



HAL
open science

Modélisation et observation des bioprocédés à membranes : Application à la digestion anaérobie

Boumédiène Benyahia

► To cite this version:

Boumédiène Benyahia. Modélisation et observation des bioprocédés à membranes : Application à la digestion anaérobie. Sciences du Vivant [q-bio]. Université Montpellier 2 (Sciences et Techniques); Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen, 2012. Français. NNT: . tel-02810196

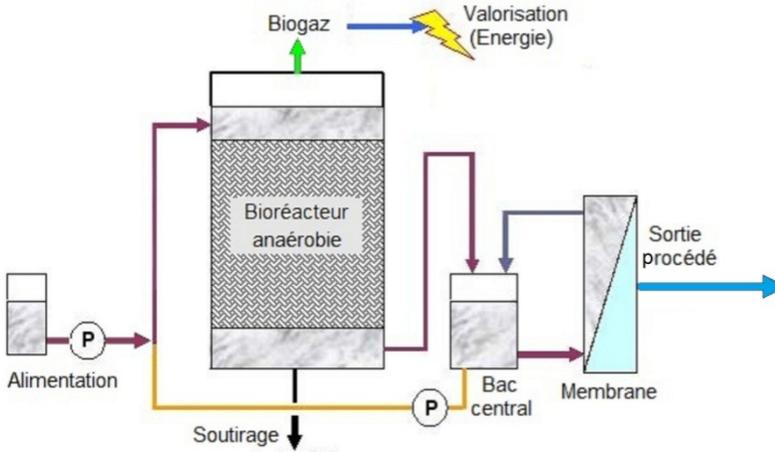
HAL Id: tel-02810196

<https://hal.inrae.fr/tel-02810196v1>

Submitted on 6 Jun 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.



Modélisation et observation des bioprocédés à membranes : Application à la digestion anaérobie

*Modeling and observation of membrane bioprocesses:
Application to the anaerobic digestion*

Boumediène BENYAHIA

THÈSE

préparée en cotutelle entre :

L'UNIVERSITÉ DE TLEMCCEN, ALGÉRIE

Laboratoire d'Automatique de Tlemcen



et

L'UNIVERSITÉ DE MONTPELLIER 2, FRANCE

École doctorale Sciences des Procédés - Sciences des Aliments

Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement, Narbonne



pour obtenir le grade de
DOCTEUR ES-SCIENCES

discipline : Automatique

par

Boumediène BENYAHIA

MODÉLISATION ET OBSERVATION DES BIOPROCÉDÉS À MEMBRANES : APPLICATION À LA DIGESTION ANAÉROBIE

Soutenue le 18 octobre 2012 devant le jury :

Mme. KHADIDJA ALLIA, <i>professeur à l'USTHB, Alger</i>	Rapporteur
M. ALAIN VANDE WOUWER, <i>professeur à l'université de Mons</i>	Rapporteur
M. CLAUDE LOBRY, <i>professeur émérite à l'université de Nice</i>	Président du jury
M. BOUMÉDIÈNE MOUSSA BOUDJEMAA, <i>professeur à l'université de Tlemcen</i>	Examineur
M. SAMUEL ELMALEH, <i>professeur à l'université de Montpellier 2</i>	Examineur
M. SALIM LABIOD, <i>professeur à l'université de Jijel</i>	Examineur
M. BRAHIM CHERKI, <i>professeur à l'université de Tlemcen</i>	Directeur de thèse
M. JÉRÔME HARMAND, <i>directeur de recherche à l'INRA, Narbonne</i>	Directeur de thèse
M. TEWFIK SARI, <i>professeur et directeur de recherche à IRSTEA, Montpellier</i>	Invité
M. JEAN-PHILIPPE STEYER, <i>directeur de recherche à l'INRA, Narbonne</i>	Invité

A mes parents et à toute ma famille
A la mémoire de mon frère Said
A ceux qui me sont chers

Remerciements

Petite histoire

Pendant le pot de soutenance de Magister d'une collègue, où il était dans le jury, lorsqu'il a quitté la salle, il m'a appelé et m'a dit qu'on allait intégrer un projet international avec des collègues de France (je connaissais quelque uns) sur le traitement des eaux usées ... Il m'a informé qu'on avait besoin d'un doctorant et qu'il avait pensé à moi et même avait proposé mon nom ! Il m'a dit qu'il fallait commencer le travail dans l'immédiat parce que l'on était déjà un peu en retard ... !! Si mes souvenirs sont bons, je me rappelle que je n'avais pas terminé mon pot avec mes amis et que je lui avais accompagné dans le laboratoire d'Automatique. Il a ouvert une armoire où il y avait des livres et il m'a passé un de G. Bastin et D. Dochain, intitulé "On-line estimation and adaptive control of bioreactors", que je n'ai pas encore rendu jusqu'à l'écriture de ces lignes... Il m'avait demandé de le lire, en particulier les Chapitres 2, 3, ... Lui, il a commencé déjà de jeter sur place un coup d'œil sur les chapitres et parler (si je me rappelle bien) des termes "épuration, cinétiques biologiques, réactions biologiques, bactéries, modélisation des écosystèmes, capteurs et observateurs pour les bioprocédés ..." Je me disais, c'est quoi tout ça ? ! Je ne comprenais pas grande chose et parfois rien ! Mais comme la plupart des doctorants débutants, je disais : oui, oui, ... je terminais les derniers mots des phrases qu'il avait commencées quand j'étais sûr que c'était correct !! Je me montrais motivé et avoir assimilé tout ce qu'il disait (alors qu'au fond de moi, je ne comprenais pas grande chose ! !)... J'ai pris le livre et je lui ai dit : ok, d'accord Monsieur, je vais lire tout ça ...

Quelques mois après, ce Monsieur m'a parlé d'un autre Monsieur et il m'a dit qu'ils allaient être à deux et j'allais être l'Unité. En fait, ce nom de "Unité" m'a été attribué bien après, quand un troisième Monsieur nous a rejoint et me l'a donné ! Finalement, ils étaient trois Messieurs et j'étais l'Unité. Mais en réalité, je n'étais jamais l'Unité 'seul'... Ces trois Messieurs et Moi, nous travaillions toujours ensemble, ils m'aidaient et me guidaient dans le bon sens. Les réactions entre nous avaient des cinétiques avec ni saturation, ni inhibition, nous avions un "fonctionnement normal". ... Sans eux, je ne serais pas arrivé aujourd'hui à rédiger ces lignes, tout ce qu'il me reste à rédiger de ma thèse ... !

Les travaux de cette thèse ont été réalisés au sein du Laboratoire d'Automatique de Tlemcen, Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement, INRA, Narbonne et MISTEA de Montpellier, sous les directions du :

- Premier Monsieur dans mon histoire : Brahim CHERKI, professeur à l'université de Tlemcen. Je tiens à lui exprimer tous mes sentiments, mon profond respect et mes sincères gratitude. Il n'a jamais cessé de m'encourager, me conseiller, m'instruire et m'orienter afin d'arriver à mon but scientifique et moral. C'est une personne distinguée par ses qualités tant humaines que professionnelles, sa patience et son esprit analytique et constructif, montrés tout au long de ce travail. Sans lui, je ne commencerais jamais ma thèse et je ne la finirais jamais, il m'a sorti pas mal de fois de mes angoisses et m'a encouragé par ses vifs conseils quand je voyais que le chemin était encore loin et impossible... Merci Brahim.
- Deuxième Monsieur dans mon histoire : "Monsieur Jérôme" comme je l'ai appelé lors de notre premier contact à Tlemcen en 2006. Jérôme HARMAND, directeur de recherche au LBE, INRA de Narbonne, sans son aide, ses conseils, ses encouragements (quand je lui montrais un travail, il me disait toujours : super ! très bien, continue comme ça ! on va faire ça et ça, rédige en propre, valorise ceci ...), ce travail n'aurait pu se terminer avec la qualité présente. Qu'il trouve ici le

témoignage de ma haute considération. Jérôme, je disais toujours de toi “Jérôme, le bon gérant”, je prenais ça comme exemple pour moi... Merci Jérôme.

- Troisième Monsieur dans mon histoire : Tewfik SARI, professeur et directeur de recherche à IRS-TEA de Montpellier. Que puis-je dire de lui ... ? ! Tous les mots, toutes les expressions ne peuvent exprimer mes sentiments et mes sincères gratitude envers lui. Sans lui, rien de mes travaux n’auraient pu avoir lieu... Tewfik, grâce à toi que j’ai pu terminer les travaux de ma thèse et que j’ai vu mes articles publiés. C’était un immense honneur pour moi de travailler avec quelqu’un comme toi... Les remarques et les critiques pendant tes séances de travail m’ont été très utiles et m’ont forgé. Tewfik, je te remercie infiniment et par-dessus tout, je te remercie aussi de ton amitié et ta bonne humeur pendant mes séjours à Montpellier.

Je voudrais remercier Monsieur Claude LOBRY, professeur émérite à l’INRIA de Sophia-Antipolis, Nice, d’avoir accepté de présider le jury de cette thèse. Je voudrais le remercier également pour ses précieux conseils lors de nos rencontres. Sa façon de faire des séminaires et ses formidables idées m’ont beaucoup inspiré et m’ont donné envie de faire de la recherche.

Ma reconnaissance va également aux Professeurs Madame Khadidja ALLIA de l’USTHB, Alger et Monsieur Alain VANDE WOUWER de l’université de Mons en Belgique en leur qualité de rapporteurs de cette thèse. Je tiens à remercier sincèrement les Professeurs Boumediène MOUSSA BOUDJAMAA de l’université de Tlemcen, Samuel ELMALEH de l’université de Montpellier 2 et Salim LABIOD de l’université de Jijel pour avoir accepté d’examiner ma thèse. Un grand merci à Monsieur Jean-Philippe STEYER, directeur de recherche et directeur du LBE, INRA, Narbonne qui a accepté de faire le déplacement et m’honorer par sa présence en répondant à notre invitation. Je lui remercie aussi pour m’avoir accueilli dans le LBE pendant mon stage de 3 mois en 2009.

Je remercie bien évidemment tout le personnel du LBE-INRA et son ancien directeur Jean-Philippe DELGENES pour leur accueil chaleureux pendant mes stages en 2007 et 2009 et je leur dis : vous êtes une famille formidable ! Je n’oublierai jamais les bons moments passés parmi vous. A l’occasion, j’exprime ma gratitude la plus profonde à Maxime DUMONT qui m’a donné beaucoup de son temps précieux de thèse (pendant mon stage 2007) pour me montrer comment nourrir les bactéries dans ces petits mondes de bioréacteurs... à Djalal MAZOUNI qui était le premier qui m’a accueilli un certain soir pluvieux du 12 février 2007 à la gare de Narbonne... c’est un ami formidable qui m’a beaucoup aidé et soutenu pendant mes premiers jours à Narbonne. Bart HAEGEMAN, merci pour ta bonne humeur, ton bon voisinage quand nous étions logés chez “Les Grizetis”, pour les sorties que tu nous organisais avec Dimitri (dans ta limousine rouge) un peu partout dans la région d’Aude chaque fois que l’occasion se présentait.

J’adresse mes sincères remerciements à l’équipe Modemic, UMR MISTEA de Montpellier pour son accueil plus que chaleureux pendant mes stages de 2010, 2011 et 2012. Je tiens spécialement à remercier Monsieur Alain RAPAPORT directeur de Mistea pour sa sympathie et les très enrichissantes discussions que j’ai eues avec lui. Je remercie aussi Monsieur Fabien CAMPILLO, directeur de recherche à Modemic pour son aide précieuse lors des derniers jours de ma thèse, ses commentaires et sa bonne humeur. Sans oublier les ‘supers’ assistantes et secrétaires. Je suis très reconnaissant pour leurs services formidables en particulier : Annie ALIAGA, Monique VARLET, Cécile LOUCHE, Maria TROUCHE et Genevière CARRIERE... vous êtes fortes !

Je tiens à remercier aussi tous mes collègues à Mistea pour l'ambiance conviviale et les bons moments que j'ai partagé avec eux pendant mes séjours à Montpellier, en particulier Ihab HAIDAR, Miled ELHAJJI, Radhouane FEKIH SALEM, Lamine DIAGNE et Amine CHARFI (merci une deuxième fois Amine pour les bons moments partagés avec toi et Younesse pendant notre stage en 2009 à Narbonne !).

Un grand merci au professeur Denis DOCHAIN de l'université catholique de Louvain en Belgique de m'avoir accueilli dans son laboratoire pendant une dizaine de jours en 2011, afin d'enrichir mes connaissances à travers les riches discussions que j'ai eues avec lui. Karim YADI, Hamid BENSALAH et Ali MOUSSAOUI, je vous remercie pour votre aide et pour les riches discussions que j'ai eues avec vous.

Je voudrais remercier Monsieur Nouredine GHOUALI, recteur de l'université de Tlemcen pour son aide et son soutien. Un grand merci aussi à monsieur l'ex-doyen de la faculté de Technologie Abdelmalek BEKKOUCHE et son successeur monsieur Abdellatif MEGNOUNIF pour leur aide et leur compréhension. Mes profonds remerciements vont aussi à Monsieur Abdelmadjid MEGHABBAR, ami et notre chef de département de GEE à la faculté de Technologie de Tlemcen pour l'aide et la liberté qu'il m'a données à finir ma thèse et à assurer mes enseignements en parallèle.

Merci au personnel de la faculté de Technologie de Tlemcen et du rectorat avec qui j'ai eu des contacts pendant ma thèse en particuliers : les secrétaires de département GEE et du service de stage à la faculté et le service des relations extérieures au rectorat... vous êtes formidables !

Je n'aurai pas de mots suffisamment forts pour dire à quel point les amis rencontrés à la résidence de SupAgro à Montpellier m'ont été indispensables. Ils étaient pour moi une seconde famille, j'ai vécu avec eux des moments inoubliables. Je cite en particulier Ali SASSI, Khader KHADRAOUI, Omar, Radhia BOUCHAKOUR,... Un grand merci à Helima YACOUBI (Alloute), Amel BARKOUTI et Wissem TOUMI ADJIMI : vous m'avez bien aidé et vous avez beaucoup fait pour moi ! Je serai toujours reconnaissant. Toujours à la résidence de SupAgro, il y a une personne que je ne trouve pas comment exprimer toute ma gratitude envers elle : Randa CHAIEB, que pourrai-je dire d'elle ? ! Elle m'était toujours indispensable, elle m'a beaucoup aidé et m'a rendu plein de services. Ses conseils précieux et judicieux m'ont été très utiles. C'est une bonne amie au vrai sens du mot, je l'estime beaucoup ... Je la remercie du fond de mon cœur.

Je souhaite exprimer ma gratitude à tous les collègues du laboratoire d'Automatique de Tlemcen pour la bonne ambiance et les sourires partagés : Boumediène YAGOUBI, Hamid BENSALAH, Choukri BENSALAH, Amine HADJ ABDELKADER, Sofiane KHADRAOUI, Mme Mounira BENALLEL et Mme Amel CHOUKCHOU BRAHAM 'Madame CBA' comme je l'appelais toujours, qui n'a pas cessé de me conseiller et de me remonter le moral pendant toute ma thèse. A l'occasion, merci aussi à son mari Monsieur Nouredine CHOUKCHOU BRAHAM, ses conseils précieux m'ont été très utiles.

Je ne saurais terminer sans remercier tous mes enseignants et profs pendant toute ma carrière d'études. Tous mes amis, merci.

Ma famille... en particulier mes parents, le meilleur est pour la fin ! Je tiens bien évidemment à vous remercier du plus profond de mon cœur. Sans vous je ne serais pas ce que je suis aujourd'hui et sans vous je ne serais pas arrivé jusqu'ici.

Résumé

Cette thèse porte sur la modélisation des réacteurs membranaires anaérobies. Dans une première partie, nous proposons une analyse mathématique générique d'un modèle de digestion anaérobie en deux étapes appelé AM2. La principale limitation du développement des réacteurs membranaires étant le risque de colmatage, nous proposons, dans une seconde partie, d'étendre le modèle AM2 en incorporant une nouvelle variable d'état modélisant la dynamique des Produits Microbiens Solubles (SMP) dont le rôle dans le colmatage des membranes a été démontré. Une étude mathématique exhaustive de ce nouveau modèle appelé AM2b est réalisée pour comprendre et comparer les comportements qualitatifs des deux modèles. Dépendant des conditions de fonctionnement et des valeurs des paramètres biologiques utilisées, nous montrons que ce nouveau modèle peut se comporter comme le modèle initial AM2, ou, au contraire, présenter un comportement qualitatif très différent. L'étape suivante sera d'utiliser ce modèle pour la synthèse de régulateurs. Toutefois, le manque de capteurs en-ligne nous a amené, dans une troisième partie, à procéder à la synthèse d'un certain nombre d'observateurs d'état classiques. Au regard des caractéristiques spécifiques des bioprocédés, cette dernière partie se termine par la proposition de nouvelles pistes pour l'estimation d'état et de paramètres par des méthodes stochastiques, notamment les filtres particulaires dont nous présentons brièvement le principe.

Mots clés

Analyses d'équilibres, BioRéacteurs Membranaires Anaérobies, Colmatage de la membrane, Digestion anaérobie, Filtrage particulaire, Modélisation, Observateurs, Produits Microbiens Solubles (SMP), Stabilité, Traitement des eaux usées.

PUBLICATIONS ET COMMUNICATIONS SCIENTIFIQUES LIÉES À LA THÈSE

PUBLICATIONS

B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. *Bifurcation and stability analysis for monitoring anaerobic digestion processes*. Journal of Process Control, 22(6) :1008 - 1019, 2012.

B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. *Anaerobic Membrane BioReactor modeling in the presence of the Soluble Microbial Products (SMP) - the Anaerobic Model AM2b*. Submitted in AIChE Journal.

COMMUNICATION DANS LES CONFÉRENCES

B. Benyahia, B. Cherki, J. Harmand, and T. Sari. *Quelques résultats sur l'observation du modèle AM2b*. In CARI'12, Alger, Algérie, 2012.

B. Benyahia, F. Campillo, B. Cherki, and J. Harmand. *Particle filtering for the chemostat*. In MED'12, Barcelone, Espagne, 2012.

B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. *Modeling of the soluble microbial products (SMP) in anaerobic membrane bioreactors (AMBR) : Equilibria and stability of the AM2b model*. In IFAC'11, Milan, Italie, 2011.

B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. *Modélisation mathématique d'un bioréacteur membranaire anaérobie*. In TAMTAM'11, Sousse, Tunisie, 2011.

B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. *Sur le modèle AM2 de digestion anaérobie*. In CARI'10, Yamoussoukrou, Côte d'ivoire, 2010.

B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. *Equilibria of an anaerobic wastewater treatment process and their stability*. In CAB'10, Leuven, Belgique, 2010.

M. Dumont, A. Rapaport, J. Harmand, **B. Benyahia**, and J.J. Godon. *Observers for microbial ecology - how including molecular data into bioprocess modeling ?* In MED'08, Ajaccio, France, 2008.

Table des matières

Introduction générale	1
1 Synthèse bibliographique	7
1.1 Introduction	8
1.2 La digestion anaérobie	8
1.2.1 Historique	8
1.2.2 Définition	9
1.2.3 La digestion anaérobie	9
1.3 Les Bioréacteurs Membranaires (BRM)	10
1.3.1 Pourquoi utiliser des BRM ?	10
1.3.2 Aperçu sur les membranes	12
1.3.3 BRM à boucle externe	13
1.3.4 BRM immergés	13
1.3.5 Un intérêt grandissant pour les BRM - Un aperçu et quelques chiffres	14
1.4 Les BRM et le traitement anaérobie, un couplage justifié sous contraintes environnementales	15
1.5 Les Produits Microbiens Solubles	16
1.5.1 Définition et classification des SMP	16
1.5.2 Comment les SMP sont produits dans les bioréacteurs et pourquoi ?	17
1.5.3 Le colmatage des membranes dans les BRM	18
1.6 Conclusion	22
2 Sur un modèle de digestion anaérobie à deux étapes	23
2.1 Introduction	24
2.2 État de l'art sur le modèle de digestion anaérobie à deux étapes	25
2.3 Le modèle AM2 de digestion anaérobie à deux étapes	27
2.3.1 Description du modèle AM2 : hypothèses et schéma réactionnel	27
2.3.2 Équations mathématiques de bilan de masse	28
2.3.3 Calcul des équilibres	29
2.3.4 Équilibres hyperboliques et non hyperboliques du système	31
2.4 Comportement global du système	38
2.5 Étude du nombre et de la nature des équilibres en fonction de la variable de commande	41
2.6 Sur un critère de stabilité proposé : révision et modification	44
2.6.1 Un système initial et un système réduit	44

2.6.2	Critères de stabilité proposés	45
2.6.3	Révision des critères proposés	46
2.6.4	Comparaison du critère <i>proposé</i> et du critère <i>révisé</i>	47
2.6.5	Simulations numériques des critères proposé et révisé	50
2.7	Conclusion	55
3	Modélisation des SMP dans un BioRéacteur Membranaire Anaérobie	57
3.1	Introduction	58
3.2	Sur la modélisation des SMP dans les systèmes anaérobies	58
3.3	Développement d'un modèle pour un bioréacteur anaérobie (le modèle AM2b)	59
3.3.1	Approche proposée et hypothèses de développement	59
3.3.2	Schéma réactionnel et équations mathématiques	60
3.3.3	Positivité et bornitude des variables	63
3.3.4	Équilibres du modèle	64
3.4	Détermination graphique des équilibres	68
3.4.1	Approche utilisée	68
3.4.2	Représentation graphique des fonctions	71
3.4.3	Étude de quelques cas génériques de la détermination graphique des équilibres	75
3.5	Différences qualitatives entre le modèle AM2 et le modèle AM2b	87
3.6	Synthèse de l'approche graphique utilisée	88
3.7	Conclusion	89
4	Observateurs et estimateurs pour le modèle AM2b	91
4.1	Introduction	92
4.2	Observateurs pour les bioprocédés	92
4.2.1	Généralités sur l'observabilité des systèmes dynamiques	93
4.2.2	L'observateur asymptotique et l'observateur par intervalle	95
4.2.3	L'estimateur basé-observateur	97
4.3	Synthèse d'observateurs pour le modèle AM2b	99
4.3.1	Observateur asymptotique	100
4.3.2	Estimateur basé-observateur : méthode de découplage	101
4.4	Filtrage particulaire	105
4.4.1	Motivations	105
4.4.2	Principe du filtrage particulaire	105
4.4.3	Application aux bioprocédés	108
4.4.4	Quelques remarques sur le filtrage particulaire	111
4.5	Conclusion	111
	Conclusion générale	113

Table des figures

1.1	La conversion de la matière organique dans la digestion anaérobie.	9
1.2	Les étapes de la digestion anaérobie. A gauche : toutes les étapes [sit]. A droite : schéma simplifié.	11
1.3	Les équivalences énergétiques du méthane [sit].	12
1.4	Procédé conventionnel à boues activées.	12
1.5	Bioréacteur membranaire à boucle externe [Gag].	13
1.6	Bioréacteur membranaire immergé [Gag].	14
1.7	Évolution chronologique de publications scientifiques relatives aux BRM [Yan06].	14
1.8	Formation du biofilm dans un digesteur anaérobie.	15
1.9	Mécanisme de formation des SMP [Mas04].	17
1.10	Classification des SMP en UAP et BAP.	18
1.11	Variation du flux en fonction de la pression transmembranaire.	19
1.12	Les différentes résistances dues au colmatage.	20
1.13	Les différents mécanismes du colmatage [VK05].	20
1.14	Rôle des SMP dans le colmatage [LC06].	22
2.1	Les solutions possibles de $\alpha D = \mu_1(S_1)$ (gauche) et de $\alpha D = \mu_2(S_2)$ (droite).	30
2.2	Cas de bistabilité quand $S_{2in} < S_2^M$ et $S_{2in}^* > S_2^M$	33
2.3	Les positions possibles de S_{2in} par rapport à λ_2^1 et λ_2^2 quand $S_{1in} < \lambda_1$	33
2.4	Les positions possibles de S_{2in} et S_{2in}^* par rapport à λ_2^1 et λ_2^2 quand $\lambda_1 < S_{1in}$	33
2.5	Différents cas possibles quand deux des trois nombres $\lambda_2^1(D)$, $\lambda_2^2(D)$ et S_{2in} sont égaux si $\lambda_1 > S_{1in}$	36
2.6	Différents cas possibles quand deux des quatre nombres $\lambda_2^1(D)$, $\lambda_2^2(D)$, S_{2in} et $S_{2in}^*(D)$ sont égaux si $\lambda_1 < S_{1in}$	36
2.7	La structure cascade du système (2.6)-(2.9)	38
2.8	Les équilibres du système (2.13). A gauche, l'équilibre de lessivage E_0 (stable). A droite, l'équilibre intérieur E_1 (stable) et E_0 (instable)	39
2.9	Les équilibres du système (2.16). A gauche, l'équilibre de lessivage E_0 (stable). Au centre, les équilibres intérieurs E_1 (stable), E_2 (instable) et l'équilibre E_0 (stable). A droite, l'équilibre intérieur E_1 (stable) et E_0 (instable)	41
2.10	Les valeurs de D donnant les bifurcations des équilibres.	42
2.11	Les composantes des équilibres en fonction de D : E_1^0 (en noir), $E_1^1(D)$ (en cyan), $E_1^2(D)$ (en bleu), E_2^0 (en vert), $E_2^1(D)$ (en rouge) et $E_2^2(D)$ (en magenta).	43

2.12	Les équilibres E_1^0 (noir), $E_1^1(D)$ et $E_1^2(D)$ (cyan et bleu respectivement), $E_2^0(D)$ (vert) et $E_2^1(D)$ et $E_2^2(D)$ (rouge et magenta respectivement) en fonction de D . Ici $D_2 > D_1 > D_3 > D_4$.	44
2.13	Marge de stabilité et marge critique de stabilité proposées par [Hes08]	45
2.14	Marges de stabilité proposées et modifiées.	48
2.15	Les équilibres de (2.16) et (2.17) avec $\lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}^* < \tilde{S}_{2in}$	49
2.16	Les équilibres de (2.16) et (2.17) avec $\lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2 < \tilde{S}_{2in}$	49
2.17	Les équilibres de (2.14) et (2.17) avec $S_{2in}^* < \lambda_2^1 < \lambda_2^2 < \tilde{S}_{2in}$	50
2.18	La fonction $\mu_1(S_1)$ pour $m_1 = 1.2$ (haut) et $m_1 = 0.5$ (bas).	51
2.19	La fonction $\mu_2(S_2)$ pour $m_1 = 1.2$: $\lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}^* < \tilde{S}_{2in}$	52
2.20	La fonction $\mu_2(S_2)$ pour $m_1 = 0.5$: $S_{2in}^* < \lambda_2^1 < \lambda_2^2 < \tilde{S}_{2in}$	53
2.21	Les indices de risque R et r en fonction de temps. A $t = 50$, la valeur de m_1 change de 1.2 à 0.5	53
2.22	Les solutions numériques du système (2.6)-(2.9) en fonction du temps. A $t = 50$ la valeur de m_1 change de 1.2 à 0.5	54
3.1	Représentation schématique du modèle proposé.	60
3.2	Gauche : Représentation schématique de la séparation membranaire. Droite : Variation du flux J en fonction de la pression transmembranaire ΔP .	60
3.3	Diagramme résumant les équilibres du système AM2b (3.5)-(3.9).	69
3.4	Le graphe de la fonction $F(S)$	71
3.5	Le graphe de la fonction $G(S_1)$ si $B_2 < -m_1 B_1$. La zone grise représente la zone où (3.23) n'est pas vérifiée et/ou $S < 0$.	72
3.6	Les positions possibles de S_{1in} par rapport à λ_G quand $G(S_1) = 0$.	72
3.7	Les graphes des fonctions $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$, si $C_3 < -m_1 C_2$. La zone grise représente la zone où $S_1 > S_{1in}$ et/ou $S < 0$.	73
3.8	Les graphes des fonctions $H_i(S_1)$ si $C_3 > -m_1 C_2$.	74
3.9	A gauche : Le graphe de la fonction $G(S_1) < 0$. A droite : Les graphes des fonctions $H_i(S_1) < 0$.	74
3.10	Différents comportements de $G(S_1)$ (en bleu) et $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$ (en rouge).	74
3.11	Différents situations d'intersection de $F(S)$ (en noir) avec $G(S_1)$ (en bleu) et $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$ (en rouge).	74
3.12	L'intersection du graphe de $F(S)$ avec les graphes $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$ dans le cas 1.	77
3.13	L'intersection du graphe de $F(S)$ avec les graphes $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$ dans le cas 2.	77
3.14	L'intersection du graphe de $F(S)$ avec les graphes $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$ dans le cas 3.	78
3.15	Les équilibres E_0^0 (en noir), E_1^1 (en cyan) et E_1^2 (en bleu) dans le cas 1.	79
3.16	Les équilibres E_{21}^0 (vert), E_{21}^1 (rouge) et E_{21}^2 (magenta) dans le cas 1.	80
3.17	Les valeurs propres du système (3.5)-(3.9) linéarisé atour de ses équilibres dans le cas 1.	81
3.18	Valeurs m_{ci} , $i = 1..5$ de m donnant bifurcation d'équilibres dans le cas générique 2.	82
3.19	Les valeurs propres du système (3.5)-(3.9) linéarisé atour des équilibres E_0^0 , E_1^1 et E_1^2 dans le cas 2.	83

3.20	Les valeurs propres du système (3.5)-(3.9) linéarisé autour de ses équilibres E_{2j}^1, E_{2j}^2 et $E_{2j}^0, j = 1, 2$ dans le cas 2. La valeur de bifurcation m_{c5} , pour laquelle la composante S_1^* de E_{22}^2 est égale à S_{1in} , n'est représentée que pour les équilibres $E_{2j}^2, j = 1, 2.$	84
3.21	Les équilibres E_{21}^1 (rouge continu), E_{22}^1 (rouge pointillé), E_{21}^2 (magenta continu), E_{22}^2 (magenta pointillé), E_{21}^0 (vert continu) et E_{22}^0 (vert pointillé) dans le cas 2. Les lignes verticaux correspondent aux valeurs de bifurcation m_{c1}, m_{c2}, m_{c3} et m_{c4} . La valeur de bifurcation m_{c5} , pour laquelle la composante S_1^* de E_{22}^2 est égale à S_{1in} , est assez grande et elle n'est pas montrée sur la figure.	85
3.22	Valeurs $m_{ci}, i = 1..5$ de m donnant bifurcation d'équilibres dans le cas générique 3.	86
3.23	Les équilibres E_{21}^1 (rouge continu), E_{22}^1 (rouge pointillé), E_{21}^2 (magenta continu), E_{22}^2 (magenta pointillé), E_{21}^0 (vert continu) et E_{22}^0 (vert pointillé) dans le cas 3.	87
3.24	Prédiction de l'équilibre S_1^* par le modèle AM2b quand S_{1in} change. Ici $K_1 = 10, S_2 = 0.6, D_1 = 0.25, m = 0 - 1$ et $S_{1in} = 8 - 10 - 15$. Les autres paramètres ont les valeurs du tableau 3.3.	88
3.25	Évolution de l'équilibre S_1^* en fonction de S_{1in} pour $m = 0$ et $m = 0.1$	88
4.1	Le principe d'un observateur d'état.	93
4.2	Le principe d'un observateur par intervalle.	96
4.3	Les variables X_1, X_2 et S estimées par l'observateur asymptotique (4.25), en utilisant les valeurs des paramètres biologiques du tableau 3.3, avec $K_1 = 10, S_{1in} = 10, S_{2in} = 10, k_6 = 400, m = 0.14$ et $D_1 = 0.25$	101
4.4	Gauche : les variables supposées mesurées (S_1, S_2) ou estimées (\hat{X}_2). Droite : les variables μ_1, μ_2 et μ estimées par l'estimateur basé-observateur (4.29).	103
4.5	La forme de l'entrée $D(t)$ variable dans le temps ($D(t)=1+v$ avec $v \sim N(0, 0.25^2)$).	103
4.6	Les variables μ_1, μ_2 et μ estimées par l'estimateur basé-observateur (4.29) avec $D(t)$ variable dans le temps (cf. figure 4.5).	103
4.7	Les variables μ_1, μ_2 et μ estimées par l'estimateur basé-observateur (4.30), en utilisant les mêmes valeurs des paramètres biologiques que celles de la figure 4.3.	104
4.8	Principe des méthodes bayésiennes.	106
4.9	L'échantillonnage selon la densité conditionnelle.	108
4.10	Les variables : déterministe (noir), simulée (bleu), observée (vert) et estimée (rouge).	110
4.11	Les mêmes graphes que la figure 4.10, mais sans le processus d'observation et avec des tubes encadrant les valeurs minimale et maximale des variables estimées.	111

Liste des tableaux

1.1	Comparaison entre les BRM à boucle externe et les BRM immergés.	13
2.1	Valeurs nominales des paramètres biologiques proposées dans [Ber01c]	51
3.1	Valeurs de m_1 , K_1 , S_{1in} , S_{2in} , D_1 et K_i , pour lesquelles les figures 3.5-3.11 sont obtenues.	75
3.2	Valeurs converties des paramètres AMOCO	76
3.3	Valeurs des paramètres du modèle AM2b	76
3.4	Les équilibres et leur nature dans le cas générique 1 (cf. figure 3.12.)	79
3.5	Les équilibres et leur nature dans le cas générique 2 (cf. figure 3.13.)	82
3.6	Les équilibres et leur nature dans le cas générique 3 (cf. figure 3.14.)	86

Glossaire des notations

α	Fraction de la biomasse non retenue dans le bioréacteur
β	Fraction des SMP non retenue dans le bioréacteur
<i>BRM</i>	BioRéacteur Membranaire
<i>BRMA</i>	BioRéacteur Membranaire Anaérobie
<i>JP</i>	Flux membranaire
ΔP	Pression transmembranaire
<i>SMP</i>	Produits Microbiens Solubles (Soluble Microbial Products)
<i>UAP</i>	Utilization Associated Products
<i>BAP</i>	Biomass Associated Products
<i>EPS</i>	Matières Extracellulaire-Poly-Saccharides (Extra-cellular Polymeric Substances)
<i>CSTR</i>	Continuous Stirred Tank Reactor (réacteur infiniment mélangé)
<i>UASB</i>	Upflow Anaerobic Sludge Blanket (réacteur anaérobie à lit de boues à flux ascendant)
<i>ADM1</i>	Anaerobic Digestion Model No. 1
<i>MES</i>	Matières En Suspension
<i>ASM</i>	Activated Sludge Model
<i>AMOCO</i>	Projet Advanced Monitoring and Control System for anaerobic processes
<i>AM2</i>	Modèle Acidogénèse, Méthanogénèse 2 étapes
<i>AM2b</i>	Modèle AM2 intégrant la dynamique des SMP
<i>DCO</i>	Demande Chimique en Oxygène
<i>AGV</i>	Acides Gras Volatiles
S_1	Concentration de la Matière organique
S_2	Concentration des AGV
S	Concentration des SMP
S_{1in}	Concentration de S_1 à l'entrée
S_{2in}	Concentration de S_2 à l'entrée
X_1	Concentration des bactéries acidogénèses
X_2	Concentration des bactéries méthanogénèses
CH_4	Méthane
CO_2	Dioxyde de carbone
k_1	Rendement de dégradation de S_1 par X_1
k_2	Rendement de production de S_2 par X_1 à partir de S_1
k_3	Rendement de dégradation de S_2 par X_2
k_4	Rendement de production de CO_2 par X_1 à partir de S_1
k_5	Rendement de production de CO_2 par X_2 à partir de S_2
k_6	Rendement de production de CH_4 par X_2 à partir de S_2
b_1	Rendement de dégradation de <i>SMP</i> par X_1
b_2	Rendement de production de S_2 par X_1 à partir de <i>SMP</i>
b_3	Rendement de production de <i>SMP</i> par X_1 à partir de S_1
b_4	Rendement de production de <i>SMP</i> par X_2 à partir de S_2

m_1	Taux de croissance maximum de X_1 sur S_1
m_2	Taux de croissance maximum de X_2 sur S_2
m	Taux de croissance maximum de X_1 sur SMP
K_1	Constante de demi-saturation associée à S_1
K_2	Constante de demi-saturation associée à S_2
K_i	Constante d'inhibition associée à S_2
K	Constante de demi-saturation associée aux SMP
V	Volume du bioréacteur
Q_{in}	Débit d'entrée
Q_{out}	Débit de sortie
Q_1	Débit de soutirage du BRM
Q_m	Débit de méthane
D	Taux de dilution
D_0	Taux de mortalité des biomasses
D_1	Taux de soutirage du BRM
$\mu_1(S_1)$	Taux de croissance spécifique de X_1 sur S_1
$\mu_2(S_2)$	Taux de croissance spécifique de X_2 sur S_2
$\mu(S)$	Taux de croissance spécifique de X_1 sur SMP
φ_1	Vitesse de réaction de l'étape Acidogénèse + Production des SMP
φ_2	Vitesse de réaction de l'étape Méthanogénèse + Production des SMP
φ	Vitesse de réaction de l'étape Dégradation des SMP
ϕ	Vecteur des vitesses de réactions biologiques
ξ	Vecteur d'état
ξ_{in}	Vecteur d'état à l'entrée

Introduction générale

Les ressources en eau sont mal réparties sur la planète et les écarts entre les pays sont très importants. De nombreux pays arides et semi-arides sont soumis au stress hydrique, où plus d'un milliard de personnes disposent d'un accès à des ressources en eau peu ou non renouvelables. Dans les années à venir, la demande mondiale en eau pourrait augmenter de 650% pour une population mondiale estimée à 8 milliards d'habitants. En 2030, 47% de la population mondiale vivra dans des zones de stress hydrique élevé [UNE09]. Face à ces prévisions et à la situation actuelle de ce droit universel à "l'eau", déjà catastrophique dans les régions vulnérables, des organisations mondiales comme l'UNESCO¹ [UNE03], [UNE09], ont déclenché l'alarme contre les conséquences - immédiates et à long terme - de la crise de l'eau qui touche la planète (maladies, famine, conflits entre les pays partageant des bassins versants, souci que cette ressource naturelle devienne une marchandise, pollution, etc.). La question de l'approvisionnement en eau va devenir cruciale.

Si visiblement, l'eau est abondante sur la terre, il est question de l'eau douce qui représente moins de 1% de l'hydrosphère (totalité de l'eau contenue sur terre) et qu'il faut approvisionner pour toute l'humanité. Cette petite quantité d'eau douce doit pourtant satisfaire l'ensemble des besoins de l'humanité, son usage est réparti entre :

- Le secteur agricole : il représente environ 70% de toute la consommation d'eau douce sur la planète, qui est essentiellement due à l'irrigation.
- Le secteur industriel : il est responsable d'environ 20% de la consommation mondiale d'eau douce qui augmente beaucoup depuis les années 50 du 20^{me} siècle. L'eau sert en effet à refroidir, laver, lubrifier, etc.
- L'usage domestique : il représente 8 à 10% de la consommation totale d'eau sur la planète pour l'hygiène personnelle, la cuisine, les boissons, etc.

Évidemment, ces différentes utilisations quotidiennes produisent dans le monde entier une eau polluée ou usée. Cette eau utilisée qui est plus ou moins chargée en matières nuisibles à la santé humaine et aux écosystèmes, peut être traitée et dépolluée avant d'être rejetée, mais elle est également parfois déversée directement dans les milieux récepteurs d'une manière illégale. Voici quelques statistiques de l'OMS² et de l'UNESCO (publiées dans son troisième rapport mondial sur la mise en valeur des ressources en eau intitulé "Water in a changing world" [UNE09]) :

- Plus de 80% des égouts des pays en voie de développement se déversent sans traitement, polluant les rivières, les lacs et les zones côtières.

1. United Nations Educational, Scientific and Cultural Organisation

2. Organisation Mondiale de la Santé

- Globalement, le problème de qualité de l'eau le plus préoccupant est l'eutrophisation, résultat d'une forte concentration en nutriments (principalement phosphore et nitrogène), ce qui réduit significativement l'exploitation utile de l'eau.
- En 1998, approximativement 90% des biotopes côtiers et marins de la mer Baltique étaient menacés par une réduction d'espace ou une réduction de la qualité de l'eau due à l'eutrophisation, la contamination, les pêcheries et les constructions urbaines.
- Une étude récente sur l'eau potable en France a estimé que plus de 3 millions de personnes (5.8% de la population) sont exposées à une qualité d'eau non conforme aux standards de l'OMS (En ce qui concerne les nitrates, une non-conformité était relevée dans 97% des échantillons d'eau souterraine).
- Les écosystèmes méditerranéens sont diversifiés, vulnérables et sensibles aux changements dans les conditions hydrologiques (le Sud méditerranéen risque de perdre 60 à 80% de ses espèces).
- 80% des maladies qui affectent la population mondiale sont directement associées à l'eau.
- Souvent, ce sont les eaux polluées qui sont responsables directement ou indirectement de la transmission des maladies. On estime par exemple que 50% des cas de mortalité infantile sont dus à ces eaux.

Les conséquences - immédiates et surtout à long terme - liées à l'utilisation des eaux usées dans l'agriculture, ou à leur rejet sans traitement dans les milieux récepteurs (bassins, mers, sol, ...) sont très graves. Les premières séquelles sont déjà subies et signalées : autoépuration inefficace face à l'augmentation des quantités rejetées, dégradation de la qualité des eaux douces à cause de la contamination par contact, détérioration des systèmes écologiques, disparition ou modification génétique des espèces, etc.

Dans le monde entier, y compris dans les pays développés, le problème des eaux usées se pose sérieusement au point que les décideurs ont adopté des politiques urgentes pour mieux gérer les ressources en eau (la directive 2000/60/CE du 23 octobre 2000 pour l'Europe, les recommandations de l'OMS en 2007 pour le recyclage des eaux, ...). Le traitement des eaux usées dans des stations d'épuration est devenu une obligation. C'est l'un des cinq grands thèmes retenus par les Nations Unies lors du sommet mondial sur le développement durable comme faisant partie intégrante d'une approche internationale cohérente du développement durable [Har04].

Si à la fin de 2002, en plus du traitement de la pollution municipale, le contrôle de la pollution industrielle s'améliore, où près de 50.000 entreprises dans 118 pays avaient reçu la certification ISO 14001³, il reste encore un grand défi pour généraliser et améliorer les moyens de traitement des eaux usées (stations d'épuration, bioprocédés, ...).

Après leur dépollution, ces eaux représentent "une ressource de seconde main", qui trouve principalement son utilité dans :

- L'industrie : lavage, refroidissement industriel, ...
- L'agriculture : irrigation, lutte contre les incendies, ...

Diminuer le volume des rejets pollués, réutiliser les ressources épurées et récupérer et valoriser des molécules d'intérêt participent d'un véritable changement de paradigme.

3. Norme internationale pour la gestion environnementale gérée par l'organisation internationale de normalisation

Les bioprocédés anaérobies et le rôle de l'automatique

“Bioprocédé” est un terme utilisé pour désigner les systèmes de traitement des déchets et des eaux usées municipales et industrielles par voie biologique. Le principe consiste à utiliser des microorganismes en contact avec la matière organique afin de la dégrader et ceci, dans des bassins où les conditions environnementales sont maintenues appropriées. Deux grands types de bioprocédés sont distingués et peuvent être considérés comme des candidats potentiels pour traiter les eaux usées : les systèmes aérobie fonctionnant en présence d’oxygène et les systèmes anaérobies, où les microorganismes ne peuvent se développer qu’en absence d’oxygène. La technique utilisée dans les systèmes anaérobie s’appelle la digestion anaérobie ou méthanisation. C’est un processus complexe impliquant plusieurs réactions biologiques. On le décrit généralement par quatre étapes principales, impliquant quatre consortiums microbiens spécifiques interagissant les uns avec les autres (voir le détail dans [IWA01]) :

1. hydrolyse,
2. acidogénèse,
3. acétogénèse,
4. méthanogénèse.

Ces quatre étapes principales sont présentées dans le chapitre 1.

L’avantage principal de la digestion anaérobie est la possibilité de produire de l’énergie sous forme de biogaz contenue du méthane. Mais le démarrage de ce processus est lent et son fonctionnement peut être déstabilisé par des perturbations. Comment alors peut-on assurer la stabilité des méthaniseurs dans le temps, améliorer leur rendement du traitement et optimiser la production de méthane et ceci, en dépit de perturbations environnementales et de variations des paramètres clés du processus ?

Un contrôle manuel basé sur des connaissances issues de l’expertise sur le procédé peut être une première réponse à notre question. Malheureusement, cette solution présente deux handicaps :

- Il est difficile de cette manière d’assurer un fonctionnement optimal.
- La détection de la déstabilisation suite à une éventuelle surcharge n’est pas toujours aisée. Elle nécessite le suivi permanent des différentes grandeurs et variables par l’opérateur et dans beaucoup de cas, les premiers signes de déstabilisation ne sont pas détectés.

Ces inconvénients qui peuvent coûter cher sur le plan économique, nous conduisent à proposer la mise en place d’un contrôle automatique du procédé biologique. Pour cela, comme tout autre procédé industriel, les bioprocédés nécessitent d’être modélisés, supervisés, diagnostiqués et contrôlés : c’est ainsi que l’*automatique des bioprocédés* est apparue dans les années 80 rendue possible par le développement des capteurs et des systèmes informatiques.

La réussite du contrôle automatique s’appuie sur un bon modèle mathématique du procédé de digestion anaérobie. Par les mots “bon modèle”, on entend un modèle qui contient la plus grande quantité d’informations sur les variables clés du procédé et qui permette de prévoir au mieux son comportement dynamique.

Si la découverte du processus de digestion anaérobie par A. Volta remonte à 1776, ce n’est qu’à la fin des années 60, que le premier modèle simple pour décrire son fonctionnement est apparu. C’est un modèle proposé par P. L. McCarty et ses collaborateurs pour un réacteur CSTR [McC64]. Depuis cette date, les recherches dans le domaine n’ont pas cessé afin de [His] :

- créer de nouvelles configurations de réacteurs anaérobies (par exemple la création de l’UASB par G. Lettinga, 1980-1985),
- développer des modèles de prédiction (les modèles de R. Moletta, 1986-1994, le modèle ADM1 de D. Bastone, 1999-2005, ...),
- optimiser et automatiser les digesteurs anaérobies (séparation des phases par F. G. Pohland, 1971-1980, automatisation par A. Rozzi, 1985-1986).

Aujourd’hui, le modèle phénoménologique ADM1 [IWA01] est le plus complet pour décrire le processus de la digestion anaérobie. Malheureusement, avec 32 équations différentielles, l’utilisation de ce modèle complexe n’est pas appropriée pour le contrôle [IWA01], [Fez08].

Depuis son développement dans le cadre du projet européen AMOCO [Ber01c], c’est le modèle AM2 à deux étapes de réactions biologiques qui est souvent utilisé pour le contrôle des digesteurs anaérobies. Cependant, ce modèle “simple” n’avait jamais été analysé mathématiquement en toute généralité, afin d’obtenir des informations qualitatives sur ses principales variables.

La première partie de notre travail a donc consisté en une étude mathématique des modèles à deux étapes (chapitre 2), qui jouera un rôle central dans la compréhension, voire même l’explication d’une multitude de phénomènes et d’interactions observés dans le système réel.

Bien qu’ils soient utilisés en grand nombre depuis longtemps et qu’ils ont montré leur efficacité, les procédés classiques de dépollution ont des limites. Le point faible principal réside dans l’étape de séparation par décantation, qui est imparfaite et devient même parfois médiocre selon les conditions opératoires. L’eau ainsi produite ne peut alors satisfaire de manière constante les normes de rejet fixées, d’où la nécessité d’utiliser une solution alternative afin d’assurer une bonne épuration.

La technologie membranaire

Basés sur le principe du tamis, c’est-à-dire du passage de l’effluent à travers des pores calibrés et sélectifs d’une membrane, les BioRéacteurs Membranaires (BRM) sont utilisés pour séparer la phase liquide épurée et la phase solide contenant biomasses et grosses molécules organiques. Cette technique couplée à la digestion anaérobie, apparaît comme prometteuse pour atteindre le double objectif de : “bien” épurer, pour produire de l’énergie et permettre la réutilisation d’une eau de qualité satisfaisante pour l’agriculture.

Bien que les BRM aient un intérêt grandissant souligné par de nombreuses études [Men09], [Yan06], certains aspects limitent leur mise en œuvre à l’échelle industrielle, notamment les risques de colmatage de la membrane. Des études récentes ont été menées pour coupler les modèles des réactions biologiques avec les modèles des modules membranaires. Mais, ces modèles “hybrides” ont essentiellement été proposés pour les BRM aérobies.

Dans le cadre du réseau de recherche Euro-Méditerranéen TREASURE⁴ et du projet AIRES-Sud⁵, nous nous sommes intéressés à la modélisation et au contrôle optimal des BRMs anaérobies. Afin d’étudier le couplage des processus biologiques anaérobies avec les caractéristiques des membranes, il est nécessaire de modifier les modèles existants de la digestion anaérobie pour prendre en compte de nouvelles variables tels les Produits Microbiens Solubles (SMP pour Soluble Microbial Products) qui jouent un rôle majeur dans le colmatage de ces systèmes [LC06].

4. TREATment and SUSTainable Reuse of Effluents in semiarid climates

5. Appuis Intégrés pour le Renforcement des Équipes Scientifiques du Sud

Les SMP ont d'ores et déjà été intégrés dans les modèles aérobies des BRM [Bel08], [Lu02], [Jan06], [Jia08], [Lu01]. En revanche, en digestion anaérobie, très peu de travaux ont été publiés et aucun modèle n'intègre les SMP pour les BRM anaérobies [Ng07], [Bar99]. De ce fait, nous proposons dans une seconde partie de notre travail un modèle intégrant les SMP mais qui reste suffisamment simple d'un point de vue mathématique, pour être utilisé pour contrôler la digestion anaérobie. Le modèle proposé est basé sur la modification du modèle à deux étapes AM2 en ajoutant la nouvelle variable SMP. Le chapitre 3 aura pour objet le développement du modèle AM2+SMP et son étude mathématique pour caractériser ses propriétés qualitatives.

De l'utilisation des observateurs

Comme tout procédé industriel automatisé, le contrôle efficace des bioprocédés est basé sur un suivi en ligne pertinent à l'aide de capteurs physiques mesurant les concentrations des variables biologiques et les grandeurs environnementales. Malheureusement, les coûts importants des capteurs ne permettent pas toujours d'installer tous les capteurs nécessaires. Une alternative pour pallier ces limitations est l'utilisation des "capteurs logiciels" ou observateurs pour estimer les variables non mesurées.

La théorie de l'observation d'état a été introduite dans les années 60 par D. G. Luenberger pour les systèmes linéaires déterministes et R.E. Kalman, pour les systèmes linéaires stochastiques. Pour les systèmes non linéaires, l'observation d'état reste encore un domaine ouvert où les techniques sont nombreuses et la recherche est très active.

La conception des observateurs pour les bioprocédés se heurte à plusieurs difficultés. Tout d'abord, ce monde complexe fait intervenir des organismes vivants dont les caractéristiques évoluent dans le temps. De fait, les modèles obtenus sont souvent incertains. De plus, les structures des fonctions décrivant les vitesses de réactions biologiques sont mal connues. Enfin, certaines variables et paramètres du modèle comme les concentrations en entrée du procédé et/ou les taux de croissance maximums sont incertains même si leurs bornes inférieures et supérieures sont souvent connues. Pour contourner ces différents problèmes et les non linéarités des modèles, des techniques d'observations particulières ont été proposées, comme [Bas90] :

- les observateurs asymptotiques,
- les observateurs par intervalle,
- l'estimateur basé-observateur.

Le champ reste ouvert pour tester des observateurs à grands gains si le modèle est correctement validé, des observateurs par modes glissants ou des filtres particulières (voir par exemple [Ben12a], [Fea98]).

Objectif de la thèse

Le travail présenté dans ce manuscrit porte sur la modélisation et l'observation des procédés membranaires anaérobies. L'objectif principal est de développer un modèle simple du point de vue mathématique pour un BRM anaérobie, puis de caractériser ses propriétés qualitatives. L'idée clé de notre approche consiste à modifier un modèle de digestion anaérobie déjà existant, afin d'inclure la dynamique de la formation et la dégradation d'une nouvelle composante (SMP) dans le bioréacteur connue pour contribuer sérieusement au colmatage de la membrane.

Une fois le modèle développé et analysé, un objectif secondaire consiste à synthétiser des observateurs d'état afin d'estimer les variables et les paramètres inaccessibles.

Présentation du mémoire

Le mémoire est composé de quatre chapitres organisés comme suit :

- Dans le chapitre 1, nous menons une étude bibliographique sur la digestion anaérobie et les BRM et nous montrons le couplage entre les deux techniques. La présentation des SMP et leur rôle dans le colmatage membranaire fait aussi objet de ce premier chapitre.
- Le chapitre 2 est dédié à une analyse mathématique exhaustive d'un modèle de digestion anaérobie à deux étapes nommé AM2. L'analyse en question consiste à étudier les équilibres du modèle et leur stabilité. Une partie de ce chapitre est consacrée à la révision d'un critère de stabilité proposé dans la littérature pour superviser en-ligne les digesteurs anaérobies.
- Le développement d'un nouveau modèle dynamique pour un BRM anaérobie, basé sur la modification du modèle AM2 et intégrant la nouvelle variable SMP fait l'objet du troisième chapitre. Une caractérisation des équilibres du modèle développé et leur détermination graphique sont présentées aussi dans ce chapitre.
- Dans le quatrième et dernier chapitre, nous abordons le problème des observateurs d'état et du filtrage pour le modèle développé. Le but est d'estimer la concentration des SMP, les concentrations des biomasses et les cinétiques biologiques et ceci, à partir de mesures réalistes.

A la fin du manuscrit, une conclusion générale et des perspectives sont dressées. Ainsi, les principaux résultats sont mentionnés et un certain nombre de pistes pour les futurs travaux de recherche sont proposées.

Chapitre 1

Synthèse bibliographique

Guide de lecture :

Dans ce premier chapitre, nous menons une étude bibliographique de la digestion anaérobie et des BioRéacteurs Membranaires (BRM). Après un rapide rappel des principes de ces deux technologies, nous montrons le couplage entre elles. Ensuite, nous introduisons les produits microbiens solubles (SMP : Soluble Microbial Products), en soulignant leur rôle dans le mécanisme du colmatage membranaire.

1.1 Introduction

Comme nous l'avons vu dans l'introduction générale, il est primordial de développer des systèmes de traitement performants, permettant de rejeter dans les milieux naturels des eaux épurées de bonne qualité. La technologie des BioRéacteurs Membranaires Anaérobies apparaît comme une technique prometteuse pour relever ce défi.

Ce premier chapitre est une synthèse bibliographique et il est structuré comme suit. Dans un premier temps, nous rappelons les principes de la digestion anaérobie, notamment ses avantages énergétiques. Nous donnons ensuite un aperçu de la technologie des BioRéacteurs Membranaires (BRM) et leur intérêt dans le cadre du traitement des eaux usées.

La digestion anaérobie couplée aux BRM est discutée dans une troisième partie. Au regard de leur rôle dans le colmatage de la membrane, les produits microbiens solubles (SMP) (pour *Soluble Microbial Products* en anglais) sont introduits et un rappel des connaissances de base sur le phénomène de colmatage est donné.

