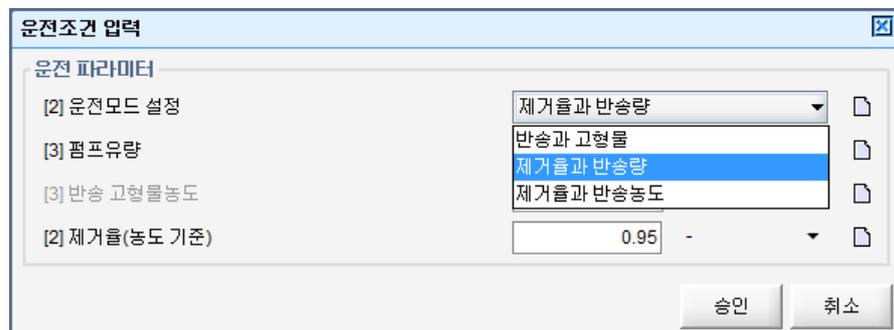


그림 11-11 Empiric 모델의 운전조건 입력 메뉴

운전조건 입력 메뉴에서, 사용자는 드롭다운 단추를 클릭해서 제거율 방법에 대한 설정을 선택합니다. 선택하면 해당 입력해야 할 필드가 활성화 됩니다. (펌프량, 반송 슬러지 농도 및 제거율 등)

옵션 3 가지 옵션중에서 선택을 하면, 케이크의 농도와 및 여과액 유량을 결정짓는 물질수지 및 유량 발란스를 계산합니다. (아래의 **Simple 모델**과 유사한 방식)

## **SIMPLE 모델**

**Simple** 모델에서, 사용자는 2 개의 운전상 파라미터를 입력합니다: **고형물 회수 (%)**, 및 **폴리머 주입량 (g/m<sup>3</sup>)**. 이 두 가지 파라미터로, 탈수 파라미터 (**입력 변수 > 보정 항목** 내의)와 입력 고형물 농도 ( $X_i$ ), 케이크 ( $X_s$ ) 및 centrate ( $X_o$ ) 고형물 농도를 계산합니다:

$$X_o = \left(1 - \frac{\text{solids capture}}{100}\right) \times X_i \quad (11-21)$$

최적 폴리머 주입량과 처리 가능 슬러지는 장치의 성능을 정의하는데 이용합니다. 처리를 위한 최소 슬러지 농도는 장치가 운전되지 않을 때의 한계 농도입니다. 케이크 건조 물질 함량은 처리 가능성과 최적 폴리머 주입량에서 슬러지 처리 용이, 최적 폴리머 주입량에서 슬러지 처리 난항, 및 폴리머 주입량이 없는 슬러지 처리 난항으로부터 예상한 함량의 함수입니다.

다음의 물질 수지를 사용하여, 유출 유량( $Q_o$  및  $Q_s$ )을 계산할 수 있습니다:

$$Q_i X_i = Q_o X_o + Q_s X_s \quad (11-22)$$

## **PRESS 모델**

**press** 모델은 **simple** 모델에 근거하지만, 이에 더하여, **여과기 압력 표면**과 **최대 압력** 치 파라미터가 있습니다. 이 두 가 파라미터는 압력상에서 부하가 증가하는 만큼 탈수의 감소된 효율성을 모델링 하는데 이용합니다.

탈수 객체와 농축조 객체를 혼동해서는 안됩니다. 농축조는 nonreactive 침전 탱크와 같이 설정됩니다. **침전 모델**은 제 8 장에서 설명합니다.

## **DIFFERENTIAL 모델**

고형물-액체 분리 장치(원심력 분리기, 볼텍스 분리기등)를 이용하면 밀도의 차이로 인해서 유기물 입자물질에 비해서 무기물 입자성물질이 좀더 높은 효율로 제거됩니다. 또한 입자의 사이즈와 응집성질에 따라서 다양한 유기물 입자물질간에 상대적인 제거율의 차이가 있습니다.

슬러지 제거 시스템(예를 들어, Canibal 공정)에서 비활성 유기물질이 더욱 제거가 잘 되는 것으로 나타났습니다. 각 입자의 상태변수에 따라서 제거율이 달라지는 탈수 공정을 시뮬레이션 할 때에는 경험적 고-액분기 모델로써 본 모델을 사용합니다.

Differential settling 모델에서, 유출수의 입자성물질 농도를 계산하기 위해서는 다음의 공식을 따릅니다.

$$X_{j,o} = (1 - \alpha_{eff}) \cdot X_{j,in} \quad (11-23)$$

여기서,

$X_{j,o}$  = 유출수의 입자성 물질 농도  $j$ , mg/L

$X_{j,in}$  = 유출수의 입자성 물질 농도  $j$ , mg/L

$a_{eff}$  = 제거율

객체 주변의 물질수지를 맞추기 위하여 반송 라인의 농도는 다음과 같이 계산합니다.

$$X_{j,un} = \frac{X_{j,in} Q_{in} - (1 - a_{eff}) \cdot X_{j,in} \cdot Q_o}{Q_{un}} \quad (11-24)$$

여기서,

$X_{i,un}$  = 반송라인의 입자성 물질 농도  $j$ , mg/L

$Q_{in}$  = 유입 유량, m<sup>3</sup>/d

$Q_o$  = 유출 유량, m<sup>3</sup>/d

$Q_{un}$  = 반송량, m<sup>3</sup>/d

반송량  $Q_{un}$  는 유입 유량은 사용자가 상수값으로 입력하거나 유입수 유량의 비율로 입력합니다. 월류량은 다음의 공식과 같이 물질수지를 계산합니다.

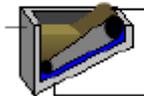
$$Q_o = Q_{in} - Q_{un} \quad (11-25)$$

유입수의 용해성물질은 변형없이 유출수와 반송라인으로 맵핑됩니다.

## 디스크와 벨트 마이크로스크린

디스크와 벨트 마이크로 스크린 객체는 위에서 언급한 경험적인 고형물 제거율 모델을 포함하고 있지만, 기본적인 제거율은 다릅니다. 디스크 마이크로스크린 객체는 후처리 공정 그룹에 속해있고, 벨트 마이크로스크린 객체는 전처리 공정에 포함되어 있습니다. 두 공정 모두 **경험적인** 고형물 제거율을 모델링합니다.

**Belt Microscreen**



**Disc Microscreen**

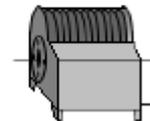
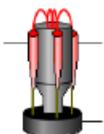


그림 11-12 벨트와 디스크 마이크로스크린 객체

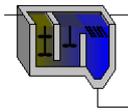
## 하이드로사이클론 (DIFFERENTIAL)



공정 테이블의 슬러지 처리 섹션에 있는 하이드로사이클론 모델은 간단한 고체 분리 단위 공정입니다. 탈수 객체에서 위에서 논의한 것과 동일한 **differential** 모델을 사용합니다. 다양한 입자성 성분의 고형물 포집율은 일반적인 성능에 맞게 조정되었습니다. 특히, Anammox 바이오 매스의 고형물 포집율은 바이오매스가 우선적으로 정착되게 하는 무거운 성질을 반영하여 다른 바이오매스 유형의

고형물 포집율보다 높습니다.

## HIGH-RATE 모델 (고속 여과 모델)



고속 여과 모델은 “슬러지 처리” 공정 그룹에 속해 있습니다. 고속의 고형물 분리 모델링을 지원합니다.

### 모델 배경

Highrate 모델은 CSOs와 같은 강우량이 많을 때 고효율 처리를 위하여 Gall et al. (1997) & Schraa et al. (2004)이 개발한 vortex separation과 retention treatment(RTB) 모델에 기반을 두고 있습니다. 이 모델은 1차 침전지, 화학적으로 처리가 된 1차 침전지, RTB, vortex separators, 연속 역세척 필터, ballasted flocculation (e.g. Actiflo) 및 슬러지 재활용 (예: Densadeg) 시스템에 적용할 수 있습니다.

Highrate 모델은 수리학적 홍수 추적 및 침강요소를 포함하고 있습니다. 수리적 요소로는 동적인 체적 및 물질수지를 계산하는 알고리즘을 포함하고 있고, 침강 요소로는 유입수 TSS 농도와 침강성, SOR(Surface overflow rate)와 침강성과 같은 관계를 포함하고 있습니다. Highrate retention treatment basin의 침강성 모델은 다음의 공식과 같습니다.

$$E = 100E_u \left( 1 - e^{-\frac{TSS_{inf}}{C_{TSS}}} \right) \left( 1 - \frac{SOR}{SOR + K} \right) \tag{11-26}$$

여기서,

- $E$  = 농도 기반 제거율 (%)
- $E_u$  = 절대 침전 고형물 분율(at high influent TSS)
- $C_{TSS}$  = 제거율 vs. 유입수 TSS 관계의 지수 형태 관계를 제어하는 파라미터
- $TSS_{inf}$  = 유입수의 총 TSS 농도 (mg/L)
- $SOR$  = 표면부하율 (m/h)
- $K$  = 0.5  $E_u$ 에서의 표면부하율

$E_u$ ,  $C_{TSS}$ 와  $K$  값은 반드시 실측 데이터를 이용해서 보정이 되어야 합니다. 보정을 하면 모델은 주어진 유입수 TSS와 SOR을 TSS의 관점에서 high-rate 고형물 제거 공정의 제거율을 예측할 수 있습니다.

GPS-X에서 제공하는 기본적인 침전 모델 파라미터는 원저대학교에서 연구한 캐나다 온타리오 원저의 Lou Romano Water Reclamation Plant (LRWRP)에서 운전했던 파일럿 규모의 RTB 공정의 데이터를 기반으로 하고 있습니다. 이 공정은 단독 응집제로서 양이온성 폴리머를 다량으로 주입하고 있었습니다. **그림 11-13**는 파일럿 플랜트의 침전 데이터에 대한 3D 그래프입니다. 폴리머를 사용하지 않은 테스트는 데이터에서 제외하였습니다. 동그라미는 데이터 포인트를 나타내고, 선들은 포인트가 어디에 위치에 있는지 알려주는 지표입니다.

고정된 유입수 TSS 농도에서 SOR이 증가함에 따라서 제거율은 감소하는 것으로 관측되었습니다. 고정 SOR 값에서 제거율은 유입수의 증가에 따라서 지수적으로 증가하다가 TSS의 값이 약 500mg/L 이상 되면 평균화되는 경향을 보였습니다.

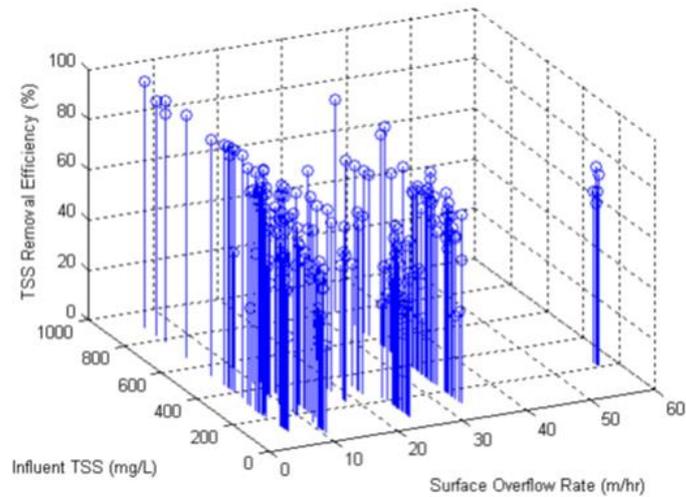


그림 11-13 TSS 제거율 vs. 유입수 TSS 와 SOR(원저 대학교 RTB 의 파일럿 데이터)

침전 모델은 그림 11-13 과 같이 GPS-X 의 최적화 툴을 사용해서 전체 파일럿 데이터에 대한 보정을 하는 것입니다. (즉, 최소 절대 파라미터 추정) 보정된 파라미터는 다음과 같습니다.

$$E_U = 0.86 \text{ (높은 유입수 TSS 에서 절대 침전 고형물 분율)}$$

$$C_{TSS} = 82 \text{ mg/L (제거율 vs. 유입수 TSS 관계의 지수 형태 관계를 제어하는 파라미터)}$$

$$K = 93 \text{ m/h (0.5 } E_U \text{에서의 표면부하율)}$$

그림 11-14 은 보정된 침전 모델의 3D 그래프입니다. 그림을 살펴보면 그림 11-13 의 측정된 데이터와 동일한 경향을 보이는 것을 알 수 있습니다. 보정된 침전모델의 성능을 확인해보기 위해서 파일럿 테스트로 유입수 TSS 측정농도와 full RTB 모델을 사용해서 다이내믹 시뮬레이션을 수행했습니다. 시뮬레이션 결과는 측정된 파일럿 연구결과의 주어진 측정 오차와 합리적인 수준으로 잘 맞는 것으로 나타났습니다.

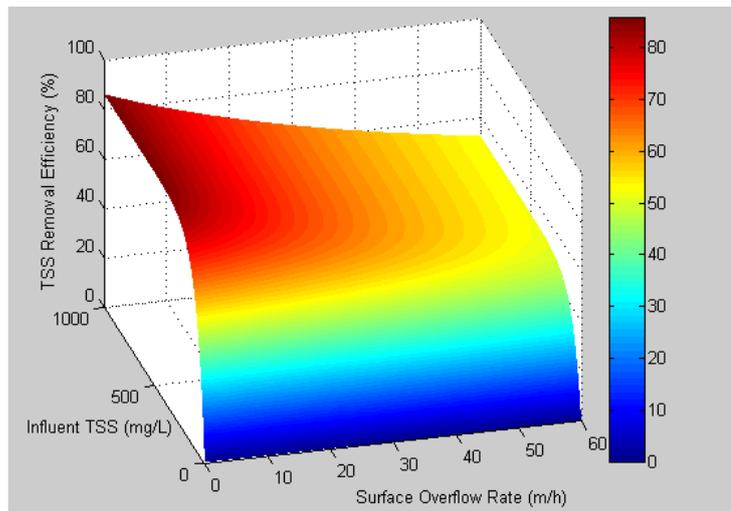


그림 11-14 보정된 침전 모델의 그래프

## 사이즈 입력 메뉴

고속 여과처리 객체에서 마우스 우측을 클릭해서 **입력 변수 > 사이즈 입력** 메뉴로 들어가면 **그림 11-15**와 같은 대화창이 나타납니다. 파라미터에 대한 설명은 다음과 같습니다.

- 운전중인 트레인 개수 : 고속여과 처리 트레인의 개수를 입력합니다.
- 트레인 당 표면적 : 각 트레인의 표면적을 입력 (모든 트레인은 동일한 표면적을 갖는 것으로 가정). 기본 단위는 SI, m<sup>2</sup> 입니다.

그림 11-15 고속 여과 처리 모델 운전조건 입력 메뉴

## 운전조건 입력 메뉴

탈수기 객체의 마우스 우측을 클릭해서 **입력 변수 > 운전조건 입력**을 클릭하면 **그림 11-16** 과 같은 대화창이 나타납니다. 파라미터에 대한 설명은 다음과 같습니다.

운전조건 입력			
<b>고속여과 모델</b>			
[2] 적용 공식	고정 TSS 제거율		
[2] 최대 침전가능 고형물 분율	0.8579	-	
[2] TSS 의존 지수의 상수	81.55	mg/L	
[2] 반최대 TSS제거율의 표면 부하량	2232.0	m/d	
<b>운전 파라미터</b>			
[2] 반송 설정	반송율		
[3] 반송량	1.5	m3/d	
[3] 반송 농도	20000.0	mg/L	
<b>마이크로샌드 보충</b>			
[2] 모래 보충	유량 기준		
[2] 처리 유량당 필요한 모래 보충량	0.0	mg/L	
[2] 마이크로샌드 보충 주입량	0.0	kg/d	
[2] 슬러지에서 유실되는 마이크로샌드의 분율	1.0	-	
<b>폴리머 주입</b>			
[2] 폴리머 주입 방식	유량 기준		
[2] 폴리머 주입량	0.0	mg/L	
[2] 폴리머 주입 질량	0.0	kg/d	
		승인	취소

그림 11-16 고속여과 처리 모델의 운전조건 메뉴

### 고속여과 모델 하위 항목

적용 공식 - 사용할 침전 모델을 입력합니다. 사용자는 다음의 옵션중에서 선택합니다. 고정 TSS 제거율, 유입수 TSS 농도 지수함수, SOR 관계 전환함수, 결합식.

- **고정 TSS 제거율** : 유입수 TSS 농도를 기반으로 유출수 TSS 농도를 계산하기 위해서 최대 침전 고형물 분율을 사용합니다. 예를 들어, 침전 모델로써  $E = 100E_u$ 를 사용
- **유입수 TSS 농도의 지수 함수** : 유입수 TSS 에 대해서 유출수 TSS 농도를 계산하기 위해서 지수 형태의 표현을 사용합니다. 예를 들어, 침전 모델로써 다음과 같은 식을 사용하고, 유입수 TSS 농도가 증가할 때 TSS 제거율도 증가합니다. (식 11-27)

$$E = 100E_u \left( 1 - e^{-\frac{TSS_{inf}}{CTSS}} \right)$$

- **SOR 관계 전환 함수** : 유출수 TSS 농도를 계산하기 위해서 SOR 을 기반으로 하여 Swithcing Function 을 사용합니다. 예를 들어, 침전 모델로 다음의 공식을 사용하고 이 모델은 높은 SORs 에서 제거율이 감소됩니다. (식 11-28)

$$E = 100E_u \left( 1 - \frac{SOR}{SOR+K} \right)$$

- **결합식** : 유입수 TSS와 SOR을 기반으로 하여 유출수 TSS를 계산하는 전체 침전 공식을 사용합니다. 침전 델은 공식 아래 **식 11-29**을 사용합니다.

$$E = 100E_u \left( 1 - e^{-\frac{TSS_{inf}}{C_{TSS}}} \right) \left( 1 - \frac{SOR}{SOR+K} \right)$$

**최대 침전가능 고형물 분율**: TSS 제거율을 기반으로 하여 침전가능한 분율을 입력합니다. 가장 높은 TSS 제거율에 도달했을 경우를 의미하고 무차원으로 단위는 없고, %로 입력할 수 있습니다.

**TSS 의존 지수의 상수**: 제거율 vs. 유입수 TSS 관계의 지수형태에 관련됩니다. 이 파라미터를 증가시키면 TSS 기반의 제거율은 감소합니다. 기본 단위로 SI 단위인 mg/L를 사용합니다.

**반최대 TSS 제거율의 표면 부하량**: 제거율의 반포화 계수 vs. SOR swiching function 관계를 나타냅니다. 이 파라미터가 증가하면 TSS 제거율은 증가합니다. 기본 단위로 SI 단위인 m/d를 사용합니다.

### 운전 파라미터 하위 항목

**반송 설정 (Underflow Setup)**: 드롭다운 메뉴를 이용해서 반송량과 농도를 선택합니다.

- **Underflow Rate (반송량)** : 반송량을 입력합니다. GPS-X 에서 물질수지를 사용해서 반송농도를 계산합니다.
- **Underflow Concentration (반송 농도)** : 반송 TSS 농도를 입력합니다. GPS-X 에서 물질수지를 이용해 반송량을 계산합니다.

**반송량 (Underflow Rate)**: 반송량 옵션을 선택하면 해당값을 입력합니다. 기본 단위는 SI 단위로 m<sup>3</sup>/d 입니다.

**반송 농도 (Underflow Concentration)**: 반송 농도 옵션을 선택하면 해당값을 입력합니다. 기본 단위는 SI 단위로 mg/L 입니다.

### 고속여과 처리 모델 출력 변수 양식 요약

결과를 보는 출력변수는 객체에 마우스를 대고 오른쪽을 클릭해서 볼 수 있습니다. **그림 11-17** 은 출력변수 메뉴의 모습입니다.

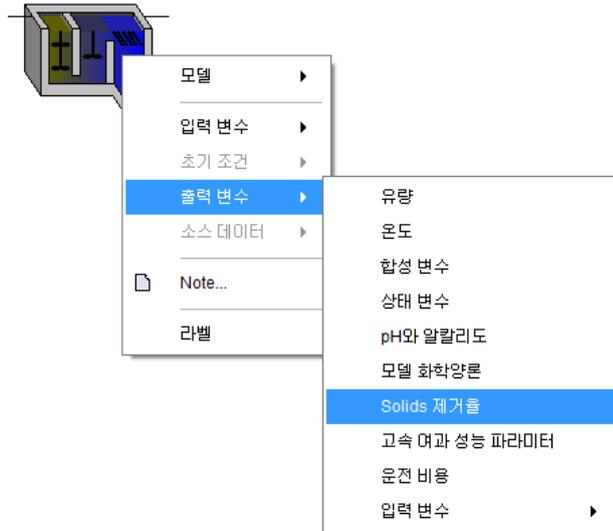


그림 11-17 고속여과 처리 모델의 출력변수 메뉴

고속여과 처리 모델의 출력 변수 메뉴의 옵션은 다음과 같습니다.

**고형물 제거율(Solids Removal Efficiency):** 그림 11-18와 같이 고형물 제거율 메뉴를 볼 수 있습니다. 사용자는 제거율에 대한 그래프를 설정할 수 있습니다.

**고속여과 성능 파라미터:** 그림 11-19는 고속여과 처리공정 부하율에 대한 대화창입니다. 사용자는 SOR 혹은 고형물 부하율을 결과로 표시할 수 있습니다.

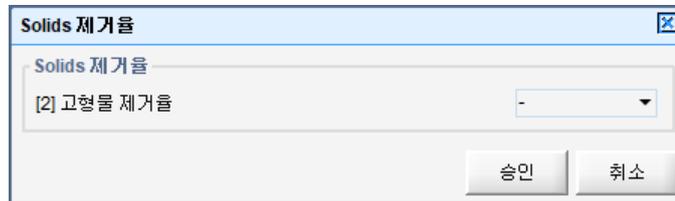


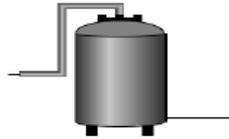
그림 11-18 출력변수의 고형물 제거율



그림 11-19 출력변수 고속여과 성능 파라미터

## 고도산화 공정 (AOP)

고도산화 단위 공정은 공정 테이블의 후처리 패널에 있습니다. 이 모델은 오존, 과산화수소 등과 같은 산화제를 사용하여 폐수에서 용해성 COD 제거를 모델링하는 경험적 모델입니다. 사용자가 지정한 산화제 용량 및 산화제 유효성 계수는 용해성 비활성 COD, 콜로이드성 COD, 쉽게 생분해되는 용해성 COD, 아세트산 COD, 프로피온산 COD 및 메탄올 COD 와 같은 용해성 유기 화합물을 산화시키는데 사용됩니다. 용해성 비활성 COD 와 관련된 질소 및 인 분율은 가수분해되어 오르토 - 인 및 암모니아 -N 농도의 농도를 증가시킵니다.



최대 COD 제거 효율을 위한 입력은 화학 물질 과량 투여시 유출수의 잔여 COD 를 제어하는데 사용됩니다. 유입수 흐름과 화학약품 투입량은 처리에 필요한 화학 물질의 양을 추정하는데 사용됩니다.

## 블랙 박스

블랙 박스 객체는 **empiric**, **pipe**, 및 **interchange** 의 3 가지 모델을 포함합니다.

### EMPIRIC 모델

**empiric** 모델은 입력 연결점과 출력 연결점 사이의 부유 고형물 및 BOD, TKN 의 값을 수정하도록 설정해 줄 수 있는 다수의 경험적 방정식들을 포함합니다.

이용 가능한 회귀 방정식은 다음과 같습니다:

- 1) 상수
- 2) 비례
- 3) 선형
- 4) 2 차의
- 5) 지수승
- 6) 파워
- 7) 사용자-정의

상호 관계 유형을 선택한 다음, 사용자는 독립 변수가 (유입 유량이나, 유입 농도 또는 둘 다) 무엇인지를 지정합니다. 마지막으로, 사용자는 복귀 방정식의 파라미터를 제공해야 합니다. **블랙 박스** 객체를 사용하여 설정할 수 있는 대표적인 방정식은 11-30 과 11-31 와 같습니다.

#### One independent variable (solids), with proportional regression

$$X_{out} = 0.4 * X_{in} \quad (11-30)$$

#### Two independent variables (flow and concentration), with linear regression

$$X_{out} = 10 + (0.1 * X_{in}) + (0.001 * Q_{in}) \quad (11-31)$$

## PIPE 모델

**pipe** 모델은 단위 공정 객체 사이의 관 또는 수로에서 아주 큰 체류 시간에 따른 지체 효과(lag effect)를 시뮬레이션 하는데 이용할 수 있습니다. 디폴트로, GPS-X 는 객체 사이에 어떤 이동 시간도 시뮬레이션 하지 않습니다.

**pipe** 모델은 어떠한 생물학적 반응도 없는 플러그 흐름 반응조 모델입니다.

## 펌프 모델

### 성능곡선을 이용한 펌프 에너지 모델

펌핑 시스템에서 사용되는 에너지는 펌프 효율, 펌프 수두 및 펌핑 용량에 따라 달라집니다. 주어진 펌프 용량에 대해서 펌프 수두와 펌프 효율이 결정됩니다. 필요한 펌프 수두는 파이프와 밸브 및 피팅에서 정적 수두와 동적 수두 손실을 극복해야 합니다. 정적 수두는 펌프 용량과 별개 이지만, 동적 수두는 펌프량과 파이프 시스템과 관계가 있습니다. 펌프 효율 역시 펌프 성능곡선과 펌프량과 관계가 있습니다. 단순 펌프 에너지 모델은 다양한 유량 조건에서 고정 수두와 고정 효율을 적용하고, 결과적으로 펌프 요구사항 계산시에 정확도가 떨어집니다. 또한 다양한 펌프 성능곡선 펌프들의 에너지 성능을 비교하는데 사용할 수 없습니다. 따라서 변동폭이 큰 펌프량을 시뮬레이션할 경우에는 적절한 펌프 성능곡선에 주의를 기울여야 더 나은 에너지 소비량을 계산할 수 있습니다.

GPS-X 에서는 고급 펌프 모델로 다양한 펌프량 조건에서의 다이내믹하게 펌프 수두와 펌프 효율을 추정할 수 있습니다. 두 가지 펌프 모델은 1) 고정 스피드 펌프 모델, 2) 다양한 스피드 펌프 모델로 나뉘어지고, 모델의 중요한 부분은 다음의 설명과 같습니다.

### 고정 스피드 펌프 모델

#### 시스템 커브 특성

성능 커브는 펌프 시스템에 대해서 정의되어 있어야 합니다. GPS-X 에서는 시스템 커브를 다음의 공식을 사용합니다. (식 11-32, 11-33)

$$h_{sys} = h_{static} + h_{dynamic}$$

$$h_{dynamic} = K \cdot Q^2$$

여기서,

$h_{static}$  = 정적 수두, m

$h_{dynamic}$  = 다이내믹 수두, m

$K$  = 다이내믹 수두 손실 계수

$Q$  = 시스템 유량

이 모델에는 시스템의 정수두인  $h_{static}$ 에 대한 입력 값이 필요합니다. 이 외에도 동수두 곡선의 점 ( $Q$ ,  $h_{dynamic}$ )을 사용자가 지정해야 합니다. 곡선상의 이 점은 동적 수두손실 계수 ( $K$ )를 추정합니다. 시스템 커브 특성에 대한 GPS-X 입력 화면은 아래 그림 11-20와 11-21과 같습니다.

시스템 특성

시스템 손실수두

[12] 정적 시스템 수두 10.0 m

다이내믹 수두 계산 데이터 (...)

승인 취소

그림 11-20 정수두의 시스템 커브에 대한 입력 대화창

다이내믹 수두 계산 데이터

	system flow rate m3/d	dynamic system head ...
시스템 운전점 (Curve Point)	23800.0	5.0

승인 취소

그림 11-21 동수두의 시스템 커브에 대한 입력 대화창

## 펌프 커브 특성

펌프 모델에는 펌프 특성 곡선의 입력이 필요합니다. 사용자는 펌프 곡선에서 선택한 지점 수에 대해 펌프 유량, 펌프 수두 및 펌프 효율을 설정하여 펌프의 특정 속도에 대한 펌프 특성 곡선을 제공할 수 있습니다. 예를 아래 표에 나타냅니다.

Table 11-2. 펌프 특성의 예시

Points on Pump Curve	Pump Flowrate	Pump Head	Pump Efficiency
(-)	(m <sup>3</sup> /hr)	(m)	(%)
Point 1	0	22.7	0.0
Point 2	250	21.8	19.1
Point 3	500	20.7	20.0
Point 4	750	19.8	37.3
Point 5	1000	18.7	63.6
Point 6	1250	17.6	72.7
Point 7	1500	16.5	78.2
Point 8	1750	15.6	82.7
Point 9	2000	14.5	84.5
Point 10	2250	13.6	86.4
Point 11	2500	12.4	86.4
Point 12	2750	11.3	85.5
Point 13	3000	10.0	82.7
Point 14	3250	8.5	77.3
Point 15	3500	6.9	69.1

주어진 유속에 대해 모델은 펌프 특성 곡선과 시스템 수두 손실 특성을 사용하여 시스템 운전점을 계산합니다 (그림 11-22). 펌프 운전점을 기준으로 펌프 효율, 펌프 대수 및 펌핑시 에너지 소비량을 계산합니다.

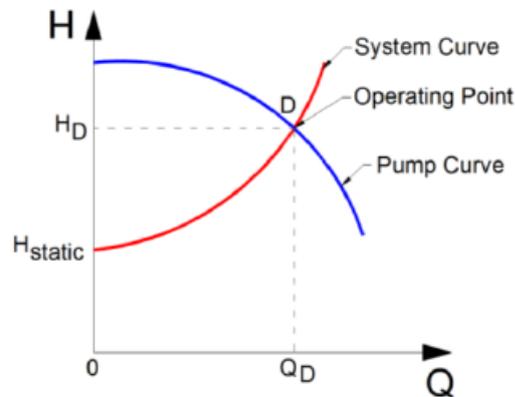


그림 11-22 펌프와 시스템 곡선에 따른 펌프 운전점

## 변속 펌프

이 모델에서 사용자는 변속 모드로 펌프를 가동하고 주어진 시스템 조건에 대해 고정 속도 펌프를 가변 속도 펌프로 전환하여 에너지 절약을 예측할 수 있습니다. 가변 속도 펌프의 모델에는 ON 및 OFF 스위치가 있습니다. 고정 속도 펌프에 필요한 위의 사용자 입력 외에 펌프의 최소 및 최대 속도에 대한 추가 입력이 필요합니다. 가변 속도 모델은 에너지 최적화 알고리즘으로 구축되어 펌프 에너지 소비가 최소화되는 펌프 속도를 모델이 찾습니다. 가변 속도 펌프의 일반적인 출력은 다음과 같습니다.

- 1) 작동해야하는 펌프 수

- 2) 펌프의 속도
- 3) 펌프 효율
- 4) 시스템 수두, 펌프 수두

펌프의 다른 속도에서 유량, 펌프 수두 및 동력 요구량을 계산하기 위해 다음과 같은 affinity 방정식이 사용됩니다.

$$\text{Affinity Law \#1: } \frac{Q_1}{Q_2} = \frac{N_1}{N_2}$$

$$\text{Affinity Law \#2: } \frac{H_1}{H_2} = \left(\frac{N_1}{N_2}\right)^2$$

$$\text{Affinity Law \#3: } \frac{P_1}{P_2} = \left(\frac{N_1}{N_2}\right)^3$$

여기서,

$Q_1 = N_1$  속도에서의 유량,  $m^3/d$

$Q_2 = N_2$  속도에서의 유량,  $m^3/d$

$H_1 = N_1$  속도에서의 펌프 수두, m

$H_2 = N_2$  속도에서의 펌프 수두, m

$P_1 = N_1$  속도에서의 필요 동력, kW

$P_2 = N_2$  속도에서의 필요 동력, kW

서로 다른 펌프 속도에서의 펌프 곡선의 변화는 그림 11-23 와 같습니다.

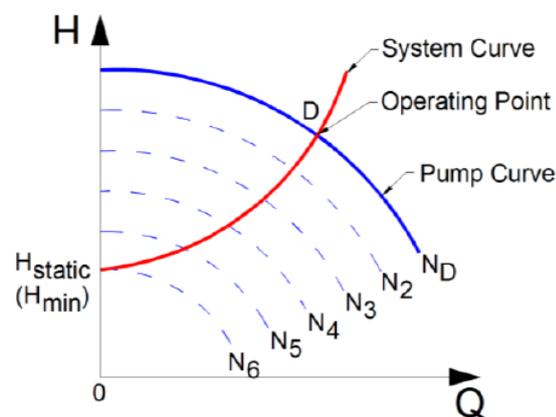


그림 11-23 다른 펌프 속도에서의 펌프 곡선

변속 펌프에서는 VFD 전력 효율 계수가 도입되어 전력을 고려합니다. 소비 전력을 계산하는 식은 다음과 같습니다.

$$P_{\text{hydraulic}} = \rho \cdot g \cdot Q \cdot H$$

$$P_{\text{shaft}} = P_{\text{hydraulic}} / \eta_{\text{pump}}$$

$$P_{\text{motor}} = P_{\text{shaft}} / \eta_{\text{motor}}$$

$$P_{\text{input}} = P_{\text{motor}} / \eta_{\text{VFD}}$$

여기서,

P = 동력, kW

$\rho$  = 물의 밀도, kg/m<sup>3</sup>

g = 중력 가속도, m/s<sup>2</sup>

Q = 유량, m<sup>3</sup>/d

H = 총 수두, m

$\eta_{\text{pump}}$  = 수리학적 펌프 효율

$\eta_{\text{motor}}$  = 모터 효율

$\eta_{\text{VFD}}$  = VFD (variable frequency drive) 효율

**펌프 데이터**

**펌프 성능곡선**

[12] 펌프 커브에 대한 스피드	<input type="text" value="1750.0"/>	rpm		📄
[12] 펌프 특성곡선의 포인트 수	<input type="text" value="15"/>			📄
펌프 성능 곡선	<input type="button" value="(...)"/>			📄

**운전 유형**

[12] 다양한 스피드 펌프 사용	<input type="button" value="켜기"/> <input checked="" type="button" value="끄기"/>			📄
[12] 일정속도 운전을 위한 속도	<input type="text" value="1750.0"/>	rpm		📄
[12] 모터 구동 효율	<input type="text" value="0.9"/>	-		📄
[12] vfd 드라이브 효율	<input type="text" value="0.95"/>	-		📄
[12] 변속하는 동안 최소 펌프 속도	<input type="text" value="1000.0"/>	rpm		📄
[12] 변속하는 동안 최대 펌프 속도	<input type="text" value="2500.0"/>	rpm		📄

그림 11-24 펌프 특성 곡선 - 펌프 곡선에 대한 펌프 속도

펌프 성능 곡선

	Pump Flowrate m3/d	Pump Head m	Pump Efficiency -
1	8803.0	27.2923	0.4
2	15160.0	25.9052	0.6
3	18910.0	25.3161	0.7
4	23800.0	23.9213	0.8
5	27387.0	23.3313	0.85
6	30158.0	22.5342	0.88
7	35375.0	20.9382	0.896
8	40102.0	18.5281	0.88
9	43526.0	16.7199	0.85
10	46623.0	14.3013	0.8
11	46623.0	14.3013	0.8
12	46623.0	14.3013	0.8
13	46623.0	14.3013	0.8
14	46623.0	14.3013	0.8
15	46623.0	14.3013	0.8

승인 취소

그림 11-25 펌프 특성 곡선 입력값

### 전형적인 모델 출력값

시스템 수두손실, 펌프 성능 및 주어진 유량등을 기본으로 하여 모델은 펌프에 대한 운전점을 찾아냅니다. 각 운전점에서의 펌프 효율, 펌프 유량에 필요한 펌프의 개수를 추정합니다.

일일 흐름을 펌핑하는 펌프 시스템의 일반적인 결과는 그림 11-26 에 나와 있습니다.

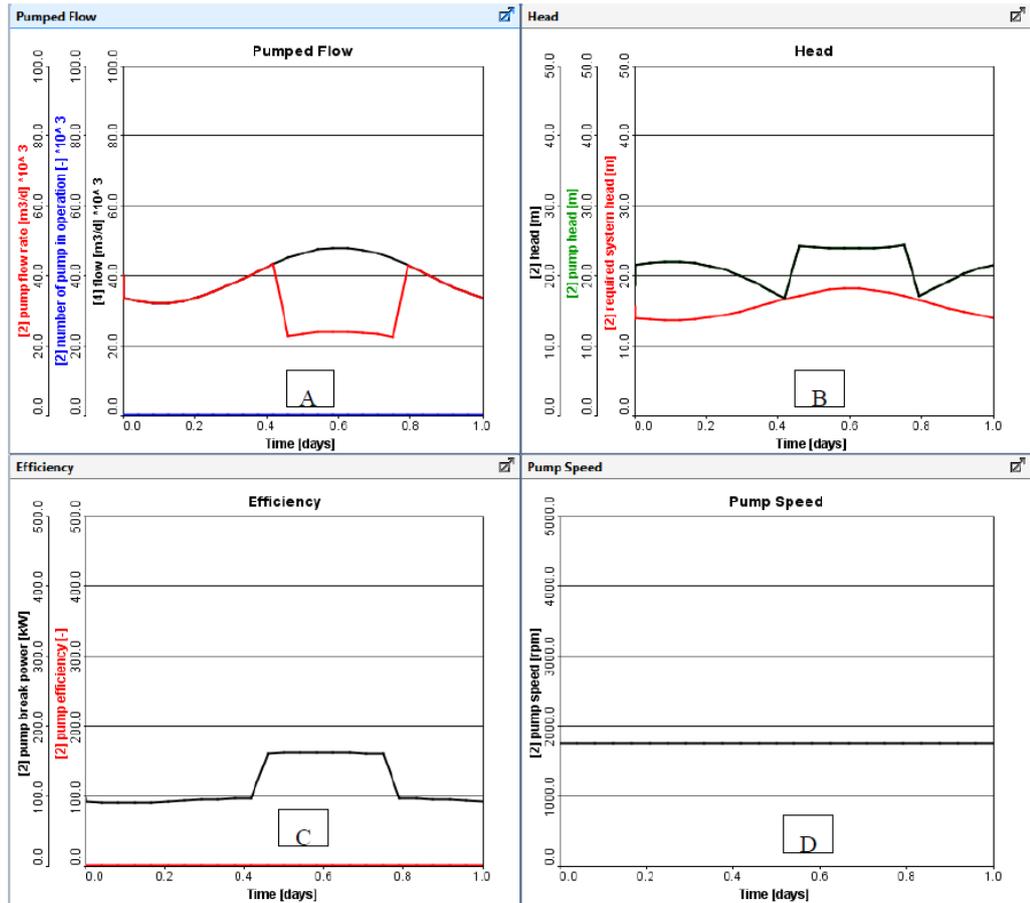


그림 11-26 고정 속도 펌프의 결과물

펌프량이 단일 펌프 용량보다 증가할 경우에 펌프 두 대가 운전이 되고 각 펌핑량이 전체 유량의 절반씩 펌핑하는 것을 볼 수 있습니다.(그림 11-26a) 각 펌프의 유량이 줄어드는 포인트에서 펌프 효율이 줄어드는 것을 오퍼레이팅 포인트에서 변화를 확인할 수 있습니다. (그림 11-26c) 줄어든 펌프 효율은 펌핑 시스템에 대한 에너지 소비 증가를 야기합니다. 모델의 계산하는 동안에 에너지 계산에 사용된 수두는 시스템 수두와 펌프 수보다 큰 것을 볼 수 있습니다. (그림 11-26C) 일반적으로 펌프 수두 항상 적절한 펌핑에 대한 시스템 수두보다 커야 합니다. 사용자는 이 부분을 반드시 확인해야 합니다. 만일 펌프 수두가 시스템 수두보다 작을 경우, 적절한 펌프 성능곡선을 지닌 대체 펌프가 사용되어야 합니다. 본 예제는 시뮬레이션 동안 고정 스피드를 이용한 사례입니다.

### 전형적인 모델 출력값

변속 펌프 모델의 일반적인 출력은 그림 11-27 와 같습니다. 변속 펌프와 고정 속도 펌프의 출력을 비교하여 관찰할 수 있습니다.

- 1) 펌프 수두는 고정된 속도의 펌프 시스템보다 필요한 시스템 수두를 [그림 11-29B]보다 가깝게 따릅니다. 시스템 수두와 펌프 수두의 동기화는 에너지 소비를 감소시킵니다.
- 2) 펌프의 속도 증가는 유속의 증가에 따릅니다. 펌프의 최적 속도는 최저 소비 전력을 달성하는 것으로 추정됩니다.
- 3) 변속 시스템의 펌프 효율은 고정 속도 시스템의 경우 0.77 - 0.88 범위의 효율 변화에 대해 0.84 - 0.88 입니다.
- 4) 변속 펌프의 소비 전력은 62-132kW 이며 고정 속도 시스템의 경우 100-180kW 입니다.

위의 분석을 통해 변속 펌프는 유량 변동이 큰 펌핑 시스템에서 상당한 에너지 절감을 제공할 수 있음이 분명합니다.

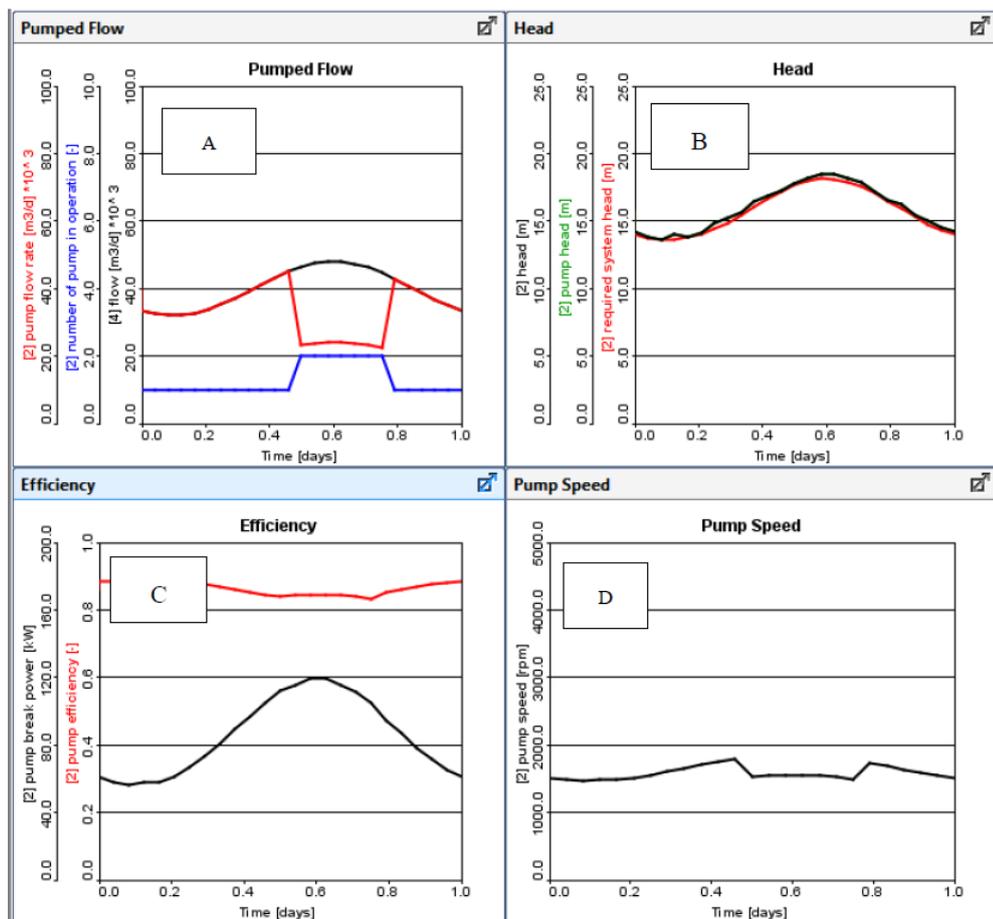
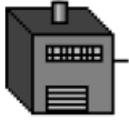


그림 11-27 변속 펌프의 결과물

## 건물



건물 객체는 하수 또는 슬러지의 처리에 아무런 영향을 미치지 않습니다. 이것은 처리장 현장의 건물 에너지 요구량을 추정하는 데 사용됩니다. 사용자는 GPS-X 레이아웃에서 필요한만큼 많은 건물 객체를 배치 할 수 있습니다. 건물 객체는 HVAC, 조명, 냉각 및 기타 건물의 에너지 사용량을 계산합니다. 에너지 사용량에 따라 건물의 운영 비용이 계산됩니다.

