

Handbuch und Installationsanleitung

Biogas-App

Anhang zur Masterarbeit von Paul Zügel

Contents

1	Voraussetzungen	1
2	Installation	2
2.1	VRL	2
2.2	LabVIEW	2
2.2.1	Linux	3
2.2.2	Windows	3
2.3	Kopieren der Skriptdateien	3
3	Biogas - Benutzerhandbuch	4
3.1	VRL	4
3.1.1	Starten der Demo	5
3.1.2	Erstellen der Arbeitsumgebung	6
3.1.3	Starten der Simulation	7
3.1.4	Laden einer Simulation	8
3.1.5	Der Spezifikationseditor	8
3.1.6	User-Structures in VRL	9
3.1.7	Feedback	10
3.1.8	Feeding	11
3.1.9	Visualisierung	11
3.2	labVIEW	12
3.2.1	Auswahl der Anlagenstruktur	12
3.2.2	Struktureditor	12
3.2.3	Visualisierung	12
3.2.4	Beenden	13

1 Voraussetzungen

Für die Ausführung der Applikationen ist zunächst die Installation der Simulationsumgebung **UG4** nötig. Hierfür kann der Paketmanager *ughub* verwendet werden. Folgen Sie hierzu der auf [GitHub](#) bereitgestellte Anleitung. Wichtig ist hierbei, dass alle Applikationen die Installation von UG4 im Verzeichnis

\$HOME/ug4 (Linux) bzw.
%HOMEPATH%\ug4 (Windows)

erwarten. Dies wird in der verlinkten Anleitung auch empfohlen, ist für die hier beschriebenen Applikationen allerdings zwingend notwendig. Im Folgenden wird der Pfad der UG-Installation als \$UGPATH bezeichnet.

Zusätzlich sind folgende UG-Plugins zu installieren:

```
cd $UGPATH
ughub install Biogas
ughub install biogas_app
```

Für die VRL-Anwendungen kann die Plattform [VRL-Studio](#) kostenfrei heruntergeladen werden. Für die Installation der [LabVIEW](#)-Umgebung muss gegebenenfalls (abhängig von Version und Betriebssystem) eine Registrierung auf der Website von *National Instruments* vorgenommen werden. Benötigt wird hier mindestens die Version 2019.

2 Installation

2.1 VRL

Für die Installation der Biogas-Anwendung müssen lediglich die beiden Plugins `VRLBiogas_Plugin.jar` und `VRL-JFreeChart.jar` ^[1] aus dem Verzeichnis `Biogas/VRL/plugins` installiert werden. Wähle hierzu in VRL

Plugins -> Install Plugins

Die Biogas Anwendung kann nun über die beiden Projektdateien

`Biogas_plant_setup.vrlp` bzw.
`Biogas_user_plant_setup.vrlp`

gestartet werden.

2.2 LabVIEW

Für die LabVIEW Anwendung müssen lediglich einige Bibliotheken mithilfe von CMake kompiliert werden. Wechsel hierzu in das Verzeichnis:

`Biogas_Plant_Simulation/LabVIEW/`

Abhängig vom Betriebssystem müssen nun die folgenden Zeilen in der Konsole ausgeführt werden.

¹ Autor Michael Hoffer (2012) - <https://github.com/VRL-Studio/VRL-JFreeChart>

2.2.1 Linux

```
cd LabVIEW
mkdir build
cd build
cmake ..
cmake --build .
```

2.2.2 Windows

Für das kompilieren unter Windows Systemen wird zusätzlich [MinGW](#) und die [Boost](#) Bibliotheken benötigt. Diese können beispielsweise in das Verzeichnis

C:\Program Files \boost_1_67_0

entpackt werden. Falls die folgenden Zeilen bei der Ausführung zu Fehlern führen beachten Sie bitte die `CMakeLists.txt`.

```
cd LabVIEW
mkdir build
cd build
cmake .. -G "MinGW Makefiles"
cmake --build .
```

Die Anwendung kann schließlich über die Projektdatei `Biogas_Plant.lvproj` aus dem Verzeichnis `Biogas/LabVIEW/LabView` gestartet werden. Öffne das Projekt und führe die `main.vi` aus.