1.2 La digestion anaérobie

1.2.1 Historique

La découverte de la méthanisation remonte à 1776 lorsque A. Volta, durant une de ses promenades, observa que du gaz se libérait d'un marais. Après avoir étudié ce phénomène et fait plusieurs expériences, il mit en évidence que le *gaz des marais* était inflammable. Un peu plus tard en 1787, A.L. Lavoisier lui donna le nom de *gas hidrogenium carbonatrum*, mais le terme de *méthane* fut proposé en 1865 et confirmé en 1892 par un congrès international de nomenclature chimique. Pendant ce temps, la présence de ce gaz est mise en évidence dans d'autres milieux (dont le fumier) et son origine est attribuée à l'activité microbienne. Celle-ci se développe dans des milieux anaérobies naturels :

- Le gaz des marais qui contient une forte proportion de méthane provient de la décomposition des déchets organiques végétaux des marécages. Cette décomposition se déroule également dans les lacs et les rizières.
- Les sols des zones humides tels que les forêts tropicales, la toundra et les tourbières participent aussi à la production du méthane atmosphérique.
- Les processus de digestion des animaux libèrent du méthane, (Les ruminants et les termites sont la source d'une quantité importante de gaz).
- Les phénomènes anaérobies qui se déroulent dans les sédiments marins sont responsables d'une partie du méthane dissous dans l'eau de mer.

A la fin du 19^{me} siècle (1895), la première installation produisant du méthane voit le jour à Exeter en Grande-Bretagne, elle permet l'éclairage des rues de la ville. En France, les plus anciens digesteurs sont probablement ceux de la station d'épuration de Seine-Aval, à Achères. Certains, toujours en service, datent de 1940. Les tensions sur l'énergie liées aux chocs pétroliers des années 1975-1985 lui donnent un nouvel essor comme toutes les formes d'énergie renouvelables qui ont reçu ces dernières années une attention considérable.

1.2.2 Définition

La digestion anaérobie (ou méthanisation), est le processus naturel par lequel la matière organique est transformée en gaz par l'action de microorganismes en l'absence d'oxygène. La caractéristique principale de la digestion anaérobie est que la quasi totalité de la matière organique dégradée par l'écosystème microbien, se retrouve sous forme de biogaz, composé de méthane (CH_4) à plus de 50%, de dioxyde de carbone (CO_2) et dans un degré moindre d'hydrogène (H_2). Le méthane présente l'avantage de pouvoir être valorisé sous forme d'énergie. Avec ce type de traitement, on a une économie d'énergie grâce à la production du méthane, la non utilisation d'oxygène et d'une faible production de boues excédentaires (figure 1.1).

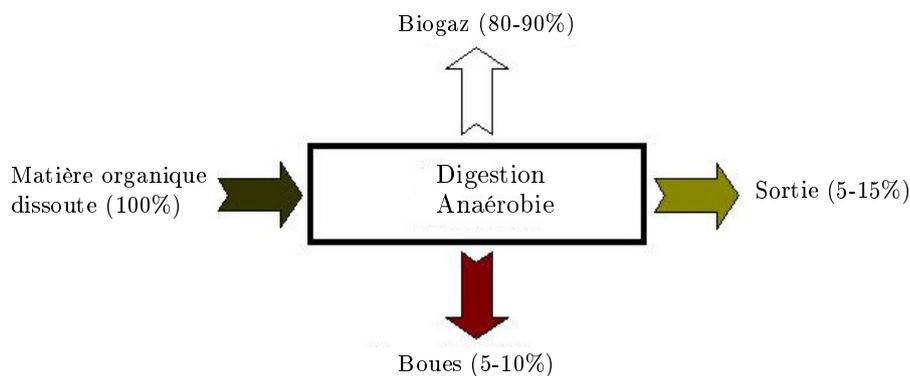


FIGURE 1.1 – La conversion de la matière organique dans la digestion anaérobie.

1.2.3 La digestion anaérobie

La digestion anaérobie se déroule en différentes étapes (figure 1.2 à gauche) :

1. Hydrolyse

Pendant cette étape, la plupart des substrats complexes (macromolécules) sont transformés en composés plus simples (monomères) et solubles par des bactéries hydrolytiques. Les lipides sont transformés en acides gras et en glycérol ou en autres alcools, les polysaccharides en acides, en aldéhydes et en alcools, après un stade intermédiaire en monosaccharides et glucides, pendant que les protéines sont transformées en acide acétique et azote ammoniacal après un stade intermédiaire comme les aminoacides [Rod05].

2. Acidogénèse

Au cours de cette étape, les composés organiques simples et les monomères organiques sont transformés en Acides Gras Volatiles (AGV), qui sont les acides acétique, propionique, butyrique, valérique et caproïque. Cette étape est réalisée par un groupe de bactéries appelé bactéries acidogènes et fermentaires. On peut produire de l'hydrogène pendant cette étape.

3. Acétogénèse

C'est l'étape où les AGV et les substances de petite taille moléculaire (quelques alcools) sont transformés en acétate par des bactéries acétogènes, en produisant de l'hydrogène H_2 et du CO_2 .

4. Méthanogénèse

L'acétate et l'hydrogène formés précédemment dans le bioréacteur sont utilisés comme substrat par des microorganismes méthanogènes appelés *archae*, pour produire principalement du méthane (CH_4) et du dioxyde de carbone (CO_2).

La digestion anaérobie est un processus complexe. Toutefois, si l'on considère un effluent où la matière organique est essentiellement soluble, il peut être résumé en considérant seulement les deux étapes principales comme synthétisé sur la figure 1.2 à droite ([McC64]) :

– **Étape 1 : Acidogénèse**

Dans cette première étape, il n'y a pas une production de méthane, les matières organiques complexes (comme les corps gras, les protéines et les carbohydrates) sont converties par un groupe de bactéries anaérobies dites *formatrices d'acide*. Elles sont hydrolysées, digérées et converties biologiquement en simples matières organiques, qui sont en grande partie des Acides Gras Volatiles (AGV).

– **Étape 2 : Méthanogénèse**

Pendant cette étape, les produits de l'étape précédente (AGV), sont convertis par un groupe bactérien dit *formatrices du méthane* en produits finaux gazeux, à savoir le méthane CH_4 et le dioxyde de carbone CO_2 .

Malgré les avantages de la digestion anaérobie, en particulier la production de méthane (CH_4), potentiellement valorisable comme source d'énergie (figure 1.3), elle possède aussi des inconvénients :

- La vitesse de croissance des microorganismes est très faible, ce qui nécessite de fixer des temps de séjour de boues élevés ;
- Il y a potentiellement production d'odeurs ;
- Elle est fortement dépendante du pH et sensible aux variations environnementales ;
- Elle possède une écologie microbienne complexe, impliquant différents types de microorganismes, ce qui conduit à n'avoir pas les conditions optimales simultanément pour tous les organismes [Rod05].

1.3 Les Bioréacteurs Membranaires (BRM)

1.3.1 Pourquoi utiliser des BRM ?

Le principe de traitement des eaux usées est de transformer la matière organique en boue, via l'action des microorganismes (Biodégradation), puis de séparer la phase liquide épurée de la phase solide (figure 1.4). Les procédés classiques de décantation présentent certains inconvénients. Leur principal point faible réside dans la sensibilité de la séparation aux conditions opérationnelles. Ainsi, l'eau produite ne peut pas satisfaire constamment les normes législatives de rejet.

Pour assurer une clarification plus fiable des eaux traitées, une technologie alternative est apparue depuis quelques années. Elle consiste à substituer la séparation par décantation par une séparation membranaire. Cette technologie est mise en œuvre dans les BioRéacteurs Membranaires (BRM), qui est basée sur le principe du tamis, c'est-à-dire du passage de l'effluent à travers des pores calibrés d'une membrane physique. Cette dernière est définie comme une couche de matière, permettant l'arrêt ou le passage sélectif de substances dissoutes ou non [SBK07].

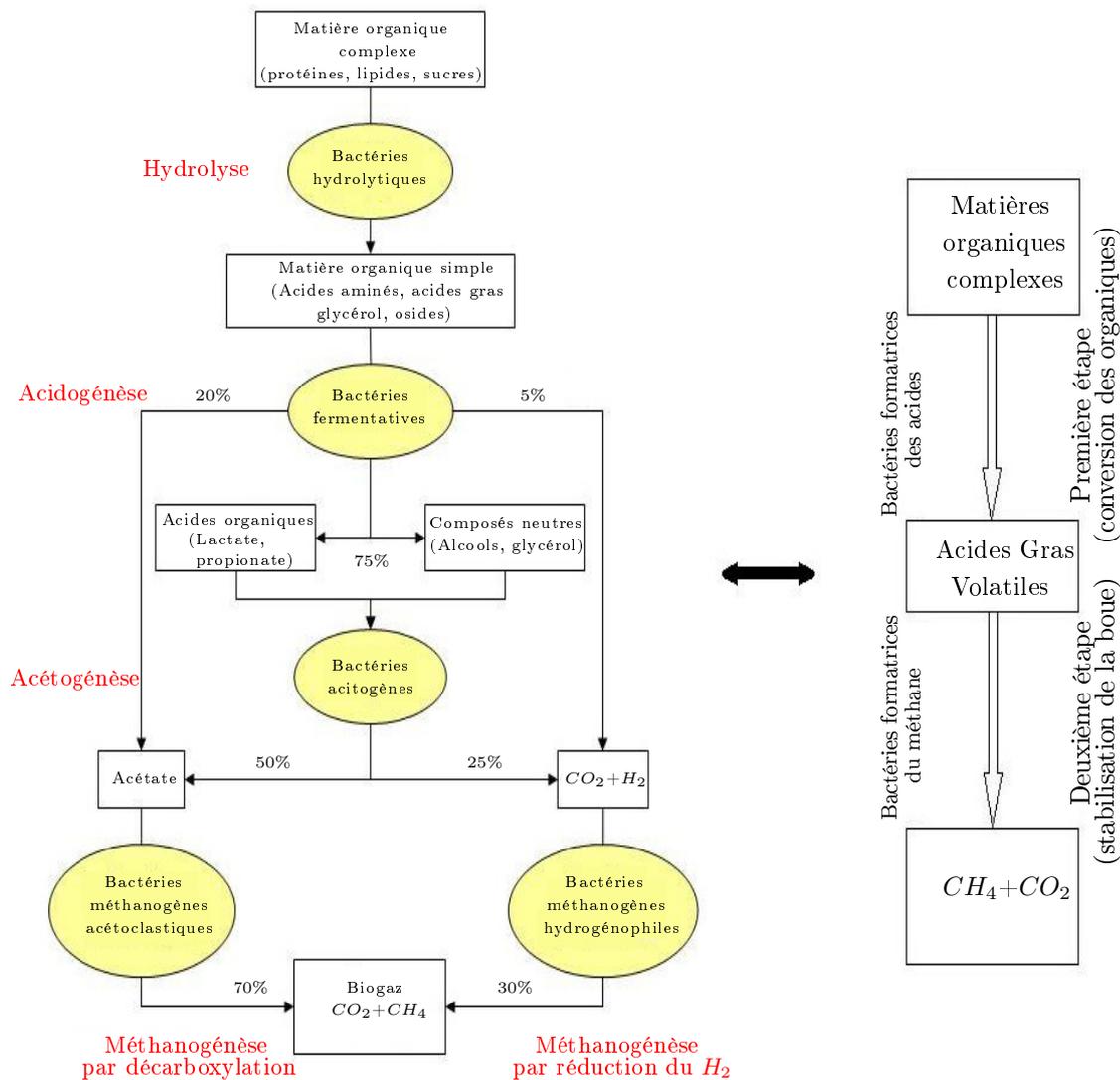


FIGURE 1.2 – Les étapes de la digestion anaérobie. À gauche : toutes les étapes [sit]. À droite : schéma simplifié.

Dans un BRM, la rétention de la biomasse par la membrane est totale, ce qui permet plusieurs avantages [EB05] :

- L'eau traitée dans un BRM est de qualité supérieure à celle traitée dans un système conventionnel, puisque la totalité des matières en suspension, des virus et des bactéries est retenue par la membrane ;
- Généralement dans un BRM la concentration en biomasses est plus élevée (de 8 à 30 $g.L^{-1}$) que dans les systèmes classiques, ce qui permet des traitements avec des temps de séjours des liquides plus faibles ;
- Il y a découplage total entre le temps de séjour des solides et le temps de séjour hydraulique. Il est donc possible de contrôler indépendamment ces deux paramètres ;
- Dans un BRM la rétention membranaire absolue de tous les microorganismes permet le développement de bactéries lentement croissantes à des niveaux adéquats, ce qui permet la dégradation de certaines molécules difficilement biodégradables ;

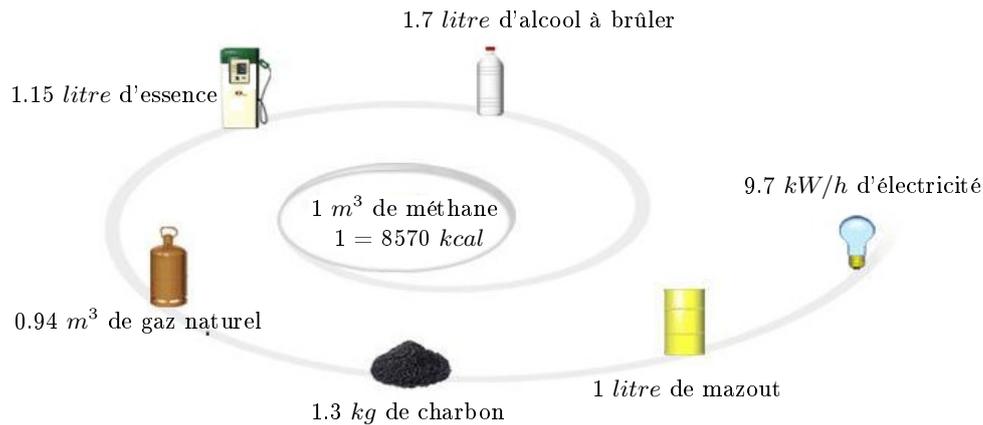


FIGURE 1.3 – Les équivalences énergétiques du méthane [sit].

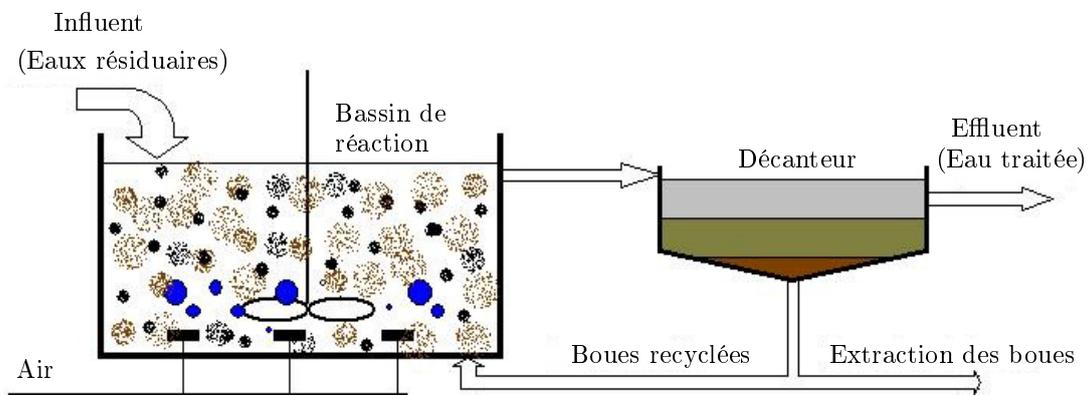


FIGURE 1.4 – Procédé conventionnel à boues activées.

- La production des boues en excès dans un BRM est inférieure à celle dans des procédés conventionnels. En fait, dans un BRM, le temps de séjour des boues est grand, ce qui permet d'augmenter la concentration en biomasses et de diminuer la production de boue en excès.

1.3.2 Aperçu sur les membranes

La classification des membranes se fait selon la forme, le mécanisme de séparation et la structure. La forme des membranes conditionne la manière dont elles sont assemblées pour fabriquer des modules. Ainsi, nous trouvons sur le marché :

- Les membranes à fibres creuses : elles sont aujourd'hui les plus répandues, et également les moins chères à la fabrication. Elles sont souples et peuvent être configurées selon plusieurs schémas (faisceau tendu, faisceau bouclé, nappes verticales ou horizontales) ;
- Les membranes tubulaires ;
- Les membranes planes ;
- Les membranes en spirales.

Selon le mécanisme de séparation, les membranes sont utilisées pour :

- La microfiltration (10-0.1 μ m) ;

- L'ultrafiltration (0.1-0.01 μm);
- La nanofiltration (0.01-0.001 μm).

Concernant leurs structures, les membranes peuvent être isotropes avec des diamètres de pores qui restent constant tout au long de l'épaisseur, ou anisotropes avec des diamètres de pores qui augmentent dans le sens de l'écoulement de l'eau. La plupart des membranes disponibles commercialement sont faites à partir de polymères ou de matériaux inorganiques (polymères) [Sad07].

Selon la configuration du BRM, une membrane peut être soit positionnée sur une boucle externe, soit immergée.

1.3.3 BRM à boucle externe

Ils constituent la première génération de la technologie membranaire (figure 1.5). Le principe consiste à faire circuler la biomasse à grande vitesse dans une boucle de façon à limiter le colmatage des membranes. Malheureusement, ces procédés ont des consommations énergétiques élevées à cause de la pression de cette boucle de circulation (voir le tableau 1.1).

1.3.4 BRM immergés

Les membranes sont directement immergées dans les bassins contenant la boue (figure 1.6). Le principe consiste à soutirer le perméat (eau clarifiée) par aspiration. Ces procédés largement utilisés aujourd'hui, présentent l'avantage d'une plus faible consommation d'énergie que les procédés à boucle externe. Malheureusement, ils ont une faible capacité de traitement (voir tableau 1.1) à cause de leur fonctionnement par aspiration.

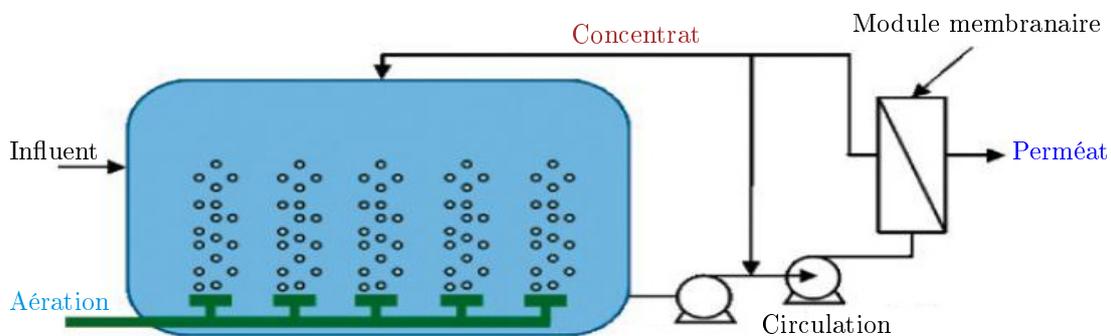


FIGURE 1.5 – Bioréacteur membranaire à boucle externe [Gag].

Le tableau 1.1 donne une comparaison en termes de dépense énergétique et capacité de traitement entre les deux techniques.

	BAM à boucle externe	BAM immergé
Dépense énergétique [VK05]	10 – 50 kWh/m^3	0.2 – 0.4 kWh/m^3
Capacité de traitement [Gag]	50 – 150 $L/(h.m^2)$	10 – 20 $L/(h.m^2)$
Pression transmembranaire [Gag]	0.5 bar	1 – 4 bar

TABLE 1.1 – Comparaison entre les BRM à boucle externe et les BRM immergés.

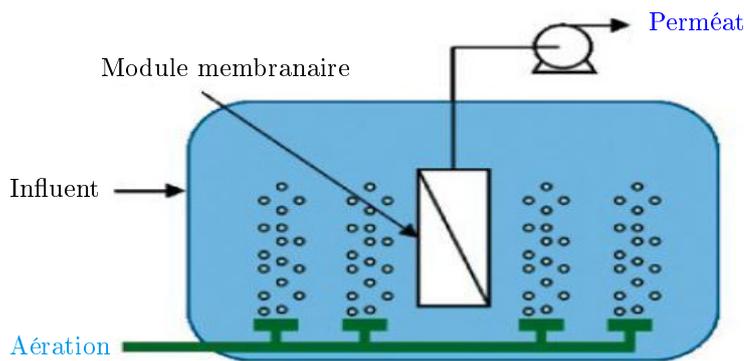


FIGURE 1.6 – Bioréacteur membranaire immergé [Gag].

1.3.5 Un intérêt grandissant pour les BRM - Un aperçu et quelques chiffres

Depuis leur apparition, les BRM ont fait l'objet de nombreuses études. Un total de 339 articles scientifiques relatifs au traitement de divers effluents par bioréacteurs membranaires ont été publiés de 1991 à 2004 [Yan06].

Bien que les BRM soient apparus depuis une trentaine d'année, peu d'articles ont été publiés avant 1995 (figure 1.7). Mais à partir de 1996, il y a une croissance linéaire du nombre des publications scientifiques dans ce domaine, notamment entre 2002 et 2004 (une moyenne 60 à 80 articles). Le nombre important des publications est un bon indicateur des recherches menées actuellement dans ce domaine. En 2006 et 2007, un total de 400 publications sur les BRM a été atteint [Men09].

Pour plus de détails sur l'état de l'art des BRM, le lecteur peut se référer aux articles [Cic03], [Jei06], [Men09], [Ng07] et [Yan06] qui présentent des chiffres et des études sur l'évolution chronologique de publications scientifiques relatives aux BRM, la distribution géographique des études, les thèmes et les aspects de recherches ainsi que quelques applications potentielles dans le domaine de traitement des eaux usées.

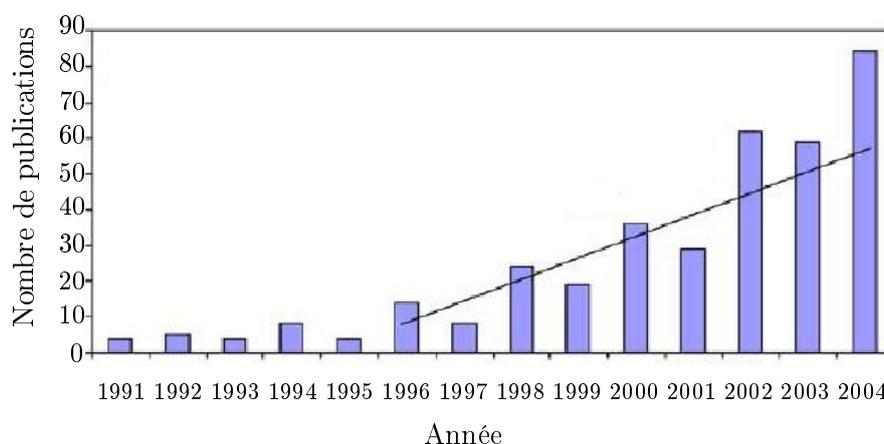


FIGURE 1.7 – Évolution chronologique de publications scientifiques relatives aux BRM [Yan06].

1.4 Les BRM et le traitement anaérobie, un couplage justifié sous contraintes environnementales

La capacité du traitement biologique des eaux usées est directement reliée à la quantité des microorganismes qui sont retenus effectivement dans le bioréacteur. Pour la technologie anaérobie, une forte concentration de la biomasse est nécessaire pour effectuer un traitement efficace.

Le développement des bioréacteurs à biomasse fixée (biofilms) sur des supports fixes (filtre anaérobie ou réacteur à lit fixe) ou mobiles (filtre granulaire) (figure 1.8), est considéré aujourd'hui comme un moyen fiable pour assurer une bonne rétention de la biomasse (et donc une forte concentration), permettant ainsi de grandes capacités de conversion des matières organiques. Néanmoins, les eaux usées industrielles rejetées aujourd'hui ont des caractéristiques complexes, telle que des températures élevées, des fortes charges organiques polluantes et des sels [Jei06]. Il faut s'attendre dans le futur à ce que la quantité de telles eaux usées augmente. Par conséquent, l'immobilisation de la biomasse anaérobie par la formation du biofilm ou des granules peut être difficilement réalisée.

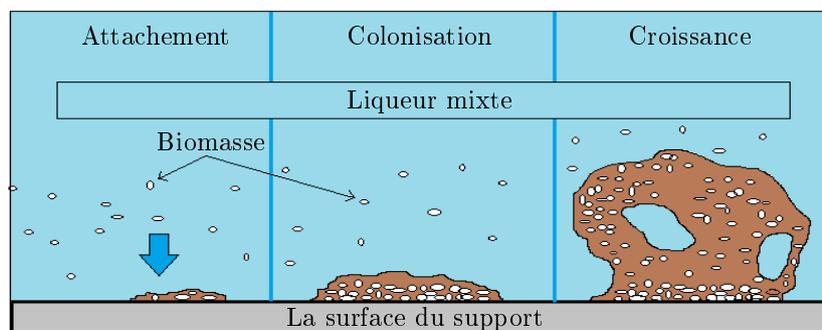


FIGURE 1.8 – Formation du biofilm dans un digesteur anaérobie.

Selon l'étude bibliographique de [Jei06], plusieurs travaux ont montré que :

- Les hautes températures réduisent les polymères extracellulaires, un facteur clé de la formation des floccs bactériens ou biofilm ([Qua95], [Sch94]).
- Une grande densité des eaux usées en sels réduit la vitesse de décantation des particules dispersées, en perturbant les liaisons entre les bio-polymères et donc l'agrégation de la biomasse.
- Les matières solides en suspension contribuent aussi aux limitations des bioréacteurs granulaires, en empêchant la distribution du liquide, en diluant le lit de boue par des matières inertes et en favorisant la croissance sur la surface particulaire plutôt que granulaire ([Let91]).

En raison de toutes ces contraintes opérationnelles, le besoin en procédés capables d'effectuer un traitement efficace sera croissant. La technologie des BRM couplée à la digestion anaérobie représente un moyen alternatif pour concentrer la biomasse dans le milieu réactionnel, et découpler les temps de séjour hydraulique et solide. Ceci permet au système un fonctionnement à forte concentration en biomasse, en évitant un lessivage des microorganismes et en assurant un traitement indépendant de la formation du biofilm ou du granulaire. En plus de ces différents avantages, les BioRéacteurs Membranaires Anaérobies (BRMA) ont la possibilité de retenir de petits microorganismes spécifiques pour le traitement anaérobie des acides gras de longues chaînes ([Hwu98], [Kle99] selon [Jei06]).

En conclusion, les BRM apparaissent comme des procédés adéquats pour le traitement des eaux usées fortement chargées en matières organiques et ayant de hautes densités de matières en suspension, car les particules sont retenues dans le bioréacteur et donc seront dégradées.

La technologie des BRMAs ouvre plusieurs perspectives pour le traitement des eaux usées avec le double objectif de récupérer de l'énergie et d'épurer pour réutiliser l'eau et des molécules d'intérêt dans certaines filières comme l'industrie et l'agriculture.

1.5 Les Produits Microbiens Solubles

1.5.1 Définition et classification des SMP

Dans un premier temps, le terme de *Produits Microbiens Solubles* (SMP pour Soluble Microbial Products en anglais) a été utilisé par plusieurs auteurs sans définition précise. Ceci est dû à la difficulté de l'identification expérimentale des SMP et à la complexité de la composition des effluents. Voici quelques définitions des SMP proposées dans la littérature [Bar99] :

- Boero et al. [Boe91] énoncent que les SMP sont constitués des produits intermédiaires ou finaux de la dégradation des substrats et de la décomposition endogène des cellules.
- Noguera et al. [Nog94] définissent les SMP comme l'ensemble des composés organiques en solution provenant du métabolisme du substrat (généralement associé à la croissance bactérienne) et de la mortalité de la biomasse durant une minéralisation complète des substrats simples. Les auteurs précisent que lorsque la minéralisation n'est pas complète, comme dans le cas des réactions fermentaires, les SMP ne doivent pas inclure les produits finaux, car ces derniers viennent directement du substrat et non du métabolisme microbien. Ils concluent que pour les systèmes anaérobies, les composants intermédiaires comme les AGV doivent être exclus de la définition des SMP, car ils ne sont pas d'origine microbienne.
- Les SMP sont définis comme un nombre considérable de matières organiques solubles produites par les bactéries dans le bioréacteur [Bel08].
- En se basant sur la définition de [Nog94] et dans le but de réaliser des études d'un système anaérobie alimenté en glucose, [Kuo96a] et [Kuo96b] proposent que les SMP soient modélisés par la relation :

$$\text{SMP} = \text{DCO soluble} - \alpha_1 * (\text{Acide acétique mesuré}) - \alpha_2 * (\text{Acide propénoïque mesuré}) - \alpha_3 * (\text{acide } iso\text{- et } n\text{-butyrique mesuré}) - \alpha_4 * (\text{glucose mesuré}).$$

Les α_i sont des facteurs de conversion. Cette définition des SMP dans les systèmes anaérobies a été adoptée par plusieurs autres auteurs.

- Aquino et Stuckey [Aqu04b] calculent la quantité de SMP produits dans un chemostat anaérobie alimenté en glucose, par la différence entre la DCO soluble résiduelle et les AGV contribuant à la DCO plus le glucose non dégradé :

$$\text{SMP} = \text{DCO résiduelle} - \text{Glucose restant} - \text{AGV}$$

D'autres approches ont été adoptées par plusieurs auteurs pour la définition des SMP, mais la définition de Noguera et al. [Nog94] reste la plus utilisée.

Les praticiens du génie des bioprocédés s'intéressent peu aux débats qui sont encore ouverts sur la définition exacte des SMP. Pour eux, les SMP sont définis pratiquement comme toutes matières solubles

présentes dans l'effluent et qui n'existaient pas dans l'influent, leur souci est de satisfaire les normes standards de rejet.

1.5.2 Comment les SMP sont produits dans les bioréacteurs et pourquoi ?

Les SMP sont produits à partir de trois sources majeures : la croissance bactérienne, la lyse de la biomasse et l'hydrolyse des Substances Polymères Extra-cellulaires liées ($EPS_{liés}$ pour *Extra-cellular Polymeric Substances* en anglais), comme l'illustre la figure 1.9.

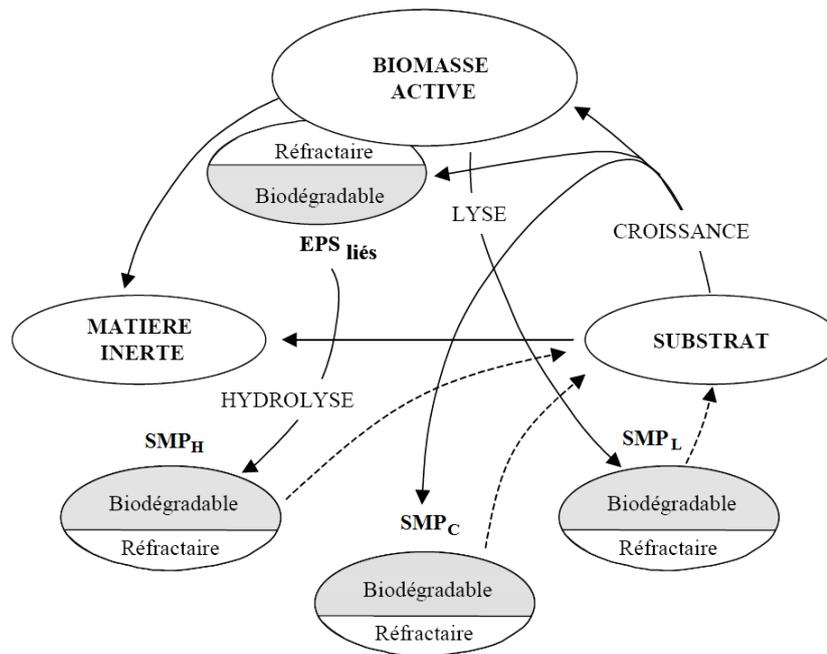


FIGURE 1.9 – Mécanisme de formation des SMP [Mas04].

Tout d'abord, la dégradation partielle du substrat permet la croissance bactérienne (biomasse active), la synthèse des $EPS_{liés}$ et la production des SMP (SMP_C). Les $EPS_{liés}$ sont à leur tour soit dissous, soit lentement hydrolysés par des enzymes libérées par les bactéries pour donner des SMP (SMP_H). Pendant cette étape, si l'hydrolyse des $EPS_{liés}$ est plus lente que la lyse des cellules, alors la mort puis la lyse de la biomasse entraînent la formation de cellules mortes résiduelles et de SMP (SMP_L). A leur tour, une partie des SMP produits peut être lentement biodégradée. Généralement, une fraction réfractaire des boues se retrouve dans le bioréacteur et elle est composée des SMP, d' $EPS_{liés}$, du substrat inerte et de la biomasse inerte (voir figure 1.9).

La description précédente des interactions entre les différents compartiments de la boue, permet de distinguer les mécanismes de production des SMP liés à l'utilisation de substrat accompagnée de la croissance bactérienne et ceux liés au décès de la biomasse [Mas04].

SMP liés à l'utilisation du substrat et à la croissance bactérienne :

- L'équilibre des concentrations : les micro-organismes sécrètent des SMP pour maintenir un gradient de concentration des deux côtés de la membrane cellulaire. Un stress environnemental des micro-organismes tel qu'un changement de température ou un choc osmotique peut donc entraîner une libération de SMP.

- La croissance et le métabolisme microbien : au cours de la phase de croissance cellulaire, les micro-organismes renouvellent certains composants de la paroi cellulaire et les protéines cellulaires. Ces composants sont donc dégradés puis excrétés dans le milieu sous forme de SMP.

SMP liés à la mortalité de la biomasse :

- Carence ou jeûne : durant une période de carence en substrat, les micro-organismes ont besoin d'énergie de maintenance. Elle peut être fournie par la respiration endogène ou par l'oxydation des constituants cellulaires endogènes et des produits de stockage. Lorsque ce phénomène se produit, les micro-organismes excrètent des SMP qui peuvent à leur tour servir d'énergie de maintenance lors de la respiration endogène ou du métabolisme autochtone.
- Mortalité et lyse cellulaire : la mort (perte de viabilité ou d'activité cellulaire) puis la lyse cellulaire (défragmentation des cellules mortes) et enfin l'hydrolyse des particules microbiennes et EPS mènent à la formation de SMP.

Selon leurs principales origines, les SMP sont classés en deux groupes (figure 1.10) :

- Les UAP (Utilization Associated Products), qui sont principalement composés de petites molécules carbonées dérivées des substrats originaux.
- Les BAP (Biomass Associated Products), qui sont des macromolécules cellulaires contenant surtout du carbone et de l'azote.

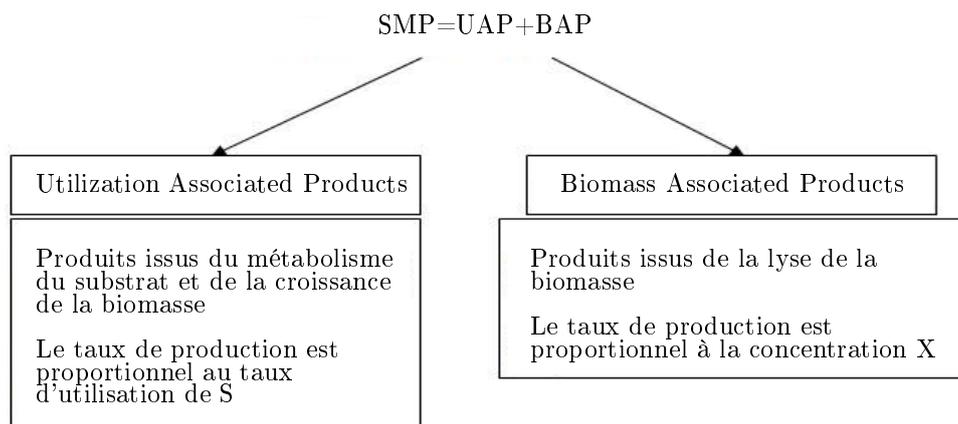


FIGURE 1.10 – Classification des SMP en UAP et BAP.

1.5.3 Le colmatage des membranes dans les BRM

1.5.3.1 Un handicap pour les BRM

Bien que les BRM aient trouvé leur place dans le domaine du traitement des eaux usées, certains aspects limitent encore leur mise en œuvre à l'échelle industrielle, notamment le colmatage des membranes. C'est un phénomène difficile à prévoir et à maîtriser et il représente de ce fait, le principal handicap pour des applications potentielles des BRM en épuration des eaux usées.

Le colmatage des membranes induit une diminution, parfois forte, du flux du perméat pour une filtration à pression constante, ou une augmentation du gradient de pression pour une filtration à flux constant. A long terme, il entraîne la diminution de la durée de vie des membranes, ce qui impose de les laver périodiquement (lavages physiques et/ou chimiques).

Si le fluide à filtrer est chargé en matières et en particules, alors le colmatage intervient dès les premières minutes de fonctionnement du procédé, en modifiant la sélectivité et la perméabilité de la membrane. Le colmatage se traduit par une relation non linéaire entre le flux de perméat J et la pression transmembranaire ΔP (figure 1.11), ainsi que par l'augmentation de la résistance de la membrane (figure 1.12). Le flux d'un solvant pur varie toujours linéairement avec la pression transmembranaire. En revanche, un fluide réel a un comportement différent, nous amenant à définir deux valeurs de flux :

- un flux critique (J_{crit}) correspondant au flux au delà duquel commence à apparaître le colmatage ;
- un flux limite (J_{lim}) indépendant de la pression transmembranaire. C'est le flux maximal qu'il est possible d'atteindre.

Certains auteurs considèrent que le flux critique correspond au flux à partir duquel une baisse de la perméabilité des membranes est observée, c'est-à-dire le flux en dessous duquel le rapport $\frac{J}{\Delta P}$ reste constant.

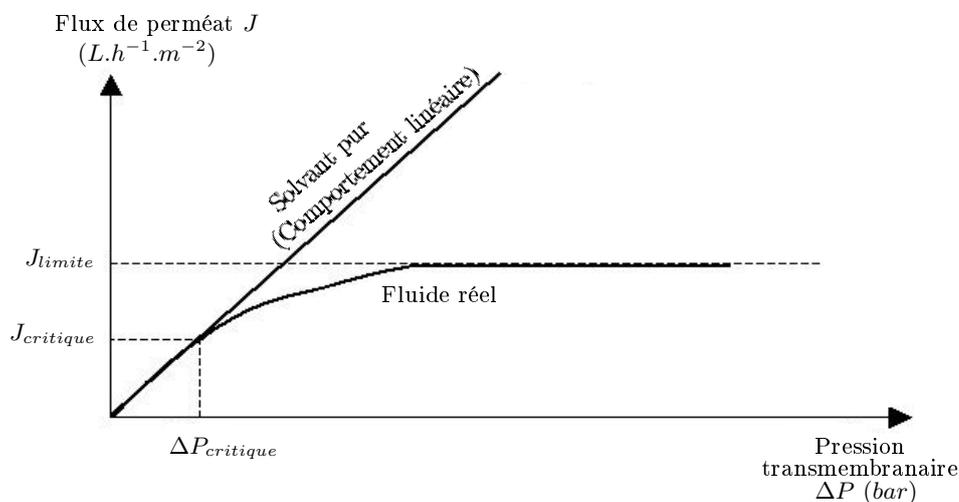


FIGURE 1.11 – Variation du flux en fonction de la pression transmembranaire.

Le colmatage entraîne des résistances additionnelles à celle par nature de la membrane (figure 1.12) :

- R_m : Résistance de la membrane (m^{-1}),
- R_d : Résistance du dépôt en surface (m^{-1}),
- R_a : Résistance par adsorption (m^{-1}),
- R_p : Résistance due au blocage interne des pores à la filtration (m^{-1}),

telles que :

$$R_T = R_m + R_d + R_a + R_p$$

où R_T est la résistance totale à la filtration (m^{-1}).

1.5.3.2 Mécanismes du colmatage

Le colmatage peut être classé en deux types : le colmatage réversible et le colmatage irréversible. Le premier type peut être éliminé hydrauliquement (par rétrolavage par exemple), ou mécaniquement par exemple par un système d'aération. Le second type correspond à une perte définitive partielle de la perméabilité et il nécessite un lavage chimique de la membrane. Une classification du colmatage peut

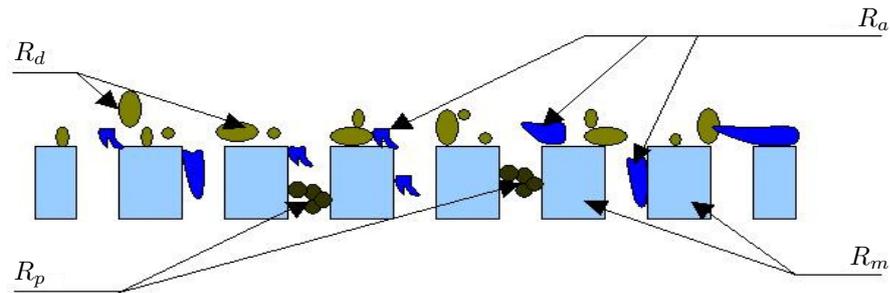


FIGURE 1.12 – Les différentes résistances dues au colmatage.

être donnée sur la base de la taille des pores de la membrane et celles des particules, ainsi que sur la base des interactions entre les floes et la membrane (figure 1.13).

- *Le colmatage par gâteau* : il se produit si la taille des particules est supérieure à celle des pores. On a une réduction de la surface filtrante de la membrane.
- *Le colmatage par bouchage des pores* : si la taille des pores est largement supérieure à celle des particules, alors ces dernières vont pénétrer dans les pores en réduisant progressivement leurs tailles jusqu'à ce qu'elles les bouchent totalement. On a une réduction de la surface poreuse de la membrane.
- *Le colmatage par blocage des pores* : il se produit si la taille des particules est semblable à celle des pores. On a une diminution de la surface filtrante de la membrane.
- *Le colmatage par adsorption* : il correspond à la formation des couches dues aux interactions physico-chimiques entre les floes et la surface membranaire ou la paroi des pores. On a une réduction des surfaces poreuse et filtrante de la membrane.

Les trois premiers types du colmatage sont de nature réversible, tandis que le dernier est de nature irréversible.

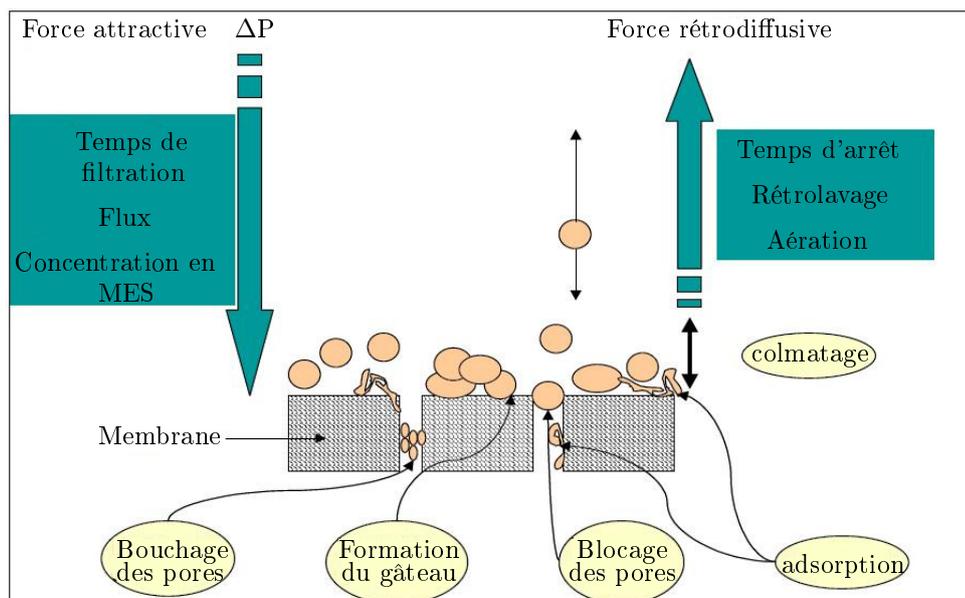


FIGURE 1.13 – Les différents mécanismes du colmatage [VK05].

La formulation mathématique utilisée pour modéliser le colmatage est basée sur la loi de Darcy associée au modèle de résistances en série de la membrane :

$$J = \frac{\Delta P}{\mu(R_m + R_d + R_a + R_p)}$$

avec :

- J : Flux du perméat [$L/(h.m^2)$],
- ΔP : Pression transmembranaire [bar],
- R_m, R_d, R_a et R_p : Différentes résistances [$1/m$],
- μ : Viscosité du perméat [$bar.h$].

Dans ce modèle, le colmatage est traduit par les résistances supplémentaires R_d , R_a , et R_p qui s'ajoutent à la résistance membranaire R_m au dénominateur, ce qui diminue le flux du perméat à pression transmembranaire ΔP constante.

En pratique, pour minimiser le colmatage, ou nettoyer la surface membranaire déjà colmatée, on a souvent recours aux solutions suivantes :

- La filtration discontinue : c'est une filtration qui s'arrête et reprend par intervalles. Pendant la phase de l'arrêt, le colmatage par gâteau réversible peut être plus facilement éliminé.
- Le rétrolavage : il consiste à faire couler le fluide (souvent c'est le perméat) en sens inverse de celui de la filtration. Cette solution permet d'éliminer le dépôt du gâteau sur la surface membranaire et des particules à l'intérieur des pores. Malheureusement, le rétrolavage est une méthode coûteuse (utilisation du perméat) et sa mise en œuvre, souvent empirique.
- L'aération : cette solution a un grand intérêt. L'agitation provoquée par les bulles d'air ou de biogaz au niveau de la membrane limite le dépôt des particules ou favorise leur évacuation. Mais ici encore, il s'agit d'un moyen de décolmatage très coûteux dû à la dépense énergétique induite.

1.5.3.3 Les SMP ont-ils un rôle dans le colmatage ?

Le concept de colmatage membranaire dû aux SMP est relativement nouveau. Les études dans ce domaine ont commencé en 2001 [LC06]. Les SMP sont désormais reconnus comme des paramètres majeurs à prendre en compte dans l'étude du colmatage des membranes dans les BRM [Men09]. A cause du temps de séjour des solides important dans les BRM, les SMP s'accumulent facilement dans le bioréacteur, entraînant un colmatage et une faible filtrabilité.

Dans leur étude bibliographique, Meng et al. [Men09], précisent que Geng et Hall [Gen07] ont observé que la quantité des SMP (considérés comme des macromolécules) dans la liqueur mixte a une influence considérable sur le colmatage membranaire (figure 1.14).

Durant la filtration, la membrane peut adsorber les SMP sur sa surface en bloquant ainsi les pores et/ou en formant une structure de gel, qui fournit une source possible de nutriments pour la formation d'un biofilm et ainsi la création d'une résistance au flux du perméat [Men09].

Toujours d'après [Men09], Iritani et al. [Iri07] ont établi que la contribution relative du surnageant au colmatage dans un système anaérobie est proche de 100%, en indiquant que les SMP est le facteur à contrôler dans la microfiltration de la boue activée. Wisniewski et Grasmick [Wis98] ont attribué aux SMP environ 50% de la résistance totale pendant la filtration. Lee et al. [Lee02b] ont observé que les cellules attachées et les SMP produisent une membrane dynamique en plus de la membrane du MBR.

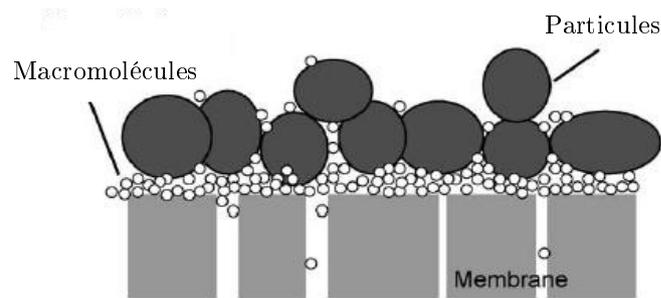


FIGURE 1.14 – Rôle des SMP dans le colmatage [LC06].

Dans leur étude bibliographique, [Ng07] mentionnent que des travaux de [Hua00] et [Par05] ont bien montré que l'accroissement des SMP peut causer une réduction dans la perméabilité de la membrane.

Beaucoup d'autres travaux de la littérature ont étudié la relation entre le phénomène du colmatage et les SMP. Nous donnons par la suite un récapitulatif de ces travaux d'après l'étude bibliographique de [Men09].

- Les SMP sont probablement responsables du colmatage [Spé05].
- Si la concentration des SMP diminue, alors l'index de colmatage baisse [Jan06].
- Le taux de colmatage est corrélé avec la concentration des SMP [Tru06].
- Les SMP jouent un rôle important dans le colmatage [Zha06].

Ce grand nombre de résultats indique bien que les SMP sont des colmatants majeurs des membranes. Ils contribuent à la formation de la couche de gâteau membranaire et ils sont responsables de bouchage des pores. Un message fort adressé par les études précédentes, est qu'il est nécessaire de prendre en compte ces composants de la liqueur mixte lors de la modélisation des BRM.

1.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné un bref historique de la digestion anaérobie et nous avons rappelé ses étapes biologiques. Par la suite, nous avons présenté la technique des BioRéacteurs Membranaires (MBR), leurs intérêts et leur couplage avec le traitement anaérobie des eaux usées. Finalement, nous avons introduits les produits microbiens solubles (SMP), en précisant leur origine et leur mécanisme de formation. Ces composants de la liqueur mixte ont un rôle majeur dans le colmatage de la membrane (blocage des pores). Il est donc primordial d'inclure leur dynamique dans les modèles de la digestion anaérobie.

Dans le chapitre 2, nous étudions mathématiquement le modèle AM2 à deux étapes de la digestion anaérobie. Ce modèle sera modifié dans le troisième chapitre afin de prendre en compte une nouvelle variable modélisant la présence des SMP dans le système.

Chapitre 2

Sur un modèle de digestion anaérobie à deux étapes

Guide de lecture :

Nous consacrons ce chapitre à l'analyse mathématique d'un modèle de digestion anaérobie à deux étapes obtenu par bilan de matières. Ce modèle nommé AM2 est capable de reproduire le comportement dynamique du système. Aussi surprenant que cela paraisse, ce modèle, pourtant relativement simple, n'a jamais été étudié en toute généralité. Dans un premier temps, nous étudions ses équilibres et leur stabilité. Par la suite, nous révisons des critères de stabilité proposés dans la littérature pour superviser en-ligne les digesteurs anaérobies.

2.1 Introduction

La modélisation des systèmes est une représentation particulière de la réalité. Il s'agit de la première étape à franchir pour estimer, observer, contrôler ou diagnostiquer un procédé. C'est en effet sur la base d'un modèle dynamique du procédé que s'effectue la conception, l'analyse et la mise en œuvre des méthodes de surveillance et de commande. Dans le cadre des bioprocédés en général et de la digestion anaérobie en particulier, la considération des bilans de matière des principaux composants du système est une manière naturelle pour caractériser sa dynamique [Doc01a].

Lors du fonctionnement d'un procédé de digestion anaérobie, le problème majeur vient du fait que les Acides Gras Volatiles (AGV) produits pendant la réaction d'acidogénèse peuvent s'accumuler dans le bioréacteur et déstabiliser donc le processus. C'est la raison pour laquelle les outils de modélisation, de contrôle et de supervision sont nécessaires pour optimiser le fonctionnement des digesteurs anaérobies.

Selon l'objectif pour lequel ils ont été développés, les modèles de digestion anaérobie peuvent être classés en deux groupes : i) les modèles de grandes dimensions, développés par les praticiens pour reproduire le comportement phénoménologique du système et ii) les modèles simplifiés développés pour le contrôle, décrivant de manière macroscopique la digestion anaérobie en un faible nombre d'étapes en cascade et ayant une dimension limitée. Un état de l'art sur les modèles de la digestion anaérobie existants avant 1999 est donné dans [Lyb99].

Le modèle ADM1¹ est le modèle phénoménologique de digestion anaérobie le plus complet et l'un des plus utilisés. Une première version de ce modèle a vu le jour dans un rapport scientifique et technique en 2001 [IWA01]. C'est un modèle complexe de 32 équations différentielles modélisant les réactions et les échanges entre les différentes espèces liquides et gazeuses. Malheureusement, du fait de sa grande dimension, son utilisation pour l'estimation, la commande et la supervision des digesteurs anaérobies n'est pas appropriée [Fez08], [IWA01].

Pour faire du contrôle des digesteurs anaérobies, un modèle nommé AM2² beaucoup plus approprié est utilisé. C'est un modèle à deux étapes : l'Acidogénèse et la Méthanogénèse³, qui comprend six équations différentielles. Il a été développé dans le cadre du projet européen AMOCO⁴ [Ber01c].

Dans ce chapitre, nous présentons le modèle à deux étapes AM2 et nous caractérisons ses équilibres et leur stabilité afin d'obtenir des informations qualitatives sur les principales variables du processus (biomasses et substrats). Aussi surprenant que cela paraisse au regard de son apparente simplicité, cette analyse n'avait jamais été réalisée en toute généralité. Par la suite, fondant notre raisonnement sur l'analyse du modèle AM2 que nous proposons, nous révisons et nous analysons les critères de stabilité (*marge de stabilité* et *indice de risque de déstabilisation*) d'un digesteur anaérobie proposés initialement par Hess et Olivier [Hes08]. Des simulations numériques sont présentées et discutées pour illustrer notre approche.

1. Anaerobic Digestion Model No 1

2. Acidogénèse - Méthanogénèse - 2 étapes

3. Acidogénèse : La matière organique est dégradée par un consortium de bactéries en Acides Gras Volatiles (AGV) et CO_2 . Méthanogénèse : Les AGV sont convertis en CH_4 et CO_2 par un autre écosystème de bactéries.

4. Advanced Monitoring and Control System for anaerobic processes, European FAIR project No. ERB-FAIR-CT96-1198

2.2 État de l'art sur le modèle de digestion anaérobie à deux étapes

Comme nous l'avons mentionné dans l'introduction, les modèles de digestion anaérobie à deux étapes, ont été largement utilisés pour la supervision en-ligne des procédés. Plusieurs études plus ou moins approfondies ont été consacrées à l'analyse de la stabilité et la bifurcation des équilibres, à l'estimation de la taille du bassin d'attraction de l'équilibre opérationnel, ou encore à la synthèse de lois de commande stabilisantes. Cependant, ces études ont toutes été réalisées pour des cas particuliers et non en toute généralité.

Shen et al. [She07] ont analysé la stabilité et la bifurcation des équilibres d'un modèle de digestion anaérobie en fonction de certains paramètres opérationnels. Le modèle étudié de dimension deux est dérivé d'un modèle original de dimension six proposé par [ML96], en réduisant et/ou éliminant les dynamiques rapides et stables. Malheureusement, cette simplification ne permet pas d'analyser tous les équilibres possibles du système original. De plus, ils ont surestimé la quantité du substrat produit par le système rapide (la réaction acidogène) en régime permanent et disponible pour le système étudié en dimension deux. Les auteurs ont déduit que le système pouvait avoir un, deux ou trois points d'équilibre selon les valeurs de certains paramètres 'clés' comme le bicarbonate de sodium B_{ic} , la concentration S_i de substrat dans l'alimentation et le taux de dilution D . Les résultats obtenus montrent que l'addition de B_{ic} améliore la robustesse du système en élargissant le bassin d'attraction de l'équilibre intérieur opérationnel. Pour maximiser la production du méthane CH_4 (1^{er} critère), il est nécessaire d'augmenter S_i et D , ce qui détériore la robustesse du système (2^{me} critère). Les auteurs recommandent la synthèse d'une loi de commande pour assurer un compromis entre les deux critères.

Hess et Bernard [Hes08] ont proposé de caractériser et d'évaluer la taille du bassin d'attraction de l'équilibre opérationnel d'un modèle réduit à partir du modèle original AM2 à deux étapes [Ber01c] (voir la section 2.6). Ensuite, ils ont développé des critères de stabilité nommés "*marge de stabilité*" et "*indice de risque de déstabilisation*" pour superviser en-ligne le fonctionnement du procédé. Nous montrerons dans la section 2.6 que ces indices de stabilité peuvent être problématiques sous certaines conditions opérationnelles.

