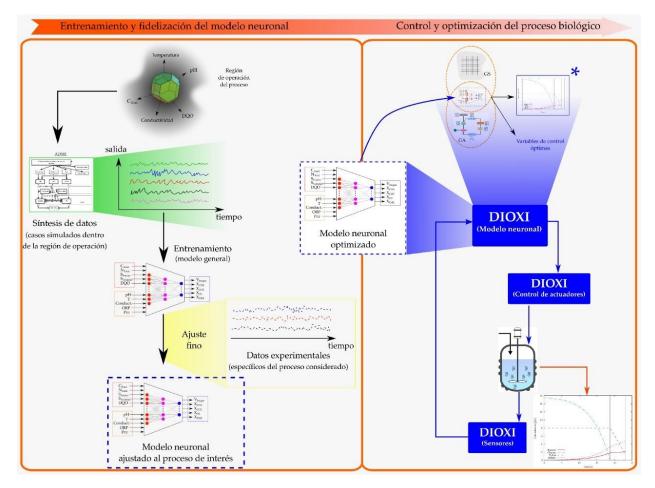
Modelo Neuronal



La propuesta que se esquematiza en la Figura consiste de 2 grandes etapas: i) entrenamiento de un modelo neuronal y fidelización del modelo para simular el proceso biológico de interés (izquierda); ii) control y optimización del proceso biológico (derecha). A su vez, la primera etapa está compuesta de 3 etapas: ia) generación de datos sintéticos para simular las diferentes condiciones de trabajo en las que puede operar el proceso biológico; ib) entrenamiento inicial del modelo neuronal; ic) ajuste fino del modelo para simular el proceso en condiciones reales.

El primer paso para la construcción del modelo neuronal consiste en la identificación del rango operativo para cada una de las variables que pueden alterar el proceso de biológico. Por ejemplo, identificar el rango en el que la temperatura y el pH pueden variar, así como las posibles variaciones en la composición de la alimentación. Estos valores permiten definir la zona de trabajo para el proceso biológico bajo análisis, y son utilizados por el modelo ADM1 para sintetizar los datos que se emplearán para entrenar el modelo neuronal general. En esta etapa se ajustan las especificaciones del efluente a procesar (ej. efluente de quesería, industria cervecera, etc), y se considera una única fuente.

El Modelo de Digestión Anaeróbica (ADM1 por sus siglas en inglés) es un modelo estructurado que representa sustratos complejos por sus principales componentes, e incluye múltiples pasos que describen los procesos bioquímicos y fisicoquímicos del proceso anaeróbico de biodegradación de

compuestos orgánicos complejos. El uso típico de este modelo se basa en el ajuste de sus parámetros para simular procesos reales. Sin embargo, este también puede emplearse como un modelo generativo (ia), produciendo series temporales de datos a partir de las codiciones iniciales que se especifiquen. En este sentido, ADM1 podría simular datos necesarios para entrenar modelos neuronales.

El entrenamiento del modelo neuronal general (ib) se realiza considerando los potenciales escenarios en los que podría estar operando el proceso biológico. La información con que se entrenará el modelo consiste de series temporales que describen la alimentación (carga orgánica, composición, etc), estado del proceso biológico (pH, T, etc), y producción (volumen de biogas, %SH2, etc). Dada la dependencia temporal de las variables en estos procesos, resulta adecuado contemplar el uso de modelos neuronales capaces de emplear información secuencial o dispongan de mecanismos de memoria. En este sentido, serían adecuadas arquitecturas basadas en redes recurrentes (tales como GRU, LSTM) o incluso modelos más complejos basados en Transformers, capaces de analizar la información temporal de múltiples fuentes e inferir la producción en uno o varios instantes de tiempo en el futuro. La incorporación de técnicas de dropout en inferencia también pueden incluirse para determinar intervalos de confianza en las estimaciones.

Una vez que se dispone del modelo general, el mismo fue entrenado para responder ante un amplio rango de condiciones, posiblemente mayor que el que encontrará en el funcionamiento diario. Para fidelizar la respuesta del modelo neuronal y mejorar las predicciones que realice (ic), el siguiente paso consiste en realizar un nuevo entrenamiento empleando datos experimentales obtenidos directamente del proceso que se busca modelar. Al igual que en el entrenamiento previo, el ajuste de parámetros del modelo se basa en un esquema de aprendizaje supervisado por los datos y aprendizaje basado en gradiente descendiente. El conjunto de datos disponibles se particiona en 3 conjuntos disjuntos que se emplean para tareas de entrenamiento, validación y testeo del modelo. El producto de esta etapa será un modelo neuronal capaz de predecir, con una elevada fidelidad, la respuesta del proceso biológico ante perturbaciones de las entradas. En caso de tratarse de efluentes complejos, compuestos por mezcla de efluestes de distintas fuentes, es posible emplear un ensamble de modelos ya aprendidos para los efluentes individuales. Esta estrategia permitiría reutilizar modelos ya generados con el objetivo de combinar las salidas para realizar la predicción. Pese a que existen sistemas de votación para generar los ensambles, el uso de un modelo neuronal adicional (podría considerarse un MLP, o nuevamente considerar modelos recurrentes que empleen información temporal, tal y como hacen las LSTM) sería capaz de aprender el esquema adecuado para combinar automáticamente las salidas.