### HVAC

건물의 난방, 냉방 및 HVAC 에너지 요구량은 아래와 같이 전도 열전달 방정식을 사용하여 추정됩니다.

$$Q_H = A * (T_i - T_o) / (R * c)$$

여기서,

$Q_H$  = 초당 전달된 열 (W)

$A$  = 면적 ( $m^2$ )

$\Delta T$  = 온도 차 ( $^{\circ}C$ )

$R$  = 열 저항 매개변수 ( $(m^2^{\circ}C)/W$ )

$c$  = 성능 인자 (-)

HVAC 에너지는 온도, 벽의 물리적 및 내열성 매개 변수, HVAC 효율을 제조업체가 명시한대로 지정하여 GPS-X에서 추정할 수 있습니다.

### 조명

건물의 조명 에너지 사용량은 조명 장치의 수량과 와트 수를 지정하여 계산됩니다.

### 냉각

냉각 에너지 사용은 벽을 통한 전도성 열 전달, 사용 빈도 (냉각기에서 공기가 변경됨) 및 냉각 재료 부하를 기반으로 추정됩니다. GPS-X에서 사용자는 온도, 사이즈 입력, 냉각기의 열 저항 매개변수, 제조사에 의해 명시된 냉각기 성능, 냉각 부하 특성 및 사용 빈도를 지정합니다.

### 기타

건물에 필요한 기타 에너지는 이 섹션에서 지정할 수 있습니다. 입력은 전력 값을 입력하거나 전체 건물 전력 사용량의 일부를 입력하여 지정할 수 있습니다.

아래 그림 11-28 과 같이 건물의 에너지 요구 사항 및 비용 견적이 운영비 출력 메뉴에 표시됩니다. 건물 에너지 요구량은 플랜트 전체의 에너지 수요 및 운영 비용 계산을 위한 기타 카테고리에 포함되어 있습니다.

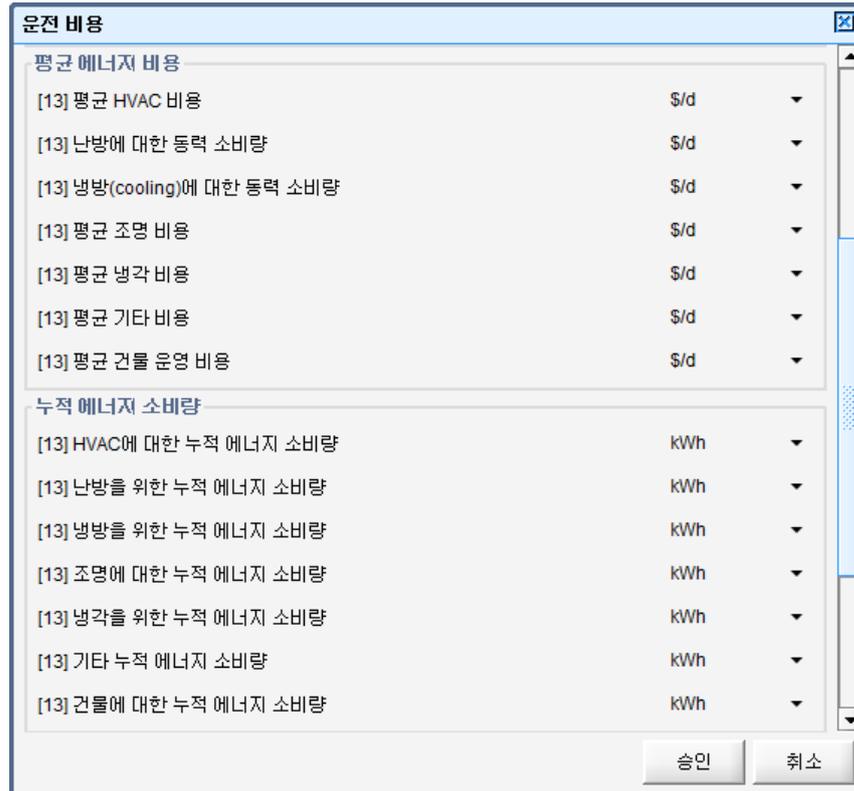


그림 11-28 운전 비용 출력 메뉴

## 방류 객체

### 수질 지수 (WQI) 모델

유출수 단위 공정의 유출수 수질 지수 모델은 사용자가 지정한 농도 한계 및 화합물 특정 가중치를 사용하여 1) 특정 농도 한계와 관련하여 플랜트가 위반되는 지속 시간 2) 순간 및 이동 평균 유출 수 수질 지수를 추정하고 3) 순 및 이동 평균 유출수 수질 지수를 추정한다.

WQI는 방류 수계에 대한 유출수 오염 부하를 대표하며 COST 시뮬레이션 벤치 마크 (EC, 2002)에 제공된 표현을 사용하여 산정됩니다.

$$EQI(\text{instantaneous}) = Q(t) \sum_{i=1}^n w_i S_i(t)$$

$$EQI(\text{T days moving average}) = \frac{1}{T \cdot 1000} \int_t^{t+T} Q(t) \sum_{i=1}^n w_i \cdot S_i(t) dt$$

여기서,

Q(t) – 순간 유출 유량, m<sup>3</sup>/d

n – EQI 추정에서 화합물의 수

$w_i$  - EQI 에서 화합물의 가중 인자

$S_i(t)$  - EQI 추정에서 화합물의 순간 농도

$T$  - 이동 평균 계산 기간

가중된 오염 부하로 위반 농도 이상으로 정의되는 순 WQI 는 모델에서 또한 다음과 같이 계산됩니다.

$$EQI(instantaneous) = Q(t) \sum_{i=1}^n w_i \cdot \max[0, (S_i(t) - S_{i,limit})]$$

$$EQI(T \text{ days moving average}) = \frac{1}{T \cdot 1000} \int_t^{t+T} Q(t) \sum_{i=1}^n w_i \cdot \max[0, (S_i(t) - S_{i,limit})] dt$$

여기서,

$S_{i,lim,it}$  - EQI 추정에서 화합물의 농도 위반

기본적으로 TSS, COD, BOD, NH3-N, TKN, TN, NOx-N, Ortho-Phosphorus 및 총인을 포함한 총 9 가지 화합물이 EQI 계산에 사용됩니다. 사용자는 해당 화합물의 가중치를 0 으로 설정하여 이러한 화합물의 기여도를 제외 할 수 있습니다.

특정 매개변수에 대한 위반 누적 시간은 플랜트가 해당 매개변수와 관련이 없는 시간을 통합하여 추정됩니다.

위반 누적 시간은 위반 시간을 계산하는 총 시간으로 나뉩니다.



## CHAPTER 12

### 도구 및 공정 제어 객체

이 장에서는 도구 및 공정 제어 객체에 있는 모델에 대해 설명합니다. 도구 상자 객체는 공정 테이블의 도구 섹션에 있습니다. 공정 테이블의 공정 제어 섹션에는 여러 객체가 포함되어 있습니다. 각 모델은 아래의 별도 섹션에서 설명합니다.

- ☐ 공정 제어
- ☐ 도구

#### SAMPLER



샘플러 모델은 도구 섹션에 있으며, 일정한 시간 간격 (즉, 'x' 시간마다 샘플 채취) 또는 해당 스트림의 흐름 비율에 비례 (즉, 유량 'x' m<sup>3</sup>마다 샘플 채취)하여 모든 스트림을 샘플합니다. 매일 또는 전체 시뮬레이션 실행 평균값을보고합니다.

샘플링 도구 파라미터는 공정 데이터 메뉴에서 **입력 변수 > 설정**을 선택하여 이용할 수 있습니다. 이들 파라미터는 다음과 같습니다.

**샘플링 대상 라벨:** 샘플링 할 흐름의 라벨입니다. 이 흐름에 있는 모든 상태 및 합성 변수를 샘플링 합니다.

**샘플링 모드 (끄기 / 유량비례 기준 / 시간 기반):** 이 스위치로 흐름을 어떤 식으로 샘플링 할 것인지를 설정합니다.

**샘플링 기간 (매일/ 총 운전시간):** 샘플링 된 값의 평균을 계산할 때 사용되는 기간입니다. 매일 또는 전체 운전시간에 기초하여 평균을 계산할 수 있습니다.

**샘플링 주기 기준 (m<sup>3</sup>):** 샘플링 모드를 유량 비례로 설정한 경우에 흐름의 샘플링 횟수를 제어하는 파라미터입니다.

**샘플링 주기 기준 (hour):** 이 파라미터는 샘플링 모드를 시간 기반으로 설정한 경우에 흐름의 샘플링 횟수를 제어하는 파라미터입니다.

#### PH 도구



ph 툴은 일부 라이브러리의 도구 섹션에서 찾을 수 있으며 사용자가 레이아웃에서 폐수 흐름의 pH 를 예측하거나 메뉴에 입력된 매개 변수에서 pH 산정을 직접 수행할 수 있습니다. 이 두 가지 옵션은 pH 모델 설정 메뉴에서 사용할 수 있습니다 ([그림 12-1](#)).

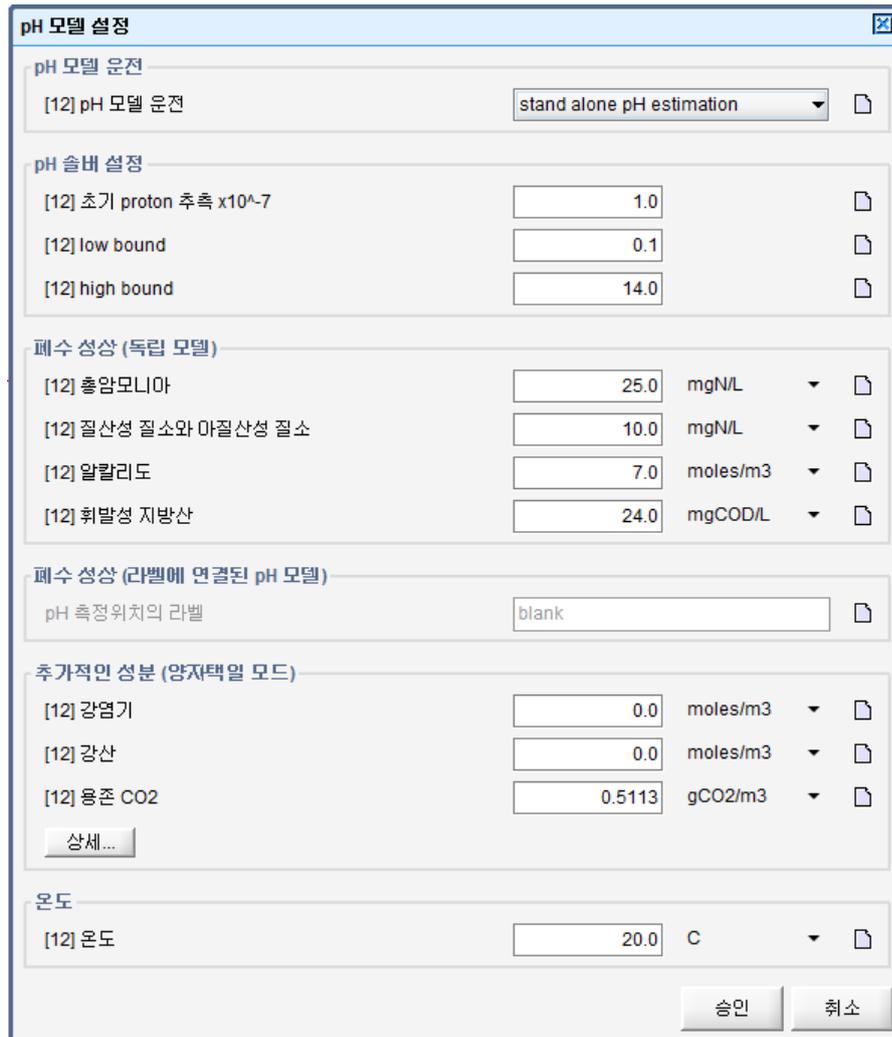


그림 12-1 pH 모델 설정 메뉴

**pH 모델 운전** 메뉴 항목은 **폐수 성상 (독립 모델)** 항목 아래의 성분을 사용하여 독립 pH 추정을 계산할 것인지, 또는 플랜트 레이아웃에서 특정 유량 지점의 성분을 사용하여 pH 추정을 계산할 것인지를 지정합니다.

**link pH estimation to label** 을 선택한 경우, 계산에 pH 를 추정할 지점의 라벨에서 지정한 흐름 라벨의 암모니아, 질산염, 등의 성분을 사용할 것입니다. 사용자가 플랜트 전반에 걸쳐 몇몇 다른 지점에서 pH 추정을 원할 경우, 레이아웃 내 pH 계산 당 툴 박스 객체 1 개를 배치시키고, pH 를 추정해야 할 레이아웃의 다른 지점에 각 툴 박스를 연결합니다.

계산은 Vavilin *et al.* (1995)가 개발한 모델에 근거합니다. 모델은 강산, 강염기, 총 암모니아, 총 아세트산, 및 총 이산화탄소만 포함하는 것으로 간단합니다. 모델은 pH 값을 결정하기 위해 각 성분의 농도와 조합하여 반복 과정을 사용합니다.

성분 농도와 그 성분의 이온 농도의 관계는 해리 상수 (K)와 관련됩니다. 수소 이온의 농도는 pH 를 결정하는데 사용됩니다:

$$[H^+] = 10^{-pH} \tag{12-1}$$

pH 해석 설정 제어 폼에 정의된 초기 pH는 초기 수소 이온 농도를 계산하는데 사용됩니다. 이 제어 폼의 예는 그림 12-1 과 같고, 초기 디플트는 pH=7 로 설정되었습니다.

그림 12-2에 나타낸, 두 번째 제어 폼은 다양한 평형 및 온도 상수를 입력하는데 사용됩니다.

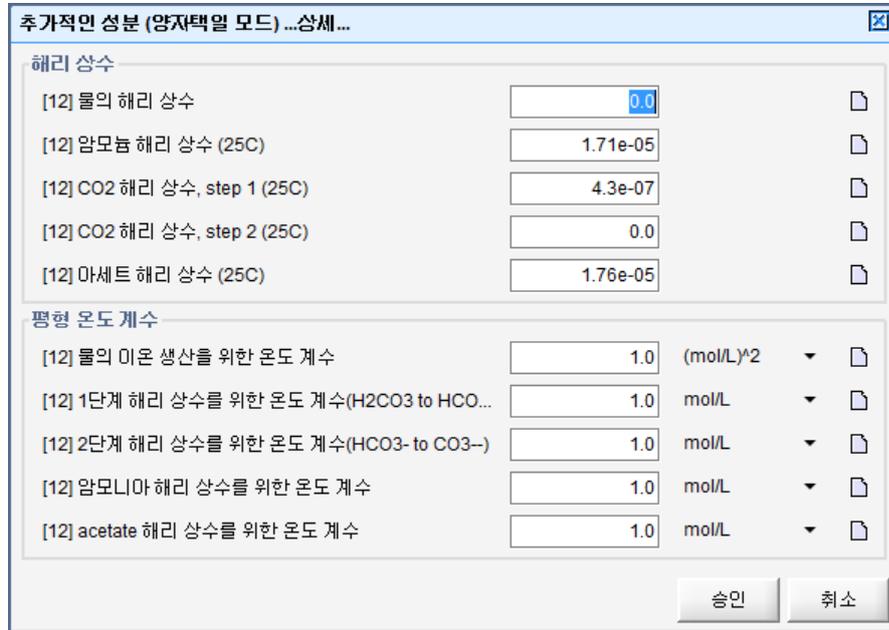


그림 12-2 성분 제어 양식

이 농도는 pH 모델의 기초를 형성하는 일련의 5 가지 평형 방정식에 사용됩니다.

$$[ammonium] = \frac{K_n [totalammonia]}{[H^+] + K_n} \tag{12-2}$$

$$[OH] = \frac{K_w}{[H^+]} \tag{12-3}$$

$$[acetate] = \frac{K_a \cdot [totalacetate]}{[H^+] + K_a} \tag{12-4}$$

$$[bicarbonate] = \frac{K_{c1} \cdot [H^+] \cdot [totalCO_2]}{(K_{c1} \cdot [H^+]) + (K_{c1} \cdot K_{c2}) + [H^+]^2} \tag{12-5}$$

$$[carbonate] = \frac{(K_{c1} \cdot K_{c2}) \cdot [totalCO_2]}{(K_{c1} \cdot [H^+]) + (K_{c1} \cdot K_{c2}) + [H^+]^2} \quad (12-6)$$

여기서;

$K_n$  = 암모늄 해리 상수 (mol/L)

$K_a$  = 아세트산 해리 상수(mol/L)

$K_w$  = 물 해리 상수(mol/L)

$K_{c1}$  = CO2 해리 상수 - 1 단계 (mol/L)

$K_{c2}$  = CO2 해리 상수 - 2 단계(mol/L)

이 방정식에 사용된 해리 상수는 그림 12-2에 나타난 제어 품에서 입력할 수도 있습니다. 기본 해리 상수 값은 논문에서 발췌하였습니다. 암모늄 해리 상수는 온도에 따라 보정됩니다.

추가된 알칼리도(석회 추가, 등)의 존재 유/무를 정확하게 반영하기 위해 알칼리도 상태 변수 *salk*는 산 중화에 이용 가능한 (그리고 완전하게 해리되는) 탄산 알칼리도인 것으로 모두 가정합니다.

위 방정식에서, 총 CO<sub>2</sub>는 이용 가능한 (동등한 charge로 변환된) 총 CO<sub>2</sub>입니다. 알칼리도가 완전하게 해리되는 CaCO<sub>3</sub> 형태인 것으로 가정하기 때문에, 2+ charge cation 또한 평형 시스템에 존재하는 것으로 가정합니다.

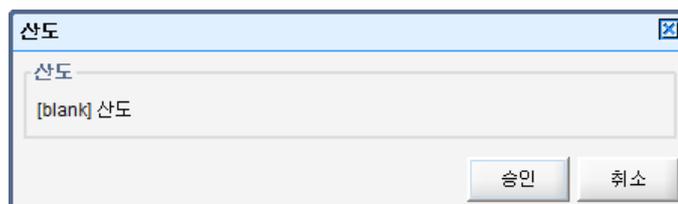
위 방정식은 아래 나타난 charge balance와 결합됩니다: (식 12-7)

$$0 = [H^+] + [NH_4^+] - [NO_3^-] - [HCO_3^-] - 2[CO_3^{2-}] - [OH^-] + cations - anions + 2[salk]$$

함수적 비선형 방정식 해석은 [H+]에 대한 방정식의 시스템을 해석하는데 사용됩니다. 계산된 pH 값은 그림 12-1에 나타난 하한과 상한 파라미터로 경계를 나타냅니다.

먼저 해석이 완료되고 이온화된 성분의 농도가 계산되면, 비-이온화된 성분의 농도는 위에 나타난 방정식으로부터 계산됩니다.

계산된 pH와 개별 성분의 농도는 그림 12-3과 유사한 출력 형태로 표시할 수 있습니다. 이 pH 모델은 또한 pH 추정에 대한 HPO 객체에서 사용됩니다.



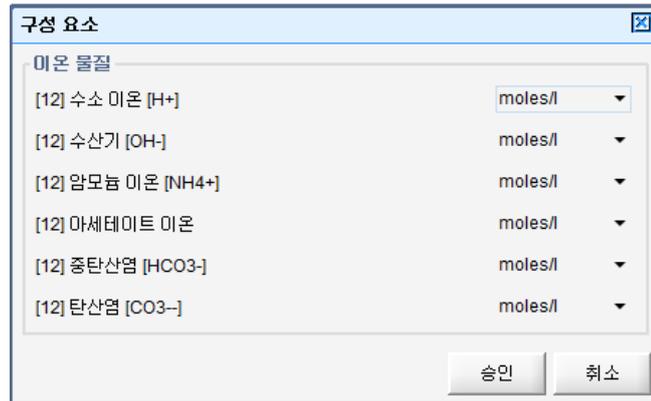


그림 12-3 pH 출력 예

## LOW-PASS FILTERING

**lowpass** 모델은 아날로그 또는 디지털 형 필터링, 또는 이 둘의 조합에 사용할 수 있습니다. 입력 신호는 1 차 아날로그 필터, 1 차 디지털 필터, 및 0 차 sample-and-hold 로 공급됩니다. 이 성분중의 어떤 것은 사용되거나 또는 바이패스 될지도 모릅니다. 이는 **아날로그**, **디지털**, 또는 **sample and hold** 를 **ON** 또는 **OFF** 로 설정할 수 있는 **아날로그+디지털의 필터 종류**를 설정하는 것으로 실행됩니다. **필터 종류**를 **OFF** 로 설정 한 경우, 두 필터는 바이패스 되고 마지막 출력은 입력 신호이거나 또는 샘플링 된 입력 신호이며, **sample and hold** 설정 상태에 따라 좌우될 것 입니다. **그림 12-4** 에 나타낸 입력 흐름도에서, 스위치는 샘플링과 더불어 디지털 필터에 대한 설정입니다.

1 차순 선형 필터는 1 개의 조정 파라미터 및 코너 주파수(corner frequency)에 대응하는 즉, 필터 시간 상수의 역수인 차단 주파수  $\omega_c$  를 갖고 있습니다. 코너 주파수(corner frequency)에서 1 차순 시스템의 진폭 비는 관련 phase lag  $\phi=45$  도에 따라,  $1/\sqrt{2}$  입니다.

$u(t)$  및  $y(t)$ 로 각각, 1 차순 필터의 입력과 출력을 표현한 필터 모델은:

아날로그 : (식 12-8)

$$\frac{dy(t)}{dt} + \omega_c (y(t) - u(t)) = 0$$

디지털: (식 12-9)

$$y(t) = e^{-\omega_c \Delta t} y(t - \Delta t) + (1 - e^{-\omega_c \Delta t}) u(t)$$

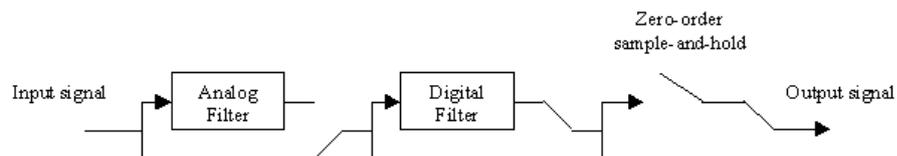


그림 12-4 Lowpass 모델에 대한 신호 흐름도

**lowpass** 모델을 정의하는 파라미터의 메뉴는 **도구 공정 데이터** 메뉴에서 **파라미터 > 필터 설정**을 선택하여 이용할 수 있습니다. 이들 파라미터는 다음과 같습니다.

**신호 입력:** 필터링 될 변수의 내성 이름.

**필터 타입 (아날로그 / 디지털 / 아날로그+디지털 / Off):** 이 파라미터 값은 신호가 아날로그 식 또는 디지털 식 필터, 또는 둘 다 흐를 것인지를 결정합니다.

**아날로그식 필터 차단 주파수:** 1 차순 아날로그 필터의 코너 주파수, 또는 그 시간 상수의 역수.

**디지털식 필터 시간 단계:** 시간 간격 값은 디지털 필터 모델에 사용되며 또한 **Sample and hold** 가 **ON** 일 때 샘플링 시간으로써 사용됩니다.

**디지털식 필터 차단 주파수:** 1 차순 디지털 필터의 코너 주파수, 또는 그 시간 상수의 역수.

**샘플 및 유지 (ON - OFF):** 이 파라미터 값은 디지털 필터 출력을 위에서 지정한 샘플링 기간에 샘플링 하거나 채취할 것인지를 결정합니다.

샘플링 없는 디지털 필터링은 필터링 신호가 이미 그 입력 상에서 **sample-and-hold** 가 실행되는 단위공정에 사용될 경우 유용합니다.

## ON/OFF 제어



On/off 제어기는 피드백(feedback) 제어의 단순한 품입니다. 이 타입의 제어기는 다양한 응용으로 광범위하게 사용됩니다. 예를 들면, on/off 제어를 사용하여 운전되는 가정의 냉/난방 시스템을 들 수 있습니다.

### ON/OFF 제어기 사용

on/off 제어기 모델(**onoff**)은 툴 박스 객체에서 이용 가능합니다. 일단 이 모델이 선택되면, 몇 가지 파라미터를 조절할 수 있습니다. 이 파라미터는 2 개의 그룹으로 나뉩니다: 제어 변수 파라미터, 및 보정된 변수 파라미터. 제어 변수 파라미터는 **도구 공정 데이터** 메뉴에서 **입력 변수 > 제어 변수**를 선택하여 이용할 수 있습니다. 보정 변수 파라미터는 **도구 공정 데이터** 메뉴에서 **입력 변수 > 보정 변수**를 선택하여 이용할 수 있습니다.

### 제어 변수 파라미터

**제어기 (ON - OFF):** ON 버튼은 제어기가 활성화됨을 지시합니다; OFF 버튼은 제어기가 비활성화 됨을 지시합니다 (즉, 보정 변수를 조절하지 않음). 이는 on/off 제어기의 'on' 및 'off' 상태에 대해 혼동해서는 안됩니다.

**제어기 샘플링 시간:** 이 파라미터는 제어기 실행 사이의 시간 간격을 결정합니다. 높은 값은 (실행 사이의 긴 간격에 대응하는) 느린 공정(예, 폐 슬러지 울을 사용하는 MLSS 제어)에 적합할지도 모르나, 다른 공정은 더 빠른 샘플링 주파수를 요구할 수도 있습니다.

**제어대상 라벨 (CV):** 제어될 변수의 내성 이름.

**상한 (high limit):** 제어된 변수의 상한. 제어된 변수의 값이 이 값을 초과할 경우, 보정된 변수의 값은 낮은 설정에 맞춰질 것입니다.

**하한 (low limit):** 제어된 변수의 하한. 제어된 변수의 값이 이 값보다 낮을 경우, 보정된 변수의 값은 높은 설정에 맞춰질 것입니다.

## 보정된 변수 파라미터

**보정변수 라벨:** 보정된 변수의 내성 이름.

**CV가 하한선일 때의 MV 설정:** 보정된 변수의 값은 제어된 변수의 값이 하한보다 낮을 때 이 값으로 설정됩니다.

**CV가 상한선일 때의 MV 설정:** 보정된 변수의 값은 제어된 변수 값이 상한을 초과할 경우 이 값으로 설정됩니다.

**MV 초기값:** 제어된 변수가 그 상한 혹은 하한치 중 어느 하나라도 교차될 때까지 보정된 변수로 지정하기 위한 값.

## PID 제어



PID 객체에는 **PID** 및 **PIDforward** 라는 두 가지 모델이 있습니다. 일반적인 PID 컨트롤러는 단순성과 우수한 성능으로 인해 산업용 어플리케이션에 널리 사용됩니다. PID는 PID 제어기의 세 가지 모드 인 Proportional, Integral, Derivative 의 약자입니다. 연속 형태에서, PID 제어기 알고리즘은 다음과 같습니다:

**With derivative kick protection OFF:**

$$MV(t) = K_c \cdot \left( E(t) + \frac{1}{T_{I_0}} \int E(\tau) d\tau + T_D \cdot \frac{dE(t)}{dt} \right) + I \quad (12-10)$$

**With derivative kick protection ON:**

$$MV(t) = K_c \cdot \left( E(t) + \frac{1}{T_{I_0}} \int E(\tau) d\tau + T_D \cdot \frac{dCV(t)}{dt} \right) + I \quad (12-11)$$

여기서;

$MV$  = 보정된 변수

$CV$  = 제어 변수

$E$  = 오차 (설정치-제어 변수)

$K_c$  = 제어기 조정 상수인 비례 이득  
 $T_I$  = 제어기 조정 상수인 적분 시간  
 $T_D$  = 제어기 조정 상수인 미분 시간  
 $I$  = 초기 상수

PID 제어기의 개별 모드는 개별적으로 또는 한 쌍으로 사용할 수 있습니다; 보통의 결합은 PID 제어 이외에, P 제어 및 PI 제어를 포함합니다. PI 제어기의 결과에는, 예를 들어, 위의 PID 제어기 식에서 첫 번째 두 항을 포함합니다; 어떠한 조합에 대한 결과라도 유사하게 계산할 수 있습니다. 비례 모드는 다음과 같습니다:

$$MV_p(t) = K_c E(t) \tag{12-12}$$

적분 모드는 다음과 같습니다:

$$MV_I = \frac{K_c}{T_I} \int_0^t E(\tau) d\tau \tag{12-13}$$

미분 모드는 다음과 같습니다:

**With derivative kick protection OFF:**

$$MV_d(t) = K_c T_d \cdot \frac{dE(t)}{dt} \tag{12-14}$$

**With derivative kick protection ON:**

$$MV_d(t) = -K_c T_d \cdot \frac{dCV(t)}{dt} \tag{12-15}$$

### GPS-X 에서 실행

대다수의 PID 제어기가 디지털 컴퓨터를 사용하여 현재 실행되고 있기 때문에, PID 알고리즘의 이산 형식은 그에 대한 연속 형식보다 더 자주 사용됩니다. 그러므로, GPS-X 의 모든 제어기는 이산 형식에서 모델링됩니다. 보정된 변수 상의 경계는 물리적 장치 또는 안전성에 기인한 한계를 반영하기 위해 자주 사용됩니다. 그러므로, GPS-X 에서 실행된 PID 알고리즘은  $\Delta t$  가 제어기 실행 간격을 나타내는 다음의 형식(동차 다항식)을 가지고 있습니다.

### 속도 항에서 PID

**With derivative kick protection OFF:**

$$\Delta MV_N = K_c \left( E_N - E_{N-1} + \frac{\Delta t}{T_I} E_N + \frac{T_d}{\Delta t} (E_N - 2E_{N-1} + E_{N-2}) \right) \tag{12-16}$$

**With derivative kick protection ON:**

$$\Delta MV_N = K_c \left( E_N - E_{N-1} + \frac{\Delta t}{T_I} E_N - \frac{T_d}{\Delta t} (CV_N - 2CV_{N-1} + CV_{N-2}) \right) \tag{12-17}$$

$$MV_N = \max(\min(MV_{N-1} + \Delta MV_N, MV_{ub}), MV_{lb}) \quad (12-18)$$

### 포지션 항에서 PID

With derivative kick protection OFF:

$$MV^*_N = K_c \left( E_N + \frac{\Delta t}{T_I} \sum_{i=1}^N E_i + \frac{T_d}{\Delta t} (E_N - E_{N-1}) \right) + I \quad (12-19)$$

With derivative kick protection ON:

$$MV^*_N = K_c \left( E_N + \frac{\Delta t}{T_I} \sum_{i=1}^N E_i - \frac{T_d}{\Delta t} (CV_N - CV_{N-1}) \right) + I \quad (12-20)$$

$$MV_N = \max(\min(MV^*_N, MV_{ub}), MV_{lb}) \quad (12-21)$$

### 포지션 및 속도 항

속도 항은 PID 제어기의 포지션 항을 차분하여 얻게 됩니다. 속도 항을 사용할 경우, 알고리즘의 포지션 항이 계산한 절대값(absolute value)에 대립하는 것으로서, 실행될 보정된 변수 값의 변화(change)를 계산합니다. 속도 항은 포지션 항에 특정 이점이 있습니다; 그 중에서도, 리셋(reset) 또는 적분 와인드업(integral windup) 으로부터 자연적으로 보호됩니다. 이 조건은 지속성, 0 이외의 설정치 에러가 'saturate' (예, 보정 변수를 최소 또는 최대값에서 유지하기 위해)를 위해 제어 실행을 강제하는, PID 적분 모드의 큰 값으로 끝날 때 발생합니다. 설정치 에러가 0으로 되돌아 오지 않을 때에도, 제어 실행은 PID 알고리즘의 포지션 항이 사용될 경우 여전히 saturate 상태입니다. 속도 항을 사용할 경우, 제어 작용은 1 회 샘플링 주기 이후에 제어 범위 내로 돌려 보낼 수 있습니다.

### 미분 폭주 보호 (DERIVATIVE KICK PROTECTION)

Derivative kick protection 는 표준 PID 알고리즘에 흔하게 사용되는 수정입니다. 미분 모드에만 영향을 미치는 이 수정은, 설정치 변화의 결과로 보정된 변수에서 발생하는 큰 jumps 를 방지합니다. 이 jumps 는 분리된 설정치 변화가 "infinite" 미분의 결과로(연속의 경우에서), 또는 다른 에러 신호의 큰 값으로(이산의 경우), 불연속적 에러 신호를 도입하기 때문에 발생합니다. 그러므로, 위에 설명한 작용들을 특별히 원하지 않는 한, derivative kick protection 를 모든 PID 제어기에 사용할 것을 권장합니다.

### 미분 필터링 (DERIVATIVE FILTERING)

Derivative filtering 는 보정된 변수에서 큰 jumps 를 방지할 수 있는 또 다른 방법입니다. 필터링은 에러 신호에서 나타나는, 에러 미분의 큰 값을 제공할지도 모르는 고주파 소음 및 급격한 설정치 변화의 영향을 감소시킵니다. 미분 필터링을 선택 한 경우, PID 의 미분 모드를 삽입한 신호(에러 또는 제어된 변수)는 미분 모드 계산에 사용되기 전에 이산 1 차순 필터링을 통과합니다. 필터는 단일 파라미터, 코너 주파수(corner frequency)에 대응하는 즉, 필터 시간 상수의 역수인 차단 주파수로 조정됩니다.

## PID 제어기 파라미터

PID 제어기에서 이용 가능한 파라미터를 아래에 열거하였습니다. 이 파라미터는 두 그룹으로 나뉘집니다: 제어 변수 파라미터, 및 보정된 변수 파라미터. 제어 변수 파라미터는 도구 공정 데이터 메뉴에서 **입력 변수 > 제어 변수**를 선택하여 사용할 수 있습니다. 보정된 변수 파라미터는 도구 공정 데이터 메뉴에서 **파라미터 > 보정 변수**를 선택하여 사용할 수 있습니다.

도구 객체의 PID 제어기 이외에, 일반적인 변수 편성에 대한 PID 제어기는 많은 GPS-X의 공정 객체에 일부 포함되어 있습니다. 예를 들면, 용존 산소 농도 제어에 대한 PID 제어기는 플러그 흐름 반응조 객체에서 이용 가능합니다. 이 제어기들은 이미 정의한 보정 변수와 아마도 제어된 변수까지를 제외하고, 도구 객체에 있는 PID 제어기로서 근본적으로 동일한 파라미터를 가지고 있습니다.

## 제어 변수 파라미터

**제어기 (ON-OFF):** 이 파라미터는 PID 제어기를 활성화 할 것인지 비 활성화할 것인지를 결정합니다.

**제어변수의 설정치:** 제어할 변수에 대한 설정 치입니다. 제어기는 제어할 변수를 설정치 값으로 유지하기 위해 작용합니다.

뒤따른 파라미터는 **제어 변수** 폼에서 **상세...버튼**을 클릭하여 이용할 수 있습니다. **제어기 설정 보조-단락**의 파라미터만 여기서 설명합니다. **제어기 조정 보조-단락**의 설명은 PID 제어기 조정을 살펴보십시오(아래).

**제어기 양식 (전체 포지션 / 속도):** 이 파라미터는 PID 제어기 방정식에 사용되는 양식(포지션 또는 속도)을 지정하는데 사용합니다. 디폴트 속도 양식은 적분 와인드업(windup)에 대한 내장 보호를 갖고 있기 때문에 권장됩니다.

**제어기 형식 (P / PI / PID):** 이 파라미터는 PID 제어기에서 사용할 모델을 지정합니다. 대다수의 경우 **PI** 옵션의 사용을 추천합니다. **P** 옵션을 사용할 경우, 제어된 변수와 설정치 사이의 옴셋은 완전하게 제거될 수 없습니다.

**제어대상 라벨:** 부가된 흐름 라벨을 포함하는 제어 변수에 대한 내성 변수 이름입니다.

**제어기 샘플링 시간:** 이 파라미터는 제어기 실행 사이의 시간 간격을 지정합니다. 이 파라미터가 너무 클 경우 제어 효과는 미비할 것이고 어쩌면 불안정할 것입니다.

**비례 이득 (proportional gain):** 제어기 조정 상수,  $K_c$ 입니다.

**적분 시간 (integral time):** 제어기 조정 상수,  $T_I$ 입니다.

**미분 시간 (detrivative time):** 제어기 조정 상수,  $T_D$ 입니다.

**제어기 효과 - Direct (ON-OFF):** GPS-X 에서 비례 이득 값은 양수여야 하기 때문에, 이 파라미터는 제어기의 '방향'을 제어합니다. 보정된 변수에서 양수 증가가 제어 변수에서(정상-상태에서) 양수 변화의 결과를 가져올 경우, 이 파라미터는 **ON** 이어야 합니다(예. 공기 유량의 증가로 인한 DO 의 증가). 그렇지 않을 경우에 이 파라미터는 **OFF** 이어야 합니다(예. 소모량 비율의 증가로 인한 MLSS 농도의 감소).

**미분 폭주 보호 (ON - OFF):** 이 설정이 보정된 변수에서 **ON** 일 경우, 설정치 변화에 따른 큰 jumps 의 발생으로부터 보호됩니다. 이 파라미터는 제어기 형식을 **PID** 로 설정한 경우에만 적용할 수 있습니다.

**미분 필터링 (ON - OFF):** 미분 필터는 PID 제어기 미분 모드에 공급되는 신호를 필터링 하는데 사용합니다.

**차단 주파수:** 미분 필터의 코너 주파수(즉, 그 시간 상수의 역수)입니다.

## 보정된 변수 파라미터

**라벨없는 보정 변수:** 흐름 라벨이 없는 보정 변수의 이름입니다..

**보정 변수의 라벨:** 보정된 변수의 흐름 라벨입니다.

**보정 변수의 값:** 보정된 변수의 초기 값입니다.

**최소치:** 보정된 변수의 하한입니다.

**최대치:** 보정된 변수의 상한입니다.

## PID 제어기 조정

다양하고 많은 기술들이 PID 제어기 조정에 쓰입니다. 이 기술의 심층적 설명은 이 매뉴얼의 범위를 벗어나지만, 몇 가지 일반적인 지침에 대해서는 아래에서 설명하겠습니다.

제어기 조정의 단순하고 전통적인 이론은 다음과 같습니다:

- 작은 비례 이득, 큰 적분 시간에서 시작; 미분 시간은 0으로 설정. 시행 착오 방법으로:
  - 비례 이득에 대한 시작 값으로  $0.5/K_p$  값을 사용하십시오( $K_p$  는 정상 상태 공정 이득으로, 보정된 변수의 한-단위 변화에 대한 정상-상태에서 제어된 변수의 변화로 정의합니다).
  - 적분 시간에 대한 시작 값으로  $1.5t$  값을 사용하십시오( $t$  는 보정된 변수에서 단계별로 제어된 변수 응답에 접근하는 1 차 응답의 시간 상수입니다).
- 제어기 성능 저하에서 증가하는 결과를 가져올 때까지 비례 이득을 계속해서 증가시킵니다.
- 제어기 성능 저하에서 감소하는 결과를 가져올 때까지 적분 시간을 계속해서 감소시킵니다.
- 미분 시간을 점차적으로 증가시킵니다.
- 필요에 따라서 파라미터를 미세-조정합니다.

설정치 변화에서 Ciancone 상관 관계에 근거한 PID 제어기 조정을 위한 기능은 GPS-X 의 모든 PID 제어기에서 이용 가능합니다. Ciancone 상관 관계를 사용하여 계산된 PID 조정 파라미터는 조정 모드 하에서 수집된 시계열 데이터의 최소-자승 법으로 얻은, 공정 증가, 정체 시간, 및 시간 상수의 추정에 근거합니다.

PID 제어기에 대한 제어기 조정 파라미터는 도구 객체의 **공정 데이터** 메뉴에서 **입력 변수 > 제어 변수 > 상세...**를 선택하여 이용할 수 있습니다. **조정을 ON** 으로 설정하여 조정 모드를 시작합니다. **제어기 샘플링 시간**은 적절한 값으로 설정해야 합니다. 공정은 조정 모드 활성화 이전에, 정상-상태, 또는 상당히 근접한 정상-상태가 이루어져야 합니다. 이는 PID 제어기의 유무에 관계 없이 손쉽게 **ON** 으로 행해지지도 모릅니다. 이 모드가 활성화 하는 동안, 단계 입력은 불안한 제어 변수를 강제하는 보정된 변수에 적용됩니다.

이 모드는 수동적으로 **조정을 OFF** 로 설정하여 비활성화 시킬 수도 있지만, 제안된 PID 조정 파라미터는 조정 작동 동안에 수집된 시계열 데이터의 분석에 근거하여, 시뮬레이션 **Log** 창에 표시될 것입니다. 조정 작동을 끄기 전에 새로운 정상-상태를 기다릴 필요는 없으나, 이렇게 하는 것이 바람직할지도 모릅니다. 조정 파라미터는 또한 조정 모드가 **ON** 인 동안에는 시뮬레이션이 끝날 경우에 제안될 것입니다.

공정 파라미터 (즉, 공정 증가, 정체 시간, 및 시간 상수)의 추정치는 제어기와 관련된 흐름 또는 객체의 **출력 변수** 메뉴에 나타내기 위해 표시될 수도 있습니다.

조정 모드 작동에 영향을 미치는 다른 설정은 다음과 같습니다:

**단계별 크기 분율:** 보정된 변수에 적용되는 단계의 크기는 그것의 초기 값의 분율로 지정됩니다.

**단계 시간:** 보정된 변수에서 조정 모드의 활성화와 단계 적용 사이에서 경과할 시간의 간격입니다.

**최대 가능한 비활성 (dead) 시간:** 1 차 반응 + 비활성 시간 모델에서 비활성 시간의 허용 가능한 값의 상한. 조정 상수를 계산하는데 필요한 시간을 줄이거나, 조정 상수를 도출하는데 사용 된 모델에서 비활성 시간을 0 으로 만드는데 사용될 수 있습니다..

조정 모드가 작동되는 동안, 제어 및 보정된 변수의 시계열 데이터는 각 제어기 샘플링 시간에서 샘플링 되고 고정된 최대 크기의 배열로 저장됩니다. 3000 개의 샘플링 시간 데이터를 저장할 수 있습니다. 그 수용량을 초과할 경우, 경고가 나타나고, 마지막 3000 개 샘플링 시간에 대한 데이터를 유지하는 스크롤 시간 창은 초기화 될 것입니다. 저장 수용량이 20 일 이상 매 10 분마다 데이터를 샘플링 하기에 충분하기 때문에, 대부분의 경우 제한되지 않습니다. 수용량은 **일반 데이터 > 시스템 > 파라미터 > 기타**에서 찾을 수 있는, **제어기 조정 정렬 크기**라고 부르는 글로벌 설정입니다. 이 값을 증가 시킬 경우, 레이아웃은 효과를 나타내는 변화에 대하여 다시 컴파일 해야 합니다. 즉, 이 값이 시나리오 상에서 변하지 않을 수도 있습니다.

PID 제어기 조정의 보다 세부적인 정보는, Marlin (1995) 또는 Perry 및 Chilton (1973)을 참고하십시오. Ciancone 상관은 Marlin (1995)에서 소개하고 설명합니다.

## FEEDFORWARD-FEEDBACK 제어기



피드포워드(feedforward) 제어에서, 입력 외란을 측정하고 제어기는 제어된 변수가 설정치에서 벗어나기 전 외란을 상쇄시키기 위해 보정된 변수를 조정합니다. 피드포워드 제어는 피드백(feedback)의 유익한 특성을 얻기 위해 보통 피드백 제어와 결합합니다.