2.3 Kopieren der Skriptdateien

Die beiden im `scripts`-Ordner vorhandenen Dateien müssen abschließend in das Verzeichnis

`ug4/apps/biogas_app/scripts`

kopiert werden. Dies überschreibt bereits vorhandene gleichnamige Dateien. Erst nach diesem Kopiervorgang ist es möglich die Simulation mit den hinterlegten Spezifikationen durchzuführen.

3 Biogas - Benutzerhandbuch

Beide Anwendungen implementieren für die Nutzeroberfläche die gleichen Konzepte und ähneln sich optisch und funktional stark. Aus diesem Grund beschränken wir uns im Folgenden auf eine ausführliche Erläuterung der VRL-Anwendung, bezüglich LabVIEW gilt es nur kurz einige kleinere Unterschiede zu diskutieren.

3.1 VRL

Wir betrachten zunächst das Projekt `Biogas_plant_setup.vrp`. Hier ist standardmäßig eine Anlagenstruktur mit einem einzelnen Hydrolysereaktor in das Projekt eingebunden (`STRUCT_1_STAGE`). [1]

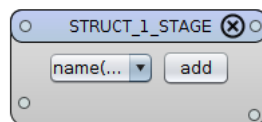


Abbildung 1: Die Biogas-Struktur `STRUCT_1_STAGE` mit einem einzelnen Hydrolysereaktor

Durch Rechtsklick auf die Oberfläche und der Auswahl von *Manage Components* kann unter dem Reiter `Biogas_Structures` eine andere Struktur ausgewählt werden.[2] Per *Drag&Drop* lässt sich diese der VRL-Oberfläche hinzufügen. Um die ausgewählte Struktur zu verwenden muss diese mit dem Hauptfenster der Anwendung verknüpft werden. Dies ist in Abbildung [3] zu sehen.

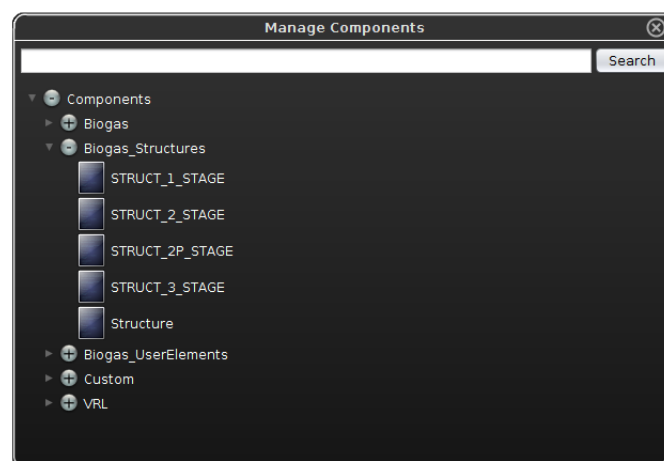


Abbildung 2: Der Komponenten-Manager mit allen Biogas-Strukturen.