Al finalizar todas las etapas mencionadas previamente, se dispone de un modelo neuronal optimizado para el proceso biológico de interés. Esto permite inferir in silico la respuesta del proceso biológico ante modificaciones en sus condiciones de operación. Asi, es posible predecir el efecto que tendrá, por ejemplo, la variación de temperatura sobre la variable de producción deseada (por ej. volumen de biogas producido en las próximas 24 hs). Claramente, esto habilita a explorar cómo deben modificarse las variables de control del proceso para maximizar los indicadores de productividad de interés. La exploración puede efectuarse empleando diferentes estrategias, como búsqueda en grilla (con barridos de granularidad predefinidos para los rangos de

las variables de control), optimización metaheurística (empleando codificaciones continuas y estrategias basadas en PSO o CMA-ES), o incluso métodos de optimización bayesiana.

En base a las posibilidades que ofrece el modelo neuronal entrenado, es posible considerar el funcionamiento de un sistema de control y optimización (ii) de la siguiente forma. Los sensores en línea ubicados en el bioreactor miden las variables de operación del sistema y alimentan al sistema que garantiza el control de las variables operativas en los parámetros predefinidos de funcionamiento. En caso de habilitar el sistema de optimización, las mediciones se alimentan al modelo neuronal para que explore el espacio de operación en busca de un conjunto de variable de control que maximicen la producción. En caso de identificar una posible optimización, los nuevos valores para las variables operativas son enviados a un sistema secundario que evalúa el costo de realizar las modificaciones y decide si realizar los cambios. Finalizado este paso se reinicia el ciclo y se deshabilitar el sistema de optimización hasta que sea requerido.

Diseño del DIOXI Cloud

Diseño en 3D de los módulos

A continuación, se muestras los planos explotados del Diseño de DIOXI Cloud disponible para la venta.

El cerebro de DIOXI consta de una computadora y una placa de desarrollo basada en microcontroladores Atmega con una arquitectura RISC, y a través de una API provee servicios a través de puerto serial. Actualmente, dicha API está escrita en lenguaje C++, que es por defecto el que provee el fabricante, dado que los microcontroladores AVR de Atmel fueron escritos en este lenguaje. Esto nos da la posibilidad de realizar:

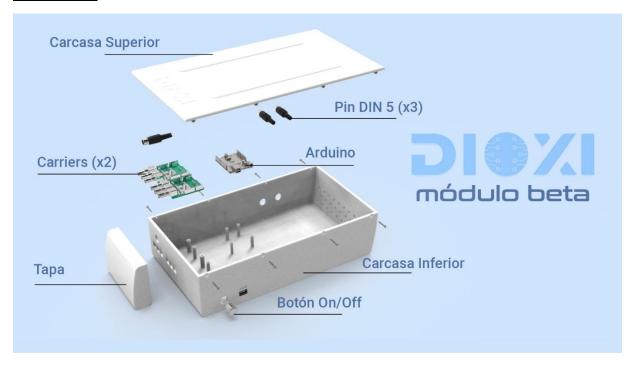
- i. Cambios de canal: cada sensor (pH, CH4, CO2, etc.) se comunica con DIOXI Cloud a través de un canal de información predefinido. Sin embargo, el sistema permite modificar este canal para adaptarlo a las necesidades del cliente.
- ii. Parámetros de configuración: es posible establecer, para cada sensor, una serie de parámetros que permiten indicar si se realizará una calibración, ajuste u otro tipo de servicio.
- iii. Lectura de datos: cada sensor posee una función "READ" que nos devuelve un valor del parámetro leído experimentalmente en ese momento, lo cual se usa para generar el registro de datos fisicoquímicos, que luego usará el algoritmo construido en DIOXI para simular y optimizar una determinada instalación de producción de biogás.
- iv. Activación/desactivación de Relés: esta función, que es controlada automáticamente por el microprocesador, utiliza canales adicionales para activar efectores mecánicos y/o electrónicos (e.g. bombas, resistencias, válvulas de gases, etc.) cuando un parámetro del proceso se encuentra fuera del rango óptimo (e.g. pH, T°, pO2, etc.) en el momento que el proceso de biodigestión lo requiera.

A continuación, se muestras imágenes explotadas que representan los planos del Diseño de DIOXI Cloud disponible para la venta.

Modulo Alfa



Modulo Beta



Modulo Gamma



Interface

La aplicación que controla los 3 módulos se desarrolló con ElectronJS, un framework para el desarrollo de aplicaciones de escritorio y que utiliza tecnologías webs (Javascript, HTML5 y CSS). Este Framework se apoya con el motor V8 de Google y en NodeJs, lo cual lo hace multiplataforma (Windows, Linux y Mac). Además, NodeJS provee librerías y servicios que facilitan la comunicación con la placa de desarrollo basada en microcontroladores Atmega (arquitectura RISC) a través del puerto Serie (Serial Port).

Esta aplicación provee una interfaz gráfica sencilla de manipular para el usuario. Además de ser responsiva y visualmente atractiva, su sencillez facilita la interpretación en tiempo real de la información para el seguimiento del proceso, y el envío rápido de comandos para controlar de forma ágil los parámetros clave del mismo.

El módulo de control de DIOXI brinda al usuario la posibilidad de conectar DIOXI con DIOXI Cloud. Para esto, las instalaciones deben contar con una conexión estable a internet.

Esta sincronización de DIOXI con DIOXI Cloud permite almacenar datos en la nube, así como también poder acceder a ellos en tiempo real y desde cualquier lugar, ya sea a través de la plataforma web o desde la aplicación móvil. Para poder conectar el dispositivo solo basta que el usuario se haga una cuenta en DIOXI Cloud y genere un token de acceso. Con dicho token, el usuario queda vinculado desde su dispositivo o PC para poder monitorear el proceso en línea. Y esta funcionalidad no requiere un ancho de banda excesivo, es decir, con una conexión 2G/3G es suficiente, ya que los datos, alertas, reportes y/o notificaciones son enviados y recibidos al servidor en formato JSON a través de una API privada.

A continuación, se muestran imágenes de la aplicación desarrollada:

