



**HAL**  
open science

# Etude des relations de cause à effet entre paramètres de fonctionnement, qualité des effluents et la communauté biologique dans une station d'épuration du type bioréacteur à membranes

Benoit Eock Belinga

## ► To cite this version:

Benoit Eock Belinga. Etude des relations de cause à effet entre paramètres de fonctionnement, qualité des effluents et la communauté biologique dans une station d'épuration du type bioréacteur à membranes. Sciences de l'environnement. 2010. hal-02594413

**HAL Id: hal-02594413**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02594413>**

Submitted on 15 May 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



## **Benoit Eock Belinga**

Rapport de stage – Master 2 mention : Gestions des Opérations et Aide à la  
Décision. Parcours : Outils Statistiques

### **Etude des relations de cause à effet entre paramètres de fonctionnement, qualité des effluents et la communauté biologique dans une station d'épuration du type bioréacteur à membranes**

Tuteurs de stage : Jacky Vedrenne et Sébastien Boutry  
Tuteur universitaire : Vincent Coullier

Période : Du 01/03/2010 Au 31/08/2010

Organisme d'accueil :  
Laboratoire : Cemagref, Groupement de Bordeaux  
Unité de Recherche « Réseaux, Epuration et Qualité des Eaux »  
50, Avenue de Verdun, 33612 Gazinet-Cestas.



# Rapport de stage de fin d'études



## Remerciements

Je remercie tout particulièrement M. Jacky Vedrenne et M. Sébastien Boutry, mes encadreurs de stage, pour m'avoir donné l'opportunité de pratiquer les statistiques et l'analyse de données dans un secteur très intéressant, la bio-indication de l'état écologique des boues de station d'épuration du type bioréacteur à membranes. Leurs conseils en biologie et/ou en biostatistiques, leur disponibilité et leur accompagnement m'ont été d'une aide précieuse.

Je remercie également mon responsable universitaire M. Vincent Couallier, Mlle Vanessa Kuentz et M. Yves Legat pour leur disponibilité, et leurs conseils tout au long de ce stage.

Enfin, je remercie toute l'unité de recherche «Réseaux et épuration des eaux» du Cemagref de Bordeaux pour son accueil, sa mise en confiance, sa disponibilité et sa bonne humeur, et particulièrement Mlle Fany Roussel.

## Résumé

La microfaune des stations d'épuration par boues activées est étudiée depuis quelques décennies. La diversité et la densité de celle-ci est souvent utilisées pour le contrôle de la performance dans les procédés de traitement classique. Depuis cette dernière décennie, un nouveau procédé d'épuration à membranes immergées dans les boues activées appelé bioréacteur à membranes (BRM) est en expansion. En raison de la configuration du système des BRMs, de nouveaux paramètres sont étudiés (AlphaC...). Un BRM a été suivi pendant une période de 18 mois ; une base de données a été construite à partir des données collectées lors de ce suivi. Les méthodes statistiques adaptées aux données multidimensionnelles telles que l'ACP et l'ACM ont été appliquées à ces données. Ces analyses ont permis de comprendre d'avantage les relations entre paramètres de fonctionnement, la microfaune. Les taxons identifiés dont les bio-indications étaient peu connues ont pu être améliorés tel que MICSPX (*Microthorax* sp.). Il a été démontré que la microfaune des bioréacteurs reste un indicateur de qualité des boues de ce BRM. Cette étude a également montré que l'application de l'indice SBI (Sludge Biotic Index, Madoni, 1994) utilisé dans les procédés classiques pour le contrôle de la performance reste limité dans ce BRM et que le SBI pourrait être un indicateur du pouvoir colmatant des boues.

**Abstract**

The microfauna treatment plants by activated sludge has been studied for several decades. The diversity and density of the latter is often used to control the performance in conventional treatment processes. Since the last decade, a new purification process in submerged membrane activated sludge membrane bioreactor called (BRM) is expanding. Due to the system configuration BRMs, new parameters are studied (AlphaC...). A BRM was followed for a period of 18 months; a database was constructed from data collected during this monitoring. The statistical methods adapted to multidimensional data such as the ACP and the ACM have been applied to these data. These tests have allowed us to understand the relationship between benefit parameters, the microfauna. The taxa identified, including bio-indications were not known have been improved as MICSPX (*Microthorax* sp.). It has been shown that the microfauna in bioreactors is an indicator of quality of sludge from the BRM. This study also showed that application of the SBI (Sludge Biotic Index Madonna, 1994) used in conventional processes for performance monitoring is limited in the BRM, and that the SBI could be an indicator of power plugging sludge.

		Déroulement du stage					
		1 <sup>er</sup> mois	2 <sup>e</sup> mois	3 <sup>e</sup> mois	4 <sup>e</sup> mois	5 <sup>e</sup> mois	6 <sup>e</sup> mois
1 <sup>ère</sup> Semaine	Accueil dans l'unité	Préparation des données en vue d'importation Dans la BD : (codification ....	Création des graphiques demandés sur access	Mise en place de L'ACP des taxons	Présentation et discussion des résultats de la critique du SBI	Rédaction du rapport (Compréhension du fonctionnement des BRM et bio indication)	
	Auto-formation sur les techniques d'Épuration des eaux		Présentation des correspondances entre les paramètres de fonctionnement				
				Reunion d'encadrement : Cemagref +Université			Présentation et discussions des premiers résultats de l'ACP des taxons
2 <sup>ème</sup> Semaine	Recherche Bibliographique sur la biomasse des BAM	Importation des données dans la BD	Réflexion sur les méthodes statistiques possibles	Mise en place de l'ACM des taxons	Amélioration des analyses et interprétation statistiques : Ajout de nouvelles variables...	Rédaction du rapport (Application et critiques du SBI)	
	Présentation des procédés Boues activées et BAM		Choix des méthodes statistiques	Présentation et discussions sur les premiers résultats de l'ACM des taxons			
3 <sup>ème</sup> Semaine	Formation en EndNote9 et R	Rencontre avec mon encadreur à l'université	Prétraitements Des données :(description des données, histogrammes...)	Rédaction du rapport d'avancement : prétraitements + analyses statistiques	Rédaction du rapport (synthèse bibliographie)	Préparation du PowerPoint pour la présentation des résultats à l'unité REBX du Cemagref	
	Construction de la base de données (BD) : Dictionnaire des données	Ajout d'autres données et tables dans la BD	Prétraitements Des données : Transformation				
	Observations microscopiques des boues	Interrogation de la BD « requetes »	Prétraitements Des données : découpage en classes Des variables	Mise en Place du SBI		Correction du rapport	
4 <sup>ème</sup> Semaine	Présentation des données à mon encadreur à L'université	Formulation des requetes demandés en mode création et en mode sql. Mises à jour des tables à travers de nouvelles modifications .	Prétraitements Des données : découpage en classes Des variables	Mise en place du SBI Et présentation des résultats	Rédaction du rapport : création de la base de données	Correction du rapport	
	BD : structure et relations entre des tables		Sélection des variables entrant dans les analyses statistiques	Définition de la critique du SBI, Mise en place de l'ACP et l'ACM des regroupements Pour la critique du SBI		Présentation des travaux à l'unité REBX	
						Fin du stage	

<b>I.</b>	<b>INTRODUCTION</b>	<b>10</b>
<b>II.</b>	<b>SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE</b>	<b>13</b>
<b>II.1</b>	<b>Introduction à l'étude de la microfaune et de la microflore des BRMs</b>	<b>13</b>
II.1.1	La théorie des boues activées	13
II.1.1.1	Principe de l'épuration	13
II.1.1.2	Biologie des boues activées	14
II.1.1.3	Les problèmes biologiques	14
II.1.1.4	Observation microscopique	14
II.1.2	Les procédés à membranes immergés	14
II.1.2.1	Spécificité des BRMs en comparaison avec les boues activées	15
II.1.2.2	La biologie des boues des BRMs	15
II.1.2.3	Les problèmes biologiques et le colmatage	15
<b>II.2</b>	<b>Synthèse des bactéries filamenteuses dans les BRMs</b>	<b>16</b>
II.2.1	Techniques d'analyse utilisées pour l'identification des bactéries filamenteuses	16
II.2.2	Identification des bactéries filamenteuses présentes dans les boues des BRMs	16
II.2.3	Quelques bio-indicateurs des bactéries et bactéries filamenteuses observées dans les BRMs	17
II.2.4	Conclusion	19
<b>II.3</b>	<b>Synthèse de la microfaune dans les BRMs</b>	<b>19</b>
II.3.1	Identification de la microfaune présente dans les boues des BRMs	19
II.3.2	Conclusion	21
<b>II.4</b>	<b>Conclusions de la synthèse et perspectives</b>	<b>21</b>
<b>III.</b>	<b>CRÉATION DE LA BASE DE DONNEES</b>	<b>24</b>
<b>III.1</b>	<b>Méthodes de collecte des données</b>	<b>24</b>
<b>III.2</b>	<b>Introduction à la conception de la base de données relationnelle sous Access</b>	<b>24</b>
<b>III.3</b>	<b>Compréhension et analyse du problème à informatiser</b>	<b>24</b>
<b>III.4</b>	<b>Création du dictionnaire des données</b>	<b>25</b>
<b>III.5</b>	<b>Structure de la base</b>	<b>26</b>
<b>III.6</b>	<b>Modèle conceptuel de données (MCD)</b>	<b>26</b>
<b>III.7</b>	<b>MPD sous Access</b>	<b>27</b>
<b>III.8</b>	<b>Préparation et importation des données dans la base</b>	<b>27</b>
<b>III.9</b>	<b>Création des requêtes et graphiques</b>	<b>28</b>
<b>IV.</b>	<b>ETUDE DES RELATIONS DE CAUSE A EFFET ENTRE, LES PARAMETRES DE FONCTIONNEMENTS, LES MICRO-ORGANISMES ET ENTRE LES PARAMETRES DE FONCTIONNEMENT ET LES MICRO-ORGANISMES DU BIOREACTEUR A MEMBRANE DU «BONO»</b>	<b>30</b>
<b>IV.1</b>	<b>Objectifs</b>	<b>30</b>
<b>IV.2</b>	<b>Matériels et Méthodes</b>	<b>30</b>
IV.2.1	Construction du tableau de données	30



IV.2.2	Choix des méthodes statistiques à appliquer aux données .....	32
IV.2.3	Prétraitements des données .....	33
IV.2.3.1	Transformation de données .....	33
IV.2.3.2	Découpage en classe des variables étudiées .....	33
<b>IV.3</b>	<b>Résultats et Discussions .....</b>	<b>34</b>
IV.3.1	Coefficients de corrélation entre les taxons (protozoaires) et les paramètres de traitement.....	34
IV.3.2	Coefficients de corrélation entre les différents paramètres de traitement.....	38
IV.3.3	Interprétation des résultats de l'ACP des taxons.....	39
IV.3.4	Conclusions des résultats de l'ACP des taxons.....	42
IV.3.4.1	Compréhension du fonctionnement des BRMs .....	42
IV.3.4.2	Bio-indication .....	43
IV.3.5	Interprétations et discussions des résultats de l'ACM des taxons .....	45
IV.3.6	Conclusions sur l'étude de la bio-indication dans la station du «Bono» .....	49
IV.3.7	Conclusion sur la compréhension du fonctionnement des BRMs .....	49
<b>V.</b>	<b>CRITIQUE DE L'APPLICATION DE L'INDICE BIOTIQUE DES BOUES DE MADONI DENOMME SBI POUR LE CONTROLE DES BOUES ACTIVEES DES BIOREACTEURS A MEMBRANES : LA STATION DU «BONO» .....</b>	<b>51</b>
V.1	Introduction .....	51
V.2	Facteurs clés et lecture de l'indice SBI.....	51
V.3	Détermination de l'indice SBI sur vingt échantillons de boues activées de la step du «Bono» .....	53
V.3.1	Identification et estimation de la microfaune .....	53
V.3.2	Interprétation des résultats de l'application du SBI sur les échantillons de la step du «Bono» .....	53
V.4	Critiques de la l'application du SBI sur les BRMs : cas du Bono .....	54
V.4.1	Interprétation de l'ACP des regroupements de taxons .....	55
V.4.2	Interprétation de l'ACM des regroupements de taxons.....	56
V.4.3	Conclusion de la critique de l'application du SBI au BRM du «Bono».....	58
<b>VI.</b>	<b>CONCLUSION GENERALE.....</b>	<b>59</b>
<b>VII.</b>	<b>REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES .....</b>	<b>60</b>
<b>VIII.</b>	<b>ANNEXES .....</b>	<b>62</b>



## **INTRODUCTION**

## I. INTRODUCTION

En France, les 5.6 milliards de m<sup>3</sup> d'eaux usées d'origine domestique sont traitées par 16100 stations d'épurations qui sont pour la plupart de taille moyenne à petite [Delrue, 2008]. Généralement celles-ci utilisent les procédés biologiques d'épuration dont majoritairement le procédé conventionnel par boues activées. Ce procédé consiste à développer une culture bactérienne dans un bassin alimenté en eau à traiter, en brassant suffisamment et en apportant l'oxygène nécessaire à la prolifération des micro-organismes dépollueurs.

Ces dernières années, les exigences de la législation concernant la qualité des eaux usées rejetées dans l'environnement sont devenues de plus en plus stricte, tandis que la pratique de la réutilisation des eaux usées s'est généralisée [Arévalo, et al., 2009]. Ces deux facteurs ont conduit à l'essor observé depuis les années 2000 en France d'une nouvelle technologie pour le traitement des eaux usées domestiques, appelée bioréacteur à membrane immergée (BRM) dans les boues activées.

La technologie des bioréacteurs à membranes est en partie similaire au traitement biologique classique par boues activées des procédés conventionnels mais la séparation entre boues activées et eaux traitées ne s'effectuent plus par un clarificateur mais à travers une membrane d'ultrafiltration [Delrue, 2008]. Les avantages sont nombreux comme une excellente capacité épuratoire, une rétention des matières en suspension, un gain d'emprise au sol, ou encore une rétention totale des bactéries et accrue pour les virus [Delrue, 2008].

Les communautés microbiennes dans les systèmes de traitement de type BRM remplissent des fonctions équivalentes à celles des microorganismes présents dans les boues activées classiques [Molina-Munoz, et al., 2009]. Toutefois, en raison de la configuration du système des BRM, il existe plusieurs différences inhérentes par rapport aux systèmes conventionnels [Arévalo, et al., 2009]. Tout d'abord, des concentrations plus élevées de la biomasse sont maintenues, à la suite d'un long temps de rétention des boues (SRT) [Arévalo, et al., 2009]. Cela signifie que le système fonctionne avec une faible charge massique, débouchant sur la production réduite de biomasse [Arévalo, et al., 2009]. D'autres différences importantes sont l'influence de la concentration élevée de la biomasse sur l'efficacité d'aération et les temps de rétention hydraulique hauts [Arévalo, et al., 2009]. Ces caractéristiques influencent les activités et la structure de la microfaune dans les boues [Molina-Munoz, et al., 2009].

Dans les systèmes conventionnels par boues activées, la microfaune des boues est bien connue comme un indicateur potentiel pour le contrôle opérationnel des installations de traitement biologique. En d'autres termes, à partir de l'étude de la microfaune (diversité et abondance), on peut évaluer et prévoir les performances des systèmes de boues activées classiques.

La diversité des espèces microbiennes dans les stations de traitement biologique des eaux usées est affectée par la composition des eaux usées (effluent d'entrée) et les paramètres environnementaux tels que le pH, la température, les conditions de traitement ou paramètres de fonctionnement (l'âge des boues, le recyclage des boues, le temps de rétention hydraulique (HRT), le niveau d'oxygène et la concentration de la biomasse) [Baek and Pagilla, 2009].

Dans le bassin d'aération des systèmes de traitement biologique un vrai réseau trophique est établi entre les différents groupes de microfaune [Madoni, 1994]. En effet, les micro-organismes sont en compétition permanente pour se nourrir. Les relations de concurrence et de prédation créent des oscillations et la succession de la population jusqu'à ce que la stabilité soit atteinte [Madoni, 1994].

Enfin, dans les procédés conventionnels par boues activées et les BMRs, des correspondances entre certains paramètres de fonctionnement sont connues et/ou soupçonnées.

Avec ces points à l'esprit, l'objectif principal du travail présenté est l'étude des corrélations entre les paramètres de fonctionnement, les paramètres physicochimiques et les différentes espèces de microfaune ou microflore présentes dans les BRMs. Afin d'appréhender leur évolution dans les BRMs.

Quatre bioréacteurs à membranes ont été suivis au cours de campagnes d'échantillonnage de 18 mois par l'équipe épuration du Cemagref (Cf. Annexe). Les données collectées lors du suivi d'une des stations d'épuration, ont permis la réalisation de cette étude. Parallèlement l'indice biotique des boues (SBI) de Madoni « communément » utilisé pour le contrôle du fonctionnement des stations d'épuration par boues activées classiques a été appliqué à cette station avec pour objectif de réaliser une critique de l'applicabilité de cet indice dans les BRMs.

Ce travail comprend quatre parties :

- Une synthèse bibliographique de la microfaune et des bactéries filamenteuses observées dans les BRMs et éventuellement leurs bio-indications.
- La création d'une base de données sous Access dans le but d'optimiser l'exploitation des données recueillies lors du suivi.
- L'étude des corrélations entre : les paramètres de traitement (fonctionnement et physicochimique), les taxons, et entre les taxons et les paramètres de traitement
- Enfin, la critique de l'applicabilité de l'indice biotique des boues « SBI » pour le contrôle des boues activées dans les BRMs.



## **SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE**

## II. SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

### II.1 INTRODUCTION A L'ETUDE DE LA MICROFAUNE ET DE LA MICROFLORE DES BRMS

Dans cette synthèse bibliographique, nous ferons dans un premier temps une étude comparative des deux procédés : boues activées classiques et BRMs. Dans un deuxième temps nous allons faire une synthèse de la communauté biologique (bactéries filamenteuses, protozoaires et métazoaires) observée dans les boues des BRMs ainsi que leurs bio-indications éventuelles.

#### II.1.1 La théorie des boues activées

##### II.1.1.1 Principe de l'épuration

La pollution biodégradable représente une masse de nourriture importante pour de nombreux organismes vivants. Ces organismes très petits, de l'échelle du micromètre pour les bactéries. 10 à 400  $\mu\text{m}$  pour les protozoaires et 100 à 10 000  $\mu\text{m}$  pour les métazoaires. Celles-ci ont besoin de nourriture et surtout d'air ( $\text{O}_2$ ). Ayant tous ces éléments (pollution, oxygène, convives) pour épurer l'eau, il ne manque que le restaurant c'est-à-dire la station d'épuration. Il faut prévoir une salle, à savoir le bassin d'aération, dans laquelle on mettra en contact intime ces organismes vivants, la pollution et l'oxygène. Prévoir également un salon où nos convives pourront se reposer tranquillement afin de se séparer de l'eau épurée : ce sera le décanteur secondaire ou le clarificateur. Ces deux ouvrages, bassin d'aération et clarificateur, constituent les éléments de base du procédé d'épuration par boues activées.

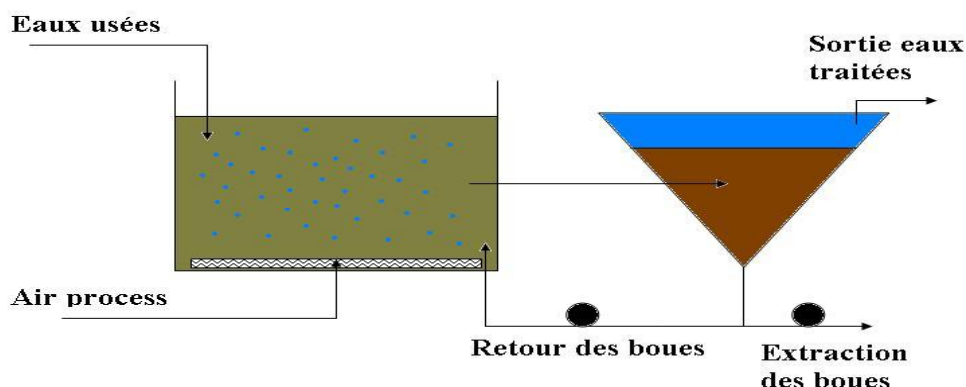


Figure 1: Principe du procédé classique boues activées

En résumé, le principe de l'épuration par boues activées est de transformer la pollution contenue dans les eaux usées sous forme de boues biologiques (décantable) que l'on pourra séparer de l'eau épurée au niveau du clarificateur.

L'efficacité et la fiabilité de l'épuration restent étroitement dépendantes du bon déroulement de la phase de décantation, celle-ci constituant, en effet, le dernier maillon de la chaîne de traitement avant le rejet au milieu naturel.

### II.1.1.2 Biologie des boues activées

La boue activée est constituée de l'ensemble « floc-eau interstitielle ». Le floc désigne un agglomérat composé de particules (ou débris) diverses (végétales, animales, minérales) et de colonies bactériennes accompagnées d'une microfaune (protozoaires et métazoaires) [CNFME, 2007].

Les bactéries peuvent se développer selon trois types de croissance :

Dispersée : les bactéries sont libres les unes par rapport aux autres dans le liquide interstitiel.

Floculée : les bactéries sont regroupées en amas, très souvent autour d'un support organique ou minéral (le floc).

Filamenteuse : lors de la multiplication cellulaire, la séparation des cellules mère et fille n'a pas lieu en totalité, les cellules mère et fille restent en contact [CNFME, 2007].

La microfaune est composée d'individus microscopiques nommés protozoaires et métazoaires. Ces organismes participent à l'élimination des bactéries libres qui constituent leurs proies et à la cohésion du floc par leurs déjections [CNFME, 2007].

### II.1.1.3 Les problèmes biologiques

Les principaux dysfonctionnements que connaissent les stations sont essentiellement liés à un excès de bactéries filamenteuses provoquant :

- Le foisonnement : mauvaise décantation de la boue suite à une augmentation du volume des floccs.
- Le moussage : formation d'une couche épaisse de mousse en surface des ouvrages provoquant des contraintes d'exploitation.

Les causes sont bien souvent d'origines multiples (Conception, exploitation, composition de l'effluent ...) [Vedrenne, 2007].

### II.1.1.4 Observation microscopique

L'étude microscopique des boues activées est indispensable pour faciliter la compréhension du fonctionnement d'une station d'épuration. Ainsi l'observation microscopique des micro-organismes des boues donne des indications sur la qualité des boues et du traitement et peut révéler rapidement d'éventuelles anomalies de fonctionnement.

### II.1.2 Les procédés à membranes immergées

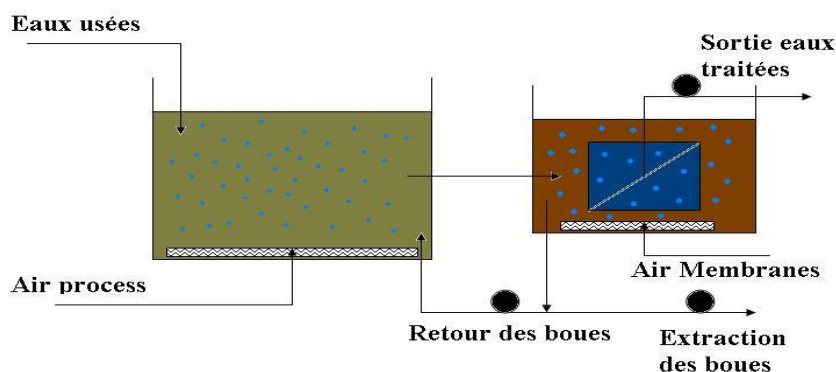


Figure 2 : Principe du procédé à membranes immergées

### II.1.2.1 Spécificité des BRMs en comparaison avec les boues activées

L'intérêt de ces procédés réside pour l'essentiel dans la très bonne qualité des eaux traitées et dans la réduction de l'emprise au sol de l'installation (absence de clarificateur).

Les procédés membranaires sont des réacteurs de boues activées fonctionnant généralement à très faible charge massique ( $C_m$ ), d'où des âges de boues élevés, et dont la séparation floc/liquide interstitiel s'effectue par microfiltration au travers de membranes de très faible porosité : entre 0,1 et 0,4 micromètre [CNFME, 2007]. Outre l'absence de décanteur secondaire, ils se différencient des procédés conventionnels par la concentration de la biomasse maintenue dans un réacteur qui peut atteindre des valeurs trois à cinq fois supérieures en MES [CNFME, 2007]. Par contre les mécanismes biologiques mis en jeu sont sensiblement équivalents à ceux des boues activées en aération prolongée [CNFME, 2007].

Le principal problème rencontré dans l'utilisation de ces nouveaux systèmes est le colmatage des membranes. Il en existe deux sortes :

- le colmatage externe, lié à la formation d'un gâteau de boue à la surface des membranes, est géré pour certains procédés par une injection d'air à la base des modules de filtration.
- Le colmatage interne est géré soit par des retro-lavages à l'eau épurée et complété si nécessaire à l'aide des réactifs de type hypochlorite de sodium ou de soude [CNFME, 2007].

### II.1.2.2 La biologie des boues des BRMs

Les BRMs permettent un temps de rétention des boues très long (SRT), taux de matières en suspension (MES) élevé et une faible charge massique en raison de la présence des membranes, ont été jugés plus avantageux que le système boues activée classique en terme de stabilité du système et de compacité, notamment pour la nitrification [Li, *et al.*, 2006]. Ces caractéristiques font que la flore microbienne responsable du processus d'épuration dans les systèmes BRMs est très différente de celle trouvée dans les systèmes conventionnels [Arévalo, *et al.*, 2009]. L'étude de cette flore microbienne peut améliorer notre compréhension et le contrôle du processus de BRM. La microfaune présente est similaire à celle rencontrée dans les procédés à boue activée conventionnels [CNFME, 2007].

### II.1.2.3 Les problèmes biologiques et le colmatage

Les bactéries filamenteuses peuvent être présente dans ces réacteurs mais ne gênent en rien l'étape de filtration [CNFME, 2007]. Contrairement au foisonnement, les mousses doivent être traitées (évacuation ou élimination), car ils pourraient avoir pour conséquence un colmatage biologique des membranes [CNFME, 2007]. Mais un obstacle majeur à l'application des BRMs est la diminution rapide du flux de perméabilité à la suite d'encrassement de la membrane [Meng, *et al.*, 2007].



## II.2 SYNTHÈSE DES BACTÉRIES FILAMENTEUSES DANS LES BMRS

Comment faire fonctionner efficacement les systèmes de BMR reste un sujet de recherche en raison de l'absence d'informations suffisantes sur le développement de la structure des communautés microbiennes dans les MBRS pendant la nitrification [Li, et al., 2006]. Le développement récent de techniques de biologie moléculaire et des méthodes de chimio taxonomie a permis l'analyse des structures des communautés microbiennes mais aussi d'acquies une base plus solide pour l'ingénierie de leur contrôle [Li, et al., 2006].

### II.2.1 Techniques d'analyse utilisées pour l'identification des bactéries filamenteuses

Aucune méthode n'est cependant suffisante pour fournir une vue d'ensemble des structures complexes de la communauté microbienne des systèmes de traitement biologique des eaux usées [Li, et al., 2006]. Les techniques les plus rencontrées dans ma recherche bibliographique sont :

- La PCR-DGGE est une analyse moléculaire de fragments d'ADN de même longueur. Mais les résultats de cette technique peut être faussés par la préparation de l'échantillon [Li, et al., 2006].
- Fluorescence in situ hybridization (FISH), c'est la plus populaire des analyses par sonde moléculaire. Cette analyse est basée sur la conception d'oligonucléotides (un petit morceau d'ADN) marqués par fluorescence [Baek and Pagilla, 2009].
- Clé de détermination d'Eikelboom I et II, est une méthode basée sur un examen microscopique des boues activées dont l'auteur est Eikelboom. Un total de onze caractéristiques sont déterminées afin d'identifier les micro-organismes filamenteux [Eikelboom, 2000]. comprenant l'identification des caractéristiques physiologiques et morphologiques des filaments. [You and Sue, 2009].

Dans plusieurs études, une combinaison d'au moins deux des techniques d'analyse ci-dessus a été utilisée pour déterminer la structure des communautés microbiennes dans les bioréacteurs à membranes. Le type d'identification utilisé dans cette étude est la clé détermination d'Eikelboom. En effet cette clé est couramment utilisée depuis des années et présente l'intérêt d'être réalisable en quelques heures contrairement aux autres techniques moléculaires utilisables qui nécessite plus de temps et de matériels. Au vu des différents sujets de recherche d'actualités s cette clé est délaissée au profit de l'identification moléculaire.

### II.2.2 Identification des bactéries filamenteuses présentes dans les boues des BRMs

Les recherches bibliographiques sur les bactéries filamenteuses nous ont conduits à plusieurs articles dont les thèmes sont généralement basés sur l'étude de la communauté microbienne responsable de la performance de nitrification des BRMs et sur celle des bactéries filamenteuses responsables du moussage pouvant entrainer le colmatage biologique des BRs. Dans l'article « Bactéries filamenteuses dans le moussage d'un bioréacteur à membrane [You and Sue, 2009] », les différentes bactéries filamenteuses identifiées selon les trois techniques décrites précédemment sont à voir dans le tableau 1 ci-dessous. Toutes ces bactéries filamenteuses ont été identifiées par l'équipe épuration du Cemagref de Bordeaux grâce à la technique d'Eikelboom.

**Tableau 1: Récapitulatif des bactéries filamenteuses identifiées à partir des 3 techniques d'analyse et l'observation basée sur l'échantillon cultivé [11]**

shape	FISH	PCR-DNA sequencing	Eikelboom	Isolats	
Actinobacteria	HGC	Gordonia amarae	Microthrix parvicella	25	
	HGC	Gordonia desulfuricans	Type 1851	16	
	HGC	Gordonia paraffinivorans	Microthrix parvicella	8	
	HGC	Gordonia hirsute	Microthrix parvicella	4	
	HGC	Corynebacterium variabile	Type 0041	1	
				Subtotal	54
Rod	or	Non-HGC	Cytophaga sp.	Type 0092	6
Coccus		Non-HGC	Cytophaga sp. SA1	Type 0092	3
		Non-HGC	Uncultured <i>Cytophaga</i> sp.	Flexibacter	5
		Non-HGC	Sphingobacterium multivorum	Haliscomenobacter hydrossis	2
				Subtotal	16

### II.2.3 Quelques bio-indicateurs des bactéries et bactéries filamenteuses observées dans les BRMs

Un bio-indicateur est un organisme vivant dont la présence, l'absence ou l'état renseigne sur les caractéristiques d'un écosystème ou permet d'en évaluer les altérations. Ainsi donc les bio-indicateurs sont utilisés pour la surveillance d'un environnement.

Face au dysfonctionnement biologique des stations d'épuration en général et des BRMs en particulier, la bio-indication peut permettre, au travers de l'observation microscopique, « d'anticiper un dysfonctionnement biologique et/ou d'en diagnostiquer les causes. Elle peut permettre aussi d'orienter les stratégies d'exploitation et/ou les traitements curatifs » [Vedrenne, 2007].

Les études menées sur les bactéries filamenteuses dans le but de caractériser l'état écologique des boues des BRMs sont nombreuses mais très peu ont permis de déterminer leurs bios indications. Ainsi, l'étude sur les bactéries filamenteuses d'un bioréacteur à membrane moussant [You and Sue, 2009] a révélé la dominance de certaines bactéries filamenteuses dans cette station.

Il se pourrait donc qu'ils soient responsables du moussage dans ce BRM. les bactéries filamenteuses prédominantes dans le processus de moussage du BRM sont des Actinomycetes, Nosotcoida limicola III, Microthrix parvicella, Eikelboom type 1851, Eikelboom type 0041, Gordonia et Cytophaga [You and Sue, 2009].

Une autre étude sur les «performances de nitrification et la dynamique des communautés microbiennes dans un bioréacteur à membrane immergée avec une rétention des boues complète [Li, et al., 2006] », a conclu que « les bactéries nitrifiants représente seulement 10% environ du total des bactéries dans ce BRM ; Nitrosomonas sp et Nitrospira sp ont respectivement été confirmées par la méthode FISH comme genres dominants et responsables de la concentration en ammoniacque et en nitrates respectivement [Li, et al., 2006].»

Enfin dans l'étude de l'«effet du temps de rétention hydraulique sur l'encrassement de la membrane et les caractéristiques de la biomasse dans les bioréacteurs à membrane immergée[Meng, et al., 2007]», plusieurs constats ont été mentionnés :

- Le faible temps de rétention hydraulique (HRT) pourrait entraîner une croissance excessive de bactéries filamenteuses en suspension dans les boues [Meng, et al., 2007].
- Les bactéries filamenteuses ont eu un impact considérable sur les performances des systèmes BRMs, car elles conduisent à plus de libération des EPS, à une viscosité plus élevée des boues et à une forme irrégulière des floes [Meng, et al., 2007].
- Les bactéries filamenteuses ont un fort impact sur l'encrassement de la membrane [Meng, et al., 2007] .

Par ailleurs cette étude cite d'autres articles où l'on a constaté que : « la croissance de certaines bactéries filamenteuses comme Sphaerotilus et hydrossis haliscomenobater est favorisée par des concentrations relativement faible en oxygène dissous (DO). Il a également été signalé que d'autres bactéries filamenteuses, comme par exemple Microthrix parvicella, poussaient sur une large gamme de concentration de DO [Meng, et al., 2007].

De façon générale, les conditions de fonctionnement des BRMs, SRT élevé et faible charge massique fournissent des conditions favorables pour le développement de bactéries filamenteuses, qui ont été associées à la formation de floes de plus grande taille. « Toutefois il convient de noter que lorsque les valeurs de SRT sont élevées, la présence d'exo polysaccharide est réduite »[Arévalo, et al., 2009]. Cela expliquerait la présence de bactéries dispersées et la diminution de la taille des floes, en dépit du niveau élevé de bactéries filamenteuses [Arévalo, et al., 2009]. Une autre considération est que l'excès de bactéries filamenteuses dans le BRM peut conduire à des problèmes comme la stratification et la perte de biomasse (masse de matière vivante) [Arévalo, et al., 2009].

## II.2.4 Conclusion

Les bactéries sont des espèces majoritaires dans les boues des stations d'épuration, environ  $10^{12}$  individus/LBA (LBA = 1 litre de boue activée). L'identification des bactéries dans les BRMs a montré que la population des bactéries filamenteuses dans les échantillons issus des réacteurs de traitement des eaux usées (BRM + Boues activées classiques) reste identique.

## II.3 SYNTHÈSE DE LA MICROFAUNE DANS LES BRMs

La majorité des études sur les micro-organismes présents dans les boues des BRMs porte essentiellement sur la flore microbienne et très peu sur l'identification de la microfaune (protozoaires et métazoaires). Est-ce parce que ces bactéries sont considérées par certains auteurs comme responsables du principal suivi nécessaire aux BRMs, à savoir le colmatage des membranes ?

### II.3.1 Identification de la microfaune présente dans les boues des BRMs

La technique utilisée pour l'identification et l'estimation du nombre de protozoaires et de métazoaires est le comptage microscopique à partir de plusieurs échantillons de boues. Les caractéristiques des organismes de la microfaune sont :

- des individus de grandes tailles par rapport aux bactéries,
- espèces libres nageant dans le liquide interstitiel, brouteur ou fixe au floc (notion de niche écologique),
- bactériophage (bactéries libres ou à la surface du floc) et assimilateurs de la matière organique dissoute [Vedrenne, 2007].

La microfaune est composée essentiellement des protozoaires et des métazoaires. Les protozoaires et surtout les métazoaires sont rarement présents dans la communauté microbienne des BRMs [Baek and Pagilla, 2009]. De plus il se pourrait que l'aspiration des membranes ou la recirculation des boues cisaille la microfaune ce qui a des conséquences négatives sur l'identification de certaines espèces. Aux fortes valeurs de cisaillement, aucun vorticelle, ni rotifères n'ont été détectés par l'examen microscopique régulier [Baek and Pagilla, 2009].

L'étude sur l'applicabilité de l'indice biotique des boues SBI dans un BRMs a mis en relation les conditions opérationnelles d'une station d'épuration et les espèces qui s'y trouvent. L'indice SBI a été conçu pour le contrôle de la qualité de traitement des stations boues activées classiques et est basé sur la microfaune observée dans celle-ci. [Arévalo, et al., 2009]. L'expérimentation s'est fait en deux phases I et II. Les conditions opérationnelles du BRM dans de chaque phase sont résumées dans le tableau suivant.

**Tableau 2 : caractéristiques des boues activées pour les deux différentes phases expérimentales [Arévalo, et al., 2009]**

Paramètres	unité	Phase I	Phase II
SRT	Jours	25	35
Température	°C	$17.9 \pm 1.1$	$24.7 \pm 1.47$
MES	g/l	$5.89 \pm 0.23$	$7.35 \pm 0.156$
HRT	Heures	30	30
Cm		0.074	0.063

Les résultats des analyses menées sur la biomasse afin d'identifier la microfaune présente pendant les deux phases de l'expérience sont répertoriés dans le tableau ci-dessous.

**Tableau 3 : La fréquence et la prédominance des protozoaires et petits métazoaires des boues activées du MBR [Arévalo, et al., 2009]**

Classification	Taxon	Phase I		Phase II	
		Fréquence (%)	Prédominant (%)	Fréquence (%)	Prédominant (%)
<b>Petits flagellés</b>		100		100	63
<b>Larges flagellés</b>	Peranema spp.	14		37	
<b>Ciliés nageurs libres</b>	Colpoda spp			12	
	Pseudochilodonopsis fluviatilis			12	12
	Uronema spp.			25	
	Paramecium spp.	14			
	Not identified			87	
<b>Ciliés rampant</b>	Aspidica turrata			12	
	Aspidica cicada	86	71	62	
	Acineria uncinata			37	
	Chilodonella uncinata			50	
	Trochilia minuta			25	12
<b>Ciliés attachés</b>	Vorticella convallaria	43		50	12
	Vorticella microstoma			100	
	Vorticella infusionum	86	14	75	
	Opercularia	14		12	
	Epistiyis spp.	14		12	
	Carchesium spp.			12	
<b>Ciliés Carnivores</b>	Coleps hirtus	43	14	37	
	Tokophrya spp.	14		37	
	Litonotus	100		100	
<b>Petits metazoaires</b>	Rotifers	71		100	

D'après le tableau ci-dessus, on peut constater que les conditions opérationnelles ont une influence sur la densité et la diversité de la microfaune. De plus tous les taxons protozoaires identifiés ont été également observés par l'équipe épuration du Cemagref/Bordeaux lors des suivis des BRMs

Bio-indication de la microfaune observées dans les BRM

La plupart des espèces identifiées ci-dessus dans le BRM ont leurs bio indication connu dans le procédé conventionnel des boues activées [JEAN-PIERRE CANLER, 1999]. Pour ce qui est des BRMs, la bio-indication de certaines espèces a été esquissée dans certains articles.

Dans l'expérience précédente, la disparition de l'espèce dominant (ciliés attachés) pendant la phase I (SRT=25 jours) a été motivée par un échec dans le processus d'oxygénation [Arévalo, et al., 2009]. Au même moment, l'espèce *C. hirtus* est devenue l'espèce dominant. Donc *C. hirtus* pourrait être bio indicateur de l'oxygénation incorrecte du BRM.

### II.3.2 Conclusion

Globalement la microfaune présente dans les BRMs est identiques à celles présentent dans les systèmes classiques. L'absence à un moment donné des espèces telles que les rotifères et les vorticelles est surtout due aux conditions hydrodynamiques (force de cisaillement) du BRM d'après [Xing, et al., 2001].

## II.4 CONCLUSIONS DE LA SYNTHÈSE ET PERSPECTIVES

L'utilisation de la technologie BRM s'est développée à travers le monde, particulièrement dans la dernière décennie. Cette augmentation rapide de la demande a été en partie due à l'augmentation substantielle dans la recherche consacrée aux technologies de BRM.

Les études comparatives aux procédés conventionnels essentiellement sur la qualité de traitement des eaux usées, et l'analyse du phénomène du colmatage ont fait l'objet de nombreuses recherches. Les conclusions et corrélations établies généralement en unité pilote permettent de mettre en évidence :

- une excellente qualité de traitement des effluents par les BRMs (concentration de la DCO<sub>B</sub> de sortie et concentration en NH<sub>4</sub> de sortie 2 à 3 fois plus faibles que dans les systèmes conventionnels),
- corrélation entre bactéries (dispersées et filamenteuses) et le colmatage biologique des membranes,
- les conditions opérationnelles ont une influence sur la densité et la diversité de la microfaune d'un BRM

Alors que la plupart des projets de recherche portent sur des problèmes comme l'encrassement de membrane et le blocage, moins d'attention a été accordée à d'autres lignes d'enquêtes telles que :

- la détermination du processus biologique. Même lorsque des études sur les microorganismes des boues de BRM sont faites elles s'attardent essentiellement sur la microflore (bactéries filamenteuses),
- l'identification de la microfaune des BRMs et l'étude des corrélations entre celle-ci et les paramètres opérationnels.

Ces observations nous ont conduit à étudier l'influence de la microfaune et de la microflore sur la qualité de traitement de l'effluent de sortie dans un BRM. Trois axes ont été privilégiés :

- le premier axe de recherche sera de confirmer les relations connues entre respectivement les paramètres opérationnels et les taxons dans un bioréacteur à membrane et de mettre si possible en exergue de nouvelles.
- Le deuxième objectif sera de rechercher les relations permettant de déterminer les conditions opérationnelles favorables ou défavorables au développement des espèces observées dans le BRM suivi.
- Enfin, répondre à la question : est-il possible de prédire à partir de l'étude de la microfaune la qualité de traitement de l'effluent dans le BRM suivi ? Afin d'y répondre, un indice biotique connu dans les procédés classiques (SBI) sera appliqué au BRM et critiqué.



## **CRÉATION DE LA BASE DE DONNEES**



### III. CRÉATION DE LA BASE DE DONNEES

#### III.1 METHODES DE COLLECTE DES DONNEES

Dans le cadre de l'évaluation des BRM par le Cemagref, des suivis continus sur plusieurs mois ont été effectués sur la station d'épuration du «BONO» (BMR avec membrane planes, 7000 Equivalent Habitant, Effluent = ERU = Eaux Résiduelles Urbains).

Deux types de données y ont été recueillis :

- des données journalières provenant des capteurs mis en place par le Cemagref. Ce sont essentiellement les paramètres physicochimiques des effluents d'entrée et de sortie de la step ainsi que les paramètres de fonctionnement,
- des données ponctuelles provenant des observations microscopiques des échantillons de boues activées prélevées à un moment donné.

#### III.2 INTRODUCTION A LA CONCEPTION DE LA BASE DE DONNEES RELATIONNELLE SOUS ACCESS

L'idée d'une base de données relationnelle est de répartir les données collectées dans plusieurs tables et créer des connexions, des points communs, des liens, des relations entre chacune d'elles [David]. Pour y parvenir sous Access, nous avons procédé par quatre étapes :

- Construire un modèle conceptuel de données et un modèle physique des données. C'est-à-dire faire les plans de la base de données pour savoir où placer les informations afin que chaque table corresponde à un thème.
- Traduction du modèle physique de données obtenues dans Access.
- Préparation et importation des données dans la base ainsi créée.
- Création des requêtes et graphiques [David].
- 

#### III.3 COMPREHENSION ET ANALYSE DU PROBLEME A INFORMATISER

Les données collectées étaient stockées dans deux tableaux Excel : un tableau faunistique, et un tableau paramètre de fonctionnement. Les informations concernant la taxonomie des micro-organismes étaient stockées dans un autre tableau Excel tandis que celles concernant leurs bio-indications éventuelles étaient dans des manuels ou revues scientifiques. On pouvait également noter une redondance des informations dans ces fichiers. Bref, on peut dire qu'il n'existait pas de vision globale des relations entre les données (manque de structuration, éclatement de l'information, manque de souplesse dans la manipulation des données).

Le but était de concevoir une base de données relationnelle afin :

- d'améliorer l'organisation antérieure des informations (éviter la redondance des champs et lignes),
- de faciliter l'extraction des données ainsi que leur agrégation, pour produire une information synthétique
- et d'obtenir des données standardisées (notation).

Quelques exemples de tâches automatisées sur cette base de données :

- le calcul des moyennes, des minima et des maxima des variables suivis visualiser dans un même graphique leurs distributions
- la construction des graphiques « biplots » de deux variables
- le nombre d'individus par taxon/LBA
- le nombre d'individus par taxon/gMVS
- le nombre de taxons/catégories de protozoaires (holotriches, peritriches...)
- le nombre de taxons/LBA/protozoaires
- visualiser sur un même graphique l'évolution holotriches/MES, holotriches/MVS et holotriches/LBA.

### III.4 CREATION DU DICTIONNAIRE DES DONNEES

Cette étape consiste à : faire la liste exhaustive des données élémentaires (champs), créer dans la base et indiquer pour chaque champ son type (texte, logique, date, etc.) et sa taille en nombre de caractères.

Il est important de noter que les données élaborées n'apparaissent pas dans ce dictionnaire car elles sont obtenues par un calcul réalisé à partir des données élémentaires.

Le tableau ci-dessous représente une partie du dictionnaire des données de la base « faunistique et paramètres de fonctionnement ».

**Tableau 4 : quelques informations du dictionnaire des données**

	Rubriques- Champs	Type	Taille	Description- Règle de calcul
1	cd_station	numérique	10	Code postale
2	nom	texte	20	Nom de la step
3	constructeur	Texte	25	Nom du constructeur
4	eh	numérique	25	Equivalent Habitant
5	type_membrane	Texte	15	
6	porosité_membrane	numérique	20	
7	date_mise_en_service	Numérique	4	Année de mise en service
8	adresse	texte	50	
9	effluent	Texte	10	Type d'eaux usées traitées
10	date_operation	Date/Heure		jj/mm/aaaa
11	cd_operation	numérique		Code par station et par date
12	opérateur	Texte	20	Nom de l'opérateur du Cemagref
13	cd_mesure	numérique		Numéro du prélèvement
14	cd_bassin	numérique		Code du bassin où à lieu le prélèvement
15	cd_fiche	numérique		Numéro de la fiche d'observation
16	nbre_lame_comptage	numérique		Nombre de lames comptées
17	grossissement	numérique		Grossissement pendant le comptage
18	surface_comptage	numérique		Surface de la lame de comptage
19	profondeur_champ	numérique		Profondeur de la lame de comptage
20	facteur_multiplicateur	numérique		
21	cd_taxon	Texte	6	Code de l'individu observé, constitué des 3 premières lettres du genre et de l'espèce
22	comptage	numérique		Nombre fois un individu est observé

### III.5 STRUCTURE DE LA BASE

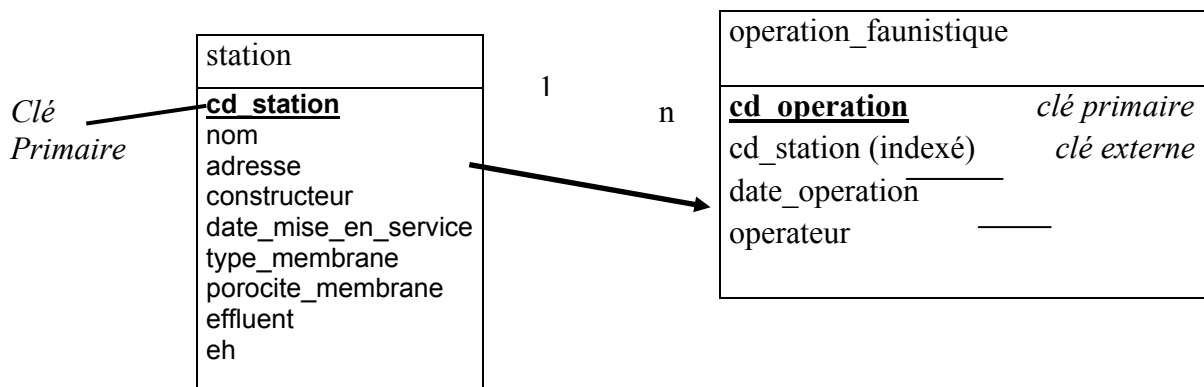
Certains champs du dictionnaire ont été regroupés dans une même table ou entité. Ainsi, nous avons organisé les données du dictionnaire des données en 14 entités ou tables. On peut citer par exemple : Les informations concernant les step, les taxons, la bio indication des taxons, l'observation macroscopique, l'observation microscopique et celles concernant la fiche d'observation.

### III.6 MODELE CONCEPTUEL DE DONNEES (MCD)

Cette étape consiste :

- à relier deux entités, et à qualifier par un « verbe » leur relation,
- à définir les champs clé primaire et clé externe,
- à définir les cardinalités.

La représente ci-dessous est un exemple de MCD.



La clé primaire est encore appelée champ identifiant de l'entité, et reçoit un contenu différent pour chaque enregistrement. Il est destiné à empêcher les doublons dans une table.

Pour mettre en relation la table **station** et la table **operation\_faunistique** nous avons ajouté le champ **cd\_station** à la table **operation\_faunistique**. Ainsi dans la table **operation\_faunistique** le champ **cd\_station** est appelé clé externe.

Les cardinalités des tables sont les suivantes :

- une station peut faire l'objet d'une ou plusieurs (**1** ou **n**) opérations faunistiques (identification des micro-organismes)
- une opération faunistique concerne uniquement une seule station (**1** ou **n**)

Pour définir le sens de la cardinalité, le raisonnement adopté est le suivant : une station peut exister sans qu'on y fasse des opérations. Inversement, il ne peut y avoir d'opération sans station. En conséquence la table **station** est la table de départ (table mère) et la table **operation\_faunistique** table d'arrivée (table fille). Ainsi la flèche indique le sens de la relation qui va de la table mère à la table fille [David].