도구 객체의 **pidforward** 모델은 피드백에 대한 PID 제어기와 피드포워드 제어에 대한 선두/지속(lead/lag) 알고리즘을 결합시켰습니다. 선두/지속(lead/lag) 피드포워드 제어는 대부분의 응용에 대한 충분한 융통성을

제공하는 간단한 피드포워드 전략입니다. PID 제어기 알고리즘은 위의 “PID 제어기” 라는 제목의 단락에서 설명하였습니다. 이 단락에서는 선두/지속(lead/lag) 알고리즘을 설명합니다.

피드포워드 항은 공정 외란의 측정이 유효할 때 PID 제어기의 피드백 제어 실행에 추가될 수도 있습니다. 선두/지속(lead/lag) 실행 전 결함 예측기는 변환 함수 식으로 표현됩니다:

$$MV_{FF}(s) = -K_{FF} e^{-\theta s} \frac{\tau_{ld}s + 1}{\tau_{lg}s + 1} D(s) \quad (12-22)$$

time-domain 표현은 다음과 같습니다:

$$\tau_{lg} \cdot \frac{dMV_{FF}(t)}{dt} + MV_{FF}(t) = -K_{FF} \left( \tau_{ld} \frac{dD(t-\theta)}{dt} + D(t-\theta) \right) + I_{FF} \quad (12-23)$$

여기서;

$MV_{FF}$  = 피드포워드 제어가 제공한 추가 제어 작용

$D$  = 측정된 방해

$K_{FF}$  = 제어기 조정 파라미터, 피드포워드 증가

$\theta$  = 제어기 조정 파라미터, 피드포워드 정체 시간(dead time)

$\tau_{ld}$  = 제어기 조정 파라미터, 피드포워드 선두 시간(lead time)

$\tau_{lg}$  = 제어기 조정 파라미터, 피드포워드 지속 시간(lag time)

$I_{FF}$  = 제어기 조정 파라미터의 초기화 상수

동적 외란과 작용 둘 다 1 차순 플러스 정체 시간 모델로 표현될 때, 완벽한 피드포워드 제어를 기본적으로 달성할 수 있습니다:

- 피드포워드 이득  $K_{FF}$ 는 외란-공정(disturbance-to-process) 이득 비율로 설정;
- 정체 시간  $\theta$ 는 외란과 작용의 정체 시간 차(공정 정체 시간이 외란 정체 시간보다 더 작을 경우에만 가능);
- 선두 시간  $\tau_{ld}$ 는 공정 시간 상수; 그리고,
- 지속 시간  $\tau_{lg}$ 는 외란 시간 상수.

### **GPS-X 에서 실행**

피드백 제어 실행은 위에서 설명한 PID 알고리즘에서 계산하고, 피드포워드 제어 실행은 다음과 같이 추가됩니다.

피드포워드/피드백 (속도 form 에서 PID):

$$MV_N = \max \left\{ \min \left\{ MV_{N-1} + \Delta MV_N^{FB} + \Delta MV_N^{FF}, MV_{ub} \right\}, MV_{lb} \right\} \quad (12-24)$$

피드포워드/피드백 (포지션 form 에서 PID):

$$MV_N = \max \left\{ \min \left\{ MV_N^* + \Delta MV_N^{FF}, MV_{ub} \right\}, MV_{lb} \right\} \quad (12-25)$$

여기서

$\Delta MV_N^{FF}$  = 선두/지속(lead/lag) 알고리즘을 이산화하여 얻은 피드포워드 제어 실행의 변화율이고 위 첨자 FF 는 피드백 제어를 참고하십시오.

### FEEDFORWARD 제어기 파라미터

**pidforward** 모델의 파라미터는 세가지 메뉴로 설명합니다: **보정 변수**, **제어 변수**, 및 **방해 변수 (Disturbance Variable)**. 피드백 제어 파라미터는 제어 변수 메뉴에, 피드포워드 제어 파라미터는 외란 변수 메뉴에 있습니다.

**방해 변수**에서 발견한 피드포워드 제어기 파라미터는 다음과 같습니다:

**Feedforward controller (ON-OFF):** 제어기의 피드포워드 성분은 이 스위치로 활성화 됩니다.

**방해변수 라벨:** 흐름 라벨을 포함하는 외란 변수의 내성 이름.

**제어기 샘플링 시간:** 제어기 실행 사이의 시간 간격.

**Feedforward gain:** 피드포워드 제어기 조정 파라미터,  $K_{FF}$ .

**선두 시간 (lead time):** 피드포워드 제어기 조정 파라미터,  $\tau_d$ .

**유도(잠복) 시간 (lag time):** 피드포워드 제어기 조정 파라미터,  $\tau_l$ . 선두: 지속 시간의 비율은 노이즈(noise) 효과를 최소화하기 위해 2:1 이하로 유지되어야 합니다.

**정체 시간 (dead time):** 피드포워드 제어기 조정 파라미터,  $\theta$ .

**negative feedforward gain (ON-OFF):** 이 파라미터는 제어기의 `방향`을 제어합니다. 피드포워드 결과의 `정상` 신호는 음의 값을 가집니다. 이것은 이 파라미터의 설정이 **ON**(기본 설정)일 때, 작용과 외란의 결과가 동일한 신호를 가질 경우 발생합니다. 그렇지 않을 경우에 이 파라미터는 **OFF** 이어야 합니다.

피드포워드/피드백 제어기 조정의 정보는 Marlin (1995)를 참고하십시오.

## 타이머 제어



**timer** 는 간헐적 플랜트 운영을 계획하고 제어하는데 사용합니다. 예를 들면, **timer** 제어는 활성 슬러지 반응조에서 간헐 포기를 실행하는데 사용할 수 있습니다. 또한 1 차 침전지의 탈 슬러지화에 적용할 수도 있습니다.

**timer** 는 주기적으로 작동합니다. 각 주기의 시작에서 타이머는 미리 정의한 "on" 상태의 값으로 보정된 변수를 설정합니다. 보정된 변수는 주기적으로 사용자-지정 분율에 대한 이 값으로 유지됩니다. 주기시간 이외의 시간 동안에, 보정된 변수는 미리 정의한 'off' 상태의 값으로 설정됩니다. 이는 제어기가 사용자 정의 기간으로 일정한 시간 간격을 두고 공기 유량을 이상적으로 작동 시킬 수 있기 때문에 간헐 포기에 적합합니다.

타이머 제어 파라미터는 **공정 데이터** 메뉴에서 **입력 변수 > 설정**을 선택하여 사용할 수 있습니다. 이 파라미터는 다음과 같습니다:

**제어기 (ON-OFF):** 이 스위치는 타이머를 활성화시킵니다.

**보정변수 라벨:** 추가된 흐름 라벨을 포함하는 보정된 변수의 내성 이름.

**주기 설정:** 한 주기 기간

**주기내 운전시간:** 보정된 변수 값이 한 주기 동안 'on' 상태로 설정되는 기간(주기가 시작되는 시점에서 시작).

**운전시 제어변수 고정치:** 'on' 상태에서 보정된 변수의 값

**비운전시 제어변수 고정치:** off 상태에서 보정된 변수의 값

## MULTIVARIABLE 제어기



**multivar** 모델은 고급 제어 모듈(Advanced Control Module)과 함께 사용합니다. GPS-X 에서 multivariable 제어기 사용의 보다 자세한 사항은 고급 제어 모듈 매뉴얼을 참고하십시오.



## FLOW TIMER 모델

Flow Timer 모델은 GPS-X 의 Timer 모델을 수정하여 만든 것입니다. 이 모델은 평균 일일 유량을 사용해서 매일 간헐적으로 유입되는 유량을 정의해서 사용합니다. 기존의 timer 모델과 flow timer 모델의 차이점은 입력 변수의 선택에 있습니다. Timer 모델에서 변수의 입력값은 순간값인 반면에 flow timer 에서의 입력값은 해당 사이클에서 평균값을 입력합니다..

### 모델 데이터 입력

Flow Timer 모델의 입력값은 [그림 12-5](#)과 같습니다.

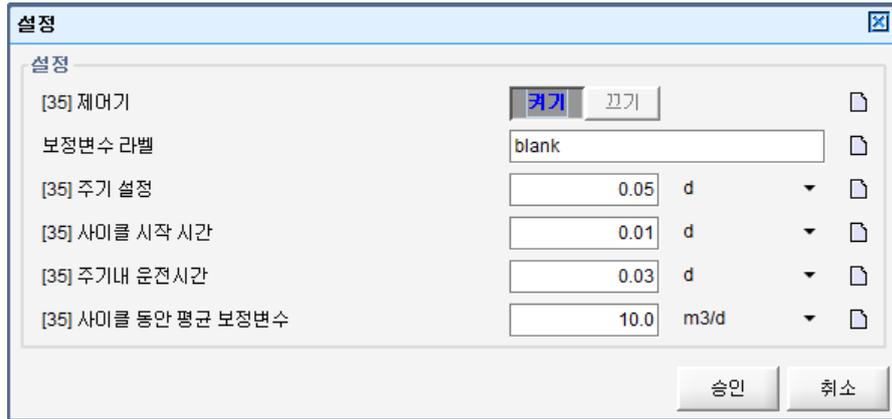


그림 12-5 Flow Timer 메뉴

**제어기** – Flow timer 를 사용할지 안할지 여부를 선택하는 것입니다. 사용할 경우 ON, 그렇지 않을 경우 OFF 를 선택합니다.

**보정변수 라벨**– 제어를 할 해당 유량의 내성변수를 입력합니다.

**주기 설정** – ON 과 OFF 시간을 포함한 한 사이클의 시간을 입력합니다.

**사이클 시작 시간** – 사이클에서 시작할 시간을 입력합니다.

**주기내 운전시간** – 사이클에서 ON 동안의 시간을 입력합니다.

**사이클 동안 평균 보정변수** – 전체 사이클동안 평균 유량을 입력합니다.

위의 그림에서 전체 사이클은 0.05day, 이 시간동안 평균 10m<sup>3</sup>/day 가 유입됩니다., 0.01day 동안 유량이 정지상태인 OFF 상태였다가 0.01day 에 ON 으로 전환되면서 0.04day 까지 유량입 유입됩니다. 그리고, 0.04~0.05day 에는 유량이 OFF 가 됩니다.

## SCHEDULER 모델



하수처리장을 운전하다보면 반복되는 스케줄에 따라서 운전할 경우가 있습니다. 예를 들어, 주말에 슬러지를 폐기하고 주중에는 폐기를 하지 않을 경우에 해당됩니다. 기존에는 이와 같은 스케줄은 데이터 파일의 입력 조건을 넣어서 모델링했습니다. 반복적인 스케줄을 간단하게 모델링하기 위해서 툴박스 객체에 scheduler 모델이 추가되었습니다. 조절할 수 있는 변수로는 유량, 분배기의 분배율 및 기타 여러 입력 변수를 스케줄링 할 수 있습니다.

툴박스 객체에 마우스를 대고 우측을 클릭하여 scheduler 모델을 선택합니다. 이 모델을 이용하여 하수처리장의 여러 가지 다른 phase 의 사이클과 각 phase 당 운전 변수를 입력할수 있습니다. 15 가지의 모델 변수를 운전 스케줄링 할 수 있습니다.

## 모델 데이터 입력

Scheduler 모델은 다음과 같은 정보가 필요합니다.

- 1 한 사이클에서 phase 의 개수
- 2 각 phase 동안의 지속 시간
- 3 Cycle 동안 컨트롤 대상의 내성변수 입력
- 4 사이클의 각 phase 에서

Scheduler 모델의 입력 양식을 사용해서 데이터를 입력합니다. 입력 데이터 양식은 [그림 12-6](#) 과 같습니다. 각 입력변수의 간단한 설명은 다음과 같습니다.

**phase 의 개수** – 한 사이클에서 설정할 phase 의 개수를 설정합니다. 기본값은 8 개로 설정되어 있습니다.

**phase 기간 설정** – 각 phase 동안의 시간을 지정합니다. 각 phase 의 시간을 모두 합치면 전체 사이클의 시간과 같아야 합니다. [그림 12-7](#) 은 각 phase 동안의 시간을 설정하는 그림입니다.

**시작 phase 숫자** – 사이클이 시작하는 phase 를 지정합니다. 이 값은 phase 번호 1 에서 위에서 사용자가 지정한 phase 의 개수까지 해당합니다.

**모델 변수의 내성 변수** – 각 phase 에서 제어를 할 입력변수의 내성변수 이름을 입력합니다. 디폴트로 최대 10 개 변수를 지정할수 있습니다. 모든 변수의 이름은 기본적으로 빈칸으로 되어 있는데 사용자는 반드시 해당하는 모델 변수의 내성변수 이름을 정확히 입력해야 합니다. 예를 들어, 유입수 유량을 컨트롤 하고자 할 경우에는 빈칸에 해당 내성변수 이름을 qconinf 로 입력합니다.(qcon 은 유입수 유량에 대한 내성변수이고, inf 는 사용자가 범례로 입력한 라벨링 입니다.) 사용자가는 여러 가지의 변수를 입력하고자 할 경우에는, 각 해당 변수의 내성 변수 이름을 입력하면 됩니다.

**Tip** : 사용자가 내성변수 이름을 모를 경우에는, 해당 변수의 데이터를 입력하는 메뉴로 들어가서 마우스 커서를 대면 작은 팝업창이 뜨면서 해당 변수의 이름을 알수가 있습니다.

**각 phase 내성변수 설정치** – 각 phase 동안의 제어할 변수의 값을 입력합니다. 제어 변수 우측의 (...) 버튼을 클릭해서 모델 변수에 대한 입력 값 양식을 엽니다.

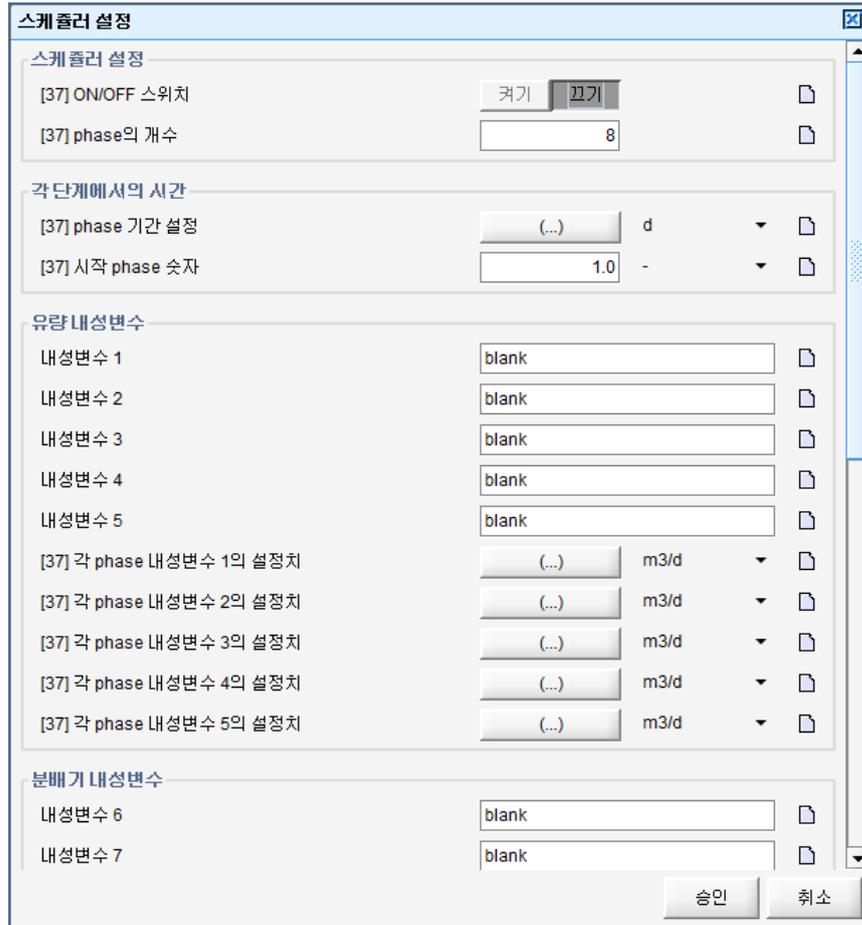


그림 12-6 Scheduler 모델의 입력 양식

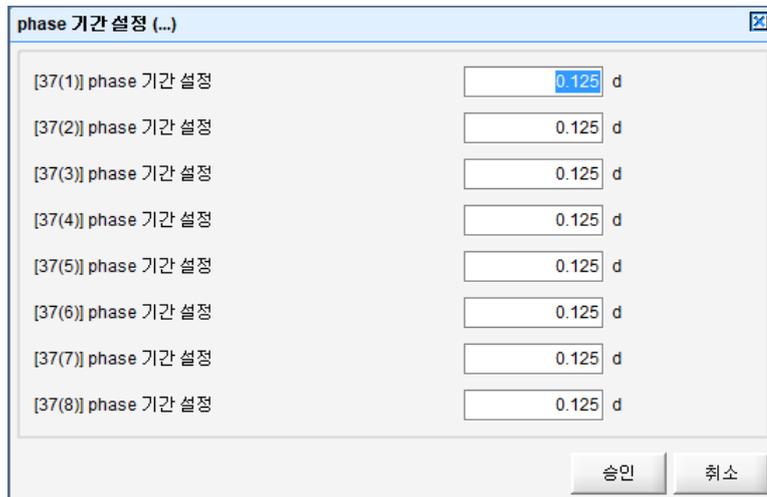


그림 12-7 각 phase 의 지속시간 설정 입력창

Phase	Setting Value	Unit
[37(1)] 각 phase 내성변수 1의 설정치	0.0	m3/d
[37(2)] 각 phase 내성변수 1의 설정치	0.0	m3/d
[37(3)] 각 phase 내성변수 1의 설정치	0.0	m3/d
[37(4)] 각 phase 내성변수 1의 설정치	0.0	m3/d
[37(5)] 각 phase 내성변수 1의 설정치	0.0	m3/d
[37(6)] 각 phase 내성변수 1의 설정치	0.0	m3/d
[37(7)] 각 phase 내성변수 1의 설정치	0.0	m3/d
[37(8)] 각 phase 내성변수 1의 설정치	0.0	m3/d

그림 12-8 배치의 각 phase 에서 제어 변수의 설정 값에 대한 입력창



## CHAPTER 13

# 운전 비용 모델

### 소개

GPS-X 는 공정 테이블의 객체 대부분에 대한 운전 비용 모델을 포함합니다. 각 객체는 (그 객체에 적합한) 에너지, 화학 약품 주입 및 슬러지 처리 비용을 계산하기 위해 설치될 수 있습니다.

이 장에서는 운전 비용 모델의 구조, 및 그들의 사용과 계산에 대해 설명합니다.

### 모델 구조

GPS-X 에서 폐수 단위 공정 객체 각각에 대한, 운전 비용의 세트를 지정하였습니다. 이 비용은 특정 단위 공정과 관련된 전형적인 운전 비용을 반영합니다.

GPS-X 는 폐수 단위 공정 자체를 다이내믹하게 시뮬레이션 하는 것과 동일한 방식으로 운전 비용을 다이내믹하게 시뮬레이션 하는데 사용할 수 있습니다.

여러 가지 유형의 운전 비용 모델:

- 포기 에너지 비용
- 펌핑 에너지 비용
- 혼합 에너지 비용
- 난방 에너지 비용
- 기타 에너지 비용
- 화학 약품 주입 비용
- 슬러지 처리 비용

다음 단락에서 각 비용을 보다 자세히 설명하겠습니다.

### 포기 에너지 비용

포기 에너지 비용은 CSTR, 플러그 흐름 반응조, SBR, 등등과 같은 포기를 가진 단위 공정에 대해 계산할 수 있습니다. 계산한 포기 수준으로 공급하는데 필요한 에너지의 양은 송풍기/압축기 효율, 손실 수두(headloss), 등등을 포함하는, 몇몇 인자와 산소 전달 모델(제 6 장의 산소 전달 모델링 참고)에 포함된 인자에 달려있습니다.

GPS-X는 2개의 다른 포기 이론 - 기계 교반식과 산기식을 시뮬레이션할 수 있습니다. 기계 교반식 포기를 선택한 경우에, 포기 동력(kW)이 들어갑니다. 산기식을 선택한 경우에, 소요 전력은 제 6장의 방정식 6.27와 6.28에 나타난 것과 같이 계산합니다.

동력은 에너지 가격(\$/kWh)을 곱하고, 시뮬레이션 동안 포기 에너지에 대한 전체 비용을 결정하기 위해 시간에 따라 적분됩니다.

### 송풍 에너지 비용

물과 하수의 펌핑에 요구되는 에너지는 다음의 방정식을 사용하여 GPS-X에서 모델링 됩니다:

$$P_{blower} = \frac{1.4161 * 10^{-5} * (T + 273.15) * q_{air} * \left[ \left( \frac{P_{out}}{P_{in}} \right)^{0.283} - 1 \right]}{\eta_b} \tag{13-1}$$

$$P_{in} = P_{atm} - P_{inlet,loss}$$

$$P_{out} = P_{atm} + 9.81 * h_{diff} + P_{diff,loss}$$

여기서

$P_{blower}$  = 송풍기 동력, kW

$T$  = 공기 온도, °C

$q_{air}$  = 공기량, m<sup>3</sup>/d

$P_{out}$  = 유출부에서의 공기압, kPa

$P_{in}$  = 유입부에서의 공기압, kPa

$\eta_b$  = 송풍기 효율, -

$P_{atm}$  = 대기압, kPa

$P_{inlet,loss}$  = 유입부 압력 손실, kPa

$h_{diff}$  = 산기장치 침지 깊이, m

$P_{diff,loss}$  = 파이프와 산기장치에서의 수두손실, kPa

에너지 값은 에너지 가격 (\$/kWh)을 곱하고, 시뮬레이션 동안 포기 에너지에 대한 전체 비용을 결정하기 위해 시간에 따라 적분됩니다.

송풍 에너지 비용에서, 수두 값은 실제 수두와 펌핑 손실 수두(headloss)의 합을 나타냅니다. 여기서 포기 에너지 비용을 가지는 것과 같은 추가 설비 손실 수두(headloss)는 없습니다.

## 혼합 에너지 비용

혼합 에너지 비용 모델은 기계적 혼합 작업에 에너지 사용을 설명합니다.

단위 전력 (kW/m<sup>3</sup>) 당 필요한 혼합 동력 사용량을 입력해야 합니다. 이 값에 탱크의 부피를 곱한 다음 에너지 가격 (\$/ kWh)을 곱하고 시간에 대해 적분하여 시뮬레이션에 대한 총 비용을 결정합니다.

## 난방 에너지 비용

난방 에너지 비용 모델은 소화기 또는 저온 환경에서 활성화 된 슬러지 장치와 같은 개별 장치 공정 작업을 가열하기 위한 에너지 사용을 설명합니다.

사용자는 단위 체적 (kW / m<sup>3</sup>) 당 난방 전력 사용량을 입력해야 합니다. 이 값에 에너지 가격 (\$ / kWh)을 곱하고 시간에 따라 적분하여 시뮬레이션에 대한 총 비용을 결정합니다.

## 기타 에너지 비용

기타 에너지 비용 모델은 게이트, 회전팔, 경사면, 이동 브릿지 등과 같은 다양한 기계적인 운전 에 대한 에너지 사용을 설명합니다.

에너지 필요량의 이러한 타입을 추정하는 복잡한 성상으로 인해, 사용자에게 에너지 사용량 (kW)의 균일 요금을 입력할 것을 요구합니다. 이 값은 에너지 가격 (\$/kWh)을 곱하고 시뮬레이션에 대한 전체 비용을 결정하기 위해 시간에 따라 적분됩니다.

## 화학 약품 주입 비용

GPS-X 에서 몇 가지 단위 공정 객체는 처리의 한 부분(어떤 유입수, 유량조정조, DAF, 탈수 공정 등)으로 화학 약품의 추가를 허용합니다.

각각의 경우에, 전체 화학 약품 주입 비용은:

$$\text{chemicalcostperday} = \text{chemprice} \cdot \text{chemdosagerate} \quad (13-2)$$

여기서

$\text{chemicalcostperday}$  = chemical dosage cost 화학 약품 주입 비용 (\$/d)

$\text{chemprice}$  = chemical price 화학 약품 비(\$/kg)

$\text{chemdosagerate}$  = hydraulic head 수리학적 수두 (kg/d)

이 일일 비용은 시뮬레이션에 대한 전체 비용을 결정하기 위해 시간에 따라 적분됩니다.

## 슬러지 처분

GPS-X 의 몇몇 객체는 농축 또는 탈수 슬러지(예, 탈수 공정)를 표현하는 연결점들이 있습니다. 슬러지 처분 비용은 슬러지 처리 비용을 결정하기 위해 이들 유량과 관련 지을 수 있습니다.

비용은 단위 처분 비용에 슬러지 처분 비율을 곱해서 결정합니다.

$$disposal\ cost\ per\ day = disposal\ cost \cdot sludgerate \quad (13-3)$$

여기서

$disposal\ cost\ per\ day$  = 슬러지 처분 비용 (\$/d)

$disposal\ cost$  = 처분 가격 (\$/m<sup>3</sup>)

$sludgerate$  = 슬러지 처분 비율 (m<sup>3</sup>/d)

이 일일 비용은 시뮬레이션에 대한 전체 슬러지 처분 비용을 결정하기 위해 시간에 따라 적분됩니다.

## 운전 비용 모델 파라미터

운전 비용 파라미터는 다음 두 곳에서 찾을 수 있습니다.

**일반 데이터 양식** : 레이아웃에서 빈 바닥에 마우스 우측 클릭합니다. 이 폼은 전체 레이아웃에 적용하는 일반 운전 비용 파라미터를 포함합니다: 예, 에너지 가격 및 스케줄

**각 객체의 운전 비용 파라미터** : 이 폼은 각 객체에서 지정한 운전 비용 파라미터를 포함합니다: 예, 수두손실, 펌프 효율, 화학 약품 비용.

### 일반 운전 비용 파라미터

에너지 가격을 제어하는 운전 비용 변수는 레이아웃 > 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 운영비 설정 메뉴에서 찾을 수 있습니다(그림 13-1).

그림 13-1 일반 데이터 운전 비용 데이터

에너지 가격은 에너지 비용 항목의 **에너지 가격** 메뉴를 선택하여 두 개의 다른 방법으로 설정할 수 있습니다.

- 일정 가격
- 시간-기반 가격 (에너지 가격은 일별로 변화)
- 계절별 가격

**일정 가격**을 선택할 경우, 에너지 가격은 폼에 기록한 값으로 설정됩니다. 이 값은 시나리오에서 또는 인터랙티브 제어기에서 가격을 배치시키거나, 전체 시뮬레이션에 대한 상수를 설정하여 변경할 수 있습니다.

**시간-기반 가격**을 선택할 경우, 에너지 가격은 사용자가 정의한 스케줄상에서 사용자가 정의한 가격을 따라 주기대로 움직일 것입니다. 다른 에너지 가격의 수는 무제한입니다. 이 모드는 밤동안 낮은 에너지 비용을 시뮬레이션 하는데 사용할 수 있습니다.

**계절별 가격** 모델을 사용하면 계절, 주중, 주말 및 시간대에 따라 동적 가격 구조로 전력 소비 비용을 평가할 수 있습니다. 이 모델은 에너지 가격의 일일 변동을 지정할 수 있는 시간-기반 가격 모델의 확장입니다. 각 계절의 시작일과 월은 사용자가 설정해야 합니다.

계절적 가격 책정 모델에서는 여름과 겨울의 두 계절이 설정되며, 각 계절은 서로 다른 에너지 가격 구조를 가질 수 있습니다. 사용자는 off-peak, mid-peak 및 on-peak 가격의 3 단계를 지정할 수 있습니다.

매 시즌마다 평일과 주말에는 세 단계의 가격 수준을 사용하여 시간별 가격 구조를 사용할 수 있습니다.

계절 가격 모델의 입력 양식은 다음과 같습니다.

그림 13-2 계절별 가격 모델에 대한 입력 메뉴

계절별 가격 모델에서는 시뮬레이션 설정 메뉴에서 설정한 날짜와 시간을 사용하여 계절과 요일을 결정합니다. 이 정보는 사용자 입력을 기반으로 에너지 가격을 결정하는데 사용됩니다.

### 객체-특정 운전 비용 파라미터

모든 객체에 대한, 운전 비용 모델 파라미터는 입력 변수 > 운전 비용 메뉴, 및 이와 관련된 상세...버튼에서 찾을 수 있습니다. 이 폼에 들어간 값은 각 객체 별로 특정적입니다. 이 객체는 어떤 다른 파라미터로 제어기, 등등에 이름을 붙이고 배치할 수 있습니다.

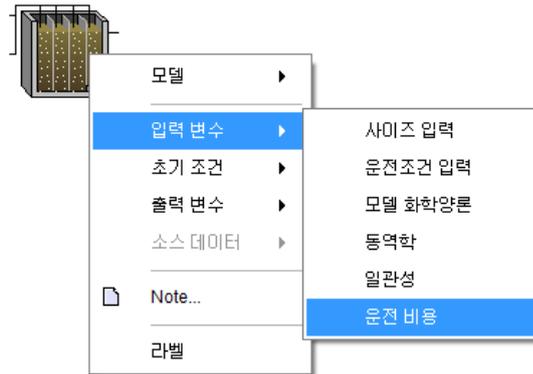


그림 13-3 운전 비용 메뉴

운전 비용 파라미터 폼에 나타난 운전 비용 모델 파라미터는 객체 및 모델 선택에 달려 있습니다.

## 운전 비용 모델 출력 변수

운전 비용 파라미터와 유사한, 관련 출력 변수는 일반 및 객체-특정 그룹으로 나뉩니다.

### 일반 운전 비용 출력 변수

운전 비용 출력 변수는 레이아웃 > 일반 데이터 > 시스템 > 출력 변수 > 운전 비용 메뉴에서 선택할 수 있습니다. 이 출력 변수는 에너지 가격; 전체 레이아웃에 대한 총 에너지, 화학 약품 및 슬러지 처분 비용; 및 레이아웃에 대한 총 운전상 비용(총 에너지, 화학 약품 및 슬러지 처분 비용의 합)을 포함합니다.

운전 비용	
<b>총 에너지 비용</b>	
에너지 가격	\$/KWh
총 전력 비용	\$/d
총 누적 에너지 비용	\$
<b>총 에너지 사용량</b>	
총 누적 에너지 사용량	kWh
총 순간 전력 사용량	kW
<b>총 처리 비용</b>	
총 처분 비용	\$/d
총 누적 처리 비용	\$
<b>총 화학 첨가물 비용</b>	
총 화학 비용	\$/d
총 누적 화학 비용	\$
<b>총 비용</b>	
총 비용	\$/d
총 누적 비용	\$
단위 유량 당 총 비용	\$/m3

승인    취소

그림 13-4 (모든 객체에 대한) 레이아웃 운전 비용 출력 양식

### 객체-특정 운전 비용 출력 변수

모든 객체에 대한, 운전 비용 모델 출력 변수는 유출수 연결 지점을 우측 클릭하여 출력 변수 > 운전 비용 메뉴에서 선택할 수 있습니다.

이용 가능한 출력 변수는 특정 객체에 대한 총 에너지, 화학 약품 및 처분 비용뿐만 아니라 에너지 사용량 및 슬러지 처분 비율도 포함합니다. 특정 비용은 특정 객체 및 모델과 관련된 운전 비용에 따라 계산됩니다.

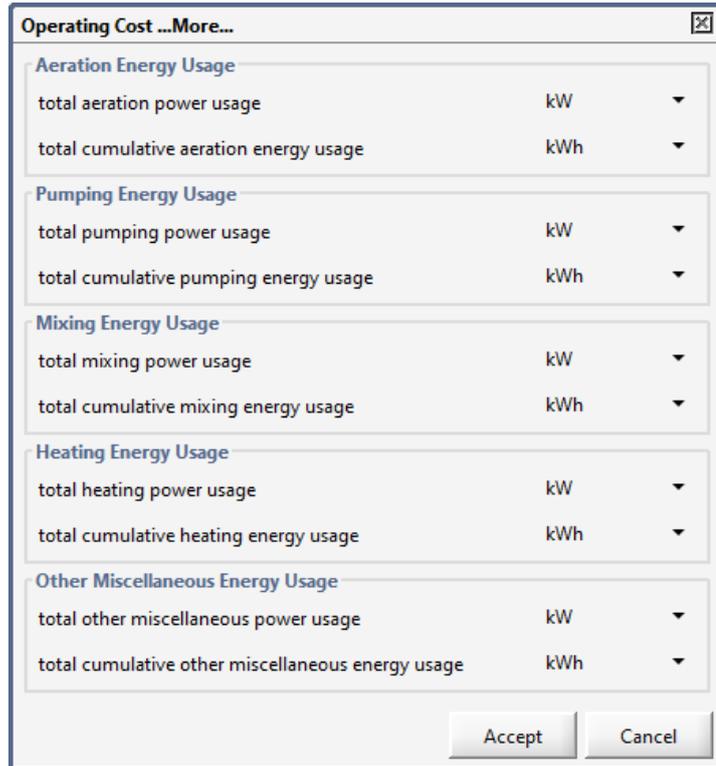


그림 13-5 객체-특정 운전 비용 출력 폼

### 운전 비용 모델의 보정

GPS-X에서 운전 비용 모델은 대표적인 폐수 처리 시설에서 찾아 낸 대표적인 운전 비용을 시뮬레이션 하기 위해 설계되었습니다. 모델은 대표적인 플랜트에 대한 비용을 제시하는 파라미터로 존재합니다.

시뮬레이션 되는 플랜트 거동으로 모델을 보정하기 위해, 사용자는 모델에서 다양한 파라미터를 조정할 필요가 있을 것입니다. 이 목록은 보정 가이드에 유용할 수도 있습니다.

#### 포기

시스템에 대한 수리학적 수두 및 손실 수두를 알고 있을 경우에 입력하십시오. 그렇지 않을 경우에는 디플트 값을 사용하십시오. 송풍 효율 및 확산 손실 수두와 함께 보정하십시오.

**펌핑**

시스템에 대한 수리학적 수두 및 손실 수두를 알고 있을 경우에 입력하십시오. 그렇지 않을 경우에는 디폴트 값을 사용하십시오. 펌프 효율 및 관 손실 수두와 함께 보정하십시오.

**화학 약품 주입&슬러지 처분**

이 계산은 "유량 곱하기 가격"의 단순한 계산이기 때문에, 모델은 가격 파라미터를 조정하여 보정합니다.

**혼합 & 난방 에너지**

이 계산은 "단위 부피 당" 기준으로 수행되므로 단위에 맞는 부피가 있는지 확인하십시오. 필요에 따라 단위 부피 사용량 당 전력을 조정합니다.

**기타 에너지**

기타 에너지 사용은 균일 요금이므로 적당한 요금을 조정하여 보정합니다.



# CHAPTER 14

## 최적화

### 소개

이 장에서는 GPS-X 최적화 및 이와 관련된 품을 설명합니다. 해석 보고서에서 제공한 최대 우도 적 함수 및 통계 테스트에 보다 자세한 사항은, *Appendix A* 및 *Appendix B*, 이 장의 *최적화 해석 보고서*에서 각각, 찾아낼 수 있습니다. 이 용된 전문어의 전체 목록은 이 장의 *Appendix C: Nomenclature* 에 있습니다. 이 장에서 인용된 참고 문헌 또한 이 장의 *Appendix D: References* 에 열거됩니다.

### 최적화 설명

최적화는 사용자-지정 목적 함수의 값을 극소화하기 위하여 이 함수에서 자유 변수를 조정하도록 디자인된 모듈입니다. 파라미터 추정의 경우, 이 자유 변수는 불명확한 공정 파라미터입니다. 최적화는 최소화를 위해 Nelder-Mead simplex method (Press et al., 1986)을 사용합니다. 알고리즘은 최적화(즉, 자유) 변수에 대한 경계를 처리하기 위해 변경되었습니다.

심플렉스 법은 기울기 정보에 의존하지 않는 다차원 절차(procedure)입니다. 알고리즘은 목적 함수의 로컬 최소값을 찾는 직접 탐색 이론을 사용하여 다차원 "표면"을 통해 조사합니다.

절차는 다차원 파라미터 공간의 초기 점에서 시작하고 그 다음에 각 파라미터 방향을 따라 축적된 양만큼의 초기 점을 교란시켜 공간에 새로운 점을 생성합니다. 이것은  $p$  가 최적화 변수의 수인 곳에서 심플렉스(simplex)를 정의하는 공간의  $p + 1$  점을 리드합니다. 이 점은 심플렉스의 정점이라고 불립니다.

각 반복에서, 심플렉스 법은 다면체의 잔여  $p$  점의 중심을 지나는 가장 높은 함수 값 (최악의 점)으로 정점을 반영합니다. 반영 비율은 **반영 상수**로 제어합니다. 반영된 정점이 새로운 최적의 점(가장 낮은 함수 값)이라면, 다면체는 반영 방향을 따라서 확장됩니다. 확장 비율은 **확장 상수**로 제어합니다. 확장된 정점이 반영된 정점보다 더 나은 경우 새로운 최적의 점을 받아들입니다.

반영 단계 후에 반영된 정점이 이전 반복상의 두 번째 최악의 정점보다 더 최악일 경우, 다면체는 축소됩니다. 반영된 정점은 잔여  $p$  정점의 중심을 지나는 새로운 최악의 점일 경우에 축소됩니다. 반영된 정점이 새로운 두 번째 최악의 점일 경우, 최악의 점은 중심을 지나서 축소됩니다. 축소 비율은 **축소 상수**로 제어합니다.

축소 단계가 실패할 경우, 다면체는 최적의 점을 향해 정점을 이동시키는 것으로 감소됩니다. 감소 비율은 **감소 상수**로 제어합니다.

각 단계에서 정점은 파라미터 경계가 위반되지 않았다는 것을 확인하기 위해 만들었습니다. 만약 어긋날 경우, 새로운 정점은 경계 안쪽으로 되돌아갑니다.

최적화 종료 기준이 만족할 경우, 최적화는 반복 과정 중에 찾아낸 최적의 점으로부터 파라미터 값을 사용하여 1 개의 추가 시뮬레이션을 실행합니다. 목적 함수의 글로벌 최소점이 아닌 로컬 최소점의 충돌 가능성이 있습니다. 이는 대부분의 최적화 알고리즘의 공통적인 문제입니다. 그 결과, 최적화가 글로벌 최소점을 찾아냈다는 것을 확실하게 하기 위해서 다수의 다른 시작 추정으로부터 최적화 문제(예, 파라미터 추정 또는 공정 최적화 문제)를 해결하는 것이 중요합니다.

만약 사용자가 신뢰 한계 인쇄하는 중 또는 미분 정보(최적화 설정 및 파라미터의 개요 참고(아래))를 신청할 경우, 최적화는 수치적 미분식을 생성하기 위해 추가 시뮬레이션을 실행합니다.

심플렉스 법에서 다면체의 반영, 확장, 축소 및 감소를 제어하는 상수는 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 시뮬레이션 도구 설정을 선택한 다음 최적화 섹션에서 상세...버튼을 클릭하여 사용할 수 있습니다. 결과 폼은 그림 14-1 과 같습니다. 사용자가 원하는 상수 값으로 수정할 수 있습니다. 초기 추정치에서 계산된 간격 크기 파라미터는 초기 간섭 크기를 제어하는데 사용됩니다.

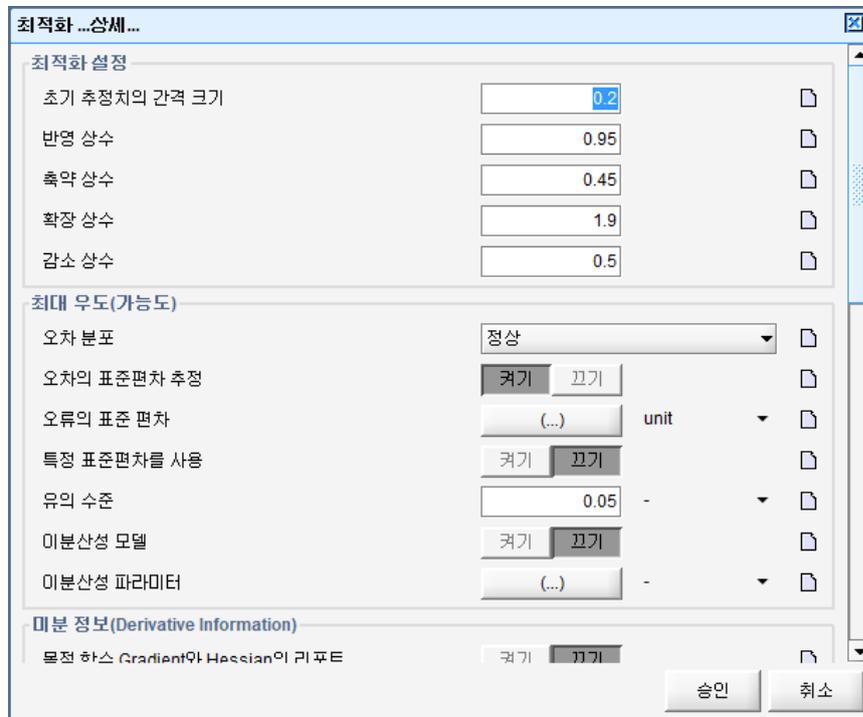


그림 14-1 Simplex 기법 상수를 포함하는 양식

## 목적 함수 옵션

GPS-X에서 이용할 수 있는 목적 함수의 목록은 아래와 같습니다:

### 절대 오차

$$F = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{n_j} |z_{i,j} - f_{i,j}| \tag{14.1}$$

상대 오차

$$F = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{n_j} \left| \frac{z_{i,j} - f_{i,j}}{z_{i,j}} \right| \quad (14.2)$$

제곱 합

$$F = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{n_j} (z_{i,j} - f_{i,j})^2 \quad (14.3)$$

상대 제곱 합

$$F = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{n_j} \left( \frac{z_{i,j} - f_{i,j}}{z_{i,j}} \right)^2 \quad (14.4)$$

최대 우도

$$F = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^m \left[ n_j (\ln(2\pi) + 1) + n_j \ln \left( \frac{1}{n_j} \sum_{i=1}^{n_j} \frac{(z_{i,j} - f_{i,j})^2}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \right) + \gamma_j \sum_{i=1}^{n_j} \ln f_{i,j} \right] \quad (14.5)$$

다음의 약어는 상기 제시된 목적 함수 표식에서 사용됩니다:

$z_{i,j}$  = 실험  $i$ 에서 응답  $j$ 의 측정 값

$f_{i,j}$  = 실험  $i$ 에서 공정 모델에 의해 예측된 응답 변수  $j$ 의 측정 값

$\gamma_j$  = 응답  $j$ 에 대한 이분산성 파라미터

$m$  = 측정 응답 변수의 수

$n_j$  = 응답  $j$ 에 대한 실험(즉, 실험)의 수

목적 함수 형식은 최적화 아이콘 옆의 역 삼각형을 클릭한 다음 드롭-다운 메뉴로부터 형식을 선택하여 사용할 수 있습니다.

### 파라미터 추정에 적합한 최적화 사용하기

일반적으로, 파라미터 추정을 할 경우, 최대 우도 함수가 사용되어야 합니다. 이 목적 함수는 측정 오차 특성 가정에 근거하여 최적 파라미터 추정을 통계적으로 계산합니다. 목적 함수 제곱 합은 더 단순화한 가정을 사용하여 유도한 최대 가능성 목적 함수의 특별한 경우입니다. 이는 단지 1 개의 응답 또는 목표 변수가 있을 경우의 최대 가능성 목적 함수와 동등합니다. 파라미터 추정과 최대 가능성 및 목적 함수 제곱 합에 대한 더 자세한 사항은 이 장의 Appendix A에서 살펴 볼 수 있습니다.

최적 파라미터 추정에 관여하지 않는 통계적 계산일 경우 다른 목적 함수는 곡선을 맞추는데(curve fitting) 사용할 수 있습니다.

## 공정 최적화에 적합한 최적화 사용하기

데이터 맞춤 적용 이외에, GPS-X는 공정 최적화에도 사용할 수 있습니다. 예를 들면, GPS-X는 운전 비용 또는 유출수 수질과 같은 공정 실행의 측정을 최적화 하는 사용자 공정 모델에 대한 운전 조건을 계산할 수 있습니다.