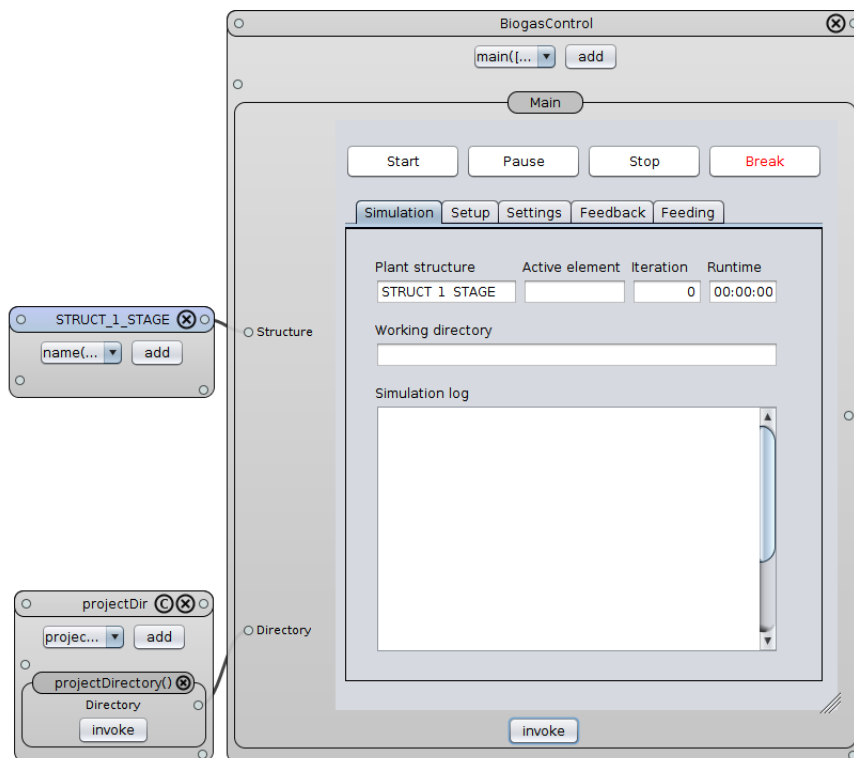


Abbildung 3: Verknüpfung einer Struktur mit dem Hauptfenster der Anwendung.

Nun kann im Hauptfenster (*BiogasControl*) mittels des *invoke*-Knopfes das Hauptmenü angezeigt werden. Dieses Menü besteht im wesentlichen aus den Steuerungs-Knöpfen am oberen Rand und den darunter sichtbaren Registerkarten. Um eine neue Simulation zu starten muss zunächst eine Arbeitsumgebung mit den gewünschten Spezifikationen für die Reaktoren erstellt werden.

3.1.1 Starten der Demo

Beim Start der Anwendung werden für die Hydrolyse- und Methanreaktoren standardmäßig Spezifikationen verwendet, welche den vollen Funktionsumfang der Biogassimulation abbilden. Zusätzlich sind der Anwendung allerdings auch passende Demo-Spezifikationen beigelegt, welche zunächst zum Testen der Applikation verwendet werden können. Diese simulieren nur einen Teil des biochemischen Prozesses, Simulationsergebnisse sind deshalb deutlich schneller vorhanden. Dies soll das Erlernen der Anwendung erleichtern.

Zum Starten der Demo muss zunächst die *Settings*-Registerkarte angewählt werden.[4] Durch Mausklick auf die Knöpfe mit den drei Punkten können hier die Spezifikationen geändert werden. Das obere Feld beschreibt hierbei den Dateipfad der Hydrolyse-Spezifikation, der zweite den Pfad zur Methan-Spezifikation.

Das unterste Feld gibt den Pfad zur Simulationsdatei an, dieser sollte in der Regel nicht geändert werden. Für die Hydrolyse-Spezifikation muss nun die in dem Ordner `simulation_files` befindliche Datei

`simulation_files/hydrolysis_demo.lua`

ausgewählt werden. Für den Methanreaktor sei entsprechend die Datei

`simulation_files/methane_demo.lua`

als Spezifikation einzustellen.

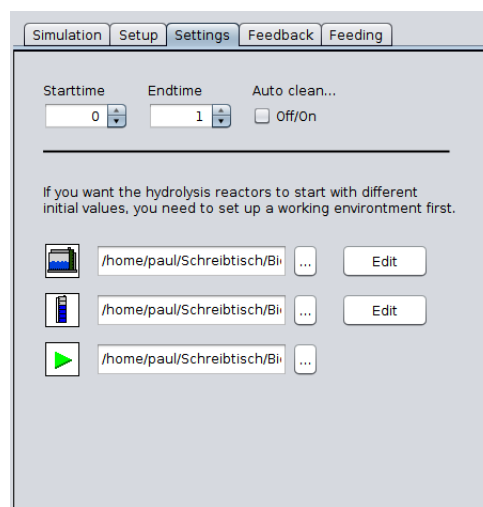


Abbildung 4: Die *Settings*-Registerkarte des Hauptmenüs.

Schließlich muss nun noch die Start- und Endzeit eingestellt werden. Standardmäßig kann man hier den Zeitpunkt 0 als Start wählen. Diese ist nach dem Starten der Simulation fix. Die Endzeit kann noch während dem Simulationsverlauf angepasst werden.

3.1.2 Erstellen der Arbeitsumgebung

Es ist zunächst wichtig anzumerken, dass eine Arbeitsumgebung zum Einen stets an die ausgewählte Struktur und zum Anderen an die ausgewählten Spezifikationen geknüpft ist. Ein nachträgliches Ändern dieser Parameter wird entweder nicht möglich sein, oder wird keinen Effekt mehr auf die Simulation haben.

Wurde die Struktur und die Spezifikationen gewählt, so kann über die Registerkarte *Setup* der Menüpunkt für die Arbeitsumgebung angewählt werden.^[5] Nun muss ein passendes Verzeichnis auf dem lokalen System gewählt werden,

welches als Simulationsumgebung zu verwenden ist. Dafür wird im rechts stehenden Auswahlfeld der Knopf mit den drei Punkten betätigt. Es öffnet sich ein Fenster um ein entsprechendes Verzeichnis zu bestimmen. Wird nun der Knopf *Create* betätigt, so wird im ausgewählten Verzeichnis ein neuer Ordner erstellt, welcher alle Simulationsergebnisse enthalten wird. Wurde dieser Ordner erfolgreich angelegt, so ist dies visuell unmittelbar als eine Art Baumstruktur sichtbar. Die Simulation kann nun gestartet werden.

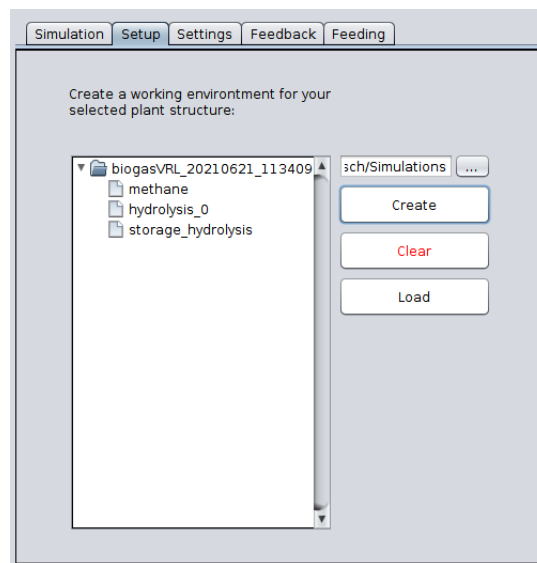


Abbildung 5: Die *Setup*-Registerkarte nach Erstellen einer Arbeitsumgebung.

3.1.3 Starten der Simulation

Durch den *Start*-Knopf am oberen Rand des Hauptmenüs wird die Simulation ausgeführt. Der Verlauf sollte direkt in der *Simulation*-Registerkarte (wie in Abbildung [6]) sichtbar werden. Von hier aus lässt sich die Simulation überwachen. Es wird ein stetiges Feedback über das gerade aktive Element (jener Reaktor wo aktuell Berechnungen stattfinden) und über den Gesamtverlauf geliefert.

Die Simulation endet, sobald der Endzeitpunkt erreicht wurde oder die Simulation manuell gestoppt wird. Dies gelingt über den *Stop*-Knopf am oberen Rand des Hauptmenüs. Wurde dieser betätigt muss allerdings die aktuelle Iteration fertig berechnet werden. Ähnliches gilt für den *Pause*-Knopf, welcher die Simulation nach der aktuellen Iteration pausiert. Ein sofortiger Abbruch kann jederzeit mithilfe des *Break*-Knopfes durchgeführt werden. Es ist allerdings zu beachten, dass dies zu fehlerhaften Ausgaben führen kann.

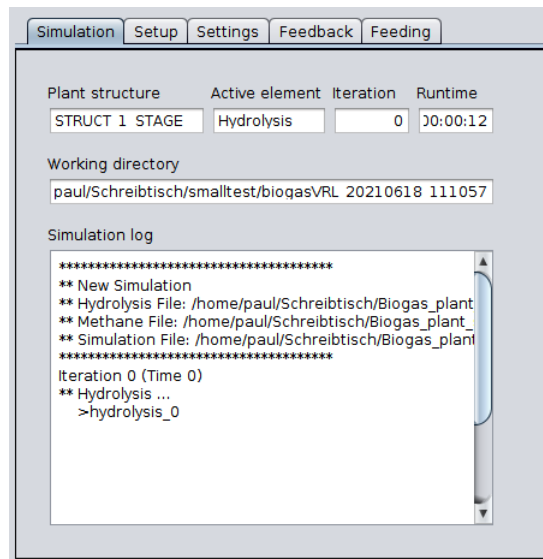


Abbildung 6: Das Hauptmenü nach dem Starten der Simulation

3.1.4 Laden einer Simulation

In der *Setup*-Registerkarte aus Abbildung [5] ist neben dem *Create*-Knopf auch der *Load*-Knopf zu sehen. Dieser erlaubt es eine vorherige Simulation zu laden. Bei betätigung des Knopfes öffnet sich ein Fenster zum auswählen eines Verzeichnisses. Hier muss entsprechend der Ordner ausgewählt werden, welcher zuvor über *Create* als Arbeitsumgebung erzeugt wurde.

Zu beachten ist, dass für ein erfolgreiches Laden die Simulation der jeweiligen Arbeitsumgebung erfolgreich beendet werden musste. Der zuvor angesprochene *Break*-Knopf könnte dies verhindern. Das laden einer leeren Arbeitsumgebung (eine Umgebung in welcher keine Simulation ausgeführt wurde) ist ebenfalls nicht möglich.

3.1.5 Der Spezifikationseditor

In der *Settings*-Registerkarte lässt sich über die *Edit*-Knöpfe ein Editor für die jeweilige Spezifikation starten. Zu sehen ist dieser in Abbildung [7]. Der Editor dient dem Auslesen und Bearbeiten einzelner Parameter der Spezifikationsdateien. Änderungen müssen über den *Save*-Knopf gespeichert werden und sind (falls aktuell eine Simulation läuft) für den gesamten weiteren Simulationsverlauf gültig. Es wird allerdings dringend empfohlen die Simulation zu pausieren bevor Änderungen an den Spezifikationen vorgenommen werden.

Der Editor verfügt darüber hinaus über eine Validierungsfunktion. Um diese zu nutzen muss zunächst eine Validierungsdatei über den *Load Validation* Knopf

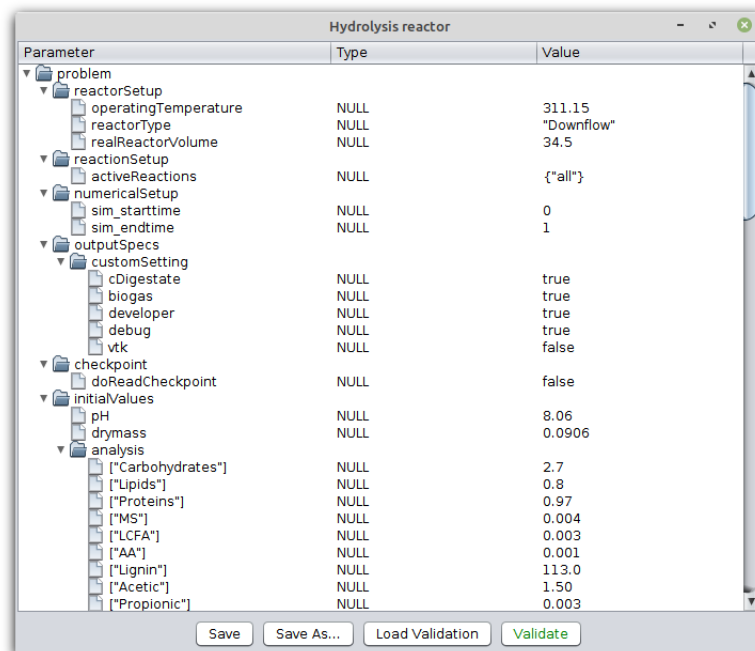


Abbildung 7: Der Spezifikationseditor

geladen werden. Zum testen können die im `simulation_files` Ordner abgelegten Dateien `hydro_vali.lua` und `methane_vali.lua` genutzt werden.

3.1.6 User-Structures in VRL

Wie bereits erwähnt existieren für die VRL Anwendung zwei verschiedene Projektdateien. Diese unterscheiden sich lediglich hinsichtlich ihrer Strategie zum Einbinden der verschiedenen Anlagenstrukturen. Das Projekt

`Biogas_user_plant_setup.vr1p`

implementiert dabei die einzelnen Elemente der Anlage als eigenständige VRL-Komponenten. Die zuvor beschriebenen Funktionen blieben allerdings identisch. Statt der Struktur muss jedoch die *UserStructure* Komponente [8] an das Fenster des Hauptmenüs angeschlossen werden.

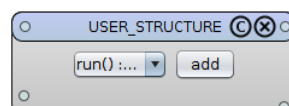


Abbildung 8: Die *UserStrcutre* Komponente.

Bei der *UserStructure* handelt es sich um eine VRL-*Component* welche wiederum ein eigenständiges Sub-Programm enthält. Dieses kann durch betätigen des C Knopfes am oberen rechten Rand geöffnet werden. Es öffnet sich das in Abbildung [9] zu sehende Projekt. Anzumerken ist für die *UserStructure*, dass die Anzahl der Hydrolysereaktoren nicht wie bei der normalen Struktur in der VRL-Komponente selbst definiert sondern direkt als Eingangsparameter an das Hauptmenü übergeben wird.

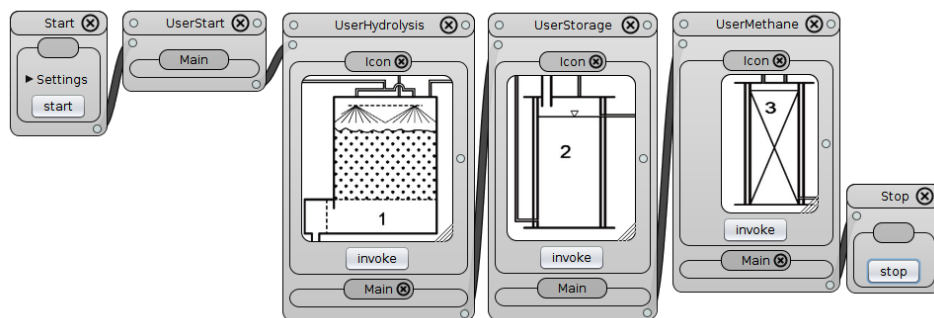


Abbildung 9: Die einzelnen Elemente der *UserStructure*.

Zu beachten ist, dass dieses allerdings nicht eigenständig lauffähig ist und nur im Zusammenhang mit dem übergeordneten Projekt nutzbar. Zum Anzeigen der Icons müssen die *invoke* Methoden der einzelnen Elemente ausgeführt werden. Zum Hauptfenster des Projekts gelangt man zurück über:

File -> Open Recent Component... -> Main

3.1.7 Feedback

Die Registerkarte *Feedback* wird aktiviert sobald eine angelegte Struktur mehr als einen Hydrolysereaktor implementiert. Mithilfe von Schieberegler lässt sich hier steuern zu welchen Anteilen, die aus dem Methanreaktor ausströmenden Substanzen, in die jeweiligen Hydrolysereaktoren zurück geführt werden. Dabei ist zu beachten, dass stets 100% der Substanzen verwertet werden, und die Schieberegler lediglich deren Aufteilung bestimmen. Das bedeutet, dass beispielsweise für zwei Hydrolysereaktoren mit den Feedback-Werten 100% und 50%, doppelt so viel der Substanzen in den ersten Reaktor gegenüber dem zweiten Reaktor fließt. Beachte, Werte von 50% und 25% würde einer identischen Aufteilung entsprechen.

3.1.8 Feeding

In der *Feeding*-Registerkarte befindet sich ein Interface, welches zum Abfragen und Editieren der Fütterungszeiten für die Hydrolysereaktoren verwendet werden kann. Jegliche Änderungen gilt es über den *Save*-Knopf zu speichern, um in die jeweilige Spezifikation zurück geschrieben zu werden.