Ce modèle (MCD) a été complété en reliant à chaque fois une nouvelle table. Lorsque toutes les tables sont associées, le modèle ainsi obtenu est appelé Modèle Physique des Données (MPD).

### III.7 MPD SOUS ACCESS

Sous Access, une table est un réservoir structuré de stockage de données. Nous avons traduit le MPD sous Access à l'aide des assistants (création de table + créer une nouvelle relation) et obtenu au final le schéma suivant :

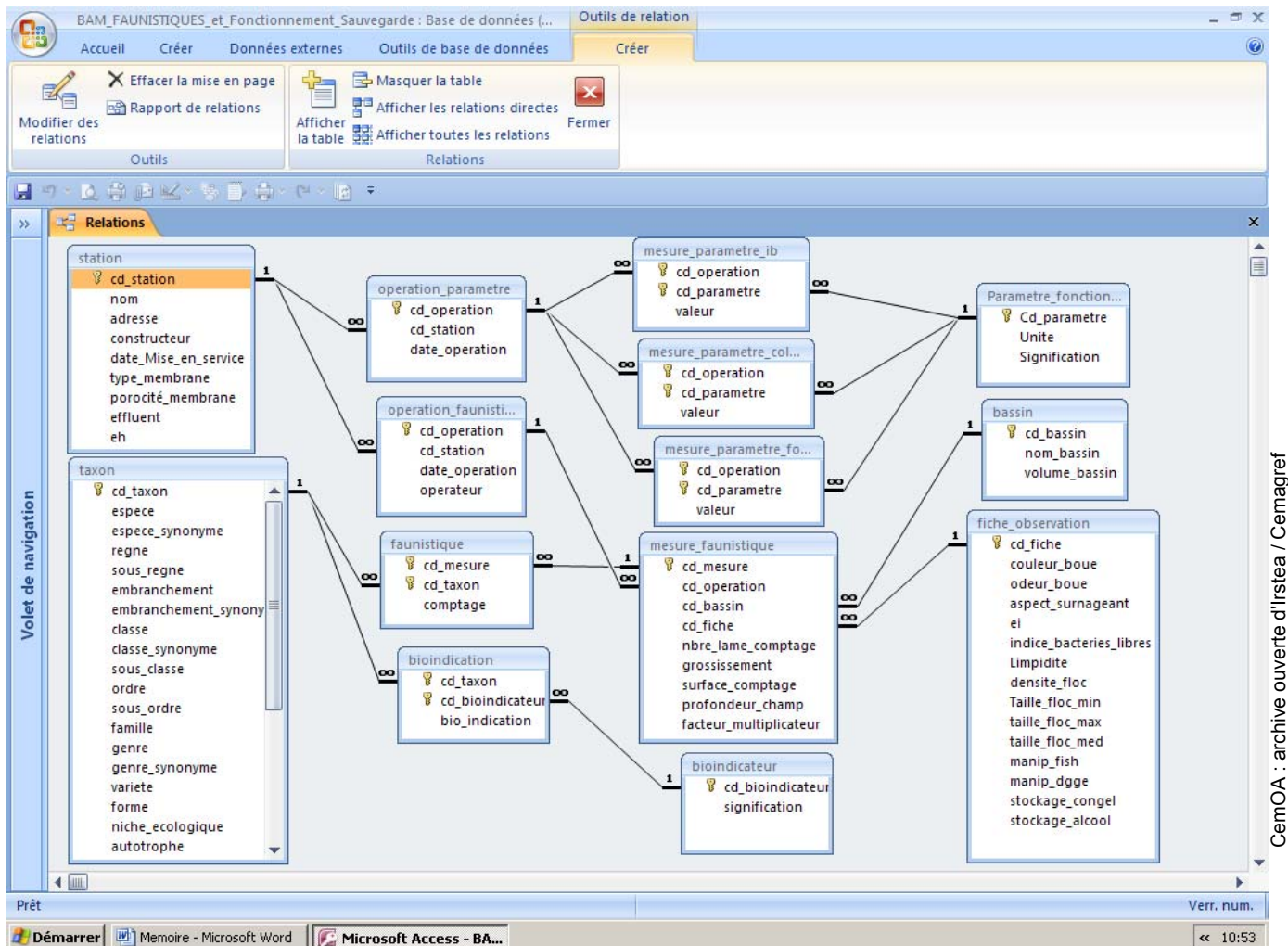


Figure 3: Modèle Physique des Données sous Access

### III.8 PREPARATION ET IMPORTATION DES DONNEES DANS LA BASE

Une table est une structure tabulaire où les champs sont représentés en colonne et les enregistrements constituent les lignes [David]. La préparation des données en vue de leurs importations dans la base à consister dans un premier temps à regrouper dans une feuille Excel toutes les données nécessaires à chaque table créée. En suite à l'aide des algorithmes (langage R, cf. annexe), nous avons construit des tables avec une structure tabulaire c'est-à-dire prête à l'importation sur Access. Mais avant l'importation, il a fallu aussi, trouver des noms de code aux différents paramètres et taxons.

Enfin à l'aide de l'assistant d'importation d'Access, nous avons pu remplir notre base. Exemple de table remplie de données :

cd_operation	cd_parametre	valeur
1	MVSj_step	10,01800957
1	O2_Aerj_BA	2,305756829
1	O2_Aerj_CM1	2,2
1	O2_Aerj_CM2	2,2
1	O2_presj_BA	23,16477917
1	pH_moyj_BA	6,740798927
1	pH_moyj_ZANO	7,412087997
1	T_Aerj_membr	11
1	T_ANOj_BA	0,835220833
1	T_passj_ZANO	0,077031589
1	T°C_BA	13,24443243
1	Ts_ZANOj	1,848758136
1	Tsh_stepj	1,763151689
2	A_Dyn	72
2	A_PB	73,2977659
2	C_out_DCOB	19
2	C_out_NH4	28,23
2	C_out_NO3	0,75
2	CH_in_DCOB	404,670104
2	CH_in_MES	113,9782006
2	Cm_DBO5	0,022380619
2	Masse_Fecl3	6,4
2	MESj_BA	12,57995556
2	MESj_step	13,5448034
2	MVSj_BA	9,582152117

Figure 4: présentation d'une table sur Access

### III.9 CREATION DES REQUETES ET GRAPHIQUES

La requête est l'outil principal d'interrogation d'une table [David]. Pour créer celles-ci, nous avons procédé de deux manières : avec l'assistant requête ou avec le langage SQL (cf. annexe). Les graphiques ont été obtenus à l'aide l'assistant graphique croisé dynamique (cf. annexe).



**Etude des Relations de cause à effet entre, les paramètres de traitement, les micro-organismes, les différents paramètres de traitement et les micro-organismes du bioréacteur à membrane du «Bono»**

#### **IV. ETUDE DES RELATIONS DE CAUSE A EFFET ENTRE, LES PARAMETRES DE FONCTIONNEMENTS, LES MICRO-ORGANISMES ET ENTRE LES PARAMETRES DE FONCTIONNEMENT ET LES MICRO-ORGANISMES DU BIOREACTEUR A MEMBRANE DU «BONO»**

##### **IV.1 OBJECTIFS**

Des recherches sur les modalités de la colonisation et la succession de la population dans les boues activées ont révélé les effets déterminant de l'état de l'environnement dans le bassin d'aération sur la communauté des ciliés établis [Madoni, *et al.*, 1993]. De manière générale, l'analyse bibliographique a mis en évidence l'influence des paramètres physico-chimiques et les conditions opérationnelles sur la microfaune et la microflore des boues activées classiques.

Concernant les bioréacteurs à membranes, les études présentées dans la littérature donnent des résultats intéressants mais restrictifs. Ces études s'intéressent en effet uniquement à des corrélations potentielles entre la microflore et le phénomène de colmatage et la très bonne nitrification observée dans les BRMs. D'autre part, Il existe des corrélations établies entre les différents paramètres de fonctionnement des stations d'épurations par boues activées. En raison de la configuration du système des BRMs, de nouveaux paramètres sont étudiés parmi lesquels, l'AlphaC, la perméabilité, la vitesse de colmatage..., ainsi que de nouvelles correspondances (voir en annexe 2 le tableau de correspondances entre paramètres de fonctionnement sur les BRMs).

L'objectif est donc de confirmer ou d'infirmer l'existence de toutes ces corrélations potentielles, d'en révéler de nouvelles si elles existent, et ce à partir des données issues de la station d'épuration de Le Bono.

##### **IV.2 MATERIELS ET METHODES**

###### **IV.2.1 Construction du tableau de données**

La collecte des données à différentes dates a permis d'obtenir deux principaux groupes de variables :

- Un tableau de données faunistique regroupant les estimations par litres de boues activées des effectifs de la microfaune observés par code taxon (espèce) et les estimations des abondances observées par modalité et par code taxon des bactéries filamenteuses.
- Un tableau sur les paramètres de fonctionnements des différents bassins de la station.

La sélection des paramètres de fonctionnement entrant dans l'étude s'est faite sur la base de leurs influences connues ou soupçonnées par l'équipe épuration et de la bibliographie. Ainsi, sur près d'une soixantaine de paramètres de fonctionnements mesurés, seuls 23 ont été retenus pour notre étude. Pour les taxons seuls ceux qui ont été observés au moins trois fois lors des 20 observations microscopiques des boues ont été retenues pour nos analyses statistiques. Soit un seuil de fréquence supérieur ou égal à 15%, ce qui fait un total de 23 taxons. Enfin, huit taxons de bactéries filamenteuses fréquemment rencontrés ont été également sélectionnés pour nos analyses.

Notons également que les paramètres de fonctionnement ont été mesurés pendant la période allant du 1er janvier 2008 jusqu'au 30 septembre 2009 (soit 555 jours) et que, pendant cette même période 20 observations ponctuelles de la biomasse ont été effectuées.

Les pas de temps de collecte de données des 2 sous-échantillons sont donc différents. C'est pourquoi, constituer un échantillon final à partir des deux sous-échantillons nécessite une harmonisation de ces pas de temps. De plus, étant donné que les données étudiées sont des données temporelles, l'échantillon final sera par conséquent un tableau à double entrée où les n lignes (individus) du tableau correspondent aux vingt dates de mesures faunistiques et les p colonnes (variables) correspondent aux taxons et aux paramètres de fonctionnements. Il reste maintenant à déterminer les valeurs à consigner dans le tableau de données.

Pour chaque variable taxon, les valeurs à consigner dans ce tableau correspondent aux comptages effectués pendant les vingt observations microscopiques.

Pour les variables paramètres de traitement, il faut prendre en compte le fait que les mesures de ces variables aux dates de prélèvement d'échantillons de boues dans la step n'expliquent pas la biomasse observée. En effet la concentration d'une espèce à une date donnée dépendrait de quelques phénomènes que sont : le taux de croissance et de mortalité de l'espèce à partir de certains temps (jours) avant la date de prélèvement, et la moyenne d'extraction de boues pendant la même période. En outre, le nombre de jours au minimum séparant deux prélèvements de boues est de sept jours. Finalement c'est cette dernière contrainte qui sera prise en compte afin de ne pas avoir à éliminer des dates de prélèvement (échantillon). Ainsi nous allons donc consigner dans le tableau de données pour chaque paramètre de fonctionnement son « résumé » sur une semaine avant la date de prélèvement (donc d'observation microscopique).

En visualisant l'évolution de tous les paramètres de fonctionnement retenus sur une semaine avant la date de prélèvement des boues, nous avons constaté à des moments donnés des pics et des chutes des courbes de distribution de la majorité des paramètres, traduisant un système dynamique comme le montre la figure ci-dessous.

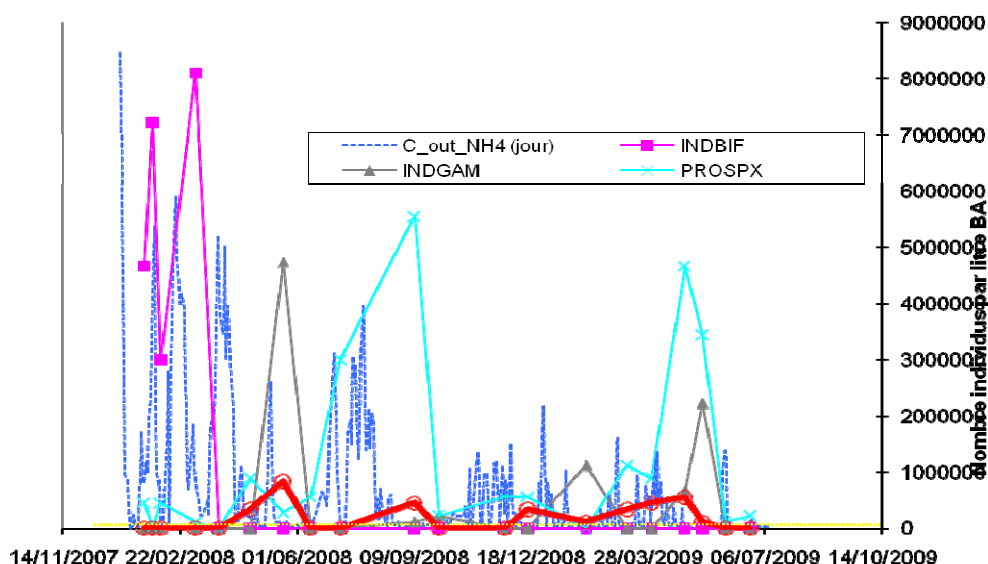


Figure 5 : Evolution de quelques paramètres étudiés



De plus d'après la littérature, la plupart de changement de groupe d'espèces dominant dans un bassin d'aération est surtout lié aux changements brusques des conditions opérationnelles et donc aux fluctuations des valeurs des paramètres de fonctionnement. Ainsi nous avons utilisé la moyenne pour « résumer » chaque paramètre car celle-ci est sensible aux valeurs extrêmes.

#### IV.2.2 Choix des méthodes statistiques à appliquer aux données

Le tableau de données est un tableau où  $n$  points sont décrits dans un nuage à  $p$  dimensions. Afin de révéler l'existence de corrélation potentielle entre les paramètres de fonctionnements et la communauté biologique, plusieurs techniques multi-variées d'exploration peuvent être utilisées. Celles-ci sont particulièrement adaptées pour le traitement des données de grande taille contenant des dimensionnalités élevées. Les méthodes les plus courantes sont notamment l'analyse en composantes principales (ACP), l'analyse des correspondances multiples (ACM), et l'analyse canoniques des correspondances (CCA). Nous avons choisi deux méthodes : l'ACP et l'ACM.

L'ACP est une méthode factorielle qui s'applique à des tableaux rectangulaires dont les  $p$  colonnes sont des variables à valeurs numériques (ou continues) et dont les  $n$  lignes représentent les individus et les variables dans l'espace de dimension inférieure à l'espace originel, tout en limitant au maximum la perte d'information, c'est-à-dire en maximisant l'inertie. L'inertie est une notion mécanique mais en tout point équivalent ici à la notion statistique de variance. Elle est liée à la notion de dispersion dans l'espace d'un nuage de points munis de poids. Ainsi, si les individus ont des poids égaux, la direction de la grande inertie d'un nuage de points est sa direction de plus grand allongement. [Baccini, 2007]

Pour trouver le nouveau sous espace minimisant la perte d'information, on cherche à définir  $k$  nouvelles variables, combinaison linéaire des  $p$  variables de l'espace initial. Ces  $k$  variables sont appelées composantes principales et les axes qu'elles déterminent, axes factoriels principaux. L'histogramme des valeurs propres donne le pourcentage d'inertie et le pourcentage cumulé pour chaque axe. Ce dernier pourra être utile afin de choisir le nombre d'axes factoriels à retenir, même si pour une visualisation du nuage de points on se contentera souvent du premier plan factoriel [Baccini, 2007].

Deux familles de graphiques, ou de nuage de points, constituent les résultats de base de l'ACP. Associées aux lignes et aux colonnes des tableaux d'origine, elles illustrent respectivement la typologie des individus et celles des variables. Nous nous intéresserons plus particulièrement au nuage des variables ou cercles de corrélation

Le cercle de corrélation sur le plan 1-2, par exemple, permet de visualiser :

- Les coefficients de corrélations entre les variables et les deux premiers facteurs : la corrélation entre un facteur et une variable est la coordonnée de cette variable sur l'axe associé.
- La qualité de la représentation des variables sur le plan principal. Le coefficient de corrélation multiple entre une variable et les deux premiers facteurs est égal à la longueur de la projection du vecteur variable sur le plan. Plus la variable est proche du cercle de corrélation (sa longueur est proche de 1), mieux elle est représentée dans le plan factoriel.

- Les corrélations entre les variables deux à deux (linéaires uniquement) ; on considère les variables qui sont proches du cercle de corrélation. La corrélation est directement liée à l'angle formé par les deux variables : un angle de 0° traduit une corrélation positive absolue des variables, un angle de 90° une indépendance et un angle de 180° une corrélation négative absolue.

L'Analyse des Correspondances Multiples (ACM) a pour objectif de résumer un tableau de données où les individus sont décrits par des variables qualitatives. L'Analyse des Correspondances Multiples permet donc d'étudier les ressemblances entre les individus du point de vue de l'ensemble des variables et dégager des profils d'individus [Baccini, 2007]. Elle permet également de faire un bilan des liaisons (mêmes non linéaires) entre variables et d'étudier les associations de modalités (Démarche que nous utiliseront dans cette étude). Enfin tout comme l'ACP, il est possible de caractériser les individus ou groupes d'individus par les modalités des variables.

Nous avons commencé l'analyse de nos données par une ACP afin de mettre en évidence les corrélations linéaires existantes entre nos variables quantitatives, puis nous avons appliqué une ACM afin d'étudier les relations éventuelles entre ces variables transformées en variables qualitatives.

Etant donné que l'ACP et l'ACM ne permettent pas toujours d'étudier la corrélation entre deux variables, du fait que les deux variables ne soient pas bien représentées simultanément sur aucun des plans factoriels issus de ces méthodes. Nous allons donc compléter nos analyses par des tests du Khi-deux d'indépendance lorsque les variables sont qualitatives et la détermination des coefficients de corrélations de Pearson lorsqu'elles sont quantitatives.

Le coefficient de corrélation de Pearson permet d'étudier l'existence de relation entre deux variables tandis que le test du khi-deux d'indépendance permet de tester l'indépendance de deux variables qualitatives.

### **IV.2.3 Prétraitements des données**

#### **IV.2.3.1 Transformation de données**

D'après les histogrammes des variables quantitatives brutes (cf. annexe), les distributions des fréquences de la plupart des variables étudiées sont asymétriques. Par exemple celles des taxons sont fortement asymétriques à droite. Cela est dû au fait que les classes représentant les valeurs faibles (zéro à quelques individus) sont surreprésentées par rapport aux autres classes. Afin d'atténuer ce déséquilibre, nous avons normalisé les données à travers la transformation logarithmique des valeurs ( $x' = \ln(x+1)$ ).

#### **IV.2.3.2 Découpage en classe des variables étudiées**

Le codage en classe des variables quantitatives nous permet de transformer nos variables étudiées en variables qualitatives afin d'appliquer l'ACM à notre jeu de données.

L'abondance des taxons (protozoaires) a été quantifiée grâce aux signes suivants : absent (-), rares (+), peu fréquent (++) , fréquent (+++) , très fréquents (++++). Ainsi la répartition de la population des protozoaires exprimée en catégories d'abondance est à voir en annexe.

Afin d'éliminer les modalités rares (comme le préconise les prétraitements à effectuer dans une ACM), une ventilation a été effectuée pour toutes les variables qualitatives ainsi obtenues, cela a consisté à effectuer des regroupements naturels de certaines modalités car toutes nos modalités sont ordonnées. Un autre prétraitement également préconisé a été effectué. Il a consisté à ne retenir que des variables ayant deux ou trois modalités dans le tableau de données de l'ACM.

Pour les paramètres de fonctionnement, nous avons choisi de construire des classes de même effectif pour chaque paramètre. Nous avons également opté pour trois classes par variable au lieu de cinq comme il avait été établi par la règle de YULE, afin d'éviter d'obtenir des variables avec trop de modalités que d'autres (taxons). Voir en annexe le tableau de découpage en classes des paramètres de fonctionnement. Les prétraitements ont été réalisés à l'aide du logiciel R

### IV.3 RESULTATS ET DISCUSSIONS

Le tableau de données est du type : Individus-Variables quantitatives et qualitatives. Les individus sont les 20 observations, les variables quantitatives sont les 23 taxons et les 23 paramètres de fonctionnement sélectionnés. Les variables qualitatives sont les 8 bactéries filamenteuses sélectionnées. Ces dernières seront considérées comme variables illustratives dans notre analyse.

La démarche d'interprétation des résultats tout au long de cette partie de l'étude est la suivante :

- Nous commencerons par l'analyse de la matrice des corrélations de Pearson issues du tableau de données.
- Ensuite une interprétation des résultats de l'ACP des taxons sera effectuée
- Enfin une interprétation des résultats de l'ACM des taxons et si cela est nécessaire, des tests du khi-deux d'indépendances seront effectués.

Ces méthodes ont été appliquées à l'aide du logiciel XLSTAT.

#### IV.3.1 Coefficients de corrélation entre les taxons (protozoaires) et les paramètres de traitement

L'étude des coefficients de corrélation entre les taxons (protozoaires) et les paramètres de fonctionnement montre :

- Les valeurs les plus élevées pour les coefficients de corrélation ont été trouvées entre les taxons INDMOB, PSESPX, TRAPUS et les paramètres de fonctionnement de la station d'épuration tels que le temps de séjour hydrauliques et les durées d'anoxie dans les bassins de traitement, l'aération (BA+CM) et la recirculation des boues dans le bassin d'aération et la formation des nitrates. En fait l'abondance de ces espèces a été associée à l'oxygène dissous (O2\_Aerj\_BA) bas, à des hautes valeurs de durées d'anoxie (Ts\_ZANOj), temps d'aération membranaire (T\_Aerj\_membr), et à des faibles valeurs de temps de séjours hydrauliques (Tsh\_stepj) et de la quantité de boues recirculées dans le BA (R\_BA).
- Les mêmes corrélations ont été observées pour les taxons INDMOC, BODANG, MICSPX, OICSPX, INDBIF et INDGAM, même si leurs coefficients de corrélations sont moins élevés.

D'autre part, les taxons TRAPUS et PSESPX et d'autres taxons tels qu'ANCSPX, PROSPX, VORBIG et INDGAM ont été associés à une très bonne qualité de l'effluent de sortie de la station d'épuration. C'est-à-dire des valeurs faibles de concentration de  $\text{NH}_4$  ( $C_{\text{out\_NH}_4}$ ) et DCO<sub>b</sub> ( $C_{\text{out\_DCO}_b}$ ) de sortie.

-En revanche, les taxons INDMOB, MICSPX, INDBIF, EPIROT, VORPET et VORBIG sont corrélés significativement (Pearson) aux caractéristiques des effluents d'entrées. En effet certains de ces espèces ont été associés à des valeurs faibles d'ajout de chlorure de fer ( $\text{Masse\_FeCl}_3$ ) et de pH, à des valeurs élevées de matières en suspension ( $\text{MES}_j_{\text{BA}}$ ) et de charge massique ( $\text{Cm\_DBO}_5$ ) dans le BA.

-Enfin, les taxons SUCIND, BODSAL, ANISPX, BODSPX, MICSPX, TRAPUS, PSESPX, INDPAM et EPIROT sont corrélées significativement (Pearson) aux paramètres de colmatage des membranes. En effet, ces espèces ont été associées à des faibles valeurs de viscosité et d'AlphaC, et à des valeurs élevées ou faibles de pression transmembranaire.

Le tableau ci-dessous montre les liens entre les 40 taxons et les 23 paramètres opérationnels du BRM « Lebono », où les valeurs  $> 0,680$  sont les plus importantes ( $P < 0,001$ ) bien que les valeurs  $> 0,562$  sont également très significatives.



Tableau 5 : Coefficients de corrélation entre les taxons et les paramètres de traitement à partir de la matrice de Pearson de l'ACP.

Variables	C_out NH4	C_out NO3	Cm DBO5	Masse FecI3	MESJ_BA	O2 Aerj BA	pH moyj BA	T Aerj membr	T ANOj BA	T°C BA	Ts ZANOj	Tsh_stepj	AlphaC	TM RM1 ba	Visco	IB BA	EJj_ZANO	Out_DCOj t	Ext	R BA	R CM	C_Out_COT	A_EXT7
ACISPX	-0,188	-0,167	-0,257	-0,070	-0,072	0,010	-0,173	-0,146	0,342	0,190	-0,004	0,312	-0,089	0,035	-0,022	-0,303	0,115	0,339	-0,098	-0,003	0,124	0,404	0,217
ANICSPX	-0,110	<b>0,476*</b>	0,301	0,377	<b>-0,507*</b>	0,342	<b>-0,499*</b>	0,418	0,238	-0,362	<b>0,474*</b>	-0,249	0,187	<b>0,505*</b>	0,142	-0,051	0,195	<b>-0,503*</b>	<b>-0,446*</b>	<b>-0,645**</b>	-0,373	<b>-0,545*</b>	0,203
ANISPX	0,002	-0,353	-0,167	0,115	0,258	-0,390	0,270	-0,237	-0,096	0,231	0,187	0,184	0,134	<b>-0,593**</b>	-0,177	-0,153	0,111	-0,053	-0,145	0,063	-0,145	-0,035	0,111
ARCSPX	0,414	0,024	<b>-0,540*</b>	0,057	<b>0,490*</b>	-0,190	0,432	0,186	0,035	-0,108	-0,011	-0,197	0,191	0,047	0,226	0,296	-0,184	-0,183	0,069	0,024	-0,013	-0,004	0,039
ASPCOS	0,326	-0,216	0,167	-0,101	<b>0,449*</b>	-0,291	0,363	-0,068	-0,399	-0,286	<b>-0,461*</b>	-0,263	0,184	-0,185	-0,108	0,157	-0,176	-0,238	0,048	0,283	<b>0,470*</b>	-0,125	-0,073
BODANG	-0,359	<b>0,659**</b>	0,368	0,182	<b>-0,523*</b>	<b>0,528*</b>	-0,236	<b>0,670**</b>	0,403	<b>-0,513*</b>	0,429	<b>-0,449*</b>	-0,059	<b>0,695***</b>	-0,088	-0,086	0,163	-0,302	-0,162	<b>-0,483*</b>	<b>-0,530*</b>	-0,229	0,102
BODGLO	-0,247	-0,171	0,053	0,173	-0,159	-0,011	-0,249	-0,195	-0,314	0,304	-0,062	0,214	0,120	0,070	0,144	-0,138	-0,087	0,136	-0,243	0,028	0,113	0,077	0,394
BODSAL	0,028	-0,125	0,144	0,053	-0,135	0,021	-0,216	-0,124	-0,136	0,149	-0,311	0,156	<b>-0,457*</b>	0,048	-0,113	-0,187	0,143	0,411	-0,239	0,247	0,247	0,303	0,309
BODSPX	-0,310	-0,164	-0,272	-0,027	0,248	-0,188	0,131	-0,156	-0,098	0,248	0,101	0,146	0,365	<b>-0,458*</b>	-0,013	-0,055	0,131	-0,104	0,146	-0,020	0,098	0,051	0,003
CHLSPX	0,224	-0,059	0,212	0,102	-0,228	0,141	-0,069	-0,184	-0,228	-0,068	0,028	0,153	-0,408	-0,078	-0,362	-0,127	0,117	0,211	-0,190	0,159	-0,213	0,063	-0,044
EPIROT	-0,165	0,385	<b>0,520*</b>	0,395	<b>-0,519*</b>	<b>0,492*</b>	<b>-0,533*</b>	0,286	-0,117	-0,219	-0,062	-0,141	-0,390	<b>0,464*</b>	0,032	-0,397	0,443	0,234	-0,385	-0,157	0,084	-0,077	0,294
EUGSPX	-0,266	-0,040	0,077	0,051	-0,224	0,205	-0,281	-0,176	-0,160	0,222	0,142	0,308	-0,222	-0,278	-0,167	-0,295	0,148	0,035	0,189	-0,125	0,046	-0,145	-0,292
EUYSPX	0,085	-0,107	-0,196	-0,397	<b>0,499*</b>	-0,392	<b>0,496*</b>	-0,058	-0,153	0,240	-0,198	-0,102	0,076	<b>-0,444*</b>	0,007	0,337	0,156	0,002	0,403	0,136	0,324	0,084	-0,228
INDBIF	<b>0,581**</b>	0,125	-0,021	-0,262	<b>0,579*</b>	-0,113	<b>0,600**</b>	0,322	-0,340	<b>-0,488*</b>	<b>-0,570**</b>	<b>-0,620**</b>	0,016	0,265	0,153	<b>0,615**</b>	<b>-0,447*</b>	<b>-0,278**</b>	<b>0,449*</b>	0,192	<b>0,521*</b>	-0,065	-0,348
INDGAM	<b>-0,555*</b>	0,178	0,348	0,226	<b>-0,525*</b>	0,223	-0,427	0,043	0,024	0,242	<b>0,450*</b>	0,157	-0,117	-0,215	-0,152	-0,320	0,201	-0,080	-0,478*	-0,208	-0,116	-0,089	
INDHOB	-0,423	-0,054	0,272	0,056	-0,442	0,338	<b>-0,600**</b>	-0,222	0,170	0,050	-0,189	0,286	-0,243	0,332	-0,163	<b>-0,458*</b>	0,131	<b>0,478*</b>	-0,312	0,279	0,005	0,205	0,384
INDMOA	-0,311	0,407	0,260	0,141	-0,406	0,100	-0,391	0,430	<b>0,479*</b>	-0,057	0,433	-0,197	-0,004	0,215	0,255	-0,171	0,175	-0,151	0,073	<b>-0,459*</b>	-0,410	-0,237	-0,187
INDMOB	0,426	<b>-0,493*</b>	-0,347	<b>-0,553*</b>	<b>0,492*</b>	<b>-0,786***</b>	<b>0,653*</b>	-0,304	0,256	0,254	-0,021	0,131	0,262	-0,441	-0,068	0,196	0,113	0,146	0,182	0,127	0,069	0,361	-0,178
INDMOC	0,054	-0,320	-0,139	-0,369	0,043	<b>-0,496*</b>	-0,113	-0,207	<b>0,514*</b>	0,217	-0,080	0,204	0,146	-0,018	0,180	-0,107	0,026	0,311	0,050	0,029	0,132	0,434	-0,017
INDPAM	0,020	0,399	0,428	0,436	-0,304	<b>0,479*</b>	-0,437	0,384	-0,216	-0,401	-0,267	-0,326	-0,224	<b>0,536*</b>	0,274	-0,136	-0,089	-0,065	-0,191	-0,036	0,221	-0,218	0,127
INDTHE	-0,314	-0,106	0,292	-0,025	-0,264	0,091	-0,352	-0,224	-0,411	0,240	-0,109	0,213	-0,215	-0,030	-0,160	-0,200	0,007	0,116	-0,031	0,046	0,166	-0,050	0,064
MICSXPX	0,374	-0,290	<b>-0,482*</b>	-0,207	<b>0,621**</b>	<b>-0,484*</b>	<b>0,656**</b>	-0,209	-0,288	0,176	0,018	0,044	0,180	<b>-0,583**</b>	-0,015	0,268	-0,242	-0,135	0,281	0,127	0,068	0,060	-0,274
MONSPX	-0,174	-0,195	-0,201	-0,045	0,135	-0,226	0,143	-0,199	0,089	0,189	0,125	0,166	0,105	-0,256	-0,346	-0,250	-0,037	0,113	-0,047	0,050	-0,115	0,317	0,172
NOTSPX	0,370	0,079	0,111	-0,045	0,281	-0,126	0,317	0,020	0,020	-0,274	-0,397	-0,410	0,141	0,151	0,206	0,317	0,065	-0,194	0,148	0,085	0,408	-0,039	-0,073
OICSPX	0,107	0,423	-0,215	-0,056	0,385	-0,025	0,110	0,368	<b>-0,481*</b>	-0,242	-0,266	<b>-0,459*</b>	0,152	0,128	0,233	0,253	0,044	-0,309	0,123	0,072	0,321	-0,052	0,043
PERSPX	0,299	-0,239	-0,409	-0,124	<b>0,557*</b>	-0,110	<b>0,580**</b>	-0,217	<b>-0,569**</b>	0,173	-0,293	0,073	-0,302	-0,437	-0,277	0,302	-0,228	0,080	0,302	0,352	0,300	0,167	-0,131
PETSPX	0,053	0,118	<b>0,522*</b>	0,269	-0,107	0,260	-0,096	0,189	-0,105	-0,414	-0,318	-0,245	-0,227	0,241	-0,278	-0,157	-0,046	0,152	-0,129	0,050	0,310	0,147	0,101
PODSPX	-0,178	-0,076	-0,250	0,277	-0,102	0,152	-0,149	-0,126	0,044	0,276	0,294	0,348	0,105	-0,283	0,130	-0,274	0,114	0,019	0,072	-0,214	-0,058	-0,060	-0,117
PROSPX	<b>-0,448*</b>	-0,128	-0,186	-0,260	0,134	0,081	-0,182	-0,346	-0,035	<b>0,472*</b>	-0,278	0,379	-0,288	-0,322	-0,214	-0,269	<b>0,453*</b>	<b>0,518</b>	0,243	0,415	0,310	0,163	0,032
PSESPX	-0,179	<b>0,610**</b>	0,432	0,160	<b>-0,629**</b>	0,289	-0,257	<b>0,636**</b>	0,332	-0,368	<b>0,699***</b>	-0,432	0,131	<b>0,528*</b>	0,067	0,220	0,159	<b>-0,573**</b>	-0,147	<b>-0,928***</b>	<b>-0,568*</b>	-0,375	-0,082
RHYSPX	0,263	-0,048	-0,425	-0,436	0,178	-0,313	0,247	-0,183	0,118	0,364	0,100	0,208	0,132	-0,262	0,177	0,298	-0,003	0,090	0,219	0,047	-0,059	0,270	-0,219
SUCIND	-0,076	0,089	-0,122	-0,015	-0,172	<b>0,5187*</b>	-0,027	-0,064	0,100	-0,120	-0,095	0,127	<b>-0,576**</b>	0,346	<b>-0,502*</b>	0,033	0,056	0,426	-0,183	0,266	-0,181	0,357	0,328
TOKSPX	0,370	0,079	0,111	-0,045	0,281	-0,126	0,317	0,020	0,020	-0,274	-0,397	-0,410	0,141	0,151	0,206	0,317	0,065	-0,194	0,148	0,085	0,408	-0,039	-0,073
TRAPUS	0,021	<b>0,783***</b>	0,295	0,123	-0,089	0,211	0,025	<b>0,906***</b>	0,130	<b>-0,636**</b>	0,145	<b>-0,832***</b>	0,303	<b>0,583**</b>	0,326	0,268	0,177	<b>-0,638**</b>	0,146	-0,430	-0,163	-0,399	-0,179
TRESPX	-0,227	0,314	0,170	0,148	-0,128	0,222	-0,093	0,331	0,304	-0,280	0,158	-0,238	0,135	0,240	0,106	-0,274	0,051	-0,088	0,158	0,038	-0,384	-0,242	-0,203
UROSPX	-0,174	-0,195	-0,201	-0,045	0,135	-0,226	0,143	-0,199	0,089	0,189	0,125	0,166	0,105	-0,256	-0,346	-0,250	-0,037	0,113	-0,047	0,050	-0,115	0,317	0,172
VORBIG	<b>-0,620**</b>	0,336	<b>0,458*</b>	0,274	-0,428	<b>0,452*</b>	<b>-0,478*</b>	0,187	0,136	-0,133	0,221	-0,036	-0,202	0,090	-0,391	-0,423	0,264	-0,049	-0,227	-0,187	-0,201	-0,224	0,202
VORPET	-0,105	0,410	<b>0,599**</b>	0,292	<b>-0,444*</b>	0,388	<b>-0,528*</b>	0,320	-0,148	-0,314	-0,192	-0,278	-0,347	<b>0,554*</b>	0,041	-0,291	0,365	0,154	-0,408	-0,046	0,112	-0,139	0,334
VORTET	<b>0,492*</b>	-0,118	0,131	0,374	0,011	-0,255	0,152	-0,002	-0,247	-0,168	0,049	-0,048	0,135	-0,137	0,108	-0,227	0,072	-0,039	<b>-0,543*</b>	0,043	-0,100	0,047	0,262
ZOOSPX	-0,016	-0,179	0,207	-0,113	-0,054	0,008	0,083	-0,174	-0,270	0,097	-0,140	0,057	-0,201	0,161	-0,147	-0,023	-0,017	0,308	0,003	0,015	0,166	0,073	0,061

Les valeurs avec \*\*\* sont différentes de 0 à un niveau de signification alpha=0,001  
 Les valeurs avec \*\* sont différentes de 0 à un niveau de signification alpha=0,01  
 Les valeurs avec \* sont différentes de 0 à un niveau de signification alpha=0,05

**Tableau 6 : Coefficients de corrélation entre les différents paramètres de traitement**

Variables	C_out_NH4	C_out_NO3	Cm_DBO5	Masse_FecI3	MESj_BA	O2_Aerj_BA	pH_moyj_BA	T_Aerj_membr	T_ANOj_BA	T°C_BA	Ts_ZANOj	Tsh_stepj	AlphaC	PTM_RM1_b.Visco	IB_BA	EHj_ZANO	C_Out_DCOT Ext	R_BA	R_CM	C_Out_COT	A_EXT7		
C_out_NH4	1																						
C_out_NO3	-0,171	1																					
Cm_DBO5	-0,220	0,393	1																				
Masse_FecI3	-0,191	0,297	0,244	1																			
MESj_BA	<b>0,559*</b>	-0,375	<b>-0,622**</b>	-0,383	1																		
O2_Aerj_BA	-0,435	<b>0,612**</b>	0,401	<b>0,472*</b>	<b>-0,572**</b>	1																	
pH_moyj_BA	<b>0,655**</b>	-0,256	-0,305	<b>-0,539*</b>	<b>0,714***</b>	<b>-0,468*</b>	1																
T_Aerj_membr	0,026	<b>0,891***</b>	0,429	0,247	-0,203	0,378	-0,015	1															
T_ANOj_BA	-0,134	-0,046	0,008	-0,266	-0,295	-0,093	-0,038	0,040	1														
T°C_BA	-0,323	<b>-0,591**</b>	<b>-0,472*</b>	-0,167	0,032	-0,366	-0,193	<b>-0,752***</b>	-0,011	1													
Ts_ZANOj	-0,389	0,297	0,121	0,247	<b>-0,649**</b>	0,207	-0,327	0,197	<b>0,447*</b>	0,114	1												
Tsh_stepj	-0,287	<b>-0,701***</b>	-0,404	-0,031	-0,102	-0,167	-0,282	<b>-0,897***</b>	0,108	<b>0,853***</b>	0,127	1											
AlphaC	0,164	-0,095	-0,212	0,104	0,223	<b>-0,523*</b>	0,101	0,124	0,206	-0,030	0,137	-0,139	1										
PTM_RM1_b	0,010	<b>0,615**</b>	<b>0,445*</b>	0,106	-0,373	<b>0,513*</b>	-0,161	<b>0,663**</b>	0,185	<b>-0,754***</b>	0,011	<b>-0,636**</b>	-0,084	1									
Visco	0,220	0,072	-0,217	0,245	0,156	-0,338	-0,135	0,216	-0,059	0,076	-0,033	-0,167	<b>0,649**</b>	-0,025	1								
IB_BA	<b>0,501*</b>	0,143	-0,147	<b>-0,501*</b>	0,383	-0,156	<b>0,624**</b>	0,278	-0,015	-0,286	-0,179	<b>-0,468*</b>	0,093	0,177	0,105	1							
EHj_ZANO	-0,347	0,292	0,250	0,115	-0,380	0,173	-0,347	0,145	0,132	0,102	0,330	0,061	-0,172	-0,005	-0,193	-0,438	1						
C_Out_DCOT	-0,117	<b>-0,52*</b>	-0,115	-0,270	-0,022	-0,047	-0,027	<b>-0,685***</b>	0,114	<b>0,498*</b>	-0,256	<b>0,654**</b>	<b>-0,501*</b>	-0,275	<b>-0,471*</b>	-0,369	0,195	1					
Ext	0,062	-0,041	-0,203	<b>-0,649**</b>	0,385	-0,163	<b>0,485*</b>	0,006	0,120	0,094	-0,126	-0,124	-0,108	-0,214	-0,050	<b>0,554*</b>	-0,300	-0,040	1				
R_BA	0,281	<b>-0,535*</b>	-0,412	-0,202	<b>0,639**</b>	-0,221	0,303	<b>-0,549*</b>	-0,319	0,183	<b>-0,795***</b>	0,289	-0,182	-0,310	-0,112	-0,059	-0,315	<b>0,512*</b>	0,096	1			
R_CM	0,267	-0,285	-0,108	-0,215	<b>0,601**</b>	-0,315	0,214	-0,184	<b>-0,501*</b>	0,066	<b>-0,874***</b>	-0,067	-0,008	-0,176	0,162	0,124	-0,168	0,150	0,107	<b>0,539*</b>	1		
C_Out_COT	0,147	<b>-0,448*</b>	-0,289	<b>-0,480*</b>	0,223	-0,381	0,324	<b>-0,458*</b>	0,198	0,325	-0,291	0,359	-0,075	-0,187	-0,303	0,028	-0,087	<b>0,694***</b>	0,029	0,402	0,229	1	
A_EXT7	-0,192	-0,044	-0,027	<b>0,485*</b>	-0,143	0,125	-0,394	-0,097	-0,208	0,041	-0,142	0,167	0,075	0,180	0,006	<b>-0,484*</b>	0,217	0,179	<b>-0,868***</b>	0,156	0,149	0,189	1

Les valeurs avec \*\*\* sont différentes de 0 à un niveau de signification alpha=0,001

Les valeurs avec \*\* sont différentes de 0 à un niveau de signification alpha=0,01

Les valeurs avec \* sont différentes de 0 à un niveau de signification alpha=0,05

#### IV.3.2 Coefficients de corrélation entre les différents paramètres de traitement

L'étude des coefficients de corrélation entre les différents paramètres de traitement révèle des liens très significatifs (Pearson) entre certains paramètres de traitement. Il y a des corrélations très significatives ( $P < 0,001$ ) entre les paramètres suivants :  $T\_Aerj\_membr$ ,  $C\_out\_NO3$ ,  $T°C\_BA$ ,  $Tsh\_stepj$ , la qualité de traitement de l'effluent ( $C\_out\_DCOb$ ), le pH du BA ( $pH\_moyj\_BA$ ), les matières en suspensions ( $MES\_BA$ ), l'âge des boues ( $A\_EXT7$ ), l'extraction des boues (EXT), et les différents paramètres de recirculation des boues ( $R\_BA$  et  $R\_CM$ ).

En effet, l'augmentation des matières en suspension dans le BA entraînerait également une augmentation du pH du BA (Pearson = 0,714\*\*\*), ce qui est dû à l'effet tampon des boues. Plus l'aération des membranes est importante moins la température du BA est élevée (Pearson = -0,752\*\*\*) et plus les nitrates se forment (Pearson = 0,891\*\*\*), la pression membranaire augmente (Pearson = 0,663\*\*) ainsi que la qualité de traitement de l'effluent (Pearson = -0,685\*\*\*). On peut également remarquer que plus les boues sont recirculées moins le temps de séjour de la biomasse en zone d'anoxie est élevé (Pearson = -0,874\*\*\* et -0,795\*\*\*). Ce qui s'explique parfaitement d'un point de vue hydraulique.

Les corrélations très significatives entre certains paramètres de traitement tels que :  $A\_EXT7$  et EXT (Pearson = -0,868\*\*\*),  $C\_out\_DCOb$  et  $C\_out\_COT$  (Pearson = 0,694\*\*\*) et  $Cm\_DBO5$  et  $MESj\_BA$  (Pearson = -0,622\*\*). Ces derniers résulteraient des correspondances proportionnelles entre ces paramètres. On peut également noter une corrélation entre le temps de séjour hydraulique ( $Tsh\_step$ ) et la température du BA (Pearson = 0,853), en effet la température augmente avec l'aération apportée dans le bassin d'aération (BA) et dans le compartiment membranaire (CM).

Le paramètre de colmatage AlphaC (caractérisant le pouvoir colmatant des boues) est corrélé positivement avec la variable viscosité (Pearson = 0,649\*\*), cette analyse confirme les résultats expérimentaux de la thèse de F. Delrue (Page 217) sur d'autres boues de BRMs. L'AlphaC est également corrélé négativement avec l'oxygène dissous dans le BA et la qualité de traitement de l'effluent en DCOB (Pearson = -0,523\* et -0,501\* respectivement). On en déduit donc que, plus la boue a un pouvoir colmatant, plus l'effluent de sortie est de meilleure qualité.

Les coefficients de corrélation entre différents paramètres de traitement sont résumés dans le tableau ci-dessus (Tableau 6).

### IV.3.3 Interprétation des résultats de l'ACP des taxons

Tout d'abord une ACP appelée « ACP des taxons » sans rotation est effectuée. Cela sert à établir en quelque sorte un « résumé » de ce qui se passe ainsi qu'à détecter les variables « atypiques ». Ensuite cette ACP subira une rotation du type VARIMAX.

Le rôle des méthodes de rotation est de rendre les valeurs des corrélations des variables aux axes plus tranchées en faisant pivoter les axes. De fait, leur lecture en sera facilitée. La rotation VARIMAX fait tourner les axes en préservant leur orthogonalité. Elle cherche à maximiser la variance des corrélations dans chaque colonne du tableau des corrélations entre variables et les facteurs. Nous pouvons le paramétrer en fixant le nombre d'axes à traiter.

Les variables de notre jeu de données n'ayant pas les mêmes unités, elles doivent être réduites. Cela permet d'accorder la même importance à chacune des variables. En d'autres termes notre est ACP est normé.

Grace à l'analyse en composantes principales et à la méthode de rotation de type Varimax, six facteurs ont été finalement sélectionnés. En effet les six facteurs nous permettent de visualiser l'ensemble des corrélations importantes recherchées. Ainsi les six premiers axes retenus correspondent à 62,984% de l'information totale présente dans le tableau de données (voir tableau en annexe)

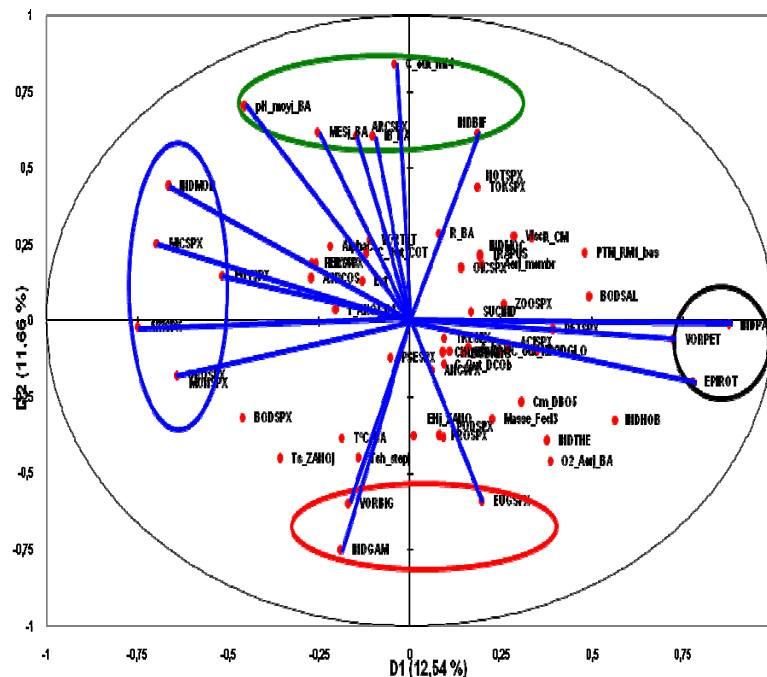
Le premier facteur est un facteur biologique (axe D1). Il oppose deux groupes de taxons, le premier groupe constitué des petits flagellés (INDMOB, ANISPX), des thécamibiens (UROSPX, EUYSPX) et des petits ciliés nageurs libres (MICSPX, MONSPX), et le second constitué de ciliés attachés (VORPET, EPIROT) et de petites amibes nues (INDPAM). Les modalités de bactéries filamenteuses liées au premier facteur sont : T00092-4, TMICPA-4, TSPIRO-3, T00041-1, T00675-0, T00803-1, T01851-1 et TNOLM3-1.

Le deuxième facteur (axe D2) est un facteur de la qualité épuratrice de la station. il oppose, la qualité de traitement de l'ammoniaque de l'effluent et les paramètres de boues (pH\_moyj\_BA, MESj\_BA, IB\_BA) avec le Température du BA, et les temps de séjours hydrauliques et les temps de séjour en zones d'anoxie. Ce facteur est également une composante importante biologique car elle sépare la microfaune en deux groupes opposés. Le premier groupe est étroitement corrélé à la qualité d'élimination de l'ammoniaque de l'effluent, et aux paramètres de boues.

Les espèces appartenant à ce groupe sont des petites thécamibiens (ARCSPX), des petits flagellés (INDBIF, NOTSPX) et des ciliés carnivores (TOKSPX). Le deuxième groupe est composé par des espèces capables d'être prédominant dans les conditions élevées : de température, de temps de séjour hydrauliques et de temps de séjour en zone d'anoxie. Pas de liaison significative (Pearson) entre le deuxième facteur et les modalités de bactéries filamenteuses (voir tableau en annexe).



La figure ci-dessous illustre toutes ces corrélations.



**Figure 6 : Cercle des corrélations des variables issu de l'ACP des taxons (axes D1 et D2 : 24,20%) après rotation Varimax**

Le troisième facteur (axe D3) est un facteur de qualité de traitement et de conditions d'exploitation. Il oppose les conditions d'exploitation (T\_Aerj\_membr, PTM\_RM1\_bas), la capacité de nitrification de la station (C\_out\_NO3) avec la qualité de traitement de la DCOB (pollution) de l'effluent.

Le troisième facteur est aussi une composante biologique, car fortement corrélés aux taxons suivant BODANG, ANCSPX, INDMOA, PSESPX, et TRAPUS. On peut également noter qu'il n'y a pas de liaison significative (test de Pearson) entre le troisième facteur et les modalités de bactéries filamenteuses. Comme le montre la figure 7 ci-dessous.

Le quatrième facteur (axe D4) est biologique, il oppose le cilié carnivore (ASPCOS) au petit flagellé INDMOC et au paramètre de fonctionnement T\_ANOj\_BA. Les modalités de bactéries filamenteuses liées à ce facteur sont : T00092-4, TMICPA-4, TSPIRO-3, T00041-1, T00675-1, T00803-0, T01851-1 et TNOLM3-1. On en déduit que l'abondance des taxons T00092, TMICPA, TSPIRO et T00041 est aussi corrélée avec le cilié carnivore et du petit flagellé cités ci-dessus.

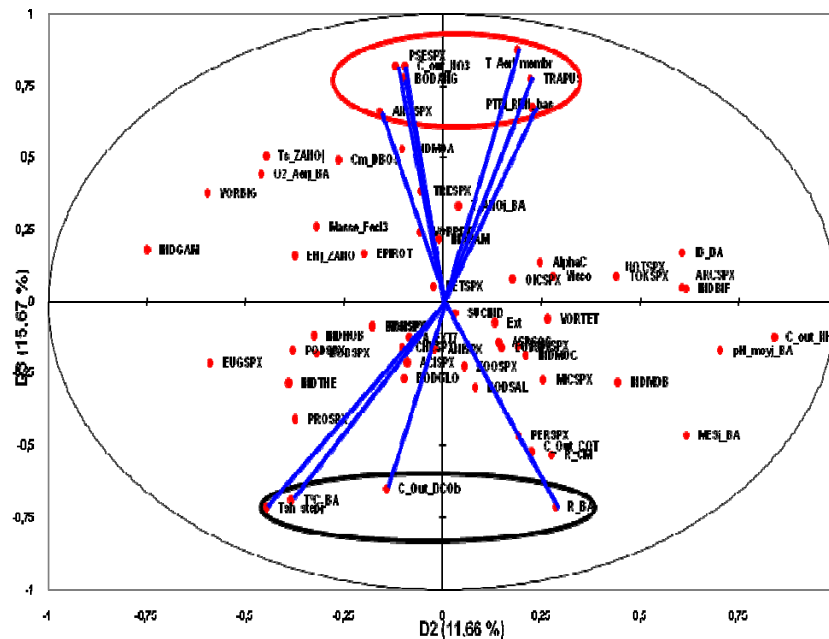


Figure 7 : Cercle des corrélations des variables issu de l'ACP des taxons (axes D2 et D3 : 27,33%) après rotation Varimax.

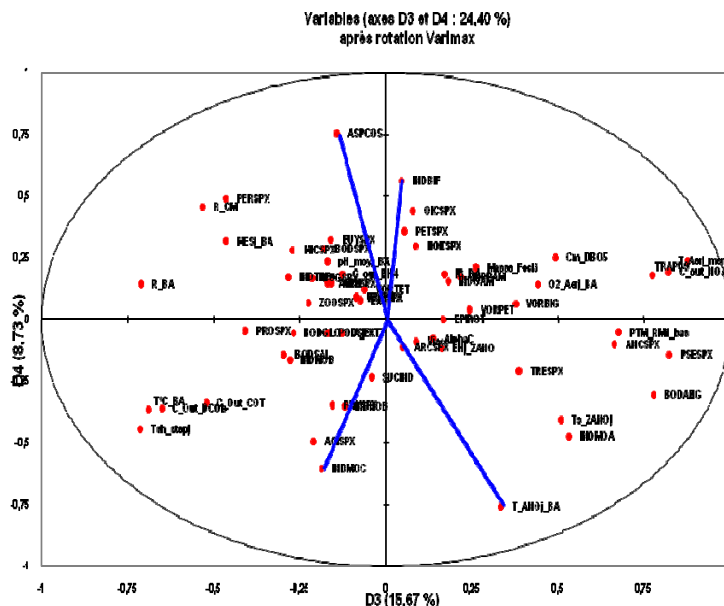
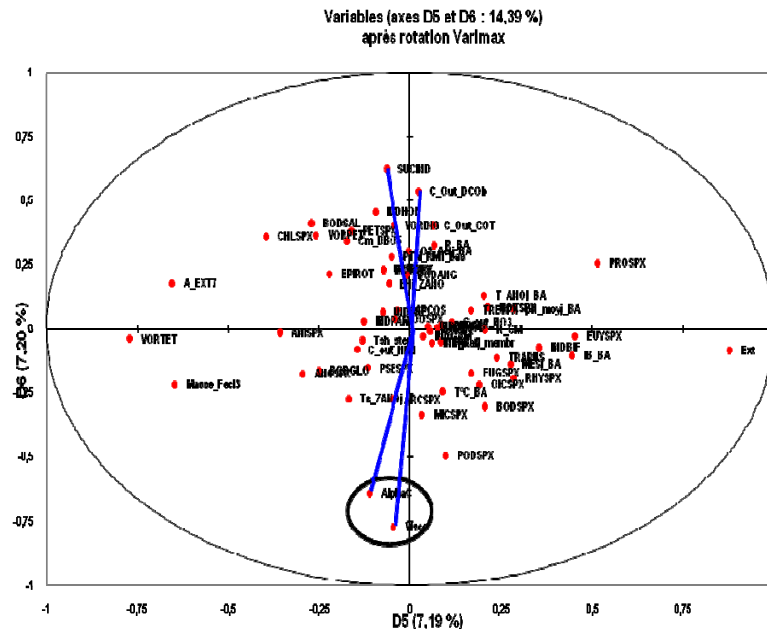


Figure 8 : Cercle des corrélations des variables issu de l'ACP des taxons (axes D3 et D4 : 24,33%) après rotation Varimax.

Le cinquième facteur (axe D5, figure ci-dessus) est un facteur du processus d'exploitation fortement corrélé à l'extraction des boues (EXT). Il oppose l'extraction des boues à l'âge des boues (A\_EXT7), la masse de chlorure de fer et le taxon VORTET. Les modalités de bactéries filamenteuses liées à ce facteur sont : T0092-0, TMICPA-3, TSPIRO-1, T00041-1, T00675-0, T00803-0, T01851-1 et TNOLM3-1.

Et enfin le sixième facteur (axe D6, figure ci-dessous) une composante du colmatage des membranes. Il oppose les paramètres de colmatage AlphaC et la viscosité à qualité de traitement de la pollution de l'effluent (C\_out\_DCO<sub>b</sub>). Ce facteur met également en exergue une corrélation entre la qualité de traitement de la DCO<sub>b</sub> de l'effluent et le taxon SUCIND. Comme le montre la figure ci-dessous.



**Figure 9 : Cercle des corrélations des variables issu de l'ACP des taxons (axes D5 et D6 : 14,39%) après rotation Varimax.**

Les résultats de l'ACP et de l'analyse de la matrice de corrélation de Pearson ci-dessus ont démontré que la structure de la communauté microbienne dans cette step a été modifiée par les conditions d'exploitation du système (propriétés opérationnelles et paramètres physicochimiques des effluents).

#### IV.3.4 Conclusions des résultats de l'ACP des taxons

Dans notre étude, l'ACP a permis de séparer et de caractériser les groupes de variables et de faire une étude entre les paramètres de traitement ou d'exploitation et les taxons. En effet, cette méthode d'analyse fournit un aperçu synthétique des affinités et démontre les relations entre les variables opérationnelles, les espèces, et entre les variables opérationnelles et des espèces.

##### IV.3.4.1 Compréhension du fonctionnement des BRMs

Les conclusions que nous pouvons déduire de cette interprétation afin de comprendre d'avantage le fonctionnement des BRMs sont les suivantes :

- La qualité de traitement du NH<sub>4</sub> a été démontrée comme facteur dominant. Les conditions d'exploitation telles que l'indice de boue, les matières en suspensions et le pH sont étroitement associés à la qualité de traitement du NH<sub>4</sub>.

Il est probable que la mauvaise qualité de traitement du  $\text{NH}_4$  de l'effluent se produit dans les step qui fonctionnement avec un pH élevée et pendant une longue période. Par contre on peut obtenir une bonne qualité de traitement de l'ammoniaque pendant les périodes d'anoxie ou bien lorsque l'oxygène dissous dans le BA à des valeurs faibles (difficulté d'aération du BA).

-La capacité de nitrification a également été démontrée comme facteur dominant. L'analyse a montré également que l'aération membranaire et la pression membranaire sont corrélées à la nitrification. L'explication qu'on peut donner à ces corrélations est la suivante : l'augmentation de la pression membranaire, signifie qu'il y a encrassement de la membrane. Ainsi pour obtenir le débit souhaité en sortie, il faut alors filtrer plus longtemps et donc l'aération des membranes se fera d'autant plus longue les membranes. Par conséquent il se forme des nitrates dans le compartiment membranaire entraînant de fortes concentrations de nitrates en sortie de station ( $C_{\text{out\_NO}_3}$ ). Il a été également démontré qu'une bonne nitrification a pour conséquence une très bonne qualité de traitement de la pollution ( $C_{\text{out\_DCOb}}$ ).

-Le facteur explicatif du colmatage (AlphaC) a été également démontré comme facteur dominant, étroitement lié à la viscosité et la concentration de sortie en DCOB. Il est probable que le colmatage favorise une meilleure qualité de l'effluent de sortie. Cela peut s'expliquer par le fait que le colmatage bouchant les fibres membranaires, accentue la filtration membranaire. Il en résulte une meilleure qualité de l'effluent de sortie. Cette situation entraîne de plus faibles débits en effluent traité.

#### IV.3.4.2 Bio-indication

Dans cette étude, nous avons remarqué que les facteurs prévalent des conditions d'exploitation telles que  $\text{MESj\_BA}$ , pH, l'oxygène dissous dans le BA, l'âge des boues, et le temps d'anoxie du BA ont un effet important sur la microfaune et la microflore. En fait, nous avons constaté que des changements des valeurs de ces variables étaient en corrélation avec les changements quantitatifs et qualitatifs de la communauté de la microfaune et de bactéries filamenteuses.

Nos résultats corroborent certaines observations d'autres auteurs sur la bio-indication. D'après notre étude le thécamibien ARCSPX (ARCELLA SP) pourraient indiquer les moments où step fonctionne en charge massique plus faible. Cette analyse est confirmée par trois autres auteurs : [EMPEREUR, 1993], [Madoni, 1994] et [JEAN-PIERRE CANLER, 1999]. Le petit flagellé ANISPX (Anisonema) est, selon la littérature lié à des effluents d'abattoir [JEAN-PIERRE CANLER, 1999] mais notre étude a plutôt démontré que ce taxon est associé à une faible pression membranaire et donc à un faible colmatage des membranes. Cette association pourrait s'expliquer par le fait que ce dernier est visible dans le BA uniquement lors d'une extraction de boues récentes d'où le très peu de colmatage en sa présence.

D'après notre étude, les ciliés nageurs libres comme MICSPX (Microthorax sp.) peuvent se développer dans les conditions limitées par une aération insuffisante et pourrait indiquer une step fonctionnant en faible charge massique.

Le cilié attaché VORBIG (grande Vorticelle) serait probablement un indicateur d'une bonne qualité de traitement du  $\text{NH}_4$  de l'effluent. Notre analyse corrobore la littérature qui le qualifie d'indicateur d'une efficacité épuratrice correcte [JEAN-PIERRE CANLER, 1999].

En outre le cilié VORPET (petite Vorticelle) serait indicateur d'une augmentation de charge massique ( $C_m\_DBO5$  élevée) sur cette step confirmation des observations des auteurs [12], et d'une haute pression transmembranaire.

Par contre le cilié attaché EPIROT qui est qualifié par la littérature comme indicateur d'effluent de très bonne qualité [EMPEREUR, 1993], serait plutôt dans notre étude considéré comme indicateur d'augmentation de charge massique et de pression membranaire. Enfin l'abondance du cilié attaché VORTET serait probablement un indicateur d'une élimination difficile du  $NH_4$  dans la step car ce dernier est significativement corrélé positivement avec  $C\_out\_NH_4$ .

La grande amibe INDGAM affiche une forte association avec le cilié VORBIG. Leurs abondances est donc associé avec des conditions de bonne qualité traitement du  $NH_4$  de l'effluent. Cette analyse statistique confirme en partie la littérature [JEAN-PIERRE CANLER, 1999]. Notre étude révèle que l'abondance d'INDPAM, VORPET, et EPIROT entraîne une diminution accrue des petits flagellés (ANISPX, MONSPX, INDMOB) et des ciliés nageurs libres (MICSPX, UROSPX). Cela pourrait indiquer une concurrence au niveau de la présence des proies (bactéries libres en eaux interstitielle ou en surface des floes)

Les taxons : TRAPUS (cilié carnivore), PSESPX (Pseudoprorodon sp.) cilié nageur libre, et les petits flagellés tels que BODANG, ANCSPX et INDMOA, sont décrits par la littérature comme des bio indicateurs d'une phase transitoire (surcharge) ou anomalies de fonctionnement entraînant une épuration médiocre [JEAN-PIERRE CANLER, 1999] et [EMPEREUR, 1993]. L'ACP confirme uniquement que ces taxons sont significativement corrélés positivement à la pression transmembranaire, à l'aération du compartiment membranaire et à la concentration des nitrates en sortie. Contrairement à la bibliographie, ces taxons peuvent être considérés comme bio indicateur d'une très bonne qualité de traitement de la pollution (DCOb).

Notre étude montre que le cilié fixé (SUCIND) serait indicateur d'une oxygénation suffisante de la biomasse (oxygène dissous élevé) et d'une diminution du pouvoir colmatage des boues (AphaC faible). Le cilié rampant ASPCOS est connu dans la littérature comme bio indicateur de boues activées au fonctionnement stable et ne donnant aucune indication sur la qualité du traitement (ASPCOS) [JEAN-PIERRE CANLER, 1999]. Cela est confirmé dans notre analyse, en effet il n'y a aucune corrélation significativement entre ce taxon et les paramètres liés à la qualité de boue et de rendement de la step.

Notre étude a également révélé une forte corrélation entre le premier facteur, qui est facteur biologique et les modalités de bactéries filamenteuses suivant : T00092-4, TMICPA-4, TSPIRO-3, T00041-1, T00675-0, T00803-1, T01851-1 et TNOLM3-1. Or notre analyse a démontré que les taxons liés à ce facteur, caractérisent des conditions d'exploitation médiocres (surcharge, supportant les taux d'ammoniaque élevé). On en déduit que l'abondance observée des taxons T00092, TMICPA, TSPIRO (Spirochetes) et T00041 est corrélée avec le manque d'oxygène. Cette analyse est corroborée en partie par la bibliographie. En effet le taxon TMICPA (*Microthrix parvicella*) est connu comme bio indicateur d'une step fonctionnant en faible charge massique et se développant dans ces boues activées où l'oxygène dissous est faible et les temps d'anoxie long.

Quand au cinquième facteur, il a été considéré comme un facteur du processus d'exploitation, caractérisé par l'extraction des boues. Les modalités de bactéries filamenteuses liées à ce facteur sont : T00092-0, TMICPA-3, TSPIRO-1, T00041-1, T00675-0, T00803-0, T01851-1 et TNOLM3-1. On en déduit que l'absence, la rareté ou la diminution observée des taxons T00092, TMICPA, TSPIRO et T00041 est liée à une extraction significative de boues.

Il est donc évident que la qualité et la quantité de microorganismes (microflore et microfaune) observés dans les boues activées d'un MBR sont incontestablement liées aux conditions d'exploitations (paramètres physicochimiques et paramètres de fonctionnement) de ce type de step (MBR). Cette étude fournit donc les preuves statistiques de cette conclusion. Certaines communautés de microfaune connues comme bio-indicateur d'efficacité dans le rendement des stations d'épuration conventionnelle (élimination du NH<sub>4</sub>) ont été également confirmées dans notre étude, d'autres par contre étant connues comme bio indicatrice d'un mauvais rendement dans les step classique, ont plutôt été révélées dans notre étude comme indicateur d'un très bon rendement. Est-ce une particularité des MBR ?

#### IV.3.5 Interprétations et discussions des résultats de l'ACM des taxons

Le tableau de données est du type : Individus-Variables qualitative actives et qualitatives illustratives. Les individus sont les 20 observations, les variables qualitatives actives sont les 18 taxons et les 21 paramètres de traitement sélectionnés après les prétraitements liés à l'ACM, et les variables qualitatives illustratives sont les 8 bactéries filamenteuses sélectionnées.

D'après le critère de sélection des axes (s'intéresser aux axes pour lesquels, la valeur propre est supérieure à 1/P. P = nombres de variables actives), l'interprétation se fera uniquement sur le premier plan qui représente 55,32% de l'inertie totale. Afin de visualiser les positions relatives des modalités et éviter les effets de projection, nous avons réalisé une carte des modalités avec leurs contributions dans le premier plan principal (les carrés bleus représentent les paramètres de fonctionnements et les carrés rouge les taxons). On peut constater que les modalités éloignées du centre du graphique sont celles qui contribuent le plus à ce plan factoriel. D'ailleurs l'interprétation des proximités et des oppositions entre les modalités des différentes variables ne concernera que ces modalités. L'objectif de cette étude des proximités est de trouver les seuils de tolérances de certains micro-organismes à des paramètres de fonctionnements et physico-chimiques.

Pour faciliter la lecture des modalités des variables (paramètres de fonctionnements et physico-chimiques uniquement), nous rappelons que les étiquettes des modalités de ces variables se lisent comme suit : le *code de la variable* suivi d'un *tirait de six* et d'un *chiffre* (1, 2 ou 3). Par exemple : MESj\_BA-1 (tranche des valeurs faibles de cette variable), MESj\_BA-2 (tranche des valeurs moyennes), et MESj\_BA-3 (tranche des valeurs fortes).

Plusieurs modalités de variables « proches » ont été regroupées dans des ellipsoïdes, comme le montre les figures suivantes.

Graphique symétrique des variables  
(axes F1 et F2 : 55,32 %)

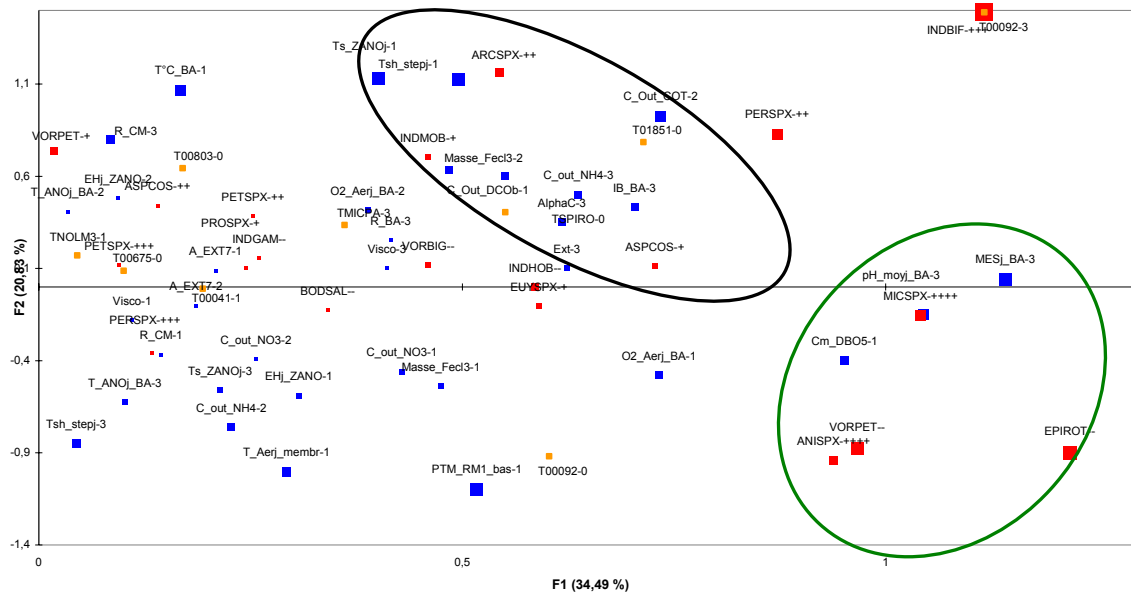


Figure 10 : Carte des modalités avec contribution (partie 1)

Graphique symétrique des variables  
(axes F1 et F2 : 55,32 %)

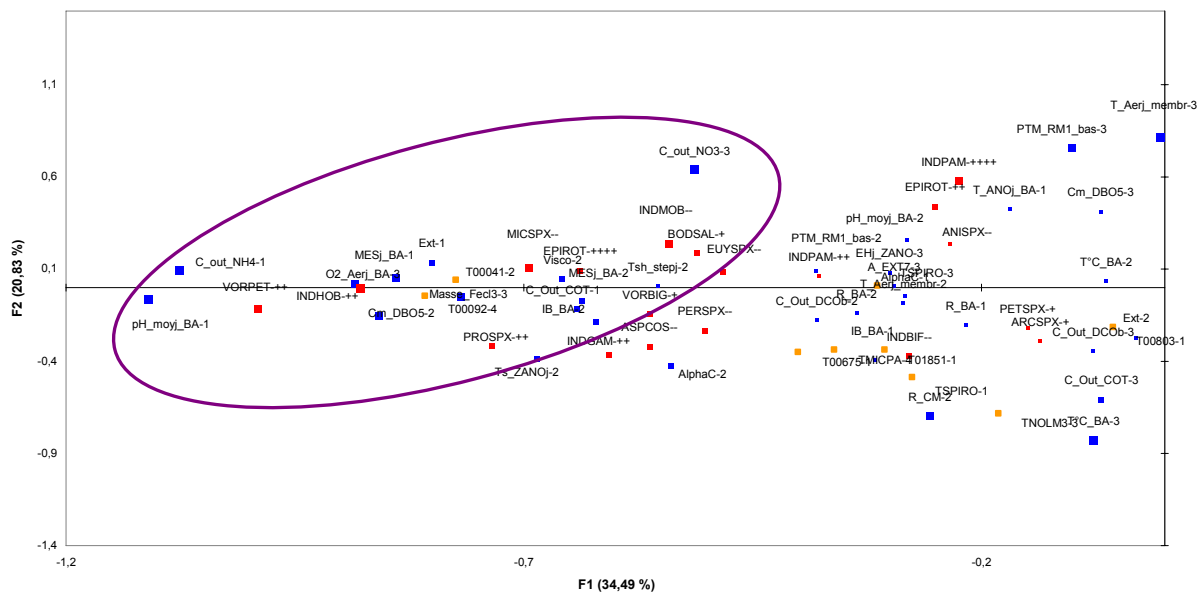


Figure 11: Carte des modalités avec contribution (partie 2)

L'ellipsoïde violet montre la proximité entre la modalité « peu fréquent » des taxons VORPET, INDHOB et les modalités C\_out\_NH4-1, pH\_moyj\_BA-1 et O2\_Aerj\_BA-3, MESj\_BA-1, EXT-1, C\_out\_COT-1 et Cm\_DBO5-2. Cette association pourrait s'interpréter ainsi : un taux d'oxygène dissous dans le BA fort a pour conséquence une bonne élimination du NH4 et des matières organiques (COT) de l'effluent, un pH faible, ainsi qu'un taux faible de matières en suspension. D'où un taux d'extraction de boues faibles.

Une autre interprétation pour la bio-indication est la suivante : les classes VORPET-++ et INDHOB-++ pourraient être indicatrices d'une bonne oxygénation du BA, une excellente élimination du NH4 de l'effluent et un pH du BA faible.

On constate également une proximité entre les modalités des paramètres de fonctionnements, d'exploitations citées ci-dessus et d'autres tels Masse\_Fecl3-3, C\_out\_COT-1 et Visco-2 avec les modalités « fréquent » et « très fréquent » des bactéries filamenteuses T00041, T00092, et des protozoaires EPIROT, PROSPX et INDGAM. De ces associations, on peut tirer plusieurs conclusions : - Les classes T00041-2, T00092-4 et seraient indicatrices élimination du NH4 de l'effluent. - les classes EPIROT-++++, PROSPX-++, INDGAM-++ pourrait être indicatrices d'une bonne élimination des matières organiques (COT) de l'effluent. On remarque dans ces conditions l'absence ou la rareté des protozoaires tels que : MICSPX, VORBIG, PERSPX, ASPCOS, BODSAL et EUYSPX.

L'ellipsoïde noir montre une proximité les valeurs faibles de la concentration de la pollution (DCOb) en sortie de station (C\_out\_DCOB-1) et les fortes valeurs de la variable d'estimation du pouvoir colmatant des boues et de la concentration du NH4 en sortie de station (AlphaC-3, C\_out\_NH4-3). Cette proximité confirme d'une part la démonstration faite par l'ACP sur le fait que le colmatage entraîne une très bonne élimination de la DCOb et d'autre part met en évidence la difficulté d'élimination à la fois du NH4 et de la DCOb à certains moments dans cette step. On peut remarquer dans ces conditions l'absence de certaines bactéries filamenteuses telles T01851 et TSPIRO.

L'ellipsoïde vert montre une proximité entre les modalités MICSP-++++, pH\_BA-3, MESj\_BA-3, Cm\_DBO5-1, O2\_Aerj\_BA-1, ANISPX-++++, EPIROT--. Cette association pourrait être interpréter ainsi : des faibles charges massique entraineraient des taux d'oxygène dissous dans le BA faibles et par conséquent un pH fort. D'autre part, par rapport à la bio-indication on peut conclure que : les classes MICSP-++++, ANISPX-++++ et EPIROT— seraient indicatrices d'une step fonctionnant à des conditions telles que pH\_BA-3, MESj\_BA-3, Cm\_DBO5-1 et O2\_Aerj\_BA-1.

L'interprétation des proximités entre les modalités des variables nous ont permis de déterminer les seuils de tolérances de certaines bactéries filamenteuses et certains protozoaires à des paramètres de fonctionnements et physico-chimiques. Afin de visualiser si elles existent les corrélations non linéaires entre certaines variables, les modalités de ces variables ont été jointes par des lignes brisées comme le montre la figure suivante :

Le graphique ci-dessus met en évidence la corrélation négative entre le taxon T00092 et la variable C\_out\_NH4. En effet le segment reliant les deux modalités de ce taxon est parallèle avec un des deux segments reliant les modalités de la variable C\_out\_NH4. Ainsi la présence ou l'absence du taxon T00092 serait indicateur de la qualité d'élimination du NH4 de l'effluent.



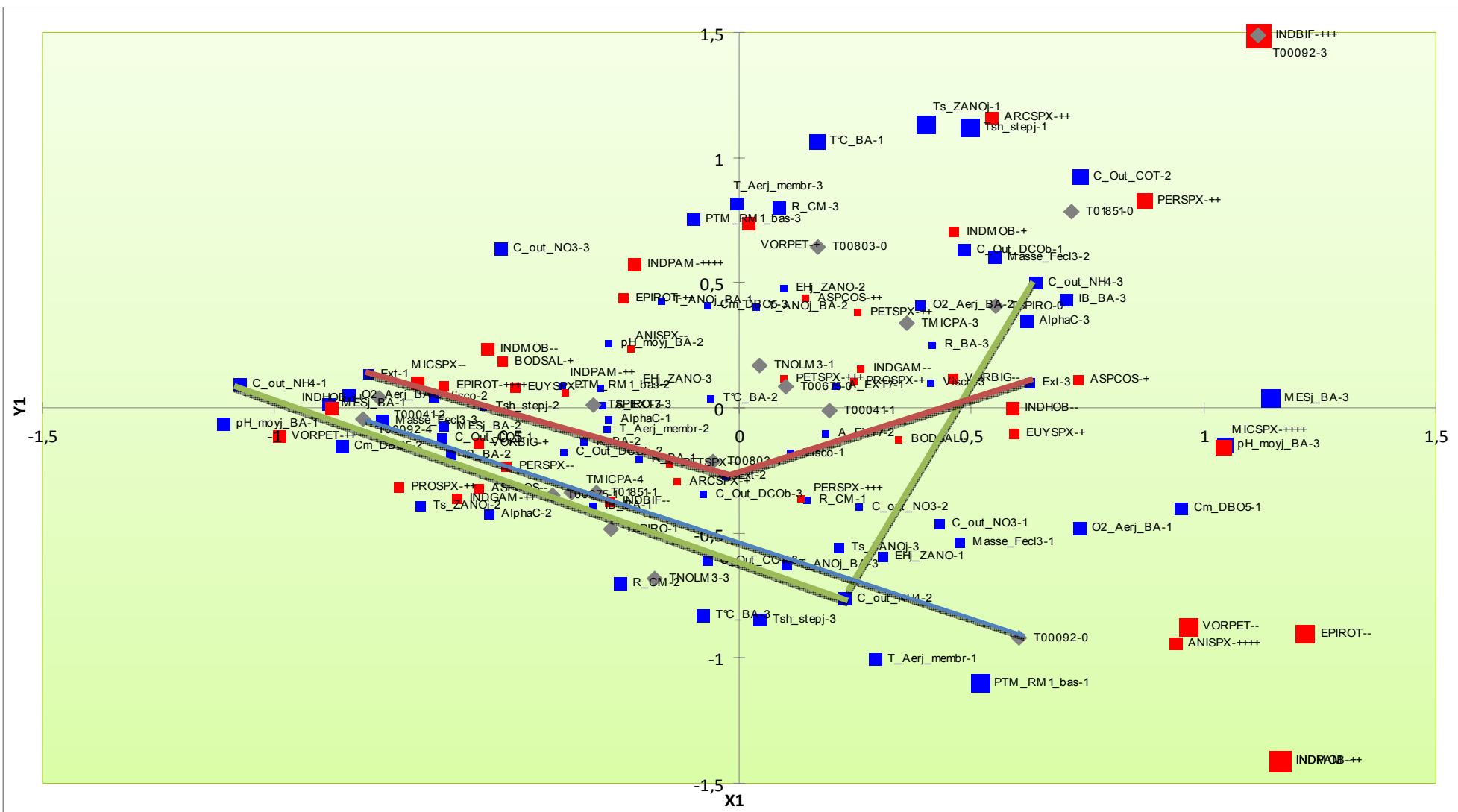


Figure 12 : Carte des modalités et trajectoires de quelques modalités

Ce graphique révèle également une corrélation positive entre les variables EXT (extraction des boues) et C\_out\_NH4. Cette relation pourrait s'expliquer ainsi : une forte extraction des boues entraînerait l'absence du taxon T00092 et par conséquent une mauvaise qualité d'élimination du NH4 de l'effluent.

Globalement la visualisation des corrélations qui existent entre les variables à travers les représentations « modalités et trajectoires » a été très difficile. Une explication de cette difficulté est le fait que toutes les modalités des variables n'étaient pas bien projetées sur ce plan. C'est pourquoi pour certaines paires de variables un test du khi-deux d'indépendance a été utilisé.

#### **IV.3.6 Conclusions sur l'étude de la bio-indication dans la station du «Bono»**

- La bio-indication connue dans les boues activées classiques de la plupart des taxons observés ce BRM reste valable d'après les analyses statistiques.
- Les taxons identifiés dont les bio-indications étaient peu connues ont pu être améliorés tel que MICSPX ....

#### **IV.3.7 Conclusion sur la compréhension du fonctionnement des BRMs**

- Toutes les relations connues par les techniciens en épuration ont été confirmées dans nos analyses
- Notre étude a surtout permis de quantifier ces relations et surtout de valider les données collectées.

**Critique de l'application du SBI : Indice biotique des boues (Sludge Biotic Index, Madoni, 1994) pour le contrôle des boues activées des bioréacteurs à membranes : station du « BONO»**

## V. CRITIQUE DE L'APPLICATION DE L'INDICE BIOTIQUE DES BOUES DE MADONI DENOMME SBI POUR LE CONTROLE DES BOUES ACTIVEES DES BIOREACTEURS A MEMBRANES : LA STATION DU «BONO»

### V.1 INTRODUCTION

Les stations d'épuration biologique peuvent être considérées comme des écosystèmes soumis à des conditions extrêmes par l'homme. Comme tout système biologique, la communauté vivante dans le bassin d'aération d'une station à boues activées suit une dynamique dans le temps en fonction des conditions d'alimentation et des conditions d'exploitations. Elle se compose de populations en compétition permanente avec les autres pour se nourrir. On distingue les bactéries et les champignons qui ont une fonction de décomposeurs, ils utilisent la matière organique dissoute dans les eaux usées [Madoni, 1994]. Enfin les consommateurs que sont les protozoaires (flagellés hétérotrophes, ciliés, rhizopodes) et les petites métazoaires qui se nourrissent de bactéries dispersées et d'autres organismes [Madoni, 1994]. Bien que près de 230 espèces de protozoaires ont été observées fréquemment dans les systèmes boues activées classiques, seuls quelques ciliés sont importants [Madoni, 1994].

L'indice SBI est basé sur la microfaune des stations à boues activées et a été conçu pour surveiller la performance des stations par boues activées classiques. La méthode proposée permet de définir la qualité biologique des boues à l'aide des valeurs numériques (indice biotique) de 0-10, et les valeurs du groupe SBI en quatre classes de qualité [Madoni, 1994]. La méthode est basée sur deux principes. Tout d'abord, la domination des groupes clés de la microfaune change par rapport aux conditions environnementales et opérationnelles de la station [Madoni, 1994]. Le second principe est que la diversité morphologique des espèces est réduit lorsque les performances de l'usine se dégradent [Madoni, 1994]. L'avantage de cette méthode, c'est qu'il fournit des valeurs numériques qui permettent à l'opérateur de contrôler de façon précise les conditions de fonctionnement de la station sur une base quotidienne [Madoni, 1994].

### V.2 FACTEURS CLES ET LECTURE DE L'INDICE SBI

Quantifier la valeur des indicateurs de la microfaune est une tâche difficile car il y a des groupes qui sont plus ou moins tolérants à un large éventail de facteurs environnementaux, tandis que les résultats de rendement des step proviennent de l'action simultanée de plusieurs de ces conditions externes et opérationnelles [Madoni, 1994]. L'étude des relations entre différents groupes de microfaune et les principales conditions d'exploitation de plusieurs procédés boues activées classiques a permis de sélectionner dans la microfaune des groupes clés d'organismes à effet positifs et négatifs sur la qualité de traitement [Madoni, 1994]. Les groupes positifs sont les ciliés rampant et attachés, et thécamibiens. Les principaux groupes négatifs sont les petits flagellés, ciliés bactérivores nageurs, et les peritriches ciliés Vorticella microstoma et Opercularia spp [Madoni, 1994].

Les autres facteurs clés selon le SBI sont la densité et la diversité de la microfaune. Ces facteurs ont une forte corrélation avec le rendement de la station [Madoni, 1994]. Plusieurs études récentes ont démontré que le nombre de protozoaires ciliés vivant dans une step fonctionnant normalement est d'environ  $1.10^6$  ind./L [Madoni, 1994]. Lorsque leur nombre est en dessous  $1.10^4$  ind./L, cela indique une épuration insuffisante [Madoni, 1994].

Dans ce cas, il y a une prolifération de bactéries dispersées qui rend l'effluent de sortie trouble et, par conséquent entraîne une DBO considérable [Madoni, 1994]. Un grand nombre de ciliés indique ( $>1.10^7$ ) au contraire presque toujours une bonne épuration et une performance optimale des station [Madoni, 1994].

L'indice attribué à un échantillon de boues activées est obtenu au moyen d'un tableau à double entrée comme le montre le tableau ci-dessous.

Tableau 7 : Tableau de lecture de l'indice SBI

Dominant keygroup	Density (ind./L)	>10		8-10		5-7		≤5	
		F<10	10<F<100	F<10	10<F<100	F<10	10<F<100	F<10	10<F<100
Crawling-ciliate <sup>a</sup>	≥ 10+E6	10	8	9	7	8	6	7	5
Ciliated and/or testate amoebae	< 10+E6	9	7	8	6	7	5	6	4
Sessile ciliates <sup>a</sup>	≥ 10+E6	9	7	8	6	7	5	6	4
> 80%	< 10+E6	8	6	7	5	6	4	5	3
Opercularia spp	≥ 10+E6	7	5	6	4	5	3	4	2
	< 10+E6	6	4	5	3	4	2	3	1
Vorticella microstoma	≥ 10+E6	6	4	5	3	4	2	3	1
	< 10+E6	5	3	4	2	3	1	2	0
Swimming bacterivorous ciliates	≥ 10+E6	5	3	4	2	3	1	2	0
	< 10+E6	4	2	3	1	2	0	1	0
Small-swimming Flagellates	≥ 10+E6	4		3		2		1	
(≥100) <sup>a</sup>	< 10+E6	3		2		1		0	

Les principaux groupes clés qui se succèdent de la partie supérieure à la partie inférieure du tableau, indiquent une qualité biologique des boues qui se dégrade progressivement [Madoni, 1994]. En têtes de colonnes, quatre classes de nombre total d'unités taxonomiques de la microfaune sont retenues [Madoni, 1994]. Le tableau à double entrée estime l'abondance de la microfaune avec une distinction entre les classes d'abondance, avec également une distinction entre deux classes d'abondance des petits flagellés [Madoni, 1994].

Pour déterminer le SBI, il est nécessaire de choisir la ligne qui correspond au groupe clé dominant, tout en tenant compte de sa densité (plus ou moins de  $1.10^6$  ind./L) [Madoni, 1994]. La colonne est déterminée par le nombre total d'unités taxonomiques et la densité des petits flagellés. La valeur du SBI est déterminée au croisement de ces lignes. Enfin, les valeurs du SBI ont été regroupées en quatre classes de qualité marquée par un chiffre romain. Confère le tableau annexe [Madoni, 1994]. Ces classes permettent de représenter la qualité biologique des boues activées à travers quatre classes [Madoni, 1994].

### **V.3 DETERMINATION DE L'INDICE SBI SUR VINGT ECHANTILLONS DE BOUES ACTIVEES DE LA STEP DU «BONO »**

#### **V.3.1 Identification et estimation de la microfaune**

La méthode proposée ici est basée sur la diversité et la densité de la microfaune. Bien qu'un grand nombre d'organismes ait été observés, seules certaines formes (petits et grands flagellés, les ciliés, les amibes, les rotifères, et les nématodes) sont prises en compte dans cet indice. Chaque échantillon de boues a été prélevé et observé au microscope selon un protocole similaire à celui du SBI à quelques différences près : le type de lame utilisé au Cemagref pour le comptage de la microfaune est du type « Burkner » au lieu de « Fuchs-rosenthal » et le nombre de lames observées par l'opérateur est de dix au lieu d'une seule comme le préconise le SBI.

Toutefois les comptages réalisés par le Cemagref ont permis d'établir à la fois la classe d'abondance (densité) de chaque groupe de taxons clés ( $<$  ou  $>$   $1.10^6$  ind./L), et son rapport et son rapport d'abondance (%) sur la totalité de la microfaune. Les espèces qui se trouvent dans la sélection du SBI mais qui n'ont pas été observées lors des dénombrements, ont été considérées comme présents dans une proportion de 1 individu/mL comme le préconise le SBI. [Madoni, 1994].

L'estimation de la population de petits flagellés a nécessité une technique de comptage propre, en raison de leur taille très réduite et à leur forte densité [Madoni, 1994]. La lame de comptage de « Fuchs-rosenthal » utilisée avait les dimensions suivantes : 4 mm x 4 mm x 0.2 (profondeur) mm et est sous-divisée en 256 carrés de  $1/16$  mm<sup>2</sup>. Le comptage des petits flagellés doit être fait à l'intérieur de 16 carrés le long de la diagonale de la lame [Madoni, 1994].

#### **V.3.2 Interprétation des résultats de l'application du SBI sur les échantillons de la step du «Bono»**

Le groupe le plus dominant pendant les premières dates d'observation est « Free-swimming Ciliates » alors que le groupe « sessiles + crawling ciliés » est presque absent (% proche de zéro). On constate également que progressivement le groupe « sessiles+crawling ciliés » prend le dessus (% plus élevé) tandis que le groupe « Free-swimming Ciliates » régresse. Ces observations confirment les écrits connus sur ces groupes de ciliés, En effet les «Free-swimming Ciliates » sont plus abondants dans les premières phases de développement d'une station ou d'extractions récentes, lorsque les flocs de boues sont encore rares et, par conséquent, les sessiles ciliés sont absents [Madoni, 1994]. Néanmoins, ils sont bientôt remplacés par les sessiles ciliés en raison de la concurrence pour les bactéries dispersées [Madoni, 1994].

Sur les 20 observations, les valeurs du SBI varient entre 2 et 10. On constate de façon générale que l'indice a des valeurs faibles pour les premières observations faites et qu'il augmente au cours du temps. Cela est peut être du au fait qu'au cours du temps la station a atteint une stabilité de fonctionnement, d'autant plus que les espèces identifiées et qui ont fait augmenter l'indice sont connus pour leur abondance dans des conditions de fonctionnement stables [Madoni, 1994].

Le tableau ci-après est un récapitulatif des différents échantillons et de leurs indice SBI.

**Tableau 8: SBI des échantillons issus de step Lebono**

Dates ou Echantillons	Nombre de taxons	Groupe dominant	Valeur SBI	Qualité biologique De la boue
J8	9	Free-swimming ciliates	2	IV Pauvre épuration biologique
J2 et J9	respectivement : 6 et 7	Free-swimming ciliates	3	IV Pauvre épuration biologique
J1, J4, J5, J6, J7, et J15	respectivement : 13, 11, 12, 11, 13 et 11	Free-swimming ciliates	5	III Insuffisant épuration biologique
J11, J12, J14, J16 et J20	respectivement : 12, 10, 10, 10, 9, et 10	Sessile-ciliates, sauf J16 où on a Sessiles+crawling ciliates	9	I Boues très bien colonisées et stable (excellente activité biologique)
J3, J10, J13, J17, J18, et J19	respectivement : 13, 12, 12, 12, 12, et 11	Sessiles-ciliates, sauf J17, J18 où on a Sessiles+crawling ciliates	10	I Boues très bien colonisées et stable (excellente activité biologique)

Ainsi certains groupes dominants de protozoaires comme les Free-swimming ciliates (ciliés nageurs libres) appartiennent à la classe des organismes négatifs. Ils sont donc indicateurs d'une mauvaise qualité de boue activée et par conséquent ils devraient également être bio indicateur d'une mauvaise qualité de traitement de l'effluent par la step (pauvre épuration biologique). Afin de vérifier ces déductions faites selon le SBI, nous allons dans la suite effectuer une ACP des regroupements de taxons selon le SBI.

#### V.4 CRITIQUES DE LA L'APPLICATION DU SBI SUR LES BRMs : CAS DU BONO

Dans cette étude, nous avons appliqué l'indice SBI dans un bioréacteur à membrane dont les fibres de membranes sont immergées dans le bassin d'aération. La première question que l'on se pose est de savoir si l'association entre le SBI et la qualité de l'effluent de sortie dans les systèmes conventionnels reste valable dans les systèmes à membranes immergées. D'autant plus qu'en raison de la configuration du système des BRMs, il existe plusieurs différences inhérentes par rapport aux systèmes conventionnels [Arévalo, et al., 2009].

Nous allons également répondre à d'autres questions :

- Le SBI peut-il être un indicateur du colmatage des membranes ?
- La classification de la microfaune selon le SBI reste-t-elle valable dans un BRM ?

Afin de répondre aux questions ci-dessus, l'étude des corrélations entre le SBI, les groupes clés selon le SBI et les paramètres étudiés a été effectuée. Grâce à l'analyse en composantes principales (ACP) et à l'analyse des correspondances multiples (ACM).

Une ACP appelée «ACP des regroupements de taxons» a été appliquée à un tableau de données variables x individus où les variables sont les groupes de microfaune selon SBI, le SBI et les paramètres physico-chimiques et opérationnels. Les individus sont les échantillons de boues activées.

#### V.4.1 Interprétation de l'ACP des regroupements de taxons

Deux facteurs ont été déduits de l'ACP avec rotation Varimax. Les deux premiers facteurs importants ont une inertie totale de 38,66% et le cercle de corrélation issu de ces facteurs est représenté dans la figure suivante.

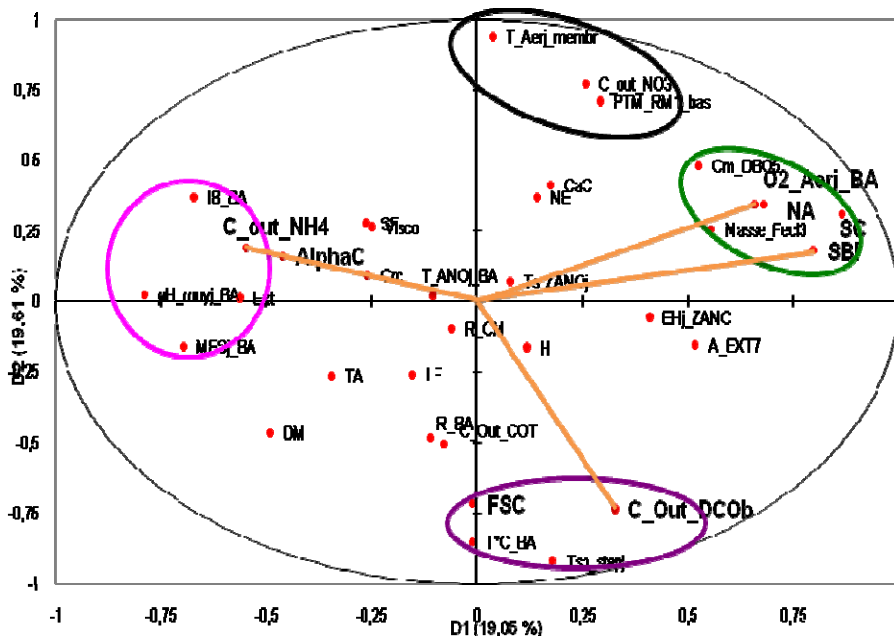


Figure 13 : Cercle de corrélations des 2 premiers facteurs de l'ACP des regroupements de taxons

L'ellipsoïde vert démontre une corrélation positive entre les groupes clés (NA et SC) selon le SBI et la variable O2\_Aerj\_BA (oxygène dissous dans le BA). Or SBI classe positivement les groupes de taxons corrélés positivement avec l'oxygène dissous. D'où les groupes clés NA et SC classés positivement selon le SBI, restent classés positivement dans cette étude. Au vu de la corrélation positive entre le SBI et l'oxygène dissous dans le BA, on conclut que le SBI peut être dans cette étape un indicateur de la qualité d'oxygénation du BA.

L'ellipsoïde violet révèle une corrélation positive entre le groupe clé FSC et la variable C\_Out\_DCOb (concentration de la DCOb en sortie de station). De même le SBI classe négativement les groupes de taxons corrélés positivement avec la variable C\_Out\_DCOb.





La codification des modalités faite à l'ACM des taxons reste valable dans cette autre analyse.

L'ellipsoïde vert montre une proximité entre les modalités SBI-3, C\_out\_DCOB-2, C\_out\_COT-1, C\_out\_NH4-1 et AlphaC-2. Cette association pourrait être interprétée ainsi : Un SBI fort (SBI-3) peut être indicateur dans ce BRM, d'une bonne élimination des matières organiques (C\_out\_COT-1) et du NH4 (C\_out\_NH4-1), d'une élimination moyenne ou médiocre de la DCOB (C\_out\_DCOB-2), et des boues ayant un pouvoir colmatant moyen (AlphaC-2).

L'ellipsoïde violet met en exergue la proximité entre les modalités suivantes : SBI-1, C\_out\_NH4-3, AlphaC-3, C\_out\_DCOB-1 et C\_out\_COT-2. Une interprétation possible de cette association est : Un SBI faible (SBI-1) serait un indicateur dans cette station, d'une très bonne élimination de la DCOB de l'effluent (C\_out\_DCOB-1), d'une médiocre élimination du NH4 (C\_out\_NH4-3) et des matières organiques (C\_out\_COT-2), et des boues ayant un fort pouvoir colmatant (AlphaC-3).

D'après l'analyse des proximités entre les modalités faite ci-dessus, l'interprétation initiale du SBI (selon le procédé boues activées classiques) est inversée dans ce BRM. En effet un SBI fort devrait par exemple être associé à une très bonne élimination de la DCOB (C\_out\_DCOB-1), ce qui n'est pas le cas dans ce BRM. Inversement un SBI faible devrait être associé à une mauvaise ou médiocre élimination de la DCOB (C\_out\_DCOB-3, C\_out\_DCOB-2), ce qui n'est non plus le cas dans ce BRM.

L'explication possible de cette inversion d'interprétation du SBI dans cette station est liée au pouvoir colmatant des boues. En effet une des spécificités de cette station est les membranes immergées dans les boues, entraînant à certains moments le colmatage des membranes par les boues. Ainsi lorsqu'un échantillon de boues à un fort pouvoir colmatant (AlphaC-3), le groupe clé dominant est le groupe FSC (confère figure ACM des regroupements de taxons, ci-dessus). Ce groupe est classé négatif selon le SBI, ce qui entraîne une faible valeur du SBI sur l'échantillon de boues. D'autre part, l'ACP a établi qu'un fort pouvoir colmatant des boues (AlphaC-3) entraînait une très bonne élimination de la DCOB (C\_out\_DCOB-1). Inversement lorsque les boues ont un pouvoir colmatant moyen (AlphaC-2), le groupe clé dominant est le groupe SC qui est classé positif selon le SBI. Entraînant ainsi une forte valeur du SBI sur l'échantillon de boues. Mais la corrélation entre l'AlphaC et C\_out\_DCOB entraîne dans ces conditions une médiocre élimination de la DCOB de l'effluent (C\_out\_DCOB-2). C'est ce qui explique l'inversion observée de l'interprétation du SBI dans ce BRM.

Le graphique ci-dessous montre les trajectoires des modalités des variables : SBI, AlphaC, C\_out\_DCOB, C\_out\_COT et C\_out\_NH4.

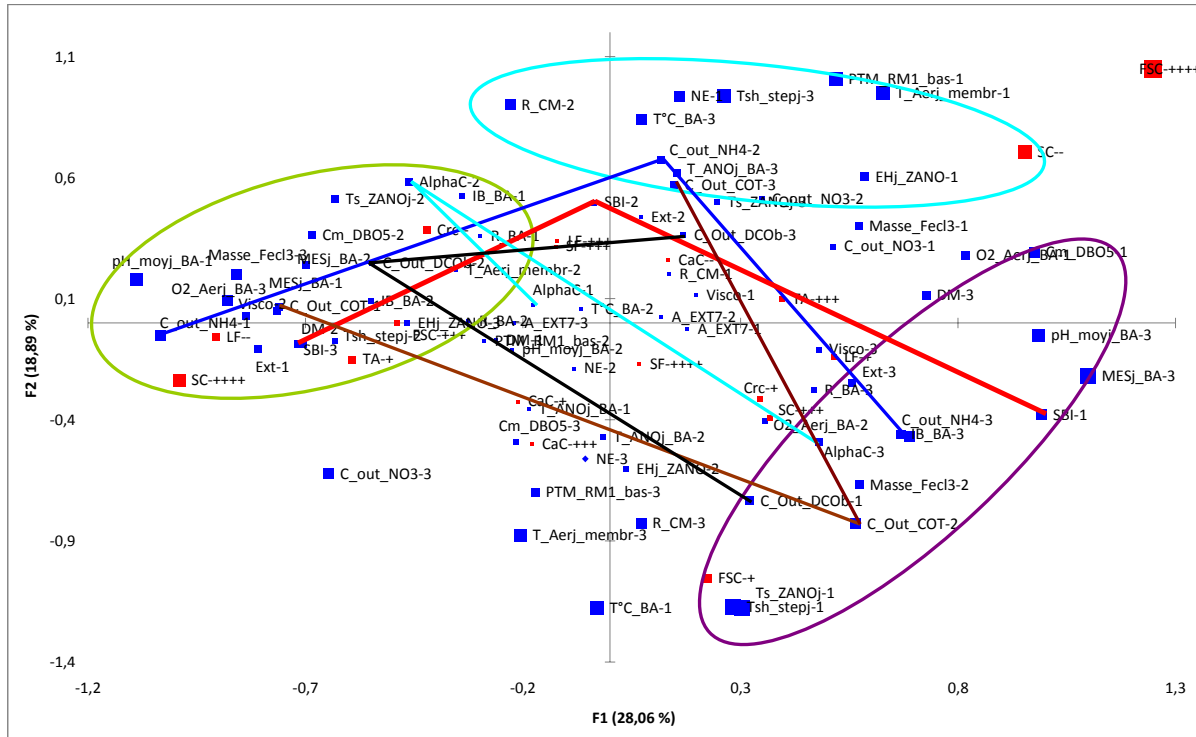


Figure 15: Modalités et trajectoires de quelques variables

On constate que les lignes reliant les modalités du SBI et celles des variables C\_out\_DCO<sub>b</sub>, C\_out\_COT, C\_out\_NH<sub>4</sub> et AlphaC ne sont pas parallèles. Cela signifie qu'il n'y a pas de corrélation visible par l'ACM entre le SBI et ces variables.

#### V.4.3 Conclusion de la critique de l'application du SBI au BRM du «Bono»

La critique de l'application au bioréacteur à membranes du «Bono» de l'indice biotique SBI de Madoni conçu pour être utilisé dans toutes les stations à boues activées classique, a démontré que :

- L'indice biotique SBI des procédés boues activées classiques reste valable dans ce BRM en tant qu'indicateur de la qualité de l'état biologiques des boues activées et qualité d'oxygénation des boues.
- Un SBI-3 (fort) pourrait un indicateur d'une bonne élimination des matières organiques (COT) et dans ce BRM
- SBI-1 (faible) pourrait indiquer que les boues ont un pouvoir colmatant et difficultés d'élimination du NH<sub>4</sub>
- SBI reste limité dans l'évaluation de la qualité de traitement (DCOb) ce BRM

Pour ces raisons, il y a nécessité d'améliorer cet instrument de contrôle, afin de garantir son application réussie des systèmes de MBR. Et étudier les 3 autres stations suivis par l'équipe épuration pour confronter les résultats.

## VI. CONCLUSION GENERALE

Ce stage m'a permis de découvrir une problématique que je ne connais pas, la bio-indication, en particulier dans les stations d'épurations des eaux usées. Il m'a également permis de mettre en pratique mes connaissances en statistiques dans un domaine très intéressant. Enfin, il m'a permis de m'immerger dans le monde professionnel et surtout celui de la recherche et de m'enrichir au contact d'une équipe accueillante et chaleureuse.

Durant ce stage, j'ai conçu et réalisé une base de données «faunistiques et paramètres de fonctionnement» sous Access. J'ai pu ainsi me familiariser avec ce logiciel et surtout comprendre et appliquer toutes les étapes nécessaires à la construction d'une base de données. Cette tâche a parfois été fastidieuse et a nécessité un mois et demi de travail. Cette base de données continuera à être alimentée par l'équipe épuration du Cemagref.

A travers ce stage, j'ai également pu me rendre compte de l'importance des données dans le travail du statisticien. Sur tout le travail lié au prétraitement en vue d'obtenir un tableau de données prêt à être analysé. Dans cette partie j'ai pu accroître mes connaissances sur la programmation sous R.

L'analyse en composantes principales et l'analyse des correspondances multiples sont deux méthodes statistiques qui m'ont permis de répondre aux questions posées dans ce stage. Ce que j'ai compris dans cette partie est que les résultats qu'on obtient sont étroitement liés avec les données sélectionnées. Grâce à ce stage l'indice biotique de Madoni, pour le contrôle de la performance des stations d'épuration sera désormais utilisé par l'équipe épuration du Cemagref.

Pour finir, ce stage m'a permis de me rendre compte de la nécessité du dialogue entre le statisticien avec les personnes concernées par l'étude afin de bien comprendre le problème sur lequel il travaille et ne pas oublier de données.

## VII. REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. Delrue, F., Modelisation du procede bioreacteur a membranes immergées, in Sciences de la vie et de la sante. 2008, Université Bordeaux 2: Bordeaux.
2. Arévalo, J., et al., *Applicability of the Sludge Biotic Index (SBI) for MBR activated sludge control*. Journal of Hazardous Materials, 2009. 167(1-3): p. 784-789.
3. Molina-Munoz, M., et al., Microbial community structure and dynamics in a pilot-scale submerged membrane bioreactor aerobically treating domestic wastewater under real operation conditions. Science of the Total Environment, 2009. 407(13): p. 3994-4003.
4. Baek, S.H. and K. Pagilla, Microbial Community Structures in Conventional Activated Sludge System and Membrane Bioreactor (MBR). Biotechnology and Bioprocess Engineering, 2009. 14(6): p. 848-853.
5. Madoni, P., A sludge biotic index (SBI) for the evaluation of the biological performance of activated sludge plants based on the microfauna analysis. Water Research, 1994. 28(1): p. 67-75.
6. CNFME, Dysfonctionnement biologiques des step: Origines et solutions. 2007, limoge: office international de l'eau.
7. Vedrenne, J., Diagnostic des stations d'épuration par l'observation microscopique des boues activées. 2007, Cestas: Cemagref.
8. Li, H.Y., et al., Nitrification performance and microbial community dynamics in a submerged membrane bioreactor with complete sludge retention. Journal of Biotechnology, 2006. 123(1): p. 60-70.
9. Meng, F.G., et al., Effect of hydraulic retention time on membrane fouling and biomass characteristics in submerged membrane bioreactors. Bioprocess and Biosystems Engineering, 2007. 30(5): p. 359-367.
10. Eikelboom, D.H., *Process control of activated sludge plants by microscopic investigation* English Edition ed. 2000, London: IWA Publishing, Alliance House.
11. You, S.J. and W.M. Sue, *Filamentous bacteria in a foaming membrane bioreactor*. Journal of Membrane Science, 2009. 342(1-2): p. 42-49.
12. JEAN-PIERRE CANLER, J.-M.P., Philippe Duchene, Eric COTTEUX, *Aide au diagnostic par l'observation microscopique des boues activées*. Cemagref- Editions ed. 1999: Imprimerie France Quercy.
13. Xing, C.H., et al., Physical and biological characteristics of a tangential-flow MBR for municipal wastewater treatment. Journal of Membrane Science, 2001. 191(1-2): p. 31-42.
14. David, D.-J., *Access 2007*. First Interactive.
15. Madoni, P., D. Davoli, and E. Chierici, Comparative analysis of the activated sludge microfauna in several sewage treatment works. Water Research, 1993. 27(9): p. 1485-1491.
16. EMPEREUR, C., La Microfaune comme indicateur de fonctionnemnt des stations d'épuration à boues activées, in UFR de Physique. 1993, Louis Pasteur: Strasbourg.



## ANNEXES

## VIII. ANNEXES

### ANNEXE 1: Présentation de l'équipe épuration du Cemagref

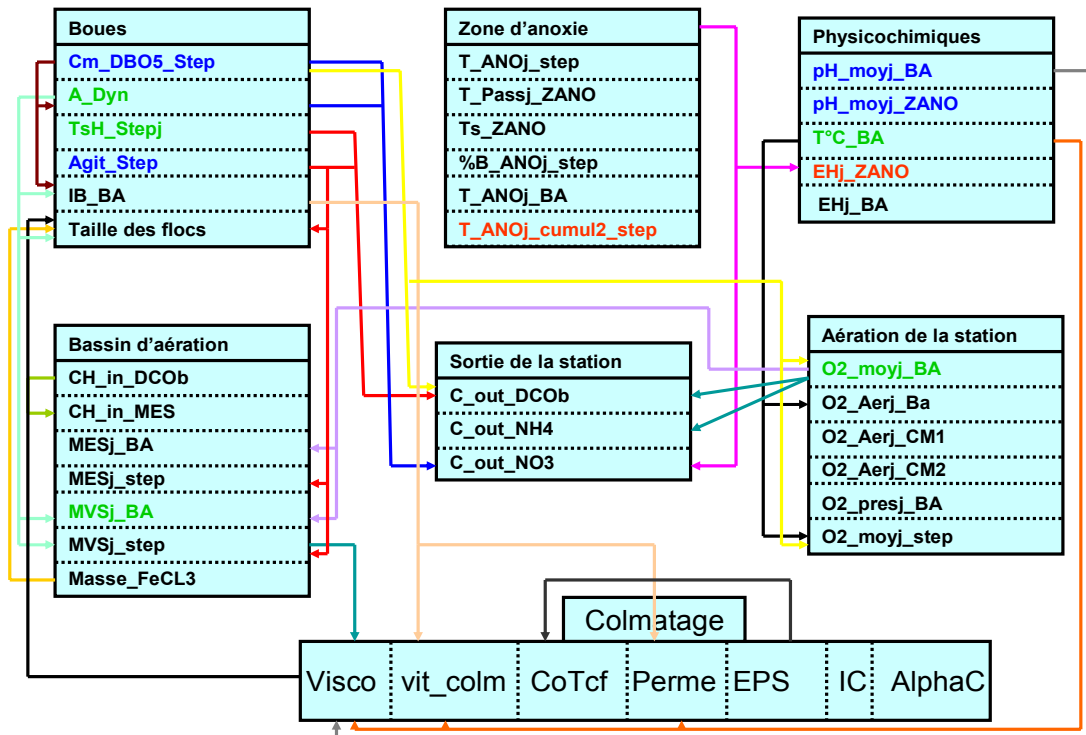
**L'objectif des équipes épuration du Cemagref :** Optimisation du traitement biologiques des eaux usées (4 équipes : Antony, Rennes, Lyon et Bordeaux)

**Equipe Bordeaux :** 5 permanents, 1 thésard, 1 post doc ou CDD, 2 stagiaires (Master 2).

**Spécificité équipe de Bordeaux :** suivi sur site ou pilote (mini-step) d'installation de traitement.

- Acquisition continue de données sur l'ensemble des paramètres (capteurs, analyses chimiques, observations microscopiques ...)
- Critiques des process utilisés
- Simulation des traitements : cas des bioréacteurs à membrane (procédé en expansion)

## ANNEXE 2: Correspondances connues ou soupçonnées entre les paramètres d'exploitation d'un MBR

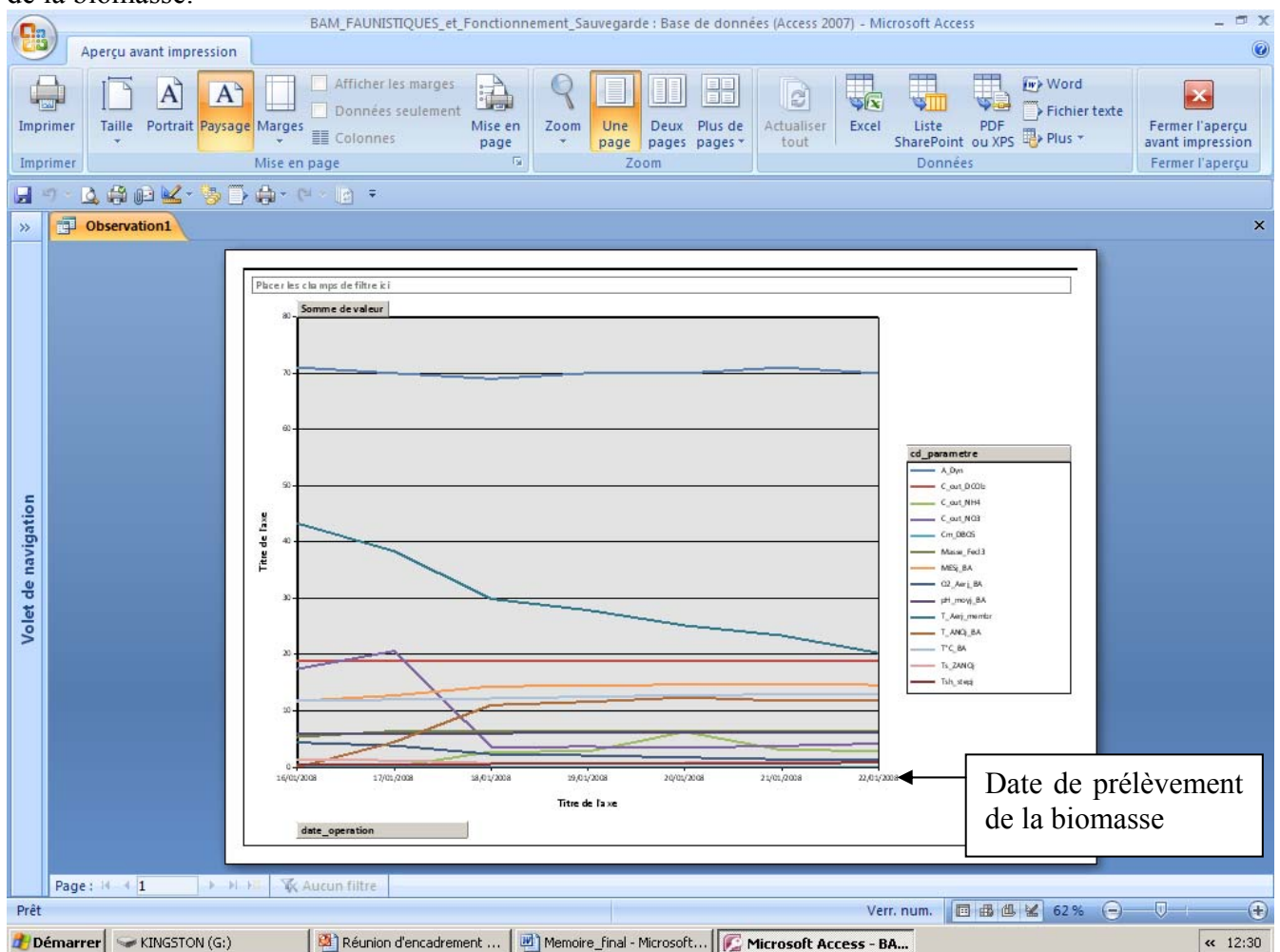


NB : - les paramètres en vert ont un effet positif sur la biomasse  
 - les paramètres en rouge ont un effet négatif sur la biomasse  
 - Les paramètres en bleue sont soupçonnés d'avoir un effet sur la biomasse



### ANNEXE 3: Evolution des paramètres de fonctionnement retenus pour les analyses statistiques

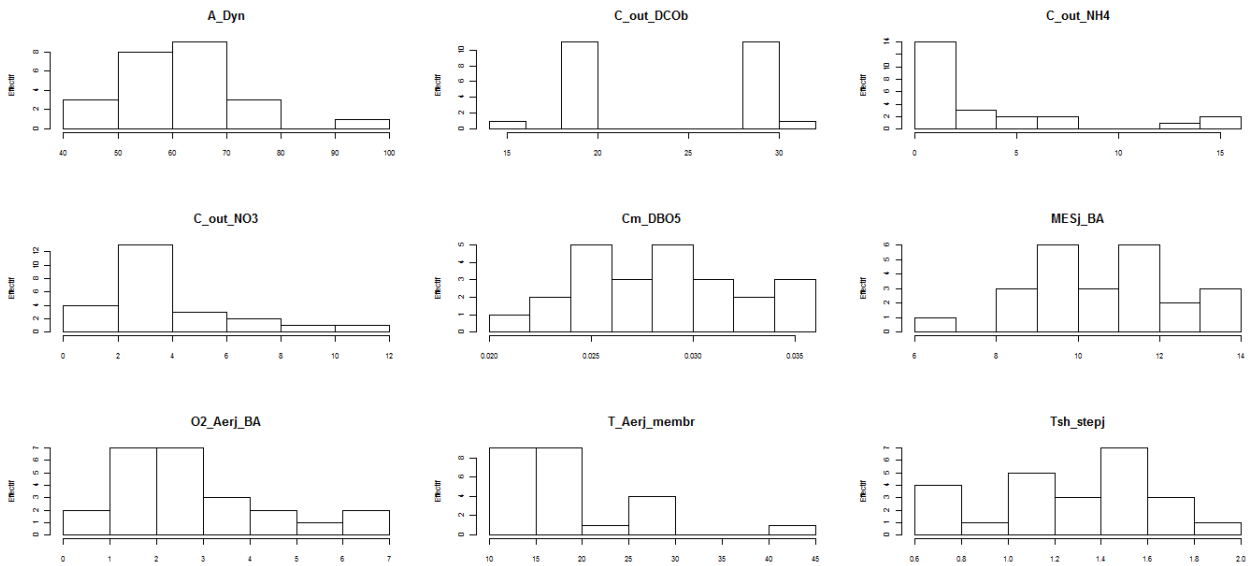
Distributions des paramètres de fonctionnement sur une semaine avant une date d'observation de la biomasse.



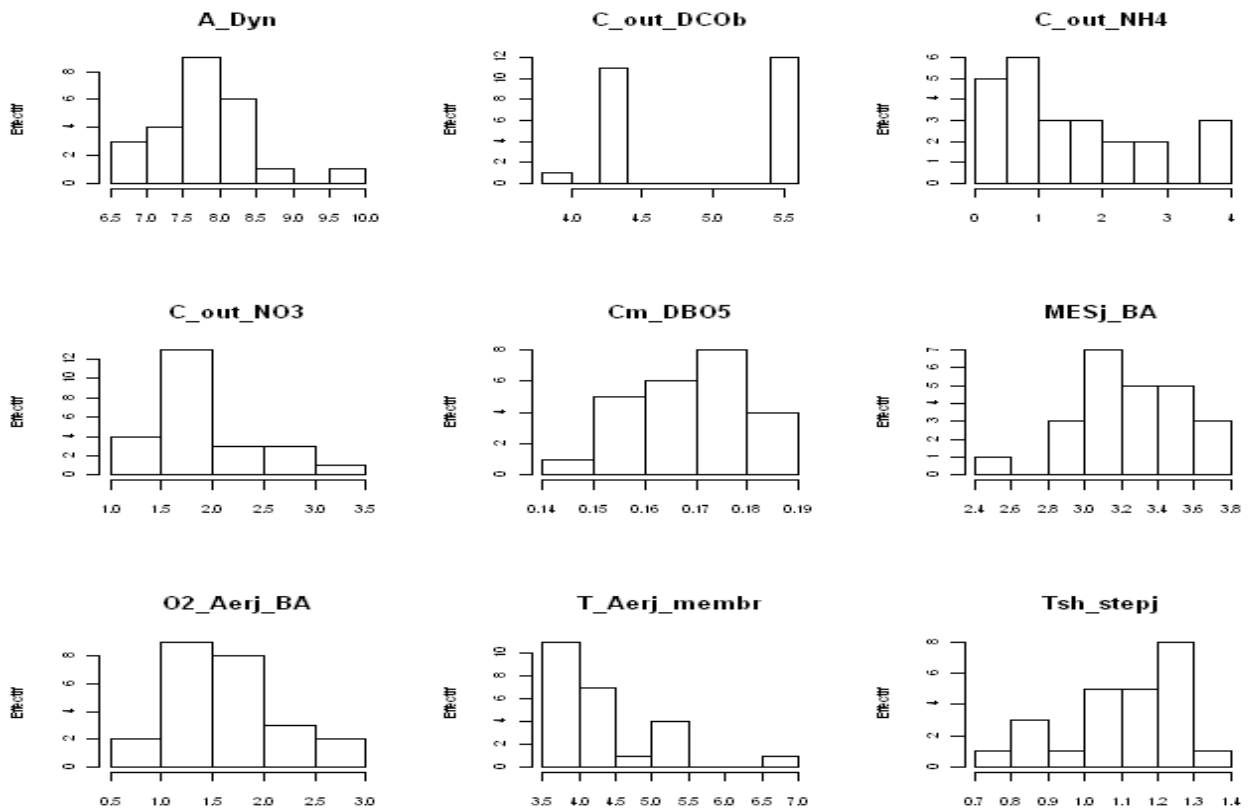
CemOA : archive ouverte d'Irstea / Cemagref

### ANNEXE 4: Histogrammes des variables étudiées

- Histogrammes de quelques variables de fonctionnements

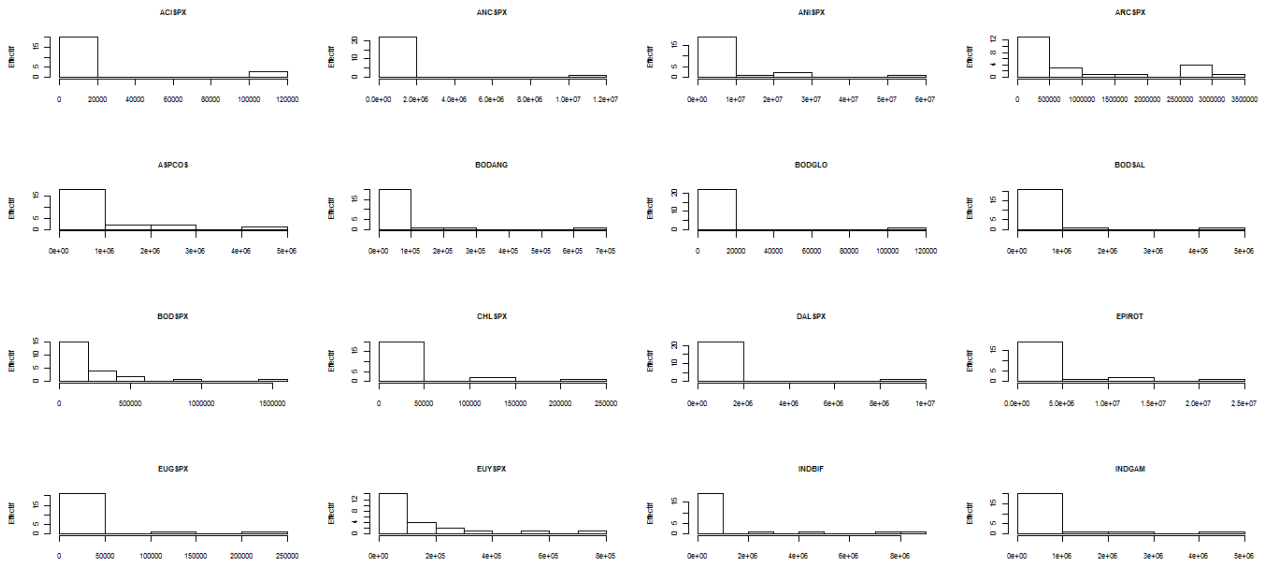


- Histogrammes après transformations logarithmiques des données

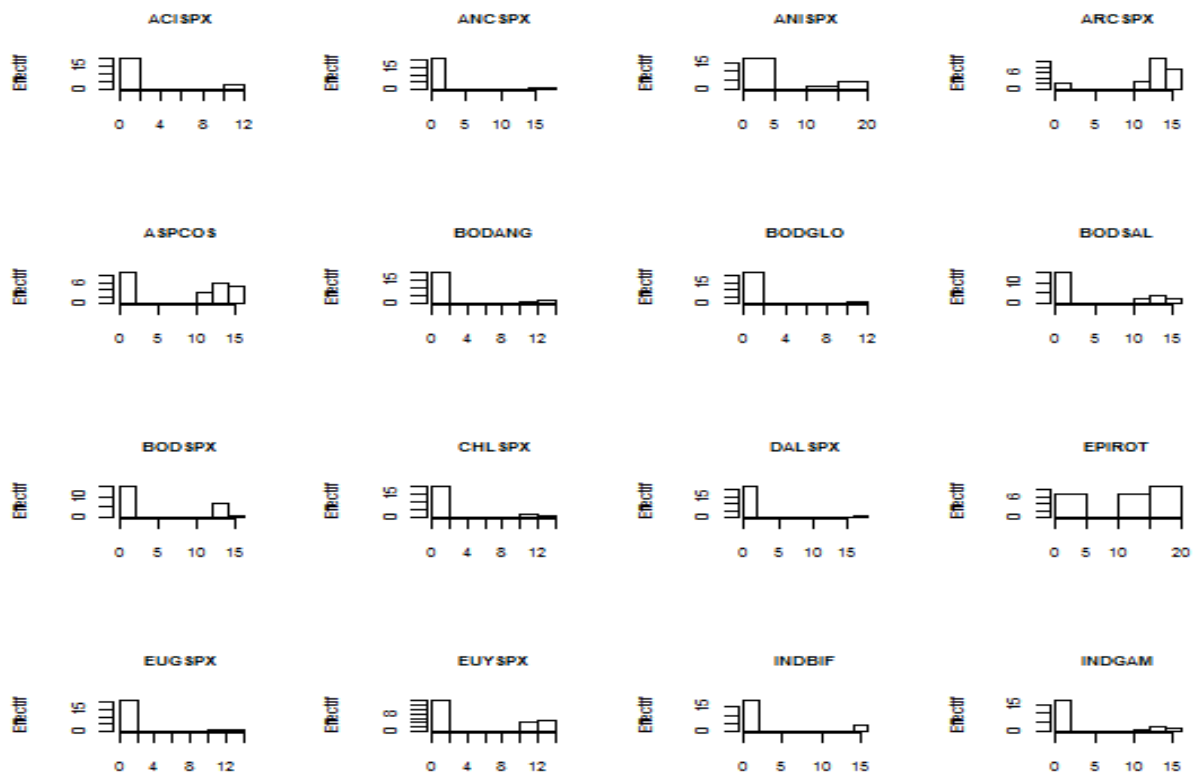


### ANNEXE 5: Histogrammes des variables étudiées (suite)

#### - Histogrammes de quelques taxons



#### - Histogrammes des taxons après transformation logarithmique



### ANNEXE 6: tables des variables découpées en classes

#### Distributions de la population des protozoaires exprimées en catégories d'abondance

Autotrophic flagellates: AF	ANISPX	-	-	-	-	+++	+++	+++	+++	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	OICSPX	+++	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Carnivorous Ciliates: CaC	ACISPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	+
	PODSPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
	SUCIND	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-
	TOKSPX	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	TRAPUS	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-
Crawling ciliates: CrC	ASPCOS	++	+	++	+	+	+	++	+	-	-	-	-	-	+	-	++	++	-	-
flagellates: F	ANCSPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+++	++	-	-	-	-
	EUGSPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-
	INDBIF	++	+++	++	+++	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	INDMOA	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	INDMOB	-	-	+	+	+	+	++	++	++++	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
	MONSPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	NOTSPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	PETSPX	+	++	+++	++	++	+++	+	-	+	++	+	+	+	+	+	+	+++	++	+++
	RHYS PX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
	TRESPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-
INDMOC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	
Free-swimming ciliates: FSC	MICSPX	++++	++++	-	++++	++++	++++	++++	++++	++++	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-
	INDHOB	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	++	+++	-	++	++	++	++++	++
	PROSPX	+	-	+	+	-	+	+	++	+++	+	+	+	+	-	+	++	++	++	++
	PSESPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	UROSPX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	ZOOSPX	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Heterotrophic flagellates: HF	BODANG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	
	BODGLO	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	BODSAL	-	-	+	-	+	-	-	-	-	+	+	++	-	-	-	-	+	-	
	BODSPX	+	-	-	-	-	+	+	+	-	-	++	-	-	-	-	-	-	+	
	PERSPX	++	+++	++	++	++	++	+++	+	+	+++	++	++	+	-	-	+	-	-	
Naked amoebae: NA	INDGAM	-	-	-	-	-	++	-	-	+	+	-	-	++	-	+	++	-	-	
	INDPAM	++++	++++	++++	+	+	-	-	-	++++	+++	++	+++	++	++++	+++	++	++++	++	
Sessile ciliates: SC	VORBIG	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	-	
	VORPET	+	-	+	+	+	-	-	-	++	-	+	+	+	+++	++	++	++	++	
	VORTET	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	EPIROT	++	-	++	++++	++	-	-	-	+++	++	++	+++	++	++	+	++	++++	+++	
Testae amoebae: TA	ARCSPX	++	++	++	+	+	+	+	+	++	+	+	+	+	+	+	-	-	+	
	CHLSPX	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	-	
	INDTHE	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	++	-	-	
	EUYS PX	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	+	-	
Bacteriae filamenteuses: BF																				

## ANNEXE 7: tables des variables découpées en classes

Distributions de la population des protozoaires exprimées en catégories d'abondance

Absent (-) : 0 à 1 individu/10 lames ; Rare (+) : 1 à 9 individus/10 lames ; Peu fréquent (++) : 10 à 49 individus/10 lames ; Fréquent (+++) : 50 à 99 individus/10 lames ; Très fréquent (++++) : plus de 100 individus/10 lames.

Echantillon	SF	LF	TA	SC	CaC	FSC	Crc
J1	++++	+	+++	+++	+	+++	+
J2	+++	+++	+	-	-	+	+
J3	++++	+	+++	+++	+++	+	+
J4	++++	+	+++	+++	-	+++	+
J5	++++	+	+++	++++	-	+	+
J6	++++	+	+++	-	-	++++	+
J7	++++	+++	+++	-	-	++++	+
J8	++++	+	+++	-	-	++++	+
J9	+++	+	+++	-	-	++++	-
J10	++++	+++	+++	++++	-	+++	-
J11	+++	+++	+	-	+++	+++	-
J12	+++	+	+++	+++	+	+++	-
J13	++++	+	+	++++	+++	+++	-
J14	++++	-	+	++++	+	+	-
J15	++++	-	+	++++	+	+++	-
J16	+++	-	+	++++	-	+++	+
J17	+++	+++	+++	++++	-	+++	+
J18	+++	-	+	++++	-	+++	+
J19	++++	-	+	+++	+	+++	-
J20	++++	+	+++	+++	-	+++	-

Absent (-) : 0 à 1 individu/10 lames ; Rare (+) : 1 à 50 individus/10 lames ; Peu fréquent (++) : 50 à 100 individus/10 lames ; Fréquent (+++) : 100 à 150 individus/10 lames ; Très fréquent (++++) : plus de 150 individus/10 lames.

## ANNEXE 8: tables des variables découpées en classes (suite)

### Distributions des bactéries filamenteuses par catégories d'abondance

Bactéries filamenteuses	J1	J2	J3	J4	J5	J6	J7	J8	J9	J10	J11	J12	J13	J14	J15	J16	J17	J18	J19	J20	
T00041	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	1	1	2
T00092	3	3	3	3	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
T00675	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1
T00803	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0
T01651	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
TMICPA	3	3	3	3	3	3	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4	3	3	4	4	3
TNOLM3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1
TSPIRO	0	0	0	3	1	3	1	0	0	0	3	1	1	0	3	3	3	1	0	3	1

### Découpage en classes des paramètres de fonctionnement après ventilation des modalités

Echantillon	Ext	R_CM	PTM_RM1_bAlphaC	Visco	A_EXT7	C_out_NH4	C_out_NO3	Cm_DBO5	MESI_BA	O2_Aerj_BA	T_Aerj_merlTsh_stepj	C_Out_DCO	C_Out_COT	IB_BA	T_ANOj_BA	T°C_BA	Ts_ZANOj	Masse_Feci3pH_moyj_BA			
J1	4	3	3	4	4	2	4	3	2	4	3	3	4	2	2	3	1	4	2	3	
J2	4	3	2	4	4	1	4	1	2	4	4	1	3	2	2	3	2	1	4	2	3
J3	4	3	3	4	4	2	4	3	4	4	3	4	2	2	3	4	1	4	2	4	
J4	4	3	3	2	1	1	4	3	4	3	3	1	3	4	2	3	2	2	4	2	4
J5	2	2	1	3	1	3	4	1	3	3	4	1	3	3	3	1	1	2	2	4	4
J6	4	3	1	4	2	2	3	1	3	4	4	1	3	3	3	3	4	2	2	2	4
J7	3	2	1	2	4	3	3	1	2	4	4	1	4	3	3	1	4	4	2	2	4
J8	4	2	1	3	4	2	3	1	2	4	4	1	3	2	1	3	4	4	2	2	4
J9	4	3	1	3	4	1	3	3	2	4	4	1	4	3	3	3	4	4	2	2	4
J10	3	3	1	2	2	2	3	3	3	3	4	3	3	3	1	3	1	4	2	4	1
J11	3	3	1	2	2	1	3	3	2	3	4	1	4	3	2	1	4	4	4	4	4
J12	3	1	3	2	1	2	3	3	2	2	4	1	4	4	3	3	4	4	2	3	3
J13	2	3	3	2	2	3	3	3	2	3	4	3	3	4	3	2	2	2	4	3	3
J14	2	1	3	3	1	2	3	3	4	2	4	3	4	2	1	3	4	1	4	3	1
J15	4	1	3	3	1	1	3	3	3	2	4	3	3	3	1	1	4	1	4	3	4
J16	2	3	3	2	2	3	3	3	2	3	4	1	3	3	1	1	2	2	2	4	1
J17	4	3	2	2	2	1	3	3	4	2	3	1	3	3	2	2	1	2	2	2	4
J18	3	3	2	2	2	3	3	3	4	2	3	1	3	4	3	2	4	4	2	3	4
J19	3	3	2	4	2	2	3	1	2	3	4	1	4	4	3	2	4	4	2	2	4
J20	2	3	1	3	1	3	3	1	3	2	3	1	4	4	3	1	1	4	2	4	1

### ANNEXE 9 : Matrice des corrélations de Pearson (n)

#### Corrélations entre les groupes de taxons et les paramètres d'exploitation

Variables	FSC	Crc	CaC	SC	TA	LF	SF	NA	H
C_out_NH4	-0,425	0,326	-0,057	-0,300	0,268	0,116	0,127	-0,369	-0,016
C_out_NO3	-0,332	-0,216	0,396	<b>0,470</b>	-0,191	-0,212	0,110	0,403	-0,179
Cm_DBO5	-0,343	0,167	-0,050	<b>0,706</b>	-0,184	-0,293	0,040	<b>0,541</b>	0,207
Masse_Fecl3	-0,327	-0,101	0,108	<b>0,483</b>	-0,283	-0,076	-0,105	<b>0,463</b>	-0,113
MESj_BA	0,201	<b>0,450</b>	-0,104	<b>-0,603</b>	0,443	0,344	0,293	<b>-0,576</b>	-0,054
O2_Aerj_BA	-0,159	-0,291	0,339	<b>0,535</b>	-0,328	0,008	<b>-0,445</b>	<b>0,491</b>	0,008
pH_moyj_BA	0,011	0,363	-0,035	<b>-0,642</b>	<b>0,448</b>	0,336	0,311	<b>-0,602</b>	0,083
T_Aerj_meml	<b>-0,549</b>	-0,068	<b>0,467</b>	0,343	-0,203	-0,257	0,379	0,300	-0,174
T_ANOj_BA	-0,036	-0,399	0,291	-0,099	<b>-0,533</b>	<b>-0,534</b>	0,183	-0,136	-0,270
T°C_BA	<b>0,519</b>	-0,286	-0,306	-0,317	0,268	0,243	-0,204	-0,115	0,097
Ts_ZANOj	-0,043	<b>-0,461</b>	0,025	-0,006	-0,243	-0,170	-0,025	0,122	-0,140
Tsh_stepj	<b>0,502</b>	-0,263	-0,278	-0,204	0,022	0,203	-0,435	-0,121	0,057
AlphaC	-0,138	0,184	-0,022	-0,385	-0,213	-0,347	0,279	-0,238	-0,201
PTM_RM1_bi	<b>-0,481</b>	-0,185	0,431	<b>0,458</b>	<b>-0,451</b>	<b>-0,482</b>	0,010	0,229	0,161
Visco	-0,439	-0,108	0,077	-0,118	-0,190	-0,301	0,060	0,088	-0,147
IB_BA	-0,339	0,157	0,024	<b>-0,522</b>	0,281	0,105	0,051	-0,316	-0,023
EHj_ZANO	0,200	-0,176	0,230	<b>0,479</b>	0,111	-0,114	0,200	0,075	-0,017
C_Out_DCOt	<b>0,502</b>	-0,238	-0,084	0,142	0,100	0,081	-0,199	-0,100	0,308
Ext	0,114	0,048	0,030	<b>-0,536</b>	0,273	0,332	0,040	-0,142	0,003
R_BA	0,382	0,283	-0,185	-0,163	0,271	0,225	-0,149	-0,360	0,015
R_CM	0,036	<b>0,471</b>	-0,007	-0,019	0,264	0,263	0,100	0,012	0,166
SBI	-0,319	-0,239	0,402	<b>0,697</b>	-0,341	-0,103	-0,095	<b>0,740</b>	0,001
C_Out_COT	0,370	-0,125	0,072	-0,182	0,082	0,066	0,127	-0,233	0,073
A_EXT7	0,117	-0,073	0,070	0,405	-0,172	-0,243	0,038	0,028	0,061
DM	<b>0,547</b>	<b>0,517</b>	<b>-0,533</b>	<b>-0,502</b>	<b>0,488</b>	0,335	0,166	<b>-0,557</b>	-0,016
NE	-0,122	<b>0,469</b>	0,169	0,274	0,004	0,193	<b>0,450</b>	0,423	-0,189

#### Corrélations entre les paramètres d'exploitation issues de l'ACP des regroupements de taxons

Variables	C_out_NH4	C_out_NO3	Cm_DBO5	Massa_Fecl3	MESj_BA	O2_Aerj_BA	pH_moyj_BA	T_Aerj_meml	T_ANOj_BA	T°C_BA	Ts_ZANOj	Tsh_stepj	AlphaC	PTM_RM1_b	Visco	IB_BA	EHj_ZANO	C_Out_DCOExt	R_BA	R_CM	SBI	C_Out_COT	A_EXT7	DM	NE				
C_out_NH4	1																												
C_out_NO3	-0,171	1																											
Cm_DBO5	-0,220	0,393	1																										
Massa_Fecl3	-0,101	0,297	0,244	1																									
MESj_BA	<b>0,559</b>	-0,375	<b>-0,622</b>	-0,383	1																								
O2_Aerj_BA	-0,435	<b>0,613</b>	0,401	<b>0,473</b>	<b>-0,572</b>	1																							
pH_moyj_BA	<b>0,655</b>	-0,255	-0,305	<b>-0,540</b>	<b>0,715</b>	<b>-0,468</b>	1																						
T_Aerj_meml	0,025	<b>0,892</b>	0,429	0,247	-0,233	0,378	-0,015	1																					
T_ANOj_BA	-0,134	-0,046	0,008	-0,266	-0,295	-0,093	-0,038	0,040	1																				
T°C_BA	-0,323	<b>-0,592</b>	<b>-0,472</b>	-0,167	0,032	-0,366	-0,193	<b>-0,752</b>	-0,011	1																			
Ts_ZANOj	-0,389	0,297	0,121	0,247	<b>-0,650</b>	0,207	-0,327	0,197	<b>0,447</b>	0,114	1																		
Tsh_stepj	-0,287	<b>-0,702</b>	-0,404	-0,031	-0,162	-0,167	-0,262	<b>-0,896</b>	0,106	<b>0,853</b>	0,127	1																	
AlphaC	0,164	-0,055	-0,212	0,104	0,223	<b>-0,524</b>	0,101	0,124	0,266	-0,030	0,137	-0,139	1																
PTM_RM1_b	0,010	<b>0,615</b>	<b>0,445</b>	0,106	-0,373	<b>0,514</b>	-0,161	<b>0,663</b>	0,185	<b>-0,755</b>	0,011	<b>-0,637</b>	-0,084	1															
Visco	0,220	0,072	-0,217	0,245	0,156	-0,338	-0,135	0,216	-0,059	0,076	-0,033	-0,167	<b>0,649</b>	-0,025	1														
IB_BA	<b>0,501</b>	0,143	-0,147	<b>-0,601</b>	0,383	-0,156	<b>0,624</b>	0,278	-0,015	-0,286	-0,179	<b>-0,468</b>	0,093	0,177	0,195	1													
EHj_ZANO	-0,347	0,292	0,250	0,115	-0,380	0,173	-0,247	0,145	0,132	0,102	0,339	0,091	-0,172	-0,005	-0,193	-0,438	1												
C_Out_DCOt	-0,117	<b>-0,520</b>	-0,115	-0,270	-0,022	-0,047	-0,027	<b>-0,685</b>	0,114	<b>0,499</b>	-0,256	<b>0,654</b>	<b>-0,501</b>	-0,275	<b>-0,472</b>	-0,369	0,195	1											
Ext	0,062	-0,041	-0,203	<b>-0,649</b>	0,385	-0,163	<b>0,485</b>	0,006	0,120	0,094	-0,126	-0,124	-0,108	-0,050	<b>0,554</b>	-0,300	-0,040	0,195	1										
R_BA	0,281	<b>-0,535</b>	-0,412	-0,202	<b>0,639</b>	-0,221	0,303	<b>-0,549</b>	-0,319	0,183	<b>-0,796</b>	0,289	-0,182	-0,310	-0,112	-0,059	-0,315	<b>0,613</b>	0,096	1									
R_CM	0,267	-0,255	-0,108	-0,215	<b>0,691</b>	-0,315	0,214	-0,194	<b>-0,592</b>	0,066	<b>-0,675</b>	-0,067	-0,098	-0,176	0,162	0,124	-0,166	0,150	0,107	<b>0,540</b>	1								
SBI	-0,303	0,235	<b>0,472</b>	0,365	<b>-0,530</b>	<b>0,496</b>	<b>-0,621</b>	0,132	-0,098	-0,070	0,042	-0,333	0,330	-0,092	-0,305	0,202	0,229	-0,314	-0,149	0,175	1								
C_Out_COT	0,147	<b>-0,448</b>	-0,289	<b>-0,481</b>	0,223	-0,381	0,324	<b>-0,458</b>	0,198	0,325	-0,291	0,359	-0,075	-0,187	-0,303	0,028	-0,087	<b>0,695</b>	0,029	0,402	0,229	0,072	1						
A_EXT7	-0,192	-0,044	-0,027	<b>0,485</b>	-0,143	0,125	-0,394	-0,097	-0,208	0,041	-0,142	0,167	0,075	0,180	0,006	<b>-0,485</b>	0,217	0,179	<b>-0,868</b>	0,156	0,149	0,315	0,189	1					
DM	0,227	<b>-0,477</b>	-0,342	-0,309	<b>0,558</b>	<b>-0,525</b>	<b>0,584</b>	-0,417	-0,290	0,252	-0,177	0,187	0,088	<b>-0,594</b>	-0,261	0,110	-0,112	0,116	0,047	0,342	0,212	<b>-0,663</b>	0,301	0,046	1				
NE	0,077	0,131	0,329	0,127	0,206	0,063	0,192	0,300	-0,252	<b>-0,445</b>	-0,423	<b>-0,453</b>	-0,152	0,108	-0,182	0,002	-0,225	-0,094	0,076	0,182	0,363	0,285	0,091	0,006	0,072	1			

## ANNEXE 10: Sigles et Notations

### NOTATIONS

gMVS	gramme de matières volatiles en suspension
Step	station d'épuration des eaux usées
DCOb	demande chimique en oxygène
MES	matières en suspension
HRT	temps de rétention hydraulique
SRT	temps de rétention des boues
BRM	bioréacteur à membrane
BA	bassin d'aération
NH4	ammoniaque
NO3	nitrate

### ANNEXE 11: Sigles et Notations (suite)



## Sigles

<b>Cd_parametre</b>	<b>Unite</b>	<b>Signification</b>
A_EX	j	Age des boues extraction
AlphaC	m <sup>-2</sup>	
C_out_DCO <sub>b</sub>	mgDCOb/L	Concentration moyenne journalière DCO <sub>b</sub> sortie station
C_out_NH <sub>4</sub>	mgNH <sub>4</sub> /L	Concentration moyenne journalière NH <sub>4</sub> sortie station
C_out_NO <sub>3</sub>	mgNO <sub>3</sub> /L	Concentration moyenne journalière NO <sub>3</sub> sortie station
Cm_DBO <sub>5</sub>	KgDBO <sub>5</sub> /KgMVS.j	Charge massique
EHj_BA	mV	Redox moyen journalier des boues dans BA
EHj_ZANO	mV	Redox moyen journalier des boues dans ZANO
IB_BA	g/mL	Indice de boue BA
Masse_FeCl <sub>3</sub>	Kg/j	Ajout gFeCl <sub>3</sub> /j
MESj_BA	gMES/L	Taux de boue moyen journalier BA
MESj_step	gMES/L	Taux de boue moyen journalier step
MVSj_BA	gMVS/L	Taux de minéralisation moyen journalier BA
MVSj_step	gMVS/L	Taux de minéralisation moyen journalier step
O <sub>2</sub> _Aerj_BA	mgO <sub>2</sub> /L	Moyenne pendant aération
O <sub>2</sub> _moyj_BA	mgO <sub>2</sub> /L	Moyenne Oxygène dissous BA
Permea	LMH/bar	Perméabilité/jour
pH_moyj_BA	pH	Moyenne journalière pH des boues BA
PTM_RM1_bas		
T_Aerj_membr	h/j	Temps air membranes (CM1 +CM2) h/j
T_ANOj_BA	h/j	Temps d'anoxie dans BA
T_ANOj_Cumul2_step	h/j	Nombre de cycle répétés d'anoxie/j>2 heures(BA+CM)
T_ANOj_step	h/j	Temps d'anoxie global step (BA+ZA+CM)
T°C_BA	°C	Temperature moyenne journalière des boues
Ts_ZANOj	h/j	Temps de séjour dans zone anoxie
Tsh_stepj	j	Temps de séjour hydraulique step
Visco	mPa/s	Viscosité

## ANNEXE 12: Sigles et Notations (suite)

### Sigles

<b>Cd_taxon</b>	<b>espece</b>
ACISPX	Acineta sp.
ANCSPX	Ancyromonas sp.
ANISPX	Anisonema sp.
ARCSPX	Arcella sp.
ASPCOS	Aspidisca costata
BODANG	Bodo angustus
BODGLO	Bodo globulus
BODSAL	Bodo saltans
BODSPX	Bodo sp.
CHLSPX	Chlamydomphrys sp.
DALSPX	Dallingeria sp.
EPIROT	Epistylis rotans
EUGSPX	Euglena sp.
EUYSPX	Euglypha sp.
INDBIF	non_reseigne
INDGAM	Grande Amibe
INDHOB	non_reseigne
INDMOA	non_reseigne
INDMOB	non_reseigne
INDMOC	non_reseigne
INDPAM	Petite Amibe
INDTHE	non_reseigne
MICSPX	Microthorax sp.
MONSPX	Monas sp.
NOTSPX	Notosolenus sp.
OICSPX	Oicomonas sp.
PERSPX	Peranema sp.
PETSPX	Petalomonas sp.
PODSPX	Podophrya sp.
PROSPX	Prorodon sp.
PSESPX	Pseudoprorodon sp.
RHYSPX	Rhynchomonas sp.
SUCIND	suctorien indetermine
TOKSPX	Tokophrya sp.
TRAPUS	Trachelophyllum pusillum
TRESPX	Trepomonas sp.
UROSPX	Uronema sp.
VORBIG	Vorticella grande
VORPET	Vorticella petite
VORTET	Vorticella tete
ZOOSPX	Zoothamnium sp.