GPS-X에서 이러한 유형의 문제를 해결하기 위해 사용자는 데이터 맞춤 실습 문제를 처리할 필요가 있습니다. 예를 들어, 사용자가 어떤 모델 변수의 값을 최소화하고 싶다면, .dat 파일에서 모델 변수에 대한 작은 목표 값을 독단적으로 지정할 필요가 있고, 절대 오차 목표 함수를 사용하여 계산된 변수 값과 목표 값의 차이를 최소화하는 최적화를 할 것입니다. 이는 모델 변수를 직접 최소화하는 것과 동등합니다. 목표 값은 최적화가 도달할 수 없도록 충분히 작아야 합니다.

사용자는 1개의 실행 측정만을 사용하도록 한정되지 않습니다. 사용자는 많은 실행 측정을 선택할 수 있고 사용자-공급 목표에 변수를 맞추는 것으로 이 변수들을 최적화하는 GPS-X를 사용할 수 있습니다.

## 종료 기준

최적화를 종료하는데 사용된 4가지 다른 기준들이 있습니다.

- 1 **파라미터 허용오차:** 파라미터 차원에 따른 최대 크기는 모든 심플렉스 정점들 중에서 이 파라미터의 가장 큰 값, 및 모든 심플렉스 정점들 중에서 이 파라미터의 가장 작은 값의 차이로 정의됩니다. 이 최대 크기는 이 파라미터에 대한 상한과 하한의 차이로 그들을 분할하여 계산됩니다. 모든 파라미터 차원에 대한 최대 크기가 파라미터 허용오차보다 작을 경우, 최적화 공정은 종료됩니다.
- 2 **목표 함수의 허용오차:** 심플렉스 정점에 의해 포함된 목적 함수 값의 범위 (가장 큰 값 - 가장 작은 값)가 목적 함수 허용오차보다 더 작을 경우, 최적화 공정은 종료됩니다. 기준 1을 만족하지 않고 이 기준에 부합하는 것은 목적 함수가 몇몇 파라미터에 크게 민감하지 않다는 것을 의미할지도 모릅니다.
- 3 **목표 함수의 종료값:** 심플렉스상의 현재 최적의 점에서 목적 함수 값이 사용자가 지정한 마지막 목적 함수 값보다 더 작은 경우, 최적화 공정은 종료됩니다. 이 마지막 값은 크기에서 양의 값이고 작아야 합니다. 이 기준은 최대 가능성 목적 함수와 함께 사용되지 않습니다. 그 값이 0의 하계를 갖고 있기 때문에 다른 목적 함수에 대해서만 적용가능합니다(완벽한 맞춤).
- 4 **최적화 반복의 최대 횟수:** 최적 공정은 반복의 최대치에 도달할 때 종료됩니다.

이 4가지 기준들 중 어느 한가지라도 만족하면 반복 최적화 공정을 종료 시킬 것입니다. 이 기준들은 최적화를 실행하는 데 걸리는 시간과 최적 결과의 근접성을 서로 타협하도록 해 줄 것입니다.

종료 기준에 사용된 지정 값은 **일반 데이터** 메뉴에서 이용할 수 있습니다. 메뉴를 나타내기 위해 드로잉 보드상의 빈 지역을 우측 클릭하고 **그림 14-2**에 보이는 폼을 나타내기 위해 **레이아웃 > 일반데이터 > 시스템 > 입력변수 > 시뮬레이션 도구 설정**을 선택합니다.

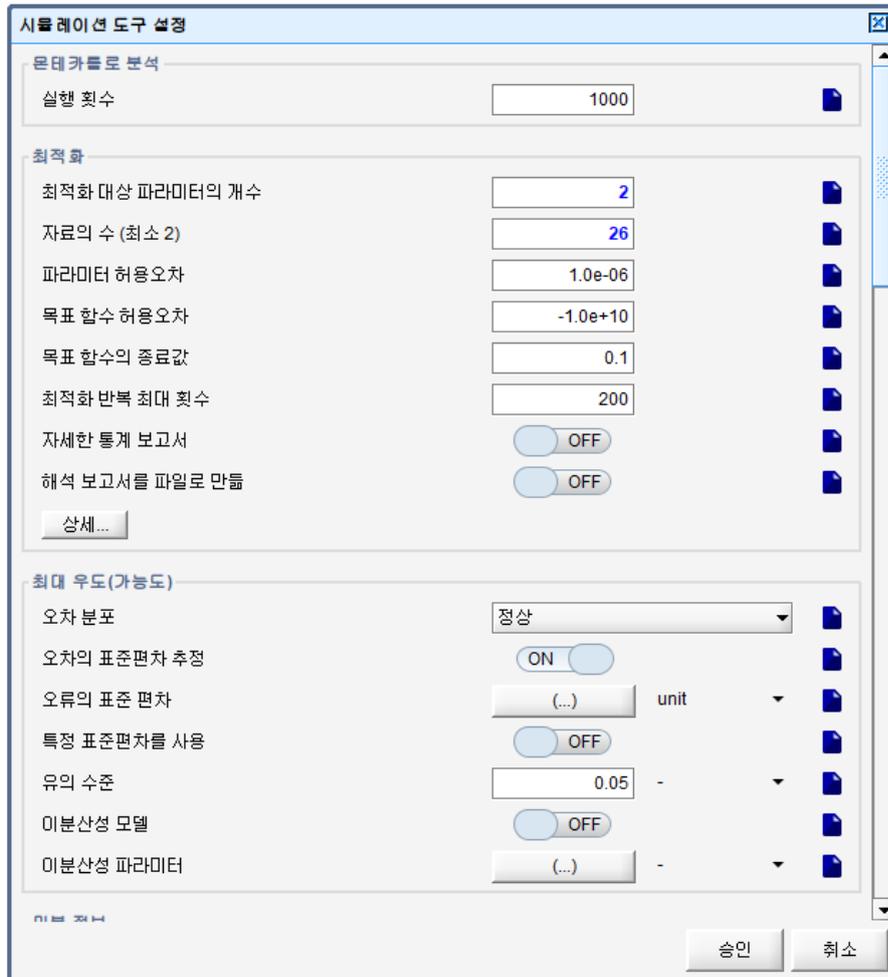


그림 14-2 종료 기준 설정을 포함한 최적화 폼

종료 기준은 그것을 큰 음의 값으로 지정하여 사용할 수 없게 할 수 있습니다. 목적 함수 허용오차는 디폴트로 사용할 수 없게 되어있습니다.

## 최적화 유형(형식)

최적화 모듈은 공정 측정을 처리하기 위해 3 가지 다른 형식: 시계열 측정, 본래 공정 측정치의 평균인 장기 운전 데이터, 온라인 측정을 갖추고 있습니다. 각각의 측정 세트 유형은 GPS-X 에서 최적화 문제의 다른 유형으로 리드합니다. 최적화 유형은 **최적화** 아이콘 옆의 역 삼각형을 클릭한 다음 드롭-다운 메뉴로부터 **형식**을 선택하여 사용할 수 있습니다.

### 시계열 최적화

최적화 유형은 일반적으로 GPS-X 에서 파라미터 추정과 공정 최적화에 사용됩니다. 시계열과 정상 상태 측정 둘 다 처리하기 위해 설계되었습니다.

이 최적화 유형에서, 사용자는 .dat 확장자를 가진 텍스트 파일로 사용자가 측정한 데이터를 입력합니다. 이 텍스트 파일은 GPS-X 사용자 가이드에서 설명한 이름과 포맷 규정을 따라야 합니다.

동적 모델을 포함하는 파라미터 추정에서, 텍스트 파일에 입력된 데이터는 응답 변수의 각각에 대한 시계열 값의 세트일 것입니다. GPS-X 에서 응답변수는 목표 변수를 의미합니다.

정상 상태 최적화는 각 목표 변수에 대해 1 개의 데이터 포인트를 가진 시간 시계열-유형 최적화입니다. 정상-상태 솔버를 사용하고 시뮬레이션은 0.0 의 정지시간을 가집니다. 이 최적화 유형은 일간, 주간, 월간 평균으로 기록된 데이터로 모델을 보정하는데 유용합니다. 이 유형의 데이터는 전형적으로 혼합물 샘플에서 얻게 됨으로 실제 공정의 시간 다이내믹을 정확하게 반영하지 않습니다. 정상 상태 최적화에서, 평균 데이터는 목표로 사용되고 선택한 모델 파라미터를 이 목표에 맞추기 위해 조정합니다.

공정 최적화를 실행할 경우, 원하는 시간 포인트에서 공정 효율 측정에 대한 단일 목표 값을 입력합니다. 앞서 언급하였듯이, 사용자는 절대 오차 목적 함수를 사용해야 함을 명심해야 합니다.

GPS-X 는 사용자가 선택한 목적 함수를 사용하여 사용자의 모델을 측정한 데이터에 맞출 것입니다. 모델의 예측 값을 표시하기 위해 출력 그래프를 준비할 경우, GPS-X 는 .dat 파일에서 제공하는 측정치가 자동적으로 나타날 것입니다.

GPS-X 는 각 최적화 반복에서 예측한 값에 대한 (최적화의 진행 상황을 추적하기 위한) 새로운 곡선을 그릴 것입니다. 최적화 공정의 끝에서, 최종 예측 응답이 나타나고 그 결과 시각적인 맞춤에 접근할 수 있습니다. 이 그래프 유형의 예는 그림 14-3과 같습니다.

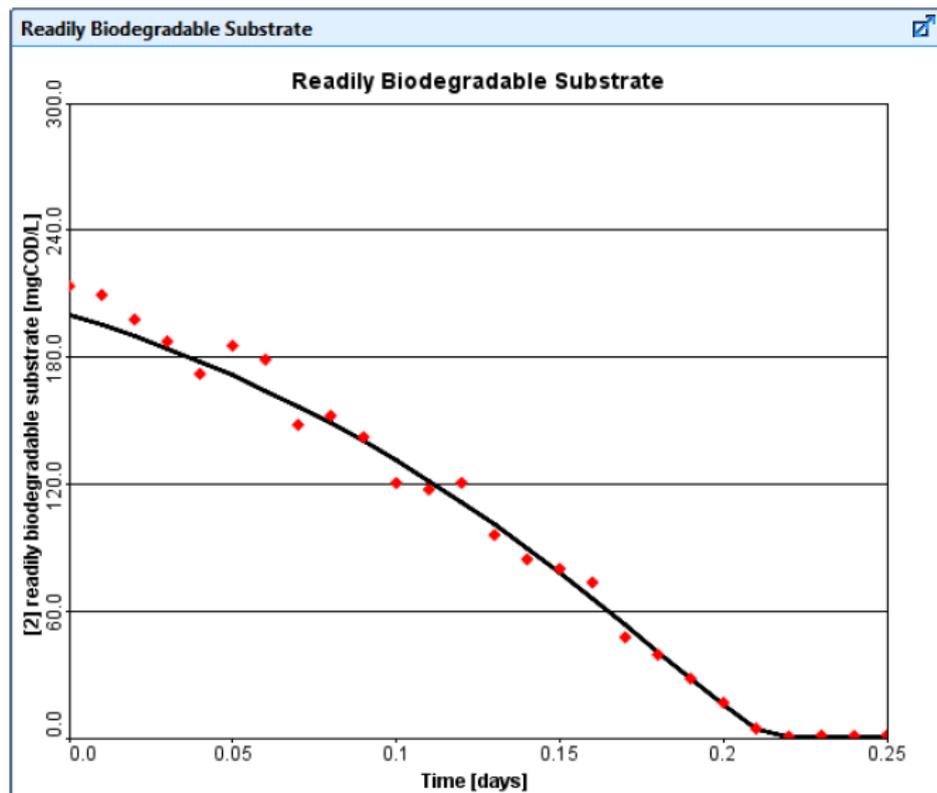


그림 14-3 측정 데이터(◆ 표시) 및 예측 응답(연속 선)을 보여주는 GPS-X 출력 그래프의 예

## 동적 파라미터 추정 (DPE)

GPS-X는 또한 정교한 동적 파라미터 추정(DPE) 기능을 가지고 있습니다. DPE는 시간-변화 파라미터 추정을 위해 디자인되었습니다. 이는 온-라인 데이터 또는 오프-라인 시계열 데이터 세트를 사용할 수 있습니다. 온-라인 데이터 사용에 관한 세부사항은 고급 제어 모듈 매뉴얼을 참고하시길 바랍니다.

DPE에 숨겨진 동기는 공정 모델 내 파라미터가 종종 일정하지 않고, 시간에 따라 변화한다는데 있습니다. 예를 들어 포기조 내 산소 질량 전달 계수는 종종 시간에 따라 천천히 변합니다.

동적 파라미터 추정은 이해하기 어려운 공정에서의 파라미터를 추정하는데 유용합니다. 이러한 경우 모델 구조는 부정확할 것입니다. 그 결과, 모델은 짧은 시간 간격에 따라 데이터를 나타낼 수 있을지도 모릅니다. 이 경우, DPE 사용은 모델 오차를 보정하는 것을 도울 것이며 측정 데이터의 맞춤을 받아들일 수 있도록 해줄 것입니다.

동적 파라미터 추정이 유용한 또 다른 상황은 공정 변화와 혼란을 발견하는데 관심이 있을 경우입니다. 예를 들면 모델 파라미터가 정상 공정 운전 동안 상대적으로 일정하지만, 공정 변화에 민감할 경우, 사용자는 DPE 기능 및 온-라인 데이터를 사용하여 공정 변화 또는 혼란에 대한 사전 경보를 제공하는 것을 돕기 위해 이 파라미터를 추적 할 수 있습니다.

GPS-X에서, 동적 파라미터 추정은 앞서 언급한 이동하는 시간 창에 시계열 최적화 접근을 적용하여 행해집니다. GPS-X는 전체 데이터 세트에서 파라미터를 추정하는 대신에, 시작 추측으로 이전 시간 창으로부터 파라미터 추정을 사용하여 각 시간 창에 대한 파라미터 추정 세트를 계산합니다. 이 접근은 새 데이터 블록(온라인 데이터)과 함께 계속적으로 업데이트 되는 데이터 파일이나 시계열 데이터의 고정 파일에서 사용할 수 있습니다. 사용자는 동적 파라미터 추정 시, 시계열 최적화에 가능한 어떤 목적 함수든지 사용할 수 있습니다.

시간 창 길이는 파라미터가 얼마나 자주 업데이트되는지를 제어합니다. 시간 창이 짧을수록, 더 자주 파라미터를 업데이트 합니다. 짧은 시간 창을 사용할 경우, 데이터를 필터링 하여 noise를 제거할 필요가 있을지도 모르지만 GPS-X는 noise에 적합하지 않습니다.

DPE 기능을 사용할 경우 최적화 루틴의 적절한 종료를 확실히 하기 위해, 시간 창과 통신 간격을 선택하되 시간 창을 통신 간격의 정수 배로 할 것을 제안합니다.

## 최적화 설정 및 파라미터의 정리

이 섹션은 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 시뮬레이션 도구 설정 > 최적화 도구 > 상세...를 선택하여 이용할 수 있는 최적화 품에 대해 설명합니다. 이 품의 상위 부분은 [그림 14-2](#)에 나타내었으며 하위 부분은 아래 [그림 14-4](#)에 나타내었습니다.

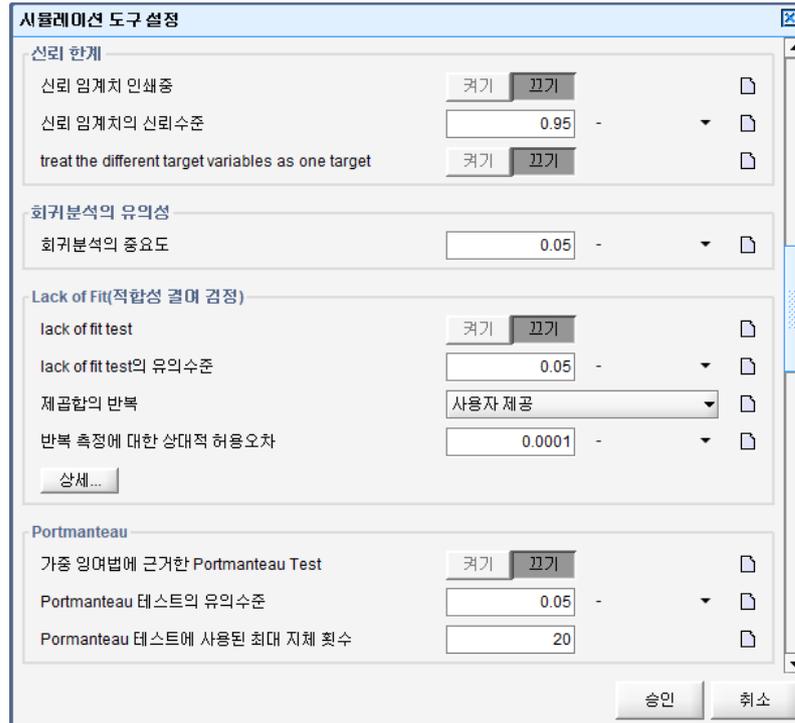


그림 14-4 최적화 양식 아래 부분

이 폼에서 찾아낸 **종료 기준**은 이 장의 **종료 기준** 섹션에서 설명하였습니다. **최적화** 보조-섹션에서 **상세...** 버튼을 클릭하여 이용 가능한 폼은 심플렉스 법 상수를 포함합니다. **최적화** 폼에서 찾아낸 잔여 설정 및 파라미터는 아래에서 설명합니다. 사용자는 폼을 스크롤 하여 다른 보조-섹션을 이용할 수 있습니다.

### 최적화 보조-섹션

**최적화 대상 파라미터의 개수:** 이는 최적화로 조정된 변수의 수를 설정합니다. **제어 설정** 창에서 **최적화** 변수로 지정한 파라미터의 수와 일치해야 합니다.

**자료의 수 (최소 2):** 이 수는 GPS-X 가 .dat 파일로부터 읽어올 행 수의 상위 범위를 설정합니다. 디폴트 값이 커야 GPS-X 가 이 값을 변경하지 않고도 데이터 세트의 대다수를 처리할 수 있습니다.

**자세한 통계 보고서(ON - OFF):** 이 옵션을 **ON** 으로 설정하고 사용자가 **최대 가능성** 또는 **목적 함수 제공** 합을 사용할 경우, 뒤따른 통계는 파라미터 추정 및 목적 함수 값뿐만 아니라 분산-공분산 행렬, 상관관계 행렬, 회귀에 의해 % 로 설명되는 변화, 회귀의 중요도, 적합 테스트의 결여, 실측 값, 예측 값, 예측 및 실측 값의 % 오차, 잔차, 가중 잔차, 표준화 잔차, 표준화 잔차 도표, 및 가중 잔차의 포만토우 테스트(Portmanteau test)를 해석 보고서에 제공합니다. 분산-공분산 행렬 및 상관관계수 행렬은 **신뢰 한계를 인쇄하는 중** 옵션이 **ON** 으로 설정된 경우에만 보고됩니다. 적합 테스트의 결여는 켜져 있을 경우에만 보고됩니다. 포만토우 테스트(Portmanteau test) 또한 켜져 있을 경우에만 기록되고 최대 가능성 목적 함수를 사용합니다. 통계 테스트에 대한 더 자세한 정보는 이 장의 *Appendix B: 최적화 해석 보고서*를 참고하시기 바랍니다.

**해석 보고서를 파일로 만들(ON - OFF):** 이 옵션을 **ON** 으로 설정한 경우, 통계 출력은 현재 폴더에서 *stats.txt* 파일로 추가됩니다.

## 최대 우도 보조-섹션

**오차 분포 (정규/코시):** 최대 가능성 목적 함수에 사용한 실측 치 오차의 확률 분포를 선택합니다. 정규(Normal) 옵션은 대부분의 경우에 사용해야 합니다. 코시(Cauchy) 분포는 정규 분포와 유사한 것처럼 보이지만 더 heavier tail 를 갖고 있기 때문에 평균에서 멀리 제거된 값들은 관련 정규 분포에서보다 더 높은 가능성을 가집니다.

**오차의 표준 편차를 추정함 (ON - OFF):** 표준 편차가 방정식 (14.10)를 사용하여 데이터로부터 추정되는지 또는 지정한 것으로부터 추정되는지를 결정합니다.

**오류의 표준 편차:** 오류 표준 편차의 벡터는 각 관련 변수(오류는 변수와 실측에 걸쳐 독립적인 것으로 가정)와 관련됩니다. 오류의 표준 편차가 ON 으로 설정된 경우, 이 변수들은 추정 문제에서 사용하지 않습니다.

**특정 표준 편차를 사용(ON - OFF):** 오류의 표준 편차가 주어진 유의 수준에서 참고 경계 밖으로 떨어지는 가중 잔차의 비율을 계산할 목적으로 참고 값을 사용할 경우 결정합니다. 이 참고 경계는 참고 표준 편차를 사용하여 계산합니다. 뿐만 아니라, 이 옵션이 ON 일 경우, 카이-스퀘어 테스트 (chi-square test)는 Reference 표준 편차에 의해 분할된 가중 잔차 표준 편차의 제곱 합으로 실행됩니다. 디플트로 이 옵션은 OFF 로 설정되어 있습니다. 이는 최적화 실행의 결과에 영향을 미치지 않습니다.

**유의 수준:** 이 값은 특정한 표준 편차를 참고로 사용함을 ON 으로 설정한 경우, 참고 경계를 계산하기 위해 사용합니다. 이는 최적화 실행의 결과에 영향을 미칠 수 없습니다.

**이분산성 모델 (ON - OFF):** 방정식 (14.8)에서 주어진 분산 모델을 사용할 것인지를 결정합니다. 이 옵션이 꺼져 있을 경우, 이분산성 파라미터는 0 으로 설정합니다.

**이분산성 파라미터:** 각 응답 변수에 대한 이분산성 파라미터를 포함하는 벡터. 이분산성 모델이 OFF 로 설정된 경우, 모든 이분산성 파라미터는 무시됩니다.

## 미분 정보 (DERIVATIVE INFORMATION) 보조-섹션

**목적 함수 Gradient 와 Hessian 리포트 (ON - OFF):** 결과에서 목적 함수 기울기와 Hessian 의 인쇄를 제어합니다. 이 옵션이 ON 인 경우, Gradient 및 Hessian 는 로그 창에 인쇄되고 필요할 경우 *stats.txt* 파일로 인쇄됩니다. 목적 함수 Gradient 는 최적화된 각 파라미터에 대한 목적 함수의 미분을 포함하는 벡터입니다. 상대적 기울기는 계산된 기울기 버전입니다. Hessian 는 최적화된 파라미터에 관해 목적 함수의 2 차 미분을 포함하는 매트릭스 입니다. Gauss-Newton Hessian 근사치가 사용됩니다. Hessian 는 최대 가능성 또는 목적 함수 제곱 합을 사용할 경우에만 보고됩니다.

**모델의 감도 계수를 보고함 (ON - OFF):** 결과에서 모델 민감도 계수의 인쇄를 제어합니다. 이 옵션이 ON 인 경우, 민감도 계수는 로그 창에 인쇄되고 필요할 경우 *stats.txt* 파일로 인쇄됩니다. 각 목표 변수에서, 모델 민감도 계수는 각 데이터 포인트에서 최적화된 각 파라미터에 대한 목표 변수의 미분입니다. 이 미분은 Hessian, 공산-공분산, 및 상관계수 행렬과 신뢰 한계에 사용됩니다.

**유한 차분의 상대적 간섭의 크기:** 기울기 벡터 요소 및 모델 민감도 계수는 유한-차분 공식, 보다 명확하게 말하면 포워드-차분(forward-difference) 공식을 사용하여 계산합니다. 미분 계산에 사용된

간격 크기는 관심 있는 파라미터의 절대 값으로 유한-차분의 상대적 간섭의 크기를 곱하는 것으로 계산됩니다. 이 설정은 신뢰 한계의 계산에 영향을 미친다는 것에 주의하십시오.

### 신뢰 한계 보조-섹션

**신뢰 임계치 인쇄 중 (ON - OFF):** 파라미터 추정에 대한 신뢰 한계를 인쇄하는 중과 계산을 제어합니다. 이 옵션이 ON 인 경우, 신뢰 한계는 로그 창에 기록되고 필요할 경우 *stats.txt* 파일로 인쇄됩니다. 이 옵션이 OFF 인 경우(디폴트 설정), 신뢰 한계는 로그 창에 계산되지 않거나 또는 *stats.txt* 파일에 인쇄되지 않습니다. 신뢰 한계는 최대 가능성 또는 목적 함수 제공 합을 사용할 경우에만 보고됩니다. 이 스위치는 최적화 실행의 결과에 영향을 미치지 않습니다.

**신뢰 임계치의 신뢰수준:** 유의 수준은 신뢰 한계를 계산할 경우에 사용합니다. 디폴트 값 0.95 는 95%의 신뢰한계에 해당합니다.

**한가지 목표로 다른 목표 변수를 처리함 (treat different target variables as one target) (ON - OFF):** 하나 이상의 목표 변수 및 최대 가능성 목적 함수가 사용된 경우, 이 스위치는 신뢰 한계 계산에서 연구자의 t-statistic 에 사용된 자유도 계산 목적과 동일한 목표로 다른 목표를 처리하는지 제어합니다. 이 특징은 실제로 다른 실험으로 측정된 동일한 변수인 다른 목표 변수를 사용자가 많이 갖고 있을 경우에 유용합니다.

### 회귀분석의 유의성 보조-섹션

**회귀분석의 중요도:** 회귀 테스트의 중요도에 사용된 유의 수준입니다. 적합한 메시지는 계산된 확률 값과 유의수준에 의존적인 GPS-X 에 의해 인쇄됩니다. 확률 값이 선택한 유의 수준(디폴트 값은 0.05)보다 클 경우 파라미터가 모두 0 이고 관련 목표 변수에서 회귀가 중요하지 않다는 증거를 제시합니다. 확률 값이 유의 수준보다 작을 경우 회귀가 관련 목표 변수에서 중요하다는 것과 뜻밖에도 예상한 것 보다 회귀가 크다는 것으로 변화를 해석하게 됨을 의미합니다. 이 테스트는 최대 가능성 또는 목적 함수 제공 합을 사용할 경우에만 기록됩니다. 이 스위치는 최적화 실행의 결과에 영향을 미치지 않습니다.

### LACK OF FIT (적합성 결여 검정) 보조-섹션

**Lack of Fit Test (ON - OFF):** 적합성 결여 테스트의 인쇄를 제어합니다. 옵션이 ON 이고 상세한 통계 파라미터를 ON 으로 설정한 경우, 적합성 결여 테스트는 로그 창에 기록되고 필요할 경우 *stats.txt* 파일로 인쇄됩니다. 이 테스트는 사용자 공급 추정 측정 공산 또는 반복 측정을 사용하여 계산한 측정 공산을 비교하여 잔차의 공산이 수락 가능한지를 결정합니다. 이 테스트는 최대 가능성 또는 목적 함수 제공 합을 사용할 경우에만 기록됩니다. 이 스위치는 최적화 실행의 결과에 영향을 미치지 않습니다.

**Lack of Fit Test 의 유의수준:** 적합성 결여 테스트에 사용한 유의수준입니다. 적합한 메시지는 계산된 확률 값과 유의수준에 의존적인 GPS-X 에 의해 인쇄됩니다. 기준 목표 변수에 대한 확률이 선택한 유의수준보다 작을 경우, 이 목표 변수와 관련된 적합성 결여가 있음을 의미합니다.

**제공합의 반복 (사용자 공급/계산됨):** 적합성 결여 테스트에 사용된 제공합의 반복을 사용자가 공급할 것인지 또는 반복 측정을 사용하여 GPS-X 로 계산할 것지를 지정하기 위한 옵션입니다.

**반복 측정 검출에 사용된 상대적 허용오차:** 이는 데이터 세트에서 반복 측정을 검출할 때 사용된 상대적 차이입니다. 디폴트 값은 1.0E-4 입니다. 반복 측정은 .dat 파일에서 알맞은 때에 맞춰 매우 근접한

측정치에 두는 것으로 GPS-X 내에 삽입됩니다. GPS-X 는 .dat 파일 내에 들어온 모든 시간 사이의 상대적 차를 점검하는 것으로 반복 측정을 확인합니다. 두 시간 값 사이의 상대적 차가 반복 허용오차보다 작을 경우, 관련 측정은 적합성 결여 테스트를 계산하는 목적에 대해 반복하는 것으로 여깁니다.

### **사용자 제공의 제공합 반복 보조-섹션**

이 보조-섹션은 **적합성 결여** 보조-섹션의 **상세...버튼**을 클릭하여 이용할 수 있습니다.

**목표 변수의 수:** 목표 변수의 수는 최적화에 사용합니다. 이는 **제공의 반복 합** 배열 및 **제공 합의 자유도** 배열을 크기를 측정하는데 사용합니다.

**제공합의 반복:** 각 목표 변수에 대한 제공합의 반복을 기입하기 위한 배열입니다. 사용자가 반복 측정을 갖고 있지는 않으나 과거 경험으로부터 측정 분산의 알맞은 추정이 있을 경우에 유용합니다.

**제공의 합의 자유도:** 각 사용자가 공급한 제공합의 반복과 관련된 자유도를 기입하기 위한 배열입니다. 사용자가 이 정보를 갖고 있지 않을 경우 대충의 추정 값을 입력할 수 있습니다. 큰 자유도 값은 공산 추정에서 높은 신뢰도를 의미한다는 것을 기억하십시오.

### **PORTMANTEAU 보조-섹션**

**가중 잔차의 portmanteau test (ON - OFF):** 이 스위치는 포만토우 테스트를 ON 또는 OFF 로 전환시킵니다. 포만토우 테스트는 가중된 잔차의 추세를 검출하는데 사용합니다. 포만토우 테스트는 연속적인 데이터(예, 시간 또는 공간)를 위해 디자인됩니다. 어떠한 추세가 나타날 경우, 잔차는 독립적이지 않습니다. 이는 최대 가능성 방법의 가정 중 한가지에 어긋나고 데이터에서 모델이 모든 비-임의적 변화성에 대해 설명하지 않는다는 것을 나타냅니다. 알맞은 메시지가 테스트 결과에 따라 인쇄됩니다. 이 테스트는 최대 가능성 목적 함수를 사용한 경우에만 보고됩니다. 이는 최적화 실행의 결과에 영향을 미치지 않습니다.

**portmanteau 테스트에 사용된 최대 지체 횟수:** 디폴트로, 포만토우 통계는 시계열 길이의 반에 이르는 자동상관관계를 포함합니다. 이 설정은 고려된 자동상관관계의 수에 제한을 한층 더 강제하는데 사용할 수 있습니다. 큰 값은 이 옵션의 기능을 효과적으로 억제합니다. 이 설정은 최적화 실행의 결과에 영향을 미치지 않습니다.

### **다이나믹 보조-섹션**

**DPE Timewindow:** 동적 매개 변수 추정을 위한 시간 창입니다.

## **최적화 전략**

최적 파라미터 값 또는 최적 운전 조건을 추정하기 위해 최적화 도구를 사용하기 전에, 보통 최적화 변수의 수동 조정으로 테스트하는 것이 가장 좋습니다. 인터랙티브 시뮬레이션을 이용하여 사용자는 관심 있는 응답 변수로 모델 파라미터의 효과를 관찰 할 수 있습니다. 이 정보로 사용자는 파라미터 추정 또는 최적화 실행에서 사용할 적합한 변수로 더 나은 판단을 할 수 있을 것입니다.

예를 들어, 사용자는 파라미터에 대한 슬라이더 제어기로 인터랙티브 시뮬레이션을 설정 할 수 있고 그 후에 시각적으로 만족스러운 맞춤을 시도하고 달성하기 위해 변수 조정하기를 시도할 것입니다. 사용자는 목표

변수에 따른 실제 데이터를 출력할 수 있고 그로 인해 시뮬레이션과 실제 데이터를 비교할 수 있습니다. 이 방법은 파라미터 추정과 공정 최적 실행에 대한 추정의 시작을 가져오는데 유용합니다.

## APPENDIX A: 최대 우도 이론

### 소개

이 부록에서는 최대 우도 이론을 좀더 상세하게 설명합니다. 우선 파라미터 추정의 일반적인 소개는 Bard (1974)의 자료에 근거합니다. 이는 GPS-X에서 실행되는 것과 같이 최대 우도 방법에 대한 상세한 설명을 담고 있습니다. 마지막으로, 목적 함수 제곱 합에 대해 간단하게 설명하였습니다.

### 파라미터 추정

파라미터 추정은 실측한 데이터로 모델 파라미터의 최적 추정을 계산하여 공정의 수학적 모델을 맞춤화하는 절차입니다. 최적 맞춤을 평가하는데 사용한 기준에서 단순 곡선 맞춤과 다른 파라미터 추정은 임의적이지 않으나 통계적인 고려에 근거를 둡니다. 또한, 모델 구조는 이론적인 원리에 근거하고 흔히 모델 파라미터는 물리적 중요성을 가지고 있습니다. 곡선 맞춤에서, 모델 구조의 선택은 더 임의적이고 계산을 단순화하기 위해 수시로 선택됩니다. 파라미터 추정의 목표는 데이터로 모델을 맞추는 것뿐만 아니라 물리량의 정확한 값을 추정하는데 알맞은 파라미터 값을 계산하기 위함입니다.

파라미터 추정 기법을 경험적 모델에 적용할 수 있으나, 추정의 통계적 특성은 물리적 관점에서 중요하지 않을 수도 있습니다. 또한, 경험적 모델은 기계학적 모델로 외삽법(extrapolation)에 적절하지 않습니다.

파라미터 추정은 수학적 공정 모델의 발달에 있어 중요한 단계입니다. 공정 모델은 플랜트에 따라 크게 변화할지도 모르는 물리적 중요성을 지닌 파라미터를 포함합니다. 예측의 목적으로 사용할 수 있는 공정 모델을 발달 시키기 위해, 측정된 공정 데이터를 사용하여 알려지지 않은 공정 파라미터를 추정하는 것은 중요합니다. 알려지지 않은 파라미터에 대해 참고 문헌 값을 사용할 경우 실제 플랜트 거동을 예측하는데 매우 유용하지 않는 모델의 결과를 종종 가져올수도 있습니다.

### 최대 가능성 이론

GPS-X 는 파라미터 추정에 최대 가능성 이론을 사용합니다. 최대 가능성 이론에서, 최적 파라미터 추정은 실측치의 결합 확률 밀도 함수를 최대화하는 것으로 실행됩니다. 이 결합 확률 밀도 함수는 파라미터 함수이며 우도 함수로 알려져 있습니다. 우도 함수의 형태는 경험적 오차의 구조에 달려있습니다.

GPS-X에서, 경험적 오차는 평균 0으로 정규 분포된 임의 변수인 것으로 가정합니다. 그 결과, GPS-X에서 사용한 우도 함수는:

$$L\left(\bar{\theta}, V_1, V_2, \dots, V_n\right) = 2\pi^{-(nm)/2} \prod_{i=1}^n |V_i|^{-1/2} \exp\left(-\frac{1}{2} \sum_{i=1}^n e_i^T V_i^{-1} e_i\right) \quad (14-6)$$

여기서,

$N$  = 실험 수(즉, 실측).

$m$  = 측정된 응답 변수의 수

$V_i$  =  $i$ 번째 실험에 대한 분산-공분산 행렬

$|V_i|$  =  $V_i$ 의 행렬식

$\theta$  = 응답 변수의 측정 값과 수학적 공정 모델로 예측한 값의 차이를 포함하는  $m \times 1$  잔차 벡터

$\bar{\theta}$  = 수학적 공정 모델에서 추정할 파라미터의 벡터

이 식은 다변수 정규 확률 밀도 함수(pdf)에서 오차 벡터에 대한  $e_i$ , 즉, 잔차 벡터를 치환하여 유도합니다. 다변수 정규 pdf 에서 오차 벡터는 응답 변수의 측정 값(맞춤 변수)과 정확한 값 사이의 차이를 포함합니다. 더 자세한 사항은 Bard (1974)를 살펴보십시오.

또한 측정 오차는 실측 및 응답 변수로부터 독립적인 것으로 GPS-X 는 가정합니다. 이는 **식 14.6**의 분산-공분산 행렬이 대각적이긴 하지만 꼭 같지만은 않다는 것을 의미합니다.

GPS-X 에서 log-likelihood 함수는 수학적 편의를 위해 우도 함수(likelihood function) 대신에 사용합니다. log-likelihood 함수 최대화는 우도 함수 최대화와 동일합니다. log-likelihood 함수는 아래 나타낸 것과 같이, 식 14.6 에 자연 대수를 취하여 유도합니다.

$$\ln L = \frac{-nm}{2} \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \ln(\sigma_{i,j}^2) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n e_i^T V_i^{-1} e_i \quad (14-7)$$

여기서:

$\sigma_{i,j}^2$  = 실험  $i$ 에서 응답  $j$ 의 분산

이 유도에서, 응답 변수의 분산이 모든 실측치에 걸쳐 상수가 아닌 것으로 가정합니다. 이를 고려하기 위해, GPS-X 는 추정된 분산(Reilly *et al.*, 1977)으로 다음의 식을 이용합니다:

$$s_{i,j}^2 = \omega_j^2 f_{i,j}^{\gamma_j} \quad (14-8)$$

여기서

$s_{i,j}^2 = \sigma_{i,j}^2$ , 분산의 추정

$\omega_j$  = 응답  $j$ 에 대한 비례 상수로, 가중된 잔차의 표준 편차

$f_{i,j}$  = 실험  $i$ 에서 공정 모델로 예측한 응답 변수  $j$ 의 값

$\gamma_j$  = 응답  $j$ 에 대한 이분산성 파라미터

이 식은 응답  $j$ 에 대해 예측한 값의 크기로 응답 변수  $j$ 의 대한 변화성을 설명합니다.

이분산성 파라미터는 분산이 어떤 식으로 예측한 값에 의존하는지를 제어합니다. 이 파라미터는 0~2 사이의 범위를 가지고 이 범위 내에서 연속적입니다. 0의 값은 응답 변수  $j$ 의 실측치 전반에 걸쳐 일정한 절대적 변화성을 나타냅니다. 2의 값은 응답 변수  $j$ 에 대한 실측치 전반에 걸쳐 일정한 상대적 변화성을 나타냅니다.

$\omega_j$ 의 최적 값을 결정하기 위해, log-likelihood 에서 조정 가능한 다른 파라미터가 주어지고, 식 14-8에 제시한 추정된 분산은 식 14-7에 대입합니다. 결과 방정식은  $\omega_j$ 에 관해 미분되고 미분은 0으로 설정합니다.

$$\omega_j^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{(z_{i,j} - f_{i,j})^2}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \tag{14-9}$$

여기서

$z_{i,j}$ 는 실험  $i$ 에서 응답  $j$ 의 측정된 값입니다.

식 14-8에 이 식을 대입하여 nonhomogeneous 측정 오차를 설명하는 변화성에 대한 추정을 산출합니다.

$$s_{i,j}^2 = \left(\frac{1}{n}\right) f_{i,j}^{\gamma_j} \sum_{i=1}^n \frac{(z_{i,j} - f_{i,j})^2}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \tag{14-10}$$

식 14-10을 식 14-7에 대입할 경우 log-likelihood 함수는 다음의 식과 같아집니다:

$$\ln L = -\frac{nm}{2}(\ln(2\pi)+1) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \ln \left( \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{(z_{i,j} - f_{i,j})^2}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \right) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \gamma_j \ln f_{i,j} \tag{14.11}$$

실측치의 수가 각 응답 변수에 따라 다를 확률을 고려하기 위해, 식 14-11은 다음과 같이 재-편성합니다(Steiner et al., 1990):

$$\ln L = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^m \left[ -n_j (\ln(2\pi)+1) - n_j \ln \left( \frac{1}{n_j} \sum_{i=1}^{n_j} \frac{(z_{i,j} - f_{i,j})^2}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \right) - \gamma_j \sum_{i=1}^{n_j} \ln f_{i,j} \right] \tag{14.12}$$

이 식은 측정된 데이터로 공정 모델을 맞추고 최적 파라미터 추정을 얻기 위해 GPS-X에 의해 최대화되는 함수입니다. 측정이 공정 모델로 만들어진 식 14-12는 확률의 측정치입니다.

사용자는 이분산성 인자를 설정하거나 최적의 값을 GPS-X 추정으로 행할 수 있음에 유의하십시오.

공정 모델은 일반적으로 비선형이기 때문에, 식 14-12를 최대화하는 파라미터 값을 분석적으로 결정할 수 없습니다. 반복 최적화 방법은 식 14-12를 최대화할 것을 요구합니다. 이 장에서 앞서 언급했듯,

GPS-X는 최적화에 Nelder-Mead simplex method(Press *et al.*, 1986)를 사용합니다. 이 방법은 편미분의 계산을 요구하지 않는 직접 탐색 알고리즘의 한 유형입니다. 이는 미분 방정식의 시스템에서 파라미터를 추정할 때 유용합니다. 심플렉스 법은 또한 불연속을 포함하는 목적 함수를 처리할 수 있다는 이점이 있습니다. 이 방법은 일반적으로 미분에 근거한 최적화 방법보다 더 느리지만, 목적 함수의 보다 큰 변화를 처리할 수 있고 근접성 찾기에서 상당히 확고한 것으로 확인됩니다. GPS-X에서 실행된 심플렉스 법의 버전은 파라미터상에 경계를 두는 것을 허용합니다.

심플렉스 법이 최소화를 위해 디자인되기 때문에, GPS-X는 최적 파라미터 추정을 결정하기 위해 식의 음수를 최소화합니다.

## 목적 함수 제공 합

1개의 목표 변수만 있고 분산이 모든 실측치에 대해 일정할 때 (즉, 이분산성 파라미터=0), 목적 함수 제공 합은 최대 가능성 목적 함수와 동등합니다. 1개 이상의 목표 변수에 따른 문제점에 대한, 목적 함수 제공 합은 측정 오차에 관한 추가 가정을 만들었을 경우의 결과로 최대 가능성 목적 함수의 특별한 경우입니다. [식 14-12](#)에 제시한 최대 가능성 목적 함수는 다음의 가정을 사용하여 유도합니다.

- 측정 오차는 평균 0으로 정규 분포된 임의적 변수입니다
- 각 목표 변수에 대한, 측정 오차는 실측치마다 독립적입니다. 각 목표 변수에는 power-law에 따라 실측에 따라 변화하는 그 자신의 분산을 가지고 있습니다. 분산은 불명확하고 최적화 공정의 한 부분으로 계산됩니다.
- 다른 목표 변수 사이의 상관 관계는 없습니다.

모든 분산은 동등하고 (즉, 모든 응답은 같은 분산을 가짐) 분산은 실측치에 따라 변하지 않는다는 (즉, 이분산성은 모두 0) 추가 가정을 만들 경우, 최대 가능성 함수는 다중-응답 케이스에서 목적 함수 제공 합으로 감소합니다. 다중-응답 케이스에서 목적 함수 제공 합을 유도하기 위해 사용한 가정은 대부분 실제적인 상황에 적용하지 않습니다. 그러므로 1개 이상의 목표 변수에 따른 계산 문제점을 위해 최대 가능성 목적 함수를 사용할 것을 권장합니다.

## APPENDIX B: 최적화 결과 보고서

### 소개

이 부록은 GPS-X 최적화 실행 후 **Log** 창에 제공되는 결과 보고서에 대해 설명합니다. 결과 보고서는 파라미터 추정을 할 때 유용한 다수의 통계 및 최적화로 찾아낸 결과를 사용자에게 제공합니다. 또한 이 보고서는 `stats.txt` 파일로 인쇄될 수도 있습니다. 먼저 기본 보고서 및 상세한 통계 보고서에 대해 설명합니다. 이는 과모수화(overparameterization) 및 통계 테스트 사용에 대한 개요를 먼저 설명합니다.

**Note:** 결과 보고서에서, 파라미터는 일반적인 이름으로 주어지고 이 파라미터를 포함하는 **제어 창**에서 열려진 순서에 따라 번호를 매깁니다. 예를 들면, **제어 창** 상단부분의 파라미터는 **파라미터 1**로 라벨을 붙입니다.

결과 보고서에 있는 통계의 다수는 목표 변수 이름에 따라 정리됩니다. 일반적인 목표 변수 이름을 사용하고 그 이름은 **최적화** 드롭-다운 메뉴의 **목표 변수...**를 선택하여 이용 가능한 목표

변수 폼에서 목표 변수에 대해 제시한 순서에 따라 번호를 매깁니다. 예를 들면, 폼에서 첫 번째 목표 변수에 일치하는 통계는 표제 **목표 1**의 아래에 나타납니다.

### 기본 보고서

**Log** 창에 인쇄된 기본 결과 보고서는, 최적화가 요구한 반복의 수, 목적 함수의 처음과 마지막 값, 파라미터의 처음과 마지막 값 (즉, 최적화 변수), 이분산성 파라미터 값 및 선택한 최적화 설정의 개요를 포함합니다. 뿐만 아니라, 아래 설명한 통계가 최적화 폼에서 요구될 경우에 제공됩니다.

### 목적 함수의 기울기

목적 함수의 기울기 벡터는 다음의 식으로 정의됩니다:

$$\nabla F(\bar{\theta}) = \left[ \frac{\partial F}{\partial \theta_1}, \frac{\partial F}{\partial \theta_2}, \dots, \frac{\partial F}{\partial \theta_p} \right]^T \tag{14-13}$$

여기서,

$F$  = 목적 함수

$\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_p$  = 최적화 변수입니다.

파라미터 추정기의 경우 이 변수는 추정되는 파라미터입니다. 벡터  $\bar{\theta}$  는 최적화 변수를 포함합니다.

편미분은 다음의 포워드-차분(forward-difference)공식을 사용하여 수치적으로 계산합니다:

$$\frac{\partial F}{\partial \theta_k} = \frac{F(\theta_k + h_k) - F(\theta_k)}{h_k} \tag{14-14}$$

여기서

$k = 1$

$h_k$  = 단계 또는 간섭 크기.

단계 크기는 다음의 공식을 사용하여 계산합니다:

$$h_k = 10^{-7} |\theta_k| \tag{14-15}$$

**식 14.15**에서  $10^{-7}$  값은 GPS-X에서 유한 차분의 상대적 간섭 크기로 여겨지고 최적화 폼의 미분 정보 보조-섹션에서 변경할 수 있습니다.

결과 보고에서 제공된 기울기는 결과에서 계산됩니다. 결과가 로컬 최소값일 경우, 기울기 벡터의 성분은 0에 가까워야 합니다. 파라미터 및 목적 함수의 불충분한 스케일링으로 기울기가 큰 것처럼 보일 수

있기 때문에, 상대적인 기울기 또한 보고됩니다. 상대적인 기울기의 요소는 다음의 식을 사용하여 기울기 성분을 스케일링하여 계산합니다.

$$\text{RelGrad}_k = \frac{|\theta_k|}{|F|} \left( \frac{\partial F}{\partial \theta_k} \right) \quad (14-16)$$

상대적인 기울기 벡터의 무한대 norm 또한 보고됩니다. 결과가 로컬 최소값인 경우, 이 norm 은 0에 가까워야 합니다.

기울기는 최적화 품의 미분 정보 보조-섹션의 목적 함수 기울기와 Hessian 을 보고함 스위치를 ON 으로 설정한 경우에만 보고됩니다.

### 모델 민감도 계수

모델 민감도 계수는 최적화 변수(모델 파라미터의 부분 집합)에서 미세한 변화에 대한 공정 모델의 로컬 민감도를 나타냅니다. 이는 최적화 변수에 대한 모델의 편 미분입니다. 민감도 계수는 각 데이터 포인트에서 각 최적화 변수에 관한 각 목표(즉, 응답) 변수를 계산할 수 있습니다. 민감도 계수는 아래 나타낸 포워드-차분(forward-difference) 근사치를 사용하여 계산합니다.

$$\frac{\partial f_{i,j}}{\partial \theta_k} = \frac{f_{i,j}(\theta_k + h_k) - f_{i,j}\theta_k}{h_k} \quad (14-17)$$

이 식에서  $f_{i,j}$  는  $i$  번째 데이터 포인트에서  $j$  번째 목표 변수입니다. 단계의 크기는 기울기에서와 같은 방식으로 계산됩니다.

민감도 계수는 최적화 품의 미분 정보 보조-섹션에서 모델의 민감도 계수를 보고함 스위치를 ON 으로 설정한 경우에만 보고됩니다.

### 목적 함수의 HESSIAN

Hessian 은 최적화 변수에 관한 목적 함수의 부분적 이계 편 미분(second partial derivatives)의 행렬입니다. 2 개의 최적화 변수의 경우, Hessian 은 다음의 식으로 정의됩니다.

$$H = \begin{bmatrix} \frac{\partial^2 F}{\partial \theta_1^2} & \frac{\partial^2 F}{\partial \theta_1 \partial \theta_2} \\ \frac{\partial^2 F}{\partial \theta_2 \partial \theta_1} & \frac{\partial^2 F}{\partial \theta_2^2} \end{bmatrix} \quad (14-18)$$

GPS-X 에서 Hessian 의 성분은 Gauss-Newton 근사치를 사용하여 계산합니다. 목적 함수 제공 합에서, 각 Hessian 요소는 다음의 식으로 정의됩니다.

$$\frac{\partial^2 F}{\partial \theta_k \partial \theta_l} = 2 \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{n_j} \left( \frac{\partial f_{i,j}}{\partial \theta_k} \right) \left( \frac{\partial f_{i,j}}{\partial \theta_l} \right) \quad (14-19)$$

여기서

$M$  = 목표 또는 응답 변수의 수

$n_j$  = 목표 변수  $j$ 에 대한 데이터 포인트의 수

**식 14-5**, 최대 가능성 목적 함수에서, Hessian 성분은 다음의 식으로 정의합니다.

(식 14-20)

$$\frac{\partial^2 F}{\partial \theta_k \partial \theta_l} = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{n_j} \left[ \left( n_j \left( \frac{\gamma_j (\gamma_j + 1) e_{i,j}^2}{f_{i,j}^{\gamma_j+2}} + \frac{4\gamma_j e_{i,j}}{f_{i,j}^{\gamma_j+1}} + \frac{2}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \right) - \frac{\gamma_j}{f_{i,j}^2} \right) - n_j \left( \frac{\left( \frac{\gamma_j e_{i,j}^2}{f_{i,j}^{\gamma_j+1}} + \frac{2e_{i,j}}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \right)}{\sum_{l=1}^{n_j} \frac{e_{l,j}^2}{f_{l,j}^{\gamma_j}}} \right) \right] \left( \frac{\partial f_{i,j}}{\partial \theta_k} \right) \left( \frac{\partial f_{i,j}}{\partial \theta_l} \right)$$

여기서

$\gamma_j$ 는  $j$ 번째 응답 변수의 이분산성입니다. 변수  $e_{i,j}$ 는 잔차이고 다음의 식으로 정의합니다.

$$e_{i,j} = z_{i,j} - f_{i,j} \tag{14.21}$$

변수  $z_{i,j}$ 는  $i$ 번째 데이터 포인트에서 응답  $j$ 의 측정치입니다.

**식 14-19** 및 **식 14-20**에서 표식은 응답 변수는 상태 변수와 동등한 것으로 가정하여 유도합니다. 비록 이 경우가 아니더라도, 이는 민감도 계수가 유한차분을 사용하여 계산하기 때문에 제한하지 않습니다. 그리하여 응답에서 어떤 상태든지 고려하게 됩니다.

다른 목적 함수에 대한 Hessian 행렬은 Gauss-Newton 근사치를 사용하여 접근할 수 없기 때문에 계산되지 않습니다. 그 결과, 이차 민감도의 계산이 필요합니다.

최적화 변수 중 어느 것이든 그들의 경계상에 있을 경우, 이 변수를 포함하는 Hessian의 성분은 0입니다.

Hessian 행렬은 최적화 품의 미분 정보 보조-섹션에서 목적 함수 기울기와 Hessian을 보고함 스위치를 ON으로 설정한 경우에만 보고됩니다.

### 신뢰 한계

GPS-X는 분산-공분산 행렬을 사용하여 파라미터 추정에 대한 접선의 방정식 신뢰 한계를 계산합니다. 목적 함수 제곱 합에서, 파라미터 추정의 분산-공분산 행렬은 다음의 식으로 정의됩니다(Bard 1974년):

$$V_{\hat{\theta}} = 2s^2 \hat{H}^{-1} \tag{14-22}$$

행렬  $\hat{H}^{-1}$ 은 결과에서 목적 함수 제곱 합으로 Gauss-Newton Hessian 근사치의 역수입니다.  $s^2$  변수는 측정 오차에 대한 분산 추정이며 다음의 식으로 정의합니다:

$$s^2 = \frac{SS(\hat{\theta})}{n-p} \quad (14-23)$$

여기서

$$SS(\hat{\theta}) = \text{결과에서 목적 함수 제공 합의 값}$$

$n$  = 데이터 포인트의 수 (모든 목표 변수를 고려한 총 수)

$p$  = 파라미터의 수(즉, 최적화 변수)

최대 가능성 목적 함수에서, 파라미터 추정의 분산-공분산 행렬은 다음의 식으로 정의됩니다 (Bard, 1974):

$$V_{\hat{\theta}} = \hat{H}^{-1} \quad (14-24)$$

행렬  $\hat{H}^{-1}$  는 결과에서 최대 가능성 목적 함수로 Gauss-Newton Hessian 근사치의 역수입니다.

제공 합 및 최대 가능성 목적 함수에서, 파라미터  $k$ 에 대한  $100(1-\alpha)\%$  신뢰 한계는:

$$\hat{\theta}_k = \pm t(n-p; \alpha/2) se(\hat{\theta}_k) \quad (14-25)$$

변수  $t(n-p; \alpha/2)$ 는 연구자의  $n-p$  자유도 및  $\alpha/2$ 의 유의 수준으로 t-statistic입니다. 이 경우,  $n$ 은 데이터 포인트의 총 수인 목적 함수 제공 합을 제외한 응답 당 데이터 포인트의 수입니다. 변수  $\alpha$ 는 파라미터 추정에 대한 유의 수준으로 다음의 식으로 정의됩니다.

$$\alpha = 1 - \delta \quad (14-26)$$

여기서

$\delta$ 는 신뢰 계수입니다. 신뢰 계수는 최적화 품의 신뢰 한계 보조-섹션에서 찾아낸 신뢰 한계의 신뢰도에 해당합니다. 디폴트 값은 0.95이며 이 경우 GPS-X는 0.95% 신뢰 한계를 보고합니다.

변수  $se(\hat{\theta}_k)$ 는 결과에서  $k$ 번째 파라미터의 표준 오차입니다. 이는 아래에 제시한 분산-공분산 행렬의  $(k,k)$ 번째 성분의 제곱 근으로 정의됩니다.

$$se(\hat{\theta}_k) = \sqrt{(V_{\hat{\theta}})_{k,k}} \quad (14-27)$$

신뢰 한계는 최적화 품의 신뢰 한계 보조-섹션에서 신뢰 한계를 인쇄하는 중 스위치를 **ON**으로 설정한 경우에만 보고됩니다.

## 상세한 통계 보고서

상세한 통계 보고서는 파라미터 추정에 도움이 되는 추가 정보를 제공합니다. 이는 모델이 측정된 데이터를 어떤 식으로 맞춰지는지를 평가할 수 있게 해줍니다. 상세한 통계 보고서는 **최적화** 품의 통계 보고-섹션에서 **상세한 통계 보고서** 옵션을 **ON**으로 설정하여 활성화시킵니다. 상세한 통계 보고서에 포함된 통계는 아래에서 설명합니다.

## 분산-공분산 및 상관관계 행렬

공산-공분산 행렬은 목적 함수 제곱 합에 대한 **식 14-22** 및 최대 가능성 목적 함수에 대한 **식 14-24**로 정의합니다. 이 행렬은 개별 파라미터 추정(대각 성분)의 분산 및 다른 파라미터 추정 사이의 공분산(비-대각 성분)을 포함합니다. 큰 분산에 따른 파라미터가 불필요 할 수도 있습니다.

상관 행렬의 성분은 다음의 식으로 계산됩니다:

$$(C_{\hat{\theta}})_{k,l} = \frac{(V_{\hat{\theta}})_{k,l}}{\sqrt{(V_{\hat{\theta}})_{l,l}(V_{\hat{\theta}})_{k,k}}} \quad (14-28)$$

여기서

$(V_{\hat{\theta}})_{k,l}$  는 분산-공분산 행렬의  $(k, l)$  성분입니다.

정의상으로는, 상관 행렬의 성분은 항상 0~1 사이에 있습니다. 몇몇 파라미터가 그 경계상에 있지 않으면 대각 성분은 항상 1 과 같습니다. 비-대각 성분은 두 파라미터 사이에서 상관 관계의 정도를 나타냅니다. 큰 비-대각 성분은 두 파라미터 사이에서 고도의 상관 관계를 의미합니다. 이는 모델에서 파라미터의 몇몇이 불필요하다는 것과 모델이 과모수화 된다는 증거를 제공합니다.

분산-공분산 및 상관 행렬은 **최적화** 품의 **신뢰 한계 보조-섹션**에서 **신뢰 한계를 인쇄하는 중 스위치**를 **ON**으로 설정한 경우에만 보고됩니다.

## 회귀의 % VARIATION

회귀에 의해 %로 설명되는 변동은 선형 최소 제곱 패키지에 의해 보고된 통계입니다. GPS-X에서 이는 이분산성으로 비선형 최대 가능성 문제를 처리하기 위해 수정되었습니다. Steiner *et al.* (1990)로 부터 변경한 통계는, 각 목표 변수에 대해 다음의 식으로 계산됩니다.

$$R_j^2 = 1 - \frac{SS_j}{SS_{mean_j}} \quad (14-29)$$

백분율을 얻기 위해 100 을 곱해줍니다. 변수  $SS_j$  는 응답  $j$ 에 대한 가중된 잔차 제곱 합이며 다음의 식으로 정의됩니다:

$$SS_j = \sum_{i=1}^{n_j} \frac{e_{i,j}^2}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \quad (14-30)$$

변수  $SSmean_j$ 는 평균에 대해 바로 잡은 총 가중된 잔차 제곱 합이며 다음의 식으로 정의됩니다:

$$SSmean_j = \sum_{i=1}^{n_j} \frac{(z_{i,j} - \bar{z}_j)^2}{f_{i,j}^{\gamma_j}} \quad (14-31)$$

여기서

$\bar{z}_j$ 는 응답  $j$ 에 대한 측정 값의 가중 평균이며 다음의 식으로 계산됩니다:

$$\bar{z}_j = \frac{\sum_{i=1}^{n_j} \frac{z_{i,j}}{\sqrt{f_{i,j}^{\gamma_j}}}}{\sum_{i=1}^{n_j} \frac{1}{\sqrt{f_{i,j}^{\gamma_j}}}} \quad (14-32)$$

해석된 총체적 변화는 다음의 식으로 계산됩니다:

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{j=1}^m SS_j}{\sum_{j=1}^m SSmean_j} \quad (14-33)$$

해석된 총체적 변화는 백분율을 얻기 위해 100 을 곱해줍니다.

%로 설명되는 변화가 모델의 적합 테스트는 아니지만 맞춰진 모델에 데이터 변화가 얼마나 많은지를 보여주기 때문에 유용합니다. 이 테스트는 최대 가능성 또는 목적 함수 제곱 합을 사용한 경우에만 보고됩니다.

## 회귀의 유의성

이 테스트는 모든 파라미터가 0 이 아니라는 대립 가설에 반대하여 모든 모델 파라미터가 0 이라는 영 가설(null hypothesis) 테스트를 포함합니다.

아래, 제곱 합 비율은 각 응답 변수를 계산합니다:

$$(F - value)_j = \frac{\frac{SSreg_j}{p-1}}{\frac{SS_j}{n_j - p}} \quad (14-34)$$

여기서

$SSreg_j$ 는 목표 변수  $j$ 에 대한 가중된 회귀 제곱 합으로 다음의 식으로 정의됩니다:

$$SSreg_j = SSmean_j - SS_j \tag{14-35}$$

측정에서 오차가 독립적이고, 정규 분포된 임의성 변수일 경우, 모델 파라미터가 모두 0 일 경우에 제곱 합 비율은 F-분포를 따릅니다.

GPS-X 는  $p-1$  및  $n_j - p$  자유 도를 가진 F-분포로부터 각 목표 변수에 대한 F-값과 확률을 보고합니다. 확률이 선택한 유의 수준보다 클 경우, 파라미터가 모두 0 이고 회귀가 관련 목표 변수에 대해 중요하지 않다는 증거를 제공합니다. 유의 수준은 **일반 데이터 > 시스템 > 파라미터 > 최적화 품의 회귀의 중요도** 보조-섹션에서 입력합니다.

확률 값이 유의 수준보다 작을 경우, F-값은 F-분포를 따르지 않는 것으로 나타나므로 모델 파라미터가 모두 0 이 아니라는 대립 가설을 받아들입니다. 이 경우, 회귀는 관련 목표 변수에서 중요하고 회귀로 해석한 변화는 확률로 예측한 것보다 더 크게 됩니다. 예측이라는 목적에 유용하게끔 모델을 만들기 위해 F-값은 커야 하며 확률 값은 0 에 가까워야 합니다.

GPS-X 는 유의성 검정의 결과를 요약한 메시지를 제공합니다. 유의성 검정은 선형 회귀 이론에 근거하고 비선형 모델에 대해서만 근사치를 구합니다.

이 테스트는 최대 가능성 또는 목적 함수 제곱 합을 사용할 경우에만 보고됩니다.

### LACK OF FIT 테스트

이 테스트는 잔차의 분산이 측정 분산의 사용자 공급 추정과 비교될 것인지 또는 측정 분산이 반복 측정을 사용하여 계산될 것인지를 결정합니다. 이는 모델 적합 테스트에 도움이 됩니다.

각 목표 변수에서, 제곱 합 비율은 다음으로 계산됩니다:

$$(F - value)_j = \frac{\frac{SSlof_j}{n_j - p - repdof_j}}{\frac{SSrep_j}{repdof_j}} \tag{14-36}$$

변수  $SSrep_j$ 는 목표 변수  $j$ 에 대한 가중된 제곱의 반복 합이고 다음의 식으로 계산됩니다:

$$SSrep_j = \sum_{v=1}^{\eta} \sum_{u=1}^{nr_v} \frac{(z_{u,v} - \bar{z}_v)^2}{f_{v,j}^{\gamma_j}} \tag{14-37}$$

여기서  $\eta$ 는 반복이 있는 독립 변수의 수 값,  $nr_v$ 는 독립 변수의  $v$ 번째 값에 대한 반복의 수,  $\bar{z}_v$ 는 독립 변수의  $v$ 번째 값에 상응하는 반복 측정의 평균,  $z_{u,v}$ 는 독립 변수의  $v$ 번째 값에 상응하는  $u$ 번째 반복 측정, 및  $f_{v,j}$ 는  $v$ 번째 값에 상응하는 응답 변수  $j$ 의 예측 값입니다.

변수  $repdof_j$ 는 목표 변수  $j$ 에서 가중된 제곱의 반복 합에 대한 자유 도이며 다음의 식으로 정의됩니다:

$$repdof_j = \left( \sum_{v=1}^{\eta} nr_v \right) - \eta \quad (14-38)$$

이 장에서, 앞서 언급하였듯이, 반복 측정은 .dat 파일과 결합하여 때 맞춰 매우 근접한 곳에 측정치를 두는 것으로 GPS-X 에 삽입됩니다. 보다 자세한 사항은 이 장에 위치한, 이전의 **Lack of Fit** 보조-단락을 살펴보십시오.

$j$  번째 목표 변수에서 가중된 적합성 결여 제공 합,  $SSlof_j$ 는 다음의 식으로 계산됩니다.

$$SSlof_j = SS_j - SSrep_j \quad (14-39)$$

이 장에서 언급한 것과 같이, 사용자는 **최적화** 품의 **Lack of Fit** 보조-단락에서 반복 자유도 및 제공의 반복 합을 제공할 수 있습니다. 이 값을 GPS-X 가 사용하기 위해서는, **최적화** 품의 **Lack of Fit** 보조-단락에서 **제공의 반복 합** 옵션을 **사용자 공급**으로 설정해야만 합니다.

제공 합 비율 또는 F-값은 측정치가 독립적이고 정규 분포된 무작위 변수일 경우, 그리고 가중된 적합성 결여 제공 합이 가중된 제공의 반복 합보다 매우 크지 않을 경우 F-분포를 따릅니다.

GPS-X 는 각 목표 변수에 대한 F-값을, 자유도  $n_j - p - repdof_j$  및  $repdof_j$  로 F-분포에서 확률을 보고합니다. 특정 목표 변수에 대한 확률이 선택한 유의 수준보다 작을 경우, 이 목표 변수와 관련된 **Lack of Fit** 있다는 것을 의미합니다. 유의 수준은 **일반 데이터 > 시스템 > 파리미터 > 최적화 품의 Lack of Fit** 보조-단락에서 입력합니다.

GPS-X 는 적합성 결여의 결과를 요약하는 메시지를 제공합니다. 적합성 결여 테스트는 비선형 모델에 대한 근사치로만 선형 회귀 이론에 근거합니다.

이 테스트는 **최대 가능성** 또는 **목적 함수 제공 합**을 사용하고 **최적화 품의 Lack of Fit** 보조-단락에서 **Lack of Fit** 스위치를 **ON** 으로 설정한 경우에만 보고됩니다.

## 실측 및 예측 값

실측 값은 .dat 파일로 제공된 측정된 목표 변수 값입니다. 예측 값은 실측 값(즉, 제 시간에 같은 포인트에서 계산함)에 상응하는 모델이 계산한 목표 변수 값입니다.

## 실측 및 예측 값의 %오차

%오차는 모델 및 측정된 데이터 사이의 큰 차이를 검출하는데 유용합니다. %오차 통계는 다음의 식으로 계산합니다:

$$\%E_{i,j} = \frac{100(z_{i,j} - f_{i,j})}{z_{i,j}} \quad (14-40)$$

여기서  $\%E_{i,j}$ 는  $z_{i,j}$  와  $f_{i,j}$  사이의 퍼센트 오차입니다.

## 잔차

먼저 설명한 것과 같이 잔차는 다음의 식으로 정의됩니다:

$$e_{i,j} = z_{i,j} - f_{i,j} \quad (14-41)$$

이는 모델이 정확하다고 가정하는 측정치에서의 오차 추정입니다.

가중된 잔차 및 표준화된 잔차는 최대 가능성 목적 함수를 사용한 경우에만 보고합니다. 가중된 잔차는 다음의 식으로 정의합니다:

$$(e_{i,j})_{wt} = \frac{(z_{i,j} - f_{i,j})}{\sqrt{f_{i,j}^{\gamma_j}}} \quad (14-42)$$

이러한 계산된 잔차는 측정치와 예측치의 규모에 종속적이지 않을 만큼의 계산되지 않은 잔차입니다.

표준화된 잔차는 다음의 식으로 정의됩니다:

$$(e_{i,j})_{std} = \frac{(z_{i,j} - f_{i,j})}{s_{i,j}} \quad (14-43)$$

변수  $s_{i,j}$ 는  $i$ 번째 데이터 포인트에서 응답  $j$ 의 추정된 분산이며 [식 14-10](#)에서 정의됩니다.

표준화된 잔차 및 관련된 도표는 잔차가 독립적인지 정규 분포되었는지를 점검하기 위해 사용할 수 있습니다. 이 가정은 GPS-X에서 사용한 최대 가능성 목적 함수의 발달에 기초입니다. 표준화된 잔차는 잔차가 일반적으로 분포된 경우, 표준화 되고 평균은 0 그리고 분산은 1 이어야 합니다.

독립 가정의 방해를 점검하기 위해, 어떤 두드러진 추세에 대해 표준화된 잔차 도표를 검토해야 합니다. 추세의 존재는 시계열 상관관계의 증거를 제공합니다. 시계열 상관관계는 연속적으로 생기는 잔차가 서로 상관될 경우에 발생합니다.

오차가 정규 분포한다는 가정을 점검하기 위해, 표준화된 잔차 도표는 잔차가 0에 관해 무작위로 흩어져 있을 경우를 살펴보기 위해 검토되어야 합니다. 뿐만 아니라, 표준화된 잔차의 값은 잔차가 대략 95% +2 및 -2 사이에 놓여있는지를 점검하기 위해 검토되어야 합니다.

표준화된 잔차 도표는 로그 창에 적합성을 계산합니다. 각 응답 변수에 대한 가장 큰 표준화된 잔차는 기호 "\*"의 최대 수(최대 7)로 표현됩니다. 응답 변수에 남아 있는 표준화된 잔차는 인쇄할 기호 "\*"의 수를 계산할 목적으로 이 최대 잔차와 관련된 것들을 계산합니다. 사용자는 응답 변수에 대한 잔차의 실제 크기가 크지를 결정하기 위해 로그 창에 제공된 표준화된 잔차의 실제 값을 참고해야 합니다.

잔차가 독립적이고 정규 분포에 어긋날 경우, 사용한 모델이 실험적 데이터를 나타내는데 부적당하다는 증거를 제공합니다. 공정 모델 구조가 정확한 경우, 데이터에 있는 비-임의적 변수에 대해 설명해야 합니다.

측정 오차가 독립적일 경우 잔차는 독립적이어야 한다는 가정은 엄격히 정확하지는 않지만 실제적인 목적으로는 우수합니다. 잔차는 추정되는 파라미터의 수가  $p$  인, 자유도  $(n - p)$ 에서의  $n$  측정치가 있다는 사실에 기인하여 어느 정도까지는 항상 서로 관련됩니다(Draper and Smith, 1981).

### 포만토우(PORTMANTEAU) 통계

포만토우 테스트는 가중된 잔차에서 추세를 검출하기 위해 사용됩니다. 추세가 존재할 경우, 잔차는 독립적이지 않습니다. 이는 최대 가능성 이론의 가정 중 한가지에 어긋나고 모델이 데이터의 모든 비-임의적 변화성을 설명하지 않는다는 것을 의미합니다. 포만토우 테스트는 연속적인 데이터(예, 시간 또는 공간)를 위해 디자인됩니다.

응답 변수  $j$ 에 대한 포만토우 통계는 특정 시간 지체까지 가중된 잔차 사이의 자기상관(autocorrelation) 제공 합을 실측 시간의 수로 계산합니다(Brockwell and Davis, 1996):

$$Q_j = n_j \sum_{k=1}^{\tau} (\rho_j(k))^2 \quad (14-43)$$

여기서  $n_j$ 은 응답  $j$ 의 데이터 포인트의 수,  $\tau$ 는 시간 지체의 수, 및  $\rho_j(k)$ 은 응답  $j$ 에 대한 지체  $k$ 까지 가중된 잔차 사이에 표본 자기상관입니다.

표본 자기상관은 다음의 식으로 정의됩니다:

$$\rho_j(k) = \frac{\Omega_j(k)}{\Omega_j(0)} \quad (14-44)$$

여기서  $\Omega_j(k)$ 는 응답  $j$ 에 대한 지체  $k$ 까지 가중된 잔차 사이에 표본 자기상관 함수이며 다음의 식으로 정의됩니다:

$$\Omega_j(k) = \frac{1}{n_j} \sum_{i=1}^{n_j-|k|} \left( \frac{(z_{i+|k|,j} - f_{i+|k|,j})}{\sqrt{(f_{i+|k|,j})^{y_j}}} \right) \left( \frac{(z_{i,j} - f_{i,j})}{\sqrt{(f_{i,j})^{y_j}}} \right) \quad (14-45)$$

표본 자기상관은 가중된 잔차가 독립적이고 동일하게 분포될 경우 대략 독립적이고 평균 0, 분산  $1/n_j$ 로 정규 분포된 무작위 변수입니다(Brockwell and Davis, 1996). 이 근사치는 측정치의 수가 증가하는 할수록 점점 더 좋아집니다. 잔차 자체가 반드시 동일하게 분포되지 않더라도 (즉, 그들이 다른 분산을 가질 수 있더라도) 가중된 잔차는 축적되기 때문에 동일하게 분포되어야 합니다.

응답 변수에 대한 표본 자기상관이 위에서 말한 바와 같이 독립적이고 정규 분포될 경우, 변수  $\sqrt{n_j} \rho_j(k)$ 는 평균 0, 분산 1로 독립적이고 정규 분포되어야 합니다. 포만토우 통계가 이 변수의 제공 합이라는 사실로 인해, 카이-스퀘어 변수로 분포됩니다.

GPS-X는 각 목표 변수에 대한 포만토우 통계 및  $\tau$  자유도로 카이-스퀘어 분포로부터 확률을 보고합니다. 특정 목표 변수에 대한 확률이 선택한 유의 수준보다 작을 경우, 이 목표 변수의 가중된 잔차에서 추세의 증거를 제공합니다. 유의 수준은 일반 데이터 > 시스템 > 파라미터 > 최적화 품의 포만토우 보고-단락에서 입력합니다.

GPS-X 는 포만투우 테스트의 결과를 요약하는 메시지를 제공합니다. 이 테스트는 최대 가능성 또는 목적 함수의 제공이 사용되고 최적화 품의 포만투우 보고-단락에서 **가중된 잔차의 포만투우 테스트 스위치를 ON** 으로 설정한 경우에만 보고됩니다.

### 통계 테스트 정리

적합한 모델의 타당성을 평가하기 위해 결과 보고서에 제시한 통계 사용법의 개요를 **Table 14-1** 에 나타내었습니다. 측정의 수가 증가하는 만큼 테스트의 많은 것들을 신뢰할 수 있음을 기억하십시오. 비록 테스트가 적절한 모델이라고 나타내더라도, 사용자가 이용할 수 없는 모델임을 의미하지는 않습니다. GPS-X 가 측정 값과 예측 값을 보여주는 것으로, 제공한 도표상의 시각적 점검은, 모델이 데이터의 주요한 추세를 포착한다는 것을 의미할지도 모릅니다. 이는 물리적 시스템의 모델 특정 관점으로만 중요할지도 모르기 때문에 실제적인 목적을 충분히 만족시킵니다.

### 과모수화 (OVERPARAMETERIZATION)

과모수화는 공정에서 데이터를 맞추는데 필요한 파라미터가 더 있을 경우에 발생합니다. 이 상태는 앞서 언급한 것과 같이 상관 행렬 관계에서 모델 파라미터 사이의 상관관계를 이끌어 냅니다. 그 결과 파라미터 추정 문제로 결과에 근접한 목적함수는 선을 길게 늘이고 결과는 특정 파라미터에서 변화에 대해 매우 민감하지 않습니다.

사용자는 파라미터 추정 실행에서 조정 가능한 파라미터를 선택할 경우 주의해야 합니다. 모델은 이 파라미터에 민감해야 합니다. 이는 최적화 과정을 느리게 하기 때문에 최적화 변수로 모든 모델 파라미터를 선택하는 것은 실용적이지 않고 특정 모델 파라미터에 대해 무의미한 값을 초래할 것입니다. 모델과 데이터 사이의 미스매치에 가장 큰 영향을 미치는 파라미터를 선택하는 것이 바람직합니다. 파라미터 추정을 실행하기 전에 GPS-X 를 사용하여 사용자 모델의 민감도 분석을 실행하는 방법에 관한 세부 사항을 설명한 *GPS-X 사용자 가이드*의 민감도 분석 장을 살펴보십시오.

Table 14-1 통계 테스트 사용법 정리

통계	해석 법
신뢰 한계	파라미터상 신뢰 한계가 0 를 포함할 경우, 이 파라미터는 모델에 중요하지 않다는 것을 의미합니다.
상관 행렬	큰 비-대각 성분((1 에 근접)은 특정 파라미터가 관련되었음을 암시합니다.
회귀 테스트의 중요성	유의 수준보다 큰 확률 값은 뜻밖에도 예상한 것보다 회귀가 작다는 것으로 변화를 해석하게 됨을 의미합니다.
적합성 결여 테스트	유의 수준보다 작은 확률 값은 적합화된 모델에서 적합성 결여에 대한 증거를 제공합니다.
표준화한 잔차	표준화한 잔차의 대다수는 +2 와 -2 사이여야 합니다.
표준화한 잔차 도표	잔차는 어떤 두드러진 추세 없이 0 에 관해 무작위로 흩어져 있어야 합니다
포만투우 확률 값	유의 수준보다 작은 확률 값은 잔차가 관련되었음을 암시합니다.

## APPENDIX C: NOMENCLATURE

$\alpha$	=	파라미터 추정에 대한 유의 수준
$\hat{C}_\theta$	=	결과에서 상관 행렬
	=	신뢰 계수
$e_i$	=	응답 변수의 측정 값과 수학적 공정 모델로 예측한 값의 차이를 포함하는 $m \times 1$ 잔차 벡터
$e_{i,j}$	=	$z_{i,j} - f_{i,j}$
%E <sub>ij</sub>	=	실험 $i$ 에서 응답 $j$ 에 대한 포인트에서 측정된 값과 예측한 값 사이 %오차
$f_{i,j}$	=	실험 $i$ 에서 공정 모델이 예측한 응답 변수 $j$ 의 값
$F(\theta_k)$	=	$\theta_k$ 에서 구한 목적 함수
$\frac{\partial F}{\partial \theta_k}$	=	파라미터 $\theta_k$ 에 관한 목적 함수의 편 미분
$\frac{\partial f_{i,j}}{\partial \theta_k}$	=	파라미터 $\theta_k$ 에 관한 $f_{i,j}$ 에 대한 목적 함수의 편 미분
$\frac{\partial^2 F}{\partial \theta_k \partial \theta_l}$	=	파라미터 $\theta_k$ 및 $\theta_l$ 에 관한 목적 함수의 이계 편 미분
$\gamma_j$	=	응답 $j$ 에 대한 이분산성 파라미터
$h_k$	=	$k$ 번째 파라미터의 포워드-차분(forward-difference)에 사용된 단계 및 간섭 크기
$H$	=	목적 함수의 Hessian 행렬
$\hat{H}$	=	결과에서 목적 함수의 Hessian 행렬
$m$	=	측정한 응답 변수의 수
$n_j$	=	응답 $j$ 에 대한 실험(즉, 실측)의 수
$n$	=	모든 응답이 동일한 실측의 수를 가진다고 가정한 실험(즉, 실측)의 수
$nr_v$	=	독립 변수의 $v$ 번째 값에 대한 반복의 수
	=	반복이 있는 독립 변수의 수 값
$\omega_j$	=	응답 $j$ 에 대한 비례 상수로, 가중된 잔차의 표준 편차

$\Omega_j(k)$	=	응답 $j$ 에 대한 지체 $k$ 까지 가중된 잔차 사이에 표본 자기상관 함수
$p$	=	추정되는 파라미터의 수
$Q_j$	=	응답 $j$ 에 대한 포만토우 통계
$\rho_j(k)$	=	응답 $j$ 에 대한 지체 $k$ 까지 가중된 잔차 사이에 표본 자기상관
$R^2$	=	함수로 표현된 회귀에 의해 %로 설명되는 변화 (응답 변수에 적용할 경우 아래 첨자를 사용함)
$RelGrad_k$	=	파라미터 $\theta_k$ 에 대한 상대적 기울기
$repdof$	=	목표 변수 $j$ 에서 가중된 제곱의 반복 합에 대한 자유 도 (응답 변수에 적용할 경우 아래 첨자를 사용함)
$\sigma_{i,j}^2$	=	실험 $i$ 에서 응답 $j$ 의 공산
$s_{i,j}^2$	=	$\sigma_{i,j}^2$ 공산의 추정
$se(\hat{\theta}_k)$	=	결과에서 파라미터 $\theta_k$ 의 표준 오차
$SS$	=	가중된 잔차 제곱 합 (응답 변수에 적용할 경우 아래 첨자를 사용함)
$SSlof$	=	가중된 적합성 결여 제곱 합 (응답 변수에 적용할 경우 아래 첨자를 사용함)
$SSmean$	=	평균에 대해 바로 잡은 총 가중된 잔차 제곱 합 (응답 변수에 적용할 경우 아래 첨자를 사용함)
$SSreg$	=	목표 변수 $j$ 에 대한 가중된 회귀 제곱 합 (응답 변수에 적용할 경우 아래 첨자를 사용함)
$SSrep$	=	목표 변수 $j$ 에 대한 가중된 제곱의 반복 합 (응답 변수에 적용할 경우 아래 첨자를 사용함)
$t(a,b)$	=	연구자의 t-statistic 에 사용된 $a$ 자유도 및 $b$ 의 유의 수준
	=	포만토우 통계에 사용한 시간 지체의 수
$\bar{\theta}$	=	공정 모델에서 추정되는 파라미터의 벡터
$\hat{\theta}$	=	결과에서 추정되는 파라미터의 벡터
$V_{\hat{\theta}}$		결과에서 분산-공분산 행렬
$V_i$	=	$i$ 번째 실험에 대한 분산-공분산 행렬
$ V_i $	=	$V_i$ 의 행렬식
$z_{i,j}$	=	실험 $i$ 에서 응답 $j$ 의 측정 값
$\bar{z}_v$	=	독립 변수의 $v$ 번째 값에 상응하는 반복 측정의 평균
$z_{u,v}$	=	독립 변수의 $v$ 번째 값에 상응하는 $u$ 번째 반복 측정

## **APPENDIX D: REFERENCES**

- Bard, Y. A., *Nonlinear Parameter Estimation*. Academic Press, New York (1974).
- Brockwell, P. J. and Davis, R. A. *Introduction to Time Series and Forecasting*. Springer-Verlag, New York (1996).
- Draper, N. R., and Smith, H. *Applied Regression Analysis*. John Wiley & Sons, (1981).
- Edgar, T. F. and Himmelblau, D. M. *Optimization of Chemical Processes*. McGraw-Hill, (1988).
- Press, W. H., Flannery, B. P., Teukolsky, S. A., and Vetterling, W. T. *Numerical Recipes: The Art of Scientific Computing*. Cambridge University Press, New York (1986).
- Reilly, P. M., Barjramovic, R., Blau, G. E., Branson, D. R., and Saverhoff, M. J. Guidelines for the Optimal Design of Experiments to Estimate Parameters in First Order Kinetic Models. *Can. J. Chem. Eng.*, 55, 614 (1977).
- Steiner, E. C., Rey, T. D., and McCroskey, P. S. *SimuSolv Reference Guide*. The Dow Chemical Company, Midland, MI, Vol. 2 (1990).
- Dochain D. and Vanrolleghem P.(2001) *Dynamic Modelling and estimation in wastewater treatment Processes*, IWA Publishing, London, UK
- Hauduc H, Neumann M. B., Muschalla D., Gamerith V., Gillot S. and Vanrolleghem P. (2011), Towards quantitative quality criteria to evaluate simulation results in wastewater treatment- A critical review, 8th IWA symposium on systems analysis and integrated assessment, Watermatex, pp 37-49
- MBR 추가에서:**
- Membrane-Coupled Activated Sludge System: The Effect of Floc Structure on Membrane Fouling. *Separation Science and Technology*, 34(9), pp.1743-1758.
- Choi, S., Yoon, J., Haam, S., Jung, J., Kim, J., Kim, W. (2000). Modelling of the Permeate Flux during Microfiltration of BSA-Adsorbed Microspheres in a Stirred Cell. *Journal of Colloid and Interface Science*, 228, pp. 270-278.
- Garcia, G.E., Kanj, J. (2002). Two Years of Membrane Bioreactor Plant Operation Experience at the Vejas Tribe Reservation. *Proceedings of the Water Environment Federation's 75th Annual Technical Exhibition and Conference*, September 28th – October 2, Chicago, Illinois.
- Günder, B. (2001). *The Membrane-Coupled Activated Sludge Process in Municipal Wastewater Treatment*. Technomic Publishing Company, Lancaster, PA, USA.
- Merlo, R.P., Adham, S., Gagliardo, P., Trussell, R.S., Trussell, R. (2000). Application of Membrane Bioreactor Technology for Water Reclamation. *Proceedings of the Water Environment Federation's 73rd Annual Technical Exhibition and Conference*, October 14 - 18, Anaheim, CA.

---

Shin, H-S., Lee, W-T., Kang, S-T. (2002). Formation of Dynamic Membrane in Submerged Membrane Bioreactors (MBRs). Proceedings of the Water Environment Federation's 75th Annual Technical Exhibition and Conference, September 28th – October 2, Chicago, Illinois.

Wallis-Lage, C., Steichen, M., deBarbadillo, C., Hemken, B. (2005). Shopping for an MBR – What's for sale? Water Environment & Technology, 17(1), pp. 31-35.



# CHAPTER 15

## 기타

### 하수처리 모델링에서 시뮬레이션 결과를 평가하기 위한 통계 분석

#### 소개

동적 하폐수처리장 시뮬레이션 결과를 검증 및 보정하기 위해서 일반적으로 실측된 시간대별 모니터링 데이터와 비교합니다. 일반적으로 이런 두 가지를 비교할때는 시각적으로 얼마나 경향이 맞는지에 대한 정성적인 평가를 주로 합니다. 이런 시각적인 평가는 실측 데이터와 시뮬레이션 결과의 적합도를 평가하는 좋은 방법이지만, 많은 시뮬레이션 결과들 중에서 가장 적합한 결과를 구분해 내는데는 도움이 되지 않습니다. 따라서, 이런 상황에서 여러 가지 중에서 한 개의 보정 결과를 선택하는 정량적인 통계 기준을 사용하는 것은 의미 있는 일입니다.

GPS-X 6.5에서는 통계 분석을 통하여 모델의 보정 및 평가를 통하여 정량적인 통계분석을 수행합니다. 내장된 통계 분석틀을 이용해서 바로 프로그램내에서 시뮬레이션 결과와 측정데이터간의 분석을 수행할 수 있습니다. 그림 15-1은 일반적인 GPS-X 결과 그래프에서 보여주는 BOD 측정데이터와 시뮬레이션 결과를 보여주는 그림입니다.

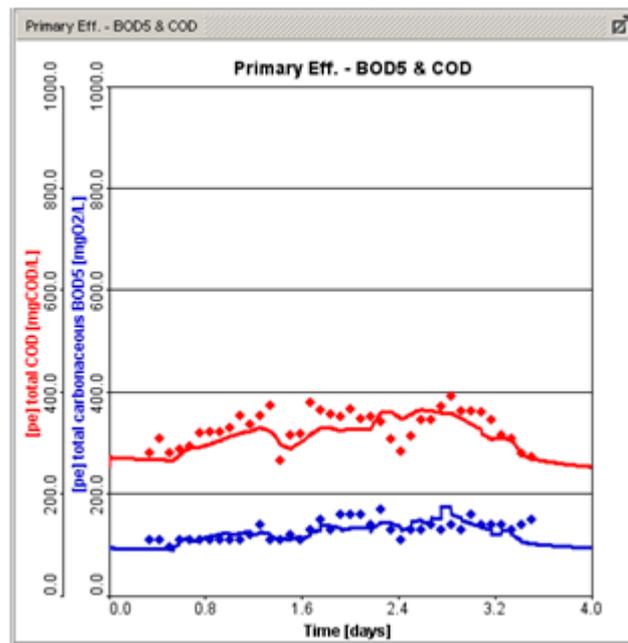


그림 15-1 전형적인 측정데이터와 시뮬레이션결과의 그래프

## 실측 데이터 종류

측정된 시계열 데이터는 샘플이 채취된 시간과 해당 값을 포함하고 있어야 합니다. 시계열 데이터의 시간 간격(타임 인터벌)은 규칙적 혹은 불규칙적일수 있습니다. 하수처리장의 모니터링 데이터는 샘플링 방법에 따라서 달라질수 있고, 다음은 데이터 종류의 형태를 나타냅니다.

1. **샘플 채취**: 특정 시간에 수집된 샘플입니다. 온라인 데이터와 grab sample 이 본 데이터 형식에 포함됩니다. 데이터 포인트는 샘플링 시각과 측정값으로 완벽하게 정의합니다.
2. **Time proportional composite data** : 일정한 시간 간격에 수집된 동일한 부피의 샘플을 의미합니다. 이 샘플들을 모두 섞습니다. 데이터 포인트는 샘플링 수집동안의 타임 인터벌과 섞인 기간으로 정의합니다.
3. **Flow proportional composite data** : 처리된 하수의 양과 동일한 양을 샘플링합니다. 고부하 조건일 경우에는 샘플링의 숫자가 많아지고, 상대적으로 빈부하일 경우에는 샘플링의 개수가 적어집니다. 이 샘플들 섞습니다. 데이터 포인트는 샘플링 수집동안의 양적(volume) 인터벌과 섞인 기간으로 정의합니다.

위에서 언급한 3 가지 데이터 종를 비교해보면, 하수처리장 모델로 계산한 raw 시뮬레이션 결과 데이터를 특정 기간을 의미하는 것이므로, Grab Data 종류와 유사합니다. 따라서, 시뮬레이션 결과를 복합적인 측정데이터와 비교하고자 할 경우에는 (위의 2, 3 번 경우) 시뮬레이션 결과를 추가적으로 처리해야합니다.

위의 상황을 고려하여, 분석에 사용될 실측 데이터의 종류에 따라서 **그림 15-2**에서 “**실측 데이터 종류**”를 선택합니다.

그림 15-2 데이터 종류, 출력 그래프 및 표에 대한 통계 분석 설정 메뉴

## 통계 지수

### 통계 지수의 표

정량적인 모델의 검증 및 평가를 위해서는 통계 지수를 인지하는 것이 가장 중요합니다. 표 15-1 은 주어진 데이터 세트를 계산할 통계 지수에 대한 간단한 설명입니다.

No.	통계 측정	공식
1	Mean of Residuals (잔차의 평균)	$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (O_i - P_i)$
2	Mean of Absolute Residual (절대 잔차의 평균)	$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n  O_i - P_i $
3	Mean of Squared Residual (제곱 잔차의 평균)	$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (O_i - P_i)^2$
4	Absolute Maximum Residual (절대 평균 잔차)	$\max [ O_i - P_i ]$
5	Root of Mean Squared Residuals (평균제곱 잔차의 제곱근)	$\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (O_i - P_i)^2}$
6	Mean of Relative Residual (상대잔차의 평균)	$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{(O_i - P_i)}{O_i}$
7	Mean of Absolute Relative Residual (절대 상관 잔차의 평균)	$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{ O_i - P_i }{O_i}$
8	Mean of Squared Relative Residual (제곱 상관잔차의 평균)	$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left( \frac{O_i - P_i}{O_i} \right)^2$
9	Relative Volume Residuals	$\frac{\sum_{i=1}^n (O_i - P_i)}{\sum_{i=1}^n O_i}$
10	Absolute Relative Volume Residuals	$\frac{\sum_{i=1}^n  O_i - P_i }{\sum_{i=1}^n O_i}$
11	Theil's Inequality Coefficient	$\frac{\sum_{i=1}^n (O_i - P_i)^2}{\sum_{i=1}^n O_i^2}$
12	Nash-Sutcliffe (R2)	$1 - \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - P_i)^2}{\sum_{i=1}^n (O_i - O_m)^2}$
13	Standard deviation of Residuals (SDR)	$\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (R_i - MR)^2}$
14	Mean of Standardized Residuals (표준잔차의 평균)	$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{(O_i - P_i)}{\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (O_i - P_i)^2}}$

여기서,

- $O_i$  = 측정값
- $P_i$  = 시뮬레이션 값
- $O_m$  = 측정값의 평균
- $n$  = 데이터 포인트 개수
- $i$  =  $i$  번째 관측
- $R_i = (O_i - P_i)$  = 잔차 (오차)
- $MR$  = 잔차의 평균

그림 15-3은 GPS-X 통계 분석을 틀을 이용해서 볼 수 있는 일반적인 결과를 나타낸 것입니다.

오차 계산: [fe1] 총 부유물 xfe1	
통계 측정	Value
잔차의 평균	0.194
절대 잔차의 평균	0.7899
제곱 잔차의 평균	0.7983
상대 잔차의 평균	0.01603
절대 상대 잔차의 평균	0.04257
제곱 상대 잔차의 평균	0.002229
절대 최대 잔차	1.369
평균 제곱 잔차의 절대값	0.8935
상대 잔차의 합	0.01073
절대 상대 잔차의 합	0.04368
Theil의 불균등 계수	0.002173
Nash-Sutcliffe (R2)	0.9802
잔차의 표준편차(SDR)	0.8722
표준 잔차의 평균	0.2172
잔차의 수	6

그림 15-3 시계열 데이터를 이용하여 계산한 통계분석 요약

## 통계 그래프

### 예측 VS. 측정

한 그래프에 측정된 값과 예측한 값을 표시합니다. 그래프에 45도 각도로 그려진 선이 있고, 그 선을 중심으로 데이터들이 선과 얼마나 떨어져 있는지 볼 수 있습니다. 완벽한 적합성을 가정할 경우, 점으로 찍힌 데이터들이 45도선에 완벽하게 일치하는 것입니다. 이 그래프는 모델의 편차와 기타 시스템적인 오차가 있는지 육안으로 살펴볼 수 있는 도구입니다. 그림 15-4는 GPS-X 통계분석을 통해서 볼 수 있는 일반적인 결과 그래프를 보여주는 것입니다.

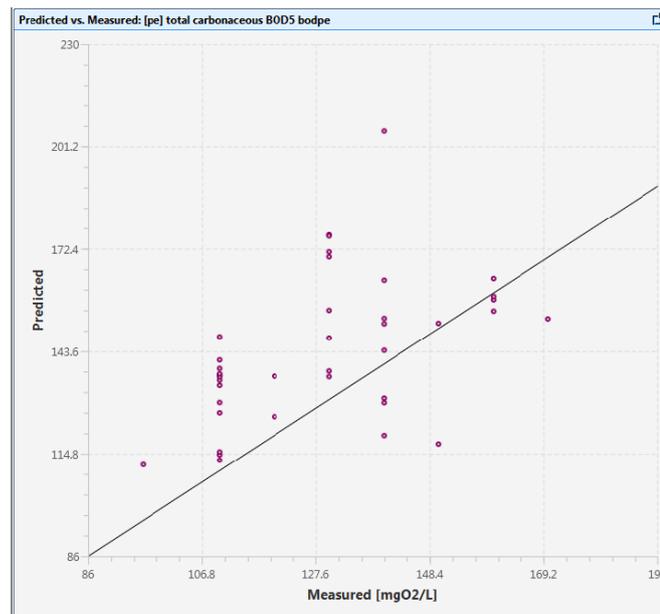


그림 15-4 예측 vs. 측정 데이터 그래프

## 잔차 그래프

표 15-2는 선택한 시계열 측정 데이터에 대한 예측된 잔차의 종류를 나타낸 것입니다. 이렇게 계산된 잔차는 실측된 데이터 혹은 시간에 대한 그래프를 작성하는데 사용됩니다. 모델을 검증하는데 사용되는 표준오차의 히스토그램을 작성할 수 있습니다.

표 15-2 잔차(오차)의 종류

No.	Criteria	Equation
1	Residuals	$(O_i - P_i)$
2	Absolute Residual	$ O_i - P_i $
3	Squared Residual	$(O_i - P_i)^2$
4	Relative Residual	$\frac{(O_i - P_i)}{O_i}$
5	Absolute Relative Residual	$\frac{ O_i - P_i }{O_i}$
6	Squared Relative Residual	$\left(\frac{O_i - P_i}{O_i}\right)^2$
7	Standardized Residuals	$\frac{(O_i - P_i)}{\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (O_i - P_i)^2}}$

### 표준 오차 히스토그램

표준오차 히스토그램은 오차가 정규분포되었다는 가정을 확인하기 위한 것입니다. 또한 이 히스토그램을 통해서 오차가 0 과 95%에 해당하는 -2 와 +2 사이에 랜덤하게 배치되어 있는지 확인하는데 도움이 됩니다. 그림 15-5는 BOD 데이터에 대한 히스토그램입니다.

### 측정 데이터에 대한 잔차 그래프

모델의 결과와 경향을 보기 위해서 계산된 오차를 측정데이터에 대한 그래프로 표현합니다. 그림 15-6은 측정 데이터에 대한 잔차의 일반적인 결과물입니다.

### 시간에 대한 잔차 그래프

계산된 잔차의 경향을 파악하기 위해서 시간에 대한 잔차의 시계열 표현은 매우 유용합니다. 특정시간 사건이나 이벤트를 통해서 모델의 예측성이 영향을 받을 수 있습니다. 플랜트 운전이 모델에서 적절하게 파악되지 않는 조건일 경우 (예를 들어, 강우, 플랜트 유지보수) 이 그래프를 통해서 특정 시간의 사건을 확인하는데 도움이 될 수 있습니다. 그림 15-7은 본 그래프의 일반적인 결과물입니다.

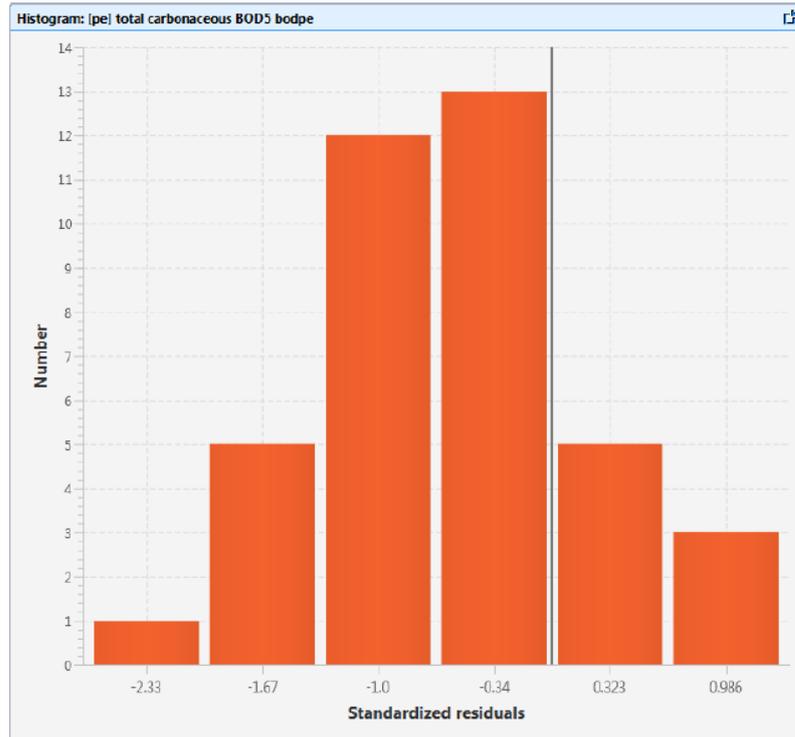


그림 15-5 표준 오차 히스토그램

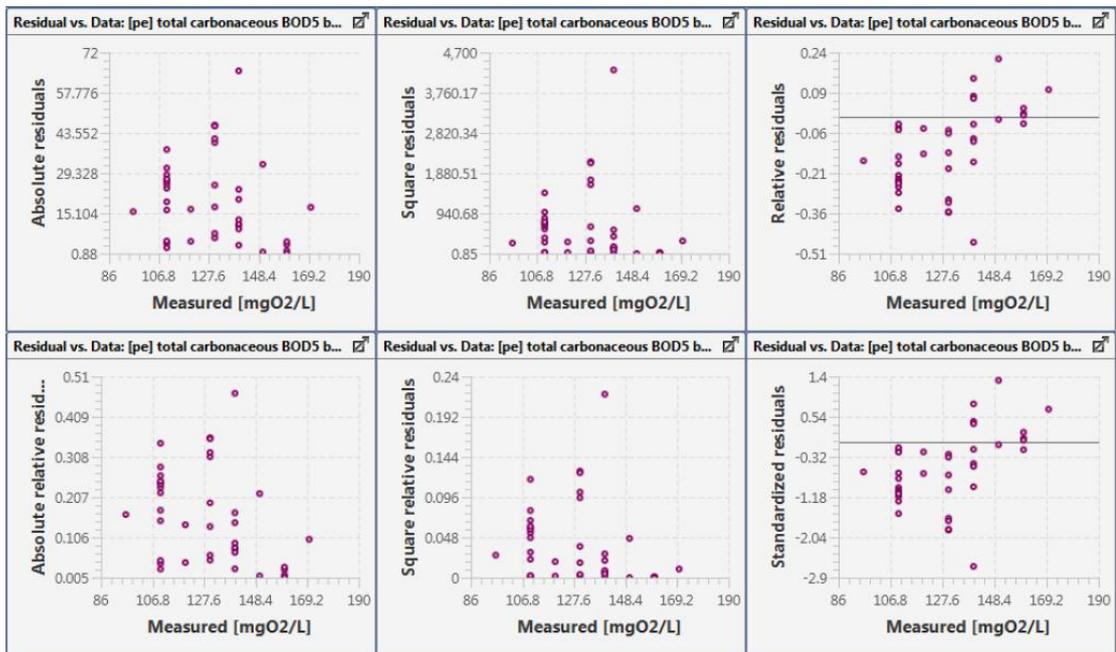
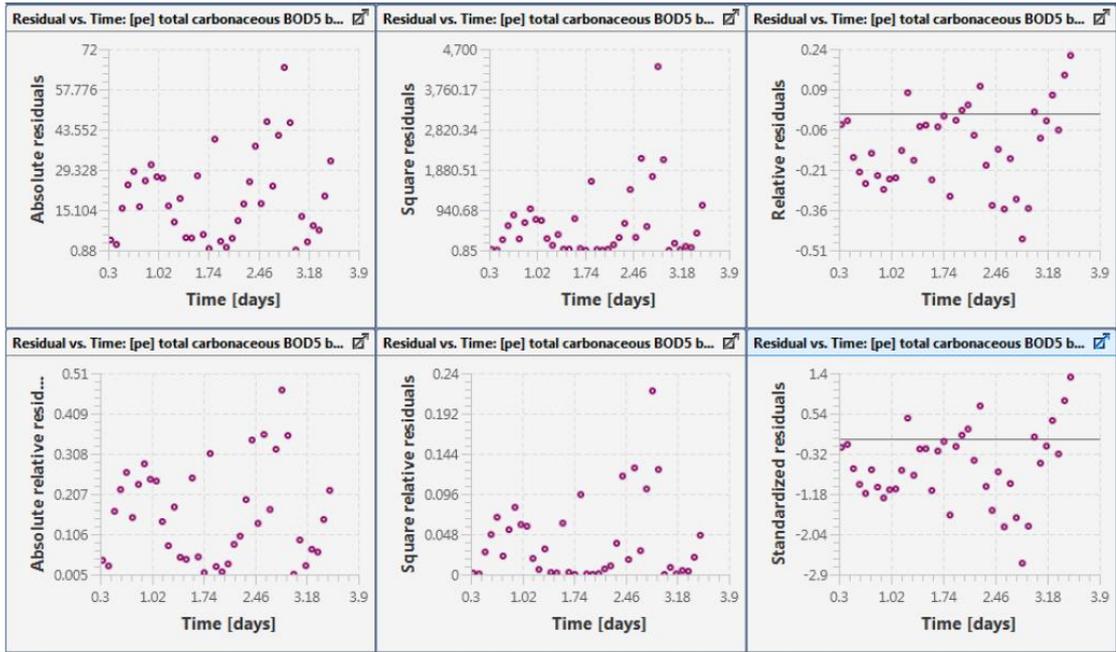


그림 15-6 측정 데이터에 대한 잔차 그래프



15-7 시뮬레이션 시간에 대한 잔차의 그래프

## REAL TIME CLOCK

리얼 타임 클럭의 특징은 사용자가 실 시간 또는 실 시간의 배수로 시뮬레이션의 속도를 설정할 수 있게 해줍니다. 이것은 온-라인 SCADA 적용 또는 GPS-X 가 실행하는 가상의 플랜트에서의 운전자 훈련에 유용합니다.

이 특징에 대한 파라미터는 레이아웃 > 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 시뮬레이션 도구 설정 폼에서 이용할 수 있습니다(그림 15-). 실시간 연결 모드 파라미터는 리얼 타임 리코더를 ON 또는 OFF로 전환시킬 것입니다. 리얼 타임 리코더가 ON일 경우, 시뮬레이션 속도는 실 시간의 배수와 같습니다. 사용된 곱셈 인자는 실 시간 연동배속으로 지정합니다. 예를 들면, 24로 가속 인자를 설정할 경우 1일에 대한 시뮬레이션을 실제로는 1시간이 걸리게끔 합니다. 리얼 타임 리코더의 특징이 1초와 같아지기 위해 통신 간격을 강제한다는 것에 유의하십시오.

The image shows a software configuration window titled "시뮬레이션 도구 설정" (Simulation Tool Settings). The window is divided into several sections:

- 파일 확장자 입력 (offline 모드에서)**: File extension input (in offline mode). Includes a dropdown menu set to "dat", a "replace failed data with form value" checkbox (checked), and a "플랜트 #1 이름 (for data file)" text field set to "blank".
- 출력 파일**: Output file. Includes a "글로벌 경고 파일을 사용합니다" checkbox (checked) and a "파일 이름을 경고합니다" text field set to "blank".
- 실시간 연결 모드** (highlighted with a red box): Real-time connection mode. Includes a "실시간 연결 모드" checkbox (checked) and a "실시간 가속 계수" (Real-time acceleration factor) input field set to "1.0".
- 데이터 이동**: Data movement. Includes a "시뮬레이터 모듈로 데이터 전송" checkbox (checked), a "제어 및 출력 변수의 최대값" (Maximum value of control and output variables) input field set to "100", and a "Datapoint의 최대값" (Maximum value of Datapoint) input field set to "100".
- 통신**: Communication. Includes a "Matlab 형식의 출력" checkbox (checked), a "로그창에 경고 전송" checkbox (checked), a "최적 상태를 로그창에 전송" checkbox (checked), and a "DPE 상태를 로그창에 전송" checkbox (checked).

Buttons for "승인" (OK) and "취소" (Cancel) are located at the bottom right.

그림 15-8 실시간 파라미터

## 정상-상태 솔버

GPS-X 에 사용된 정상-상태 솔버는 직접 탐색 알고리즘에 근거한 확실한 루틴입니다 (다시 말해, 기울기를 사용하지 않음). 때때로, 정상-상태 수렴은 모델을 설정하는 방법에서의 문제로 인해 발산하거나 느려집니다. 예를 들면, 침전조의 저류 비율이 매우 낮을 경우, 침전조는 고형물로 채우기를 시작할 것입니다. 10 개의 레이어에서 고형물의 농도 범위가 커지기 때문에, 정상-상태 솔버의 반복 사이에서 이 레이어의 변화 또한 커져 느린 수렴 또는 발산을 일으킬지도 모릅니다.

불충분한 수렴의 모든 경우에, 사용자는 적절한 지정에 대한 모든 단위 공정들을 면밀히 검토해야 합니다. 가장 쉬운 방법은 # 윌류 흐름 라벨을 표시하는 각 단위 공정과 관련된 *dsum#* 변수를 검토하는 것입니다. 사용자는 **시뮬레이션 제어** 창의 **명령** 라인에서 표시 명령을 나오게 해줌으로써 이를 검토할 수 있습니다. 개별 *dsum* 값의 합은 로그 창에 표시된 값을 동등하게 합니다. 미세 조율이 가능한 정상-상태 솔버와 관련된 많은 파라미터가 있습니다.

그림 15-9 및 그림 15-10의 품은 레이아웃 > 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 정상 상태 해찾기 설정을 선택하여 이용할 수 있습니다. 이 품의 파라미터를 아래에 설명하였습니다.

첫 번째 메뉴 항목, **반복계산 재시도 횟수**는 수렴을 실패할 경우 정상-상태 솔버가 수렴에 도달하기 위해 여러 번 시도할 횟수를 의미합니다.

**개별 변수의 오차 한계**는 정상 상태가 변수를 무시하는 아래의 허용오차입니다. 정상-상태 솔버가 이 허용오차보다 더 작게 되는 상태 변수로 수정할 경우, 솔버는 정상-상태인 것으로 가정하여, 변수를 무시할 것입니다.

솔버가 **반복 종료 기준** 이하로 상태 변수 미분의 합에 도달할 때, 정상-상태 수렴은 발생합니다. 디폴트 값은 10.0이지만 몇몇 시스템에서 단일 정밀도일 경우 증가 시켜줄 필요가 있습니다.

정상 상태 해찾기 설정	
반복계산 재시도 횟수	3
개별 변수의 오차 한계	1.0e-10
반복 종료 기준	10.0
반복계산의 최대횟수	100000
실패한 iteration 최대 횟수	20000
상세...	
고급 정상상태 파라미터	
고급 솔버 사용	켜기
불안정한 반복 보고를 위한 최소 dsum	1.0e+20
상세...	
승인    취소	

그림 15-9 정상-상태 파라미터



그림 15-10 정상-상태 파라미터 상세...

**축약 상수** 및 **확장 상수**는 반복 사이 정상-상태 솔버가 만든 단계 크기를 참고합니다. 더 큰 단계는 개선점을 찾아낸 경우에 취해지는 반면, 더 작은 단계는 개선점을 찾아내지 못한 경우에 취해집니다. 정상-상태 솔버의 달성은 이 파라미터의 영향을 크게 받을 수 있습니다. 확장 인자는 **반복 시 최대 구간 크기**로 제한됩니다. 이 최대 구간의 크기는 정상-상태 솔버가 도달될 때 줄어듭니다. **최종 접근 시 감쇄 인자**는 감쇄 효과를 제어할 것입니다. 0 은 감쇄가 없다는 것을 의미하는 반면, 1 은 최대 구간 사이지가 최대 구간 사이즈의 1/10 로 제한된다는 것을 의미합니다.

정상-상태 솔버가 취한 초기 구간 크기는 **초기 간섭치** 파라미터에 의해 조절됩니다. 이 수는 솔버로 인한 최대 구간 사이즈보다 더 작은 불충분한 초기 추측을 방지하기 위한 설정입니다.

이 폼에 보이는 다음 4 개의 항목은 다른 종료 기준 및 출력 제어를 처리합니다. 솔버의 상태는 **수렴 출력 간격**으로 제어된 주기로 인쇄하는 반면, 초기 치에 대한 **정상-상태 순환 계수**는 반복 순환이 시뮬레이션 로그 창에 먼저 인쇄할 것을 지정합니다. **반복계산의 최대 횟수**는 이 많은 반복을 시도하는 것 만으로 정상 상태 솔버를 제한합니다. 또 다른 정상 상태 종료 기준은 **실패한 반복 최대 횟수**으로써 미분의 합에서 이 순환의 수 내에서 개선점이 만들어지지 않았을 경우에 정상 상태 솔버를 종료시키는 것입니다.

여기에 나타나는 트림(trim) 파라미터는 ACSL 트림 함수의 출력을 의미합니다. 이는 정상 상태 솔버의 다른 대안으로, 가속화된 탐색을 위해 야코비(Jacobian) 행렬식을 사용합니다. 그러나, 이 기술기 타입 루틴은 GPS-X 내에서 충돌하는 큰 모델에 대해 아주 확고하지는 않습니다.

## 수치 제어

이 장에서 설명하는 수치 결과는 시뮬레이션의 성공이 입력 데이터 및 모델과 계산에 사용된 수치 솔버에 의존하기 때문에 중요합니다.

동적 시뮬레이션을 사용하는 모델러는 정확하게 결과를 해석하기 위해 방정식을 푸는데 사용한 수치 해법에 대한 이해가 반드시 필요합니다. 사용된 수치 해법에 대한 이해는 실제로 수치 문제를 확인하는데 도움을 줄 것입니다.

사용할 수치 해법의 선택은 중요합니다. GPS-X에서 이용 가능한 몇몇 수치 통합 이론이 있습니다. 수치 솔버는 시뮬레이션 제어 창에서 또는 레이아웃 > 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 동적 해법 설정의 아래 부분 **Integration Setting** 섹션에서 설정할 수 있습니다 (그림 15-11).

일반적으로 디폴트 통합 제어, Runge-Kutta-Fehlberg(2)는 대부분의 모델에 대해 명백히 작용합니다. 그러나, 솔버를 변경할 필요가 있는 상황이 발생할 수도 있습니다. 이는 일반적으로 수치 정확성과 시뮬레이션 속도 사이에서 절충합니다. 고정된 단계 알고리즘(즉, Euler, Runge-Kutta(1), 및 Runge-Kutta(2))은 변수 단계 알고리즘(즉, Adams-Moulton, Runge-Kutta-Fehlberg(1), Runge-Kutta-Fehlberg(2), Gear's Stiff, 및 Differential Algebraic Solver)보다 빠르지만 정확하지 않을 때가 있습니다.

만약 시스템이 술술 움직이지 않는 경우라면, 사용자는 Gear's Stiff 알고리즘을 사용할 필요가 있을지도 모릅니다. 술술 움직이지 않는 시스템은 매우 다른 시간 척도(예, 반응조 내 산소 전달과 같은 매우 빠른 공정 및 같은 시간에서 일어나는 매우 느린 반응)에서 일어나는 공정의 한가지입니다.

수치 솔버 뿐만 아니라, 사용자는 시뮬레이션을 제어하는 수치 파라미터의 몇 가지를 변경할 수 있습니다. 그러나 디폴트 파라미터를 변경하는 것은 어떤 경우에 결과에서 오차를 도입할지도 모르기 때문에 최대한의 주의가 필요합니다. 수치 파라미터는 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 동적 해법 설정을 선택하여 이용할 수 있습니다. 이 품은 **그림 15-1**와 같습니다.

이 파라미터는 흐름의 경계, 상태 변수, 상태 미분, 파라미터, 지수 및 부피를 포함합니다. 코드-정확 옵션에서 사용하는 **음함수 솔버(implicit solver)**에 대한(IMPL - 잔차가 0 으로 감소되는, 잔차로 추정된 음 함수를 해석하는데 사용) 파라미터를 여기서 설정할 수 있습니다. 몇 파라미터에 대한 보조-단락은 아래에서 보다 자세히 설명합니다.

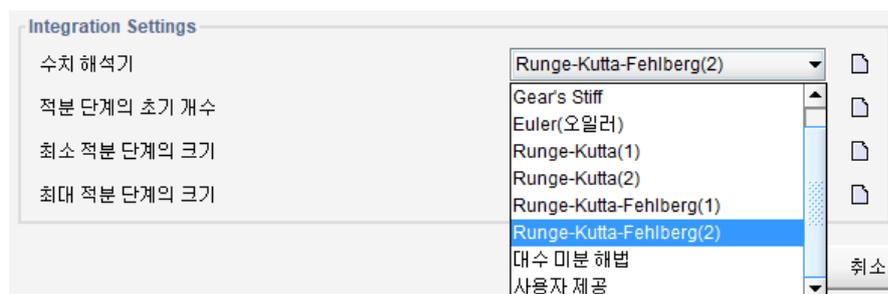


그림 15-11 적분법

동적 해법 설정			
한계			
IMPL 연산에서 반복계산 횟수	<input type="text" value="30"/>		
IMPL 연산의 오류 범위	<input type="text" value="1.0e-06"/>		
흐름의 하부 경계	<input type="text" value="1.0e-10"/>	m3/d	▼
흐름의 상부 경계	<input type="text" value="1.0e+10"/>	m3/d	▼
초기 농도의 하부 경계	<input type="text" value="1.0e-06"/>	mg/L	▼
초기 농도의 상부 경계	<input type="text" value="1.0e+10"/>	mg/L	▼
농도의 하부 경계	<input type="text" value="0.0"/>	mg/L	▼
농도의 상부 경계	<input type="text" value="1.0e+10"/>	mg/L	▼
미분계수의 하부 경계	<input type="text" value="-1.0e+33"/>	mg/(L.d)	▼
미분계수의 상부 경계	<input type="text" value="1.0e+33"/>	mg/(L.d)	▼
부피의 하부 경계	<input type="text" value="1.0e-10"/>	m3	▼
이 부피 이하의 희석율을 무시합니다	<input type="text" value="0.0001"/>	m3	▼
이 레이어 두께 이하의 희석율을 무시합니다	<input type="text" value="0.0001"/>	m	▼
부피의 상부 경계	<input type="text" value="1.0e+10"/>	m3	▼
파라미터의 하부 경계	<input type="text" value="1.0e-10"/>		
파라미터의 상부 경계	<input type="text" value="1.0e+10"/>		

승인    취소

그림 15-12 수치해석 파라미터 폼

### 희석 파라미터 무시

반응조의 액체의 부피가 이 부피 이하의 희석율은 무시 파라미터 값 이하로 떨어질 경우, 일반적으로 행해지는 것과 같이 반응조의 농도를 계산하는데 희석률(수리학적 체류 시간의 역으로 계산됨)을 사용하지 않을 것입니다. 그렇게 함으로써, 시뮬레이션의 속도는 매우 증가됩니다. 동일한 원리로 레이어의 높이가 이 레이어 두께 이하의 희석율은 무시함 파라미터 값보다 작을 경우에 무시되는 특정 파라미터에서의 희석률을 침전조 및 SBRs 에 적용합니다.

### 0 으로 나누기에 대한 보호

0 으로 나누기에 대한 파라미터 보호는 고정된 것으로 사용자가 변경할 수 없습니다. 이 파라미터는 나눗셈을 포함하는 모든 계산에서 사용됩니다. 방정식의 분모가 결코 0 과 같을 수 없다는 것을 확실하게 하기 위해 사용합니다. 예를 들면, 많은 비율 방정식(아래 참고)에 사용된, DO 전환 함수는 0 나누기에 대한 보호 파라미터를 포함합니다.

$$F = \frac{DO}{DO + KOH + padbyz} \quad (15-1)$$

### 속도 보조-단락

동적 해법 설정 폼의 속도 보조-단락에서 파라미터는 모든 객체에 사용된 펌프 유량 비율에 관계합니다. 펌프의 ON-OFF 전환이 유량의 급격한 변화를 일으키기 때문에, 수치 통합 루틴은 수치 오차를 감소시키기 위해 매우 작은 구간 크기를 요구할지도 모릅니다. 어떤 경우에, 이 작은 구간 크기는 매우

느린 시뮬레이션의 결과를 가져올 것입니다. 논리적인 **비 연속되는 원활한 펌프 유출이 ON**(디폴트는 **OFF**)일 경우, 펌프 유량 비율은 다음의 식으로 지정된 양까지 끌어올립니다:

$$Q = \frac{1}{1 + e^{-\left(\frac{par \cdot t - par}{2}\right)}} \quad (15-2)$$

여기서

$Q$  = 펌프 유량 ( $m^3/d$ ),

$par$  = 유연 인자(smoothing factor),

$t$  = 유연 기간(smoothing period) (d).

유연 함수는 사용자가 지정한 퍼센트 변화에서만 적용될 것입니다(**이 보다 큰 유량 변화에서 유연**). 이는 펌프 유량이 큰 변화를 가지는 경우에 한해 사용자에게 유연성을 제공합니다. 유연 함수는 저류, 제어 분산, 등등을 포함하는 레이아웃의 모든 펌프 유량에 적용합니다. 유연함수가 어떤 식으로 펌프 유량에 영향을 미치는지에 대한 묘사로 **그림 15-13**을 살펴보십시오.

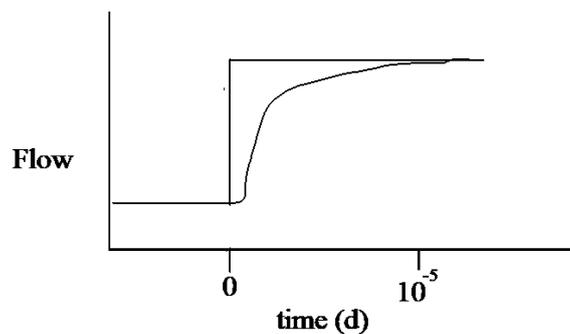


그림 15-13 유연 함수

## 큰 (LARGE) 모델

GPS-X 가 사용자에게 매우 크고 복잡한 레이아웃을 빌드할 수 있게 해주더라도, 몇 가지 제한이 있습니다. 첫째로, 일반적으로 ACSL 에 사용되는 시뮬레이션 언어는 지정할 수 있는 코드의 별도 블록의 수에 한계가 있습니다. 이는 사용자에게 주어진 레이아웃에 대한 자동 제어기의 수는 25 개를 초과할 수 없다는 것을 뜻합니다. 많은 객체가 내장 제어기(예, 침전조는 펌프유량 및 저류 둘 다를 위한 제어기를 갖고 있음)를 가지고 있기 때문에, 사용자는 신속히 허락 가능한 모든 코드의 별도 블록을 사용할 수 있습니다. 이 문제를 피하기 위해, 사용자는 하나의 별도 블록으로 모든 자동 제어기를 결합시키는 **Big** 옵션이나, **모든 제어기의 기능을 억제하는 Big+** 옵션을 선택할 수 있습니다. **Big** 옵션 선택에서, 사용자는 각 개별 제어기 순환에 대한 샘플링 시간을 더 이상 지정할 수 없습니다. 1 개의 샘플링 간격은 그 밖의 것들을 무시할 것입니다. 이 샘플링 간격(제어기 샘플링 시간)은 일반 데이터 > 시스템 > 입력변수 > 동적 해법 설정의 일반 수치 상수 항목 내에서 찾을 수 있습니다.

## 통합 고려 사항

### ROBUST 모델 VS. FAST 모델

교환 협정은 다른 조건하에서 모델의 정확성과 시뮬레이션의 속도 및 robustness 사이에서 나타납니다(예, 비연속적 불시의 유량 또는 완전하게 비어있는 반응조). GPS-X는 전형적인 연속 유량 활성화 슬러지 플랜트를 다루는 보통의 사용자가 정확성과 시뮬레이션의 속도에 대해 고민할 필요가 없게 설정합니다. 그러나, 더 복잡한 공정을 처리할 경우 사용자는 다른 통합 알고리즘으로 전환하거나 정확성 또는 시뮬레이션의 속도를 증가 시키기 위해 몇몇의 수치 파라미터 값을 변경할 필요가 있을지도 모릅니다. 일반적으로, robustness 및 정확성이 시뮬레이션 속도보다 더 중요합니다.

시뮬레이션의 결과가 정확하지 않는 것으로 여겨질 경우, 사용자는 우선 공정 객체의 물리적 dimension 과 공정 유량의 값이 적절한지 점검해야 합니다. 수치를 부정확하게 입력했을지도 모릅니다.

모델 파라미터가 합리적인 것으로 확신할 경우, 그 다음 단계로 모델링 단순화나 수치적인 문제가 부정확한 결과에 이를 것인지 아닌지를 결정합니다. 아래에 몇 가지 유용한 정보를 열거하였습니다.

- 시뮬레이션의 결과가 정확하지 않는 것으로 여겨질 경우, 사용자는 **Exact** 코드 옵션(**보기 > 환경설정 빌드 > 코드** 메뉴 항목)으로 시도할 것을 원할지도 모릅니다. **Quick** 옵션(디폴트)은 시뮬레이션을 더 빠르게 하지만 반응 유량이 있을 경우에는 정확하지 않습니다. **Quick** 옵션을 사용할 경우, 각 시간 단계에서 반응 유량은 단지 이전 시간 단계에서 가져온 값입니다. **Exact** 옵션을 사용할 경우, 반응 유량은 음함수 비선형 방정식을 사용하여 정확하게 계산됩니다. 통합 시간 간격이 작고 반응 유량이 보통 드라마틱하게 변경하지 않기 때문에, **Quick** 옵션을 사용하는 대부분의 경우를 만족합니다. 많은 재생 유량의 적용 및 불시의 극단적인 동적 변화는 몇 가지 문제를 일으킬지도 모릅니다.
- 통합 알고리즘(IALG)의 선택은 모델 출력상의 중요한 영향을 미칠 수 있습니다. 이용 가능한 통합 알고리즘의 보다 상세한 설명은 the *ACSL Reference Manual* 을 참고하십시오. 일반적으로, 변수 단계 알고리즘(즉, Adams-Moulton, Runge-Kutta-Fehlberg(1), Runge-Kutta-Fehlberg(2), Gear's Stiff, 및 Differential Algebraic Solver)은 큰 동적 시스템의 시뮬레이션을 수락할 수 있습니다. 사용자 시스템이 잘 움직이지 않는다고 여겨질 경우, Gear's Stiff algorithm 을 시도하십시오(사용자가 SBR 또는 살수 여상을 시뮬레이션 하지 않는 한, Runge-Kutta-Fehlberg 알고리즘만 허용되는 경우).

Gear's Stiff 루틴은 모델에서 불연속적으로 교차하는 엄청난 시뮬레이션 시간이 필요할지도 모르는 어떤 경우에서 - 급속하게 변화하는 미분으로 그 자체를 적용시키는 자동-조율 알고리즘입니다. Runge-Kutta-Fehlberg(1) 알고리즘은 불연속에 대해 매우 관대하지만 더 극단적인 문제로 어려움을 경험하는 것으로- 정확하게 상반합니다. 이러한 두 가지 솔버 사이에서 좋은 절충안은 Adams-Moulton 알고리즘 입니다. 이는 아주 robust 하고 쉽게 포기하지 않으나 더 느립니다. Runge-Kutta-Fehlberg(2) 알고리즘은 Runge-Kutta-Fehlberg 와 거의 동일하지만, 더 robust 합니다.

- 실행 중 통합 알고리즘이 사용한 구간 크기를 모니터 하는 것이 가능합니다. 사용자는 **시뮬레이션 제어** 창의 명령 라인에서 다음의 명령을 입력하여 **로그** 창에 어떤 값이든 기록할 수 있습니다: `output truecssitg` 또는 출력 그래프 상에 변수 `truecssitg` 배치. 사용자는 **일반 데이터 > 시스템 > 출력 변수 > 일반 프로그램 변수** 폼에서 나타나는 `truecssitg` 을

선택할 수 있습니다(평균 적분 단계 크기로 라벨링 되어 있음). 평균 적분 단계 크기(*truecssitg*)는 각 통신 간격에서 계산됩니다. 작은 통신 간격(~0.01 또는 이하)을 사용하여 사용자의 시뮬레이션을 시작하십시오. 보통 *truecssitg* 에서 급격이 떨어지는 것은 불연속적인 신호를 보내는 것 입니다. 위 방법을 사용하여, **미분 절대 값의 합 (dsum)** 또한 급격한 변화에 대해 점검할 수 있습니다.

- 사용자의 시뮬레이션이 느릴 경우, 사용자는 **시뮬레이션 제어** 창의 **옵션 > 명령 > 정보** 메뉴에서 **Fullinfo** 옵션을 선택하는 것과 Adams-Moulton 이나 Gear's Stiff 적분 알고리즘을 사용하여 시뮬레이션을 실행하는 것으로 어떤 변수가 시뮬레이션을 느리게 하는지 찾아낼 수 있습니다. 실행의 마지막에 **로그** 창에 표시된 오차 개요는 단계를 제어하는 변수를 가리킬 것입니다.
- 낮은 DO 농도를 가진 시스템의 통합은 통합 알고리즘이 단계 크기 또는 마이너스 DO 값으로 실행하는 위험을 없애야 하기 때문에 시간이 걸립니다.
- 때로는 적분 알고리즘이 시뮬레이션 시작시 어려움을 겪을 수 있으며, 이런 경우에는 상태 변수의 초기 농도가 부적절하여 초기 미분 값이 커질 수 있습니다. 이 경우 다양한 단계의 적분 알고리즘은 이 초기 범프를 지나가기 위해 단계 크기를 줄입니다. 정상 상태 솔버를 사용하여 초기 조건을 결정하는 것이 도움이 될 수 있습니다.
- 시뮬레이션 속도는 상태 변수의 미분 값에 크게 의존합니다. 사용자는 급격한 피크를 제거하여 불연속성 시뮬레이션의 가속화를 위해 통합상의 하계와 상계의 절대 값을 감소시킬 수 있습니다. 이 경계는 **일반 데이터 > 시스템 > 입력 변수 > 동적 해법 설정** 폼에서 이용할 수 있습니다. 사용할 최적의 값은 논점 시스템에 의존합니다. 이것은 대다수의 경우에서 가장 민감한 상태 변수이기 때문에, DO 통합(각 객체의 **공정 데이터** 메뉴에서 찾아냄)을 모의하는 것을 시도하십시오. 최대 값은 실행 중에 얻고 그 후에 가장 높은 값의 50%가 되는 경계를 선택합니다. 디플트 값(-1.e33 및 1.e33) 에서 경계를 바꾸는 것은 통합의 정확성을 제한할 수 있습니다.
- 펌프(유입수 또는 다른)의 급격한 가동 또는 전환은 통합에서 불연속적이고, 결과적으로, 시뮬레이션의 과정을 지연시키는 원인이 될 수 있습니다. 이를 방지하기 위해, 유연하게 가동하고 정지하는, 유연 펌프 옵션을 **일반 데이터 > 시스템 > 입력 변수 > 동적 해법 설정** 폼에서 제공합니다. 이는 엄격하게 수치 특성으로 예정되고 일시적인 기간 동안 실제 펌프 배출을 시뮬레이션 하는 것을 시도하지 않습니다. 디플트로, 유연 (smoothing)은 사용되지 않습니다. 사용자가 문제를 경험할 경우, 펌프를 켜거나 끌 때, 유연하게 하기 사용을 시도하십시오.
- 실행 도중 기록되는 어떤 메시지를 살펴보기 위해 **로그** 창을 점검하십시오.



---

# APPENDIX A

## **Petersen Matrices**

---

**Activated Sludge Model No. 1(ASM1) in CNLIB**

**Mantis Model in CNLIB**

**Activated Sludge Model No. 3 (ASM3) in CNLIB**

**Activated Sludge Model No. 2d (ASM2d) in CNPLIB**

**Newgeneral Model in CNPLIB**

**Basic Digester Model**

**Prefermenter Model in CNPLIB**

Mantis in CNLIB

Component	<i>i</i>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	Process rate, $\rho_j$
<i>j</i>	Process	$S_I$	$S_S$	$X_I$	$X_S$	$X_{SH}$	$X_{SA}$	$X_U$	$X_{ND}$	$S_O$	$S_{NO}$	$S_{NV}$	$S_{NZ}$	$S_{ND}$	$S_{ALX}$	
1	Aerobic growth heterotrophs on ss with snh		$-\frac{1}{Y_H}$			1				$-\frac{(1-Y_H)}{Y_H}$			$-ibhm$		$-\frac{ibhm}{14}$	$\mu_H \left( \frac{S_S}{K_{SH} + S_S} \right) \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) X_{BH}$
2	Anoxic growth of heterotrophs on ss with snh		$-\frac{1}{Y_H}$			1				$-\frac{(1-Y_H)}{2.86Y_H}$	$\frac{(1-Y_H)}{2.86Y_H}$		$-ibhm$		$-\frac{ibhm}{14} + \frac{(1-Y_H)}{(14 * 2.86 * Y_H)}$	$\mu_H \left( \frac{S_S}{K_{SH} + S_S} \right) \left( \frac{K_{AD}}{K_{AD} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) X_{BH}$
3	Aerobic growth of heterotrophs on ss with sno		$-\frac{1}{Y_H}$			1				$-\frac{(1-Y_H)}{Y_H}$	$-ibhm$				$-\frac{ibhm}{14}$	$\mu_H \left( \frac{S_S}{K_{SH} + S_S} \right) \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{K_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) X_{BH}$
4	Anoxic growth of heterotrophs on ss with sno		$-\frac{1}{Y_H}$			1				$-ibhm - \frac{(1-Y_H)}{(2.86 * Y_H)}$	$\frac{(1-Y_H)}{2.86Y_H}$				$-\frac{ibhm}{14} + \frac{(1-Y_H)}{(14 * 2.86 * Y_H)}$	$\mu_H \left( \frac{S_S}{K_{SH} + S_S} \right) \left( \frac{K_{AD}}{K_{AD} + S_O} \right) \left( \frac{K_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) X_{BH}$
5	Decay of heterotrophs				$1-f_{ih}$	-1		$f_{ih}$		$ibhm - f_{ih} * \mu_{ih}$						$b_H \cdot X_{BH}$
6	Hydrolysis of entrapped organics		1		-1											$k_H \left( \frac{X_S / X_{BH}}{K_X + X_S / X_{BH}} \right) \left( \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) + \text{etah} \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \right) X_{BH}$
7	Hydrolysis of entrapped organic nitrogen								-1					1		$r_6 \cdot \left( \frac{X_{ND}}{X_S} \right)$
8	Ammonification of soluble organic nitrogen												1	-1	1/14	$\tau_{CA} \cdot S_{ND} \cdot X_{NH}$
9	Growth of autotrophs						1			$-\frac{(4.57 - Y_A)}{Y_A}$	$\frac{1}{Y_A}$		$-iban - \frac{1}{Y_A}$		$-\frac{iban}{14} - \frac{1}{Y_A * 7}$	$\mu_A \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_O}{K_{OA} + S_O} \right) X_{BA}$
10	Decay of autotrophs				$1-f_{ua}$	-1		$f_{ua}$		$iban - f_{ua} * \mu_{ua}$						$b_A \cdot X_{BA}$
		Soluble inert organics (g COD m <sup>-3</sup> )	Readily biodegradable soluble substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Particulate inert organics (g COD m <sup>-3</sup> )	Slowly biodegradable particulate substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Active heterotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Active autotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Unbiodegradable particulates from cell decay (g COD m <sup>-3</sup> )	Particulate biodegradable organic nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Oxygen (g (-COD) m <sup>-3</sup> )	Nitrate and nitrite nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Dinitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Ammonia nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Soluble biodegradable organic nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Alkalinity (mole m <sup>-3</sup> )	

## ASM1 in CNLIB

Component	<i>i</i>	1 <i>S<sub>r</sub></i>	2 <i>S<sub>s</sub></i>	3 <i>X<sub>r</sub></i>	4 <i>X<sub>s</sub></i>	5 <i>X<sub>B,H</sub></i>	6 <i>X<sub>B,A</sub></i>	7 <i>X<sub>v</sub></i>	8 <i>S<sub>o</sub></i>	9 <i>S<sub>NO</sub></i>	10 <i>S<sub>NH</sub></i>	11 <i>S<sub>ND</sub></i>	12 <i>X<sub>ND</sub></i>	13 <i>S<sub>ALK</sub></i>	Process rate
<i>j</i>	Process														
1	Aerobic growth heterotrophs		$-\frac{1}{Y_H}$			1			$-\frac{1-Y_H}{Y_H}$		$-i_{XB}$			$-\frac{i_{XB}}{14}$	$\mu_{mH} \left( \frac{S_S}{K_S + S_S} \right) \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) X_{B,H}$
2	Anoxic growth heterotrophs		$-\frac{1}{Y_H}$			1			$-\frac{1-Y_H}{2.86Y_H}$		$-i_{XB}$			$-\frac{1-Y_H}{14 \times 2.86Y_H} - \frac{i_{XB}}{14}$	$\mu_{mH} \left( \frac{S_S}{K_S + S_S} \right) \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \eta_g X_{B,H}$
3	Aerobic growth autotrophs						1		$-\frac{4.57-Y_A}{Y_A}$	$\frac{1}{Y_A}$	$-i_{XB} - \frac{1}{Y_A}$			$-\frac{i_{XB}}{14} - \frac{1}{7Y_A}$	$\mu_{mA} \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_O}{K_{OA} + S_O} \right) X_{B,A}$
4	Decay heterotrophs				$1-f_P$	-1		$f_P$					$i_{XB} - f_P i_{XP}$		$b_H X_{B,H}$
5	Decay autotrophs				$1-f_P$		-1	$f_P$					$i_{XB} - f_P i_{XP}$		$b_A X_{B,A}$
6	Ammonification										1	-1		$\frac{1}{14}$	$k_a S_{ND} X_{B,H}$
7	Hydrolysis organic compounds		1		-1										$k_H \frac{X_S / X_{B,H}}{K_X + X_S / X_{B,H}} \left[ \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) + \eta_h \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \right] X_{B,H}$
8	Hydrolysis organic N											1	-1		$\rho_f (X_{ND} / X_S)$
		Unbiodegradable soluble matter (g COD m <sup>-3</sup> )	Readily biodegradable substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Particulate unbiodegradable matter (g COD m <sup>-3</sup> )	Emmeshed slowly biodegradable substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Active heterotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Active autotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Unbiodegradable particulates from cell decay (g COD m <sup>-3</sup> )	Oxygen (g (-COD) m <sup>-3</sup> )	Nitrate and Nitrite nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Ammonia nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Soluble biodegradable organic nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Particulate biodegradable organic nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Alkalinity (mole m <sup>-3</sup> )	

## ASM2d in CNPLIB

Component	<i>i</i>	1 <i>S<sub>O</sub></i>	2 <i>S<sub>F</sub></i>	3 <i>S<sub>LF</sub></i>	4 <i>S<sub>NH</sub></i>	5 <i>S<sub>NO</sub></i>	6 <i>S<sub>P</sub></i>	7 <i>S<sub>I</sub></i>	8 <i>S<sub>ALK</sub></i>	9 <i>S<sub>NN</sub></i>	10 <i>X<sub>I</sub></i>	11 <i>X<sub>S</sub></i>	12 <i>X<sub>BH</sub></i>	13 <i>X<sub>BP</sub></i>	14 <i>X<sub>FP</sub></i>	15 <i>X<sub>BT</sub></i>	16 <i>X<sub>BA</sub></i>	17 <i>X<sub>MEOH</sub></i>	18 <i>X<sub>MEP</sub></i>
<i>j</i>	Process																		
1	Aerobic hydrolysis of <i>X<sub>S</sub></i>		$1-prod_{fs}$		$c1,N$		$c1,P$	$prod_{fs}$	$c1,CH$			-1							
2	Anoxic hydrolysis of <i>X<sub>S</sub></i>		$1-prod_{fs}$		$c2,N$		$c2,P$	$prod_{fs}$	$c2,CH$			-1							
3	Anaerobic hydrolysis of <i>X<sub>S</sub></i>		$1-prod_{fs}$		$c3,N$		$c3,P$	$prod_{fs}$	$c3,CH$			-1							
4	Aerobic growth of heterotrophs on <i>S<sub>F</sub></i>	$c4,COD$	$-\frac{1}{Y_H}$		$c4,N$		$c4,P$		$c4,CH$				1						
5	Aerobic growth of heterotrophs on <i>S<sub>LF</sub></i>	$c4,COD$		$-\frac{1}{Y_H}$	$c5,N$		$c5,P$		$c5,CH$				1						
6	Denitrification with <i>S<sub>F</sub></i>		$-\frac{1}{Y_H}$		$c6,N$	$-\frac{(1-Y_H)}{2.86 \cdot Y_H}$	$c6,P$		$c6,CH$	$\frac{(1-Y_H)}{2.86 \cdot Y_H}$			1						
7	Denitrification with <i>S<sub>LF</sub></i>			$-\frac{1}{Y_H}$	$c7,N$	$-\frac{(1-Y_H)}{2.86 \cdot Y_H}$	$c7,P$		$c7,CH$	$\frac{(1-Y_H)}{2.86 \cdot Y_H}$			1						
8	Fermentation		-1	1	$c8,N$		$c8,P$		$c8,CH$										
9	Lysis of heterotrophs				$c9,N$		$c9,P$		$c9,CH$		$prod_{fs}$	$1-prod_{fs}$	-1						
10	Storage of <i>X<sub>BT</sub></i> by <i>X<sub>BP</sub></i>			-1			$Y_{PO_4}$		$c10,CH$						$-Y_{PO_4}$	1			
11	Aerobic storage of <i>X<sub>FP</sub></i> by <i>X<sub>BP3</sub></i>	$Y_{PHA}$					-1		$c11,CH$						1	$-Y_{PHA}$			
12	Anoxic storage of <i>X<sub>FP</sub></i> by <i>X<sub>BP</sub></i>					$c12,COD$	-1		$c12,CH$	$-c12,COD$					1	$-Y_{PHA}$			
13	Aerobic growth of <i>X<sub>BP</sub></i> on <i>X<sub>BT</sub></i>	$c13,COD$			$c13,N$		$-ipbm$		$c13,CH$					1		$-\frac{1}{Y_{PAO}}$			
14	Anoxic growth of <i>X<sub>BP</sub></i> on <i>X<sub>BT</sub></i>				$c14,N$	$c14,COD$	$-ipbm$		$c14,CH$	$-c14,COD$				1		$-\frac{1}{Y_{PAO}}$			
15	Lysis of <i>X<sub>BP</sub></i>				$c15,N$		$c15,P$		$c15,CH$		$prod_{fs}$	$1-prod_{fs}$		-1					
16	Lysis of <i>X<sub>FP</sub></i>						1		$c16,CH$						-1				
17	Lysis of <i>X<sub>BT</sub></i>			1					$c17,CH$							-1			
18	Aerobic growth of <i>X<sub>BA</sub></i>	$c18,COD$			$c18,N$	$\frac{1}{Y_A}$	$-ipbm$		$c18,CH$								1		
19	Lysis of <i>X<sub>BA</sub></i>				$c19,N$		$c19,P$		$c19,CH$		$prod_{fs}$	$1-prod_{fs}$					-1		

## ASM2d in CNPLIB

Component	<i>i</i>	1 <i>S<sub>O</sub></i>	2 <i>S<sub>F</sub></i>	3 <i>S<sub>LF</sub></i>	4 <i>S<sub>NH</sub></i>	5 <i>S<sub>NO</sub></i>	6 <i>S<sub>P</sub></i>	7 <i>S<sub>I</sub></i>	8 <i>S<sub>ALK</sub></i>	9 <i>S<sub>NN</sub></i>	10 <i>X<sub>I</sub></i>	11 <i>X<sub>S</sub></i>	12 <i>X<sub>BH</sub></i>	13 <i>X<sub>BP</sub></i>	14 <i>X<sub>PP</sub></i>	15 <i>X<sub>BT</sub></i>	16 <i>X<sub>BA</sub></i>	17 <i>X<sub>MEOH</sub></i>	18 <i>X<sub>MEP</sub></i>	
<i>j</i>	Process																			
20	Precipitation of phosphates with metal hydroxides						-1		<i>c20,CH</i>										-3.45	4.87
21	Resolution of metal phosphates						1		<i>c21,CH</i>										3.45	-4.87
		Oxygen (g O <sub>2</sub> m <sup>-3</sup> )	Fermentable readily biodegradable substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Readily biodegradable SCFA substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Ammonia Nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Nitrate and Nitrite nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Soluble Phosphorus (g P m <sup>-3</sup> )	Unbiodegradable soluble organics (g COD m <sup>-3</sup> )	Alkalinity (mole m <sup>-3</sup> )	Nitrogen Gas (g N m <sup>-3</sup> )	Particulate Unbiodegradable matter (α COD m <sup>-3</sup> )	Emmeshed slowly biodegradable substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Active non-PolyP heterotrophic biomass (α COD m <sup>-3</sup> )	Active PolyP heterotrophic biomass (α COD m <sup>-3</sup> )	Stored PolyP (g P m <sup>-3</sup> )	Stored SCFA (g COD m <sup>-3</sup> )	Active autotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Metal hydroxides (g m <sup>-3</sup> )	Metal phosphate (g m <sup>-3</sup> )	

Conservation Matrix	1 <i>S<sub>O</sub></i>	2 <i>S<sub>F</sub></i>	3 <i>S<sub>LF</sub></i>	4 <i>S<sub>NH</sub></i>	5 <i>S<sub>NO</sub></i>	6 <i>S<sub>P</sub></i>	7 <i>S<sub>I</sub></i>	8 <i>S<sub>ALK</sub></i>	9 <i>S<sub>NN</sub></i>	10 <i>X<sub>I</sub></i>	11 <i>X<sub>S</sub></i>	12 <i>X<sub>BH</sub></i>	13 <i>X<sub>BP</sub></i>	14 <i>X<sub>PP</sub></i>	15 <i>X<sub>BT</sub></i>	16 <i>X<sub>BA</sub></i>	17 <i>X<sub>MEOH</sub></i>	18 <i>X<sub>MEP</sub></i>
Continuity for:																		
COD (gCOD)	-1	1	1		-4.57		1		-1.71	1	1	1	1		1	1		
Nitrogen (gN)		<i>insf</i>		1	1		<i>insi</i>		1	<i>inxi</i>	<i>inxS</i>	<i>inbm</i>	<i>inbm</i>			<i>inbm</i>		
Phosphorus (gP)		<i>ipsf</i>				1	<i>ipsi</i>			<i>ipxi</i>	<i>ipxs</i>	<i>ipbm</i>	<i>ipbm</i>	1		<i>ipbm</i>		0.205
Charge (mole <sup>+</sup> )			$-\frac{1}{64}$	$\frac{1}{14}$	$-\frac{1}{14}$	$-\frac{1.5}{31}$		-1						$-\frac{1}{31}$				

Process		Process Rate, $\rho$
1	Aerobic hydrolysis of $X_S$	$k_H \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{X_S/X_{BH}}{K_X + X_S/X_{BH}} \right) X_{BH}$
2	Anoxic hydrolysis of $X_S$	$k_H \eta_{NO3HYD} \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{X_S/X_{BH}}{K_X + X_S/X_{BH}} \right) X_{BH}$
3	Anaerobic hydrolysis of $X_S$	$k_H \eta_{FE} \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{K_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{X_S/X_{BH}}{K_X + X_S/X_{BH}} \right) X_{BH}$
4	Aerobic growth of heterotrophs on $S_F$	$\mu_H \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_F}{K_F + S_F} \right) \left( \frac{S_F}{S_F + S_{LF}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{PO_4} + S_P} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) X_{BH}$
5	Aerobic growth of heterotrophs on $S_{LF}$	$\mu_H \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{LF}}{K_{LFHET} + S_{LF}} \right) \left( \frac{S_{LF}}{S_F + S_{LF}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{PO_4} + S_P} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) X_{BH}$
6	Denitrification with $S_F$	$\mu_H \eta_{NO3HET} \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{S_F}{K_F + S_F} \right) \left( \frac{S_F}{S_F + S_{LF}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{PO_4} + S_P} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) X_{BH}$
7	Denitrification with $S_{LF}$	$\mu_H \eta_{NO3HET} \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{S_{LF}}{K_{LFHET} + S_{LF}} \right) \left( \frac{S_{LF}}{S_F + S_{LF}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{PO_4} + S_P} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) X_{BH}$
8	Fermentation	$q_{FE} \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{K_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{S_F}{K_F + S_F} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) X_{BH}$
9	Lysis of heterotrophs	$b_H \cdot X_{BH}$
10	Storage of $X_{BT}$ by $X_{BP}$	$q_{PHA} \left( \frac{S_{LF}}{K_{LFPAO} + S_{LF}} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) \left( \frac{X_{PP}/X_{BP}}{K_{PP} + X_{PP}/X_{BP}} \right) X_{BP}$
11	Aerobic storage of $X_{PP}$ by $X_{BP}$	$q_{PHA} \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_P}{K_{PS} + S_P} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) \left( \frac{X_{BT}/X_{BP}}{K_{PHA} + X_{BT}/X_{BP}} \right) \left( \frac{K_{MAX} - \frac{X_{PP}}{X_{BP}}}{K_{IPP} + K_{MAX} - \frac{X_{PP}}{X_{BP}}} \right) X_{BP}$
12	Anoxic storage of $X_{PP}$ by $X_{BP}$	$\rho_{11} \cdot \eta_{NO3PAO} \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right)$
13	Aerobic growth of $X_{BP}$ on $X_{BT}$	$\mu_{PHO} \left( \frac{S_O}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{PO_4} + S_P} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) \left( \frac{X_{BT}/X_{BP}}{K_{PHA} + X_{BT}/X_{BP}} \right) X_{BP}$
14	Anoxic growth of $X_{BP}$ on $X_{BT}$	$\rho_{13} \cdot \eta_{NO3PAO} \left( \frac{K_{OH}}{K_{OH} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right)$

Process		Process Rate, $\rho$
15	Lysis of $X_{BP}$	$b_{PAO} \cdot X_{BP} \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right)$
16	Lysis of $X_{PP}$	$b_{PP} \cdot X_{PP} \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right)$
17	Lysis of $X_{BT}$	$b_{PHA} \cdot X_{BT} \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right)$
18	Aerobic growth of $X_{BA}$	$\mu_A \left( \frac{S_O}{K_{OA} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NHA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{PO_4} + S_P} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALK} + S_{ALK}} \right) X_{BA}$
19	Lysis of $X_{BA}$	$b_{AUT} \cdot X_{BA}$
20	Precipitation of phosphates with metal hydroxides	$K_{PRE} \cdot S_P \cdot X_{MEOH}$
21	Resolution of metal phosphates	$K_{RED} \cdot X_{MEP} \left( \frac{S_{ALK}}{K_{ALKPRE} + S_{ALK}} \right)$

<b>ASM3 IN CNLIB</b>															
Component		<i>i</i>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Process rate, $\rho_j$
<i>j</i>	Process		$S_r$	$S_s$	$X_r$	$X_s$	$X_{B,H}$	$X_{B,A}$	$X_{STO}$	$S_o$	$S_{NO}$	$S_{NH}$	$S_{NN}$	$S_{ALK}$	
1	Hydrolysis		$f_{SI}$	$1-f_{SI}$		-1						$y_1$		$z_1$	$k_H \left( \frac{X_S/X_{B,H}}{K_X + X_S/X_{B,H}} \right) X_{B,H}$
2	Aerobic storage of ss to xsto			-1					$Y_{STO,O2}$	$x_2$		$y_2$		$z_2$	$k_{STO} \left( \frac{S_o}{K_o + S_o} \right) \left( \frac{S_s}{K_s + S_s} \right) X_{B,H}$
3	Anoxic storage of ss to xsto			-1					$Y_{STO,NO}$		$x_3$	$y_3$	$-x_3$	$z_3$	$k_{STO} \eta_{NO} \left( \frac{K_o}{K_o + S_o} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{S_s}{K_s + S_s} \right) X_{B,H}$
4	Aerobic growth on xsto						1		$\frac{-1}{Y_{HO2}}$	$x_4$		$y_4$		$z_4$	$\mu_H \left( \frac{S_o}{K_o + S_o} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{HCO} + S_{ALK}} \right) \left( \frac{X_{STO}/X_{B,H}}{K_{STO} + X_{STO}/X_{B,H}} \right) X_{B,H}$
5	Anoxic growth on xsto (denitrification)						1		$\frac{-1}{Y_{HNO}}$		$x_5$	$y_5$	$-x_5$	$z_5$	$\mu_H \eta_{NO} \left( \frac{K_o}{K_o + S_o} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{HCO} + S_{ALK}} \right) \left( \frac{X_{STO}/X_{B,H}}{K_{STO} + X_{STO}/X_{B,H}} \right) X_{B,H}$
6	Aerobic endogenous respiration				$f_i$		-1			$x_6$		$y_6$		$z_6$	$b_{H,O2} \left( \frac{S_o}{K_o + S_o} \right) X_{B,H}$
7	Anoxic endogenous respiration				$f_i$		-1			$x_7$		$y_7$	$-x_7$	$z_7$	$b_{H,NO} \left( \frac{K_o}{K_o + S_o} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) X_{B,H}$
8	Aerobic respiration of xsto								-1	$-(1-f_i)$		$y_8$			$b_{STO,O2} \left( \frac{S_o}{K_o + S_o} \right) X_{STO}$
9	Anoxic respiration of xsto								-1		$x_9$	$y_9$	$-y_9$	$z_9$	$b_{STO,NO} \left( \frac{K_o}{K_o + S_o} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) X_{STO}$
10	Nitrification (aerobic)							1		-1	$\frac{-1}{Y_A}$	$y_{10}$		$z_{10}$	$\mu_A \left( \frac{S_o}{K_{A,O} + S_o} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{A,NH} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_{ALK}}{K_{A,HCO} + S_{ALK}} \right) X_{B,A}$
11	Aerobic endogenous respiration				$f_i$			-1		$-(1-f_i)$		$y_{11}$		$z_{11}$	$b_{A,O2} \left( \frac{S_o}{K_o + S_o} \right) X_{B,A}$

<b>ASM3 IN CNLIB</b>															
Component		<i>i</i>	1 <i>S<sub>r</sub></i>	2 <i>S<sub>s</sub></i>	3 <i>X<sub>r</sub></i>	4 <i>X<sub>s</sub></i>	5 <i>X<sub>B,H</sub></i>	6 <i>X<sub>B,A</sub></i>	7 <i>X<sub>S7O</sub></i>	8 <i>S<sub>O</sub></i>	9 <i>S<sub>NO</sub></i>	10 <i>S<sub>NH</sub></i>	11 <i>S<sub>NV</sub></i>	12 <i>S<sub>ALK</sub></i>	Process rate, $\rho_j$
<i>j</i>	Process														
12	Anoxic endogenous respiration				<i>f<sub>i</sub></i>			-1			<i>x<sub>12</sub></i>	<i>y<sub>12</sub></i>	- <i>y<sub>12</sub></i>	<i>z<sub>12</sub></i>	$b_{A,NO} \left( \frac{K_O}{K_O + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) X_{B,A}$
			Soluble inert organics (g COD m <sup>-3</sup> )	Readily biodegradable soluble substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Particulate inert organics (g COD m <sup>-3</sup> )	Slowly biodegradable particulate substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Active heterotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Active autotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Cell internal storage product (g COD m <sup>-3</sup> )	Oxygen (g (-COD) m <sup>-3</sup> )	Nitrate and nitrite nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Ammonia nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Dinitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Alkalinity (mole m <sup>-3</sup> )	

Conservation Matrix	1 <i>S<sub>r</sub></i>	2 <i>S<sub>s</sub></i>	3 <i>X<sub>r</sub></i>	4 <i>X<sub>s</sub></i>	5 <i>X<sub>B,H</sub></i>	6 <i>X<sub>B,A</sub></i>	7 <i>X<sub>S7O</sub></i>	8 <i>S<sub>O</sub></i>	9 <i>S<sub>NO</sub></i>	10 <i>S<sub>NH</sub></i>	11 <i>S<sub>NV</sub></i>	12 <i>S<sub>ALK</sub></i>
COD (gCOD)	1	1	1	1	1	1	1	-1	-4.57		-1.71	
Nitrogen (gN)	<i>l<sub>ni</sub></i>	<i>l<sub>ns</sub></i>	<i>l<sub>nr</sub></i>	<i>l<sub>ns</sub></i>	<i>l<sub>nh</sub></i>	<i>l<sub>na</sub></i>			1	1	1	
Charge (mole)									-1/14	1/14		-1

NewGeneral in CNPLIB

Component	<i>i</i>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
		$X_{RF}$	$X_{RA}$	$X_{SP}$	$X_U$	$X_S$	$S_S$	$S_{LF}$	$X_{BT}$	$X_I$	$S_I$	$X_{PPR}$	$X_{PP}$	$S_P$	$X_{ND}$	$S_{ND}$	$S_{NO}$	$S_{NH}$	$S_{NT}$	$S_O$	
<i>j</i>	Process																				
1	Aerobic growth of heterotrophs on ss with snh	1					$\frac{-1}{Y_{HAER}}$							$-fpzh$					$-fnzh$		$\frac{-(1-Y_{HAER})}{Y_{HAER}}$
2	Anoxic growth of heterotrophs on ss with snh	1					$\frac{-1}{Y_{HANOX}}$							$-fpzh$			$\frac{-(1-Y_{HANOX})}{2.86 \cdot Y_{HANOX}}$		$-fnzh$		
3	Aerobic growth of heterotrophs on ss with sno	1					$\frac{-1}{Y_{HAER}}$							$-fpzh$					$-fnzh$		$\frac{-(1-Y_{HAER})}{Y_{HAER}}$
4	Anoxic growth of heterotrophs on ss with sno	1					$\frac{-1}{Y_{HANOX}}$							$-fpzh$			$-fnzh - \frac{(1-Y_{HANOX})}{2.86 \cdot Y_{HANOX}}$				
5	Aerobic growth of heterotrophs on slf with snh	1					$\frac{-1}{Y_{HAER}}$							$-fpzh$					$-fnzh$		$\frac{-(1-Y_{HAER})}{Y_{HAER}}$
6	Anoxic growth of heterotrophs on slf with snh	1					$\frac{-1}{Y_{HANOX}}$							$-fpzh$			$\frac{-(1-Y_{HANOX})}{2.86 \cdot Y_{HANOX}}$		$-fnzh$		
7	Aerobic growth of heterotrophs on slf with sno	1					$\frac{-1}{Y_{HAER}}$							$-fpzh$					$-fnzh$		$\frac{-(1-Y_{HAER})}{Y_{HAER}}$
8	Anoxic growth of heterotrophs on slf with sno	1					$\frac{-1}{Y_{HANOX}}$							$-fpzh$			$-fnzh - \frac{(1-Y_{HANOX})}{2.86 \cdot Y_{HANOX}}$				
9	Decay of heterotrophs	-1			$feph$	$l-feph$								$fpzh \cdot feph \cdot fpzeh$	$fnzh \cdot feph \cdot fnzeh$						
10	Aerobic hydrolysis of stored/enmeshed COD					-1	1														
11	Anoxic hydrolysis of stored/enmeshed COD					-1	$E_{ANOX}$														
12	Anaerobic hydrolysis of stored/enmeshed COD					-1	$E_{ANA}$														
13	Hydrolysis of organic Nitrogen														-1	1					
14	Ammonification															-1			1		
15	Fermentation of ss to slf	$Y_{HANA}$					-1	$(1-Y_{HANA}) \cdot Y_{AC}$						$-fpzh \cdot Y_{HANA}$					$-fnzh \cdot Y_{HANA}$		

NewGeneral in CNPLIB

Component	<i>i</i>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
		$X_{BH}$	$X_{BA}$	$X_{BP}$	$X_T$	$X_S$	$S_S$	$S_{ZF}$	$X_{BT}$	$X_I$	$S_I$	$X_{PPR}$	$X_{PP}$	$S_P$	$X_{ND}$	$S_{ND}$	$S_{NO}$	$S_{NZ}$	$S_{NT}$	$S_O$	
<i>j</i>	Process																				
16	Autotrophic growth		1														$\frac{1}{Y_A}$	$-f_{zNa} - \frac{1}{Y_A}$		$\frac{-(4.57 - Y_A)}{Y_A}$	
17	Autotrophic decay		-1		$f_{epa}$	$1-f_{epa}$									$f_{pza-fepa} * f_{nzea}$	$f_{nza-fepa} * f_{nzea}$					
18	Aerobic growth of polyP organisms on xbt with snh			1					$-\frac{1}{Y_P}$			$f_{pp} \frac{f_{pupr1}}{Y_p}$	$(1-f_{pp}) \frac{f_{pupr1}}{Y_p} - \frac{f_{pupr1}}{Y_p} - f_{pzp}$								$-\frac{(1-Y_p)}{Y_p}$
19	Aerobic growth of polyP organisms on xbt with sno			1					$-\frac{1}{Y_P}$			$f_{pp} \frac{f_{pupr1}}{Y_p}$	$(1-f_{pp}) \frac{f_{pupr1}}{Y_p} - \frac{f_{pupr1}}{Y_p} - f_{pzp}$								$-\frac{(1-Y_p)}{Y_p}$
20	Process 18 if PO <sub>4</sub> is limited			1					$-\frac{1}{Y_P}$			$-f_{pzp}$									$-\frac{(1-Y_p)}{Y_p}$
21	Process 19 if PO <sub>4</sub> is limited			1					$-\frac{1}{Y_P}$			$-f_{pzp}$									$-\frac{(1-Y_p)}{Y_p}$
22	Anoxic growth of polyP organisms on xbt with snh			1					$-\frac{1}{Y_P}$			$f_{pp} \frac{f_{pupr2}}{Y_p}$	$(1-f_{pp}) \frac{f_{pupr2}}{Y_p} - \frac{f_{pupr2}}{Y_p} - f_{pzp}$								$-\frac{(1-Y_p)}{2.86 \cdot Y_p}$
23	Aerobic decay of polyP organisms			-1	$f_{epp}$						$f_{esp}$				$f_{pzp-fep} * f_{pzep}$			$f_{esp} * f_{nsep}$		$f_{nzp-fep} * f_{nzep} - f_{esp} * f_{nsep}$	$-(1-f_{ep}-f_{esp})$
24	X <sub>PP</sub> lysis on aerobic decay											-1			1						
25	X <sub>PP</sub> lysis on aerobic decay												-1		1						
26	X <sub>BT</sub> lysis on aerobic decay							1		-1											
27	Anoxic decay of polyP organisms			-1	$f_{ep}$						$f_{esp}$				$f_{pzp-fep} * f_{pzep}$			$f_{esp} * f_{nsep}$		$\frac{-(1-f_{ep}-f_{esp})}{2.86}$	$f_{nzp-fep} * f_{nzep} - f_{esp} * f_{nsep}$
28	X <sub>PP</sub> lysis on anoxic decay											-1			1						
29	X <sub>PP</sub> lysis on anoxic decay												-1		1						
30	X <sub>BT</sub> lysis on anoxic decay							1		-1											
31	Anaerobic decay of polyP organisms			-1	$f_{ep}$										$(1-f_{ep})$			$f_{pzp-fep} * f_{pzep}$		$f_{esp} * f_{nsep}$	$f_{nzp-fep} * f_{nzep} - f_{esp} * f_{nsep}$
32	X <sub>PP</sub> lysis on anaerobic decay											-1			1						

## NewGeneral in CNPLIB

Component		<i>i</i>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
<i>j</i>	Process		$X_{BH}$	$X_{BA}$	$X_{BP}$	$X_U$	$X_S$	$S_S$	$S_{LF}$	$X_{BT}$	$X_I$	$S_I$	$X_{PPR}$	$X_{PP}$	$S_P$	$X_{ND}$	$S_{ND}$	$S_{NO}$	$S_{NF}$	$S_{NT}$	$S_O$	
33	$X_{PH}$ lysis on anaerobic decay													-1	1							
34	$X_{BT}$ lysis on anaerobic decay								1	-1												
35	Cleavage of polyP for anaerobic maintenance												-1		1							
36	Sequestration of xbt by polyP organisms								-1	$Y_{PHB}$			$-f_{prel}$		$f_{prel}$							
			Active non-PolyP heterotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Active autotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Active PolyP heterotrophic biomass (g COD m <sup>-3</sup> )	Endogenous mass (g COD m <sup>-3</sup> )	Emeshed slowly biodegradable substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Readily biodegradable "complex" substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Readily biodegradable SCFA substrate (g COD m <sup>-3</sup> )	Stored SCFA (g COD m <sup>-3</sup> )	Particulate unbiodegradable matter (g COD m <sup>-3</sup> )	Unbiodegradable soluble organics (g COD m <sup>-3</sup> )	Stored polyphosphate (releasable) (g P m <sup>-3</sup> )	Stored polyphosphate (g P m <sup>-3</sup> )	Soluble Phosphorus (g P m <sup>-3</sup> )	Particulate biodegradable organic nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Soluble biodegradable organic nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Nitrate and nitrite nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Ammonia nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Soluble unbiodegradable organic nitrogen (g N m <sup>-3</sup> )	Oxygen (g (-COD) m <sup>-3</sup> )	

## NewGeneral in CNPLIB

Component	<i>i</i>	Process Rates
<i>j</i> Process		
1 Aerobic growth of heterotrophs on ss with snh		$\mu_H \left( \frac{S_S}{S_S + K_{SH}} \right) X_{BH} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{LPGRO} + S_P} \right)$
2 Anoxic growth of heterotrophs on ss with snh		$\eta_g \mu_H \left( \frac{S_S}{S_S + K_{SH}} \right) X_{BH} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{LPGRO} + S_P} \right)$
3 Aerobic growth of heterotrophs on ss with sno		$\mu_H \left( \frac{S_S}{S_S + K_{SH}} \right) X_{BH} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{K_{NA}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{LPGRO} + S_P} \right)$
4 Anoxic growth of heterotrophs on ss with sno		$\eta_g \mu_H \left( \frac{S_S}{S_S + K_{SH}} \right) X_{BH} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{K_{NA}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{LPGRO} + S_P} \right)$
5 Aerobic growth of heterotrophs on slf with snh		$\mu_H \left( \frac{S_{LF}}{S_{LF} + K_{SH}} \right) X_{BH} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{LPGRO} + S_P} \right)$
6 Anoxic growth of heterotrophs on slf with snh		$\mu_H \left( \frac{S_{LF}}{S_{LF} + K_{LF}} \right) X_{BH} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{LPGRO} + S_P} \right)$
7 Aerobic growth of heterotrophs on slf with sno		$\mu_H \left( \frac{S_{LF}}{S_{LF} + K_{SH}} \right) X_{BH} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{K_{NA}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{LPGRO} + S_P} \right)$
8 Anoxic growth of heterotrophs on slf with sno		$\eta_g \mu_H \left( \frac{S_{LF}}{S_{LF} + K_{SH}} \right) X_{BH} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{K_{NA}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{K_{LPGRO} + S_P} \right)$
9 Decay of heterotrophs		$b_H \cdot X_{BH}$
10 Aerobic hydrolysis of stored/enmeshed COD		$k_H \left( \frac{X_S / X_{BH}}{K_X + X_S / X_{BH}} \right) X_{BH} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right)$
11 Anoxic hydrolysis of stored/enmeshed COD		$\eta_{S,ANOX} \cdot k_H \left( \frac{X_S / X_{BH}}{K_{BH} + X_S / X_{BH}} \right) X_{BH} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right)$
12 Anaerobic hydrolysis of stored/enmeshed COD		$\eta_{S,ANA} \cdot k_H \left( \frac{X_S / X_{BH}}{K_{BH} + X_S / X_{BH}} \right) X_{BH} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{K_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right)$

Component	<i>i</i>	Process Rates
<i>j</i>	Process	
13	Hydrolysis of organic Nitrogen	$\rho_{10} \cdot \left( \frac{X_{ND}}{X_S} \right)$
14	Ammonification	$k_R \cdot S_{ND} \cdot (X_{BH} + X_{BP})$
15	Fermentation of ss to slf	$k_C \cdot \left( \frac{S_S}{K_{S,ANA} + S_S} \right) X_{BH} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{K_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right)$
16	Autotrophic growth	$\mu_A \cdot \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) X_{BA} \left( \frac{S_O}{K_{OAUT} + S_O} \right)$
17	Autotrophic decay	$b_A \cdot X_{BA}$
18	Aerobic growth of polyP organisms on xbt with snh	$\mu_{P1} \cdot \left( \frac{X_{BT}/X_{BP}}{K_{SP1} + X_{BT}/X_{BP}} \right) X_{BP} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{S_P + K_{LPUPT}} \right)$
19	Aerobic growth of polyP organisms on xbt with sno	$\mu_{P1} \cdot \left( \frac{X_{BT}/X_{BP}}{K_{SP1} + X_{BT}/X_{BP}} \right) X_{BP} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{K_{NA}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{S_P + K_{LPUPT}} \right)$
20	Process 18 if PO <sub>4</sub> is limited	$\mu_{P2} \cdot \left( \frac{X_{BT}/X_{BP}}{K_{SP2} + X_{BT}/X_{BP}} \right) X_{BP} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{K_{LPUPT}}{S_P + K_{LPUPT}} \right)$
21	Process 19 if PO <sub>4</sub> is limited	$\mu_{P2} \cdot \left( \frac{X_{BT}/X_{BP}}{K_{SP2} + X_{BT}/X_{BP}} \right) X_{BP} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{K_{NA}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{K_{LPUPT}}{S_P + K_{LPUPT}} \right)$
22	Anoxic growth of polyP organisms on xbt with snh	$\eta_P \mu_{P1} \cdot \left( \frac{X_{BT}/X_{BP}}{K_{SP1} + X_{BT}/X_{BP}} \right) X_{BP} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right) \left( \frac{S_{NH}}{K_{NA} + S_{NH}} \right) \left( \frac{S_P}{S_P + K_{LPUPT}} \right)$
23	Aerobic decay of polyP organisms	$b_P \cdot X_{BP} \left( \frac{S_O}{K_{OHET} + S_O} \right)$
24	X <sub>PPR</sub> lysis on aerobic decay	$\rho_{23} \cdot \left( \frac{X_{PPR}}{X_{BP}} \right)$
25	X <sub>PP</sub> lysis on aerobic decay	$\rho_{23} \cdot \left( \frac{X_{PP}}{X_{BP}} \right)$

Component		<i>i</i>	Process Rates
<i>j</i>	Process		
26	X <sub>BT</sub> lysis on aerobic decay		$\rho_{23} \cdot \left( \frac{X_{BT}}{X_{BP}} \right)$
27	Anoxic decay of polyP organisms		$b_P \cdot X_{BP} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{S_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right)$
28	X <sub>PPR</sub> lysis on anoxic decay		$\rho_{27} \cdot \left( \frac{X_{PPR}}{X_{BP}} \right)$
29	X <sub>PP</sub> lysis on anoxic decay		$\rho_{27} \cdot \left( \frac{X_{PP}}{X_{BP}} \right)$
30	X <sub>BT</sub> lysis on anoxic decay		$\rho_{27} \cdot \left( \frac{X_{BT}}{X_{BP}} \right)$
31	Anaerobic decay of polyP organisms		$b_P \cdot X_{BP} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{K_{NO}}{K_{NO} + S_{NO}} \right)$
32	X <sub>PPR</sub> lysis on anaerobic decay		$\rho_{31} \cdot \left( \frac{X_{PPR}}{X_{BP}} \right)$
33	X <sub>PP</sub> lysis on anaerobic decay		$\rho_{31} \cdot \left( \frac{X_{PP}}{X_{BP}} \right)$
34	X <sub>BT</sub> lysis on anaerobic decay		$\rho_{31} \cdot \left( \frac{X_{BT}}{X_{BP}} \right)$
35	Cleavage of polyP for anaerobic maintenance		$b_{PP} \cdot X_{BP} \left( \frac{K_{OHET}}{K_{OHET} + S_O} \right) \left( \frac{X_{PPR}}{K_{XP} + X_{PPR}} \right)$
36	Sequestration of xbt by polyP organisms		$k_P \cdot X_{BP} \left( \frac{S_{LF}}{K_{SSEQ} + S_{LF}} \right) \left( \frac{X_{PPR}}{K_{XP} + X_{PPR}} \right)$

Component	<i>i</i>	1 $X_{II}$	2 $X_{MH}$	3 $X_{VSS}$	4 $S_{LF}$	5 $S_{CH4}$	6 $S_{CO2}$	7 $S_z$	8 $S_{tox}$	9 $S_{NH}$	Process rate, $\rho_j$
<i>j</i> Process											
1 Hydrolysis				-1	$Y_A$		$\frac{Y_A}{govl \cdot 1000}$			$Y_F$	$k_{CO} \cdot S_{VSS}$
2 Growth of methanogens			1		$-\frac{1}{Y_C}$	$Y_E$	$\frac{Y_D}{govl \cdot 1000}$			$-\frac{1}{Y_G}$	$\frac{\mu_{X_{MH}} \cdot X_{MH}}{1 + \frac{K_S}{S_{LFN}} + \frac{S_{LFN}}{K_{IA}} + \frac{S_{NHN}}{K_{IN}}}$
3 Decay of methanogens			-1								$k_D \cdot X_{MH}$
4 Toxicity			-1								$k_{TOX} \cdot S_{TOX}$
5 Toxic substance degradation									-1		$k_B \cdot S_{TOX}$
6 CO2 transfer to gas phase							1				$k_{CO2} \cdot S_{CO2}$
		Particulate inert inorganic material (g COD m <sup>-3</sup> )	Methanogens (g COD m <sup>-3</sup> )	Volatile suspended solids (g VSS m <sup>-3</sup> )	Total volatile fatty acids (g COD m <sup>-3</sup> )	Methane gas (g N m <sup>-3</sup> )	Total soluble CO <sub>2</sub> (g COD m <sup>-3</sup> )	Net cations (moles L <sup>-1</sup> )	Toxic substance (g m <sup>-3</sup> )	Free and ionized ammonia (g N m <sup>-3</sup> )	

Component		<i>i</i>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Process rate, $\rho_j$
<i>j</i>	Process		$C_{ss}$	$C_{is}$	$C_e$	$S_{if}$	$C_{prot}$	$C_{mo}$	$S_{nh}$	$C_{xa}$	$C_{xm}$	$CH_4g$	
1	Hydrolysis of insoluble substrate			-1	$Y_e$			$(1 - Y_e)$					$k_{his} \cdot \frac{C_{is} \cdot C_e}{C_{xa}}$
2	Hydrolysis of soluble substrate		-1		$Y_e$			$(1 - Y_e)$					$k_{hs} \cdot C_{ss} \cdot C_e$
3	Ammonification of proteins						-1		1				$k_{amm} \cdot \left( \frac{C_{prot} \cdot C_e}{C_{xa}} \right)$
4	Monomers uptake by acidogens					$1 - Y_a$		-1		$Y_a$			$k_{mo} \cdot \left( \frac{C_{mo}}{C_{mo} + K_a} \right) \cdot \left( \frac{S_{nh}}{S_{nh} + K_m} \right) \cdot C_{xa}$
5	VFA uptake by methanogens					-1			$-Y_a * i_{nbm}$		$Y_m$	$f_m \cdot (1 - \chi_{ac}^m)$	$\left( \frac{S_{if}}{K_m + S_{if}} \right) \cdot \left( \frac{S_{nh}}{K_{snh} + S_{nh}} \right) \cdot C_{xm}$
6	Decay of acidogens		1				$i_{nbm}$			-1			$d_a \cdot C_{xa}$
7	Decay of methanogens		1				$i_{nbm}$				-1		$d_m \cdot C_{xm}$
8	Decay of enzymes		1		-1								$d_e \cdot C_e$



# APPENDIX B

## 호흡 측정학

### 소개

고급 수학적 모델은 활성 슬러지 폐수 처리 공정에 대한 지식을 요약합니다. 모델은 활성 슬러지 공정의 운전상 도움 및 설계에 유용합니다. 이들의 적용에서, 폐수의 정보 및 활성 슬러지 특성을 이용할 수 있어야 합니다. 일괄 측정(Batch measurements)은 활성 슬러지 모델에 의해 성분의 농도, 동역학 파라미터 및 화학양론 계수로 표현되는 이 특성들의 결정에 매우 유익한 것으로 보통 여겨집니다. 호흡 측정학은 이 특성 평가에 대한 좋은 방법을 제공합니다. 호흡 측정학은 활성 슬러지 공정의 운전 및 설계, 모델링을 위한 측정치 적용과 명확한 실험적 조건 하에서 측정된 활성 슬러지의 호흡률입니다. 이 부록은 호흡의 생물학적 배경, 및 호흡률의 측정 및 적용을 요약합니다.

### 이론적 배경

미생물은 기질의 생분해로 성장 및 유지를 위한 에너지를 얻습니다. 호흡이라고 불리는 과정에서, 기질에서 제거된 전자는 전자 전달 연쇄(electron transport chain)에 들어가고 최종 전자 수용체에 의해 최종적으로 받아들여 집니다. 호기성 생분해에서 최종 전자 수용체는 산소분자입니다. 이는 산소 소비가 바이오 매스 성장과 기질 제거와 직접 관련된다는 것을 의미합니다. 무산소 환경에서, 질산염과 같은 다른 전자 수용체의 소비 또한 이 과정들과 관련됩니다. 그러나, 이 문서에서는, 산소 소비의 적용 및 측정에 대해 논합니다. 부피 단위 및 시간 단위당 산소의 질량은 산소 섭취 율 또는 호흡률이라 부릅니다.

모델링은 활성 슬러지 공정의 제어 및 설계뿐만 아니라, 실제로 호흡률 측정의 적용과 호흡의 기초를 이해하는 것이 중요합니다. 활성 슬러지 모델 No.1 에서 산소 소비는 독립영양미생물 및 종속영양미생물의 호기성 성장과 관련됩니다. 모델은 폐수로부터 발생하는 모든 기질을 산화하는 경우라도, 분해 및 가수 분해로부터 방출되는 기질상의 성장과 관련된 산소 소비라는 것을 의미합니다. 방출된 기질에서 새로운 바이오 매스의 양은 항상 바이오 매스 손실 양보다 적습니다. 그러므로, 바이오 매스가 단독으로 남겨질 경우, 산소 소비는 모든 바이오 매스가 분해될 때까지 점차적으로 감소할 것입니다. 이 과정 동안 호흡률은 내생 호흡률이라고 부릅니다. 내생 호흡률은 외부 소스로부터 기질이 없을 경우에 산소 소비율로 운전상에서 정의할 수 있습니다. 이 정의에 따라 박테리아의 분해로부터 외부로 방출되고 유지를 위해 내부로 방출되는 모든 기질의 산화뿐만 아니라 프로토조아의 산소 소비도 포함합니다.