3.1.9 Visualisierung

Sobald für die aktuell geladene Arbeitsumgebung Simulationsergebnisse vorhanden sind, können diese mit dem *BiogasPlotter* visualisiert werden. Zunächst muss man einmalig mit *invoke* das Fenster laden. Nun lassen sich über das Drop-Down Menü die jeweiligen Anlagenkomponenten auswählen. Nach Betätigung von *Load* erscheint die in Abbildung [10] zu sehende Baumstruktur. Hier lassen sich einzelne Parameter per Mausklick auswählen, welche durch *invoke* der Plot-Methode im *BiogasPlotter* und im *PlotDisplay* visualisieren lassen.

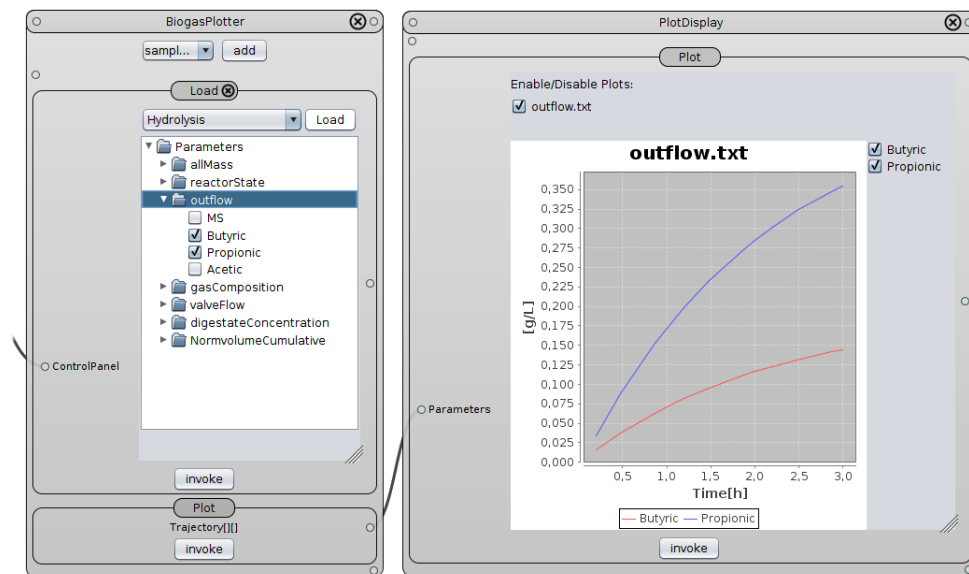


Abbildung 10: Der *BiogasPlotter* in VRL

Das *PlotDisplay* enthält dabei die eigentlichen Plots. Diese lassen sich einzeln über die *Enable/Disable* Checkbox ein- und ausblenden. Einzelne Parameter können ebenfalls selektiert werden über die entsprechenden Checkboxes rechts neben dem Plot.

⚠ Sollten Parameter im *PlotDisplay* Fenster fehlerhaft angezeigt werden, so hilft meist ein erneutes ausführen der *invoke* Methoden.

3.2 labVIEW

Nach öffnen der *Biogas_Plant.lvproj* Projektdatei kann die *main.vi* gestartet werden. Dies gelingt in LabVIEW über das kleine Pfeilsymbol in der Menüleiste, siehe Abbildung [11]. Nach dem Start sollte diese nicht mehr sichtbar sein.

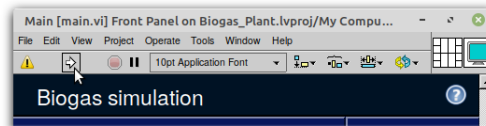


Abbildung 11: Starten der *main.vi* in LabVIEW.

Das Menü welches daraufhin erscheint ist dem Hauptmenü aus VRL sehr ähnlich. Alle Funktionen welche bereits zuvor für die VRL-Anwendung beschrieben wurden können in LabVIEW auf identische Art verwendet werden. Im Folgenden erläutern wir lediglich die einigen wenigen Unterschiede.