Les auteurs ont publié aussi un article complémentaire [Hes09], qui a pour objectif d'étudier des situations de fonctionnement où le système peut évoluer vers l'équilibre d'acidification (déstabilisation). L'approche proposée consiste à partager le plan de phase en plusieurs zones et de déterminer la position des trajectoires du système par rapport à ces zones. Ils étudient l'indice de risque où le fonctionnement du système peut basculer entre les deux points d'équilibre localement stables : l'équilibre opérationnel et l'équilibre de lessivage.

Sbarciog et al. [Sba10b] ont proposé une méthodologie pour estimer la "*séparatrice*" entre les bassins d'attraction de l'équilibre opérationnel désiré et l'équilibre de lessivage d'un digesteur anaérobie décrit par le modèle AM2 [Ber01c]. Les auteurs considèrent un système d'ordre deux, réduit par une transformation linéaire des états physiques d'un système original d'ordre quatre. Sbarciog et al. ont présenté dans un autre article [Sba10a] une stratégie pour choisir les entrées du système (taux de dilution et concentrations en entrée), afin de garantir son bon fonctionnement. Ils ont étudié aussi les équilibres du système et leur stabilité, transformé sous une forme canonique obtenue à partir de la représentation physique initiale. Toutefois, leurs études et simulations réalisées ne sont valables que pour un digesteur

anaérobie parfaitement mélangé (CSTR). C'est à dire, lorsque aucune fraction de la biomasse n'est retenue dans le digesteur, ce qui est un cas particulier du modèle AM2 à deux étapes (lorsque $\alpha = 1$ dans le modèle proposé dans [Ber01c]).

Dimitrova et Krastanov [Dim09] ont étudié la stabilité et la bifurcation des équilibres du modèle AM2, (cf. Bernard et al. [Ber01c]) en dimension 4 en fonction de la variable de commande (taux de dilution). Ils considèrent pour la méthanogénèse (la deuxième étape), le modèle réduit proposé par Hess et Bernard [Hes08] et mettent une restriction sur la concentration du substrat dans l'alimentation. Nous reviendrons plus tard dans le chapitre sur ce point clé de leur travail. Par la suite, Dimitrova et Krastanov proposent une loi de commande adaptative par retour de sortie pour stabiliser asymptotiquement le système autour de l'équilibre opérationnel choisi. Ces travaux sur la commande adaptative des digesteurs anaérobies ont fait aussi l'objet d'autres articles de ces auteurs [Dim10], [Dim11].

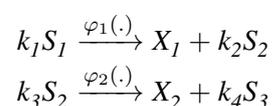
Une analyse de la stabilité locale de quelques modèles de digestion anaérobie a été faite par Simenov et Diop [Sim10]. Ils ont étudié dans un premier temps un modèle simple à une seule étape (méthanogénèse) en considérant à chaque fois une des cinétiques suivantes : Monod, Contois ou Haldane. Simenov et Diop ont considéré aussi un modèle de digestion anaérobie en dimension quatre (deux étapes de réactions biologiques), dont ils analysent les équilibres et la stabilité en considérant une cinétique de type Monod pour l'étape méthanogénèse, ce qui ne prend pas en compte l'éventuelle inhibition provoquée par l'accumulation des acides gras volatiles dans le système. Avec ce choix, les auteurs ne trouvent que trois équilibres pour le système de digestion anaérobie, alors qu'un tel système peut avoir jusqu'à six équilibres comme nous le montrerons dans ce chapitre.

Récemment, Weedermann [Wee12] a introduit dans un modèle de digestion anaérobie à deux étapes (quatre variables), une nouvelle variable modélisant une toxine externe, qui pourrait inhiber la croissance des bactéries acidogènes et qui est dégradée par les bactéries méthanogènes. Le modèle étudié ne considère pas une concentration du substrat dans l'alimentation de la réaction méthanogénèse. Après avoir réduit le modèle proposé à cinq variables en dimension trois, Weedermann a étudié le comportement de ce dernier en présence de la toxine. Ainsi, il trouve que le système peut présenter en plus du lessivage et de la bistabilité de nouveaux comportements comme l'apparition des cycles limites.

Nous soulignons que toutes les études disponibles sur le modèle de digestion anaérobie à deux étapes, utilisent des fonctions spécifiques des taux de réaction et elles se sont restreintes aux certaines conditions de fonctionnement.

Notre travail porte sur une étude mathématique rigoureuse de tous les équilibres possibles du modèle AM2 à deux étapes et de leur stabilité. A l'opposé de Dimitrova et Krastanov [Dim09], nous ne mettons aucune restriction sur la concentration du substrat disponible à l'entrée de la deuxième étape (méthanogénèse). Nous proposons aussi de modifier les indices de stabilité de Hess et Bernard [Hes08] et de les caractériser sur la base de l'analyse mathématique du modèle que nous réalisons. Pour illustrer notre approche, des simulations numériques sont réalisées et commentées à la fin.

Notons que l'analyse du modèle AM2 que nous faisons dans ce chapitre, peut être facilement étendue à tout autre processus biologique à deux étapes comme la nitrification par exemple. Cette classe de systèmes est décrite par deux réactions en cascade :



où S_1 et S_2 sont des substrats dégradés respectivement par les biomasses X_1 et X_2 , tandis que S_3 est un produit final. $\varphi_1(\cdot)$ et $\varphi_2(\cdot)$ sont les vitesses de réactions biologiques dépendant des variables d'état et k_i sont les coefficients stœchiométriques.

2.3 Le modèle AM2 de digestion anaérobie à deux étapes

2.3.1 Description du modèle AM2 : hypothèses et schéma réactionnel

Le modèle AM2 à deux étapes est un modèle simple à identifier, capable de reproduire le comportement dynamique et de prendre en compte le phénomène de la déstabilisation des digesteurs anaérobies par accumulation des Acides Gras Volatiles (AGV). De tous les modèles actuels, il apparaît comme l'un des plus adaptés pour le contrôle de ces systèmes.

Le développement du modèle AM2 est basé sur l'hypothèse que les populations bactériennes intervenant dans la digestion anaérobie, peuvent être divisées en deux groupes principaux de caractéristiques homogènes et que la digestion anaérobie peut être décrite par un processus à deux étapes.

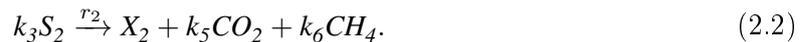
Dans la première étape appelée acidogénèse, le consortium des bactéries acidogènes (X_1) transforme la matière organique (S_1) en AGV (S_2) et dioxyde de carbone CO_2 . Dans la deuxième étape appelée méthanogénèse, la population des méthanogènes (X_2) convertit S_2 en méthane CH_4 et CO_2 [Ber01c].

Les réactions biologiques des deux étapes sont décrites par les schémas réactionnels suivants :

- 1- Acidogénèse, avec une vitesse de réaction $r_1 = \mu_1(S_1)X_1$, telle que $\mu_1(S_1)$ est le taux de croissance spécifique de X_1 sur S_1 :



- 2- Méthanogénèse, avec une vitesse de réaction $r_2 = \mu_2(S_2)X_2$, telle que $\mu_2(S_2)$ est le taux de croissance spécifique de X_2 sur S_2 :



L'état S_2 est composé essentiellement d'acétate, propionate et butyrate et est supposé se comporter comme de l'acétate. La Demande Chimique en Oxygène (DCO) totale est la somme de S_1 et de S_2 [Ber01c].

Comme nous l'avons souligné dans l'introduction, le problème majeur de la digestion anaérobie vient en fait d'une éventuelle accumulation des AGV (S_2) dans le bioréacteur durant la méthanogénèse, ce qui peut déstabiliser le processus en acidifiant le bioréacteur. Pour modéliser ce phénomène d'inhibition, nous choisissons une loi de Haldane pour le taux de croissance spécifique des méthanogènes $\mu_2(S_2)$, qui s'écrit :

$$\mu_2(S_2) = m_2 \frac{S_2}{\frac{S_2^2}{K_i} + S_2 + K_2}, \quad (2.3)$$

où :

m_2 est le taux de croissance maximum de X_2 sur S_2 ,

K_2 est la constante de demi-saturation associée à S_2 ,

K_i est la constante d'inhibition associée à S_2 .

Le taux de croissance spécifique des acidogènes $\mu_1(S_1)$ est modélisé par une loi de Monod :

$$\mu_1(S_1) = m_1 \frac{S_1}{S_1 + K_1}. \quad (2.4)$$

où :

m_1 est le taux de croissance maximum de X_1 sur S_1 ,

K_1 est la constante de demi-saturation associée à S_1 .

Notons que le modèle AM2 a été développé initialement pour modéliser un bioréacteur à lit fixe du LBE⁵ à Narbonne. Pour plus de détail sur le développement de ce modèle et sur l'identification de ses paramètres biologiques, cf. [Ber01c].

2.3.2 Équations mathématiques de bilan de masse

Le modèle général AM2 à deux étapes tel qu'il a été proposé dans la littérature [Ber01c], considère 6 variables d'état nommées :

1. S_1 : La concentration de la matière organique à dégrader (DCO),
2. X_1 : La concentration de la biomasse acidogène,
3. S_2 : La concentration des acides gras volatiles (AGV),
4. X_2 : La concentration de la biomasse méthanogène,
5. Z : La concentration de l'alcalinité,
6. C : La concentration du carbone inorganique.

Par la suite, nous ne prenons pas en compte les variables Z et C et nous notons $\xi = [S_1, X_1, S_2, X_2]^T$ le vecteur des variables d'état. Cela ne posera pas de problème pour l'analyse mathématique du modèle (2.6)-(2.9) d'ordre 4, car il est indépendant des deux variables Z et C (voir le modèle original dans [Ber01c]). Les variables Z et C peuvent être rajoutées ultérieurement si nécessaire, afin de synthétiser des observateurs par exemple.

A partir des schémas réactionnels (2.1)-(2.2) et en utilisant la loi de bilan de masse (2.5), [Bas90] :

$$\dot{\xi} = K\phi(\xi) + D(\xi_{in} - \xi) - Q, \quad (2.5)$$

le modèle AM2 réduit de dimension 4 s'écrit alors sous la forme : $\dot{\xi} = f(\xi)$

$$\dot{S}_1 = D(S_{1in} - S_1) - k_1\mu_1(S_1)X_1, \quad (2.6)$$

$$\dot{X}_1 = [\mu_1(S_1) - \alpha D]X_1, \quad (2.7)$$

$$\dot{S}_2 = D(S_{2in} - S_2) + k_2\mu_1(S_1)X_1 - k_3\mu_2(S_2)X_2, \quad (2.8)$$

$$\dot{X}_2 = [\mu_2(S_2) - \alpha D]X_2, \quad (2.9)$$

avec :

K : la matrice contenant les coefficients de rendement (stœchiométriques),

ξ_{in} : le vecteur des éléments entrant dans le bioréacteur,

Q : les termes d'échanges gazeux entre la phase gazeuse et la phase liquide,

5. Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement : www.montpellier.inra.fr/narbonne

$\phi(\xi)$: le vecteur des vitesses de réactions,

D : taux de dilution ($[1/j]$),

$\alpha \in [0, 1]$: paramètre représentant la fraction de la biomasse qui n'est pas retenue dans le bioréacteur,

S_{1in} : la concentration de S_1 dans l'alimentation ($[g/l]$),

S_{2in} : la concentration de S_2 dans l'alimentation ($[mmol/l]$),

k_1 : le rendement de dégradation de S_1 par X_1 ($[g/g]$),

k_2 : le rendement de production de S_2 par X_1 à partir de S_1 ($[mmol/g]$),

k_3 : le rendement de dégradation de S_2 par X_2 ($[mmol/g]$).

$\mu_1(\cdot)$ et $\mu_2(\cdot)$ sont les cinétiques du système. Elles sont considérées pour notre analyse mathématique ultérieure comme des fonctions génériques satisfaisant les hypothèses suivantes.

Hypothèse 2.1. : μ_1 est une fonction de S_1 avec :

- $\mu_1(0) = 0$,
- $\mu_1'(S_1) := \frac{d\mu_1(S_1)}{dS_1} > 0$ pour $S_1 \geq 0$,
- $\mu_1(\infty) = m_1$.

Hypothèse 2.2. : μ_2 est une fonction de S_2 avec :

- $\mu_2(0) = 0$, $\mu_2(\infty) = 0$,
- $\mu_2(S_2)$ atteint un maximum $\mu_2^M := \mu_2(S_2^M) > 0$ pour $S_2 = S_2^M$,
- $\mu_2'(S_2) := \frac{d\mu_2(S_2)}{dS_2} > 0$ si $0 \leq S_2 < S_2^M$,
- $\mu_2'(S_2) := \frac{d\mu_2(S_2)}{dS_2} < 0$ pour $S_2 > S_2^M$.

Remarque 2.1. : L'analyse présentée par la suite est valable pour les fonctions particulières de Monod (2.4) et de Haldane (2.3), qui vérifient respectivement les hypothèses 2.1 et 2.2. Il faut toutefois noter qu'elle reste valable pour toute la classe des fonctions satisfaisant ces hypothèses, par exemple la fonction de Tessier $\mu_1(S_1) = m_1 \left(1 - e^{-\frac{S_1}{K_m}}\right)$ [Bas90], qui pourrait vérifier l'hypothèse 2.1 et la fonction à double exponentielles $\mu_2(S_2) = K \left(e^{-\alpha_1 S_2} - e^{-\alpha_2 S_2}\right)$ avec $\alpha_2 > \alpha_1$, qui pourrait vérifier l'hypothèse 2.2.

Remarque 2.2. : Remarquons que le modèle (2.6)-(2.9) a une structure cascade : deux réactions biologiques en série de cinétiques monotone et non-monotone respectivement. La positivité et la bornitude des variables de tels systèmes sont démontrées dans [Smi95].

2.3.3 Calcul des équilibres

Les différents régimes permanents du système sont obtenus en annulant les dérivées (2.6)-(2.9). Nous avons alors les implications suivantes :

$$\begin{aligned} (2.7) = 0 &\implies X_1 = 0 && \text{ou} && \mu_1(S_1) = \alpha D, \\ (2.9) = 0 &\implies X_2 = 0 && \text{ou} && \mu_2(S_2) = \alpha D. \end{aligned}$$

La situation où $(X_1 = 0)$ et $(X_2 = 0)$ à la fois est toujours possible, c'est le lessivage total du bioréacteur, faute de contrôle du système, de manque de substrat limitant ou de surcharge organique. Nous considérons pour les solutions de $(\mu_1(S_1) = \alpha D)$ et $(\mu_2(S_2) = \alpha D)$ les cas suivants illustrés par la figure 2.1.

- Si $\alpha D < m_1$: l'équation $\mu_1(S_1) = \alpha D$ a une solution $\lambda_1(D)$.
 - Si $\alpha D \geq m_1$: l'équation $\mu_1(S_1) = \alpha D$ n'a pas de solution et nous posons $\lambda_1(D) = +\infty$.
 - Si $\alpha D < \mu_2^M$: l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ a deux solutions $\lambda_2^1(D) < \lambda_2^2(D)$.
 - Si $\alpha D = \mu_2^M$: l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ a seulement une solution $\lambda_2^1(D) = \lambda_2^2(D)$.
 - Si $\alpha D > \mu_2^M$: l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ n'a pas de solution et nous posons $\lambda_2^1(D) = +\infty$.
- Si $\lambda_1(D) < S_{1in}$, nous définissons la quantité :

$$S_{2in}^*(D) = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1} (S_{1in} - \lambda_1(D)). \quad (2.10)$$

C'est la concentration totale des AGV disponible pour la réaction de méthanogénèse. Elle est égale à la somme de la concentration S_{2in} en entrée du bioréacteur et la concentration $\frac{k_2}{k_1} (S_{1in} - \lambda_1(D))$ produite par la réaction d'acidogénèse en régime permanent. Nous reviendrons sur ce point dans la section 2.4.

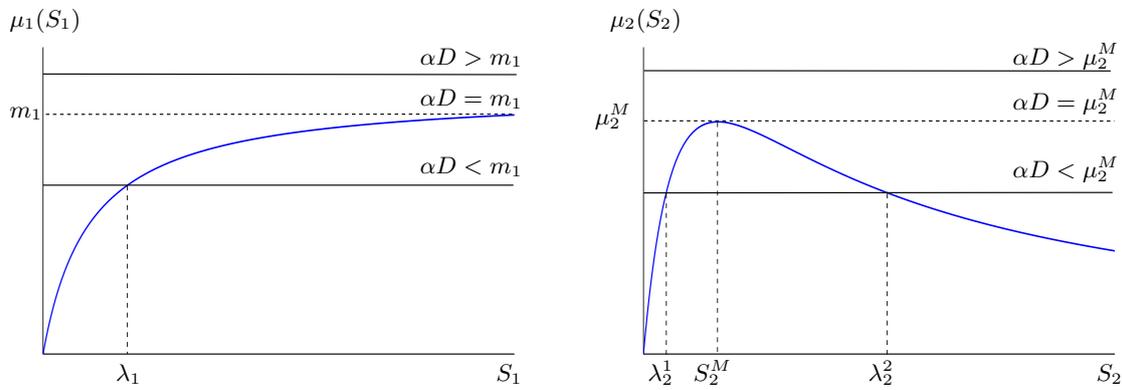


FIGURE 2.1 – Les solutions possibles de $\alpha D = \mu_1(S_1)$ (gauche) et de $\alpha D = \mu_2(S_2)$ (droite).

La proposition suivante donne les équilibres possibles du système, qui sont dépendants de D à part celui du lessivage total.

Proposition 2.1. : *Le système (2.6)-(2.9) a au plus six points d'équilibre :*

- $E_1^0 = (S_{1in}, 0, S_{2in}, 0)$, qui existe toujours et qui ne dépend pas de D .
- $E_1^1(D) = (S_{1in}, 0, \lambda_2^1(D), X_2^1(D))$ où $X_2^1(D) = \frac{1}{k_3\alpha} (S_{2in} - \lambda_2^1(D))$, qui existe si et seulement si $S_{2in} > \lambda_2^1(D)$.
- $E_1^2(D) = (S_{1in}, 0, \lambda_2^2(D), X_2^2(D))$ où $X_2^2(D) = \frac{1}{k_3\alpha} (S_{2in} - \lambda_2^2(D))$, qui existe si et seulement si $S_{2in} > \lambda_2^2(D)$.
- $E_2^0(D) = (\lambda_1(D), X_1^*(D), S_{2in}^*(D), 0)$ où $X_1^*(D) = \frac{1}{k_1\alpha} (S_{1in} - \lambda_1(D))$, qui existe si et seulement si $S_{1in} > \lambda_1(D)$.
- $E_2^1(D) = (\lambda_1(D), X_1^*(D), \lambda_2^1(D), X_2^{1*}(D))$ où $X_2^{1*}(D) = \frac{1}{k_3\alpha} (S_{2in}^*(D) - \lambda_2^1(D))$, qui existe si et seulement si $S_{1in} > \lambda_1(D)$ et $S_{2in}^*(D) > \lambda_2^1(D)$.
- $E_2^2(D) = (\lambda_1(D), X_1^*(D), \lambda_2^2(D), X_2^{2*}(D))$ où $X_2^{2*}(D) = \frac{1}{k_3\alpha} (S_{2in}^*(D) - \lambda_2^2(D))$, qui existe si et seulement si $S_{1in} > \lambda_1(D)$ et $S_{2in}^*(D) > \lambda_2^2(D)$.

Démonstration. Des équations (2.7) et (2.9), on déduit à l'équilibre :

$$\begin{aligned} X_1 = 0 & \quad \text{ou} \quad \mu_1(S_1) = \alpha D, \\ X_2 = 0 & \quad \text{ou} \quad \mu_2(S_2) = \alpha D. \end{aligned}$$

Nous considérons donc quatre cas possibles :

1. Si $X_1 = 0$ et $X_2 = 0$, nous les remplaçons dans (2.6) et (2.8) et nous obtenons $S_1 = S_{1in}$ et $S_2 = S_{2in}$: c'est l'équilibre E_1^0 .
2. Si $X_1 = 0$ et $X_2 \neq 0$, alors de (2.6) nous avons $S_1 = S_{1in}$. De (2.9) nous calculons les deux solutions $\lambda_2^1(D)$ et $\lambda_2^2(D)$ de $\mu_2(S_2) = \alpha D$ et de (2.8) nous obtenons $X_2^i(D) = \frac{1}{k_3\alpha} (S_{2in} - \lambda_2^i(D))$, $i = 1, 2$. Les équilibres dans ce cas sont $E_1^i(D)$, $i = 1, 2$, qui existent si et seulement si $S_{2in} > \lambda_2^i(D)$.
3. Si $X_1 \neq 0$ et $X_2 = 0$, alors de (2.7) nous avons $\lambda_1(D)$ la solution de l'équation $\mu_1(S_1) = \alpha D$, de (2.6) nous calculons $X_1^*(D)$ et de (2.8) nous obtenons $S_2^*(D) = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1} (S_{1in} - \lambda_1(D))$. L'équilibre dans ce cas est $E_2^0(D)$.
4. Si $X_1 \neq 0$ et $X_2 \neq 0$, alors de (2.7) nous avons $\lambda_1(D) = \mu_1^{-1}(\alpha D)$. De (2.9) nous avons $\lambda_2^i(D) = \mu_2^{-1}(\alpha D)$, $i = 1, 2$ et de (2.6) et (2.9) nous avons $X_1^*(D)$ et $X_2^{i*}(D)$ respectivement. Nous avons les équilibres $E_2^i(D)$, $i = 1, 2$, qui existent si et seulement si $S_{1in} > \lambda_1(D)$ et $S_{2in}^*(D) > \lambda_2^i(D)$.

Le système peut donc avoir six équilibres en tout. □

L'équilibre trivial E_1^0 correspond au lessivage de X_1 et de X_2 du bioréacteur. L'équilibre trivial $E_1^i(D)$, $i = 1, 2$, correspond au lessivage de la biomasse acidogène X_1 mais pas de la biomasse méthanogène X_2 . L'équilibre trivial $E_2^0(D)$ correspond au lessivage de la biomasse X_2 mais pas de X_1 . $E_2^1(D)$ et $E_2^2(D)$ sont les équilibres intérieurs ($X_1 \neq 0$ et $X_2 \neq 0$), tel que $E_2^1(D)$ correspond au point de fonctionnement opérationnel du bioréacteur qui est le seul souhaité du point de vue pratique.

2.3.4 Équilibres hyperboliques et non hyperboliques du système

Définition 2.1. : Soit J la matrice jacobienne du système dynamique (2.6)-(2.9), évaluée autour d'un équilibre donné E .

L'équilibre E est dit hyperbolique si toutes les valeurs propres de J ont des parties réelles non nulles. Sinon, c'est-à-dire si au moins une des valeurs propres est sur l'axe imaginaire, E est dit non hyperbolique.

Le système (2.6)-(2.9) peut posséder des équilibres hyperboliques et/ou non hyperboliques, car la cinétique $\mu_2(S_2)$ est une fonction non-monotone. Plusieurs cas doivent être considérés par rapport aux positions relatives des solutions $\lambda_2^1(D)$ et $\lambda_2^2(D)$ de $\mu_2(S_2) = \alpha D$ et des valeurs S_{2in} et $S_{2in}^*(D)$.

2.3.4.1 Équilibres hyperboliques du système

Nous distinguons deux cas selon la position de S_{1in} par rapport à $\lambda_1(D)$:

1. $S_{1in} < \lambda_1(D)$ (lessivage de X_1), les positions possibles de S_{2in} par rapport à $\lambda_2^1(D)$ et $\lambda_2^2(D)$ sont représentées par la figure 2.3, où trois cas peuvent exister :

- Cas 1.1 : $S_{2in} < \lambda_2^1(D) < \lambda_2^2(D)$,
- Cas 1.2 : $\lambda_2^1(D) < S_{2in} < \lambda_2^2(D)$,
- Cas 1.3 : $\lambda_2^1(D) < \lambda_2^2(D) < S_{2in}$.

Le théorème 2.1 donne le nombre et la nature des équilibres possibles dans ce cas.

2. $\lambda_1(D) < S_{1in}$ (Pas de lessivage de X_1), les nombres S_{2in} et $S_{2in}^*(D)$ peuvent prendre six positions différentes par rapport à $\lambda_2^1(D)$ et $\lambda_2^2(D)$, comme illustré sur la figure 2.4.

- Cas 2.1 : $S_{2in}^*(D) < \lambda_2^1(D)$,
- Cas 2.2 : $S_{2in} < \lambda_2^1(D) < S_{2in}^*(D) < \lambda_2^2(D)$,
- Cas 2.3 : $S_{2in} < \lambda_2^1(D) < \lambda_2^2(D) < S_{2in}^*(D)$,
- Cas 2.4 : $\lambda_2^1(D) < S_{2in} < S_{2in}^*(D) < \lambda_2^2(D)$,
- Cas 2.5 : $\lambda_2^1(D) < S_{2in} < \lambda_2^2(D) < S_{2in}^*(D)$,
- Cas 2.6 : $\lambda_2^2(D) < S_{2in}$.

Le théorème 2.2 donne le nombre et la nature des équilibres possibles dans ce cas.

Théorème 2.1. : Si $S_{1in} < \lambda_1$, alors nous avons 3 sous-cas possibles :

CAS 1 : $S_{1in} < \lambda_1$	E_1^0	E_1^1	E_1^2
cas 1.1 : $S_{2in} < \lambda_2^1$	Stable	∅	∅
cas 1.2 : $\lambda_2^1 < S_{2in} < \lambda_2^2$	Instable	Stable	∅
cas 1.3 : $\lambda_2^2 < S_{2in}$	Stable	Stable	Instable

Théorème 2.2. : Si $\lambda_1 < S_{1in}$, alors nous avons 6 sous-cas possibles :

CAS 2 : $S_{1in} > \lambda_1$	E_1^0	E_1^1	E_1^2	E_2^0	E_2^1	E_2^2
cas 2.1 : $S_{2in}^* < \lambda_2^1$	Instable	∅	∅	Stable	∅	∅
cas 2.2 : $S_{2in} < \lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2$	Instable	∅	∅	Instable	Stable	∅
cas 2.3 : $S_{2in} < \lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}^*$	Instable	∅	∅	Stable	Stable	Instable
cas 2.4 : $\lambda_2^1 < S_{2in} < S_{2in}^* < \lambda_2^2$	Instable	Instable	∅	Instable	Stable	∅
cas 2.5 : $\lambda_2^1 < S_{2in} < \lambda_2^2 < S_{2in}^*$	Instable	Instable	∅	Stable	Stable	Instable
cas 2.6 : $\lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}$	Instable	Instable	Instable	Stable	Stable	Instable

Dans leur article, Dimitrova et Krastanov [Dim09] ont restreint l'étude des équilibres du système (2.6)-(2.9) au cas :

$$S_{2in} \geq S_2^M.$$

Ils argumentent que c'est dans ce cas que le système peut avoir une bistabilité et sinon, si $S_{2in} < S_2^M$, la cinétique est monotoniquement croissante pour $S_2 > 0$ et donc le système n'a qu'un seul équilibre. En fait, même si $S_{2in} < S_2^M$, le système (2.6)-(2.9) peut fonctionner en bistabilité si $S_{2in}^*(D) > S_2^M$ comme l'indique les cas 2.3 et 2.5 du théorème 2.2 (voir figure 2.2 et/ou figure 2.4, cas 2.3).

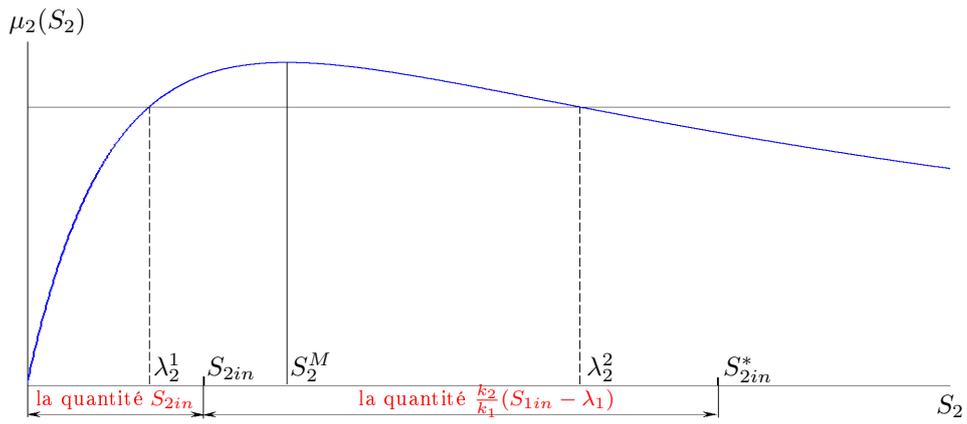


FIGURE 2.2 – Cas de bistabilité quand $S_{2in} < S_2^M$ et $S_{2in}^* > S_2^M$

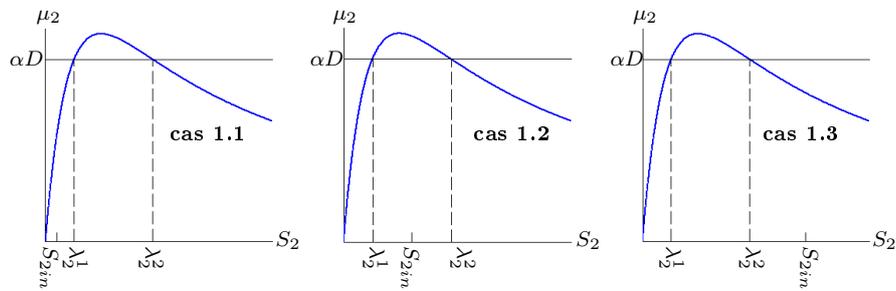


FIGURE 2.3 – Les positions possibles de S_{2in} par rapport à λ_2^1 et λ_2^2 quand $S_{1in} < \lambda_1$.

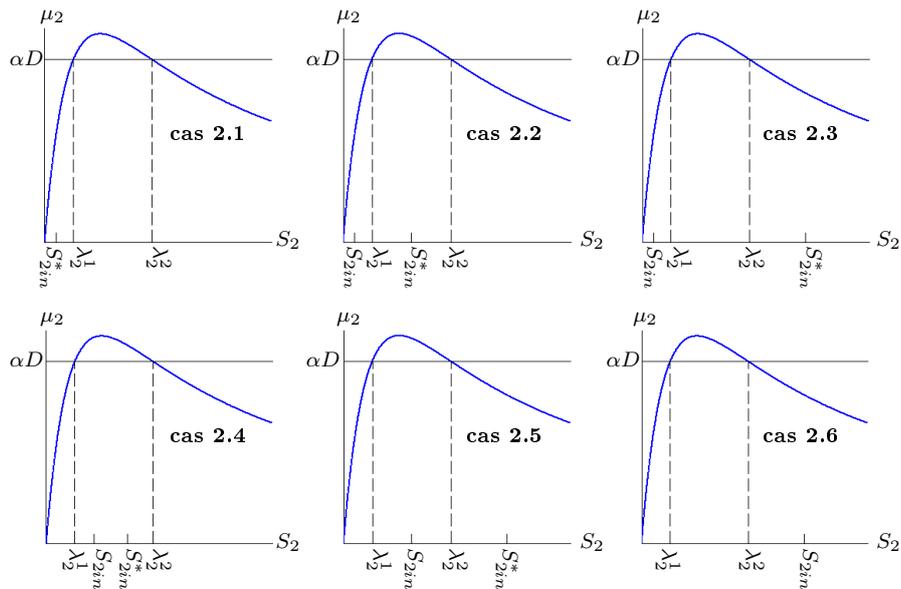


FIGURE 2.4 – Les positions possibles de S_{2in} et S_{2in}^* par rapport à λ_2^1 et λ_2^2 quand $\lambda_1 < S_{1in}$.

Démonstration. L'étude de la stabilité des équilibres s'ensuit simplement de l'étude des valeurs propres de la matrice Jacobienne du système (2.6)-(2.9) :

$$J = \left[\begin{array}{cc|cc} -D - k_1\mu_1'(S_1)X_1 & -k_1\mu_1(S_1) & 0 & 0 \\ \mu_1'(S_1)X_1 & \mu_1(S_1) - \alpha D & 0 & 0 \\ \hline k_2\mu_1'(S_1)X_1 & k_2\mu_1(S_1) & -D - k_3\mu_2'(S_2)X_2 & -k_3\mu_2(S_2) \\ 0 & 0 & \mu_2'(S_2)X_2 & \mu_2(S_2) - \alpha D \end{array} \right] \equiv \left[\begin{array}{c|c} J_{11} & 0 \\ \hline J_{21} & J_{22} \end{array} \right],$$

où :

$$J_{11} = \begin{bmatrix} -D - k_1\mu_1'(S_1)X_1 & -k_1\mu_1(S_1) \\ \mu_1'(S_1)X_1 & \mu_1(S_1) - \alpha D \end{bmatrix}, \quad (2.11)$$

$$J_{22} = \begin{bmatrix} -D - k_3\mu_2'(S_2)X_2 & -k_3\mu_2(S_2) \\ \mu_2'(S_2)X_2 & \mu_2(S_2) - \alpha D \end{bmatrix}. \quad (2.12)$$

Les valeurs propres de J sont les valeurs propres des blocs J_{11} et J_{22} .

A l'équilibre E_1^0 , nous avons :

$$J_{11} = \begin{bmatrix} -D & -k_1\mu_1(S_{1in}) \\ 0 & \mu_1(S_{1in}) - \alpha D \end{bmatrix},$$

$$J_{22} = \begin{bmatrix} -D & -k_3\mu_2(S_{2in}) \\ 0 & \mu_2(S_{2in}) - \alpha D \end{bmatrix}.$$

Les valeurs propres de J_{11} et de J_{22} ont des parties réelles négatives si et seulement si $\mu_1(S_{1in}) < \alpha D$ et $\mu_2(S_{2in}) < \alpha D$ respectivement.

D'où si : $S_{1in} < \lambda_1$ et ($S_{2in} < \lambda_2^1$ ou $S_{2in} > \lambda_2^2$), alors E_1^0 est localement asymptotiquement stable. Cet équilibre est instable si ($S_{1in} < \lambda_1$ et $\lambda_2^1 < S_{2in} < \lambda_2^2$) ou $S_{1in} > \lambda_1$.

Aux équilibres $E_1^i, i = 1, 2$, nous avons :

$$J_{11} = \begin{bmatrix} -D & -k_1\mu_1(S_{1in}) \\ 0 & \mu_1(S_{1in}) - \alpha D \end{bmatrix},$$

$$J_{22} = \begin{bmatrix} -D - k_3\mu_2'(\lambda_2^i)X_2^i & -k_3\alpha D \\ \mu_2'(\lambda_2^i)X_2^i & 0 \end{bmatrix}.$$

Les valeurs propres de J_{11} sont réelles et négatives si et seulement si $\mu_1(S_{1in}) < \alpha D$. Nous avons pour la matrice J_{22} :

$$\det(J_{22}) = \alpha D k_3 \mu_2'(\lambda_2^i) X_2^i,$$

$$\text{tr}(J_{22}) = -D - k_3 \mu_2'(\lambda_2^i) X_2^i.$$

Les valeurs propres de J_{22} sont réelles négatives à l'équilibre E_1^1 et sont de signes opposés à l'équilibre E_1^2 . D'où, si $S_{1in} < \lambda_1$ alors E_1^1 est localement asymptotiquement stable et E_1^2 est instable et si $S_{1in} > \lambda_1$, les deux équilibres sont instables.

A l'équilibre E_2^0 , nous avons :

$$J_{11} = \begin{bmatrix} -D - k_1\mu_1'(\lambda_1)X_1^* & -k_1\alpha D \\ \mu_1'(\lambda_1)X_1^* & 0 \end{bmatrix},$$

$$J_{22} = \begin{bmatrix} -D & -k_3\mu_2(S_{2in}^*) \\ 0 & \mu_2(S_{2in}^*) - \alpha D \end{bmatrix}.$$

Les valeurs propres de J_{22} sont réelles négatives si et seulement si $\mu_2(S_{2in}^*) < \alpha D$. Les valeurs propres de J_{11} sont de parties réelles négatives si :

$$\det(J_{11}) = \alpha D k_1 \mu_1'(\lambda_1) X_1^* > 0,$$

$$\text{tr}(J_{11}) = -D - k_1 \mu_1'(\lambda_1) X_1^* < 0.$$

D'où, si $S_{1in} > \lambda_1$ et ($S_{2in}^* < \lambda_2^1$ ou $S_{2in}^* > \lambda_2^2$) alors E_2^0 est localement asymptotiquement stable. Si $S_{1in} > \lambda_1$ et $\lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2$ alors cet équilibre est instable.

Aux l'équilibres E_2^i , nous avons :

$$J_{11} = \begin{bmatrix} -D - k_1\mu_1'(\lambda_1)X_1^* & -k_1\alpha D \\ \mu_1'(\lambda_1)X_1^* & 0 \end{bmatrix},$$

$$J_{22} = \begin{bmatrix} -D - k_3\mu_2'(\lambda_2^i)X_2^{i*} & -k_3\alpha D \\ \mu_2'(\lambda_2^i)X_2^{i*} & 0 \end{bmatrix}.$$

Les valeurs propres de J_{11} sont de parties réelles négatives si :

$$\det(J_{11}) = \alpha D k_1 \mu_1'(\lambda_1) X_1^* > 0,$$

$$\text{tr}(J_{11}) = -D - k_1 \mu_1'(\lambda_1) X_1^* < 0,$$

et on a :

$$\det(J_{22}) = \alpha D k_3 \mu_2'(\lambda_2^i) X_2^{i*},$$

$$\text{tr}(J_{22}) = -D - k_3 \mu_2'(\lambda_2^i) X_2^{i*}.$$

Les valeurs propres de J_{22} sont de parties réelles négatives à l'équilibre E_2^1 et sont réelles de signes opposés à l'équilibre E_2^2 . Donc, si $S_{1in} > \lambda_1$ alors E_2^1 est LAS et E_2^2 est instable. \square

2.3.4.2 Équilibres non hyperboliques du système

Les équilibres non hyperboliques apparaissent si deux des quatre nombres $\lambda_2^1(D)$, $\lambda_2^2(D)$, S_{2in} et $S_{2in}^*(D)$ sont égaux. Dans ce cas, deux équilibres du système coïncident et au moins une des valeurs propres de la matrice Jacobien du système (2.6)-(2.9) est de partie réelle nulle.

Les différents cas possibles sont illustrés sur les figures 2.5 quand ($S_{1in} < \lambda_1(D)$) et 2.6 quand ($\lambda_1(D) < S_{1in}$). La coïncidence des équilibres est résumée par le théorème 2.3 pour ($S_{1in} < \lambda_1(D)$) et le théorème 2.4 pour ($\lambda_1(D) < S_{1in}$).

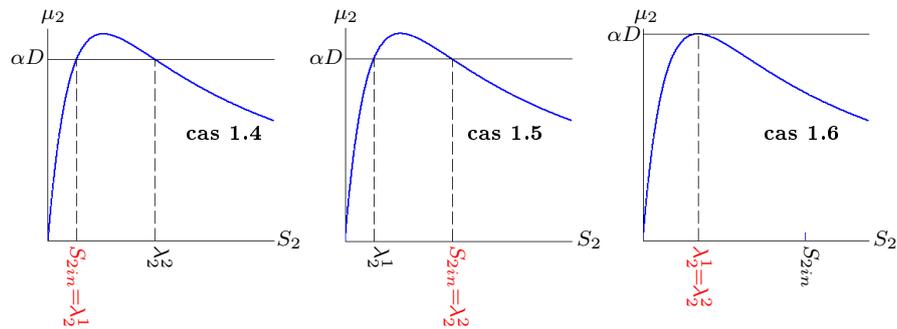


FIGURE 2.5 – Différents cas possibles quand deux des trois nombres $\lambda_2^1(D)$, $\lambda_2^2(D)$ et S_{2in} sont égaux si $\lambda_1 > S_{1in}$.

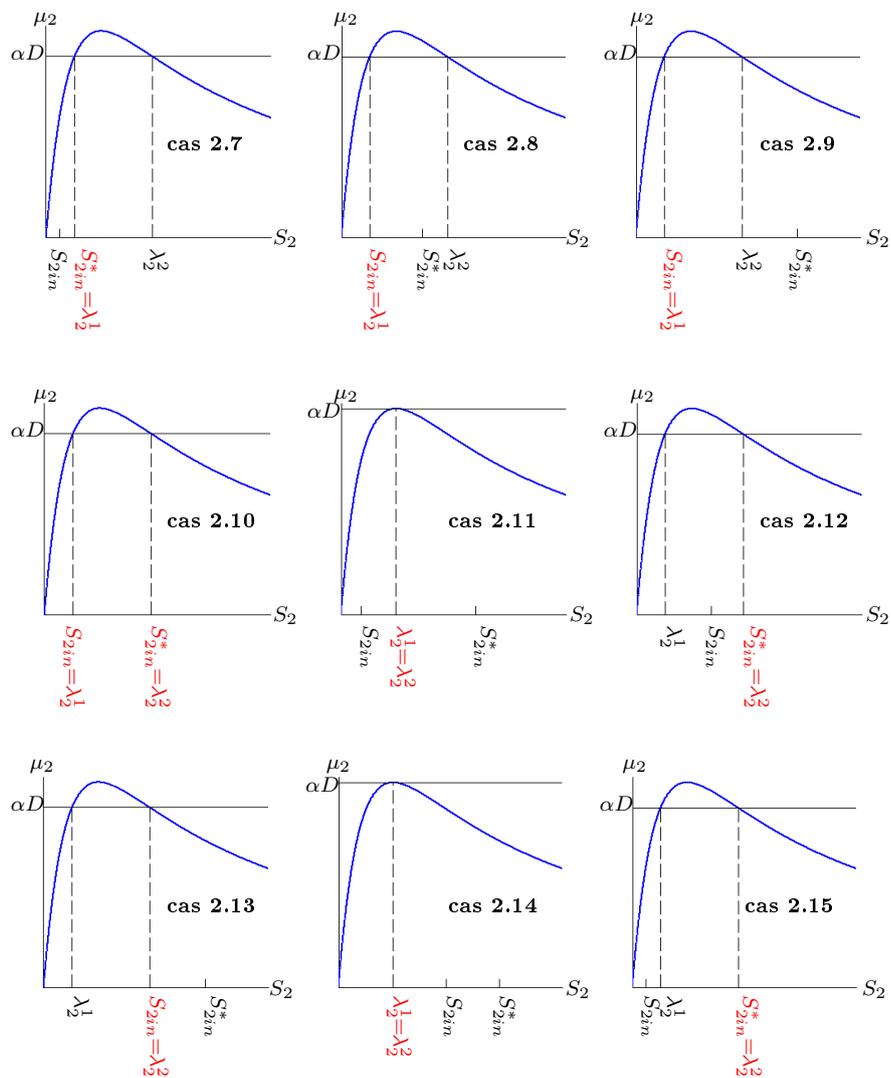


FIGURE 2.6 – Différents cas possibles quand deux des quatre nombres $\lambda_2^1(D)$, $\lambda_2^2(D)$, S_{2in} et $S_{2in}^*(D)$ sont égaux si $\lambda_1 < S_{1in}$.

Théorème 2.3. : Si $S_{1in} < \lambda_1$, alors nous avons 3 sous cas possibles :

CAS 1 : $S_{1in} < \lambda_1$	Équilibres non hyperboliques	Équilibres hyperboliques
cas 1.4 : $S_{2in} = \lambda_2^1$	$E_1^0 = E_1^1$	
cas 1.5 : $\lambda_2^1 < S_{2in} = \lambda_2^2$	$E_1^0 = E_1^2$	E_1^1
cas 1.6 : $\lambda_2^1 = \lambda_2^2 < S_{2in}$	$E_1^1 = E_1^2$	E_1^0

Démonstration. (voir la proposition 2.1)

Cas 1.4 : Supposons que $S_{2in} = \lambda_2^1 < \lambda_2^2$ (voir figure 2.5, cas 1.4), alors $X_2^1(D) = 0$. Le système a un seul équilibre $E_1^0 = E_1^1$.

Cas 1.5 : Supposons que $\lambda_2^1 < S_{2in} = \lambda_2^2$ (voir figure 2.5, cas 1.5), alors $X_2^2(D) = 0$. Le système a deux équilibres E_1^1 et $E_1^0 = E_1^2$.

Cas 1.6 : Supposons que $\lambda_2^1 = \lambda_2^2 < S_{2in}$ (voir figure 2.5, cas 1.6), alors $X_2^1(D) = X_2^2(D)$. Le système a deux équilibres E_1^0 et $E_1^1 = E_1^2$.

□

Théorème 2.4. : Si $\lambda_1 < S_{1in}$, alors nous avons 9 sous cas possibles :

CAS 2 : $S_{1in} > \lambda_1$	Équilibres non hyperboliques	Équilibres hyperboliques
cas 2.7 : $S_{2in} < S_{2in}^* = \lambda_2^1 < \lambda_2^2$	$E_2^0 = E_2^1$	E_1^0
cas 2.8 : $S_{2in} = \lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2$	$E_1^0 = E_1^1$	E_2^0, E_2^1
cas 2.9 : $S_{2in} = \lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}^*$	$E_1^0 = E_1^1$	E_2^1, E_2^2, E_2^0
cas 2.10 : $S_{2in} = \lambda_2^1 < S_{2in}^* = \lambda_2^2$	$E_1^0 = E_1^1$ $E_2^0 = E_2^2$	E_2^1
cas 2.11 : $S_{2in} < \lambda_2^1 = \lambda_2^2 < S_{2in}^*$	$E_2^1 = E_2^2$	E_1^0, E_2^0
cas 2.12 : $\lambda_2^1 < S_{2in} < S_{2in}^* = \lambda_2^2$	$E_2^0 = E_2^2$	E_1^0, E_1^1, E_2^1
cas 2.13 : $\lambda_2^1 < S_{2in} = \lambda_2^2 < S_{2in}^*$	$E_1^0 = E_1^2$	$E_1^1, E_2^1, E_2^0, E_2^2$
cas 2.14 : $\lambda_2^1 = \lambda_2^2 < S_{2in} < S_{2in}^*$	$E_1^1 = E_1^2$ $E_2^1 = E_2^2$	E_1^0, E_2^0
cas 2.15 : $S_{2in} < \lambda_2^1 < S_{2in}^* = \lambda_2^2$	$E_2^0 = E_2^2$	E_1^0, E_2^1

Démonstration. (voir la proposition 2.1)

Cas 2.7 : Supposons que $S_{2in} < S_{2in}^* = \lambda_2^1 < \lambda_2^2$ (voir figure 2.6, cas 2.7), alors $X_2^*(D) = 0$. Le système a deux équilibres E_1^0 et $E_2^0 = E_2^1$.

Cas 2.8 : Supposons que $S_{2in} = \lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2$ (voir figure 2.6, cas 2.8), alors $X_2^1(D) = 0$. Le système a trois équilibres E_2^0, E_2^1 et $E_1^0 = E_1^1$.

Cas 2.9 : Supposons que $S_{2in} = \lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}^*$ (voir figure 2.6, cas 2.9), alors $X_2^1(D) = 0$. Le système a quatre équilibres E_2^1, E_2^2, E_2^0 et $E_1^0 = E_1^1$.

Cas 2.10 : Supposons que $S_{2in} = \lambda_2^1 < S_{2in}^* = \lambda_2^2$ (voir figure 2.6, cas 2.10), alors $X_2^1(D) = 0$ et $X_2^*(D) = 0$. Le système a trois équilibres $E_2^1, E_2^0 = E_2^2$ et $E_1^0 = E_1^1$.

Cas 2.11 : Supposons que $S_{2in} < \lambda_2^1 = \lambda_2^2 < S_{2in}^*$ (voir figure 2.6, cas 2.11), alors $X_2^*(D) = X_2^*(D)$. Le système a trois équilibres E_1^0, E_2^0 et $E_2^1 = E_2^2$.

Cas 2.12 : Supposons que $\lambda_2^1 < S_{2in} < S_{2in}^* = \lambda_2^2$ (voir figure 2.6, cas 2.12), alors $X_2^{2*}(D) = 0$, $X_2^{1*}(D) > 0$ et $X_2^1(D) > 0$. Le système a donc quatre équilibres E_1^0, E_1^1, E_2^1 et $E_2^0 = E_2^2$.

Cas 2.13 : Supposons que $\lambda_2^1 < S_{2in} = \lambda_2^2 < S_{2in}^*$ (voir figure 2.6, cas 2.13), alors $X_2^2(D) = 0$. Le système a cinq équilibres $E_1^1, E_2^1, E_2^0, E_2^2$ et $E_1^0 = E_1^2$.

Cas 2.14 : Supposons que $\lambda_2^1 = \lambda_2^2 < S_{2in} < S_{2in}^*$ (voir figure 2.6, cas 2.14), alors $X_2^1(D) = X_2^2(D)$ et $X_2^{1*}(D) = X_2^{2*}(D)$. Le système a six équilibres $E_1^0, E_2^0, E_1^1 = E_1^2$ et $E_2^1 = E_2^2$.

Cas 2.15 : Supposons que $S_{2in} < \lambda_2^1 < S_{2in}^* = \lambda_2^2$ (voir figure 2.6, cas 2.15), alors $X_2^{2*}(D) = 0$. Le système a trois équilibres E_1^0, E_2^1 et $E_2^0 = E_2^2$.

□

2.4 Comportement global du système

Le système (2.6)-(2.9) a une structure en cascade, ce qui en simplifie l'étude. Nous allons utiliser cette structure schématisée par la figure 2.7 pour discuter son comportement global.

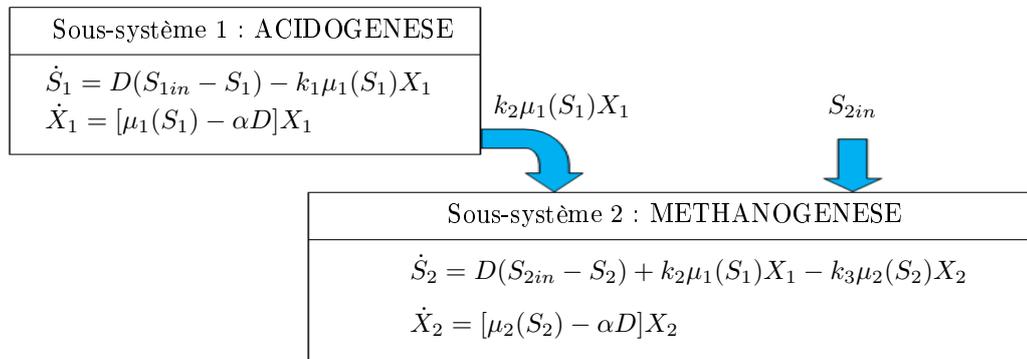


FIGURE 2.7 – La structure cascade du système (2.6)-(2.9)

Remarquons que le sous-système 1 composé des équations (2.6)-(2.7) \equiv (2.13), peut être intégré séparément. Les dynamiques des variables X_1 et S_1 sont indépendantes des variables X_2 et S_2 .

$$\begin{cases} \dot{S}_1 &= D(S_{1in} - S_1) - k_1\mu_1(S_1)X_1 \\ \dot{X}_1 &= [\mu_1(S_1) - \alpha D]X_1 \end{cases} \quad (2.13)$$

Ce système correspond à un modèle de chémostat classique avec une cinétique $\mu_1(S_1)$ vérifiant les propriétés de l'hypothèse 2.1 et un soutirage αD de la biomasse X_1 . Nous résumons ses régimes permanents de la façon suivante [Smi95], en se référant à la figure 2.1 à gauche.

- Si $m_1 \leq \alpha D$, l'équation $\alpha D = \mu_1(S_1)$ n'a pas de solution. La biomasse X_1 est soutirée plus vite que sa croissance maximale. Le substrat S_1 n'est pas dégradé et sa concentration asymptotique est égale à S_{1in} . Le système a un seul équilibre de lessivage $E_0 = (S_1^* = S_{1in}, X_1^* = 0)$, qui est globalement asymptotiquement stable.
- Si $m_1 > \alpha D$ et $\lambda_1(D) > S_{1in}$, l'équation $\alpha D = \mu_1(S_1)$ a une solution $\lambda_1(D)$ mais qui est inacceptable, car à l'équilibre il n'y a pas suffisamment de substrat pour que la biomasse sur-

vive. De même, le système fonctionne autour de l'équilibre de lessivage E_0 , qui est globalement asymptotiquement stable.

- Si $m_1 > \alpha D$ et $\lambda_1(D) < S_{1in}$, l'équation $\alpha D = \mu_1(S_1)$ a une solution $\lambda_1(D)$ acceptable. Le système admet dans ce cas deux équilibres : l'équilibre de lessivage instable E_0 et l'équilibre non trivial $E_1(D) = (\lambda_1(D), X_1^*(D))$ qui est globalement asymptotiquement stable.

Sur la figure 2.8, nous représentons dans le plan de phase (S_1, X_1) les trajectoires et les équilibres du système (2.13) et aussi, ses solutions temporelles. Les figures à gauche correspondent au seul équilibre de lessivage et les figures à droite, correspondent au cas de deux équilibres.

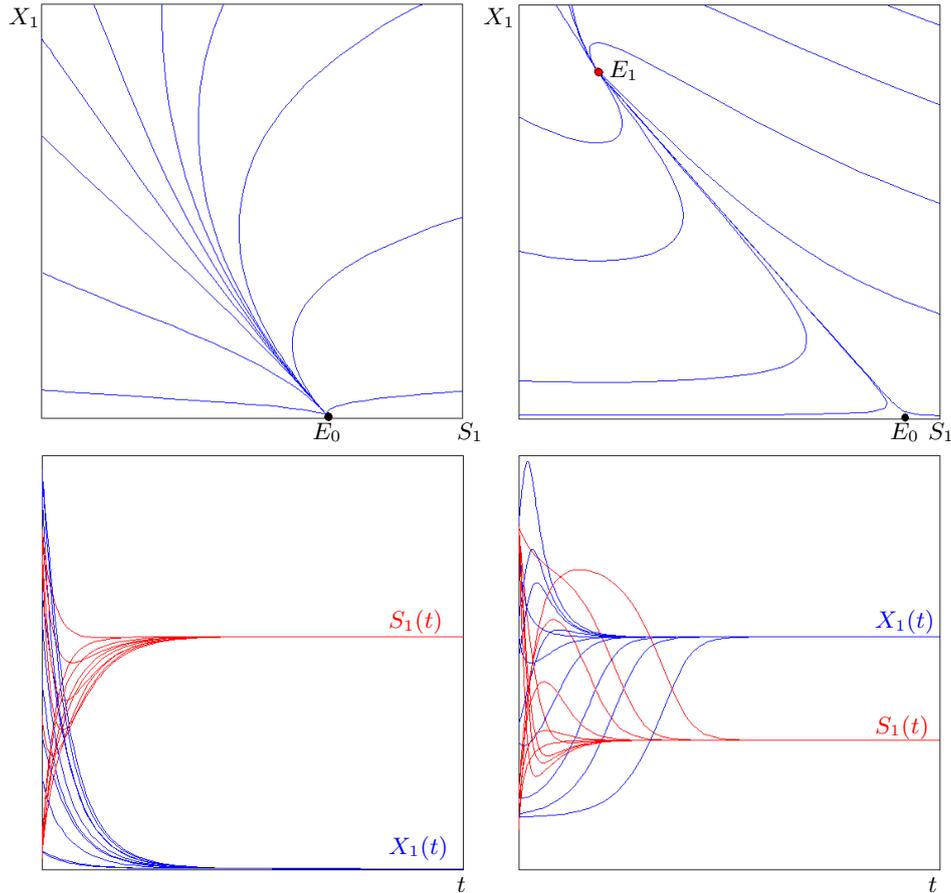


FIGURE 2.8 – Les équilibres du système (2.13). A gauche, l'équilibre de lessivage E_0 (stable). A droite, l'équilibre intérieur E_1 (stable) et E_0 (instable)

Nous nous intéressons par la suite au cas $\lambda_1(D) < S_{1in}$ (équilibre intérieur stable) et nous étudions le comportement du sous-système 2, composé des équations (2.8)-(2.9).

L'entrée de ce système est la somme de la concentration d'alimentation en AGV S_{2in} et la quantité provenant du système (2.13) comme le montre la figure 2.7. Ainsi, les équations (2.8)-(2.9) peuvent se réécrire sous la forme suivante :

$$\begin{cases} \dot{S}_2 &= D(f(t) - S_2) - k_3\mu_2(S_2)X_2 \\ \dot{X}_2 &= [\mu_2(S_2) - \alpha D]X_2 \end{cases} \quad (2.14)$$

avec :

$$f(t) = S_{2in} + \frac{k_2}{D} \mu_1(S_1(t)) X_1(t). \quad (2.15)$$

Nous supposons maintenant que le système (2.13) atteint son régime permanent $E_1(D) = (\lambda_1(D), X_1^*(D))$ et que la limite de $f(t)$ quand $t \rightarrow \infty$ existe et est égale à $S_{2in}^*(D)$ donné par (2.10). Par conséquent, le système (2.14) tend vers :

$$\begin{cases} \dot{S}_2 &= D(S_{2in}^* - S_2) - k_3 \mu_2(S_2) X_2 \\ \dot{X}_2 &= [\mu_2(S_2) - \alpha D] X_2 \end{cases} \quad (2.16)$$

Ce dernier système correspond à un modèle de chémostat classique avec une cinétique $\mu_2(S_2)$ vérifiant les propriétés de l'hypothèse 2.2 et un soutirage αD de X_2 . Du fait que $\mu_2(S_2)$ est non-monotone, plusieurs cas doivent être considérés par rapport à la solution de l'équation $\alpha D = \mu_2(S_2)$ [Smi95] :

- Si $\alpha D > \mu_2^M$, il n'y a pas de solution de $\alpha D = \mu_2(S_2)$ et X_2 est soutirée plus vite qu'elle ne croît. Le système possède un seul équilibre de lessivage $E_0 = (S_2 = S_{2in}^*, X_2 = 0)$ qui est globalement asymptotiquement stable.
- Si $\mu_2^M > \alpha D > \mu_2(S_{2in}^*)$, il y a deux solutions $\lambda_2^1(D) < \lambda_2^2(D) < S_{2in}^*$ de l'équation $\alpha D = \mu_2(S_2)$. Le système a trois équilibres possibles : l'équilibre de lessivage stable E_0 , l'équilibre intérieur stable $E_1(D) = (\lambda_2^1, X_2^{1*})$ et l'équilibre intérieur instable $E_2(D) = (\lambda_2^2, X_2^{2*})$.
- Si $\alpha D \leq \mu_2(S_{2in}^*)$, il y a une solution acceptable $\lambda_2^1(D) < S_{2in}^*(D)$, l'autre solution $\lambda_2^2(D) > S_{2in}^*(D)$ est exclue. Le système admet deux équilibres : l'équilibre de lessivage instable $E_0 = (S_2 = S_{2in}^*, X_2 = 0)$ et l'équilibre intérieur stable $E_1(D) = (\lambda_2^1, X_2^{1*})$.
- Si $\forall \alpha D \in [\mu_2(S_{2in}^*), \mu_2^M]$ tel que $S_{2in}^*(D) \leq \lambda_2^1(D) \leq \lambda_2^2(D)$, les deux solutions $\lambda_2^1(D)$ et $\lambda_2^2(D)$ sont exclues et le système possède un seul équilibre de lessivage stable $E_0 = (S_2 = S_{2in}^*, X_2 = 0)$. Il n'y a pas suffisamment de substrat pour que la biomasse croisse.

Nous montrons sur la figure 2.9 les trajectoires et les équilibres dans le plan de phase (S_2, X_2) et les solutions temporelles du sous système 2.

Dans le cas d'un seul équilibre (E_0) ou de deux équilibres ($E_0, E_1(D)$), le système (2.16) fonctionne en mono-stabilité (figure 2.9, gauche et droite). Dans le cas de trois équilibres ($E_0, E_1(D), E_2(D)$), le système présente une bistabilité où les bassins d'attraction des deux équilibres stables E_0 et $E_1(D)$, sont séparés par les deux séparatrices stables de $E_2(D)$ (figure 2.9, centre).

Le fonctionnement global du système (2.6)-(2.9) est résumé par le théorème suivant.

Théorème 2.5. : *Supposons que $S_{1in} > \lambda_1(D)$ et $\lambda_2^1(D) < \lambda_2^2(D) < S_{2in}^*(D)$. Toutes les solutions du système (2.6)-(2.9) convergent vers $E_2^0(D)$, $E_2^1(D)$ ou $E_2^2(D)$ et l'ensemble des conditions initiales des solutions qui convergent vers le point selle $E_2^2(D)$ est de mesure nulle. Plus précisément la variété stable de $E_2^2(D)$ est une sous-variété de dimension 3 qui sépare le cône positif de (2.6)-(2.9) dans les deux bassins d'attraction des points d'équilibre stables $E_2^0(D)$ et $E_2^1(D)$.*

Démonstration. Supposons que le système (2.13) atteint son régime permanent et $S_{1in} > \lambda_1(D)$ et $\lambda_2^1(D) < \lambda_2^2(D) < S_{2in}^*(D)$. Le système (2.14) est un système autonome asymptotiquement convergeant vers le système (2.16). Puisque ce dernier système a un nombre fini des points d'équilibres hyperboliques et n'as pas de polycycles, alors toutes les solutions de (2.14) convergent vers

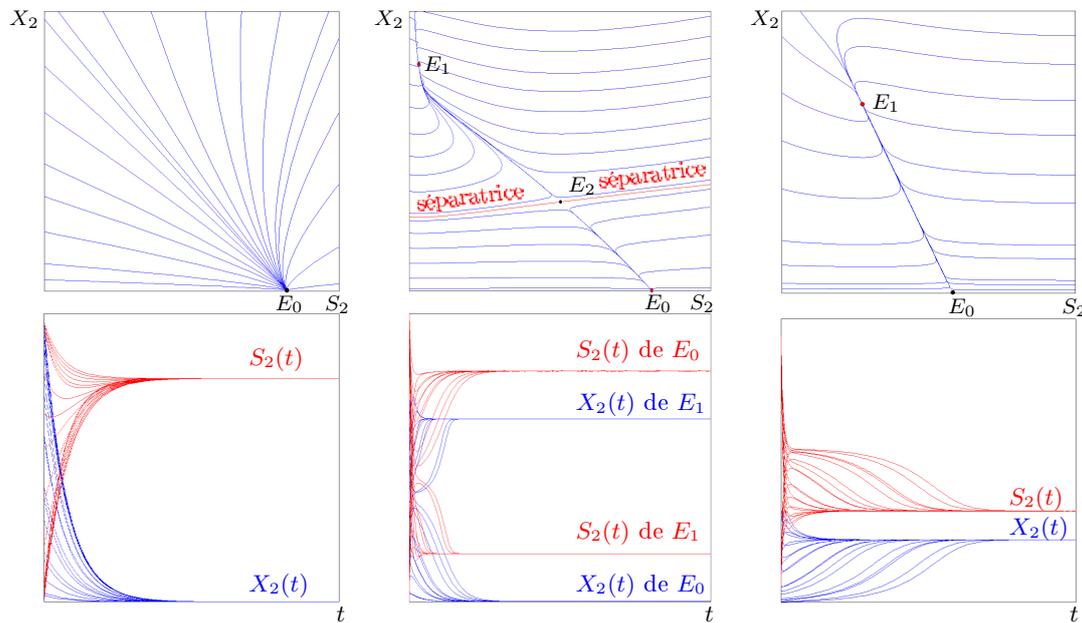


FIGURE 2.9 – Les équilibres du système (2.16). A gauche, l'équilibre de lessivage E_0 (stable). Au centre, les équilibres intérieurs E_1 (stable), E_2 (instable) et l'équilibre E_0 (stable). A droite, l'équilibre intérieur E_1 (stable) et E_0 (instable)

les équilibres de (2.16) et l'ensemble des conditions initiales des solutions convergeant vers le point-selle $E_2^2(D)$ est de mesure 0. \square

2.5 Étude du nombre et de la nature des équilibres en fonction de la variable de commande

Dans cette section, nous caractérisons les différents équilibres du système (2.6)-(2.9) en fonction de la variables de commande D (taux de dilution). Définissons d'abord sur la figure 2.10 les valeurs particulières de D donnant les différentes bifurcations des équilibres :

$$D_1 = \frac{\mu_1(S_{1in})}{\alpha}, \quad D_2 = \frac{\mu_2^M}{\alpha}, \quad D_3 = \frac{\mu_2(S_{2in})}{\alpha}.$$

D_4 est la solution de l'équation $\lambda_{22}(D) = S_{2in}^*(D)$.

Supposons que $D_1 > D_2 > D_3 > D_4$ et représentons sur la figure 2.11 les composantes des équilibres (voir section 2.3.3) en fonction de D . Bien entendu, d'autres cas peuvent avoir lieu où les D_i ne sont pas classés dans cet ordre.

Les bifurcations des équilibres se produisent chaque fois que la valeur de D est égale à une des valeurs D_1, D_2, D_3, D_4 (voir figure 2.11) :

1. Si $D > D_1$, alors le système a un seul équilibre hyperbolique E_1^0 , (voir le cas 1.1 du théorème 2.1).

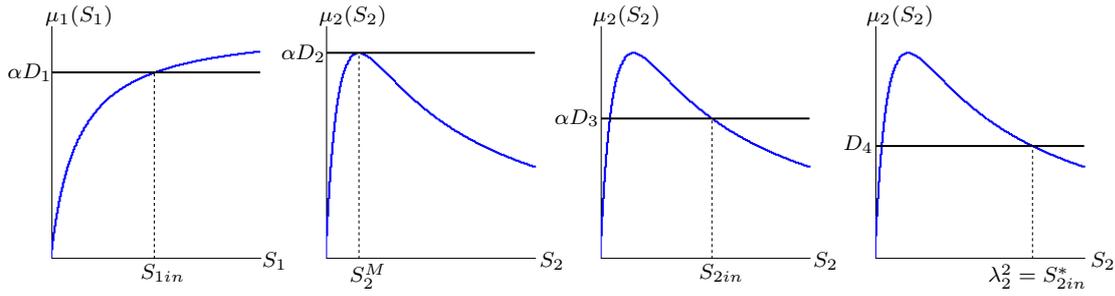


FIGURE 2.10 – Les valeurs de D donnant les bifurcations des équilibres.

2. Si $D = D_1$, alors le système a un seul équilibre non hyperbolique $E_1^0 = E_2^0(D_1)$. Ce cas correspond à $S_{1in} = \lambda_1$, qui n'est pas considéré dans les théorèmes 2.3 et 2.4.
3. Si $D_1 > D > D_2$, alors le système a deux équilibres hyperboliques E_1^0 et $E_2^0(D)$, (voir le cas 2.1 du théorème 2.2).
4. Si $D = D_2$ alors le système a deux équilibres hyperboliques $E_1^0, E_2^0(D_2)$, et deux équilibres non hyperboliques $E_1^1(D_2) = E_1^2(D_2)$ et $E_2^1(D_2) = E_2^2(D_2)$ (voir le cas 2.14 du théorème 2.4).
5. Si $D_2 > D > D_3$, alors le système a six équilibres hyperboliques $E_1^0, E_2^0(D), E_1^1(D), E_1^2(D), E_2^1(D)$ et $E_2^2(D)$ (voir le cas 2.6 du théorème 2.2).
6. Si $D = D_3$, alors le système a quatre équilibres hyperboliques $E_2^0(D_3), E_1^1(D_3), E_2^1(D_3)$ et $E_2^2(D_3)$ et un équilibre non hyperbolique $E_1^0 = E_1^1(D_3)$ (voir le cas 2.13 du théorème 2.4).
7. Si $D_3 > D > D_4$, alors le système a cinq équilibres hyperboliques $E_1^0, E_2^0(D), E_1^1(D), E_2^1(D)$ et $E_2^2(D)$ (voir le cas 2.5 du théorème 2.2).
8. Si $D = D_4$, alors le système a trois équilibres hyperboliques $E_1^0, E_1^1(D_4), E_2^1(D_3)$ et un équilibre non hyperbolique $E_2^0(D_4) = E_2^2(D_4)$ (voir le cas 2.12 du théorème 2.4).
9. Si $D_4 > D > 0$, alors le système a quatre équilibres hyperboliques $E_1^0, E_2^0(D), E_1^1(D)$ et $E_2^1(D)$ (voir le cas 2.4 du théorème 2.2).

Le système peut toujours fonctionner autour des équilibres de lessivage E_1^0, E_1^i et E_2^0 sous certaines conditions opérationnelles (déficit de substrats), ou si la valeur de D est mal choisie. Ceci n'est pas souhaité d'un point de vue pratique, d'où la nécessité d'utiliser un contrôle adéquat pour éviter ces phénomènes de lessivage et stabiliser le système autour de l'équilibre intérieur opérationnel $E_2^1(D)$.

Remarque 2.3. :

Les valeurs des D_i donnant les bifurcations des équilibres, peuvent ne pas être classés dans l'ordre montré par la figure 2.11, car d'autres valeurs des paramètres biologiques sont utilisées ou le système fonctionne sous d'autres conditions opératoires. Dans ce cas, nous pouvons avoir d'autres bifurcations des équilibres.

Par exemple, supposons que les D_i sont classés dans l'ordre donné par la figure 2.12, alors on a pour $D = D_1$ la bifurcation suivante :

$$E_2^1(D_1) = E_1^1(D_1), \quad E_2^2(D_1) = E_1^2(D_1).$$

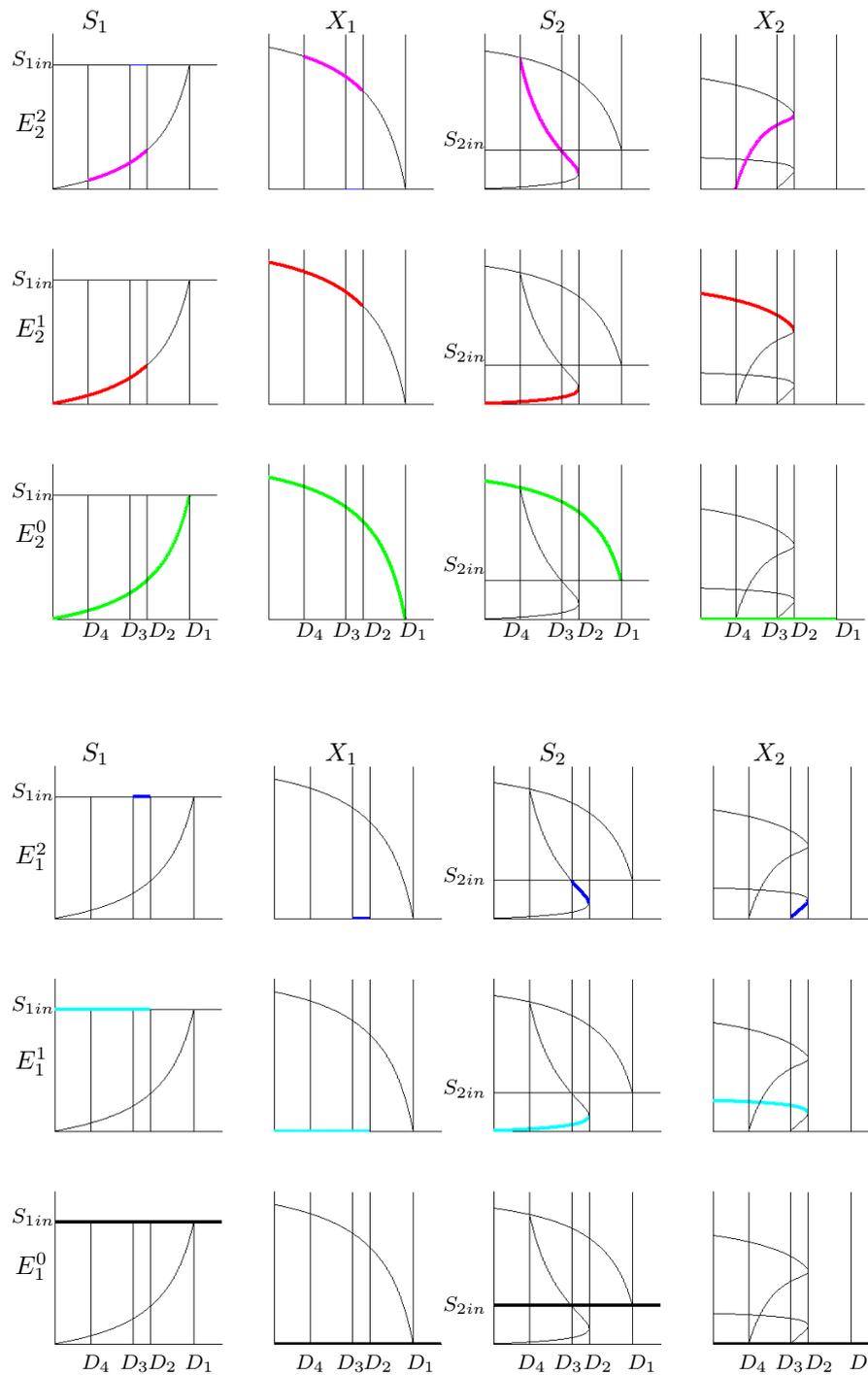


FIGURE 2.11 – Les composantes des équilibres en fonction de D : E_1^0 (en noir), $E_1^1(D)$ (en cyan), $E_1^2(D)$ (en bleu), E_2^0 (en vert), $E_2^1(D)$ (en rouge) et $E_2^2(D)$ (en magenta).

Nous montrons par la suite comment l'analyse mathématique précédente du modèle, peut être utilisée pour réviser et modifier un important outil de supervision du procédé proposé par [Hes08].

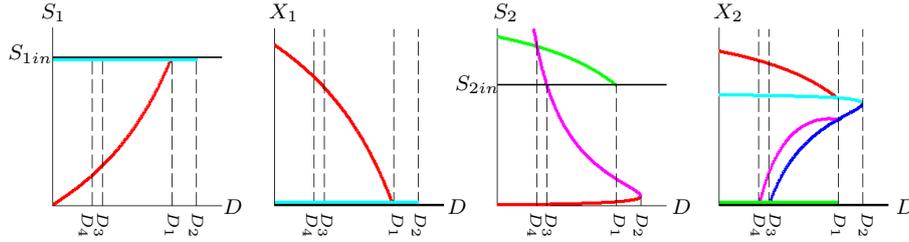


FIGURE 2.12 – Les équilibres E_1^0 (noir), $E_1^1(D)$ et $E_1^2(D)$ (cyan et bleu respectivement), $E_2^0(D)$ (vert) et $E_2^1(D)$ et $E_2^2(D)$ (rouge et magenta respectivement) en fonction de D . Ici $D_2 > D_1 > D_3 > D_4$.

2.6 Sur un critère de stabilité proposé : révision et modification

2.6.1 Un système initial et un système réduit

Hess et Bernard [Hes08] considèrent un système de digestion anaérobie décrit par les équations (2.6)-(2.9), qu'ils voient comme une cascade des deux systèmes (2.13) et (2.14).

Ils supposent que la dynamique (2.13) de la phase acidogénèse atteint son équilibre opérationnel stable ($S_1^*(t) = \lambda_1, X_1^*$) et démontrent l'inégalité suivante :

$$k_1\mu_1(S_1^*(t))X_1^*(t) = D(S_{1in} - \lambda_1) < DS_{1in}.$$

Hess et Bernard majorent donc la quantité $\frac{k_2}{k_1}(S_{1in} - \lambda_1)$ des AGV produits par le système (2.13) en régime permanent et disponible pour le système (2.14) par $\frac{k_2}{k_1}S_{1in}$. Par conséquent, ils réduisent le système (2.14) sous la forme :

$$\begin{cases} \dot{S}_2 &= D(\tilde{S}_{2in} - S_2) - k_3\mu_2(S_2)X_2, \\ \dot{X}_2 &= [\mu_2(S_2) - \alpha D]X_2. \end{cases} \quad (2.17)$$

avec :

$$\tilde{S}_{2in} = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1}S_{1in}. \quad (2.18)$$

Ils notent que pour toutes les solutions (S_1, X_1) du système (2.13), nous avons la majoration suivante pour la fonction (2.15) :

$$f(t) \leq \tilde{S}_{2in},$$

et qu'au "pire des cas", \tilde{S}_{2in} est la limite supérieure de la concentration totale du substrat S_2 disponible pour le système (2.14).

Mais il faut bien noter que cette quantité est surestimée, car en réalité $f(t)$ doit converger en régime permanent vers la quantité (2.10) :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} f(t) = S_{2in}^* = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1}(S_{1in} - \lambda_1).$$

Les auteurs notent que le système (2.17) peut avoir trois équilibres au maximum :

- L'équilibre trivial $\xi_2^0 = (\tilde{S}_{2in}, 0)$, localement stable et correspondant au lessivage de X_2 ,
- L'équilibre intérieur stable $\xi_2^1 = (\lambda_2^1, \tilde{X}_2^1)$, avec $\tilde{X}_2^1 = \frac{1}{\alpha k_3}(\tilde{S}_{2in} - \lambda_2^1)$,

– L'équilibre intérieur instable $\xi_2^2 = (\lambda_2^2, \tilde{X}_2^2)$, avec $\tilde{X}_2^2 = \frac{1}{\alpha k_3} (\tilde{S}_{2in} - \lambda_2^2)$.

L'existence et la stabilité de ces équilibres dépendent des positions relatives des nombres λ_2^1 , λ_2^2 et \tilde{S}_{2in} (voir le tableau 1 et la figure 1 de [Hes08]).

Notons que l'ensemble des équilibres du système (2.13) et de ceux du système réduit (2.17) ne constituent pas les vrais équilibres du système original (2.6)-(2.9) tels qu'ils ont été présentés et étudiés dans les sections 2.3.3 et 2.3.4. En d'autres termes, l'étude proposée par Hess et Bernard ne correspond pas à l'étude du système original (2.6)-(2.9).

Pour plus de détails sur leurs démarches et leurs démonstrations, nous renvoyons le lecteur aux [Hes07] et [Hes08].

2.6.2 Critères de stabilité proposés

Dans le cas où le système fonctionne en bistabilité asymptotique, il peut converger soit vers l'équilibre de lessivage ξ_2^0 , soit vers l'équilibre opérationnel ξ_2^1 . Il est important donc d'évaluer la taille du bassin d'attraction de ce dernier.

Pour se faire, Hess et Bernard [Hes08] définissent pour $\alpha D \in [\mu_2(\tilde{S}_{2in}), \mu_2^M]$ (figure 2.13 à gauche) la *marge de stabilité* (M_{HB}), comme la distance dans le plan de phase (S_2, X_2) entre les équilibres intérieurs ξ_2^1 stable et ξ_2^2 instable (figure 2.13 à droite) :

$$M_{HB}(D) = \| \xi_2^1 - \xi_2^2 \| . \quad (2.19)$$

Ils définissent également la *marge critique de stabilité* (M_{cHB}), comme la valeur maximale de la marge de stabilité obtenue pour $\alpha D = \mu_2(\tilde{S}_{2in})$. C'est la distance entre les équilibres ξ_2^1 et ξ_2^0 .

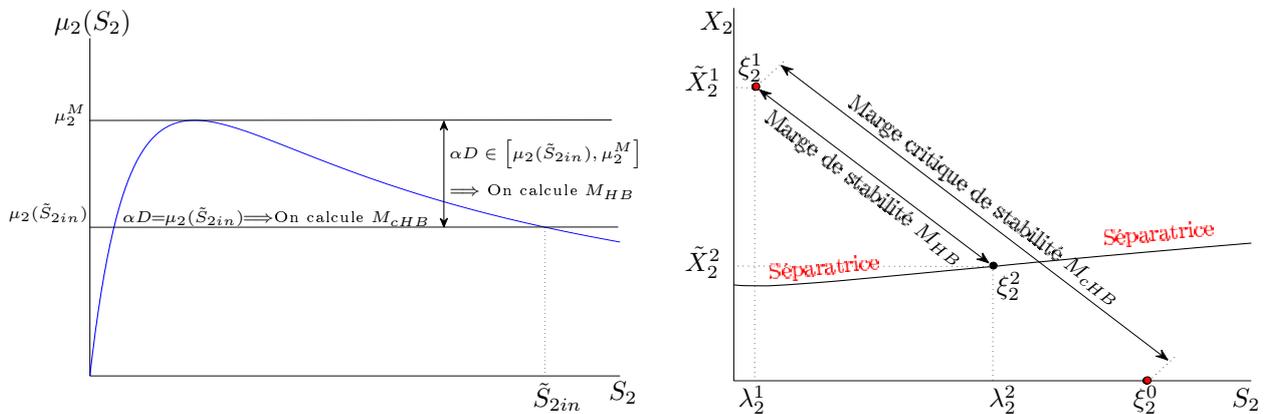


FIGURE 2.13 – Marge de stabilité et marge critique de stabilité proposées par [Hes08]

A partir de ces deux grandeurs, Hess et Bernard considèrent un critère de stabilité appelé *marge relative de stabilité* (mrs) qui leur permet de définir un *indice de risque* (r), qui servira à indiquer en ligne à l'opérateur d'un procédé, le risque associé à son mode de gestion [Hes07].

Ces marges et critères de stabilité proposés par [Hes08] sont calculés explicitement dans le cas d'une cinétique Haldane modélisée par (2.3) et sont donnés par :

$$M_{HB}(D) = 2 \sqrt{1 + \frac{1}{\alpha^2 k_3^2} \sqrt{\left(\frac{K_i}{2} \left(\frac{m_2}{\alpha D} - 1 \right) \right)^2 - K_i K_2}}. \quad (2.20)$$

$$M_{cHB} \left(\frac{\mu_2(\tilde{S}_{2in})}{\alpha} \right) = \sqrt{1 + \frac{1}{\alpha^2 k_3^2}} \left(\tilde{S}_{2in} - \frac{K_i K_2}{\tilde{S}_{2in}} \right). \quad (2.21)$$

$$mrs = \begin{cases} 0 & \text{pour } \alpha D > \mu_2^M, \\ \frac{M_{HB}}{M_{cHB}} & \text{pour } \alpha D \in [\mu_2(\tilde{S}_{2in}), \mu_2^M], \\ 1 & \text{pour } \alpha D < \mu_2(\tilde{S}_{2in}). \end{cases} \quad (2.22)$$

$$r = 1 - mrs = \begin{cases} 1 & \text{pour } \alpha D > \mu_2^M, \\ 1 - \frac{M_{HB}}{M_{cHB}} & \text{pour } \alpha D \in [\mu_2(\tilde{S}_{2in}), \mu_2^M], \\ 0 & \text{pour } \alpha D < \mu_2(\tilde{S}_{2in}). \end{cases} \quad (2.23)$$

2.6.3 Révision des critères proposés

Dans cette section, nous montrons que les critères proposés ne sont pas valables pour toutes les conditions de fonctionnement.

Notons tout d'abord que nous pouvons évaluer la marge de stabilité (2.19) dans le cas général des cinétiques $\mu_2(S_2)$, caractérisées par l'hypothèse (2.2) et montrer qu'elle ne dépend que des solutions λ_2^1 et λ_2^2 de l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ et des paramètres α et k_3 . Pour ceci, nous donnons la proposition suivante :

Proposition 2.2. : $M_{HB}(D)$ est donné par :

$$M_{HB} = \|\xi_2^1(D) - \xi_2^2(D)\| = \sqrt{1 + \frac{1}{k_3^2 \alpha^2}} (\lambda_2^2 - \lambda_2^1). \quad (2.24)$$

Démonstration. Les équilibres $\xi_2^1(D)$ et $\xi_2^2(D)$ sont donnés par :

$$\xi_2^1(D) = (\lambda_2^1(D), \tilde{X}_2^1(D)), \quad \xi_2^2(D) = (\lambda_2^2(D), \tilde{X}_2^2(D)).$$

La distance $M_{HB}(D) = \xi_2^2(D) - \xi_2^1(D)$ est donnée par :

$$\begin{aligned} M_{HB}(D) &= \sqrt{(\lambda_2^2(D) - \lambda_2^1(D))^2 + (\tilde{X}_2^2(D) - \tilde{X}_2^1(D))^2} \\ &= \sqrt{(\lambda_2^2(D) - \lambda_2^1(D))^2 + \frac{1}{k_3^2 \alpha^2} (\tilde{S}_{2in} - \lambda_2^2(D) - \tilde{S}_{2in} + \lambda_2^1(D))^2}. \end{aligned}$$

D'où : $M_{HB}(D) = \sqrt{1 + \frac{1}{k_3^2 \alpha^2}} (\lambda_2^2(D) - \lambda_2^1(D))$. □

En fait, la marge de stabilité doit être calculée pour le système original (2.6)-(2.9), comme la distance entre les équilibres E_2^1 et E_2^2 quand $\alpha D \in [\mu_2(S_{2in}^*), \mu_2^M]$. Plus précisément, nous établissons la proposition suivante :

Proposition 2.3. : $M(D)$ est donné par :

$$M = \|E_2^1(D) - E_2^2(D)\| = \sqrt{1 + \frac{1}{k_3^2 \alpha^2}} (\lambda_2^2 - \lambda_2^1). \quad (2.25)$$

Démonstration. Les équilibres $E_2^1(D)$ et $E_2^2(D)$ sont donnés par :

$$E_2^1(D) = (\lambda_1(D), X_1^*(D), \lambda_2^1(D), X_2^{1*}(D)), \quad E_2^2(D) = (\lambda_1(D), X_1^*(D), \lambda_2^2(D), X_2^{2*}(D)).$$

La distance $M(D) = E_2^2(D) - E_2^1(D)$ est donnée par :

$$\begin{aligned} M(D) &= \sqrt{(\lambda_1(D) - \lambda_1(D))^2 + (X_1^*(D) - X_1^*(D))^2 + (\lambda_2^2(D) - \lambda_2^1(D))^2 + (X_2^{2*}(D) - X_2^{1*}(D))^2} \\ &= \sqrt{(\lambda_2^2(D) - \lambda_2^1(D))^2 + \frac{1}{k_3^2 \alpha^2} (S_{2in}^* - \lambda_2^2(D) - S_{2in}^* + \lambda_2^1(D))^2}. \end{aligned}$$

D'où : $M(D) = \sqrt{1 + \frac{1}{k_3^2 \alpha^2} (\lambda_2^2(D) - \lambda_2^1(D))}$. □

Si $\alpha D = \mu_2(S_{2in}^*)$, alors nous avons :

$$\lambda_2^1 = \lambda_2^*, \quad \lambda_2^2 = S_{2in}^*.$$

L'équilibre E_2^2 coïncide avec E_2^0 et la marge critique de stabilité est égale à :

$$M_c(D) = \sqrt{1 + \frac{1}{k_3^2 \alpha^2} (S_{2in}^* - \lambda_2^*)}. \quad (2.26)$$

Le calcul de la marge relative de stabilité (MRS) et de l'indice de risque (R) révisés doit être basé sur ces nouveaux critères :

$$MRS = \begin{cases} 0 & \text{pour } \alpha D > \mu_2^M \text{ ou } S_{2in}^* < \lambda_2^1, \\ \frac{M}{M_c} & \text{pour } \lambda_2^2 < S_{2in}^*, \\ 1 & \text{pour } \lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2. \end{cases} \quad (2.27)$$

$$R = 1 - MRS = \begin{cases} 1 & \text{pour } \alpha D > \mu_2^M \text{ ou } S_{2in}^* < \lambda_2^1, \\ 1 - \frac{M}{M_c} & \text{pour } \lambda_2^2 < S_{2in}^*, \\ 0 & \text{pour } \lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2. \end{cases} \quad (2.28)$$

avec

$$\frac{M(D)}{M_c(D)} = \frac{\lambda_2^2(D) - \lambda_2^1(D)}{S_{2in}^*(D) - \lambda_2^*(D)}.$$

Notons que dans le cas $S_{2in}^* < \lambda_2^1 < \lambda_2^2$, nous avons une marge relative de stabilité nulle (voir 2.27) et un indice de risque égal à 1 (voir 2.28), ce qui n'a pas été pris en compte par les critères (2.22) et (2.23) proposés par [Hes08]. Nous représentons sur la figure 2.14 les marges de stabilité proposées et modifiées si $\lambda_2^2 < S_{2in}^*$.

2.6.4 Comparaison du critère proposé et du critère révisé

Nous présentons dans cette section une comparaison des comportements du système initial (2.16) et du système réduit (2.17) selon le nombre des équilibres de chaque système dans différentes conditions de fonctionnement.

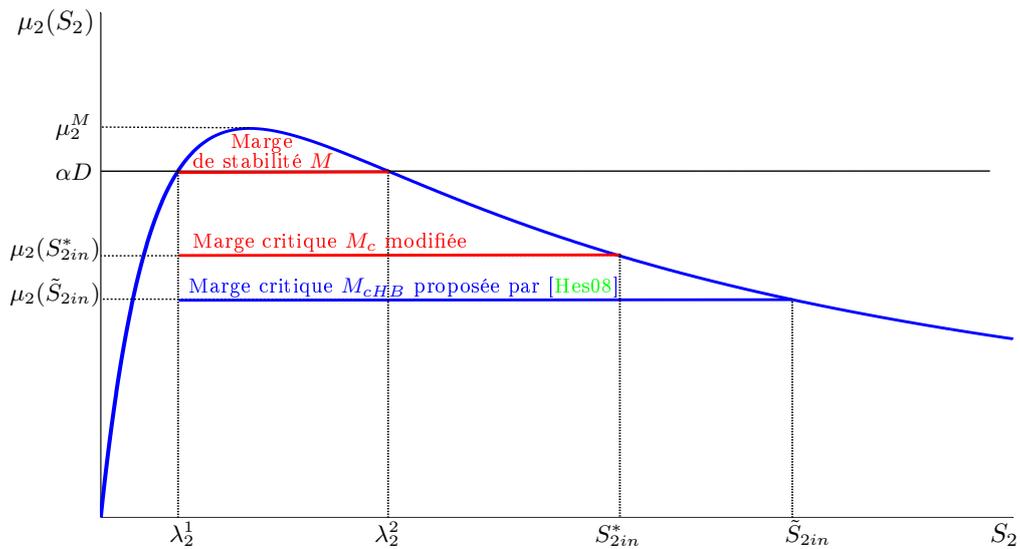


FIGURE 2.14 – Marges de stabilité proposées et modifiées.

Rappelons les expressions (2.10) et (2.18) de S_{2in}^* et \tilde{S}_{2in} respectivement.

$$S_{2in}^* = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1}(S_{1in} - \lambda_1), \quad \tilde{S}_{2in} = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1}S_{1in}.$$

Nous allons supposer que λ_1 augmente et donc que S_{2in}^* diminue et peut même devenir inférieur à λ_2^1 , alors que \tilde{S}_{2in} reste constante tout le temps. Trois cas sont considérés par la suite.

Conditions de fonctionnement 1 : $\lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}^* < \tilde{S}_{2in}$

Cette situation est illustrée par la figure 2.15. Les deux systèmes initial (2.16) et réduit (2.17) possèdent trois points d'équilibre, notés E_2^i et ξ_2^i ($i=0..2$) respectivement, dont les équilibres de lessivage (E_2^0, ξ_2^0) et les équilibres opérationnels (E_2^1, ξ_2^1) sont localement stables, tandis que les équilibres (E_2^2, ξ_2^2) sont instables.

Notons que si nous considérons les équilibres ξ_2^0, ξ_2^1 et ξ_2^2 au lieu des équilibres actuels E_2^0, E_2^1 et E_2^2 , alors la concentration \tilde{S}_{2in} est surestimée à l'équilibre ξ_2^0 car la vraie concentration est S_{2in}^* qui est bien inférieure. De même, la biomasse X_2 est surestimée aux équilibres ξ_2^1 et ξ_2^2 car $\tilde{X}_2^i > X_2^{i*}$. Nous avons :

$$\tilde{S}_{2in} - S_{2in}^* = \frac{k_2}{k_1}\lambda_1, \quad \tilde{X}_2^i - X_2^{i*} = \frac{\tilde{S}_{2in} - S_{2in}^*}{\alpha k_3} = \frac{k_2\lambda_1}{\alpha k_3 k_1}.$$

Notons aussi que les distances $\xi_2^2 - \xi_2^1$ et $E_2^2 - E_2^1$ sont égales. Ceci confirme en plus des propositions 2.2 et 2.3, que dans ces conditions de fonctionnement, si nous considérons les équilibres du système initial (2.16) plutôt que ceux du système réduit (2.17), alors nous obtiendrons la même marge de stabilité (M) :

$$M = \| E_2^2 - E_2^1 \| = \| \xi_2^2 - \xi_2^1 \| .$$

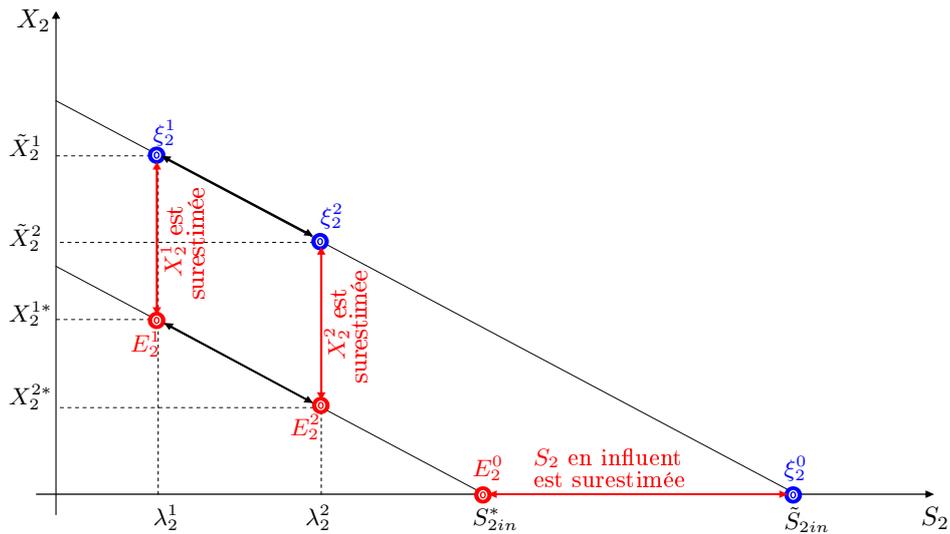


FIGURE 2.15 – Les équilibres de (2.16) et (2.17) avec $\lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}^* < \tilde{S}_{2in}$.

Conditions de fonctionnement 2 : $\lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2 < \tilde{S}_{2in}$

Nous illustrons ce cas par la figure 2.16. Le système initial (2.16) a deux équilibres, un équilibre de lessivage E_2^0 instable et un équilibre opérationnel E_2^1 globalement stable, tandis que le système réduit (2.17) possède trois équilibres dont deux (ξ_2^0 et ξ_2^1) sont localement stables et le troisième (ξ_2^2) est instable. Selon le critère de stabilité (2.23) proposé par [Hes08], le système réduit qui fonctionne en bistabilité présente un indice de risque $r = 1 - \frac{M}{M_c}$, alors que le système réel qui fonctionne en mono-stabilité globale a un indice de risque nul ($R = 0$).

Nous concluons que les critères de stabilité proposés initialement par [Hes08] ne sont pas valides dans ce cas. En d’autres termes, un utilisateur qui baserait ses actions sur la marge de stabilité pourrait prendre une mauvaise décision puisque cette marge de stabilité ne rend pas compte de ce qui se passe réellement dans le système.

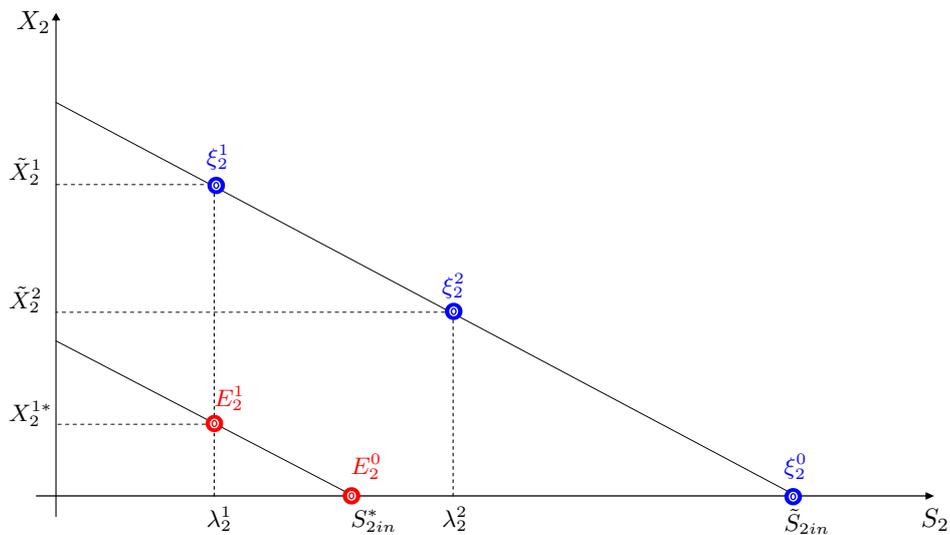


FIGURE 2.16 – Les équilibres de (2.16) et (2.17) avec $\lambda_2^1 < S_{2in}^* < \lambda_2^2 < \tilde{S}_{2in}$.

Conditions de fonctionnement 3 : $S_{2in}^* < \lambda_2^1 < \lambda_2^2 < \tilde{S}_{2in}$

Cette situation est montrée par la figure 2.17. Elle est clairement encore plus problématique. Il s'agit d'une situation dans laquelle le substrat S_2 baisserait dramatiquement dans le bioréacteur. Sa quantité n'est alors plus suffisante pour assurer la croissance de la biomasse X_2 . Dans ce cas, le système initial (2.16) a un seul équilibre de lessivage E_2^0 qui est globalement asymptotiquement stable, alors que le système réduit (2.17) possède toujours trois équilibres et fonctionne en bistabilité !

Selon les critères de stabilité développés initialement par [Hes08], le système est opérationnel autour de l'équilibre positif stable ξ_2^1 , alors qu'en réalité, la biomasse X_2 est lessivée du bioréacteur. Malheureusement, dans ce cas, l'utilisation de la marge de stabilité proposée ne donnera pas des informations correctes à l'utilisateur sur le fonctionnement actuel du système réel.

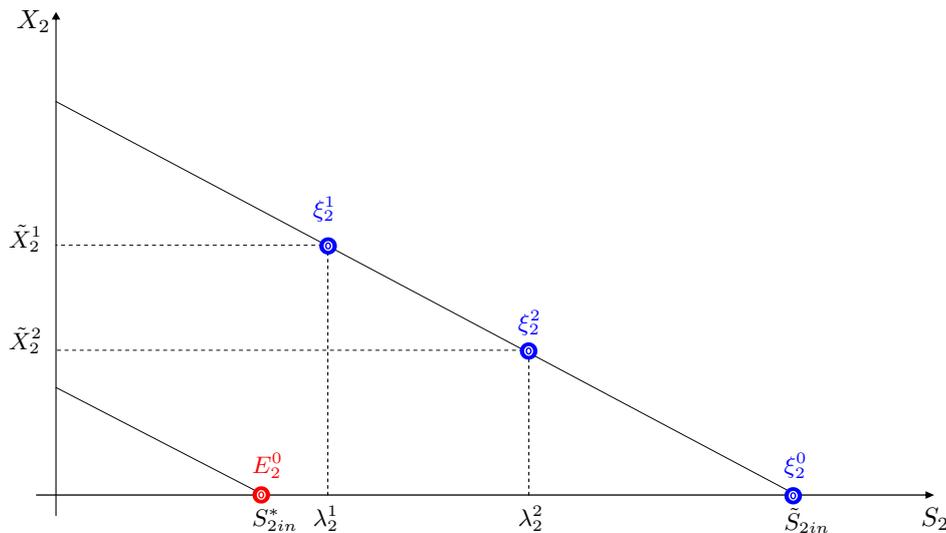


FIGURE 2.17 – Les équilibres de (2.14) et (2.17) avec $S_{2in}^* < \lambda_2^1 < \lambda_2^2 < \tilde{S}_{2in}$

Nous résumons les cas étudiés précédemment comme suit :

- Quand le système a trois équilibres dont deux sont stables (bistabilité), l'indice de risque existe et il donne à l'utilisateur des informations pertinentes sur le risque de déstabilisation.
- Quand le système a deux équilibres : un équilibre positif globalement stable et un équilibre de lessivage instable, l'indice de risque est nul ce qui signifie que le processus est opérationnel autour de l'équilibre stable.
- Quand le système a un seul équilibre de lessivage, alors l'indice de risque est important et, au pire, égal à 1, ce qui indique qu'il y a une acidification du bioréacteur (déstabilisation).

2.6.5 Simulations numériques des critères proposé et révisé

Pour illustrer notre approche, nous présentons des simulations numériques en calculant l'indice de risque (2.23) proposé par [Hes08] et notre indice (2.28) pour le modèle original (2.6)-(2.9). Pour se faire, nous choisissons la fonction Monod (2.4) pour la cinétique $\mu_1(S_1)$ et la fonction Haldane (2.3) pour la cinétique $\mu_2(S_2)$.

Nous supposons que le taux de croissance maximum m_1 change entre les deux valeurs 1.2 et 0.5 à un instant donné ainsi que le montre la figure 2.18. Il est bien connu qu'un tel changement peut arriver quand

les conditions opératoires changent dans le bioréacteur, (par exemple, le changement de la température ou du pH) ou en présence d'une toxine.

Les valeurs nominales des paramètres biologiques utilisées pour les simulations numériques sont données par le tableau 2.1. Elles sont proches ou égales aux valeurs identifiées pour le modèle AMOCO [Ber01c] en considérant les écarts-type. Notons que nous avons changé les valeurs de quelques paramètres du modèle pour que le système ait un comportement de bistabilité, car avec les valeurs par défaut de [Ber01c] données par les tableaux II (taux de dilution et caractéristiques en entrée), III (paramètres des cinétiques) et V (coefficients stœchiométriques), le système est toujours opérationnel autour de l'équilibre intérieur stable (mono-stabilité).

Paramètres	$m_1[\frac{1}{j}]$	$K_1[\frac{g}{l}]$	$m_2[\frac{1}{j}]$	$K_2[\frac{mmol}{l}]$	$K_i[\frac{mmol}{l}]$
Valeurs de [Ber01c]	1.2	7.1	0.74	9.28	256
Ecart Type		5	0.9	13.7	320
Valeurs utilisées	1.2-0.5	2.1	0.95	24	55

Paramètres	α	$k_1[\frac{g}{g}]$	$k_2[\frac{mmol}{g}]$	$k_3[\frac{mmol}{g}]$
Valeurs de [Ber01c]	0.5	42.14	116.5	268
Ecart Type	0.4	18.94	113.6	52.31
Valeurs utilisées	0.5	25	250	268

TABLE 2.1 – Valeurs nominales des paramètres biologiques proposées dans [Ber01c]

Nous choisissons pour les variables de commande les valeurs suivantes :

$$D = 0.8[1/j], \quad S_{1in} = 10[g/l], \quad S_{2in} = 5[mmol/l].$$

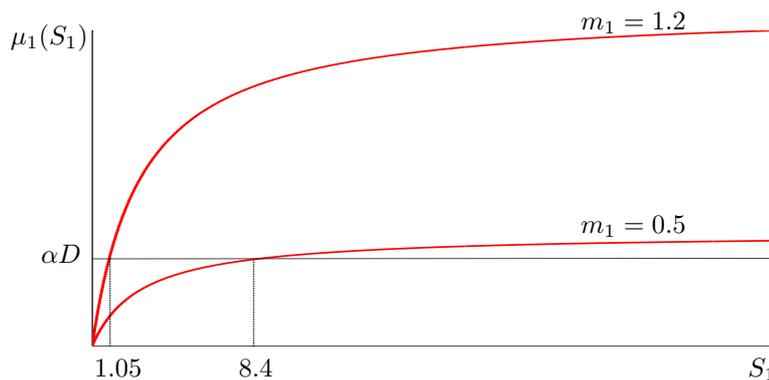


FIGURE 2.18 – La fonction $\mu_1(S_1)$ pour $m_1 = 1.2$ (haut) et $m_1 = 0.5$ (bas).

Cas 1 : $m_1 = 1.2$

Nous avons les valeurs suivantes :

$$\lambda_1(D) = 1.05, \quad \lambda_2^1(D) = 27.33, \quad \lambda_2^2(D) = 48.29, \quad S_{2in}^*(D) = 94.5, \quad \tilde{S}_{2in} = 105.$$

Les deux valeurs S_{2in} et \tilde{S}_{2in} sont plus grandes que λ_2^2 (voir la figure 2.19). Ceci correspond au cas 2.3 du théorème 2.2 et est décrit par la figure 2.15. Le système (2.6)-(2.9) a quatre équilibres dont deux sont stables :

- L'équilibre de lessivage de X_1 et X_2 , instable : $E_1^0 = (10, 0, 5, 0)$.
- L'équilibre de lessivage de X_2 seulement, localement stable : $E_2^0 = (1.05, 0.72, 94.5, 0)$.
- L'équilibre intérieur fonctionnel, localement stable : $E_2^1 = (1.05, 0.72, 27.33, 0.5)$.
- L'équilibre intérieur instable : $E_2^2 = (1.05, 0.72, 48.29, 0.34)$.

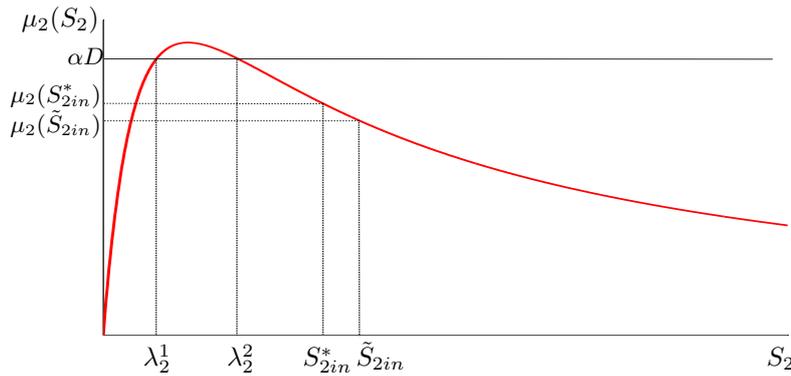


FIGURE 2.19 – La fonction $\mu_2(S_2)$ pour $m_1 = 1.2$: $\lambda_2^1 < \lambda_2^2 < S_{2in}^* < \tilde{S}_{2in}$

Dans ce cas de bistabilité, les deux indices de risque r et R donnés respectivement par (2.23) et (2.28) existent. Nous avons alors :

$$r = 0.77, \quad R = 0.74.$$

Les deux valeurs indiquent clairement que le risque de déstabilisation du système est présent comme le montre la figure 2.21. L'utilisateur doit contrôler le système en le maintenant opérationnel autour de l'équilibre intérieur E_2^1 .

Cas 2 : $m_1 = 0.5$

Supposons maintenant que m_1 change de valeur de 1.2 à 0.5. La concentration S_{2in}^* devient égale à 21 et donc inférieure à λ_2^1 , alors que la concentration \tilde{S}_{2in} est toujours égale à 105 et plus grande que λ_2^2 comme illustré par la figure 2.20. Ceci correspond au cas 2.1 du théorème 2.2 et montré par la figure 2.17, où le système (2.6)-(2.9) n'a que deux équilibres et fonctionne en mono-stabilité autour de E_2^0 .

- L'équilibre de lessivage de X_1 et X_2 , instable : $E_1^0 = (10, 0, 5, 0)$.
- L'équilibre de lessivage de X_2 seulement, stable : $E_2^0 = (8.4, 0.13, 21, 0)$.

Sur la figure 2.21, nous remarquons clairement que notre indice de risque R a sauté de sa valeur initiale 0.74 à la valeur 1. Ceci indique à l'opérateur que le risque de déstabilisation est très important (acidification du bioréacteur).

L'indice r proposé par [Hes08] a conservé sa valeur de 0.77, en indiquant que le risque existe toujours, mais le système présente encore de bonnes performances et continue à fonctionner en bistabilité ! Malheureusement, ceci conduit à de fausses conclusions et peut amener l'utilisateur à prendre de mauvaises décisions.

Pour illustrer plus clairement l'approche proposée, nous montrons sur la figure 2.22 les réponses temporelles du système (2.6)-(2.9), en démarrant des conditions initiales positives.

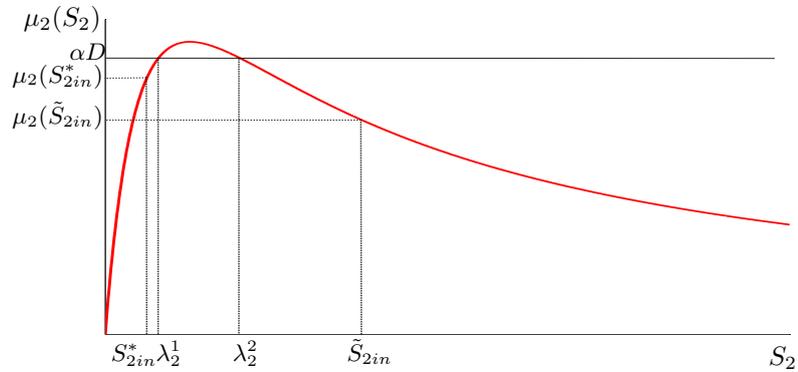


FIGURE 2.20 – La fonction $\mu_2(S_2)$ pour $m_1 = 0.5$: $S_{2in}^* < \lambda_2^1 < \lambda_2^2 < \tilde{S}_{2in}$

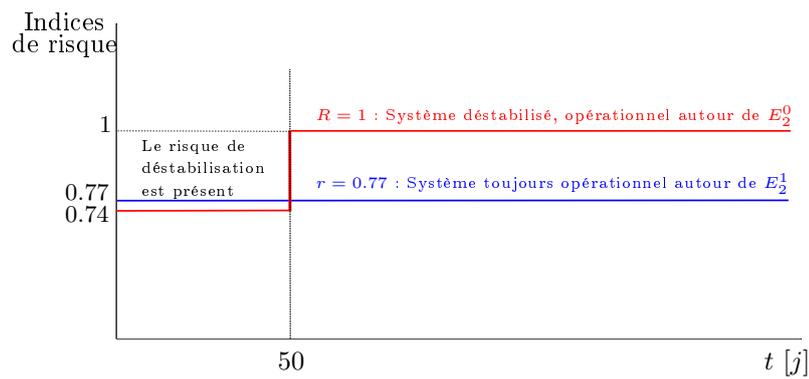


FIGURE 2.21 – Les indices de risque R et r en fonction de temps. A $t = 50$, la valeur de m_1 change de 1.2 à 0.5

Remarquons qu'avant l'instant $t = 50$, quand $m_1 = 1.2$, nous avons en régime permanent les valeurs des variables X_1 , S_1 , X_2 et S_2 toutes positives. Le système (2.6)-(2.9) fonctionne autour de son équilibre positif opérationnel E_2^1 . A l'instant $t = 50$, quand m_1 change de valeur à 0.5, les solutions X_2 et S_2 tendent vers 0 et S_{2in}^* respectivement. C'est le lessivage de la biomasse X_2 où le système fonctionne autour de l'équilibre E_2^0 .

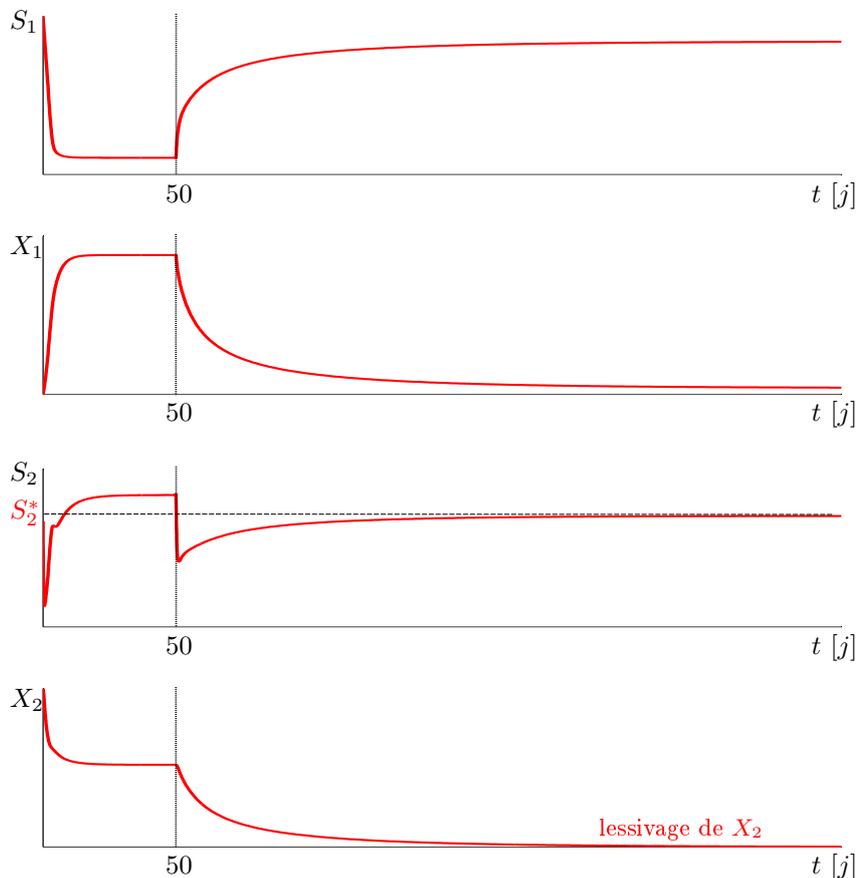


FIGURE 2.22 – Les solutions numériques du système (2.6)-(2.9) en fonction du temps. A $t = 50$ la valeur de m_1 change de 1.2 à 0.5

Nous concluons d'après l'analyse de ces résultats que les marges de stabilité proposées par [Hes08] sont valides seulement quand le système (2.6)-(2.9) fonctionne en bistabilité. Sous d'autres conditions opérationnelles, ces critères mènent à des fausses conclusions et peuvent être même problématiques pour le système.

Nos marges de stabilité proposées actuellement sont pertinentes. Toutefois, notre critère nécessite d'avoir a priori beaucoup d'informations sur le système. En particulier, il faut regarder la définition de la concentration totale de S_2 en entrée, à savoir la quantité résultante de la première étape d'acidogénèse et caractériser le domaine d'évolution du système selon ses paramètres et variables de commande, ce qui nécessite de connaître les cinétiques.

2.7 Conclusion

Le modèle AM2 est un modèle de dimension 4, basé sur deux étapes (l'Acidogénèse et la Méthanogénèse), établi via un bilan de matières. C'est le modèle le plus approprié pour superviser et commander les digesteurs anaérobies, qui peuvent se déstabiliser facilement à cause de l'accumulation des AGV pendant la réaction de méthanogénèse. Il est donc important d'analyser les régimes permanents de ce système et de comprendre son comportement qualitatif, ce qui a été le premier objectif de ce chapitre. Nous avons trouvé qu'un tel système (modèle à deux étapes en général) peut avoir au maximum six points d'équilibre et que son comportement global présente une bistabilité lorsqu'il n'y a pas de lessivage de la biomasse acidogène.

Le deuxième objectif du chapitre concernait la révision des critères de stabilité proposés par Hess et Olivier [Hes08], concernant l'évaluation de la taille du bassin d'attraction de l'équilibre positif opérationnel quand le système fonctionne en bistabilité. Il s'agit de la marge de stabilité, la marge critique de stabilité et l'indice de risque de déstabilisation qui sert à indiquer en-ligne à l'opérateur du procédé, le risque associé à son mode de gestion. Ces grandeurs ont été calculées explicitement par [Hes08] dans le cas d'une fonction de Haldane modélisant la cinétique de la méthanogénèse. Nous avons proposé de les modifier et de les réévaluer dans le cas d'une fonction générique modélisant cette cinétique.

Nous avons montré ensuite que les critères proposés initialement, en particulier l'indice de risque, sont valides seulement quand le système AM2 fonctionne en bistabilité. Sous d'autres conditions opératoires, ces critères peuvent être problématiques pour le système. Les résultats de simulations obtenus montrent que notre indice de risque est plus adapté, mais qu'il nécessite de bonnes connaissances a priori sur le système. En particulier, la nécessité de définir et d'évaluer la concentration en entrée du substrat disponible pour la méthanogénèse (deuxième réaction), notamment la quantité produite par l'étape d'acidogénèse (première réaction).

Dans le chapitre suivant, nous proposons de modifier le modèle AM2 à deux étapes, afin de modéliser la production et la dégradation des produits microbiens solubles (SMP) dans un bioréacteur membranaire anaérobie. Nous analysons ensuite les équilibres possibles du modèle développé et nous étudions l'influence de la nouvelle variable sur son comportement qualitatif, selon le jeu de paramètres biologiques choisis ou sous différentes conditions de fonctionnement.

Chapitre 3

Modélisation des SMP dans un BioRéacteur Membranaire Anaérobie

Guide de lecture :

L'objet de ce chapitre est de développer un modèle dynamique de traitement biologique des eaux usées dans un bioréacteur membranaire anaérobie et d'étudier son comportement qualitatif. Il est basé sur des bilans de matière et est décrit par des équations différentielles ordinaires. Il est suffisamment simple d'un point de vue mathématique pour être utilisé en automatique pour la synthèse d'observateurs et de contrôleurs. Après avoir présenté le modèle, nous proposons une procédure graphique pour déterminer ses équilibres dont nous étudions ensuite les propriétés de stabilité et les bifurcations en fonction des paramètres.

3.1 Introduction

Les Produits Microbiens Solubles (SMP) sont un ensemble de molécules intervenant dans les réactions biologiques de traitement des eaux usées. Plusieurs études montrent que les SMP constituent une partie de la DCO de sortie. Ils ont des effets sur les performances des processus biologiques, à savoir la qualité de l'effluent, la toxicité et le colmatage de la membrane dans les BRM [Bar99]. Il est donc important d'intégrer la dynamique des SMP dans la modélisation des processus de traitement biologique afin de mieux comprendre leur rôle dans le fonctionnement des bioprocédés.

En vue d'analyser et de comprendre le comportement d'un BRM anaérobie en présence des SMP, nous développons un modèle mathématique basé sur la modification du modèle AM2 [Ber01c].

Nous analysons les équilibres du modèle développé et nous étudions leurs bifurcations en fonction du taux de croissance maximum de la biomasse sur les SMP. Plusieurs cas peuvent se présenter selon le jeu des paramètres biologiques considérés. Dans le cadre de ce chapitre, nous étudions trois cas génériques et nous comparons le comportement du modèle original AM2 avec celui du modèle développé AM2+SMP nommé dorénavant AM2b.

3.2 Sur la modélisation des SMP dans les systèmes anaérobies

La plupart des BRM opérationnels étant aérobies, c'est pour ces réacteurs que la plupart des efforts pour coupler les phénomènes biotiques aux modèles membranaires ont été proposés. Les modèles développés sont basés sur l'ajout de la dynamique des SMP dans les modèles ASM initialement proposés dans [Hen00]. Certains ont été validés dans des cas particuliers avec des données expérimentales. Pour les détails sur le développement et les applications de quelques modèles intégrant les SMP en aérobie, le lecteur peut consulter les références [Bel08], [Jan06], [Jia08], [Lu02], [Lu01]. En revanche, très peu de travaux sont disponibles pour la digestion anaérobie [Bar99], [Ng07]. Pourtant, cette technique a beaucoup d'avantages pour le traitement de l'eau et des déchets.

Dans leur état de l'art, Barker et Stuckey [Bar99] ont noté que le premier modèle pour caractériser uniquement la formation des SMP dans un système de fermentation de glucose en acide lactique, a été proposé en 1959 par Luedeking et Piret [Lue59].

Le premier modèle pour prédire la dynamique de production et de dégradation des SMP dans un chémostat anaérobie à deux étapes a été proposé par Noguera *et coll.* [Nog94], en considérant les deux groupes UAP et BAP. Le modèle proposé ne considère alors la production des UAP qu'à partir de la matière organique initiale (glucose) et leur dégradation par les bactéries acidogènes uniquement. Les BAP sont considérés comme des produits provenant de la mortalité des bactéries acidogènes qui les dégradent. Toutefois, le modèle ne prend pas en compte la formation des UAP à partir du produit intermédiaire (acétate), ni des BAP à partir de la mortalité de la biomasse méthanogène.

Plus tard, ce modèle a été affiné par Barker et Stuckey [Bar01], en intégrant les dynamiques i) de la production des UAP suite à la dégradation de la matière organique initiale et les produits intermédiaires par des bactéries acidogènes et méthanogènes respectivement, ii) de la formation des BAP à partir de la mortalité des biomasses acidogène et méthanogène, et iii) de la dégradation des BAP par les acidogènes pour croître.

Rittmann et Laspidou [Las02b] ont proposé une théorie unifiée sur la production et la dégradation des UAP et des BAP dans les systèmes aérobies, (mais qui pourrait être transposée en anaérobie, cf. [Aqu08]).

Ils considèrent le couplage entre trois composantes : les Substances Polymères Extracellulaires (EPS, en anglais *Extracellular Polymeric Substance*), les SMP et la biomasse inerte. Sous des hypothèses réalistes, cette théorie décrit le flux des électrons entre les différentes composantes (Matière organique, Biomasse active, UAP, BAP, EPS et Biomasse inerte). Les auteurs ont présenté dans un article complémentaire [Las02a] une approche de modélisation des relations entre ces différentes composantes et ont simulé le modèle proposé en le validant sur des données expérimentales de [Hsi94].

Récemment, Aquino et Stuckey [Aqu08], ont repris le modèle proposé dans [Bar01] et ont considéré la formation et la dégradation des EPS en utilisant la théorie de [Las02b] pour prédire la production des SMP dans le bioréacteur.

Il convient de souligner que les études citées ci-dessus se rapportent aux systèmes conventionnels de digestion anaérobie et non pas aux BRM anaérobies. En outre, les modèles développés sont trop complexes pour être utilisés en automatique.

3.3 Développement d'un modèle pour un bioréacteur anaérobie (le modèle AM2b)

3.3.1 Approche proposée et hypothèses de développement

Le modèle que nous proposons permet de décrire par des équations différentielles ordinaires, les réactions biologiques dans un BRMA à boucle externe. Il présente une certaine originalité par rapport aux modèles de la littérature dont il diffère largement :

- il est développé pour les BRMA intégrant la dynamique de formation et de dégradation des SMP,
- il est suffisamment simple d'un point de vue mathématique afin qu'il soit utilisé pour superviser et commander le système,
- les modèles mathématiques des BRMA fournis dans la littérature ne sont pas couplés avec des modèles de colmatage : ils ne prennent donc pas en compte les caractéristiques des systèmes à membranes. Notre modèle tente de prendre en compte le colmatage des pores membranaires dû aux SMP et la rétention partielle de ces derniers. Il nous apparaît comme un bon candidat pour être couplé avec des modèles de colmatage.

La figure 3.1 représente le procédé membranaire à modéliser. Les notations sont les suivantes : S_1 est la concentration en matière organique caractérisée par la DCO, avec S_{1in} la concentration en entrée, S_2 est la concentration des acides gras volatiles AGV, avec S_{2in} la concentration dans l'entrée, X_1 et X_2 sont respectivement les biomasses acidogène et méthanogène et, $S = UAP + BAP$, sont les produits microbiens solubles (SMP).

Le modèle est développé sous les hypothèses (H1 – H7) suivantes où l'objectif est de prendre en compte les caractéristiques spécifiques d'un BRM.

- H1- Le bioréacteur considéré est homogène et continu.
- H2- Les substrats S_1 et S_2 traversent la membrane sans rétention (la taille des molécules est inférieure au diamètre des pores).
- H3- On considère une rétention totale des biomasses X_1 et X_2 par la membrane (la taille des bactéries est supérieure au diamètre des pores). Par conséquent, il n'y a pas de solides dans l'effluent et donc pas de terme $-DX$ dans les équations de \dot{X}_i (voir les équations (3.6) et (3.8)).
- H4- Le taux de mortalité D_0 des biomasses est pris en compte.

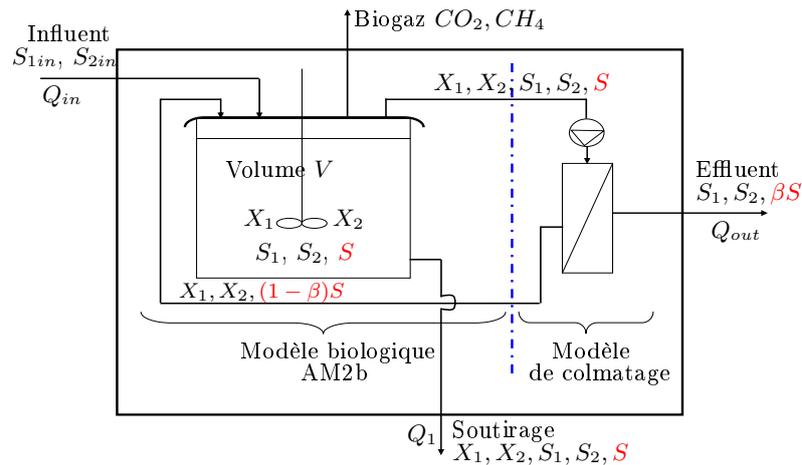


FIGURE 3.1 – Représentation schématique du modèle proposé.

H5- Le soutirage de la biomasse avec un débit Q_1 est pris en compte.

H6- Les $SMP = UAP + BAP$ sont groupés en une seule variable S , dont seulement une fraction β passe à travers la membrane. Le reste, correspondant aux macromolécules, est retenu par la membrane (figure 3.1). Ceci est modélisé dans l'équation de bilan de matière par $-\beta DS$ avec $0 \leq \beta \leq 1$ (voir l'équation (3.9)).

Si $\beta = 0$, il y a rétention totale de S par la membrane.

Si $\beta = 1$, S passe librement à travers la membrane.

H7- Le modèle est valide pour un flux inférieur au flux critique ($J < J_{cri}$ pas de colmatage critique).

Les hypothèses H2, H3 et H6 sont résumées par la figure 3.2 à gauche, qui représente la séparation de la matière par la membrane. A droite, on montre la zone de fonctionnement linéaire du bioréacteur où le flux membranaire J évolue proportionnellement à la pression transmembranaire ΔP .

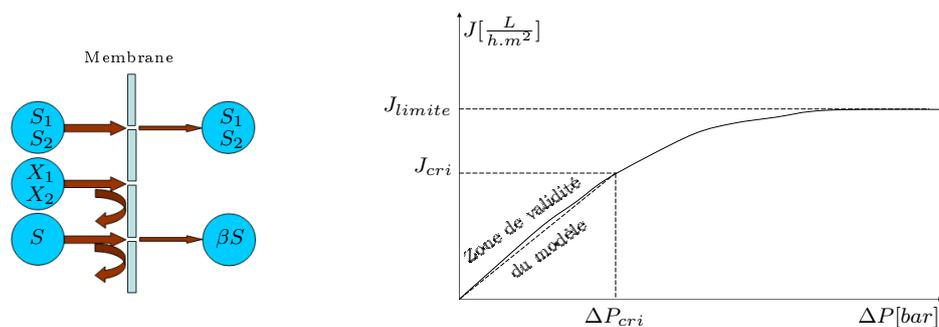


FIGURE 3.2 – Gauche : Représentation schématique de la séparation membranaire. Droite : Variation du flux J en fonction de la pression transmembranaire ΔP .

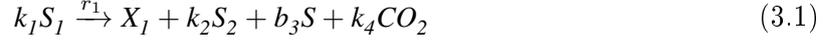
3.3.2 Schéma réactionnel et équations mathématiques

Notre modèle est basé sur une modification du modèle AM2 présenté dans le chapitre 2. Nous proposons de modifier le schéma réactionnel (2.1) et (2.2) du modèle AM2 en ajoutant la variable S pour la “composante SMP ”.

La production des *SMP* est liée à la dégradation de S_1 , S_2 et à la mortalité des biomasses X_1 , X_2 . Ils sont aussi dégradés et transformés en S_2 et CO_2 par le consortium X_1 [Aqu08], [Bar01], [Las02a], [Las02b].

Le nouveau schéma réactionnel s'écrit :

1- *Acidogénèse + Production des SMP*, avec une vitesse de réaction $r_1 = \mu_1(S_1)X_1$, où $\mu_1(S_1)$ est le taux de croissance spécifique de X_1 sur S_1 :



2- *Méthanogénèse + Production des SMP*, avec une vitesse de réaction $r_2 = \mu_2(S_2)X_2$, où $\mu_2(S_2)$ est le taux de croissance spécifique de X_2 sur S_2 :



3- *Dégradation des SMP*, avec une vitesse de réaction $r = \mu(S)X_1$, où $\mu(S)$ est le taux de croissance spécifique de X_1 sur S :



4- *Production des SMP à partir de la lyse de X_1 et X_2* :



Soit $\xi = [S_1, X_1, S_2, X_2, S]^T$ le vecteur des variables d'état du modèle AM2b.

Partant du schéma réactionnel (3.1)-(3.4) et en tenant compte des hypothèses (H1-H7) ci-dessus, les bilans de masses nous permettent d'écrire :

$$\begin{aligned} \frac{dV S_1}{dt} &= Q_{in} S_{1in} - Q_{out} S_1 - Q_1 S_1 - k_1 \mu_1(S_1) V X_1, \\ \frac{dV S_2}{dt} &= Q_{in} S_{2in} - Q_{out} S_2 - Q_1 S_2 + k_2 \mu_1(S_1) V X_1 + b_2 \mu(S) V X_1 - k_3 \mu_2(S_2) V X_2, \\ \frac{dV X_1}{dt} &= 0 - 0 - Q_1 X_1 + \mu_1(S_1) V X_1 + \mu(S) V X_1 - D_0 V X_1, \\ \frac{dV X_2}{dt} &= 0 - 0 - Q_1 X_2 + \mu_2(S_2) V X_2 - D_0 V X_2, \\ \frac{dV S}{dt} &= 0 - Q_{out} \beta S - Q_1 S + b_3 \mu_1(S_1) V X_1 + b_4 \mu_2(S_2) V X_2 + D_0 V X_1 + D_0 V X_2 - b_1 \mu(S) V X_1, \\ Q_{in} &= Q_1 + Q_{out}, \\ \frac{dV}{dt} &= Q_{in} - Q_1 - Q_{out} = 0. \end{aligned}$$

Posons :

$$D = \frac{Q_{in}}{V} : \text{le taux de dilution,}$$

$$D_1 = \frac{Q_1}{V} : \text{le taux de dilution dû au soutirage.}$$

On appelle ici "taux de dilution", tout terme négatif sur la dynamique des bactéries.

Le modèle AM2b est alors donné par les équations suivantes :

$$\dot{S}_1 = D(S_{1in} - S_1) - k_1\mu_1(S_1)X_1, \quad (3.5)$$

$$\dot{X}_1 = [\mu_1(S_1) + \mu(S) - D_0 - D_1]X_1, \quad (3.6)$$

$$\dot{S}_2 = D(S_{2in} - S_2) - k_3\mu_2(S_2)X_2 + [k_2\mu_1(S_1) + b_2\mu(S)]X_1, \quad (3.7)$$

$$\dot{X}_2 = [\mu_2(S_2) - D_0 - D_1]X_2, \quad (3.8)$$

$$\dot{S} = [b_3\mu_1(S_1) + D_0 - b_1\mu(S)]X_1 + [b_4\mu_2(S_2) + D_0]X_2 - MS, \quad (3.9)$$

avec :

k_i : les coefficients stœchiométriques du modèle AM2 (voir chapitre 2) ($[g/g]$),

b_1 : coefficient de dégradation de S par X_1 ($[g/g]$),

b_2 : coefficient de production de S_2 par X_1 à partir de S ($[g/g]$),

b_3 : coefficient de production de S par X_1 à partir de S_1 ($[g/g]$),

b_4 : coefficient de production de S par X_2 à partir de S_2 ($[g/g]$),

β : fraction de S sortante du bioréacteur,

S_{1in} : la concentration de S_1 à l'entrée ($[g/l]$),

S_{2in} : la concentration de S_2 à l'entrée ($[g/l]$),

D_1 : taux de dilution dû au soutirage du bioréacteur ($[1/j]$),

D : taux de dilution ($[1/j]$),

D_0 : taux de mortalité des biomasses X_1 et X_2 ($[1/j]$),

$M = [\beta D + (1 - \beta)D_1]$: constante positive.

Remarque 3.1. : Si $\mu(S) = 0$ dans les équations (3.5)-(3.8), on retrouve alors le modèle AM2 en dimension 4 présenté dans le chapitre 2, (avec $\alpha D \equiv D_0 + D_1$).

On peut réécrire les équations (3.5)-(3.9) sous la forme matricielle suivante (cf. [Bas90]) :

$$\dot{\xi} = \mathcal{K}\phi(\xi) - \mathcal{D}\xi - \mathcal{Q} + \mathcal{D}\xi_{in}.$$

où :

$\phi(\xi)$ est le vecteur des cinétiques,

\mathcal{K} est la matrice des rendements de conversion,

\mathcal{Q} est le terme d'échange gazeux entre les milieux réactionnel et extérieur,

\mathcal{D} est la matrice des taux de dilution, de soutirage et de mortalité.

$$\begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \dot{X}_1 \\ \dot{S}_2 \\ \dot{X}_2 \\ \dot{S} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -k_1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \\ k_2 & -k_3 & b_2 \\ 0 & 1 & 0 \\ b_3 & b_4 & -b_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \varphi_1 \\ \varphi_2 \\ \varphi \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} D & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & D_0 + D_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & D & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & D_0 + D_1 & 0 \\ 0 & -D_0 & 0 & -D_0 & M \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S_1 \\ X_1 \\ S_2 \\ X_2 \\ S \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} DS_{1in} \\ 0 \\ DS_{2in} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}. \quad (3.10)$$

3.3.3 Positivité et bornitude des variables

La positivité et la bornitude sont des propriétés importantes pour les systèmes biologiques. On doit vérifier que pour des conditions initiales nulles ou positives, les variables du modèle (3.5)-(3.9) restent nulles ou positives et bornées pour tous les temps.

3.3.3.1 Positivité

Proposition 3.1. : *Toutes les variables (S_1, X_1, S_2, X_2, S) du système (3.5)-(3.9) sont positives.*

Démonstration. Nous avons les solutions suivantes pour les équations (3.6) et (3.8) :

$$X_1(t) = X_1(0)e^{\int_0^t [\mu_1(S_1(\tau)) + \mu(S(\tau)) - D_0 - D_1] d\tau},$$

$$X_2(t) = X_2(0)e^{\int_0^t [\mu_2(S_2(\tau)) - D_0 - D_1] d\tau}.$$

Nous avons alors :

- $X_1(0) = 0 \Rightarrow X_1(t) = 0$ et $X_2(0) = 0 \Rightarrow X_2(t) = 0$,
- $X_1(0) > 0 \Rightarrow X_1(t) > 0$ et $X_2(0) > 0 \Rightarrow X_2(t) > 0$.

Pour prouver la positivité de S_1 , S_2 et S , nous annulons ces variables dans les équations (3.5), (3.7) et (3.9) respectivement et nous vérifions si les dérivées obtenues sont positives. Nous avons :

- $\dot{S}_1 = DS_{1in} > 0$,
- $\dot{S}_2 = DS_{2in} > 0$,
- $\dot{S} = D_0X_1 + D_0X_2 > 0$, si $X_1 > 0$ et $X_2 > 0$.

Les dérivées \dot{S}_1 , \dot{S}_2 et \dot{S} sont positives (les champs de vecteurs aux limites sont dirigés vers l'intérieur). Par conséquent, les variables S_1 , S_2 et S restent positives pour des conditions initiales positives. \square

3.3.3.2 Bornitude

Proposition 3.2. : *Les variables (S_1, X_1, S_2, X_2, S) du système (3.5)-(3.9) sont bornées.*

Démonstration. Soit :

$$\Sigma = S_1 + S_2 + X_1 + X_2 + S.$$

La dynamique de Σ s'écrit alors sous la forme :

$$\dot{\Sigma} = D(S_{1in} + S_{2in}) - D(S_1 + S_2) - D_1(X_1 + X_2) - MS$$

$$- (k_1 - 1 - b_3 - k_2)\mu_1(S_1)X_1 - (k_3 - 1 - b_4)\mu_2(S_2)X_2 - (b_1 - 1 - b_2)\mu(S)X_1.$$

Cette équation fait intervenir trois taux de dilution : D , D_1 et M qui est une combinaison de D et de D_1 . Posons $D_{min} = \min(D, D_1)$, ce qui nous permet d'écrire :

$$\dot{\Sigma} \leq D(S_{1in} + S_{2in}) - D_{min}\Sigma - (k_1 - 1 - b_3 - k_2)\mu_1 X_1 - (k_3 - 1 - b_4)\mu_2 X_2 - (b_1 - 1 - b_2)\mu X_1. \quad (3.11)$$

Relativement aux schémas réactionnels (3.1), (3.2) et (3.3), on introduit maintenant les contraintes biologiques suivantes :

1. $k_1 > 1 + b_3 + k_2$: La quantité de S_1 dégradée est supérieure ou égale aux quantités de X_1 développée et de S_2 et S produites.
2. $k_3 > 1 + b_4$: La quantité de S_2 dégradée est supérieure ou égale aux quantités de X_2 développée et de S produite.
3. $b_1 > 1 + b_2$: La quantité de S dégradée est supérieure ou égale aux quantités de X_1 développée et de S_2 produite.

Nous pouvons alors réécrire l'inégalité (3.11) comme suit :

$$\dot{\Sigma} \leq D(S_{1in} + S_{2in}) - D_{min}\Sigma.$$

Comme la solution de l'équation $\dot{\Sigma}_0 = D(S_{1in} + S_{2in}) - D_{min}\Sigma_0$ est :

$$\Sigma_0(t) = \frac{D(S_{1in} + S_{2in})}{D_{min}} + Ce^{-D_{min}t}, \quad \text{avec } C \text{ constante.}$$

Alors, nous avons $\Sigma(t) \leq \Sigma_0(t)$, c'est-à-dire :

$$\Sigma(t) \leq \frac{D(S_{1in} + S_{2in})}{D_{min}} + Ce^{-D_{min}t} \implies \lim_{t \rightarrow +\infty} \Sigma(t) \leq \frac{D(S_{1in} + S_{2in})}{D_{min}}.$$

Donc, les variables du système (3.5)-(3.9) restent bornées. □

3.3.4 Équilibres du modèle

Les cinétiques μ_1 , μ_2 et μ dépendent de S_1 , S_2 et S respectivement et vérifient les hypothèses suivantes :

Hypothèse 3.1. : *Les fonctions $\mu_1(S_1)$, $\mu_2(S_2)$ et $\mu(S)$ ont les propriétés suivantes :*

- $\mu_1(0) = \mu_2(0) = \mu(0) = 0$, s'il n'y a pas de substrat il n'y a pas de croissance,
- $\mu_2(\infty) = 0$, pour S_2 très grand, il n'y a pas de croissance de X_2 ,
- $\mu'_1(S_1) > 0$ et $\mu'(S) > 0$ pour $S_1 \geq 0$ et $S \geq 0$ respectivement,
- $\mu_1(\infty) = m_1$ et $\mu(\infty) = m$, m_1 et m sont les taux de croissance maximum des cinétiques $\mu_1(S_1)$ et $\mu(S)$ respectivement,
- $\mu_2(S_2)$ atteint un maximum μ_2^M en $S_2 = S_2^M$,
- $\mu'_2(S_2) > 0$ si $0 \leq S_2 < S_2^M$,
- $\mu'_2(S_2) < 0$ pour $S_2 > S_2^M$.

Remarque 3.2. : *L'analyse du modèle que nous faisons dans ce chapitre, n'est pas valable seulement pour des cinétiques particulières (Monod, Haldane, etc), mais pour toute la classe des fonctions obéissant à l'hypothèse 3.1.*

Les équilibres ou régimes permanents du système s'obtiennent lorsque les dérivées (3.5)-(3.9) s'annulent. Ils sont les solutions du système algébrique suivant :

$$0 = D(S_{1in} - S_1) - k_1\mu_1(S_1)X_1, \quad (3.12)$$

$$0 = \left(\mu_1(S_1) + \mu(S) - D_0 - D_1\right)X_1, \quad (3.13)$$

$$0 = D(S_{2in} - S_2) - k_3\mu_2(S_2)X_2 + \left(k_2\mu_1(S_1) + b_2\mu(S)\right)X_1, \quad (3.14)$$

$$0 = \left(\mu_2(S_2) - D_0 - D_1\right)X_2, \quad (3.15)$$

$$0 = \left(b_3\mu_1(S_1) + D_0 - b_1\mu(S)\right)X_1 + \left(b_4\mu_2(S_2) + D_0\right)X_2 - MS, \quad (3.16)$$

Nous considérons trois cas qui peuvent avoir lieu dans le bioréacteur.

1. Lessivage de X_1 : ce cas est caractérisé par le lemme 3.1.
2. Présence de X_1 et lessivage de X_2 : ce cas est caractérisé par le lemme 3.2.
3. Présence des deux biomasses X_1 et X_2 : ce cas est caractérisé par le lemme 3.3.

Lemme 3.1. : Les équilibres $(S_1^*, X_1^*, S_2^*, X_2^*, S^*)$ du système (3.5)-(3.9) pour lesquels $X_1^* = 0$ sont donnés par :

- l'équilibre de lessivage de X_1 et X_2 , $E_0^0 = (S_{1in}, 0, S_{2in}, 0, 0)$, qui existe toujours,
- les équilibres de lessivage de X_1 mais pas de X_2 , $E_1^i = (S_{1in}, 0, S_2^{i*}, X_2^{i*}, S^{i*})$, $i = 1, 2$, où S_2^{i*} sont les solutions de l'équation :

$$\mu_2(S_2) = D_0 + D_1. \quad (3.17)$$

X_2^{i*} et S^{i*} sont donnés par les formules :

$$X_2^{i*} = \frac{D(S_{2in} - S_2^{i*})}{k_3(D_0 + D_1)}, \quad S^{i*} = \frac{b_4 + \frac{D_0}{D_0 + D_1}}{Bk_3}(S_{2in} - S_2^{i*}), \quad i = 1, 2,$$

avec :

$$B = \left[\beta + (1 - \beta)\frac{D_1}{D}\right] = \frac{M}{D}.$$

L'équilibre E_1^i existe si et seulement si :

$$S_{2in} > S_2^{i*}. \quad (3.18)$$

Démonstration. En remplaçant $X_1^* = 0$ dans l'équation (3.12), on obtient $S_1^* = S_{1in}$.

Si $X_2^* = 0$ alors, en remplaçant $X_1^* = 0$ et $X_2^* = 0$ dans les équations (3.14) et (3.16), on obtient $S_2^* = S_{2in}$ et $S^* = 0$ respectivement. C'est l'équilibre E_0^0 .

Si $X_2^* > 0$ alors, on déduit de l'équation (3.15) que $\mu_2(S_2^*) = D_0 + D_1$. Donc $S_2^* = S_2^{i*}$ où S_2^{i*} , $i = 1, 2$, sont solutions de (3.17). On déduit par la suite de l'équation (3.14) les valeurs correspondantes de X_2^{i*} . En remplaçant dans l'équation (3.16) on obtient les valeurs correspondantes de S^{i*} . Ce sont les équilibres E_1^i , $i = 1, 2$. \square

Lemme 3.2. : Soit $E^* = (S_1^*, X_1^*, S_2^*, X_2^*, S^*)$ un équilibre du système (3.5)-(3.9). Si $X_1^* > 0$ et $X_2^* = 0$ alors on a $0 < S_1^* < S_{1in}$, $S_2^* > 0$ et $S^* > 0$. De plus S_1^* et S^* sont solutions du système

d'équations :

$$\begin{cases} S_1 = F(S), \\ S = G(S_1). \end{cases} \quad (3.19)$$

où $F(S)$ et $G(S_1)$ sont définies par :

$$F(S) := \mu_1^{-1}(D_0 + D_1 - \mu(S)), \quad (3.20)$$

$$G(S_1) := (S_{1in} - S_1) \left(B_1 + \frac{B_2}{\mu_1(S_1)} \right), \quad (3.21)$$

avec :

$$B_1 = \frac{b_3 + b_1}{k_1 B}, \quad B_2 = \frac{D_0 - b_1(D_0 + D_1)}{k_1 B} \quad \text{et} \quad B = \frac{M}{D}. \quad (3.22)$$

X_1^* et S_2^* sont donnés par les formules :

$$X_1^* = D \frac{S_{1in} - S_1^*}{k_1 \mu_1(S_1^*)}, \quad S_2^* = S_{2in} + [k_2 \mu_1(S_1^*) + b_2 \mu(S^*)] \frac{S_{1in} - S_1^*}{k_1 \mu_1(S_1^*)}.$$

L'équilibre E^* existe si et seulement si :

$$S_{1in} > S_1^*. \quad (3.23)$$

Démonstration. Soit $(S_1^*, X_1^*, S_2^*, X_2^*, S^*)$ une solution du système (3.12)-(3.16).

Comme $X_1^* > 0$, de l'équation (3.13) on déduit que $\mu_1(S_1^*) + \mu(S^*) = D_0 + D_1$, c'est-à-dire :

$$S_1^* = \mu_1^{-1}(D_0 + D_1 - \mu(S^*)) = F(S^*). \quad (3.24)$$

De l'équation (3.12) on déduit que $D[S_{1in} - S_1^*] = k_1 \mu_1(S_1^*) X_1^*$. Donc X_1^* est donné par la formule :

$$X_1^* = D \frac{S_{1in} - S_1^*}{k_1 \mu_1(S_1^*)}.$$

Pour que cette variable soit positive et bornée, il faut que $0 < S_1^* < S_{1in}$.

En utilisant $X_2^* = 0$, l'expression de X_1^* et l'équation (3.14), on obtient :

$$S_2^* = S_{2in} + [k_2 \mu_1(S_1^*) + b_2 \mu(S^*)] \frac{S_{1in} - S_1^*}{k_1 \mu_1(S_1^*)}.$$

En remplaçant $X_2^* = 0$ et X_1^* par sa valeur dans la formule (3.16) on obtient :

$$[b_3 \mu_1(S_1^*) + D_0 - b_1 \mu(S^*)] D \frac{S_{1in} - S_1^*}{k_1 \mu_1(S_1^*)} = M S^*.$$

A partir de (3.13) nous remplaçons $\mu(S^*)$ par $D_0 + D_1 - \mu_1(S_1^*)$, nous multiplions par $k_1 \mu_1(S_1^*)$ et nous divisons par D . Nous obtenons alors :

$$S^* = (S_{1in} - S_1^*) \left(\frac{b_3 + b_1}{k_1 B} + \frac{D_0 - b_1(D_0 + D_1)}{\mu_1(S_1^*)} \right) = G(S_1^*). \quad (3.25)$$

De (3.24) et (3.25) on déduit que (S_1^*, S^*) est solution de (3.19). \square

Lemme 3.3. : Soit $E^* = (S_1^*, X_1^*, S_2^*, X_2^*, S^*)$ un équilibre du système (3.5)-(3.9). Si $X_1^* > 0$ et $X_2^* > 0$ alors on a $0 < S_1^* < S_{1in}$, $S_2^* = S_2^{i*}$, $i = 1, 2$ solution de (3.17) et $S > 0$. De plus S_1^* et S^* sont solutions du système d'équations :

$$\begin{cases} S_1 = F(S), \\ S = H_i(S_1), i=1, 2, \end{cases} \quad (3.26)$$

où $H_i(S_1)$ sont définies par :

$$H_i(S_1) := C_{1i} + (S_{1in} - S_1) \left(C_2 + \frac{C_3}{\mu_1(S_1)} \right), \quad (3.27)$$

avec :

$$C_{1i} = \frac{A}{B}(S_{2in} - S_2^{i*}), \quad C_2 = \frac{A(k_2 - b_2) + b_3 + b_1}{k_1 B}, \quad C_3 = \frac{(Ab_2 - b_1)(D_0 + D_1) + D_0}{k_1 B}, \quad (3.28)$$

et :

$$A = \frac{b_4(D_0 + D_1) + D_0}{k_3(D_0 + D_1)}. \quad (3.29)$$

X_1^* et X_2^{i*} sont donnés par les formules :

$$X_1^* = D \frac{S_{1in} - S_1^*}{k_1 \mu_1(S_1^*)}, \quad X_2^{i*} = D \frac{[S_{1in} - S_1^*][k_2 \mu_1(S_1^*) + b_2 \mu(S^*)] + (S_{2in} - S_2^{i*})k_1 \mu_1(S_1^*)}{k_1 k_3 (D_0 + D_1) \mu_1(S_1^*)}.$$

L'équilibre E^* existe si et seulement si la condition (3.23) est vérifiée et la condition suivante :

$$H_i(S_1^*) > G(S_1^*), \quad i = 1, 2. \quad (3.30)$$

Démonstration. Soit $(S_1^*, X_1^*, S_2^*, X_2^*, S^*)$ une solution du système (3.12)-(3.16).

Comme $X_2^* > 0$, de l'équation (3.15) on déduit que $\mu_2(S_2^*) = D_0 + D_1$. On a donc :

$$S_2^* = S_2^{i*}, \text{ où } S_2^{i*}, i = 1, 2, \text{ sont solutions de (3.17).}$$

Comme $X_1^* > 0$, de l'équation (3.13) on déduit que $\mu_1(S_1^*) + \mu(S^*) = D_0 + D_1$. Nous calculons donc $S_1^* = \mu_1^{-1}(D_0 + D_1 - \mu(S^*)) = F(S^*)$.

De l'équation (3.12) on déduit que $D[S_{1in} - S_1^*] = k_1 \mu_1(S_1^*) X_1^*$.

Il faut que $0 < S_1^* < S_{1in}$ pour assurer la positivité et la bornitude de X_1^* qui est donnée par la formule :

$$X_1^* = \frac{D[S_{1in} - S_1^*]}{k_1 \mu_1(S_1^*)}.$$

En utilisant la formule (3.14) on obtient :

$$D(S_{2in} - S_2^{i*}) - k_3(D_0 + D_1)X_2^* + [k_2 \mu_1(S_1^*) + b_2 \mu(S^*)] \frac{D[S_{1in} - S_1^*]}{k_1 \mu_1(S_1^*)} = 0,$$

on en déduit :

$$X_2^{i*} = D \frac{[S_{1in} - S_1^*][k_2\mu_1(S_1^*) + b_2\mu(S^*)] + (S_{2in} - S_2^{i*})k_1\mu_1(S_1^*)}{k_1k_3(D_0 + D_1)\mu_1(S_1^*)}.$$

En remplaçant dans la formule (3.16) on obtient :

$$\begin{aligned} & [b_3\mu_1(S_1^*) + D_0 - b_1\mu(S^*)] D \frac{S_{1in} - S_1^*}{k_1\mu_1(S_1^*)} \\ & + [b_4(D_0 + D_1) + D_0] D \frac{(S_{1in} - S_1^*)[k_2\mu_1(S_1^*) + b_2\mu(S^*)] + (S_{2in} - S_2^{i*})k_1\mu_1(S_1^*)}{k_1k_3(D_0 + D_1)\mu_1(S_1^*)} \\ & = MS^*. \end{aligned}$$

En multipliant par $k_1\mu_1(S_1^*)$ et en divisant par D on obtient alors :

$$\begin{aligned} & (S_{1in} - S_1^*) [b_3\mu_1(S_1^*) + D_0 - b_1\mu(S^*)] \\ & + A [(S_{1in} - S_1^*)[k_2\mu_1(S_1^*) + b_2\mu(S^*)] + (S_{2in} - S_2^{i*})k_1\mu_1(S_1^*)] = k_1BS^*\mu_1(S_1^*). \end{aligned}$$

Après simplification, on trouve :

$$S^* = \frac{A}{B}(S_{2in} - S_2^{i*}) + (S_{1in} - S_1^*) \left(\frac{A(k_2 - b_2) + b_3 + b_1}{k_1B} + \frac{(Ab_2 - b_1)(D_0 + D_1) + D_0}{k_1B\mu_1(S_1^*)} \right) = H_i(S_1^*).$$

Par conséquent, (S_1^*, S^*) vérifient (3.26).

La fonction $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$ peut s'écrire sous la forme :

$$H_i(S_1) = G(S_1) + \frac{A}{B} \left[S_{2in} - S_2^{i*} + (k_2\mu_1(S_1) + b_2\mu(S)) \frac{S_{1in} - S_1}{k_1\mu_1(S_1)} \right].$$

Pour que X_2^{i*} , $i = 1, 2$ soit positive, il faut que :

$$S_{2in} - S_2^{i*} + (k_2\mu_1(S_1^*) + b_2\mu(S^*)) \frac{S_{1in} - S_1^*}{k_1\mu_1(S_1^*)} > 0,$$

ce qui équivaut à :

$$H_i(S_1^*) > G(S_1^*), \quad i = 1, 2.$$

□

Les équilibres du système AM2b (3.5)-(3.9) sont résumés par le diagramme de la figure 3.3.

3.4 Détermination graphique des équilibres

3.4.1 Approche utilisée

Dans cette section, nous proposons une approche graphique pour déterminer les équilibres du système (3.5)-(3.9). Notre démarche consiste à :

- représenter dans le plan (S_1, S) les graphes de $F(S)$, $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$, ($i = 1, 2$),

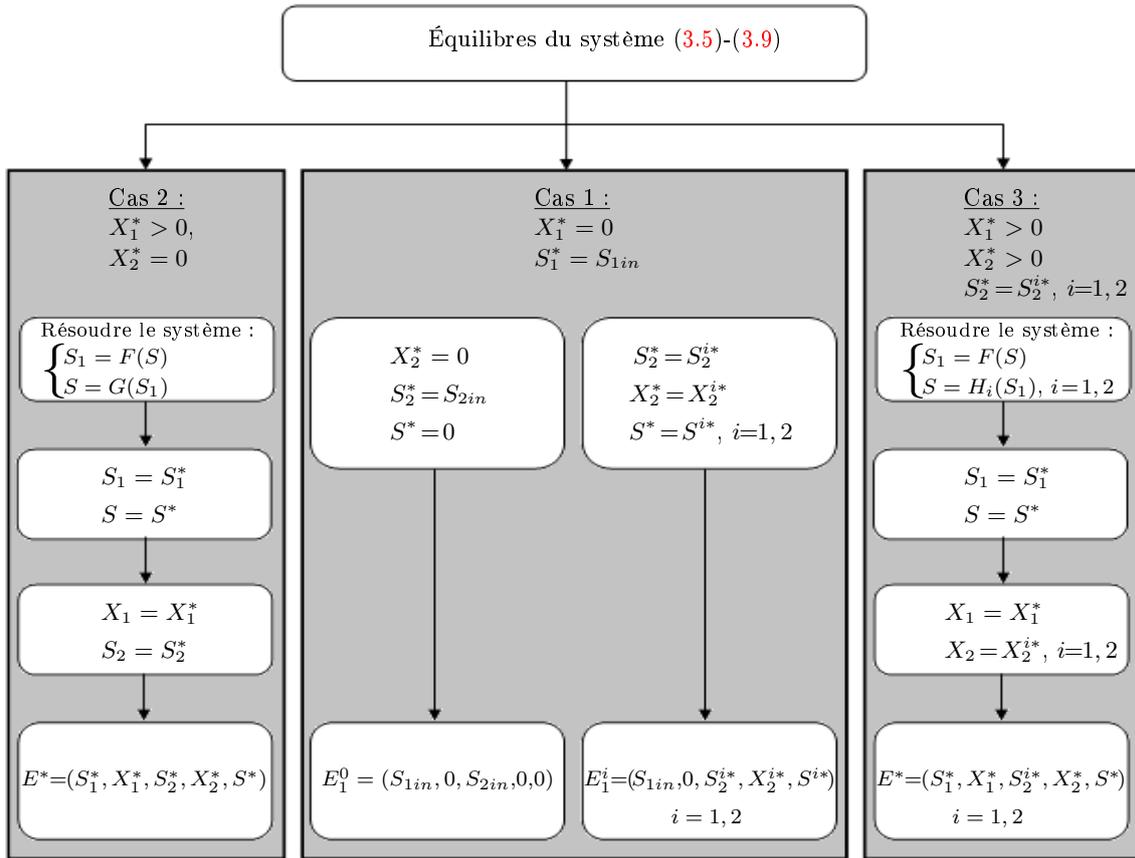


FIGURE 3.3 – Diagramme résumant les équilibres du système AM2b (3.5)-(3.9).

- varier la valeur d’un paramètre “*influent*” du modèle AM2b et étudier les conséquences qualitatives sur le comportement de ce dernier. Le paramètre choisi est le taux de croissance maximum m de la cinétique $\mu(S)$ (voir l’hypothèse 3.1, section 3.3.4),
- calculer les valeurs des équilibres obtenus suite aux intersections du graphe F avec les graphes de G et H_i pour un jeu de paramètres donné. Ces valeurs S_1^* et S^* doivent être positives, et satisfaire les conditions (3.23) et (3.30).
- analyser d’éventuelles bifurcations des équilibres suite à la variation de m sous différentes conditions de fonctionnement.

Avant de représenter les graphes $F(S)$, $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$, introduisons les inégalités suivantes afin de respecter certaines contraintes biologiques des schémas réactionnels (3.1)-(3.3).

- Les quantités des biomasses produites et des produits obtenus par les réactions biologiques, sont toujours inférieures ou égales à la quantité des substrats dégradés :

$$k_3 \geq 1 + b_4, \quad (3.31)$$

$$b_1 \geq 1 + b_2. \quad (3.32)$$

- La quantité de S_2 produite par unité de temps à partir de S_1 est supérieure à la quantité produite à partir de S :

$$k_2 > b_2. \quad (3.33)$$

De plus, nous pouvons déduire les inégalités suivantes :

– De (3.31), on a :

$$\begin{aligned} k_3(D_0 + D_1) &\geq (1 + b_4)(D_0 + D_1) \\ &> b_4(D_0 + D_1) + D_0, \end{aligned}$$

d'où :

$$\frac{b_4(D_0 + D_1) + D_0}{k_3(D_0 + D_1)} = A < 1. \quad (3.34)$$

La quantité A représente un rendement biologique. C'est la quantité des SMP produite à partir de la dégradation de S_2 et de la lyse de X_2 par rapport à la quantité de S_2 dégradée par X_2 . Ce rendement est inférieure à 1 et respecte le principe de conservation de la matière.

– De (3.22), on remarque que :

$$B_1 > 0. \quad (3.35)$$

– Puisque $b_1 > 1$ selon (3.32), alors on a :

$$D_0 b_1 > D_0 \Rightarrow D_0 - b_1 D_0 - b_1 D_1 < 0.$$

En divisant par $k_1 B$, on obtient :

$$\frac{D_0 - b_1(D_0 + D_1)}{k_1 B} = B_2 < 0. \quad (3.36)$$

– A partir de (3.33), on peut obtenir :

$$C_2 = \frac{A(k_2 - b_2) + b_3 + b_1}{k_1 B} > 0. \quad (3.37)$$

– De (3.32) on a $b_2 - b_1 \leq -1$ et puisque $A < 1$ selon (3.34), alors on a :

$$D_0(Ab_2 - b_1) < -D_0 \implies (D_0 + D_1)(Ab_2 - b_1) + D_0 < 0.$$

On divise par $k_1 B$ et on obtient :

$$C_3 = \frac{(D_0 + D_1)(Ab_2 - b_1) + D_0}{k_1 B} < 0. \quad (3.38)$$

La fonction $F(S)$ définie par (3.20) dépend de la cinétique $\mu(S)$, en particulier du taux de croissance maximum m . Elle change d'allure si ce paramètre change de valeur. Les fonctions $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$ définies respectivement par (3.21) et (3.27) ne dépendent pas de m . La forme de leur graphe respectif reste donc inchangée lorsque m varie. Toutefois, ces fonctions dépendent des valeurs des constantes (B_1, B_2) et (C_1, C_2, C_3) respectivement. Elles peuvent donc avoir plusieurs comportements selon les valeurs des paramètres biologiques et les conditions de fonctionnement.

3.4.2 Représentation graphique des fonctions

3.4.2.1 Représentation de la fonction $F(S)$

On rappelle que la fonction $F(S)$ est définie par : $F(S) = \mu_1^{-1}(D_0 + D_1 - \mu(S))$. Elle vérifie les propriétés suivantes :

$$\begin{aligned} F(0) &= \mu_1^{-1}(D_0 + D_1) = \lambda_1, \\ \lim_{S \rightarrow +\infty} F(S) &= \mu_1^{-1}(D_0 + D_1 - m) = \lambda_2. \end{aligned}$$

Si $m = 0$, alors pour tout S , $F(S) = \lambda_1$.

La dérivée $F'(S) = -\left[\left(\mu_1^{-1}\right)'(D_0 + D_1 - \mu(S))\right]\mu'(S)$ est négative. Donc la fonction $F(S)$ est une fonction décroissante comme montré sur la figure 3.4. Son graphe est :

- une droite verticale $F(S) = \lambda_1$ pour $m = 0$,
- une branche hyperbolique à gauche de λ_1 si $m \neq 0$.

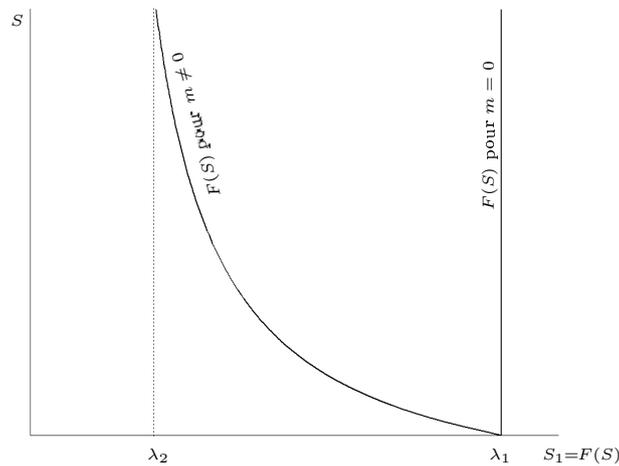


FIGURE 3.4 – Le graphe de la fonction $F(S)$

3.4.2.2 Représentation de la fonction $G(S_1)$

La fonction $G(S_1)$ est définie sur \mathbb{R}^{+*} . En considérant (3.35) et (3.36), ses limites aux bornes du domaine de définition s'écrivent alors :

$$\lim_{S_1 \rightarrow 0^+} G(S_1) = -\infty,$$

$$\lim_{S_1 \rightarrow +\infty} G(S_1) = \begin{cases} +\infty & \text{si } B_2 < -m_1 B_1, \\ -\infty & \text{si } B_2 > -m_1 B_1. \end{cases}$$

avec : $m_1 = \lim_{S_1 \rightarrow +\infty} \mu_1(S_1)$ (voir l'hypothèse 3.1).

La figure 3.5 représente le graphe de $G(S_1)$ quand $B_2 < -m_1 B_1$. Remarquons que, dans ce cas, tous les équilibres S_1^* obtenus par l'intersection du graphe de $F(S)$ avec le graphe de $G(S_1)$ ne vérifient pas la condition (3.23). Ce cas n'est donc pas retenu pour trouver les équilibres d'intérêt.

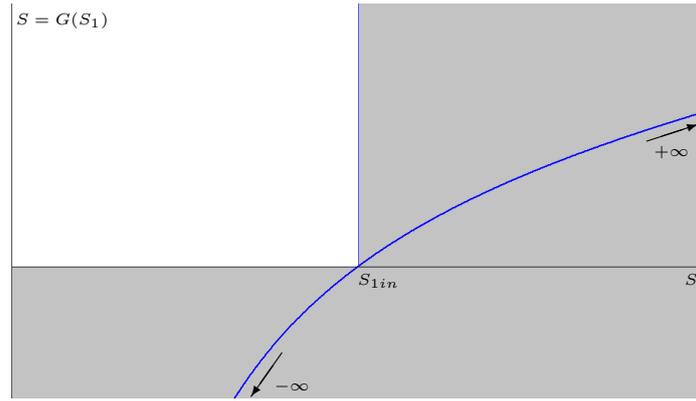


FIGURE 3.5 – Le graphe de la fonction $G(S_1)$ si $B_2 < -m_1 B_1$. La zone grise représente la zone où (3.23) n'est pas vérifiée et/ou $S < 0$.

Nous nous intéressons donc par la suite au cas où $B_2 > -m_1 B_1$. La fonction G est alors concave sur \mathbb{R}^{+*} comme montré sur la figure 3.6. Deux situations peuvent être distinguées par rapport au signe des valeurs de $G(S_1)$:

- La fonction $G(S_1)$ a des valeurs négatives pour tout $S_1 \in \mathbb{R}^{+*}$ (voir figure 3.9 à gauche). Ce cas n'est pas considéré car $F(s)$ ne croise jamais $G(S_1)$ dans \mathbb{R}^{+*} et donc, pas d'équilibres positifs S_1^* et S^* .
- La fonction $G(S_1)$ a des valeurs positives sur un certain intervalle de S_1 et présente un maximum S^M (voir figure 3.6). Dans ce cas et à partir de (3.21), nous remarquons que la fonction $G(S_1)$ peut s'annuler pour les deux valeurs :

$$S_1 = \mu_1^{-1} \left(\frac{-B_2}{B_1} \right) = \lambda_G \quad \text{et} \quad S_1 = S_{1in}.$$

Deux cas peuvent exister selon la position de S_{1in} par rapport à λ_G :

- Si $S_{1in} > \lambda_G$ (figure 3.6, gauche), alors les valeurs positives de S_1^* obtenues par l'intersection du graphe de F avec celui de G sont acceptées, car elles vérifient la condition (3.23).
- Si $S_{1in} < \lambda_G$ (figure 3.6, droite), alors toutes les valeurs positives de S_1^* obtenues par l'intersection des graphes de F et de G sont exclues, car elles ne vérifient pas la condition (3.23).

Pour la suite de notre étude, nous traitons le cas ($S_{1in} > \lambda_G$), où la fonction $G(S_1)$ est positive pour $S \in [\lambda_G, S_{1in}]$.

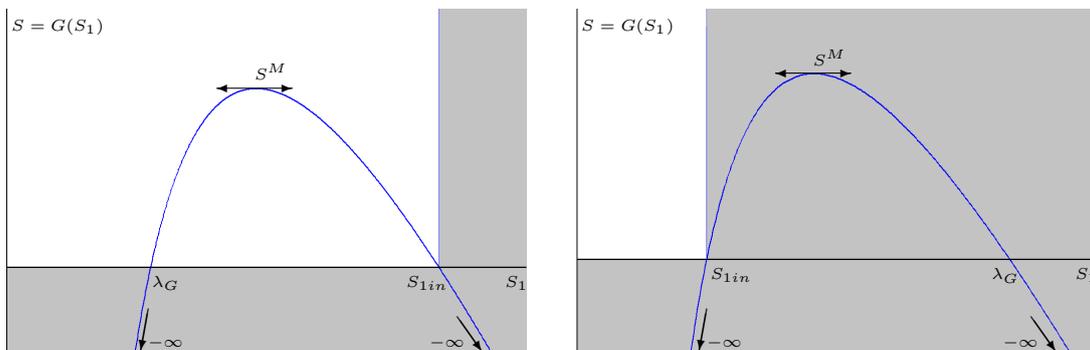


FIGURE 3.6 – Les positions possibles de S_{1in} par rapport à λ_G quand $G(S_1) = 0$.

3.4.2.3 Représentation des fonctions $H_i(S_1)$

Les fonctions $H_i(S_1)$ sont définies sur \mathbb{R}^{+*} et leurs limites dépendent des signes de C_2 et C_3 donnés par (3.37) et (3.38). Ainsi, les limites de $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$, aux bornes du domaine de définition sont :

$$\lim_{S_1 \rightarrow 0^+} H_i(S_1) = -\infty,$$

$$\lim_{S_1 \rightarrow +\infty} H_i(S_1) = \begin{cases} +\infty & \text{si } C_3 < -m_1 C_2, \\ -\infty & \text{si } C_3 > -m_1 C_2. \end{cases}$$

avec : $m_1 = \lim_{S_1 \rightarrow +\infty} \mu_1(S_1)$ (voir l'hypothèse 3.1).

Nous présentons sur la figure 3.7 les graphes de $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$, quand $C_3 < -m_1 C_2$. Les équilibres S_1^* obtenus par l'intersection de F avec H_i , peuvent ne pas respecter la condition (3.23).

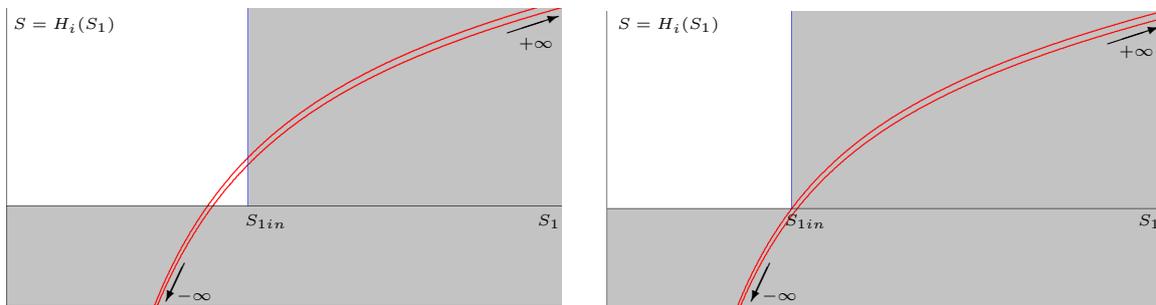


FIGURE 3.7 – Les graphes des fonctions $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$, si $C_3 < -m_1 C_2$. La zone grise représente la zone où $S_1 > S_{1in}$ et/ou $S < 0$.

Nous nous intéressons par la suite au cas $C_3 > -m_1 C_2$ où les fonctions H_i sont concaves sur leur domaine de définition \mathbb{R}^{+*} comme illustré par la figure 3.8. Deux cas peuvent se présenter par rapport au signe des valeurs des $H_i(S_1)$:

- Les fonctions $H_i(S_1)$ ont des valeurs négatives pour tout $S_1 \in \mathbb{R}^{+*}$ comme montré par la figure 3.9 à droite.
- Les fonctions $H_i(S_1)$ ont des valeurs positives pour certains intervalles de S_1 (voir figure 3.8). Dans ce cas, elles présentent respectivement des maximums S^{M1} et S^{M2} .

3.4.2.4 Quelques cas possibles des intersections des graphes

Selon les valeurs des paramètres biologiques et les conditions de fonctionnement du système, plusieurs comportements des fonctions $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$, sont possibles. Nous représentons à titre d'exemple sur la figure 3.10 quelques cas possibles. Remarquons par exemple sur la figure à droite, que le graphe de H_2 peut se trouver dans la zone grise au dessous du graphe de G . Dans ce cas, tout équilibre obtenu par l'intersection de F avec H_2 ne satisfait pas la condition (3.30).

Pour l'intersection du graphe de $F(S)$ avec les graphes de $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$, nous pouvons aussi envisager plusieurs cas (cf. la figure 3.11).

Les figures 3.5-3.11 sont obtenues pour les valeurs des paramètres du tableau 3.3, sauf pour les valeurs de m_1 , K_1 , S_{1in} , S_{2in} , D_1 et K_i , qui sont choisies comme dans le tableau 3.1 :

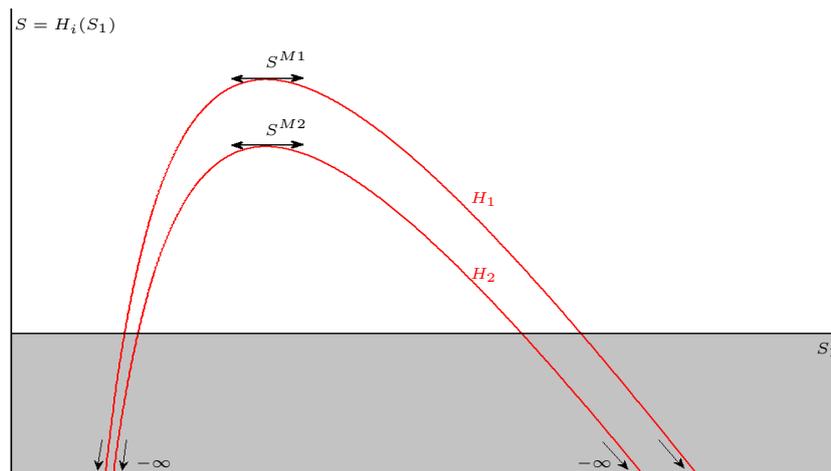


FIGURE 3.8 – Les graphes des fonctions $H_i(S_1)$ si $C_3 > -m_1 C_2$.

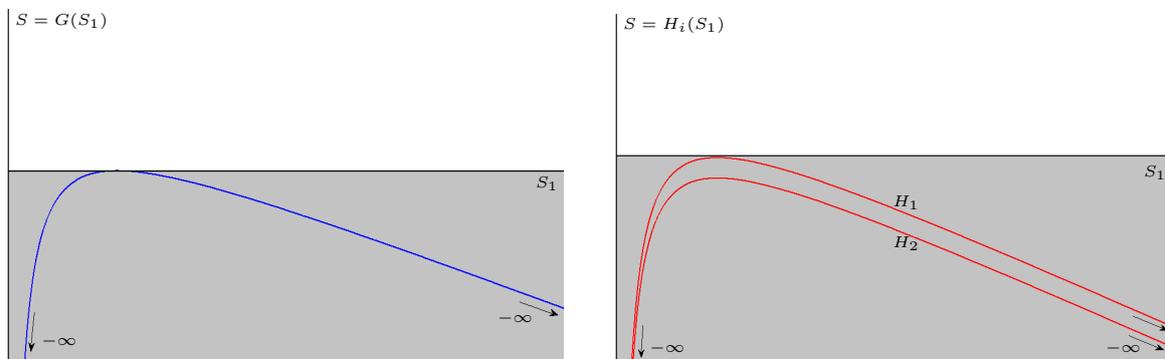


FIGURE 3.9 – A gauche : Le graphe de la fonction $G(S_1) < 0$. A droite : Les graphes des fonctions $H_i(S_1) < 0$.

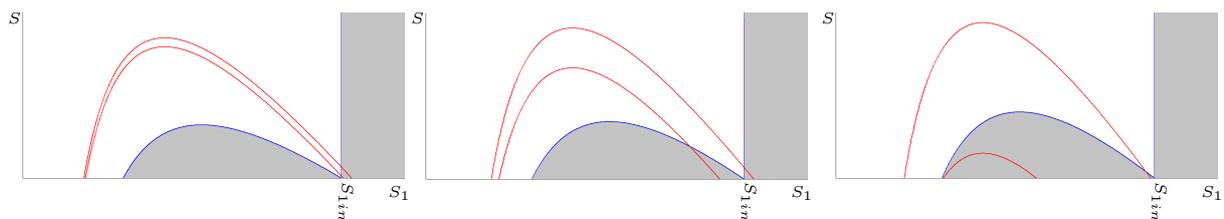


FIGURE 3.10 – Différents comportements de $G(S_1)$ (en bleu) et $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$ (en rouge).

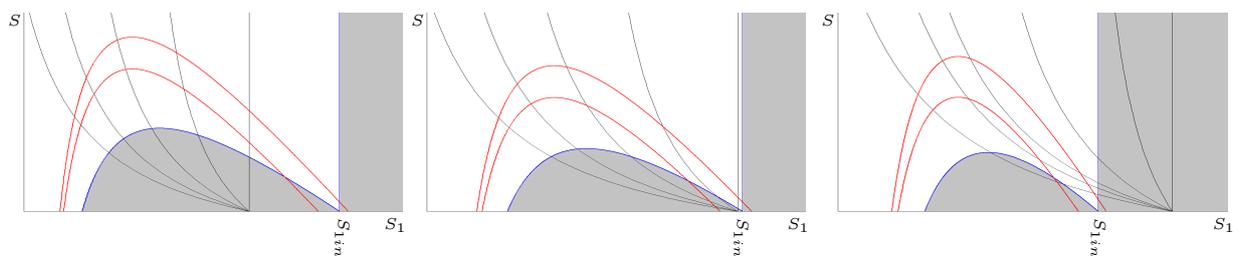


FIGURE 3.11 – Différents situations d'intersection de $F(S)$ (en noir) avec $G(S_1)$ (en bleu) et $H_i(S_1)$, $i = 1, 2$ (en rouge).

TABLE 3.1 – Valeurs de m_1 , K_1 , S_{1in} , S_{2in} , D_1 et K_i , pour lesquelles les figures 3.5-3.11 sont obtenues.

Figure	Valeurs des paramètres					
	m_1	K_1	S_{1in}	S_{2in}	D_1	K_i
3.5	0.1	18	10	0.6	0.25	0.9
3.6, gauche	1.2	18	10	0.6	0.25	0.9
3.6, droite	1.2	18	1	0.6	0.25	0.9
3.7, gauche	0.1	18	10	10	0.25	0.9
3.7, droite	0.1	18	10	0	0.25	0.9
3.8	1.5	18	10	0.6	0.25	0.9
3.9, gauche	1.5	18	2	0	0.15	0.9
3.9, droite	1.5	18	2	0	0.25	0.9
3.10, gauche	1.2	18	15	1	0.4	0.9
3.10, centre	1.2	18	10	0.6	0.25	0.9
3.10, droite	1.2	18	10	0	0.25	2.25
3.11, gauche	1.2	10	10	0.6	0.25	0.9
3.11, centre	1.2	13.8	10	0.6	0.25	0.9
3.11, droite	1.2	18	10	0.6	0.25	0.9

Dans la section suivante, nous considérons trois cas particuliers qui présentent un intérêt pratique et nous étudions le comportement du système vis-à-vis des variations de la valeur du taux de croissance maximal de la biomasse acidogène sur les SMP.

3.4.3 Étude de quelques cas génériques de la détermination graphique des équilibres

Pour illustrer notre approche, nous analysons dans cette section trois cas génériques représentés par les figures 3.12, 3.13 et 3.14. Nous caractérisons le nombre et la nature des équilibres en fonction du paramètre de bifurcation m . Ces figures sont obtenues avec les valeurs des paramètres biologiques du tableau 3.3 et les fonctions μ_1 et μ de loi Monod et μ_2 de loi Haldane :

$$\mu_1(S_1) = m_1 \frac{S_1}{S_1 + K_1}, \quad \mu(S) = m \frac{S}{S + K}, \quad \mu_2(S_2) = m_2 \frac{S_2}{\frac{S_2^2}{K_i} + S_2 + K_2},$$

qui vérifient les caractéristiques de l'hypothèse 3.1.

Les valeurs des paramètres de la partie du modèle sans SMP (le modèle initial AM2), sont égales ou proches (en utilisant les écarts types) aux valeurs AMOCO proposées dans [Ber01c] et rapportées dans le tableau 2.1 du chapitre 2. Les valeurs de k_2 , k_3 , K_2 et K_I de ce dernier tableau sont redimensionnées de $[mmol/g]$ en $[g/g]$, en considérant que la composante majoritaire des AGV (S_2) est l'acétate ou l'acide acétique CH_3COOH de masse molaire $60g/mol$. Autrement dit, $1 mol$ de S_2 donne $60g$ de S_2 . Les valeurs converties sont rapportées dans le tableau 3.2.

Les autres paramètres biologiques b_1 , b_2 , b_3 et b_4 de la partie modélisant les SMP, ont des valeurs satisfaisant les inégalités (3.31), (3.32) et (3.33) et sont choisies tels que :

- $b_1 < k_1$: S est lentement dégradé par rapport à S_1 .
- $b_3 < k_2$: la quantité de S_1 convertie en S_2 est plus grande que celle transformée en S .

TABLE 3.2 – Valeurs converties des paramètres AMOCO

Paramètres	Valeurs AMOCO		Valeurs converties = 60 * Valeurs AMOCO	
\bar{k}_2	250	[mmol/g]	15	[g/g]
\bar{k}_3	268	[mmol/g]	16.08	[g/g]
\bar{K}_2	5	[mmol/l]	0.3	[g/l]
\bar{K}_I	15	[mmol/l]	0.9	[g/l]

- $b_4 < k_1, k_2, k_3$: la quantité de S_2 convertie en S est faible par rapport aux autres quantités produites ou dégradées.

On choisit les unités de :

- tous les coefficients stœchiométriques (ou rendements) en [g/g],
- toutes les concentrations et les constantes de demi-saturation et d'inhibition en [g/l],
- tous les taux de dilution, les taux de mortalité et de croissance maximale en [1/j].

TABLE 3.3 – Valeurs des paramètres du modèle AM2b

Paramètres	Valeurs		Paramètres	Valeurs		Paramètres	Valeurs	
m_1	1.2	[1/j]	β	0.6		b_2	0.6	[g/g]
K_1	10, 16 ou 18	[g/l]	k_1	25	[g/g]	b_3	7	[g/g]
m_2	1.5	[1/j]	\bar{k}_2	15	[g/g]	b_4	5	[g/g]
\bar{K}_2	0.3	[g/l]	\bar{k}_3	16.08	[g/g]	m	varie	[1/j]
\bar{K}_I	0.9	[g/l]	b_1	5	[g/g]	K	3	[g/l]
D	1	[1/j]	D_0	0.25	[1/j]	D_1	0.4 ou 0.25	[1/j]
S_{1in}	15 ou 10	[g/l]	S_{2in}	1 ou 0.6	[g/l]			

Trois cas génériques sont considérés selon les valeurs des paramètres K_1 , S_{1in} , S_{2in} et D_1 :

- **Cas générique 1**, $K_1 = 10$, $S_{1in} = 15$, $S_{2in} = 1$ et $D_1 = 0.4$, (voir la figure 3.12) :

$$\lambda_1 < S_{1in} < \lambda_2^1 < \lambda_1^1,$$

avec λ_1^1 et λ_2^1 les plus grandes valeurs de S_1 telles que $H_1(\lambda_1^1) = 0$ et $H_2(\lambda_2^1) = 0$ respectivement.

- **Cas générique 2**, $K_1 = 16$, $S_{1in} = 15$, $S_{2in} = 1$ et $D_1 = 0.4$, (voir la figure 3.13) :

$$S_{1in} < \lambda_2^1 < \lambda_1^1 < \lambda_1.$$

- **Cas générique 3**, $K_1 = 18$, $S_{1in} = 10$, $S_{2in} = 0.6$ et $D_1 = 0.25$, (voir la figure 3.14) :

$$\lambda_2^1 < S_{1in} < \lambda_1^1 < \lambda_1.$$

Dans les trois cas, nous varions la valeur du paramètre de bifurcation m afin d'analyser le comportement du modèle AM2b et de le comparer avec le modèle AM2. Nous colorons en gris les zones où la condition (3.23) et/ou la condition (3.30) n'est pas satisfaite. En conséquence, toute intersection de $F(S)$ avec $H_1(S_1)$ ou $H_2(S_1)$ dans ces zones n'est pas considérée.

Remarquons que le graphe de $F(S)$ peut croiser une fois (voir la figure 3.12), ou zéro ou deux fois (voir les figures 3.14 et 3.13) les graphes de $G(S_1)$, $H_1(S_1)$ ou $H_2(S_1)$. Nous utilisons les notations suivantes pour les équilibres possibles obtenus dans les trois cas.

- E_{2j}^0 : les équilibres donnés par l'intersection du graphe de $F(S)$ avec le graphe de $G(S_1)$, $j = 1, 2$,
- E_{2j}^1 : les équilibres donnés par l'intersection du graphe de $F(S)$ avec le graphe de $H_1(S_1)$, $j = 1, 2$,
- E_{2j}^2 : les équilibres donnés par l'intersection du graphe de $F(S)$ avec le graphe de $H_2(S_1)$, $j = 1, 2$.

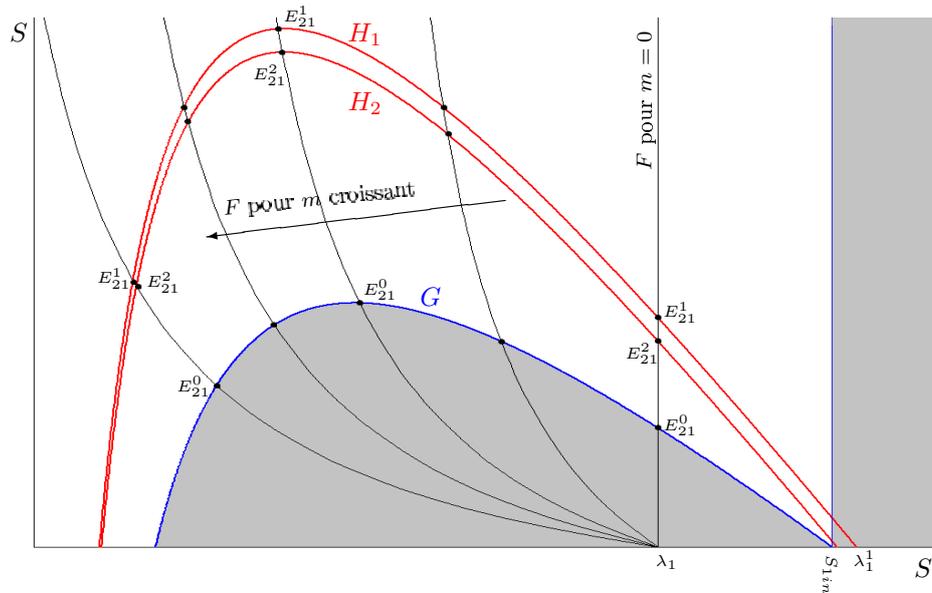


FIGURE 3.12 – L'intersection du graphe de $F(S)$ avec les graphes $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$ dans le cas 1.

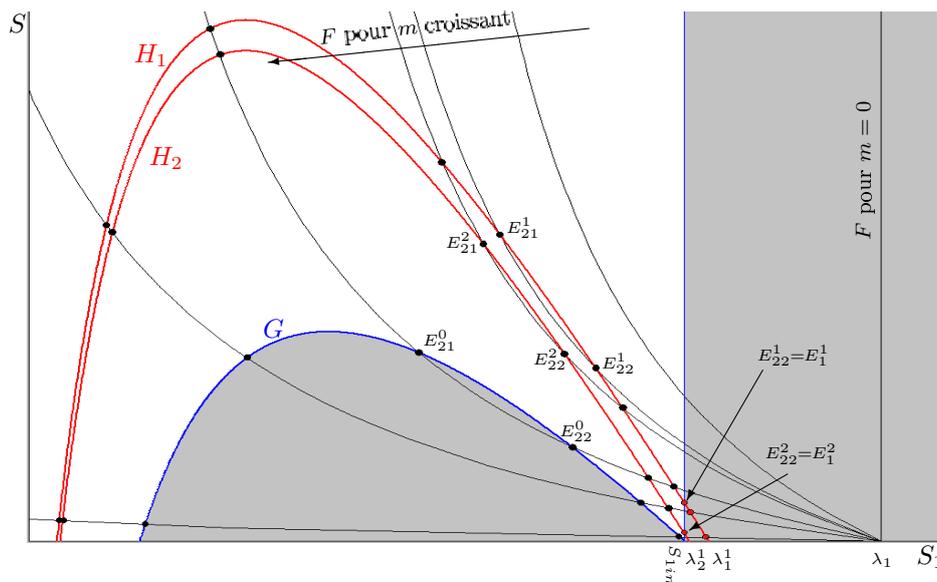


FIGURE 3.13 – L'intersection du graphe de $F(S)$ avec les graphes $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$ dans le cas 2.

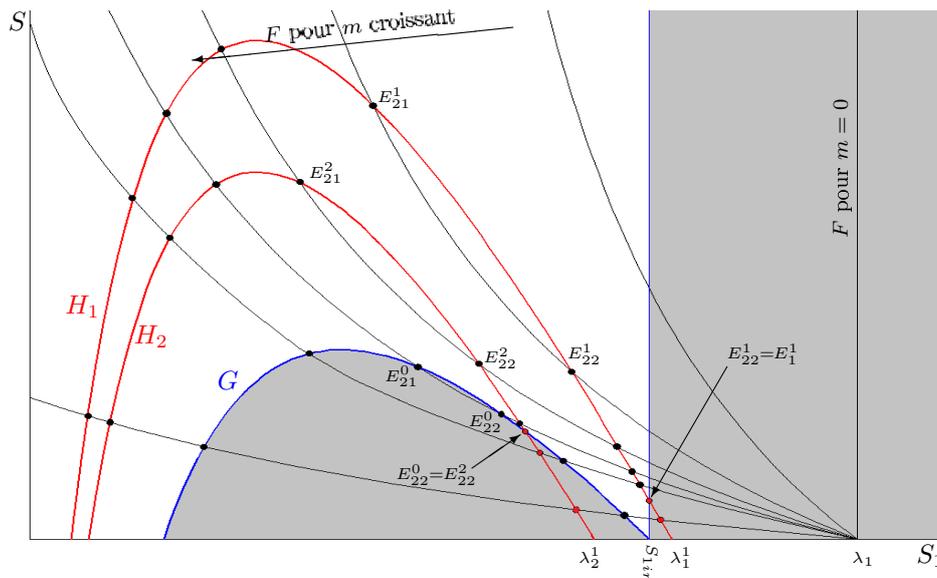


FIGURE 3.14 – L'intersection du graphe de $F(S)$ avec les graphes $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$ dans le cas 3.

3.4.3.1 Cas générique 1 : Pas de bifurcation d'équilibres du modèle AM2b

Comme nous pouvons le noter à partir de l'examen de la figure 3.12, trois équilibres E_{21}^0 , E_{21}^1 et E_{21}^2 sont obtenus par l'intersection de F avec G , H_1 et H_2 quelle que soit la valeur de m . Ces équilibres sont représentés par la figure 3.16, auxquels nous ajoutons les équilibres triviaux E_0^0 , E_1^1 et E_1^2 , caractérisés par le lemme 3.1 et représentés par la figure 3.15. Ces derniers équilibres existent si et seulement si la condition (3.18) est vérifiée. Le système peut avoir au plus six équilibres donnés par le théorème 3.1, où T signifie *Équilibres Triviaux*, $F \cap H_1$, $F \cap H_2$ et $F \cap G$ signifient *Équilibres obtenus par l'intersection de F avec H_1 , H_2 et G respectivement* et S et I signifient *Stable* et *Instable* respectivement.

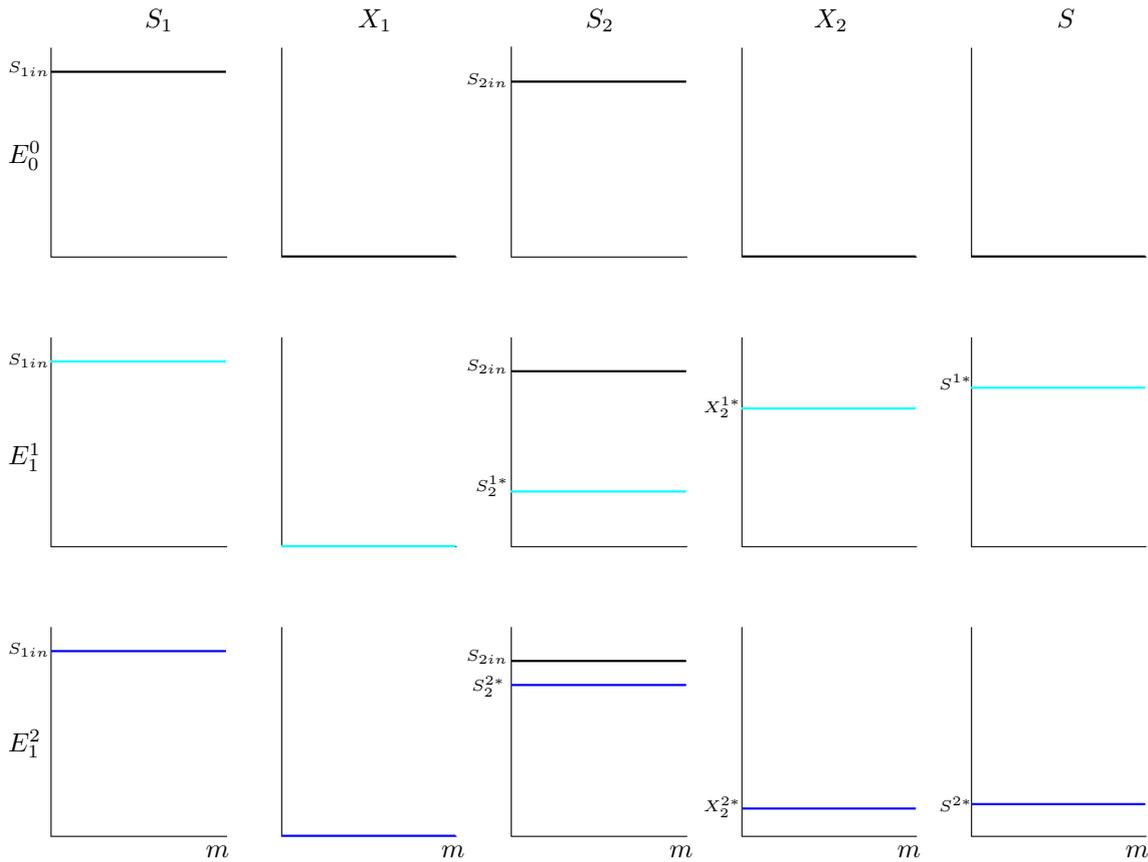


FIGURE 3.15 – Les équilibres E_0^0 (en noir), E_1^1 (en cyan) et E_1^2 (en bleu) dans le cas 1.

Théorème 3.1. : *Supposons que $S_2^{1*} < S_2^{2*} < S_{2in}$. Les équilibres et leur nature sont donnés par le tableau suivant :*

TABLE 3.4 – Les équilibres et leur nature dans le cas générique 1 (cf. figure 3.12.)

cas 1	Équilibres et natures					
	T			$F \cap G$	$F \cap H_1$	$F \cap H_2$
	E_0^0	E_1^1	E_1^2	E_{21}^0	E_{21}^1	E_{21}^2
$m \geq 0$	I	I	I	S	S	I

Démonstration. La nature de stabilité des équilibres est prouvée par calcul numérique des valeurs propres du système (3.5)-(3.9) autour de chacun de ses équilibres.

Nous représentons sur la figure 3.17 les parties réelles (notées $Re(Vp)$) des valeurs propres des équilibres en fonction de m . Pour chaque équilibre, nous avons cinq valeurs propres représentées par différentes couleurs. Toutes les valeurs propres de E_{21}^0 et E_{21}^1 sont négatives pour tout m . Par conséquent, ces équilibres sont localement stables. Les valeurs propres de E_{21}^2 qui sont représentées en rouge et bleu sont positives. Donc, cet équilibre est instable. Sur les figures à gauche, nous représentons les valeurs propres des équilibres triviaux E_0^0 , E_1^1 et E_1^2 , qui sont instables du moment où chacun possède au moins une valeur propre positive. \square

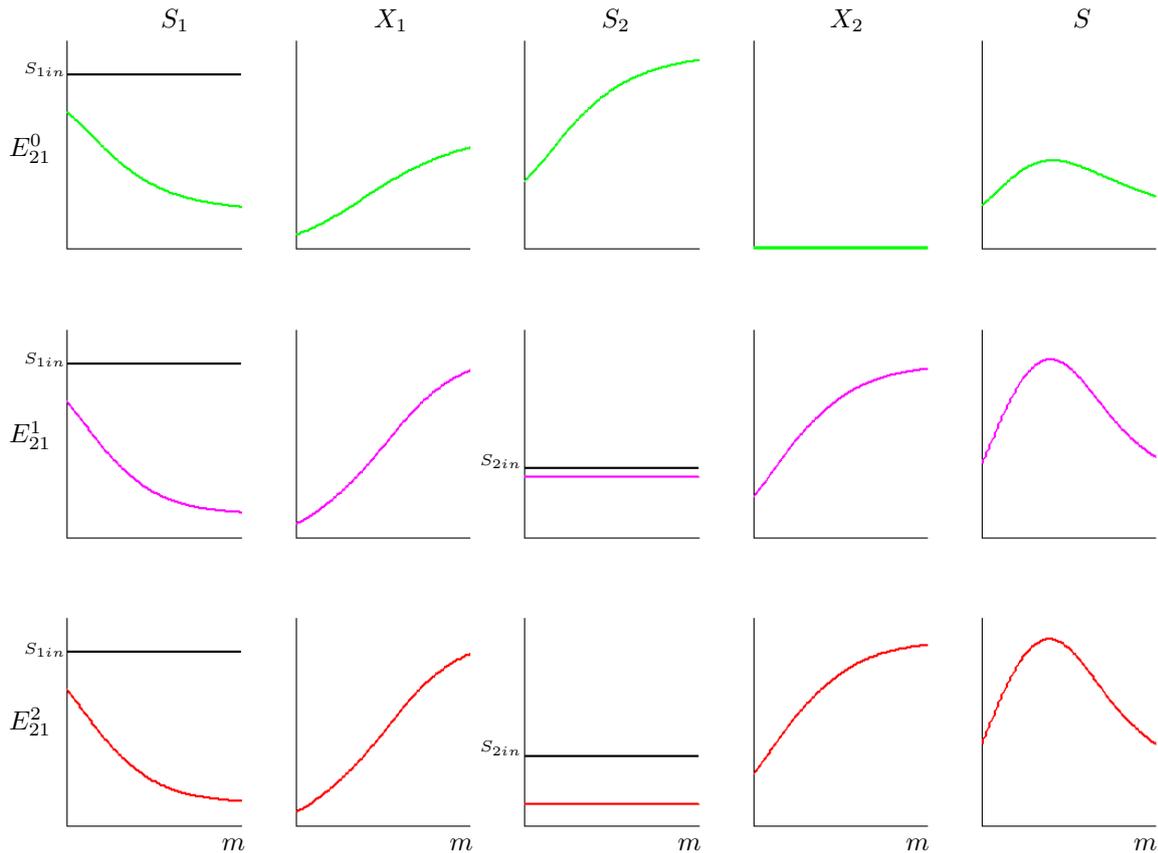


FIGURE 3.16 – Les équilibres E_{21}^0 (vert), E_{21}^1 (rouge) et E_{21}^2 (magenta) dans le cas 1.

Ces résultats de simulation montrent que dans les conditions opérationnels du cas générique 1, le système AM2b possède le même nombre d'équilibres que le système original AM2. De plus, ils sont de même nature, au nombre de six dont deux sont localement stables (fonctionnement en bistabilité). Seules les valeurs de E_{21}^0 , E_{21}^1 et E_{21}^2 changent avec m comme illustré sur la figure 3.16.

3.4.3.2 Cas générique 2 : premier exemple de bifurcation d'équilibres du modèle AM2b

Ce cas est représenté par la figure 3.13. Si $m = 0$, alors il n'y a pas d'intersection du graphe de F avec les graphes de G , H_1 et H_2 . Par conséquent, il n'y a pas d'équilibres hors les équilibres de lessivage E_0^0 , E_1^1 et E_2^2 représentés déjà par la figure 3.15. Ils ne dépendent pas de m et ils existent si et seulement si la condition (3.18) est vérifiée.

Si la valeur de m augmente continuellement, alors le graphe de F croise d'abord le graphe de H_1 , puis le graphe de H_2 et finalement le graphe de G comme illustré par la figure 3.18. Nous utilisons par la suite les notations suivantes pour les valeurs de m donnant ces intersections :

- $m = m_{c1}$: la valeur de m pour laquelle F croise H_1 ,
- $m = m_{c2}$: la valeur de m pour laquelle F croise H_2 ,
- $m = m_{c3}$: la valeur de m pour laquelle F croise G ,
- $m = m_{c4}$: la valeur de m au-delà de laquelle nous avons $S_{1in} = S_1^*$ pour E_{22}^1 (la condition (3.23) est dorénavant non satisfaite et donc E_{22}^1 passe dans la zone grisée),

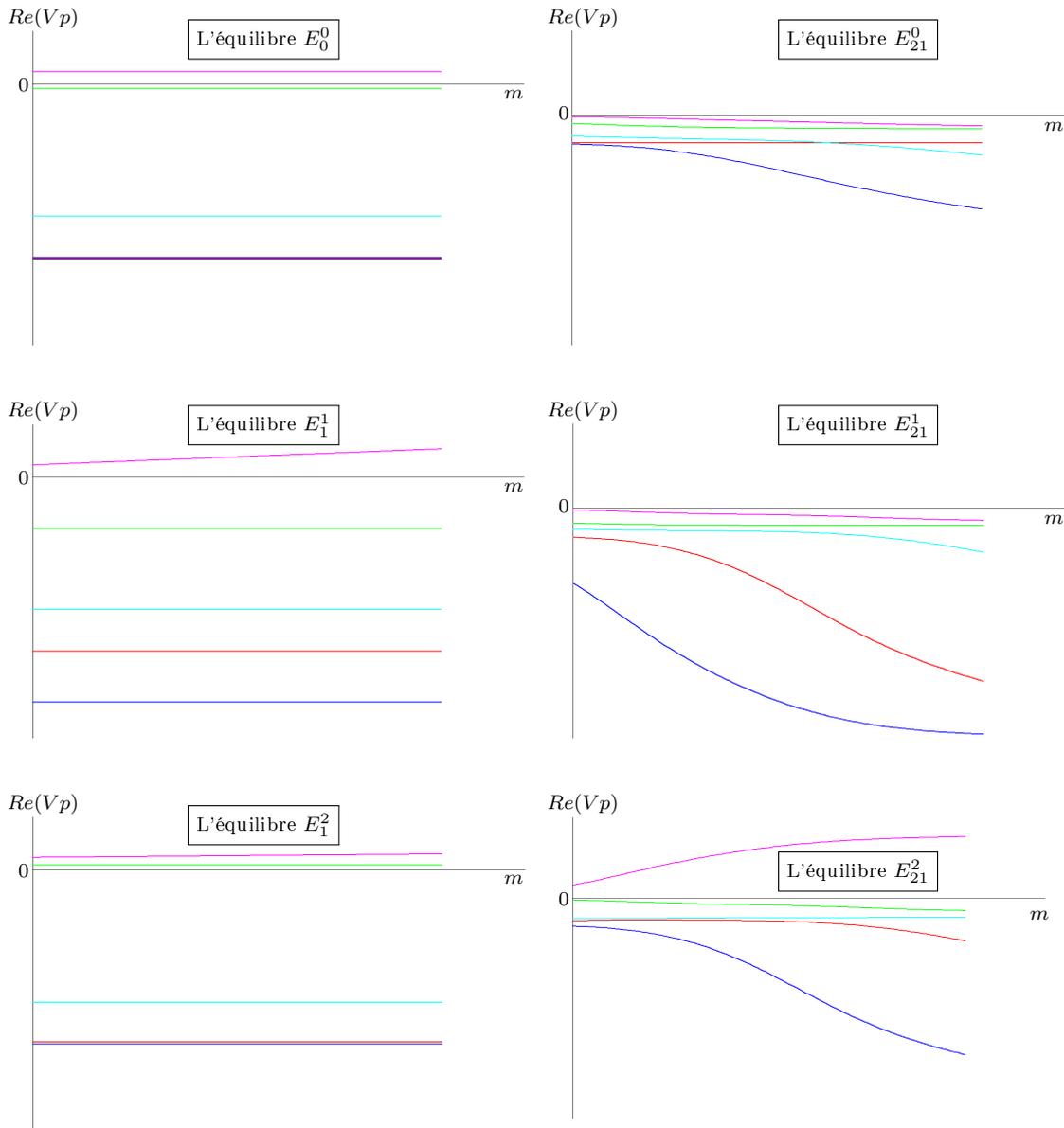


FIGURE 3.17 – Les valeurs propres du système (3.5)-(3.9) linéarisé autour de ses équilibres dans le cas 1.

- $m = m_{c5}$: la valeur de m au-delà de laquelle nous avons $S_{1in} = S_1^*$ pour E_{22}^2 (la condition (3.23) est dorénavant non satisfaite et donc E_{22}^2 passe dans la zone grisée).

Chaque fois que la valeur de m dépasse m_{ci} , $i = 1..5$, nous avons une bifurcation d'équilibres. Par conséquent, le système AM2b peut acquérir de nouveaux équilibres ou perdre des équilibres. Plus précisément, nous donnons dans le théorème 3.2 le nombre d'équilibres et leur nature en fonction des valeurs de m . Le symbole T signifie *Équilibres Triviaux*. $F \cap H_1$, $F \cap H_2$ et $F \cap G$ signifient *Équilibres obtenus par l'intersection de F avec H_1 , H_2 et G respectivement* et S et I signifient *Stable* et *Instable* respectivement. S'il n'y a pas de symbole, cela signifie que l'équilibre n'existe pas.

Théorème 3.2. : *Supposons que $S_2^{1*} < S_2^{2*} < S_{2in}$. Les équilibres et leur nature sont donnés par le tableau suivant.*

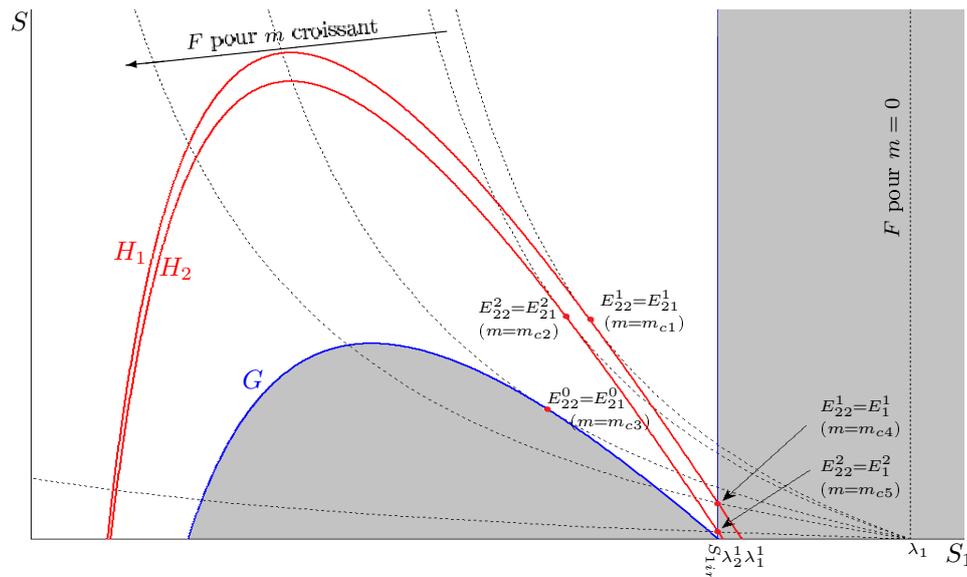


FIGURE 3.18 – Valeurs m_{ci} , $i = 1..5$ de m donnant bifurcation d'équilibres dans le cas générique 2.

TABLE 3.5 – Les équilibres et leur nature dans le cas générique 2 (cf. figure 3.13.)

cas 2	Condition	Équilibres et nature								
		T			$F \cap G$		$F \cap H_1$		$F \cap H_2$	
		E_0^0	E_1^1	E_1^2	E_{21}^0	E_{22}^0	E_{21}^1	E_{22}^1	E_{21}^2	E_{22}^2
2.1	$0 \leq m < m_{c1}$	S	S	I						
2.2	$m_{c1} < m < m_{c2}$	S	S	I			S	I		
2.3	$m_{c2} < m < m_{c3}$	S	S	I			S	I	I	I
2.4	$m_{c3} < m < m_{c4}$	S	S	I	S	I	S	I	I	I
2.5	$m_{c4} < m < m_{c5}$	S	I	I	S	I	S		I	I
2.6	$m_{c5} < m$	S	I	I	S	I	S		I	

Démonstration. : La nature de la stabilité des équilibres, est prouvée par calcul numérique des valeurs propres du système (3.5)-(3.9) autour de chacun de ses équilibres.

Nous représentons sur les figures 3.19 et 3.20 les parties réelles des valeurs propres (notées $Re(Vp)$) des équilibres en fonction de m . Autour de chaque équilibre, le système linéarisé possède cinq valeurs propres représentées en couleurs différentes. Elles ne sont représentées que pour des valeurs de m pour lesquelles leur équilibre existe. Par exemple, les valeurs propres de E_{22}^1 ne sont représentées que pour $m_{c1} \leq m \leq m_{c4}$.

Les équilibres E_0^0 , E_{21}^0 et E_{21}^1 sont toujours localement stables pour toutes les valeurs de m . Les équilibres E_1^2 , E_{22}^0 , E_{22}^1 , E_{21}^2 et E_{22}^2 sont toujours instables quelque soit la valeur de m , du moment où chacun d'eux a au moins une valeur propre positive. Tandis que l'équilibre E_1^1 est stable pour $m < m_{c4}$ et devient instable pour $m_{c4} < m$.

□

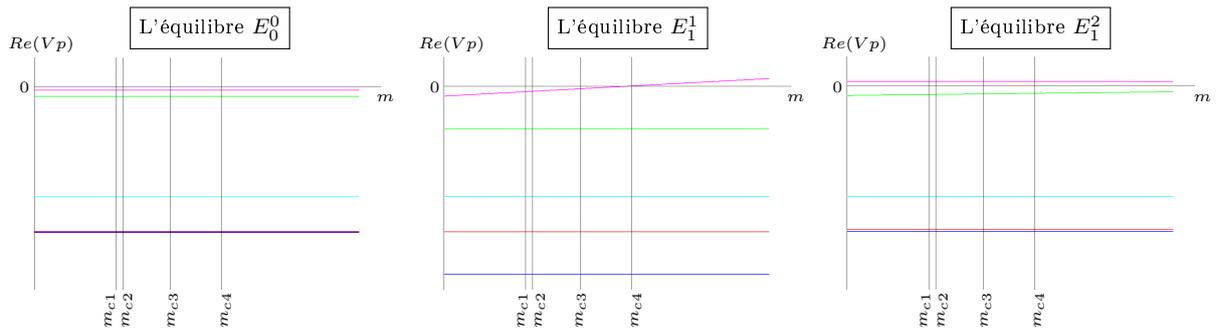


FIGURE 3.19 – Les valeurs propres du système (3.5)-(3.9) linéarisé autour des équilibres E_0^0 , E_1^1 et E_1^2 dans le cas 2.

Nous supposons que $S_2^{1*} < S_2^{2*} < S_{2in}$ pour avoir un comportement de bistabilité du système AM2b s'il n'y a pas d'intersection entre F et H_i et G comme montré par le cas 2.1 du tableau 3.5. Dans les cas 2.2, 2.3 et 2.4, le nombre d'équilibres du système augmente avec la valeur de m . Le système peut avoir jusqu'à neuf équilibres pour $m_{c3} < m < m_{c4}$, dont quatre sont stables (fonctionnement en quadri-stabilité). Toutefois, pour d'autres valeurs de m , le système peut perdre des équilibres comme le montrent les cas 2.5 et 2.6, où les équilibres E_{22}^1 et E_{22}^2 disparaissent, car la condition (3.23) n'est pas satisfaite. Pour $m > m_{c4}$, le système continue à fonctionner en tri-stabilité.

En conclusion, sous les conditions de fonctionnement du cas générique 2, le système AM2b présente un comportement qualitatif riche quand la valeur du paramètre de bifurcation m change comme illustré par la figure 3.23.

3.4.3.3 Cas générique 3 : deuxième exemple de bifurcation d'équilibres du modèle AM2b

Afin de montrer la richesse du comportement qualitatif du modèle AM2b, nous analysons le troisième cas générique représenté par la figure 3.14. Cette fois-ci, avec les valeurs utilisées des paramètres nous avons :

$$S_{2in} = 0.6, \quad S_2^{1*} = 0.1652, \quad S_2^{2*} = 1.6348$$

Comme $S_2^{2*} > S_{2in}$, alors la condition (3.18) n'est pas respectée pour l'équilibre E_1^2 . Le système n'a que deux équilibres triviaux E_0^0 et E_1^1 (cf. figure 3.15).

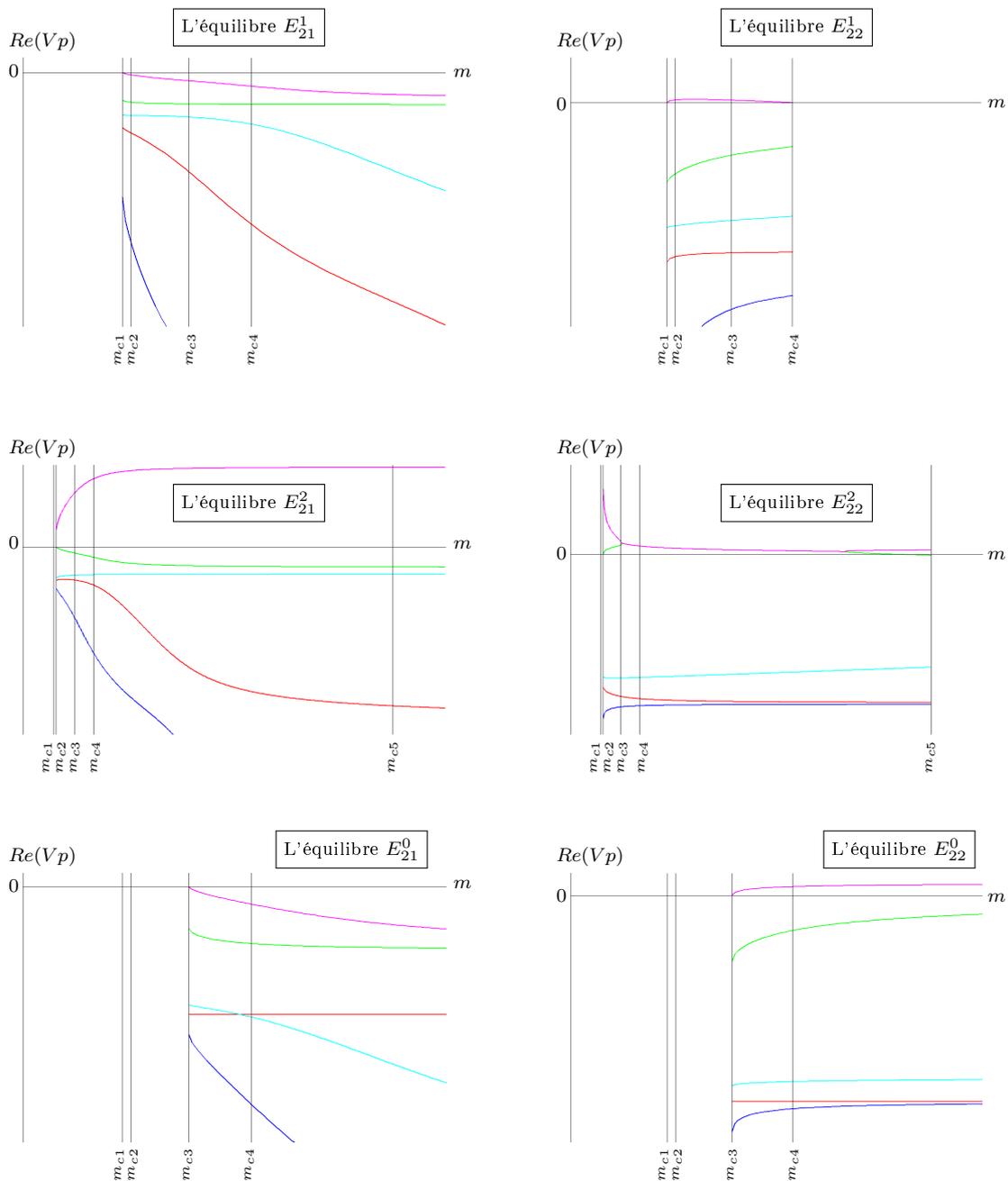


FIGURE 3.20 – Les valeurs propres du système (3.5)-(3.9) linéarisé autour de ses équilibres E_{2j}^1 , E_{2j}^2 et E_{2j}^0 , $j = 1, 2$ dans le cas 2. La valeur de bifurcation m_{c5} , pour laquelle la composante S_1^* de E_{22}^2 est égale à S_{1in} , n'est représentée que pour les équilibres E_{2j}^2 , $j = 1, 2$.

Pour les autres équilibres obtenus par l'intersection de $F(S)$ avec $G(S_1)$, $H_1(S_1)$ et $H_2(S_1)$, nous considérons les valeurs suivantes du paramètre de bifurcation m comme montré par la figure 3.22.

- $m = m_{c1}$: la valeur de m pour laquelle F croise H_1 ,
- $m = m_{c2}$: la valeur de m pour laquelle F croise H_2 ,
- $m = m_{c3}$: la valeur de m pour laquelle F croise G ,
- $m = m_{c4}$: la valeur de m au-delà de laquelle nous avons $H_2(S_1^*) < G(S_1^*)$ pour E_{22}^2 ,
- $m = m_{c5}$: la valeur de m au-delà de laquelle nous avons $S_{1in} = S_1^*$ pour E_{22}^1 .

Nous attirons l'attention dans ce cas sur une bifurcation importante correspondant à $m = m_{c4}$, où la fonction $H_2(S_1)$ devient inférieure à la fonction $G(S_1)$. Dorénavant, la condition (3.30) n'est pas

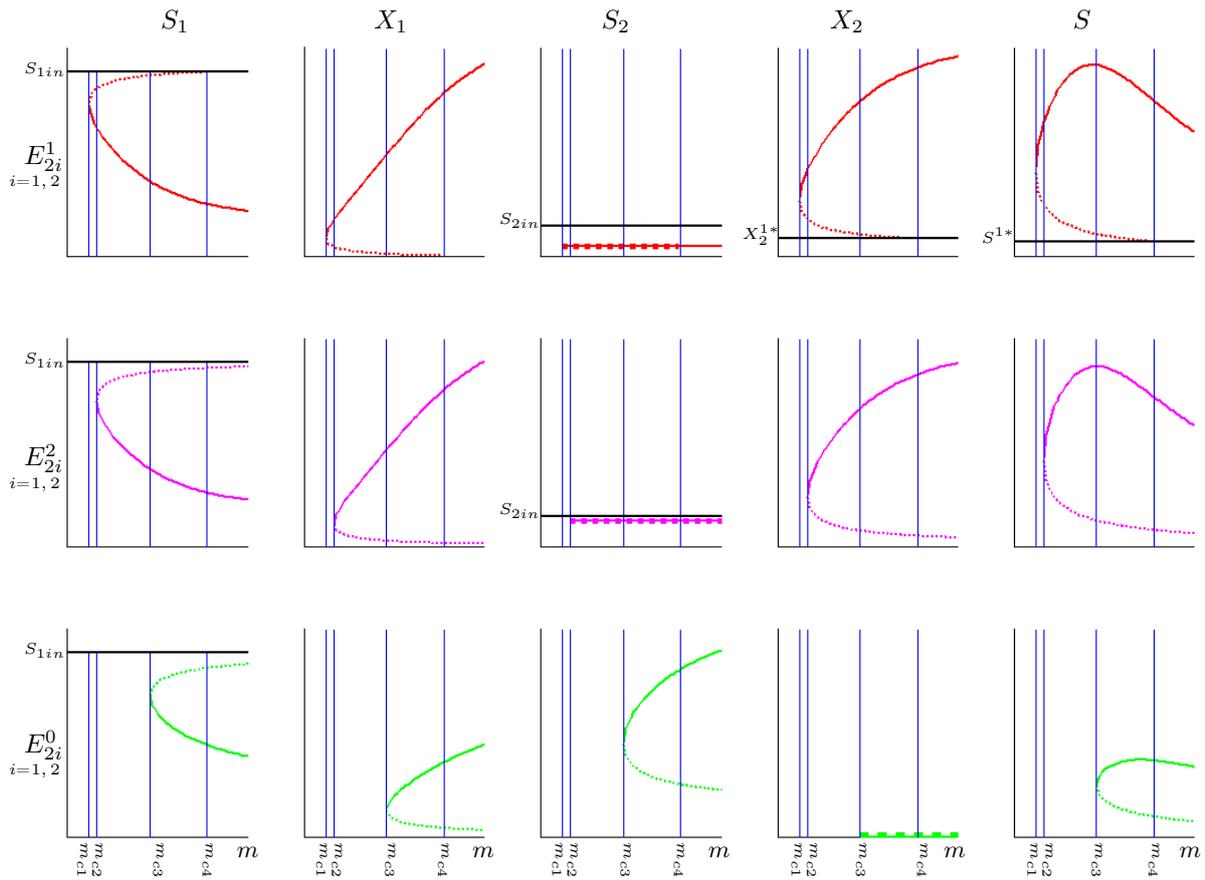


FIGURE 3.21 – Les équilibres E_{21}^1 (rouge continu), E_{21}^1 (rouge pointillé), E_{21}^2 (magenta continu), E_{22}^2 (magenta pointillé), E_{21}^0 (vert continu) et E_{22}^0 (vert pointillé) dans le cas 2. Les lignes verticaux correspondent aux valeurs de bifurcation m_{c1} , m_{c2} , m_{c3} et m_{c4} . La valeur de bifurcation m_{c5} , pour laquelle la composante S_1^* de E_{22}^2 est égale à S_{1in} , est assez grande et elle n'est pas montrée sur la figure.

satisfaite et l'équilibre E_{22}^2 disparaît dans la zone grise. A son tour, l'équilibre E_{22}^1 passe dans la zone grisée pour $m = m_{c5}$, car la condition (3.23) n'est plus vérifiée pour lui.

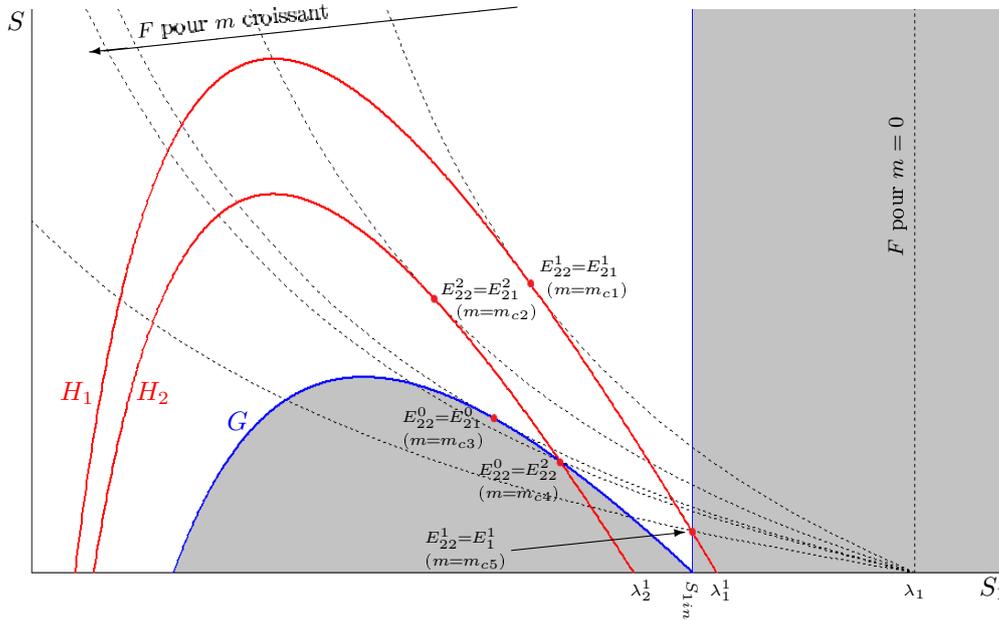


FIGURE 3.22 – Valeurs m_{ci} , $i = 1..5$ de m donnant bifurcation d'équilibres dans le cas générique 3.

Les équilibres du système et leur nature sont résumés par le théorème 3.3, où T signifie *Équilibres Triviaux*. $F \cap H_1$, $F \cap H_2$ et $F \cap G$ signifient *Équilibres obtenus par l'intersection de F avec H1, H2 et G* respectivement et S et I signifient *Stable* et *Instable* respectivement. S'il n'y a pas de symbole, cela signifie que l'équilibre n'existe pas.

Théorème 3.3. : Dans le cas générique 3, où $S_2^{1*} < S_{2in} < S_2^{2*}$, les équilibres et leur nature sont montrés dans le tableau ci-dessous.

TABLE 3.6 – Les équilibres et leur nature dans le cas générique 3 (cf. figure 3.14.)

cas 3	Condition	Équilibres et nature							
		T		$F \cap G$		$F \cap H_1$		$F \cap H_2$	
		E_0^0	E_1^1	E_{21}^0	E_{22}^0	E_{21}^1	E_{22}^1	E_{21}^2	E_{22}^2
3.1	$0 \leq m < m_{c1}$	I	S						
3.2	$m_{c1} < m < m_{c2}$	I	S			S	I		
3.3	$m_{c2} < m < m_{c3}$	I	S			S	I	I	I
3.4	$m_{c3} < m < m_{c4}$	I	S	S	I	S	I	I	I
3.5	$m_{c4} < m < m_{c5}$	I	S	S	I	S	I	I	
3.6	$m_{c5} < m$	I	I	S	I	S		I	

Démonstration. Comme pour les cas génériques 1 et 2, la stabilité des équilibres a été vérifiée par calcul numérique des valeurs propres du système linéarisé autour de chaque équilibre. \square

Les équilibre E_{2j}^1 , E_{2j}^2 et E_{2j}^0 , $j = 1, 2$ sont montrés par la figure 3.23. Le système peut avoir deux équilibres de lessivage E_0^0 et E_1^1 pour $m < m_{c1}$. Il peut par la suite gagner de nouveaux équilibres pour

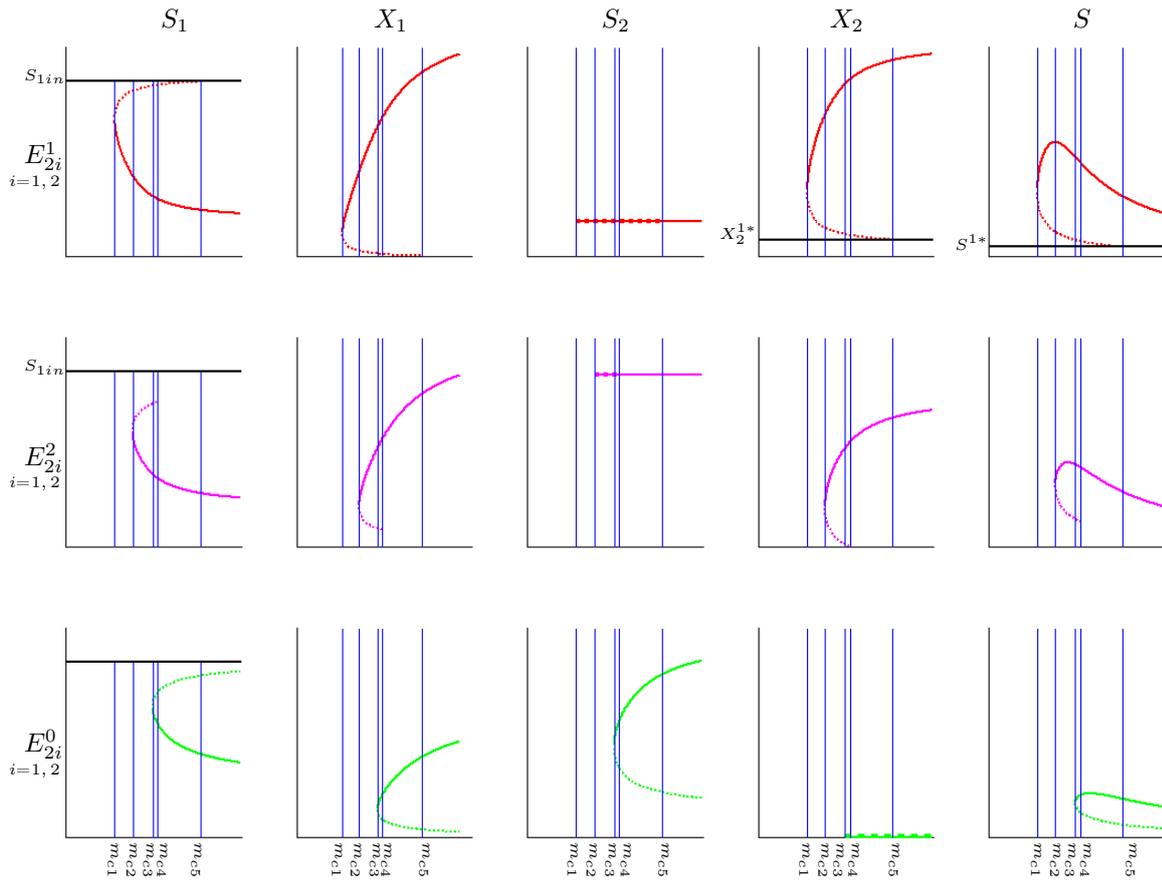


FIGURE 3.23 – Les équilibres E_{21}^1 (rouge continu), E_{22}^1 (rouge pointillé), E_{21}^2 (magenta continu), E_{22}^2 (magenta pointillé), E_{21}^0 (vert continu) et E_{22}^0 (vert pointillé) dans le cas 3.

$m_{c1} < m < m_{mc4}$. Remarquons que dans le cas 3.4 du tableau 3.6, il atteint 8 équilibres en tout et a un comportement de tri-stabilité (E_1^1 , E_{21}^0 et E_{21}^1 sont localement stables). Toutefois, il perd les deux équilibres E_{22}^2 et E_{22}^1 pour $m = m_{c4}$ et $m = m_{c5}$ respectivement.

3.5 Différences qualitatives entre le modèle AM2 et le modèle AM2b

Nous avons montré dans la section précédente que les modèles AM2 et AM2b, peuvent avoir des comportements qualitatifs différents selon les paramètres utilisés et les conditions de fonctionnement. Dans le modèle AM2, la valeur au régime permanent S_1^* n'est pas affectée par la concentration en entrée S_{1in} . C'est le cas aussi dans AM2b quand $m = 0$.

Quand m est différent de 0, la valeur de S_1^* change avec la valeur de S_{1in} . Plus précisément, S_1^* est une fonction décroissante de S_{1in} comme illustré par les figures 3.24 et 3.25. Sur la figure 3.24, nous représentons l'intersection de F avec H_1 pour $m = 0$ et $m = 0.1$ et pour $S_{1in} = 8$, $S_{1in} = 10$ et $S_{1in} = 15$. Sur la figure 3.25, nous traçons l'évolution de S_1^* en fonction de S_{1in} .

La différence qualitative importante entre les modèles AM2 et AM2b, peut être utilisée pour la validation de ce dernier sur des données réelles de la manière suivante. Supposons que l'on dispose de mesures expérimentales en régime permanent et que pour différentes valeurs de S_{1in} , nous avons différents

équilibres S_1^* . Alors le modèle AM2b est un candidat possible pour décrire ces données contrairement au modèle AM2.

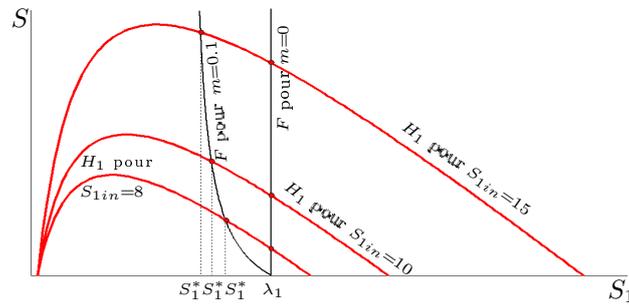


FIGURE 3.24 – Prédiction de l'équilibre S_1^* par le modèle AM2b quand S_{1in} change. Ici $K_1 = 10$, $S_2 = 0.6$, $D_1 = 0.25$, $m = 0 - 1$ et $S_{1in} = 8 - 10 - 15$. Les autres paramètres ont les valeurs du tableau 3.3.

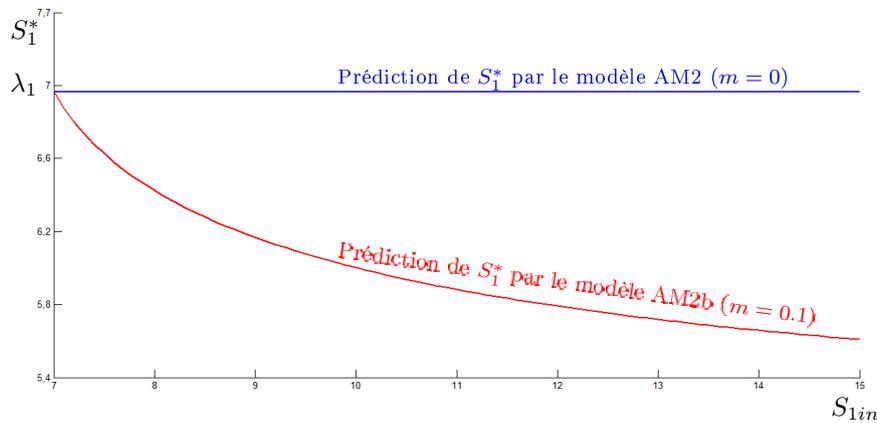


FIGURE 3.25 – Évolution de l'équilibre S_1^* en fonction de S_{1in} pour $m = 0$ et $m = 0.1$.

3.6 Synthèse de l'approche graphique utilisée

Nous présentons dans cette section, une synthèse de l'approche graphique utilisée pour déterminer les équilibres dans les différents cas génériques. Par souci de simplification, nous résumons cette synthèse aux points suivants :

1. Les équilibres du système (3.5)-(3.9) sont caractérisés par les lemmes 3.1, 3.2 et 3.3 pour $(X_1 = 0)$, $(X_1 > 0, X_2 = 0)$ et $(X_1 > 0, X_2 > 0)$ respectivement.
2. Pour déterminer graphiquement les équilibres dans les deux derniers cas, nous représentons dans le plan (S_1, S) les graphes des fonctions $F(S)$, $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$, $(i = 1, 2)$ dans les cas génériques 1, 2 ou 3, en faisant varier la valeur du paramètre de bifurcation m , qui est le taux de croissance maximum de X_1 sur S .
3. S'il y a des intersections du graphe de $F(S)$ avec les graphes de $H_i(S_1)$ et/ou de $G(S_1)$ ($\forall m \geq 0$), alors nous ne considérons que les équilibres S_1^* et S^* tels que $S_{1in} > S_1^* > 0$ et $S^* > 0$ satisfont la condition (3.30).

4. Nous calculons les valeurs des autres composantes X_1^* , X_2^* et S_2^* caractérisées par les lemmes 3.2 et 3.3 et nous étudions d'éventuelles bifurcations des équilibres.

Comme nous l'avons vu, plusieurs cas peuvent se présenter selon les conditions de fonctionnement considérées ou les valeurs utilisées des paramètres biologiques. Nous n'avons étudié dans ce chapitre que trois cas génériques :

1. Cas 1. Non bifurcation d'équilibres du modèle AM2b : le système a trois équilibres de lessivage E_0^0 , E_1^1 et E_1^2 et trois équilibres E_{21}^1 , E_{21}^2 et E_{21}^0 obtenus respectivement par l'intersection du graphe de $F(S)$ avec les graphes de $H_1(S_1)$, $H_2(S_1)$ et $G(S_1)$. Le système garde le nombre et la nature de ces équilibres $\forall m \geq 0$.
2. Cas 2. Bifurcation d'équilibres du modèle AM2b : Pour des valeurs croissantes de m , le comportement du système est riche et plusieurs bifurcations d'équilibres peuvent avoir lieu. Le système peut avoir jusqu'à neuf points d'équilibres E_0^0 , E_1^i , E_{2i}^1 , E_{2i}^2 et E_{2i}^0 , $i = 1, 2$. Pour certaines valeurs de m , on a la condition (3.23) qui n'est pas satisfaite et donc, le système perd des équilibres.
3. Cas 3. Bifurcation d'équilibres du modèle AM2b : Le système peut avoir deux équilibres de bord E_0^0 et E_1^1 (E_1^2 n'existe pas car la condition (3.18) n'est pas vérifiée pour S_2^{2*}) et six équilibres E_{2i}^1 , E_{2i}^2 et E_{2i}^0 , $i = 1, 2$ obtenus par l'intersection de $F(S)$ avec $G(S_1)$ et $H_i(S_1)$. Toutefois, il perd des équilibres par la suite car les conditions (3.23) et (3.30) ne sont pas satisfaites.

3.7 Conclusion

Le modèle développé dans ce chapitre est basé sur la modification du modèle classique AM2, afin d'intégrer la production et la dégradation des SMP dans un BRM anaérobie. A notre connaissance, les modèles incluant les SMP en digestion anaérobie, disponibles dans la littérature se rapportent aux systèmes conventionnels et non pas aux BRM. Par ailleurs, ces modèles ne sont pas adaptés pour le contrôle, en raison de leur complexité. A l'inverse, notre modèle est suffisamment simple d'un point de vue mathématique pour être utilisé comme modèle de synthèse pour des observateurs et des lois de commande.

Après avoir développé le modèle et prouvé la positivité et la bornitude de ses variables, nous avons étudié mathématiquement ses régimes permanents. Nous avons ensuite analysé d'éventuelles bifurcations des équilibres en faisant varier la valeur du taux de croissance maximum de la biomasse par rapport aux SMP.

Nous avons simulé le modèle avec un jeu de paramètres donné et nous avons trouvé qu'en l'absence d'une croissance de la biomasse sur les SMP, son comportement qualitatif est exactement le même que celui du modèle classique AM2. Lorsqu'il y a une croissance sur les SMP, le système garde le nombre et la nature de ses équilibres, modifiant uniquement leurs valeurs lorsque le taux de croissance maximum varie.

Toutefois, sous certaines conditions opératoires ou avec d'autres jeux de paramètres biologiques, le comportement qualitatif du modèle développé peut changer radicalement. Des bifurcations des équilibres peuvent avoir lieu pour certaines valeurs du taux de croissance maximum sur les SMP. Dans ce cas, le modèle voit le nombre et la nature de ses équilibres changer. Le système peut alors fonctionner en mono-stabilité, en bi-stabilité, en tri-stabilité ou en quadri-stabilité.

Le chapitre suivant a pour objet la synthèse d'observateurs, afin d'estimer les biomasses, les SMP et les cinétiques du modèle développé à partir des mesures disponibles des substrats et du biogaz.

Chapitre 4

Observateurs et estimateurs pour le modèle AM2b

Ce chapitre est consacré à la synthèse d'observateurs et d'estimateurs pour le modèle AM2b et à l'introduction de méthodes de filtrage bayésien. Il s'agit notamment d'estimer les concentrations des SMP, des biomasses et des cinétiques du modèle. Dans un premier temps, nous proposons un état de l'art sur les observateurs d'état utilisés pour les bioprocédés, que nous appliquons par la suite au modèle AM2b. Nous introduisons ensuite les filtres particulaires, en donnant un exemple d'application sur le chemostat. Des résultats de simulation sont présentés et discutés avant de proposer quelques perspectives.

4.1 Introduction

Les procédés de traitement biologiques des eaux usées sont des systèmes complexes, impliquant plusieurs réactions en série et/ou en parallèle entre différentes composantes biologiques. Nous avons proposé dans les chapitres précédents des modèles suffisamment simples pour être utilisés pour le contrôle des BRM anaérobies.

Toutefois, un contrôle efficace du système nécessite un bon suivi en-ligne de l'état du procédé à l'aide de capteurs physiques. Cependant, ces capteurs ne permettent pas toujours de délivrer les grandeurs de toutes les variables d'état (dont certaines sont difficiles à mesurer comme les concentrations) et certains capteurs sont particulièrement coûteux. Une alternative pour pallier à ces limitations est l'estimation des variables inconnues par des "observateurs d'état" ou "capteurs logiciels" [Bas90]. Il s'agit d'utiliser le modèle du procédé et les mesures disponibles pour reconstruire asymptotiquement les états inaccessibles.

Dans ce chapitre, nous rappelons tout d'abord quelques notions élémentaires sur l'observation d'état et nous présentons quelques observateurs classiques pour les bioprocédés. Afin d'estimer les concentrations des SMP, des biomasses et des cinétiques du modèle AM2b, nous synthétisons quelques observateurs et nous introduisons l'approche d'estimation par filtres particulières. Des résultats de simulations sont présentés et discutés. Enfin, nous proposons quelques perspectives.

4.2 Observateurs pour les bioprocédés

Les approches utilisées pour synthétiser un observateur sont groupées en deux grandes classes selon le type de modèle considéré à savoir s'il est linéaire ou non linéaire. Pour les modèles linéaires, on fait appel à l'observateur de Luenberger dans le domaine déterministe et au filtre de Kalman dans le domaine stochastique. Les techniques qui permettent de développer un observateur pour un système non linéaire comme les bioprocédés sont nombreuses : elles s'appuient sur des idées qui peuvent être assez éloignées les unes des autres. Le choix de la méthode est intimement lié à la qualité des mesures et aux incertitudes du modèle du bioprocédé [Doc01a] :

- Si les cinétiques biologiques sont mal connues, on peut construire des observateurs asymptotiques basés sur un modèle de bilan de matières ;
- Si le système présente des incertitudes sur les entrées ou sur les paramètres, on peut synthétiser des observateurs par intervalles pour encadrer les états estimés ;
- Si on dispose de modèles correctement validés, on peut utiliser des observateurs à grands gains.

En outre, on peut utiliser des estimateurs basés-observateurs, des observateurs à modes glissants ou encore les filtres particulières. Pour plus de détails sur les observateurs non linéaires, nous renvoyons le lecteur à l'ouvrage [Bes07].

Un état de l'art des travaux relatifs aux observateurs appliqués aux bioprocédés en général et à la digestion anaérobie en particulier, est présenté dans [AG01]. Nous rappelons ci-après le principe des observateurs asymptotiques et de l'estimateur basé-observateur après avoir rappelé quelques notions sur l'observabilité des systèmes dynamiques.

4.2.1 Généralités sur l'observabilité des systèmes dynamiques

L'observabilité s'intéresse au problème de reconstruction des états non accessibles $x(t)$ d'un système dynamique, en considérant seulement ses entrées $u(t)$ et ses sorties ou mesures $y(t)$ pour tout $t \geq t_0$. La figure 4.1 montre le principe d'un observateur qui est vu comme le cœur du système à contrôler.

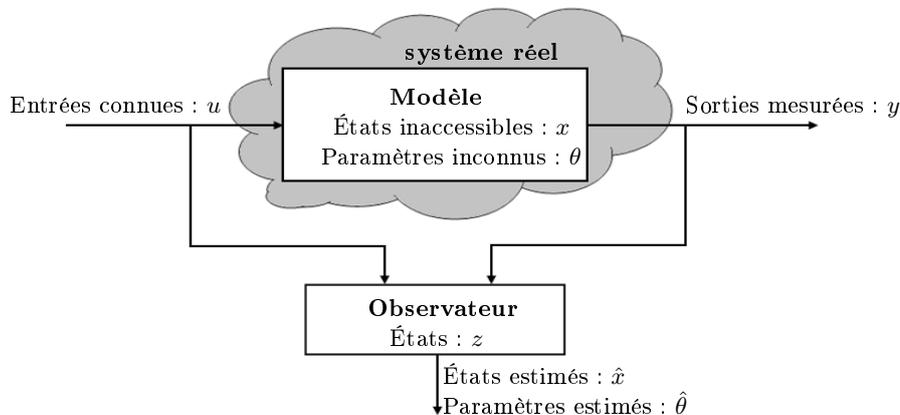


FIGURE 4.1 – Le principe d'un observateur d'état.

La question qui se pose d'abord est : comment poser le problème de la reconstruction d'état, autrement dit, comment définir l'observabilité ? Sous quelles conditions sommes-nous capables de reconstruire effectivement \hat{x} et $\hat{\theta}$? La réponse dépend en fait de la nature linéaire ou non linéaire du système considéré, où la notion d'observabilité devient respectivement indépendante ou dépendante de l'entrée appliquée.

Considérons d'abord le cas des systèmes linéaires décrits par le modèle (4.1).

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = Ax(t) + Bu(t), & x(t_0) = x_0, \\ y(t) = Cx(t), \end{cases} \quad (4.1)$$

où $x \in \mathbb{R}^n$ est le vecteur d'état avec x_0 le vecteur des conditions initiales, $u \in \mathbb{R}^m$ le vecteur d'entrées et $y \in \mathbb{R}^p$ le vecteur des sorties.

Définition 4.1. : Le système (4.1) est observable si pour une entrée donnée u et deux conditions initiales quelconques $x_0 \neq x'_0$, les sorties $y(t)$ et $y'(t)$ ne sont pas identiquement égales sur tout l'intervalle de temps considéré.

La solution du système (4.1) est donnée par :

$$\begin{cases} x(t) = e^{A(t-t_0)} x(t_0) + \int_{t_0}^t e^{A(t-\tau)} Bu(\tau) d\tau, \\ y(t) = Cx(t). \end{cases} \quad (4.2)$$

L'observabilité de (4.1) est équivalente à :

$$\forall x_0 \neq x'_0, \exists t \geq 0 \text{ tel que : } Ce^{At}(x_0 - x'_0) \neq 0 \text{ c'est-à-dire } y(t) \neq y'(t).$$

Donc, l'observabilité des systèmes linéaires est indépendante de l'entrée appliquée au système.

Un critère pour tester l'observabilité du système linéaire (4.1) consiste à vérifier si la matrice suivante est de rang complet [Kal60], [Kal62] :

$$\text{rang} \begin{pmatrix} C \\ CA \\ \cdot \\ \cdot \\ CA^{n-1} \end{pmatrix} = n$$

Considérons maintenant un système non linéaire décrit par le modèle (4.3).

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = f(x(t), u(t)), & x(t_0) = x_0, \\ y(t) = h(x(t)), \end{cases} \quad (4.3)$$

où $x \in \mathbb{R}^n$ est le vecteur d'état avec x_0 le vecteur des conditions initiales, $u \in \mathbb{R}^m$ le vecteur d'entrées et $h(x) \in \mathbb{R}^p$ le vecteur des sorties.

Dans le cas d'un système non linéaire, nous ne pouvons plus écrire explicitement la solution (4.2) pour le système (4.3). Le raisonnement ci-dessus ne s'applique donc plus. Pour avancer sur cette question de l'observabilité des systèmes non linéaires, on introduit alors la notion de discernabilité.

Définition 4.2. : Deux états x_0 et x'_0 sont dits indistinguables (ou indiscernables) si pour toute entrée $u(t)$, on a : $h(t, x_0) = h(t, x'_0)$, $\forall t \geq 0$.

Le système (4.3) est dit observable si $\forall x_0 \neq x'_0$, $\exists u$ qui rend x_0 et x'_0 distinguables.

L'entrée u qui rend distinguable tout couple de conditions initiales (x_0, x'_0) est dite universelle.

Une entrée non universelle est dite singulière.

Ceci revient à dire que quelle que soit u universelle, on peut reconstruire x_0 ou x'_0 de manière unique à partir de la sortie y ou y' . Donc l'observabilité des systèmes non linéaires dépend de l'entrée u : il y a des systèmes qui sont observables pour certaines entrées et pas pour d'autres. En pratique, la notion d'entrée universelle peut ne pas être suffisante, on utilise alors la notion d'entrée régulièrement persistante.

Définition 4.3. : L'entrée $u(t)$ est régulièrement persistante si $\exists c_1 > 0$, $c_2 > 0$ tel que $\forall t$, on a :

$$0 < c_1 \leq \int_t^{t+c_2} u(\tau) d\tau.$$

Une condition d'observabilité locale du système (4.3) consiste à vérifier que [Gri71] :

$$\text{rang} \left\{ \frac{\partial}{\partial x} \begin{pmatrix} h(x) \\ L_f h(x) \\ \cdot \\ \cdot \\ L_f^{n-1} h(x) \end{pmatrix} \right\} = n,$$

où $L_f^i h(x)$ est la i^{me} dérivée de Lie de $h(x)$ le long de la direction de f .

Parmi les observateurs appliqués aux bioprocédés, il y a les observateurs asymptotiques, les observateurs par intervalles et l'estimateur basé-observateur dont nous rappelons les principes respectifs dans la section suivante. Pour d'autres techniques et davantage de détails sur ces observateurs, le lecteur peut par exemple consulter [Bas90], [Doc01a] et [Doc01b].

4.2.2 L'observateur asymptotique et l'observateur par intervalle

Pour les modèles bien connus, il est intéressant de développer des observateurs dont on peut régler la vitesse de convergence (par exemple, afin de garantir une convergence exponentielle). Toutefois, les modèles des bioprocédés sont souvent mal connus, notamment les cinétiques de réactions. Dans ce cas, il y a une motivation à développer des observateurs à convergence asymptotique pour estimer les variables non mesurées. Cette classe d'observateurs porte le nom d'*observateurs asymptotiques* et ont été introduits la première fois par [Bas90].

Le principe de ces observateurs est de tirer partie d'un changement de variables permettant de réécrire le système initial dans une base où le système est indépendant des cinétiques inconnues. Ceci n'est possible que sous les hypothèses suivantes :

H1 : La matrice des coefficients de rendement est connue ;

H2 : Le nombre de mesures disponibles est supérieur ou égal au nombre de réactions biologiques.

Le détail et la généralisation de cette approche est donnée dans [Bas90] et [Doc01a]. Nous nous contentons ici d'illustrer directement cette approche sur un exemple. Considérons le système AM2 à deux étapes de digestion anaérobie présenté dans le chapitre 2 (avec $\alpha = 1$) :

$$\dot{S}_1 = D(S_{1in} - S_1) - k_1\mu_1(S_1)X_1, \quad (4.4)$$

$$\dot{X}_1 = [\mu_1(S_1) - D]X_1, \quad (4.5)$$

$$\dot{S}_2 = D(S_{2in} - S_2) + k_2\mu_1(S_1)X_1 - k_3\mu_2(S_2)X_2, \quad (4.6)$$

$$\dot{X}_2 = [\mu_2(S_2) - D]X_2. \quad (4.7)$$

Supposons que S_1 et S_2 sont mesurées, que X_1 et X_2 ne sont pas mesurées et que μ_1 et μ_2 sont inconnues. Introduisons les combinaisons suivantes :

$$\begin{aligned} Z_1 &= S_1 + k_1X_1, \\ Z_2 &= S_2 + k_3X_2 + \frac{k_2}{k_1}S_1. \end{aligned}$$

Les dynamiques de Z_1 et Z_2 s'écrivent sous la forme suivante, qui ne dépend pas de μ_1 et μ_2 :

$$\begin{aligned} \dot{Z}_1 &= -DZ_1 + DS_{1in}, \\ \dot{Z}_2 &= -DZ_2 + D(S_{2in} + \frac{k_2}{k_1}S_{1in}), \end{aligned} \quad (4.8)$$

d'où on tire l'observateur :

$$\begin{aligned} \dot{\hat{Z}}_1 &= -D\hat{Z}_1 + DS_{1in}, \\ \dot{\hat{Z}}_2 &= -D\hat{Z}_2 + D(S_{2in} + \frac{k_2}{k_1}S_{1in}), \end{aligned} \quad (4.9)$$

Les variables X_1 et X_2 peuvent être estimées par les relations suivantes :

$$\begin{aligned}\hat{X}_1 &= \frac{1}{k_1}(\hat{Z}_1 - S_1), \\ \hat{X}_2 &= \frac{1}{k_3}(\hat{Z}_2 - S_2 - \frac{k_2}{k_1}S_1).\end{aligned}\quad (4.10)$$

Posons $e_1 = Z_1 - \hat{Z}_1$ et $e_2 = Z_2 - \hat{Z}_2$, d'où :

$$\begin{aligned}\dot{e}_1 &= -De_1, \\ \dot{e}_2 &= -De_2.\end{aligned}\quad (4.11)$$

On note que la vitesse de convergence de cet observateur n'est pas réglable. Elle est fixée par le taux de dilution du bioprocédé et n'est plus garantie si D s'annule. En fait, la convergence asymptotique de (4.11) n'est garantie que si l'entrée $D(t)$ est régulièrement persistante (voir la définition 4.3). Cet observateur n'est donc pas adapté si les bioréacteurs fonctionnent en mode discontinu, où toute erreur d'estimation initiale persiste tout au long de la procédure d'estimation, car l'entrée $D(t)$ est presque tout le temps nulle et donc non persistante.

Supposons maintenant que certains paramètres et/ou entrées du système ne sont connus que par leurs bornes supérieures et inférieures, comme le cas des concentrations en entrée des stations de traitement des eaux usées ou encore des taux de croissance maximums des cinétiques biologiques. Dans notre exemple, l'observateur (4.9), qui nécessite S_{1in} et S_{2in} , ne peut plus être utilisé. Dans ce cas, nous pouvons faire appel à l'*observateur par intervalle*, qui consiste à utiliser des bornes a priori sur les incertitudes et de déduire un intervalle dynamique qui encadre un état inconnu au lieu d'estimer une valeur unique. Le principe de l'estimation par intervalle est résumé sur la figure 4.2.

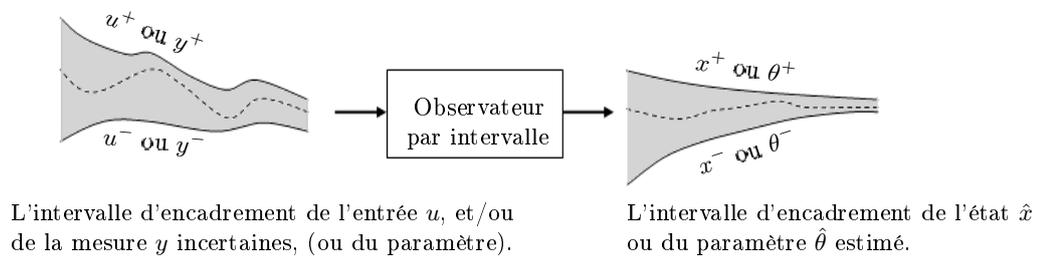


FIGURE 4.2 – Le principe d'un observateur par intervalle.

Un observateur par intervalle pour un bioprocédé peut être construit sur la base de deux observateurs asymptotiques, dont un donne une estimation de la borne supérieure et l'autre fournit une estimation de la borne inférieure de la variable inconnue. Malheureusement, cette approche par intervalle présente deux inconvénients :

- Si l'intervalle d'estimation est très large, alors peu d'informations seront données, ce qui rend l'observateur peu utile ;
- L'encadrement de la variable inconnue n'est assuré que si la matrice Jacobienne du système dynamique des erreurs est coopérative¹. Si nous considérons deux conditions initiales x_0^+ et x_0^- telles

1. Tous les éléments de la matrice Jacobienne du système hors diagonaux sont positifs.

que $x_0^+ \geq x_0^-$, alors la coopérativité garantit que :

$$x^+(t, x_0^+) \geq x^-(t, x_0^-), \quad \forall t \geq 0.$$

4.2.3 L'estimateur basé-observateur

Comme son nom l'indique, l'idée d'un estimateur basé-observateur est d'utiliser les variables observées (ou mesurées) pour actualiser l'estimation des cinétiques ou des paramètres inconnus du modèle. L'idée clé derrière la synthèse de cet estimateur est de considérer que la dynamique des variables ou paramètres à estimer est lente. Pour illustrer la technique, nous l'appliquons directement sur le modèle non linéaire (4.12) des bioprocédés.

$$\begin{cases} \dot{x} &= F(x)\rho - Dx - Q + Dx_{in}, \\ \dot{\rho} &= 0, \end{cases} \quad (4.12)$$

où :

$x(t)$ est le vecteur d'état avec $x_{in}(t)$ le vecteur d'entrée,

$\rho(t)$ est le vecteur des cinétiques ou paramètres inconnus,

$F(x(t))$ est une matrice contenant des fonctions des variables d'état x ,

$D(t)$ et $Q(t)$ sont respectivement le taux de dilution et les termes d'échange gazeux entre la phase gazeuse et la phase liquide.

La construction de l'estimateur basé-observateur suppose que :

- $x(t)$ est mesuré ou estimé par un observateur asymptotique ou un autre observateur,
- $D(t)$, $Q(t)$ et $x_{in}(t)$ sont connus,
- $\rho(t)$ est inconnu lentement variable.

Cet estimateur s'écrit comme suit [Bas90], [Per00] :

$$\begin{cases} \dot{\hat{x}} &= F(x)\hat{\rho} - Dx - Q + Dx_{in} - \Omega(x - \hat{x}), \\ \dot{\hat{\rho}} &= [F(x)]^T \Gamma (x - \hat{x}). \end{cases} \quad (4.13)$$

Dans (4.13), le vecteur $\hat{\rho}$ est actualisé dans la deuxième équation afin d'être réutilisé dans la première.

Soient ($e_1 = x - \hat{x}$) et ($e_2 = \rho - \hat{\rho}$) les erreurs d'estimation. Nous avons alors :

$$\begin{bmatrix} \dot{e}_1 \\ \dot{e}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \Omega(t) & F(x) \\ -[F(x)]^T \Gamma(t) & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad (4.14)$$

Le système (4.14) converge exponentiellement vers son équilibre stable ($e_1 = 0, e_2 = 0$) si :

- La matrice $F(x)$ est régulièrement persistante, c'est-à-dire s'il existe deux constantes positives c_1 et c_2 telle que :

$$c_1 I \leq \int_t^{t+c_2} F(x(\tau)) F^T(x(\tau)) d\tau, \quad (4.15)$$

ce qui garantit que les mesures disponibles sont suffisamment riches pour reconstruire les états non accessibles à la mesure.

- La matrice $\Omega(t)$ est stable.
- La matrice $\Gamma(t)$ est symétrique définie positive.

Les matrices des gains Ω et Γ peuvent être choisies diagonales telles que :

$$\Omega = \text{diag}\{\omega_i\} \text{ avec } \omega_i \in \mathbb{R}^-, \quad \Gamma = \text{diag}\{\gamma_j\} \text{ avec } \gamma_j \in \mathbb{R}^+ \quad (4.16)$$

Plus de détails sur l'estimateur basé observateur sont disponibles dans [Bas90].

Le réglage de cet estimateur peut s'avérer délicat, car le gain $[F(x)]^T \Gamma$ de la deuxième équation de (4.14) dépend du vecteur d'état x . Autrement dit, les dynamiques des composants de $\hat{\rho}$ peuvent être couplées à plusieurs variables d'état du vecteur x . Pour pallier ce problème, nous présentons ci-après la méthode de découplage proposée dans [Per00], afin de simplifier le réglage des gains.

Réécrivons d'abord la matrice $F(x)$ comme le produit de deux matrices :

$$F(x) = F_1(x)F_2(x),$$

avec $F_1(x)$ de plein rang et $F_2(x)$ diagonale ($F_2(x) = \text{diag}\{f_{2,i}\}$).

La reformulation de l'algorithme est basée sur trois étapes :

1. Une transformation d'état $\zeta = F_1^{-1}(x)x$, où la dynamique du système peut se réécrire comme suit :

$$\dot{\zeta} = F_2(x)\rho + F_1^{-1}(x)[-Dx - Q + Dx_{in}] \quad (4.17)$$

Puisque $F_2(x)$ est diagonale, alors chaque composante inconnue du vecteur $\rho(x)$ dépendra d'une seule variable du vecteur d'état ζ . La *version découplée* de l'estimateur basé-observateur (4.13) s'écrit alors sous la forme :

$$\begin{cases} \dot{\hat{\zeta}} &= F_2(x)\hat{\rho} + F_1^{-1}(x)[-Dx - Q + Dx_{in}] - \Omega(\zeta - \hat{\zeta}) \\ \dot{\hat{\rho}} &= \Gamma(\zeta - \hat{\zeta}) \end{cases} \quad (4.18)$$

2. Un réarrangement des variables d'état $[\zeta \quad \rho]^T$ dans l'ordre suivant :

$$\begin{bmatrix} \zeta_1 \\ \rho_1 \\ \zeta_2 \\ \rho_2 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ \zeta_p \\ \rho_p \end{bmatrix} \implies \begin{bmatrix} e_{\zeta_1} = \zeta_1 - \hat{\zeta}_1 \\ e_{\rho_1} = \rho_1 - \hat{\rho}_1 \\ e_{\zeta_2} = \zeta_2 - \hat{\zeta}_2 \\ e_{\rho_2} = \rho_2 - \hat{\rho}_2 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ e_{\zeta_p} = \zeta_p - \hat{\zeta}_p \\ e_{\rho_p} = \rho_p - \hat{\rho}_p \end{bmatrix} \quad (4.19)$$

Cet ordre facilite le réglage des gains par la suite.

3. La dynamique des erreurs (4.19) s'écrit après réarrangement comme suit :

$$\begin{bmatrix} \dot{e}_{\zeta_1} \\ \dot{e}_{\rho_1} \\ \dot{e}_{\zeta_2} \\ \dot{e}_{\rho_2} \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ \dot{e}_{\zeta_p} \\ \dot{e}_{\rho_p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \omega_1 & f_{2,1} & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ -\gamma_1 & 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & \omega_2 & f_{2,2} & \dots & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\gamma_2 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ \hline \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \dots & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \dots & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \dots & \cdot & \cdot \\ \hline 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & \omega_p & f_{2,p} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \dots & -\gamma_p & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} e_{\zeta_1} \\ e_{\rho_1} \\ e_{\zeta_2} \\ e_{\rho_2} \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ e_{\zeta_p} \\ e_{\rho_p} \end{bmatrix} \quad (4.20)$$

Un choix adéquat des gains scalaires ω_i et γ_i (Ω et Γ sont choisies toujours diagonales) peut alors être fait :

$$\omega_i \in \mathbb{R}^-, \quad \gamma_j = \frac{\bar{\gamma}_j}{f_{2,j}} \text{ avec } \bar{\gamma}_j \in \mathbb{R}^+. \quad (4.21)$$

Plus de détails sur le réglage des gains sont donnés dans [Per00].

Dans le paragraphe suivant, nous synthétisons un observateur asymptotique et un estimateur basé-observateur pour le modèle AM2b présenté dans le chapitre 3.

4.3 Synthèse d'observateurs pour le modèle AM2b

Rappelons la forme matricielle du modèle AM2b donnée dans le chapitre précédent :

$$\dot{\xi} = K\phi(\xi) - D\xi - Q + D\xi_{in}$$

$$\begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \dot{X}_1 \\ \dot{S}_2 \\ \dot{X}_2 \\ \dot{S} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -k_1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \\ k_2 & -k_3 & b_2 \\ 0 & 1 & 0 \\ b_3 & b_4 & -b_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \varphi_1 \\ \varphi_2 \\ \varphi \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} D & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & D_0 + D_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & D & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & D_0 + D_1 & 0 \\ 0 & -D_0 & 0 & -D_0 & M \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S_1 \\ X_1 \\ S_2 \\ X_2 \\ S \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} DS_{1in} \\ 0 \\ DS_{2in} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \quad (4.22)$$

avec $\phi(\xi)$ le vecteur des vitesses de réactions :

$$\phi(\xi) = \begin{bmatrix} \varphi_1(\xi) \\ \varphi_2(\xi) \\ \varphi(\xi) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu_1(S_1)X_1 \\ \mu_2(S_2)X_2 \\ \mu(S)X_1 \end{bmatrix}. \quad (4.23)$$

Les mesures supposées disponibles sont :

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} S_1 : \text{la matière organique} \\ S_2 : \text{les AGV} \\ Q_m = k_6\mu_2(S_2)X_2 : \text{le débit de méthane} \end{bmatrix}. \quad (4.24)$$

Nous proposons d'estimer :

- 1- les variables X_1 , X_2 et S en utilisant un observateur asymptotique,
- 2- les cinétiques $\mu_1(S_1)$, $\mu_2(S_2)$ et $\mu(S)$ en utilisant un estimateur basé-observateur.

4.3.1 Observateur asymptotique

Comme nous l'avons rappelé ci-dessus, le principe de cet observateur est de trouver une nouvelle représentation d'état indépendante des cinétiques inconnues. Pour se faire, nous proposons les combinaisons suivantes :

$$\begin{aligned} Z_1 &= S_2 - b_2 X_1 + \frac{k_2 - b_2}{k_1} S_1, \\ Z_2 &= X_2, \\ Z_3 &= S_2 + \frac{b_2}{b_1} S + \frac{1}{k_1} \left(k_2 + \frac{b_3 b_2}{b_1} \right) S_1, \end{aligned}$$

d'où, nous pouvons estimer les variables :

$$\begin{aligned} \hat{X}_1 &= \frac{1}{b_2} \left[S_2 - \hat{Z}_1 + \frac{k_2 - b_2}{k_1} S_1 \right], \\ \hat{X}_2 &= \hat{Z}_2, \\ \hat{S} &= \frac{b_1}{b_2} \left[\hat{Z}_3 - S_2 - \frac{1}{k_1} \left(k_2 + \frac{b_3 b_2}{b_1} \right) S_1 \right]. \end{aligned}$$

Les dynamiques \dot{Z}_1 , \dot{Z}_2 et \dot{Z}_3 s'écrivent dans la nouvelle base comme suit :

$$\begin{aligned} \dot{Z}_1 &= -(D_0 + D_1)Z_1 - (D - D_0 - D_1)S_2 - \left[\frac{(D - D_0 - D_1)(k_2 - b_2)}{k_1} \right] S_1 + \\ &\quad DS_{2in} + \frac{D}{k_1} (k_2 - b_2) S_{1in} - k_3 \varphi_2 \\ \dot{Z}_2 &= \varphi_2 - (D_0 + D_1)Z_2 \\ \dot{Z}_3 &= \frac{-D_0}{b_1} Z_1 + \frac{D_0 b_2}{b_1} Z_2 - M Z_3 - \left[D - \frac{D_0}{b_1} - M \right] S_2 - \left[k_3 - \frac{b_3 b_2}{b_1} \right] \varphi_2 + DS_{2in} + \\ &\quad \frac{D}{k_1} \left(k_2 + \frac{b_3 b_2}{b_1} \right) S_{1in} + \left[\frac{D_0 (k_2 - b_2)}{b_1 k_1} + \frac{M}{k_1} \left(k_2 + \frac{b_3 b_2}{b_1} \right) - \frac{D}{k_1} \left(k_2 + \frac{b_3 b_2}{b_1} \right) \right] S_1 \end{aligned} \quad (4.25)$$

Remarque 4.1. : φ_2 est estimé à partir de la relation $\varphi_2 = \mu_2(S_2)X_2 = \frac{Q_m}{k_6}$ (voir (4.23) et (4.24)).

Posons $e_1 = Z_1 - \hat{Z}_1$, $e_2 = Z_2 - \hat{Z}_2$ et $e_3 = Z_3 - \hat{Z}_3$. La forme matricielle de la dynamique des erreurs est donnée par :

$$\begin{bmatrix} \dot{e}_1 \\ \dot{e}_2 \\ \dot{e}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -(D_0 + D_1) & 0 & 0 \\ 0 & -(D_0 + D_1) & 0 \\ \frac{-D_0}{b_1} & \frac{D_0 b_2}{b_1} & -M \end{bmatrix} \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} \quad (4.26)$$

Les solutions $e_1(t)$ et $e_2(t)$ du système (4.26) convergent asymptotiquement vers l'équilibre 0 si $(D_0 + D_1)$ est régulièrement persistante, c'est-à-dire : $\exists c_1 > 0, c_2 > 0$ tel que $\forall t$ on a :

$$0 < c_1 \leq \int_t^{t+c_2} (D_0(\tau) + D_1(\tau)) d\tau.$$

Ceci entraîne la convergence de $e_3(t)$ par la suite à condition que M soit persistante aussi. Les résultats de simulation sont présentés sur la figure 4.3. L'observateur asymptotique est robuste vis-à-vis d'éventuelles incertitudes sur les fonctions μ_1 , μ_2 et μ .

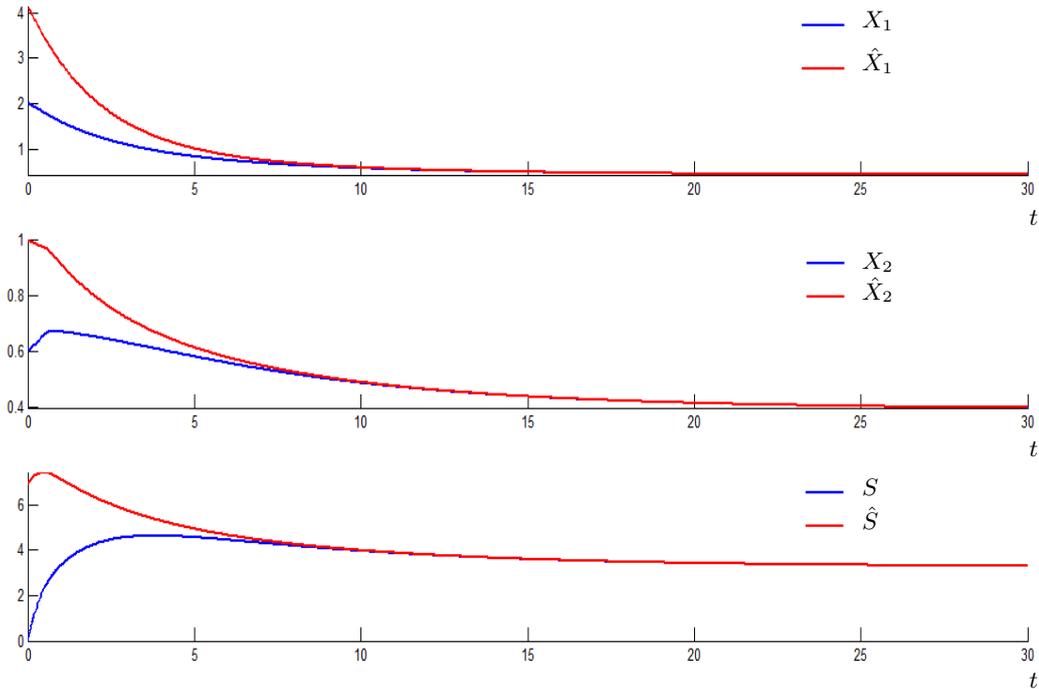


FIGURE 4.3 – Les variables X_1 , X_2 et S estimées par l'observateur asymptotique (4.25), en utilisant les valeurs des paramètres biologiques du tableau 3.3, avec $K_1 = 10$, $S_{1in} = 10$, $S_{2in} = 10$, $k_6 = 400$, $m = 0.14$ et $D_1 = 0.25$.

Notons que la matrice d'état du système (4.26) n'est pas coopérative et donc, nous ne pouvons pas synthétiser un observateur par intervalle à partir de (4.25). Quelquefois, le problème dans une telle situation peut être résolu en considérant d'autres combinaisons ainsi que proposé dans [Rap05].

4.3.2 Estimateur basé-observateur : méthode de découplage

Dans ce paragraphe nous proposons d'estimer les trois cinétiques μ_1 , μ_2 et μ à partir des mesures réelles S_1 et S_2 et de la mesure *logicielle* X_2 .

Tirons du système (4.22) le sous-système suivant et mettons le sous la forme générale (4.12) suivante.

$$\left\{ \begin{array}{l} \begin{bmatrix} \dot{S}_1 \\ \dot{S}_2 \\ \dot{X}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -k_1 X_1 & 0 & 0 \\ k_2 X_1 & -k_3 X_2 & b_2 X_1 \\ 0 & X_2 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \\ \mu \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} D & 0 & 0 \\ 0 & D & 0 \\ 0 & 0 & (D_0 + D_1) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S_1 \\ S_2 \\ X_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} DS_{1in} \\ DS_{2in} \\ 0 \end{bmatrix} \\ \\ \begin{bmatrix} \dot{\mu}_1 \\ \dot{\mu}_2 \\ \dot{\mu} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \end{array} \right. \quad (4.27)$$

Relativement à la forme (4.12), nous avons :

- le vecteur des mesures $x = [S_1, S_2, X_2]^T$.
- le vecteur des inconnues $\theta = [\mu_1, \mu_2, \mu]^T$.
- la matrice $F(x) = F_1(x)F_2(x)$:

$$\begin{aligned} F(x) &= \begin{bmatrix} -k_1 X_1 & 0 & 0 \\ k_2 X_1 & -k_3 X_2 & b_2 X_1 \\ 0 & X_2 & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -k_1 & 0 & 0 \\ k_2 & -k_3 & b_2 \\ 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_1 \end{bmatrix} \\ &= F_1(x)F_2(x) \end{aligned} \quad (4.28)$$

Remarque 4.2. : La matrice $F_1(x)$ est de plein rang et la matrice $F_2(x)$ est diagonale, ceci nous permettra de synthétiser par la suite un estimateur basé-observateur sous la version découplée (4.18).

Proposons d'abord pour le système (4.27) un estimateur sans découplage donné par (4.13) :

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{\hat{S}}_1 = D(S_{1in} - S_1) - k_1 X_1 \hat{\mu}_1 - \omega_1(S_1 - \hat{S}_1) \\ \dot{\hat{S}}_2 = D(S_{2in} - S_2) - k_3 X_2 \hat{\mu}_2 + k_2 X_1 \hat{\mu}_1 + b_2 X_1 \hat{\mu} - \omega_2(S_2 - \hat{S}_2) \\ \dot{\hat{X}}_2 = X_2 \hat{\mu}_2 - (D_0 + D_1) X_2 - \omega_3(X_2 - \hat{X}_2) \\ \dot{\hat{\mu}}_1 = -k_1 X_1 \gamma_1(S_1 - \hat{S}_1) + k_2 X_1 \gamma_2(S_2 - \hat{S}_2) \\ \dot{\hat{\mu}}_2 = -k_3 X_2 \gamma_2(S_2 - \hat{S}_2) + X_2 \gamma_3(X_2 - \hat{X}_2) \\ \dot{\hat{\mu}} = b_2 X_1 \gamma_2(S_2 - \hat{S}_2) \end{array} \right. \quad (4.29)$$

Avec ω_i et $\gamma_i, i = 1..3$ des gains vérifiant (4.16).

Les résultats de simulation sont présentés sur la figure 4.4.

Nous remarquons que l'estimateur basé-observateur (4.29) ne converge pas pour la variable $\mu(S)$. Ceci est dû à la non persistance de la matrice $F(\xi)$ donnée par (4.28) : la condition (4.15) n'est pas vérifiée. Autrement dit, les données de l'expérience (ici faite par simulation) ne sont pas assez riches en information.

Pour pallier ce problème, il faut exciter davantage le système par des entrées régulièrement persistantes. Nous proposons d'appliquer au système un taux de dilution $D(t)$ variable dans le temps (voir Figure 4.5), ce qui est souvent le cas d'un point de vue pratique et nous refaisons l'expérience, dont les résultats de simulation sont présentés sur la figure 4.6.

Remarquons que cette fois-ci, les résultats obtenus sont meilleurs que ceux obtenus avec une entrée D constante et que les erreurs d'estimation convergent vers 0 en régime permanent.

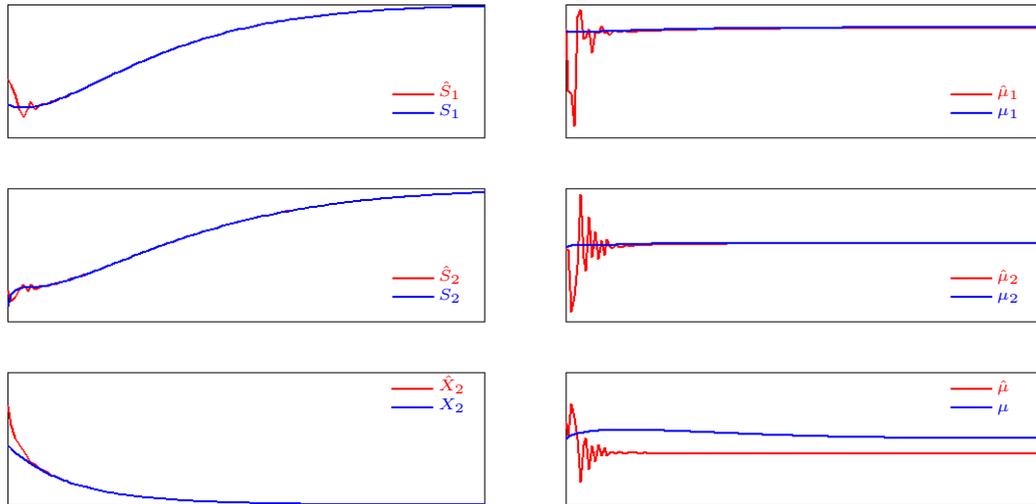


FIGURE 4.4 – Gauche : les variables supposées mesurées (S_1, S_2) ou estimées (\hat{X}_2). Droite : les variables μ_1, μ_2 et μ estimées par l'estimateur basé-observateur (4.29).

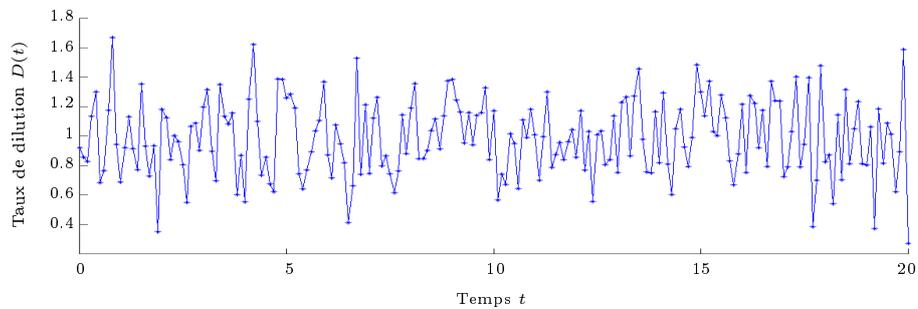


FIGURE 4.5 – La forme de l'entrée $D(t)$ variable dans le temps ($D(t)=1+v$ avec $v \sim N(0, 0.25^2)$).