기질의 추가에 따른 활성 슬러지의 respirometric 반응의 그래픽적 표현은 respirogram 이라고 부릅니다. 기질 농도가 충분히 높을 경우 산소 섭취 율은 이것의 최대값에 가까워질 것입니다: 최대 호흡률. 최대 호흡 중 바이오 매스는 최대 비율로 성장합니다.

내생 산소 소비 이외에 사용된 여분의 산소는 단-기적 생화학적 산소 요구량(BOD<sub>st</sub>) 이라고 부릅니다. 실용적인 목적에서, BOD<sub>st</sub> 는 곡선과 가상의 기본적인 내생 호흡률 사이의 영역과 동등합니다. Respirogram 이 하수 및 활성 슬러지의 알려진 혼합 부피로 얻을 경우, 하수의 BOD<sub>st</sub> 를 계산할 수 있습니다.

호흡은 미생물의 외생 개체군에 의한 다중 기질 산화의 결과이기 때문에, 슬러지의 다른 유형과 결합할 경우 폐수의 1 가지 유형은 다른 BOD<sub>st</sub>를 생성할 것입니다.

다시 말해, 얻어진 하수 BOD<sub>st</sub>은 사용된 하수-슬러지 결합의 함수입니다. BOD<sub>5</sub>와 BOD<sub>st</sub>의 주요한 차이는 BOD<sub>st</sub>는 매우 낮은 바이오 매스 대 기질 비율로 얻어집니다. 그러므로, BOD<sub>st</sub> 실험 동안, 바이오 매스의 순 성장은 무시할 수 있으므로 내생 호흡률은 상수로 고려될 수 있습니다. BOD<sub>st</sub>은 주로 질산화가 일어날 경우, 암모늄과 즉시 생분해 가능한 기질을 의미합니다. 천천히 가수분해 가능한 물질의 가외의 양이 도입될 경우, 가수분해에서 방출한 몇몇 쉽게 생분해 가능한 기질 또한 도입될 것입니다. 그러나, 천천히 생분해 가능한 물질의 대부분이 내생 과정의 한 부분으로 장기적으로 가수분해되고 BOD<sub>st</sub>의 원인이 되지는 않습니다. 마지막으로 BOD<sub>st</sub>은 BOD<sub>5</sub>를 위한 연구가 아닌, 활성 슬러지 플랜트에 대한 고려 중에, 동일한 바이오 매스에 근거한다는 것에 주의해야 합니다.

## 성분 측정

호흡을 측정 장치는 호흡률을 측정하는 도구로, 이는 부피 단위 및 시간 단위 당 산소 소비량입니다. 호흡 측정 장치가 어느 정도 성분에 의존하기는 하지만 많은 호흡 측정 장치는 발달되어 왔습니다. 성분은 2 개의 기준으로 분류할 수 있습니다.

산소를 측정하는 상 및 어느 단계에서의 동력.

호흡 측정 장치에서, 산소 농도는 가스 상 또는 액체 상에서 측정할 수 있습니다. 산소 측정의 위치에 관계없이, 상은 정적이거나 움직일 수 있습니다. 존재하는 모든 호흡 측정 장치의 운전은 이 기준으로 설명할 수 있습니다.

## 액체 상에서 측정

액체 상에서 용존 산소(DO) 농도 측정에 근거하는 호흡 측정 장치는 모두 폴라로그래픽 DO 프로브(polarographic DO probe)를 사용합니다. DO 프로브는 보통 반-투막으로 덮여진 내부에 전해질 용액이 있는 두 개의 전극으로 이루어져 있습니다. 용존 산소 분자는 막 내의 내부 용액을 통해 액체로부터 확산합니다. 분자는 전류를 생성하는 캐소드에서 감소됩니다. 이 전류는 막을 통과하는 산소 분자의 확산 비율에 비례하고, 번갈아, 용액의 DO 농도에 비례합니다. 전류와 DO 농도의 관계는 DO 프로브를 보정하여 확립합니다. DO 프로브에서, 이는 물에 포화된 가스가 산소가 포화된 물과 동등한 것으로 보일 수 있습니다. 100% DO에서 DO-미터를 측정하는데 사용합니다.

DO 농도 측정에 근거한 모든 respirometric 원리는 호흡률을 얻기 위해 명확하게 정의된 몇몇 측정 시스템에서 활성 슬러지의 DO 물질 수지를 사용합니다. 액체 상 및 입력과 출력이 있는 가스 상으로 이루어져 있고, 활성 슬러지를 포함하는, 시스템을 고려하십시오. 액체 상에서 DO 농도를 측정할 수 있다고 가정합니다. 액체 상에서 DO 물질 수지는:

$$\frac{dC_L}{dt} = \frac{Q}{V_L} (C_{Lim} - C_L) + K_L a (C^x L - C_L) - r$$

여기서:

$C_L$  = 시스템에서 활성 슬러지의 DO 농도

$C_{Lim}$  = 시스템에 들어가는 활성 슬러지의 DO 농도

$K_L a$  = 산소 질량 전달 계수

$Q$  = 시스템내의 활성 슬러지의 유량 비율

$r$  = 시스템에서 활성 슬러지의 호흡률

$V_L$  = 액체 상의 부피

이는 액체 상 내의 물질 수지이기 때문에, 가스 유량 항은 포함하지 않는다는 것에 주의하십시오. 오른쪽 편지 첫 번째 및 두 번째 항은 활성 슬러지에서 DO의 질량 유량을 의미합니다. 대부분의 시스템에서  $Q$ 는 시스템을 떠나는 유량과 동등할 것입니다. 두 번째 항은 가스 상에서 액체 상으로의 산소의 질량 전달을 설명합니다. 이 과정은 제한하지 않아야 합니다. 마지막 항은 물질 수지로부터 유도되는 호흡률입니다. 그러므로,  $C_L$ 은 측정되어야 하고 다른 계수는 알려져 있거나 무시합니다. 실제로,  $r$ 의 결정은 몇 가지 방법으로 간단하게 할 수 있습니다.

1 가지 접근법은 액체 유량 및 가스 전달을 방지하기 위한 것입니다. 실제로, 이는 일정량의 활성 슬러지는 관(vessel)에 체류됨을, 액체-기체 경계 면을 밀폐하는 것으로 산소의 유입을 예방하거나 최소로 산소의 유입을 유지한다는 것을 의미합니다. 이 경우, 물질 수지는 다음의 식으로 감소시킵니다:

$$\frac{dC_L}{dt} = -r$$

그러므로, 미분 항에서만 호흡률을 얻는 것으로 결정되어야 합니다. 이는 유한 차분 항이 있는 미분 항에 접근하는 것과 동등한 시간 함수로서, 호흡에 기인하는 DO에서의 감소를 측정하여 실행할 수 있습니다. 이러한 방식의 결과는 DO가 소모되고 그 결과로 슬러지의 재포기  $r$ 에 대한 각각의 새로운 측정은 높은 수준의 DO 농도를 가져올 것을 요구합니다. DO 및 기질이 너무 낮을 경우, 그들의 농도가 비-선형 DO 감소를 일으키는 것을 제한하고 있습니다. "Standard Methods" (APHA, 1989)에 따라 호흡률의 결정을 위한 절차는 이 원리에 근거를 둡니다. 원리는 수동적인 호흡률 측정에 사용할 수 있거나 호기조의 활성 슬러지의 샘플에서 자동 호흡 측정 장치에서 실행할 수도 있고 1 개 이상의 DO 감소를 측정합니다.

재포기에 따른 손실은 슬러지를 연속적으로 포기시킬 경우에 무시할 수 있습니다. 그때의 산소 전달 계수가 물질 수지에 포함되어야 합니다.

$$\frac{dC_L}{dt} = K_L a(C^x L - C_L) - r$$

호흡률을 얻기 위해서는 미분 항과 질량 전달 항을 결정해야 합니다. 나중에 계산하기 위해, 질량 전달 계수( $K_L a$ ) 및 DO 포화 농도( $C_L^x$ )를 알고 있어야 합니다. 이 계수들은 온도, 대기압 및 특성과 같은 환경적 조건에 의존하기 때문에 규칙적으로 결정해야 합니다. 가장 간단한 접근은 분리된 재포기 테스트 및 참고 표를 사용하여 그들을 결정하는 것입니다. 또 다른 접근은 용존 산소 농도에 가까운 적응 가능한 루프와 결합하거나 결합하지 않은 DO 농도의 역동성으로부터 계수를 추정하는 것입니다. 동적인 방법의 이점은 포기 계수의 값이 상대적으로 쉽게 업데이트 된다는 것입니다. 이 respirometric 원리는 일정한 DO 농도에서  $r$ 의 측정을 허용합니다. 그로 인하여 DO 농도에  $r$ 의 의존상태를 삭제합니다. 이 성분은 분리되는 호흡 측정 장치 또는 직접 포기조에서 측정할 수 있습니다.

반복 포기 또는 산소 전달 계수의 추정, 위 원리에서와 마찬가지로, 매우 충분한 DO 농도를 가진 활성 슬러지가 가스 상이 없는 완전 혼합에 근접하거나 플러그 흐름인 반응조를 통해 연속적으로 펌핑 될 경우에 무시할 수 있습니다. 물질 수지는 다음과 같습니다:

$$\frac{dC_L}{dt} = \frac{Q_{in}}{V_L} (C_{Lin} - C_{Lout}) - r$$

DO 농도  $C_{Lin}$  및  $C_{Lout}$  는  $r$ 의 계산을 허용하기 위해 연속적으로 측정될 수 있습니다. 호흡 측정 장치에서  $Q$  와  $V_L$  는 상수입니다. 이 원리는 실제로 처음 것에 연속하는 사본이고 마찬가지로 기질 및 DO 제한의 영향에 민감합니다. 그러나, 기질 제한의 영향은 호흡 소실에 기질(폐수)을 연속적으로 추가하는 것으로 무시할 수 있습니다.

### 기체상에서 측정

2 가지 상을 명백하게 항상 처리하는 기체상의 산소 측정에 근거한 호흡 측정 장치: 활성 슬러지 포함하는 호흡물의 액체 상 및 측정이 이뤄지는 가스 상은 측정되어야 합니다. 이 방법의 이점은 활성화 슬러지 매체에서 혼한 오염의 영향을 받지 않는다는 것입니다. paramagnetic 산소 분석기와 같은 센서를 직접 사용하거나 압력 또는 부피 변화를 간접적으로 측정하여 산소를 측정할 수 있습니다.

가스 상태의 산소를 측정하는 Respirometric 원리 또한 호흡물을 이끌어 내기 위해 산소 물질 수지를 사용합니다. 그러나, 액체 상의 물질 수치 외에, 가스상의 균형을 고려해야 합니다:

$$\frac{dC_G}{dt} = \frac{Q}{V_L} (C_{Lin} - C_L) + K_L a (C^x_L - C_L) - r$$

$$\frac{dC_L}{dt} = \frac{F_{in}}{V_G} C_{Gin} - \frac{F_{out}}{V_G} C_G - \frac{V_L}{V_G} K_L a (C^x_L - C_L)$$

여기서:

- $C_G$  = 가스상에서  $O_2$  농도
- $C_{Gin}$  = 가스상에 들어가는  $O_2$  농도
- $F_{in}$  = 가스상의 유량 비율
- $V_L$  = 가스 상의 부피

$K_L a (C^x_L - C_L)$  항은 가스 상에서 액체 상으로의 산소의 재용해 비율을 의미하고 두 상 사이의 연결을 구성합니다. 정확한 측정을 위해 활성 슬러지의 호흡률과 동등한 것으로 재용해를 가정해야 합니다.  $C_L$ 을 직접 측정하지 않을 경우, 기체의 법칙을 사용하여 부피 또는 압력 변화와 관련 지어야 합니다. 만들어질 추가 가정은 가스는 이상적으로 거동하고 측정된 변화는 산소 농도에서의 변화에만 기인한다는 것입니다. 활성 슬러지 과정 중에 이산화탄소가 발생하기 때문에 이 가스는 산소 측정에 대한 방해로 피하기 위해 화학적으로 흡수되어야 합니다.

호흡 측정 장치에서  $r$ 의 측정은 정적 액체상에서 운전하는 것으로 보통 간단하게 합니다. 가장 간단한 방법은, 액체 및 가스 상이 정적인 경우에, 가장 간단한 DO 기초 원리로서 동일한 호흡은 존재합니다: 산소가 소모될 때 이것은 이를 테면, 가스상을 배출하는 것으로 보충되어야 합니다. 또 다른 방법은 외부 탱크에서 산소를

공급하는 것 그리고 공급된 산소의 양을 측정하는 것 또는 전기분해로 산소를 생성하는 것입니다. 후자의 기술은 전기 분해 전류로부터 호흡률의 추론을 가능하게 합니다. 두 경우 모두, 온도 및 압력은 일정하게 유지되어야 합니다.

## 적용

호흡률은 성장과 기질 이용과 직접 관련되기 때문에 활성 슬러지 공정에서의 해결 변수입니다. 그러므로, 호흡률 측정은 만족스러운 제어를 위해 가장 중요한 공정의 이해를 향상시키는데 사용될 수 있습니다. 이전 단락은 호흡률 측정 기술이 근거한 다른 원리에 대해 설명하였습니다. 이번 단락은 호흡 측정학의 적용에 유용한 몇 가지를 설명합니다.

### 포기 조에서 호흡률

포기 조에서 호흡률, 또는 실제 호흡률은 반응조의 로딩과 바이오 매스의 활동도에 대한 정보를 제공합니다. 실제 호흡률은 오프-가스 분석 또는 원리 추정치에 근거한, 직접적인 방법을 사용하거나 호흡 측정 장치를 사용하여 측정할 수 있습니다. 후자는 측정 이전에 활성 슬러지의 샘플링을 요구합니다. 산소 및 기질 제한 때문에 되도록 짧은 측정 및 샘플링의 시간을 유지하는 것이 가장 중요합니다. 대부분의 경우 이는 호흡 측정 장치가 포기 조 내에 또는 매우 근접하게 있을 경우와 미터가 빠르게 작동될 경우, 정확한 실제 호흡률에 근접할 수 있음을 의미할 것입니다. 호흡 측정 장치를 통한 흐름으로 정확한 실제 호흡률은 호흡 챔버에서 로딩이 포기 조에서의 로딩과 동등할 경우에 측정될 수 있습니다. 이 조건은 폐수 및 활성 슬러지의 샘플 흐름이 호흡 챔버에서, 폐수 유량과 챔버 부피의 비율이 유입 유량 및 포기 조 부피의 비율과 동등한 방법으로 혼합될 때 만족할 수 있습니다.

### 독성

호흡률은 활성 슬러지 공정 1 차 함수의 직접적인 측정이기 때문에 활성 슬러지에 대한 독성 영향을 나타내는데 적합합니다. 실제 호흡률은 독성 영향을 나타내는데 사용될지도 모릅니다. 그러나, 이 비율 또한 로딩에 의존적이기 때문에 로딩의 변화와 독성 입력 사이에서 발생하는 영향을 식별하는 것은 어렵습니다. 그러므로, 내성 호흡률 및 최대 호흡률과 같은, 활성 슬러지의 로딩에 보다 민감하지 않는 호흡 변수를 사용해야 합니다. 후자는 잠재적인 활동도와 성장 모두를 반영하기 때문에 바이오 매스의 독성 영향에 대한 적당한 지표입니다.

호흡 측정 장치에서 슬러지가 폐수의 과잉으로 로딩될 경우 기질 농도는 높아지게 되고 그 결과로 최대 호흡률에 가까워질 수 있습니다. 이 비율은 독성이 없을 때에 참고 수준으로써 도움이 됩니다. 동시에 가능한 독물로 바이오 매스의 검출은 독성 폐수가 플랜트를 억제하기 전에 발견되기 때문에 플랜트에서 보다 더 높을 것입니다. 다양한 폐수 구성 성분으로 인해 안정적인 최대 호흡률을 얻지 못할 경우에, 합성 폐수를 사용할 수도 있습니다. 일반적으로, 조기 경보 시스템에 사용될 호흡 측정 장치에서, 폐수는 처리 플랜트의 상향에서 샘플링되어야 합니다.

### 단기 생화학적 산소 요구량

단기 생화학적 산소 요구량( $BOD_{st}$ )의 평가에서, 폐수의 적은 양은 그 특정 폐수상에서 성장하는 활성 슬러지의 많은 양과 보통 혼합됩니다.  $BOD_{st}$  를 결정하기 위한 배치 방법은 호흡 측정 장치에서 활성 슬러지의 폐수 샘플의 추가와 시간 함수로 호흡률을 감시하는 것으로 이루어져 있습니다.  $BOD_{st}$  는 누적하는 산소 소비로부터 얻어집니다. 연속적인 방법은 호흡 챔버에서 폐수 및 슬러지의 유량을 함께 가져오고 기준 또는 참고 값으로 내성 호흡률의 측정을 사용하여 호흡률의 결과로부터  $BOD_{st}$  를 추론합니다. 일정한 조건하에서 연속적인 방법을 사용하여 유출  $BOD_{st}$  를 평가하는 것이 가능합니다.

(BOD-미터에서 사용된) 몇 가지 방법은 호흡률의 계산을 반드시 필요로 하지는 않습니다:  $BOD_{st}$  는 산소 함량의 변화로부터 추론됩니다. 예를 들면, BOD-프로브는 무력화된 살아있는 세포, 막, 및 DO-센서로 이루어져 있는 DO 프로브의 신호를 사용합니다. 신호는 프로브가 폐수에 침적될 경우에, 물에서 기질 농도의 측정인 세포의 활동성 측정입니다. BOD-프로브와 다른 BOD-미터는 알려진 BOD 로 용액에서 측정되어야 합니다. 일정 조건하에서  $BOD_{st}$  와  $BOD_5$  사이의 상관 관계는 BOD-미터 대신에  $BOD_5$ -미터가 얻을 수 있는 것으로 이 두 변수의 다른 본질에 상관없이 찾아낼 수도 있습니다.

### 모델 파라미터의 추정

산소 소비가 기질 이용 및 바이오 매스 성장과 관련되기 때문에, 호흡 측정 장치는 활성 슬러지 모델 파라미터의 추정에 유용합니다. 연속적인 respirometric 실험은 화학양론 계수의 추정에 적합한 반면, 폐수 농도와 동역학 파라미터는 배치 실험에서 얻을 수 있습니다. 주어진 활성 슬러지의 동역학 파라미터의 추정에서, 바이오 매스 성장과 바이오 매스 개체군에서의 변화를 무시할 수 있음을 보증하기 위해 기질 대 바이오 매스 비를 충분히 작게 하는 것이 가장 중요합니다. 파라미터는 respirometric 측정 시계 열, 즉 respirogram 으로 모델을 맞추어 평가할 수 있습니다. 이는 모든 파라미터가 아닌, 호흡률에서만 유일하게 추정될 수 있음을 강조해야 합니다.

### 제어 변수로써 호흡률

활성 슬러지 공정은 최소 에너지 비용에서, 낮은 슬러지 생산과 함께 유출수에서 생분해 가능한 물질의 충분히 낮은 농도 달성을 목표로 합니다. 그러므로, 공정은 제어되어야 합니다. 공통적인 제어 전략은 반송 슬러지 유량 및 포기 수용량, 폐 슬러지 유량을 조작하여 포기 조에서 용존 산소와 바이오 매스의 일정 수준을 유지합니다. 이러한 전략은 혼합액의 부유 물질과 용존 산소의 농도 측정에 근거합니다.

제어 변수로, 활성 슬러지의 호흡률은 활성 슬러지 공정에서 가장 중요한 변수이고 유출수에서 생분해 가능한 물질의 농도 및 독성, 유입 하수 농도, 바이오 매스의 농도와 활동도상에 정보를 제공하기 때문에 많은 관심을 유발합니다. 호흡 측정 장치에 근거한 제어에서 다음의 변수는 호흡률에서 추론되고 제어 시스템에서 사용될 수 있습니다:

- 실제 호흡률;
- 특정(탄소성) 산소 섭취율;
- 내생 호흡률;
- 처리 시간(시간: 내생)
- 단기 BOD;
- 저해율;
- 모델 파라미터 (분해 계수, 최대 성장율, 친화 경수(affinity constants), 수율, 가수분해율, 등등);
- 모델 변수( $S_s$ ,  $X_{BH}$ ,  $S_N$ , 등등.).





# APPENDIX C

## References

---

American Society of Civil Engineers (1988), Aeration-A Wastewater Treatment Process, ASCE Joint Task Force of the Water Pollution Control Federation, ASCE Publications.

Amy, G.L., P.A. Chadik and Z.K. Chowdhury, (1987) Developing Models For Predicting Trihalomethane Formation Potential and Kinetics”, Jour. AWWA, 79:7:89-97

Andrews, J. F. (1969). Dynamic Model of the Anaerobic Digestion Process. Journal Sanitary Engineering Division, American Society of Civil Engineers, 95, 95-116.

Andrews, J. F. and Graef, S. P. (1971). Dynamic Modeling and Simulation of the Anaerobic Digestion Process. Anaerobic Biological Treatment Processes, Advances in Chemistry Series No. 105, 126-162, American Chemical Society, Washington.

Annachatre, A. P. and Khanna, P. (1987). Unsteady-state Biofilm Kinetics. J. Env. Eng. Vol. 113, No. 2, pp. 429-433.

ASCE Task Committee on Belt Filter Presses (1988). Belt Filter Press Dewatering of Wastewater Sludge. Journal of Environmental Engineering, Vol. 114, No. 5. Paper No. 22915.

Arvin, E. and Kristensen, G. H. (1985). Exchange of Organics, Phosphate and Cations Between Sludge and Water in Biological Phosphorus and Nitrogen Removal Processes. Wat. Sci. Tech., 17, 147-162.

Bard, Y.A., Nonlinear Parameter Estimation. Academic Press, New York (1974).

Barker, P. S., and Dold, P. L. (1997). General Model for Biological Nutrient Removal Activate-sludge Systems: Model Presentation. Water Environment Research, Volume 69, Number 5.

Barnard, J. L. (1973). Biological Denitrification. Water Pollut. Control, 72, 705-720.

Barnard, J. L. (1976). A Review of Biological Phosphorus Removal in the Activated Sludge Process. Water SA, 2, 136-144.

Barnes and Wilson: Chemistry and Unit Operations in Sewage Treatment. Applied Science Publishers, London, 1978.

Batstone D.J., Keller J., Angelidaki I., Kalyuzhnyi S.V., Pavlostathis S.G., Rozzi A., Sanders W.T.M., Siegrist H. and Vavilin V.A. (2002) Anaerobic Digestion Model No.1, International Water Association Scientific and Technical Report #13, IWA Publishing, London, ISBN: 1 90022278 7, pp 77.

- Beier, A. G., (1987). Lagoon Performance in Alberta. Environmental Protection Services, Standards and Approvals Division, Municipal Branch, Alberta Environment.
- Benefield, L. and Molz, F. (1985). Mathematical Simulation of a Biofilm Process. *Biotech. and Bioeng.* Vol. 27, pp. 921-931.
- Benefield, L. D. and Randall, C. W. (1980). *Activated Sludge and its Process Modification*. Englewoods Cliffs, NJ: Prentice-Hall Inc.
- Brockwell, P. J., and R.A. Davis, *Introduction to Time Series and Forecasting*. Springer-Verlag, New York (1996).
- Brodisch, K. E. U. (1985). Interaction of Different Groups of Micro-organisms in Biological Phosphate Removal. *Wat. Sci. Tech.*, 17, 139-146.
- Buchan, L. (1981). The Location and Nature of Accumulated Phosphorus in Seven Sludges from Plants, Which Exhibited Enhanced Phosphorus Removal. *Water SA*, 7, 1-7.
- Burke, R., Dold, P. L. and Marais, G. v. R. (1986). Biological Phosphorus Removal in Short Sludge Age Activated Sludge Processes. Research Report W58, Dept. Chem. and Civil Eng., University of Cape Town.
- Chandran, K. and Barth F. Smeths (2000). Single-Step Nitrification Models Erroneously Describe Batch Ammonia Oxidation Profiles When Nitrite Oxidation Becomes Rate Limiting. *Biotechnology and Bioengineering* Vol. 68, No. 4, pp. 396-406
- Clayton, J. A., Ekama, G. A., Wentzel, M. C. and Marais, G. v. R. (1991). Denitrification Kinetics in Biological Nitrogen and Phosphorus Removal Activated Sludge Systems Treating Municipal Wastewaters. *Wat. Sci. Tech.*, 23, 1025-1035.
- Comeau, Y., Hall, K. J., Hancock, R. E. W. and Oldham, W. K. (1985). Biochemical Model for Enhanced Biological Phosphorus Removal. *Proc. UBC Conf. on New Directions and Research in Waste Treatment and Residuals Management*. June, Vancouver, Canada. (Published in *Water Research*, 20, 1511-1521, 1986).
- Copp, J.B., Jeppsson, U., and Rosen C. (2003). Towards an ASM1 - ADM1 State Variable Interface for Plant-Wide Wastewater Treatment Modeling. *Proceedings of WEFTEC 2003*, Los Angeles, October 11-15.
- Cote, P. (1989) "Bubble Free Aeration Using Membranes: Mass Transfer Analysis", *Journal of Membrane Science*, 47, 91-106.
- Degremont. *Water Treatment Handbook*. Halsted Press, 1979.
- Dharmarajah, H., N.L. Patania, J.G. Jacangelo, E.M. Aieta, "Empirical Modeling of Chlorine and Chloramine Residual Decay", Presented at the American Water Works Association annual conference, Philadelphia, Pennsylvania, June 23-27, 1991.

- Dold, P. L. (1990). Incorporation of Biological Excess Phosphorus Removal in a General Activated Sludge Model. Proc. 13th International Symposium on Wastewater Treatment. November, Montreal, Canada, 83-113.
- Dold, P. L, Ekama, G. A. and Marais, G. v. R. (1980). A General Model for the Activated Sludge Process. Prog. Water Technol., 12, 47-77.
- Dold, P. L. and Marais, G. v. R. (1986). Evaluation of the General Activated Sludge Model Proposed by the IAWPRC Task Group. Wat Sci Tech., 18, 63-89.
- Downing, A. L., Painter, H. A. and Knowles, G. (1964). Nitrification in the Activated Sludge Process. J. Proc. Inst. Sew. Purif., 64, 130-158.
- Draper, N. R., and Smith, H. Applied Regression Analysis. John Wiley & Sons, (1981).
- EC (2002) The COST simulation benchmark, A product of COST action 624 and COST action 682.
- Eckenfelder, W. (1980). Principles of Water Quality Management. Boston, CBI Publishing Co.
- Felder, R. M., and Rousseau, R. W. (1986). Elementary Principles of Chemical Processes. John Wiley and Sons, New York.
- Flemming, H. C. (1993). Biofilms and Environmental Protection. Wat. Sci Tech. Vol. 27, No. 7-8, pp. 1-10.
- Grady, C. P. L. (1989). Dynamic Modelling of Suspended Growth Biological Wastewater Treatment Processes. In: Dynamic Modelling and Expert Systems in Wastewater Engineering (G. G. Patry and D. Chapman, eds.). Lewis Publishers, Chelsea, Michigan.
- Grady C P L, Gujer W, Henze M, Marais G v R and Matsuo T (1986). A Model for Single-sludge Wastewater Treatment Systems. Wat. Sci. Tech., 21, 47-61.
- Grady, C P L, and Lim, H C (1980) Biological Wastewater Treatment. Marcel Dekker, Inc. New York.
- Grau, P.; Sutton, P.M.; Henze, M.; Elmaleh, S.; Grady, C.P.; Gujer, W. and Koller, J. (1987). Notation for Use in the Description of Wastewater Treatment Processes. Water Research, Vol. 21, No 2, pp. 135-140.
- Gray M., Kestel Steve (2013) The Use of a Process Simulator to Model Aeration Control Valve Position and System Pressure, WEFTEC, Chicago.
- Gujer, W, Henze, M., Mino, T., and van Loosdrecht, M.C.M. (1998). Activated Sludge Model No. 3. Proceedings of the Specialized Conference on Modelling and Microbiology of Activated Sludge Processes, Kollokole, Denmark, 16-18 March. To be published in Water Science and Technology.
- Henze, M. (1983). Anaerobic Treatment of Wastewater in Fixed Film Reactors. Water Science and Technology, 15, editor.

Henze, M., Grady, C. P. L., Gujer, W., Marais, G. v. R. and Matsuo, T. (1987a). Activated Sludge Model No. 1. IAWPRC Scientific and Technical Report No. 1, IAWPRC, London.

Henze, M., Grady, C. P. L., Gujer, W., Marais, G. v. R. and Matsuo, T. (1987b). A General Model for Single Sludge Wastewater Treatment Systems. *Water Research*, 21, 505-515.

Henze, M., Gujer, W., Takahashi, M., Matsuo, T., Wentzel, M., and Marais, G. v. R. (1994). Activated Sludge Model No. 2. IAWQ Scientific and Technical Reports, IAWQ Specialized Seminar: Modelling and Control of Activated Sludge Processes, 22-24 August 1994, Copenhagen, Denmark.

Henze, M., W. Gujer, T. Mino, T., Matsuo, Wentzel, M.C., Marais, G. v. R., and van Loosdrecht, M. C. M. (1998). Outline - Activated Sludge Model No. 2d. Proceedings of the Specialized Conference on Modelling and Microbiology of Activated Sludge Processes, Kollokole, Denmark, 16-18 March. To be published in *Water Science and Technology*.

Herbert, D. (1958). Some Principles of Continuous Culture. In: *Recent Progress in Microbiology*, G. Tunevall (Ed.). Almquist and Wiksell, Stockholm, 381-396.

Horner, R. M. W., Jarvis, R. J. and Mackie, R. I. (1986) Deep bed Filtration: A New Look at the Basic Equations. *Wat. Res.* Vol. 20, No. 2, 215 - 220.

Hong, S. N., Kritchén, D. J., Kisenbauer, K. S. and Sell, R. L. (1982). A biological treatment system for nutrient removal. Presented at the EPA workshop on biological phosphorus removal in municipal wastewater treatment, Annapolis, Md.

Hur, D.S. (1994). A Computer Program for Optimal Aeration System Design for Activated Sludge Treatment Plants. M.S. Thesis, University Of California, Los Angeles.

James M. Montgomery Consulting Engineers, Inc. (1985). *Water Treatment Principles and Design*. John Wiley & Sons, New York.

Jeppson, U. and Olsson, G. (1993): Reduced Order Models for on-line Parameter Identification of the Activated Sludge Process. In: *Instrumentation, Control and Automation of Water and Wastewater Treatment and Transport Systems*. Proceedings of the Sixth IAWQ Workshop held in Banff and Hamilton, Canada, June 17-25.

Kappeler, J., and Gujer, W. (1994). Development of a Mathematical Model for "Aerobic Bulking". *Wat. Res.* Vol. 28, No. 2, pp. 303-310.

Kim, B.R. (1992). Approximate Solution for a Fluidized-bed Biofilm Model. *Wat. Res.* Vol. 26, No. 9, pp. 1271-1275.

Ky, R.C., Comeau, Y., Perrier, M. and Takacs, I. (2001). Modelling Biological Phosphorus Removal from a Cheese Factory Effluent by an SBR. *Wat. Sci. Tech.* 43(3), 257-264

Jih, C.G. and Huang, J.S. (1994). Effect of Biofilm Thickness Distribution on Substrate-inhibited Kinetics. *Wat. Res.* Vol. 28, No. 4, pp. 967-973.

- Lawrence, A. W. and McCarty, P. L. (1970). Unified Basis for Biological Treatment Design and Operation. *J. San. Eng. Div., ASCE*, 96, 757-778.
- Li, D. and Ganczarczyk, J. J. (1987). Stroboscopic Determination of Settling Velocity, Size and Porosity of Activated Sludge Flocs. *Wat. Res.*, 21, 257-262.
- Ludzack, F. J. and Ettinger, M. B. (1962). Controlling Operation to Minimize Activated Sludge Effluent Nitrogen. *J. Water Pollut. Control Fed.*, 34, 920-931.
- Marais, G. v. R. and Ekama, G. A. (1976). The Activated Sludge Process: Part 1 - Steady-state Behaviour. *Water SA*, 2, 163-200.
- Marlin, T. E. (1995). *Process Control - Designing Processes and Control Systems for Dynamic Performance*. McGraw-Hill Inc., 954p.
- Maurer, M., Abramovich, D., Siegrist, H. and Gujer, W. (1999). Kinetics of Biologically Induced Phosphorus Precipitation in Waste Water Treatment. *Wat. Res. Vol. 33, No. 2*, pp. 484-493
- Mauret, M., Paul, E., Puech-Costes, E., Maurette, M. T., and Baptiste, P. (1996). Application of Experimental Research Methodology to the Study of Nitrification in Mixed Culture. *Water Sci. and Technol. Vol. 34*, pp. 245-252
- M c Kinney, R. E. (1962). Mathematics of Complete Mixing Activated Sludge. *J. San. Eng. Div., ASCE*, 88, SA3, Proc. Paper 3133, 87-113.
- M c Kinney, R. E. and Ooten, R. J. (1969). Concepts of Complete Mixing Activated Sludge. *Trans. 19th San. Eng. Conf., University of Kansas*, 32-59.
- Meganck, M., Malnou, D., LeFlohic, P., Faup, G. M. and Rovel, J. M. (1985). The Importance of Acidogenic Microflora in Biological Phosphorus Removal. *Wat. Sci. Tech.*, 17, 199-212.
- Metcalf and Eddy (2003). *Wastewater Engineering: Treatment and Reuse*, 4th ed., (Tchobanoglous, G., Burton, F., and Stensel, H.D. rev.). McGraw-Hill, New York.
- Metcalf and Eddy (1991). *Wastewater Engineering Treatment, Disposal and Reuse*, 3rd ed., (Tchobanoglous, G. and Burton, F. rev.). McGraw-Hill, New York.
- Mino, T., Arun, V., Tsuzuki, Y. and Matsuo, T. (1987). Effect of Phosphorus Accumulation on Acetate Metabolism in the Biological Phosphorus Removal Process. In: *Advances in Water Pollution Control - Biological Phosphate Removal from Wastewaters* (R Ramadri, ed.). Pergamon Press, Oxford.
- Mueller, J. A., Boyle, W. C., and Pöpel, H. J. (2002). *Aeration: Principles and Practice*, CRC Press, Boca Raton.
- Münch, E. V., Lant, P., and Keller, J. (1996). Simultaneous Nitrification and Denitrification in Bench-scale Sequencing Batch Reactors. *Wat. Res. Vol. 30, No. 2*, 277-284.

Münch, E.V., Lant, P., and Newell, R. (1999). Mathematical Modelling of Pre-fermenters - I. Model development and verification. *Wat. Res.* Vol. 30, No. 12, 2757-2768.

Münch, E. V., Lant, P., and Newell, R. (1999). Mathematical Modelling of Pre-fermenters - II. Model Applications. *Wat. Res.* Vol. 33, No. 12, 2844-2854.

Murnleitner, E., Kuba, T., van Loosdrecht, M. C. M. and Heijnen, J. J. (1997). An Integrated Metabolic Model for the Aerobic and Denitrifying Biological Phosphorus Removal. *Biotechnology and Bioengineering* Vol. 54, No. 5, pp. 434-450

Ojha, C. S. P. and Graham, N. J. D. (1992). Computer-aided Solutions of Filtration Equations. *Wat. Res.* Vol. 26, No. 2, 145 - 150.

Olsson, G. (1992). Dynamics and Control of the Activated Sludge Process, Vol. 6, Water Quality Management Library, edited by John F. Andrews. Technomic Publishing Co., Inc., Lancaster PA.

Perry, R. H. and Chilton, C. C. (1973). *Chemical Engineer's Handbook*. Fifth Edition, McGraw-Hill Book Company, New York.

Pflanz, P. (1969). Performance of Activated Sludge Secondary Sedimentation Basins. 4th IAWPRC Conference Proceedings, Pergamon Press.

Poduska, R. A. and Andrews, J. F. (1975). Dynamics of Nitrification in the Activated Sludge System. *J. Water Pollut. Cont. Fed.* Vol. 47, pp. 2599-2619

Popel, H. J., and Wagner, M. (1994). Modelling of Oxygen Transfer in Deep Diffused-Aeration Tanks and Comparison with Full-Scale Plant Data. *Wat. Sci. Tech*, Vol. 30, No.4, 71-80.

Press, W. H., Flannery, B. P., Teukolsky, S. A., and Vetterling, W. T., *Numerical Recipes: The Art of Scientific Computing*. Cambridge University Press, New York (1986).

Qasim R. S. (1999) *Wastewater Treatment Plants – Planning, Design and Operation*, Technomic Publication Company, 2nd ed.

Reilly, P. M., and Blau, G. E., "The Use of Statistical Methods to Build Mathematical Models of Chemical Reacting Systems", *Can. J. Chem. Eng.*, 52, 289 (1974).

Reilly, P. M., Barjramovic, R., Blau, G. E., Branson, D. R., and Saverhoff, M. J., Guidelines for the Optimal Design of Experiments to Estimate Parameters in First Order Kinetic Models. *Can. J. Chem. Eng.*, 55, 614 (1977).

Rosen, C., and Jeppsson, U. (2002) *Anaerobic COST Benchmark Model Description, Version 1.2.*, Department of Electrical Engineering and Automation, Lund University, Sweden.

Rosen, C., Vrecko, D., Gernaey, K.V., and Jeppsson, U. (2005). Implementing ADM1 for benchmark simulations in MATLAB/Simulink. Proceedings of the First International Workshop on the IWA Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1). Lyngby, Denmark, September 2-4.

- Rittmann, B. (1993). The Significance of Biofilms in Porous Media. *Wat. Res.* Vol. 29, No. 7, pp. 2195-2202.
- Siebritz, I. P., Ekama, G. A. and Marais, G. v. R. (1980). Excess Biological Phosphorus Removal in the Activated Sludge Process at Warm Temperature Climates. In: *Waste Treatment and Utilization - Volume 2* (C. W. Robinson, M. Moo-Young and G. J. Farquhar, eds.). Pergamon Press, Toronto.
- Smith, A. A., Hinton, E. and Lewis, R. W. (1983). *Civil Engineering Systems Analysis and Design*. Wiley and Sons Ltd., Toronto.
- Smolders, G. J. F., van der Meij, J., van Loosdrecht, M. C. M. and Heijnen, J. J. (1994). Model of the Anaerobic Metabolism of the Biological Phosphorus Removal Process - Stoichiometry and pH Influence. *Biotechnology and Bioengineering* Vol.44, pp. 461-470
- Spector, M. (1977). Production of Non-bulking Activated Sludge. U.S. Patent 4 056 465.
- Spengel, D. B., and Dzombak, D. A. (1992). Biokinetic Modeling and Scale-up Considerations for Rotating Biological Contactors. *Wat. Env. Res.* Vol. 64, No.3, pp. 223-235.
- Strand, S. E. (1986). Model of Ammonia and Carbon Oxidation in Biofilms. *J. Env. Eng.*, Vol. 112, No. 4, pp. 785-804.
- Steiner, E. C., Rey, T.D., and McCroskey, P. S., *SimuSolv Reference Guide*. The Dow Chemical Company, Midland, MI, Vol. 2 (1990b).
- Stewart, P.S. (2003) "Guest Commentaries: Diffusion in Biofilms", *Journal of Bacteriology*, Mar. 2003, 1485-1491.
- Suidan, M. T. and Wang, Y. T. (1985) Unified Analysis of Biofilm Kinetics. *J. Env. Eng.*, Vol. 111, No. 5, pp. 634-646.
- Takacs, I., Patry, G. G., Nolasco, D. (1991). A Dynamic Model of the Clarification- Thickening Process. *Water Research*, Vol. 25, No. 10, pp. 1263-1271.
- Thirumurthi, D. (1974). Design Criteria for Waste Stabilization Ponds. *Journal of Water Pollution Control Federation*. 46, 2094-2106.
- U.S. Environmental Protection Agency (USEPA), Office of Research and Development. (1989) Design Manual: Fine Pore Aeration Systems. EPA/625/1- 89/023. U.S. E.P.A., Cincinnati, OH.
- United States Environmental Protection Agency, "Water Treatment Plant Simulation Program version 1.53 (Users Manual version 1.21)", prepared for the USEPA by Malcolm Pirnie Inc, 1992.
- Van Haandel, A. C., Ekama G. A. and Marais G. v. R. (1981). The Activated Sludge Process: Part 3 - Single Sludge Denitrification. *Water Research*, 15, 1135-1152.

- Vavilin, V. A., Vasiliev, V. B., Rytov, S. V., Ponorarev, A. V., "Modeling Ammonia and Hydrogen Sulfide Inhibition in Anaerobic Digestion", *Wat. Res.*, Vol. 29, No. 3, pp. 827-835, 1995.
- Vayenas, D. V. and Lyberatos, G. (1994). A Novel Model for Nitrifying Trickling Filters. *Wat. Res.* Vol. 28, No. 6, pp. 1275-1284.
- Vesilind, A. P. (1968). Discussion of "Evaluation of Activated Sludge Thickening Theories", by R. I. Dick, B. B. Ewing, *J. sanit. Engng Div. Am. Soc. Civ. Engrs.* 94, 185-191.
- Wanner, O. and Gujer, W. (1986). A Multispecies Biofilm Model. *Biotech. and Bioeng.* Vol.. 28, pp. 314-328.
- Wasserman, Philip D., (1989). *Neural Computing, Theory and Practice*, Van Nostrand Reinhold, New York.
- Wentzel, M. C.; Lotter, L. H.; Loewenthal, R. E.; and Marais G. v. R. (1986). Metabolic Behaviour of *Acinetobacter* spp. in Enhanced Biological Phosphorus Removal - A Biochemical Model. *Water SA*, Vol. 12. No. 4. October.
- Wentzel, M. C., Lotter, L. H., Loewenthal, R. E. and Marais, G. v. R. (1986). Metabolic Behaviour of *Acinetobacter* spp. in Enhanced Biological Phosphorus Removal. *Water SA*, 12, 209-224.
- Wentzel, M. C., Dold, P. L., Ekama, G. A. and Marais, G. v. R. (1985). Kinetics of Biological Phosphorus Release. *Wat. Sci. Tech.*, 17, 57-71.
- Wentzel, M. C., Ekama, G. A., Loewenthal, R. E., Dold, P. L. and Marais, G. v. R. (1989a). Enhanced Polyphosphate Organism Cultures in Activated Sludge Systems. Part II: Experimental behaviour. *Water SA*, 15, 71-88.
- Wentzel, M. C., Dold, P. L., Ekama, G. A. and Marais, G. v. R. (1989b). Enhanced Polyphosphate Organism Cultures in Activated Sludge Systems. Part III: Kinetic model. *Water SA*, 15, 89-102.
- Wentzel, M C, Ekama, G A and Marais, G v R (1991). Kinetics of Nitrification Denitrification Biological Excess Phosphorus Removal Systems - A Review. *Wat. Sci. Tech.*, 23, 555-565.
- Wentzel, M. C., Lotter, L. H., Ekama, G. A., Loewenthal, R. E. and Marais, G. v. R. (1991). Evaluation of Biochemical Models for Biological Excess Phosphorus Removal. *Wat. Sci. Tech.*, 23, 567-576.
- Water Environment Research Foundation (WERF) (1995). Comparison of UV Irradiation to Chlorination: Guidance for Achieving Optimal UV Performance. Water Environment Research Foundation Final Project Report - Project 91-WWD-1. Alexandria, VA.
- Wuhrmann, K. (1960). Effects of Oxygen Tension on Biochemical Reactions in Sewage Treatment Plants. In: *Advances in biological waste treatment: Proceedings of the 3rd conference on biological waste treatment* (W. W. Eckenfelder and J. McCabe, eds.), Pergamon Press, New York, 27-38.

Yasui, H., Sugimoto, M., Komatsu, K., Goel, R., Li, Y. Y., Noike, T. (2006) An approach for substrate mapping between ASM and ADM1 for sludge digestion, *Water Science & Technology* 54(4):83-92.

Yasui, H., Komatsu, K., Goel, R., Li, Y. Y., Noike, T. (2008) Evaluation of state variable interface between the Activated Sludge Models and Anaerobic Digestion Model no 1 *Water Science & Technology* 57(6):901-7.

Yasui, H., Goel, R., Li, Y. Y., Noike, T. (2008) Modified ADM1 structure for modelling municipal primary sludge hydrolysis, *Water Research* 42(1-2):249-59.