3.2.1 Auswahl der Anlagenstruktur

Die Anlagenstruktur wird im Unterschied zu VRL direkt im Hauptfenster ausgewählt. Es ist eine zusätzliche Registerkarte *Structure* zu finden in welcher vordefinierte Strukturen durch ein Drop-Down Menü angewählt werden können. Die Auswahl wird unmittelbar graphisch durch das entsprechende Blockdiagramm angezeigt, siehe Abbildung [12].

3.2.2 Struktureditor

Analog zu der *UserStructure* in VRL handelt es sich bei den Strukturen in LabVIEW ebenfalls um eigenständige Programme, hier in Form von *virtual instruments (*.vi)*. Die einzelnen Blöcke für die dazugehörigen Komponenten sind unabhängig voneinander implementiert, was ein einfaches Editieren von Strukturen erlaubt. Im Verzeichnis LabVIEW/LabView/editor ist ein zusätzliches Projekt

Biogas_Plant_Structure_Editor.lvproj

enthalten welches für diesen Zweck verwendet werden kann. Über das Template *STRUCT.vit* kann per Rechtsklick eine neue Struktur erstellt werden (*New from Template*). Das Blockdiagramm dieser neuen Struktur kann dann mit den Komponenten aus *Elements* versehen und in den *structures* Ordner gespeichert werden. Sie wird dann unmittelbar in der *Structure*-Registerkarte auftauchen.

3.2.3 Visualisierung

Der *BiogasPlotter* wird in LabVIEW mittels des Plot-Knopfes in der Kopfzeile aufgerufen. Die Auswahl der zu visualisierenden Komponente geschieht mithilfe der Icon-

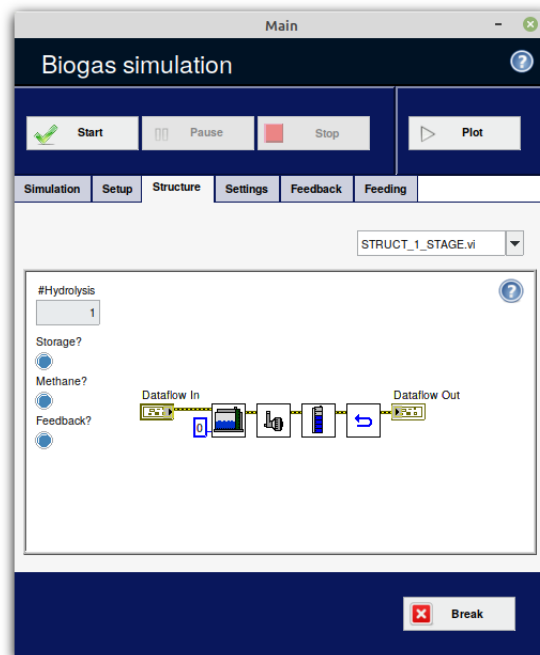


Abbildung 12: Auswahl der Anlagenstruktur in LabVIEW.

Symbole. Wird der Plot-Knopf betätigt, so öffnet sich in einem neuen Fenster das *BiogasDisplay*.

3.2.4 Beenden

Um die LabVIEW Anwendung nach Ausführung zu beenden kann der *Break*-Knopf verwendet werden. Dieser bricht (wie in VRL) jegliche aktuell laufende Simulation ab, wird hier allerdings auch zum normalen schließen der Anwendung verwendet.

⚠ Das Beenden kann in manchen Fällen einige Augenblicke dauern. Insbesondere ist dies der Fall wenn die Anwendung bereits lange im Betrieb war.

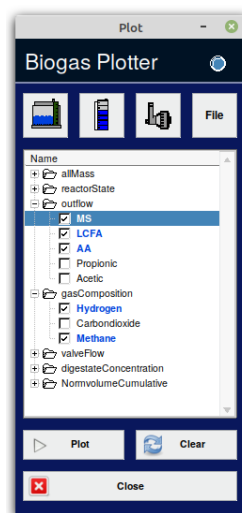


Abbildung 13: Der *BiogasPlotter* in LabVIEW.