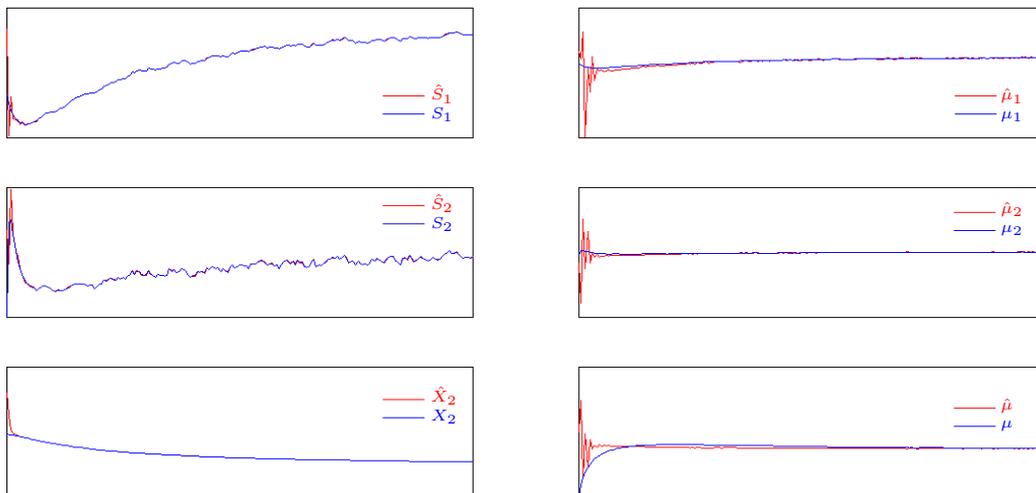


FIGURE 4.6 – Les variables μ_1, μ_2 et μ estimées par l'estimateur basé-observateur (4.29) avec $D(t)$ variable dans le temps (cf. figure 4.5).

Nous présentons maintenant la version découplée de cet estimateur basé observateur. Pour se faire, nous posons :

$$\zeta = F_1^{-1}x$$

où F_1 est donnée par (4.28).

L'observateur découplé donné par l'algorithme (4.18) s'écrit alors comme suit :

$$\begin{cases} \dot{\hat{\zeta}}_1 &= -\frac{D}{k_1}(S_{1in} - S_1) + X_1\hat{\mu}_1 - \omega_1(\zeta_1 - \hat{\zeta}_1) \\ \dot{\hat{\zeta}}_2 &= -(D_0 + D_1)X_2 + X_2\hat{\mu}_2 - \omega_2(\zeta_2 - \hat{\zeta}_2) \\ \dot{\hat{\zeta}}_3 &= \frac{k_2D}{k_1b_2}(S_{1in} - S_1) + \frac{D}{b_2}(S_{2in} - S_2) + X_1\hat{\mu} - \frac{k_3(D_0+D_1)}{b_2}X_2 - \omega_3(\zeta_3 - \hat{\zeta}_3) \\ \dot{\hat{\mu}}_1 &= \gamma_2(\zeta_1 - \hat{\zeta}_1) \\ \dot{\hat{\mu}}_2 &= \gamma_3(\zeta_2 - \hat{\zeta}_2) \\ \dot{\hat{\mu}} &= \gamma_2(\zeta_3 - \hat{\zeta}_3) \end{cases} \quad (4.30)$$

tel que :

ω_1, ω_2 et ω_3 sont négatifs,

$\gamma_1 = \frac{\bar{\gamma}_1}{X_1}$, $\gamma_2 = \frac{\bar{\gamma}_2}{X_2}$ et $\gamma_3 = \frac{\bar{\gamma}_3}{X_1}$ où $\bar{\gamma}_i > 0$.

Cet estimateur converge et les erreurs d'estimation sont nulles comme illustré par la figure 4.7. Pendant le régime transitoire, les oscillations des variables estimées autour des variables réelles sont éliminées contrairement aux résultats de la figure 4.4. Ceci peut être expliqué par le fait que les dynamiques $\dot{\mu}_1$, $\dot{\mu}_2$ et $\dot{\mu}$ sont indépendantes des variables du système.

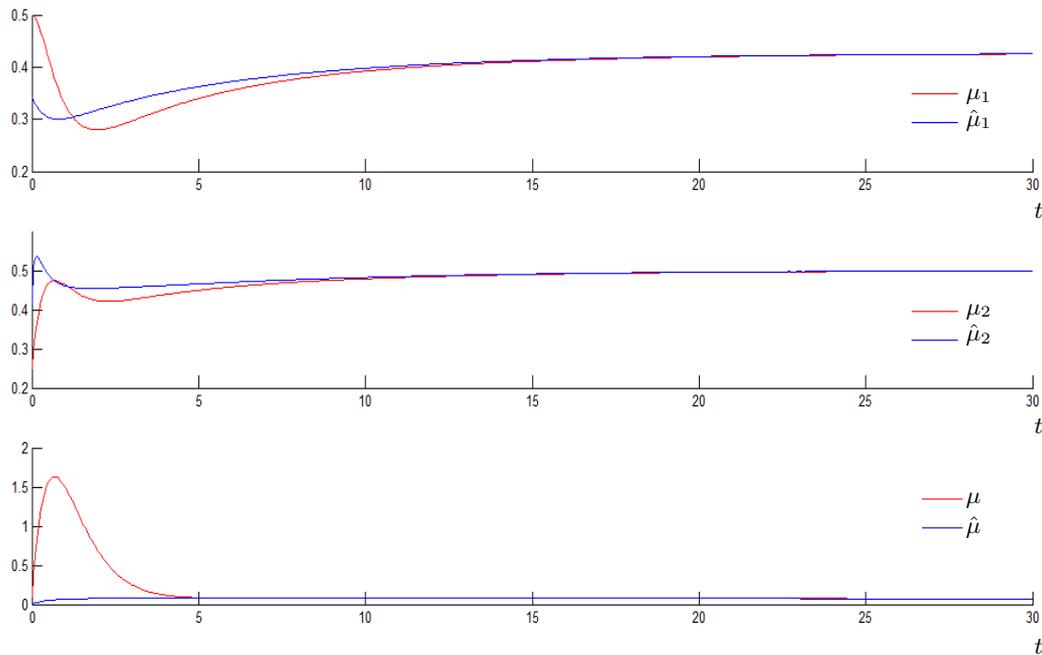


FIGURE 4.7 – Les variables μ_1 , μ_2 et μ estimées par l'estimateur basé-observateur (4.30), en utilisant les mêmes valeurs des paramètres biologiques que celles de la figure 4.3.

Les observateurs déterministes ont prouvé leur robustesse dans beaucoup de cas pratiques vis-à-vis les bruits. Toutefois, ils peuvent donner de mauvaises estimations si les mesures sont trop bruitées ou si le système est stochastique. Dans ce cas, les méthodes stochastiques de filtrage apparaissent prometteuses pour estimer les variables ou paramètres aléatoires. Dans ce cadre, nous introduisons dans la section suivante les filtres particulières.

4.4 Filtrage particulière

4.4.1 Motivations

Les techniques d'estimation par observateurs d'état supposent que les mesures (observations) sont parfaites et non bruitées. Aussi, elles sont basées sur des modèles d'état continus, supposés parfaitement connus et déterministes, dont les paramètres sont estimés par exemple par moindres carrés. Pour le chemostat, ces modèles sont à l'échelle macroscopique et reposent sur la simplification de la réalité et sur la négligence des effets stochastiques. Ils sont considérés comme valables pour de larges tailles des populations microbiennes et sous des conditions d'homogénéité du milieu.

En pratique, les approches par observateurs gèrent "l'écart" à ces hypothèses, en espérant de bonnes propriétés de robustesse vis-à-vis des différentes perturbations et des incertitudes du modèle. En fait, dans beaucoup de situations pratiques nous avons :

- Des mesures qui sont toujours en temps discret. Dans les bioprocédés, elles peuvent être partielles (par exemple, biomasses non mesurées) et de différentes fréquences et qualités. Par exemple, le substrat est mesuré à basse fréquence, tandis que le biogaz peut être mesuré à haute fréquence. Aussi, ces mesures sont toujours bruitées, de nature hétérogène et nous cherchons à les exploiter toutes.
- Des systèmes réels qui peuvent être stochastiques, dont les entrées et les paramètres sont aléatoires. Les modèles d'état sont obtenus par moyennisation de l'aléa, on espère alors décrire un comportement moyen de la dynamique de la population. Par exemple dans un chemostat, le taux de mortalité est un taux moyen et le taux de dilution peut être une valeur moyenne superposée à un bruit blanc.
- Des modèles réduits et imparfaits, dont nous souhaiterions qu'ils soient stochastiques afin de gérer leur méconnaissance.
- A l'échelle microscopique où de petites tailles des populations sont utilisées, les bruits démographiques ne peuvent pas être négligés et il y a souvent une accumulation de petites perturbations dans le contexte de multi-espèces.
- Lors de la simulation, l'aléa sur le modèle d'état peut être souhaité pour des raisons algorithmiques où nous avons besoin de faire des tirages aléatoires par exemple.

4.4.2 Principe du filtrage particulière

Dans plusieurs situations, les observateurs ont prouvé leurs limites en raison des écarts cités précédemment entre les modèles déterministes utilisés et la réalité. Une alternative est d'utiliser le filtrage bayésien séquentiel, qui consiste à déterminer des densités de probabilité des variables inconnues, sachant des observations bruitées des états passés du système. Avec cette méthode, les observations sont traitées au fur et à mesure de leur disponibilité dans le cycle prédiction-correction.

Le principe d'une approche bayésienne est résumé par la figure 4.8, où :

$\pi_k(x) = p_{X_{t_k} | y_0 \dots y_k}(x)$: la densité conditionnelle à l'instant t_k ,

$\pi_k^-(x) = p_{X_{t_k} | y_0 \dots y_{k-1}}(x)$: la densité conditionnelle prédite à l'instant t_k ,

$\pi_{k-1}(x)$: la densité conditionnelle à l'instant t_{k-1} .

La prédiction est réalisée en utilisant le modèle d'état :

$$x_{t_k} = f(x_{t_{k-1}}, t_k, t_{k-1}, w_k), \quad (4.31)$$

avec w_k un bruit blanc.

La correction utilise l'équation d'observation :

$$y_k = h(x_{t_k}) + v_k, \quad (4.32)$$

avec v_k un bruit de mesure.

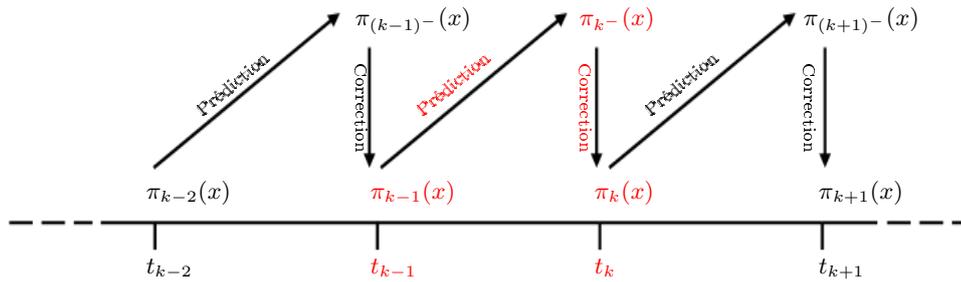


FIGURE 4.8 – Principe des méthodes bayésiennes.

La technique prédiction-correction du filtrage bayésien décrite par la figure 4.8 utilise deux ingrédients :

1. Noyau de transition Q :

$$Q_{t_{k-1}, t_k}(x, x') = p_{X_{t_k} | X_{t_{k-1}}=x}(x'). \quad (4.33)$$

Dans la phase de prédiction, ce noyau permet d'obtenir le filtre prédit $\pi_{k-}(x)$ à partir du filtre à l'instant précédent $\pi_{k-1}(x)$.

2. Fonction de vraisemblance utilisée dans la phase de correction :

$$\psi_k(y, x) = p_{y_k | X_{t_k}=x}(y). \quad (4.34)$$

Par exemple, si le bruit v_k de l'équation (4.32) est gaussien :

$$v_k \sim N(0, \sigma_v^2) \quad (4.35)$$

alors :

$$\psi_k(y, x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_v^2}} \exp\left(\frac{-(y - h(x))^2}{2\sigma_v^2}\right). \quad (4.36)$$

On écrit également :

$$\psi_k(y, x) \propto \exp\left(\frac{-(y - h(x))^2}{2\sigma_v^2}\right).$$

En effet, nous n'aurons pas besoin de la constante de proportionnalité dans cette dernière équation. Le filtre bayésien prédiction-correction est donné par :

$$\pi_{k^-}(x') = \int_{\mathbb{R}^n} Q_{t_{k-1}, t_k}(x, x') \pi_{k-1}(x) dx, \quad (4.37)$$

$$\pi_k(x) = \frac{\psi_k(y_k, x) \pi_{k^-}(x)}{\int_{\mathbb{R}^n} \psi_k(y_k, x') \pi_{k^-}(x') dx}. \quad (4.38)$$

En pratique, il est difficile de calculer ce filtre à cause des deux intégrations sur \mathbb{R}^n . Une première idée consiste à déterminer des filtres de dimension finie. Ces filtres n'existent (presque) que dans le cas linéaire et gaussien :

$$x_{k+1} = A_k x_k + B_k u_k + C_k w_k, \quad x_{k=0} = x_0, \quad (4.39)$$

$$y_k = H_k x_k + v_k \quad (4.40)$$

où w_k, v_k et x_0 sont gaussiens et indépendants. Dans ce cas, le filtre de Kalman permet de donner :

$$\pi_{k^-}(x') = N(\hat{X}_k, R_k), \quad (4.41)$$

$$\pi_k(x) = N(\hat{X}_{k^-}, R_{k^-}). \quad (4.42)$$

Dans (presque) tous les autres cas, les filtres sont de dimension infinie et il faut faire appel à des approximations. Il existe deux principales approches. La première consiste à étendre la vision gaussienne en cherchant à approcher $\pi_k(x)$ par une densité gaussienne de moyenne \hat{X}_k et de variance R_k que l'on cherche à calculer. Cela conduit par exemple au filtre de Kalman étendu. La seconde consiste à faire appel à des méthodes empiriques de type Monte Carlo, qui consiste à échantillonner selon la densité conditionnelle comme illustré par la figure 4.9, c'est-à-dire à (approximativement) échantillonner selon le filtre optimal :

$$\xi_k^1, \xi_k^2, \dots, \xi_k^N \text{ échantillonnés selon } \pi_k(x), \text{ notés } \xi_k^i \sim p(x).$$

Cette approche conduit à la notion "d'approximation particulière" ou encore "filtre particulière" qui s'écrit sous la forme suivante :

$$\pi_{k^-}(x) \simeq \pi_{k^-}^N(x) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \delta_{\xi_{k^-}^i}(x), \quad (4.43)$$

$$\pi_k(x) \simeq \pi_k^N(x) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \delta_{\xi_k^i}(x). \quad (4.44)$$

L'algorithme du filtre particulière se fait en deux étapes :

1. Prédiction :

$$\xi_{k^-}^i \sim Q_{t_{k-1}, t_k}(\xi_{k-1}^i, x'), \quad i = 1 \dots N$$

Ces particules sont indépendantes les unes des autres. Par exemple on peut avoir :

$$\xi_{k^-}^i = f(t_{k-1}, t_k, \xi_{k-1}^i, w_k^i),$$

où w_k^i est un bruit d'état.

2. Correction : elle comporte deux étapes,

- La pondération par des poids d'importance sur la particule ξ_{k-}^i en fonction de l'observation y_k :

$$\omega_k^i = \psi_k(y_k, \xi_{k-}^i),$$

avec ω_k^i est grand si ξ_{k-}^i correspond bien à l'observation y_k , ou petit sinon.

- La sélection en tirant N particules parmi $\xi_{k-}^1, \xi_{k-}^2, \dots, \xi_{k-}^N$ selon les poids $\omega_k^1, \omega_k^2, \dots, \omega_k^N$:

$$\xi_k^i \sim \sum_{i=1}^N w_k^i \delta_{\xi_{k-}^i}(x). \quad (4.45)$$

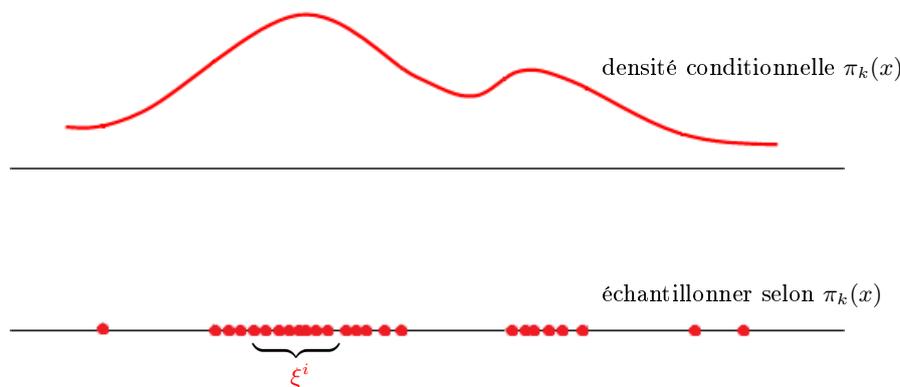


FIGURE 4.9 – L'échantillonnage selon la densité conditionnelle.

Pour résumer la technique du filtrage particulaire, nous avons besoin de trois ingrédients :

- Simuler le système d'état, c'est-à-dire simuler selon Q .
- Calculer la vraisemblance en utilisant les observations.
- Utiliser un bon algorithme de ré-échantillonnage de (4.45).

Il est important de noter qu'il n'est pas nécessaire de connaître analytiquement le système d'état, il est suffisant de savoir simuler selon ce système (dans la phase de prédiction, les particules "singent" le système d'état).

4.4.3 Application aux bioprocédés

Supposons que le modèle d'observation est basé sur les mesures du substrat S aux instants t_k :

$$Y_k = S_{t_k} + \sigma S_{t_k} v_k, \text{ avec } v_k = N(0, 1)$$

Ici, l'écart type de l'erreur d'observation est proportionnel à la quantité mesurée S_{t_k} . Ce modèle d'observation est un peu plus élaboré que : $Y_k = S_{t_k} + \sigma v_k$.

Nous nous intéressons maintenant au modèle d'état. Le bruit peut avoir différents origines. Intéressons-nous d'abord au bruit "démographique". Le modèle d'état classique est de type équation différentielle ordinaire, qui est en fait une approximation en "grande population" de systèmes aléatoires. Cette approximation consiste à ne considérer que des quantités "moyennes" et de supposer que l'aléa peut être gommé par un effet de loi de grands nombres. Ainsi, on néglige l'aléa démographique ou biologique. Par

exemple, pour la croissance linéaire avec un taux de naissance λ et un taux de mort μ , l'EDO "moyennisée" s'écrit :

$$\dot{x}(t) = (\lambda - \mu) x(t). \quad (4.46)$$

Cette EDO émerge en fait de modèles aléatoires, nous en décrivons un maintenant. On considère un processus de saut pur N_t :

Naissance : $N_t \longrightarrow N_t + 1$ au taux λN_t ,

Mort : $N_t \longrightarrow N_t - 1$ au taux μN_t .

Il existe un algorithme de Monte Carlo dit de Gillespie, qui permet de simuler de façon exacte ce processus. Cet algorithme exploite les propriétés de Markov du processus. Pour des tailles de populations importantes, la simulation de ce processus de naissance - mort s'avère lourde, car il faut simuler chaque instant de naissance ou mort et chaque événement (naissance ou mort). Il est préférable donc de faire une approximation de diffusion qui consiste à regarder le processus à une échelle intermédiaire. Ceci consiste à supposer sur un intervalle de temps $[t, t + \delta t]$ que les taux de naissance et mort sont fixes et valent λN_t et μN_t respectivement. Leur bilan suit une loi de Poisson qui peut à son tour être approchée par une loi normale. Nous avons après calcul $N_t \simeq \bar{\xi}_t$, avec :

$$\bar{\xi}_{t+\delta t} = \bar{\xi}_t + (\lambda - \mu) \bar{\xi}_t \delta t + \sigma \sqrt{(\lambda - \mu) \bar{\xi}_t} \sqrt{\delta t} w_t, \quad (4.47)$$

où w_t est une suite de bruit blanc $N(0, 1)$.

Cette approximation peut être comparée au schéma d'Euler associé à l'EDO (4.46) :

$$\bar{x}(t + \delta t) = x(t) + (\lambda - \mu) \bar{x}(t) \delta t.$$

Notons que pour ce dernier schéma d'Euler comme pour (4.47), il est nécessaire de prendre la partie positive du membre de droite afin d'assurer la positivité de la solution.

L'approximation (4.47) est le schéma d'Euler associé à l'Équation Différentielle Stochastique (au sens d'Ito) :

$$d\xi_t = (\lambda - \mu) \xi_t dt + \sigma \sqrt{(\lambda - \mu) \xi_t} dw_t.$$

Processus de saut pur dans un chemostat : L'approche précédente s'applique aussi dans le cas du chemostat (voir [Cam11]). Plusieurs approximations peuvent être déduites, comme dans [Ben12a] :

$$\begin{aligned} dX_t &= (\mu(S_t) - D) X_t dt + C_1 \sqrt{X_t} dW_t^1, \\ dS_t &= D(S_{in} - S_t) dt - k \mu(S_t) X_t dt + C_2 \sqrt{S_t} dW_t^2. \end{aligned} \quad (4.48)$$

Ce modèle est nettement plus pertinent que :

$$\begin{aligned} dX_t &= (\mu(S_t) - D) X_t dt + C_1 dW_t^1, \\ dS_t &= D(S_{in} - S_t) dt - k \mu(S_t) X_t dt + C_2 dW_t^2, \end{aligned} \quad (4.49)$$

où l'on s'est contenté "d'uniformément ajouter" du bruit au chemostat classique. Le système (4.49) n'est par exemple pas positif.

Une autre origine pour le bruit peut être les conditions environnementales. Par exemple, si le débit D est soumis à des perturbations exogènes, alors on le remplace par $D + \rho \beta_t$ dans l'équation (4.50) où β_t est un bruit blanc. On obtient :

$$\begin{aligned}\dot{X}_t &= (\mu(S_t) - D - \rho \beta_t) X_t, \\ \dot{S}_t &= (D + \rho \beta_t)(S_{in} - S_t) - k \mu(S_t) X_t,\end{aligned}\tag{4.50}$$

qui s'écrit sous forme d'une EDS :

$$\begin{aligned}dX_t &= (\mu(S_t) - D) X_t dt + \rho X_t d\tilde{W}_t, \\ dS_t &= D(S_{in} - S_t) dt - k \mu(S_t) X_t dt - S_t d\tilde{W}_t.\end{aligned}$$

Ici, on obtient des structures de covariance qui ne sont plus en racine carré. Nous conseillons le lecteur de consulter [Cam11] et [Wil06] pour plus de détails sur la modélisation stochastique des systèmes biologiques.

Le bruit peut enfin être utilisé pour “modifier” la méconnaissance sur le modèle d'état. Ce bruit n'a pas d'origine réelle, il permet des méthodes d'inférence bien que la connaissance du modèle soit importante. On peut considérer que c'est toujours le cas en filtrage particulaire.

Dans [Ben12a], on a développé un filtre particulaire pour un chemostat à un substrat mesuré et une biomasse inconnue, en utilisant le modèle d'état stochastique (4.48) et un modèle d'observation. Les mesures utilisées sont en basses fréquences (temps large entre deux instants), d'où l'avantage d'affiner l'étape de prédiction entre t_n et $t_n + \delta t$. Nous présentons sur les figures 4.10 et 4.11 des résultats de simulation du chemostat considéré. Les variables aléatoires ont été estimées par le filtre en dépit du bruit et des aléas dans le système. Sur la figure 4.11, les variables estimées se trouvent dans des tubes, qui représentent les valeurs minimale et maximale des particules x (biomasse) et s (substrat). Plus de détails sur le développement du filtre particulaire et sur les résultats obtenu est donné dans [Ben12a]. Nous conseillons le lecteur de se référer aussi à [Gof05].

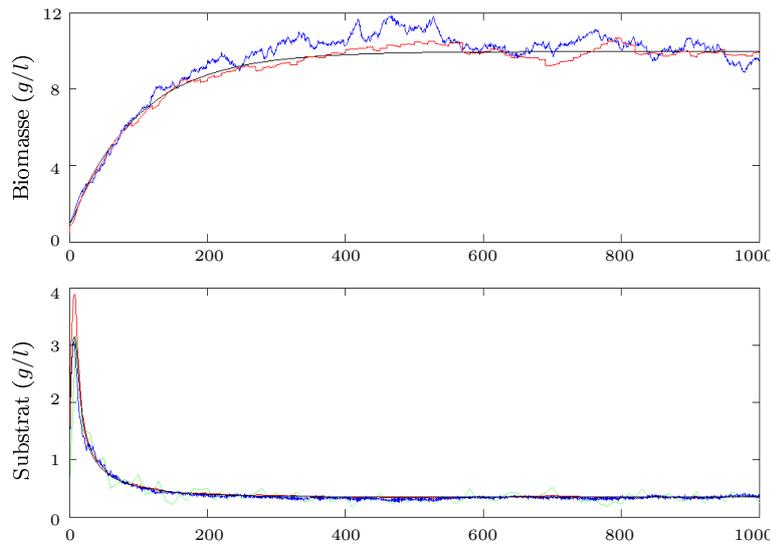


FIGURE 4.10 – Les variables : déterministe (noir), simulée (bleu), observée (vert) et estimée (rouge).

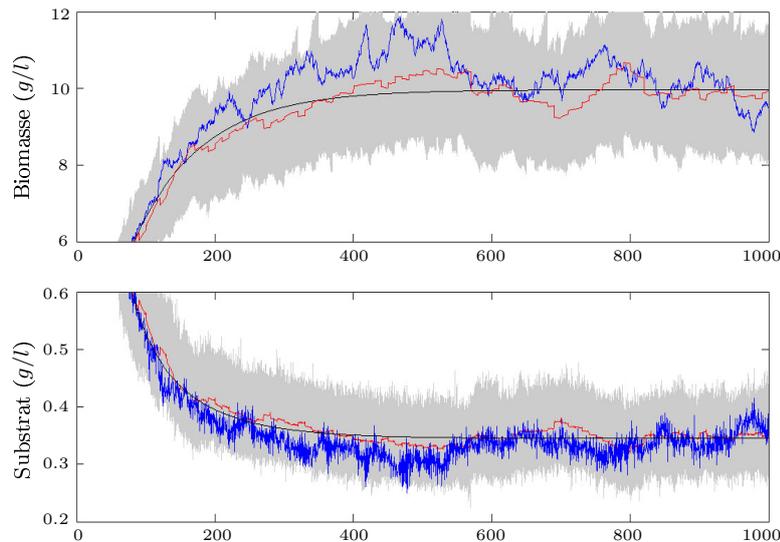


FIGURE 4.11 – Les mêmes graphes que la figure 4.10, mais sans le processus d’observation et avec des tubes encadrant les valeurs minimale et maximale des variables estimées.

4.4.4 Quelques remarques sur le filtrage particulaire

Nous faisons maintenant quelques remarques sur l’utilisation du filtre particulaire :

- Le filtrage particulaire permet vraiment de sortir du cadre linéaire et gaussien, ce qui n’est pas le cas du filtre de Kalman étendu. Mais, il est beaucoup plus coûteux en temps de calcul et en place mémoire. La place mémoire n’est plus vraiment un problème. Par ailleurs, souvent en biotechnologie on dispose de plages de temps de calcul relativement grandes entre deux observations.
- Un filtre particulaire résiste mieux aux non linéarités et aux forts bruits.
- Le filtre particulaire peut s’étendre à :
 - l’estimation couplée des paramètres,
 - la sélection de modèle (par exemple en bioprocédé, quel type de loi de croissance),
 - aux tests d’hypothèses, etc.
- Le filtrage particulaire a été d’abord développé en poursuite multi-cibles, où de gros efforts sont fournis pour faire du temps réels. En biotechnologie, ce n’est pas dans le même contexte car les bioprocédés sont des systèmes lents. Il faut donc construire des techniques de filtrage particulaire et plus généralement des méthodes d’inférence bayésiennes par simulation adaptées au contexte des biotechnologies. Comme nous l’avons déjà noté, ces approches sont nettement plus coûteuses que les approches classiques et devront être utilisées lorsque ces dernières n’apportent pas satisfaction.

4.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons introduit le problème d’observation du modèle AM2b. Nous avons rappelé le principe de deux observateurs appliqués au bioprocédé : l’observateur asymptotique et l’estimateur basé observateur. Nous les avons appliqués par la suite au système AM2b pour estimer les variables supposées non mesurées, à savoir les biomasses, les SMP et les cinétiques. Nous avons montré qu’une propriété importante doit être vérifiée pour la convergence de l’estimateur basé observateur. C’est la persistance de l’excitation et la richesse des mesures en information sur le comportement du système.

Nous avons introduit par la suite la technique d'estimation par filtrage particulaire, en donnant les motivations et le principe. Bien que cette technique ait été développée à l'origine pour la poursuite, elle peut être adaptée au contexte des bioprocédés. Malheureusement, l'approche par filtre particulaire est nettement plus coûteuse en temps de calcul et en place mémoire que les approches classiques et devra être utilisée lorsque ces dernières n'apportent pas satisfaction.

Les perspectives de chapitre sont par exemple la construction d'un observateur par intervalle en cas où le système n'est pas coopératif. Une telle solution a été proposée dans [Rap05]. Nous espérons aussi appliquer des observateurs par modes glissants ([Mor09], [Mor11], [Mor12]), ou encore des observateurs numériques ([Mor95], [Mor93]).

Le filtrage particulaire reste une technique prometteuse à appliquer pour les modèle AM2 et AM2b, afin d'estimer les biomasses par exemple ou encore les cinétiques biologiques.

Conclusion générale

Les ressources en eau conventionnelles sont de plus en plus sollicitées et les rejets des eaux usées municipales et industrielles sont croissants. Il est nécessaire de chercher des solutions pour limiter la consommation d'eau douce et particulièrement dans l'industrie et l'agriculture, qui sont de gros consommateurs d'eau. Afin de protéger les milieux récepteurs, il faut traiter les eaux avant rejet. Réutiliser les ressources épurées en agriculture et/ou en industrie, permettrait de faire baisser la pression sur les ressources en eau. La dépollution par voie biologique a lieu dans un bioréacteur qui peut être aérobie ou anaérobie. Ce dernier utilise la technique de la "digestion anaérobie", qui couplée à la technologie membranaire, apparaît comme prometteuse pour atteindre l'objectif de "bien" épurer, pour produire de l'énergie et pour permettre la réutilisation d'une eau de bonne qualité pour l'agriculture et l'industrie.

La digestion anaérobie est un processus biologique complexe, qui fait intervenir des organismes vivants dont les caractéristiques évoluent dans le temps et qui peut facilement être déstabilisé. Pour l'éviter, il est nécessaire de le contrôler, ce qui peut se faire en utilisant un modèle qui contient les informations pertinentes sur les variables clés du système et qui décrit au mieux le comportement dynamique de ces dernières.

Plusieurs modèles ont été proposés pour la digestion anaérobie, mais du point de vue de l'automatique, le modèle AM2 à deux étapes, développé dans le cadre du projet AMOCO [Ber01c], reste le modèle le plus utilisé pour le contrôle et l'observation. Il est nécessaire de l'analyser mathématiquement en toute généralité, afin d'obtenir des informations qualitatives sur son comportement.

Dans le cadre de cette thèse, nous avons consacré le premier chapitre à une étude bibliographique sur la digestion anaérobie et les bioréacteurs membranaires. Bien que la technologie membranaire anaérobie soit prometteuse, son essor est limité par un véritable handicap devant son application potentielle : le colmatage de la membrane dû au différentes composantes de la liqueur mixte. Parmi ces composantes, nous avons réalisé un état de l'art relativement aux produits microbiens solubles (SMP : Soluble Microbial Products), en soulignant leur rôle dans le mécanisme du colmatage membranaire, notamment dans le blocage des pores. Les SMP sont produits à partir de la croissance bactérienne et la lyse de la biomasse. Il est donc important d'intégrer leur dynamique dans la modélisation des processus de traitement biologique afin de mieux comprendre leur rôle dans le fonctionnement des bioprocédés.

Dans le deuxième chapitre, nous avons mené une étude mathématique générale du modèle AM2 [Ber01c]. Nous avons analysé ses équilibres et son comportement qualitatif. Ce modèle à deux étapes de réactions biologiques (acidogénèse et méthanogénèse), peut avoir six points d'équilibres et il présente un comportement global de bistabilité. Il peut fonctionner autour de l'équilibre intérieur opérationnel ou autour de l'équilibre de lessivage. Ce dernier comportement n'est pas souhaité du point de vue pratique, d'où la nécessité de superviser le processus. Dans ce cadre, Hess et Bernard ont proposé des critères de stabilité pour évaluer la taille du bassin d'attraction de l'équilibre opérationnel [Hes08]. Il s'agit de la

marge de stabilité, la marge critique de stabilité et l'indice de risque de déstabilisation, qui sert à indiquer en ligne à l'opérateur du procédé, le risque associé à son mode de gestion. Ces grandeurs ont été calculées explicitement en utilisant une fonction de Haldane pour modéliser la cinétique de la méthanogénèse et en majorant l'entrée de cette dernière réaction. Notre premier apport a été de proposer de les modifier et de les réévaluer dans le cas d'une fonction générique modélisant cette cinétique et sans aucune restriction sur les entrées du système. En effet, les critères proposés initialement par [Hes08], en particulier l'indice de risque, ne sont valides que lorsque le modèle AM2 fonctionne en bistabilité. Nous avons montré que sous d'autres conditions opératoires, ces critères peuvent être problématiques pour le système et que notre indice de risque est plus adapté, mais qu'il nécessite davantage de connaissances a priori sur le système.

Le second apport de cette thèse concerne le développement d'un modèle de digestion anaérobie incluant la dynamique des SMP et d'analyser ce nouveau modèle appelé AM2b. Ce travail fait l'objet du chapitre trois. L'originalité de notre modèle est qu'il est développé pour des BRM anaérobies, systèmes encore peu étudiés dans la littérature. Le modèle est suffisamment simple d'un point de vue mathématique, pour être utilisé dans la synthèse des observateurs et des lois de commande. Le comportement des différentes variables (biomasses et substrats) en présence de la membrane a été modélisé. Par la suite, nous avons caractérisé les équilibres du système et nous avons proposé une approche graphique pour les déterminer. Nous avons étudié plusieurs cas génériques de comportement du système en fonction de ses paramètres, en particulier du taux de croissance maximum de la biomasse acidogène croissant sur les SMP. Nous avons montré par simulations numériques qu'en l'absence de cette croissance et sous certaines conditions de fonctionnement, le système AM2b se comporte comme le système AM2. Il a six points d'équilibres et fonctionne en bistabilité. Toutefois, sous d'autres conditions opérationnelles et lorsqu'il y a une croissance sur les SMP, le système AM2b présente un comportement qualitatif plus riche que le modèle AM2. Il peut avoir jusqu'à neuf points équilibres et exhibe un comportement de multi-stabilité (quadri-stabilité).

Comme tout système automatique, un bioprocédé nécessite un bon suivi en ligne et un contrôle efficace, basé sur des capteurs physiques. Lorsque ces derniers n'existent pas, nous avons alors recours aux observateurs d'état ou capteurs logiciels pour estimer les variables manquantes. Dans ce cadre, nous avons présenté dans le chapitre quatre un rappel sur la notion d'observabilité et sur quelques observateurs de la littérature appliqués aux bioprocédés [Bas90]. Les techniques qui permettent de développer un observateur pour un bioprocédé s'appuient sur des idées assez différentes selon la qualité et les incertitudes du modèle et des données. Par exemple, un observateur asymptotique peut être utilisé lorsque les cinétiques sont mal connues. Lorsqu'elles sont supposées lentement variables, elles peuvent être estimées par un "estimateur basé observateur". En cas d'incertitudes sur les entrées ou les paramètres, alors un observateur par intervalle peut être construit. Ensuite, nous avons appliqué au modèle AM2b un observateur asymptotique et un "estimateur basé observateur" pour estimer non seulement les biomasses et les SMP mais également les cinétiques biologiques. Malheureusement, il n'y a pas de garantie de convergence de "l'estimateur basé observateur" à cause de la non persistance des entrées. Autrement dit, les mesures ne sont pas assez riches pour être utilisées pour l'estimation. Nous avons alors proposé d'appliquer au système une entrée (le taux de dilution) persistante afin d'exciter davantage le système et rendre les mesures plus informatives.

Bien que les observateurs déterministes aient prouvé leur robustesse dans beaucoup de cas pratiques, ils donnent de mauvaises estimations, voire divergent, si les mesures sont trop bruitées ou si le système est stochastique. Dans ce cas, il faut faire appel à des méthodes stochastiques de filtrage. Lorsque le modèle d'état est stochastique, les filtres particuliers apparaissent comme une technique prometteuse pour l'estimation des variables ou paramètres aléatoires inconnus. Dans ce cadre, nous avons introduit dans le chapitre quatre cette technique de filtrage, en rappelant son principe et en laissant son application à des modèles de bioprocédés comme une perspective de nos travaux.

Perspectives

Beaucoup de perspectives relatives au contrôle et à l'observation des modèles AM2 et AM2b sont ouvertes à la suite des travaux de cette thèse. D'abord pour le modèle AM2, il serait important de synthétiser des observateurs pour estimer les informations nécessaires à la mise en œuvre de la nouvelle stratégie de supervision proposée dans le chapitre deux, en particulier, pour l'estimation du substrat disponible à l'entrée de la réaction méthanogène.

Par ailleurs, dans la mesure où le contrôle des digesteurs anaérobies est un enjeu majeur (voir par exemple les travaux de [Sba10a], [Dim09], [Dim10], [Dim11], [Ols05], [Ste06], [Ste99]), il serait intéressant de faire une synthèse des différents objectifs et résultats disponibles et de réaliser un état de l'art des techniques de contrôle ayant été validées sur pilotes et celles qui n'auraient pas encore été validées.

Relativement au modèle AM2b développé, il serait intéressant d'analyser davantage son comportement qualitatif et de lui développer une version des critères de stabilité proposés pour le modèle AM2 dans le chapitre deux. D'autres perspectives importantes concernant le modèle AM2b sont :

1. Sa confrontation aux données expérimentales ;
2. Le couplage avec des modèles de membranes.

Concernant l'observation et l'estimation du modèle AM2b, beaucoup de perspectives sont envisagées. L'application d'une "banque" d'observateurs pour estimer les biomasses, les SMP et les cinétiques est une piste intéressante. Dans ce cadre, des observateurs à grand gain, des observateurs par modes glissants [Mor09], [Mor11], [Mor12] et des observateurs numériques [Mor95], [Mor93] peuvent être testés. Ces derniers ont la caractéristique de converger rapidement. Toutefois, nous avons besoin de calculer des dérivées numériques, ce qui n'est pas tout à fait évident.

Comme nous l'avons souligné dans le chapitre quatre, la persistance de l'entrée est un ingrédient très important pour que certains observateurs convergent (comme "l'estimateur basé observateur"). Un travail intéressant serait de mettre une entrée variable (utiliser $D(t)$ plutôt que D constant) et de caractériser les mauvaises entrées pour lesquelles "l'estimateur basé observateur" ne converge pas. Relativement au filtrage particulier, nous espérons appliquer cette technique au modèle AM2 de dimension quatre après avoir trouvé une version stochastique pour ce modèle. Nous souhaitons aussi l'appliquer au modèle développé AM2b, bien qu'il soit de dimension cinq et de structure plus compliquée que le modèle AM2.

Enfin, nous résumons les perspectives concernant le modèle AM2b en trois points principaux :

- Raffinement du modèle en considérant le compartiment de la membrane et validation sur des données expérimentales,
- Étude mathématique plus approfondie afin de comprendre le comportement qualitatif,

- Test des observateurs et des filtres et application des lois de commandes en simulation d'abord et en pratique à plus long terme.

Bibliographie

- [AG01] V. Alcaraz-González. *Estimation et commande robuste non-linéaires des procédés biologiques de dépollution des eaux usées : Application à la digestion anaérobie*. PhD thesis, Université de Perpignan, 2001.
- [AG05] V. Alcaraz-González, R. Salazar-Peña, V. González-Álvarez, J.L. Gouzé, and J.P. Steyer. A tunable multivariable nonlinear robust observer for biological systems. *C. R. Biologies*, 328 :317–325, 2005.
- [Aqu04a] S.F. Aquino. *Formation of soluble microbial products (SMP) in anaerobic reactors during stress conditions*. PhD thesis, University of London, 2004.
- [Aqu04b] S.F. Aquino and D.C. Stuckey. Soluble microbial products formation in anaerobic chemostats in the presence of toxic compounds. *Water Research*, 38 :255–266, 2004.
- [Aqu08] S.F. Aquino and D.C. Stuckey. Integrated model of the production of soluble microbial products (smp) and extracellular polymeric substances (eps) in anaerobic chemostats during transient conditions. *Biochemical Engineering Journal*, 38 :138–146, 2008.
- [Ari01] J. Arino. *Modélisation structurée de la croissance du phytoplancton en chemostat*. PhD thesis, Université de Joseph Fourier, Grenoble 1, 2001.
- [Ari03] J. Arino, S.S. Pilyugin, and G.S.K. Wolkowicz. Considerations on yield, nutrient uptake, cellular growth, and competition in chemostat models. *Canadian Applied Mathematics Quarterly*, 11(2), 2003.
- [Bar99] D.J. Barker and D.C. Stuckey. A review of soluble microbial products (smp) in wastewater treatment systems. *Water Resources*, 33(14) :3082–3082, 1999.
- [Bar01] D.J. Barker and D.C. Stuckey. Modelling of soluble microbial products in anaerobic digestion : the effect of feed strength and composition. *Water Environ. Res.*, 73(2) :173–184, 2001.
- [Bas86] G. Bastin and D. Dochain. On-line estimation of microbial growth rates. *Automatica*, 22(6) :705–709, 1986.
- [Bas90] G. Bastin and D. Dochain. *On-line estimation and adaptive control of bioreactors*. Elsevier, 1990.
- [Bas06] C. Bassompierre, S. Li, and C. Cadet. Activated sludge processes state estimation : A non-linear moving horizon observer approach. In *American Control Conference, Minneapolis, Minnesota, USA*, June 14-16, 2006.

- [Bat02] D.J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S.V. Kalyuzhnyi, S.G. Pavlostathis, A. Rozzi, W.T.M. Sanders, H. Siegrist, and V.A. Vavilin. The iwa anaerobic digestion model no 1 (adm1). *Water Science and Technology*, 45(10) :65–73, 2002.
- [Bel] C. Belouadi. *Traitement Anaérobie d'une Eau Résiduaire Synthétique Simulant les Effluents d'une Fabrique de Pâte Thermomécanique*. Mémoire de Maître ès Sciences Appliquées. Université de Quebec à Chicoutimi.
- [Bel08] G.D. Bella, G. Mannina, and G. Viviani. An integrated model for physical-biological wastewater organic removal in a submerged membrane bioreactor : Model development and parameter estimation. *Journal of membrane Science*, 322 :1–12, 2008.
- [Ben10a] B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. Equilibria of an anaerobic wastewater treatment process and their stability. In *CAB'10, Leuven, Belgique*, 2010.
- [Ben10b] B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. Sur le modèle am2 de digestion anaérobie. In *CARI'10, Yamoussoukrou, Côte d'ivoire*, 2010.
- [Ben11a] B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. Modeling of the soluble microbial products (smp) in anaerobic membrane bioreactors (ambr) : Equilibria and stability of the am2b model. In *IFAC'11, Milan, Italie*, 2011.
- [Ben11b] B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. Modélisation mathématique d'un bioréacteur membranaire anaérobie. In *TAMTAM'11, Sousse, Tunisie*, 2011.
- [Ben12a] B. Benyahia, F. Campillo, B. Cherki, and J. Harmand. Particle filtering for the chemostat. In *MED'12, Barcelone, Espagne*, 2012.
- [Ben12b] B. Benyahia, B. Cherki, J. Harmand, and T. Sari. Quelques résultats sur l'observation du modèle am2b. In *CARI'12, Alger, Algérie*, 2012.
- [Ben12c] B. Benyahia, T. Sari, B. Cherki, and J. Harmand. Bifurcation and stability analysis for monitoring anaerobic digestion processes. *Journal of Process Control*, 22(6) :1008–1019, 2012.
- [Ber01a] O. Bernard. Mass balance modeling of bioprocesses. Lectures given at the Summer School on Mathematical Control Theory, Trieste, 3-28 September 2001.
- [Ber01b] O. Bernard and J.L. Gouzé. State estimation for bioprocesses. Lectures given at the Summer School on Mathematical Control Theory, Trieste, 3-28 September 2001.
- [Ber01c] O. Bernard, Z. Hadj-Sadock, D. Dochain, A. Genovesi, and J.P. Steyer. Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process. *Biotechnology and Bioengineering*, 75 :424–438, 2001.
- [Ber04a] O. Bernard. La modélisation des systèmes biologiques : Aller-retours le long des fleuves qui circulent entre l'océan du réel et le lac des modèles. Habilitation, Université de Nice - Sophia Antipolis, 2004.
- [Ber04b] O. Bernard and J.L. Gouzé. Closed loop observers bundle for uncertain biotechnological models. *Journal of Process Control*, 14(765-774), 2004.
- [Bes07] G. Besançon. *Nonlinear observers and applications*. Springer, 2007.
- [Boe91] V.J. Boero, Jr. W.W. Eckenfelder, and Bowers A.R. Soluble microbial product formation in biological systems. *Water Sci. Technol.*, 23 :1067–1076, 1991.

- [Bou04] D. Bougard. *Traitement Biologique d'effluents Azotés avec Arrêt de la Nitrification au stade Nitrite*. PhD thesis, L'école Nationale Supérieure Agronomique De Montpellier, 2004.
- [Bou07] A. Boubakir, F. Boudjema, C. Boubakir, and N. Ikhlef. Loi de commande par mode de glissement avec une surface de glissement non linéaire appliquée au système hydraulique à réservoirs couplés. In *CIP'2007*, 03-04 November 2007.
- [Bus07] J. Busch, A. Cruse, and W. Marquardt. Modeling submerged hollow-fiber membrane filtration for wastewater treatment. *Journal of Membrane Science*, 288 :94–111, 2007.
- [Bus08] J Busch. *Modeling and Model-based control of Membrane Bioreactors*. PhD thesis, RWTH Aachen University, 2008.
- [Cam11] F. Campillo, M. Joannides, and I. Larramendy-Valverde. Stochastic modeling of the chemostat. *Ecological Modelling*, 222 :2676–2689, 2011.
- [Cha03] B. Chachuat, N. Roche, and M.A. Latifi. Réduction du modèle asm1 pour la commande optimale des petites stations d'épuration à boues activées. *Revue des sciences de l'eau*, 16 :5–26, 2003.
- [Cha12] A. Charfi, Ben Amar N., and J. Harmand. Analysis of fouling mechanisms in anaerobic membrane bioreactors. *Water Research*, 46(8) :2637–50, 2012.
- [Cho03] J. Cho, K.H. Ahn, Y. Seo, and Y. Lee. Modification of asm no.1 for a submerged membrane bioreactor system : including the effects of soluble microbial products on membrane fouling. *Water Science and Technology*, 47(12) :177–181, 2003.
- [Cic03] N. Cicek. A review of membrane bioreactors and their potential application in the treatment of agricultural wastewater. *Canadian Biosystems Engineering*, 45 :6.37–6.49, 2003.
- [Cou01] C. Couturier and I. Berger, S. an Meiffren. La digestion anaérobie des boues urbaines : état des lieux, état de l'art. Co-éditée par l' Agence de l'eau Adour-Garonne et Solagro, 2001.
- [Dia01] J.P. Diaz. Application des membranes au traitement des eaux usées (synthèse technique). Technical report, École nationale du génie rural, des eaux et des forêts, 2001.
- [Dim09] N. Dimitrova and M. Krastanov. Nonlinear stabilizing control of an uncertain bioprocess model. *Int. J. Appl. Math. Comput. Sci.*, 19(3) :441–454, 2009.
- [Dim10] N. Dimitrova and M. Krastanov. Nonlinear adaptive control of a model of an uncertain fermentation process. *Int. J. Robust Nonlinear Control*, 20 :1001–1009, 2010.
- [Dim11] N. Dimitrova and M. Krastanov. Nonlinear adaptive stabilizing control of an anaerobic digestion model with unknown kinetics. *Int. J. Robust. Nonlinear Control*, Published online in Wiley Online Library (wileyonlinelibrary.com). DOI : 10.1002/rnc.1782, 2011.
- [Doc86] D. Dochain. *On-line Parameter Estimation, Adaptive State Estimation and Adaptive Control of Fermentation Processes*. PhD thesis, Université Catholique de Leuven, 1986.
- [Doc01a] D. Dochain and collectif. *Automatique des bioprocédés*. Hermès, 2001.
- [Doc01b] D. Dochain and P. Vanrolleghem. *Dynamical modelling and estimation in wastewater treatment processes*. IWA Publishing, 2001.
- [Doc03] D. Dochain. State and parameter estimation in chemical and biochemical processes : a tutorial. *Journal of Process Control*, 13 :801–818, 2003.

- [Dum08a] M. Dumont. *Apports de la modélisation des interactions pour une compréhension fonctionnelle d'un écosystème, Application à des bactéries nitrifiantes en Chemostat*. PhD thesis, Université de Montpellier 2, 2008.
- [Dum08b] M. Dumont, A. Rapaport, J. Harmand, B. Benyahia, and J.J. Godon. Observers for microbial ecology - how including molecular data into bioprocess modeling? In *MED'08, Ajaccio, France*, 2008.
- [EB05] M. Espinosa Bouchot. *Contribution à l'étude d'un Bioréacteur à Membranes Immergées : Impact de la configuration du module et des conditions d'aération sur le colmatage particulaire et modélisation de l'activité biologique*. PhD thesis, L'Institut National des Sciences Appliquées de Toulouse, 2005.
- [Far98] M. Farza, K. Busawon, and H. Hammouri. Simple nonlinear observers for on-line estimation of kinetic rates in bioreactors. *Automatica*, 34(3) :301–318, 1998.
- [Fea98] P. Fearnhead. *Sequential Monte Carlo methods in filter theory*. PhD thesis, University of Oxford, 1998.
- [Fez08] B. Fezzani and R. Ben Cheikh. Implementation of iwa anaerobic digestion model no. 1 (adm1) for simulating the thermophilic anaerobic co-digestion of olive mill wastewater with olive mill solid waste in a semi-continuous tubular digester. *Chemical Engineering Journal*, 141 :75–88, 2008.
- [Gag] J. Gagnaire, P. Moulin, and B. Marrot. Bioréacteurs à membranes : un intérêt grandissant. Disponible sur : <http://www.revue-ein.com>.
- [Gau92] J.P. Gauthier, H. Hammouri, and S. Othman. A simple observer for nonlinear systems : Applications to bioreactors. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 37(6) :875–880, 1992.
- [Geh05] G. Gehlert, M. Abdulkadir, J. Fuhrmann, and J. Hapke. Dynamic modeling of an ultrafiltration module for use in a membrane bioreactor. *Journal of Membrane Science*, 248 :63–71, 2005.
- [Gen07] Z. Geng and E.R. Hall. A comparative study of fouling-related properties of sludge from conventional and membrane enhanced biological phosphorus removal processes. *Water Research*, 41(19) :4329–4338, 2007.
- [Gof05] G. Goffaux and A. Vande Wouwer. *Bioprocess state estimation : some classical and less classical approaches*. Berlin : Springer, 2005.
- [Gon01] J. Gonzalez, G. Fernandez, R. Aguilar, M. Barron, and J. Alvarez-Ramirez. Sliding mode observer-based control for a class of bioreactors. *Chemical Engineering Journal*, 83(25-32), 2001.
- [Goo77] G.C. Goodwin and R.L. Payene. *Dynamic System Identification : Experiment Design and Data Analysis*. Academic Press, 1977.
- [Gou00] J.L. Gouzé, A. Rapaport, and M.Z. Hadj-Sadok. Interval observers for uncertain biological systems. *Ecological Modelling*, 133 :45–56, 2000.
- [Gou04] J.L. Gouzé and G. Robledo. Robust control for an uncertain chemostat model. Technical Report 5295, INRA, 2004.

- [Gri71] E. W. Griffith and K. S. P. Kumar. On the observability of nonlinear systems. *I. J. Math. Anal. Appl.*, 35 :135, 1971.
- [Ham10] H. Hammouri, G. Bornard, and K. Busawon. High gain observer for structured multi-output nonlinear systems. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 55(4) :987–992, 2010.
- [Har04] J. Harmand. Contribution à l’analyse et au contrôle des systèmes biologiques : application aux bioprocédés de dépollution. Habilitation, Laboratoire de Biotechnologie de l’Environnement de l’INRA, 2004.
- [Har06] J. Harmand, A. Rapaport, and F. Mazenc. Output tracking of continuous bioreactors through recirculation and by-pass. *Automatica*, 42 :1025–1032, 2006.
- [Hen00] M. Henze, W. Gujer, T. Mino, and M.V. Loosdrecht. *Activated Sludge Models ASM1, AMS2, ASM2d and ASM3*. IWA Publishing, 2000.
- [Hes07] J. Hess. *Modélisation de la qualité du biogaz produit par un fermenteur méthanogène et stratégie de régulation en vue de sa valorisation*. PhD thesis, Université de Nice - Sophia Antipolis, 2007.
- [Hes08] J. Hess and O. Bernard. Design and study of a risk management criterion for an unstable anaerobic wastewater treatment process. *J. Process Control*, 18 :71–79, 2008.
- [Hes09] J. Hess and O. Bernard. Advanced dynamical risk analysis for monitoring anaerobic digestion process. *American Institute of Chemical Engineers Biotechnol. Prog.*, 25(3) :643–653, 2009.
- [His] Historique de la digestion anaérobie de 1776 à 2007. Disponible sur : <http://www.bafing-consulting.com>.
- [HR06] M.E. Hernandez Rojas. *Bioréacteur à membranes immergées pour le traitement d’eaux usées domestiques : Influence des conditions biologiques sur les performances du procédé*. PhD thesis, L’Institut National Polytechnique de Toulouse, 2006.
- [HS99] Z.M. Hadj-Sadok. *Modélisation et estimation dans les bioréacteurs ; prise en compte des incertitudes : application au traitement de l’eau*. PhD thesis, Université de Nice - Sophia Antipolis, 1999.
- [HS01] M.Z. Hadj-Sadok and J.L. Gouzé. Estimation of uncertain models of activated sludge processes with interval observers. *Journal of Process Control*, 11 :299–310, 2001.
- [Hsi94] K.M Hsieh, G.A Murgel, L.W Lion, and M.L Shuler. Interactions of microbial biofilms with toxic trace metals : 1. observation and modeling of cell growth, attachment, and production of extracellular polymer. *Wat. Res.*, 44 :219–231, 1994.
- [Hua00] X. Huang, R. Liu, and Y. Qian. Behaviour of soluble microbial products in a membrane bioreactor. *Process Biochem.*, 36(5) :401–406, 2000.
- [Hwu98] C.S. Hwu, J.B. Van Lier, and G. Lettinga. Physicochemical and biological performance of expanded granular sludge bed reactors treating long-chain fatty acids. *Process Biochemistry*, 33(1) :75–81, 1998.
- [Iri07] E. Iritani, N. Katagiri, T. Sengoku, K.M. Yoo, K. Kawasaki, and A. Matsuda. Flux decline behaviors in dead-end microfiltration of activated sludge and its supernatant. *Journal of Membrane Science*, 300 :36–44, 2007.

- [IWA01] IWA. *Anaerobic digestion model no. 1 (ADM1). Technical report.* IWA Task Group for Mathematical Modeling of Anaerobic Digestion Processes, 2001.
- [Jan06] N. Jang, X. Ren, J. Cho, and I.S. Kim. Steady-state modeling of bio-fouling potentials with respect to the biological kinetics in the submerged membrane bioreactor (smbr). *Journal of Membrane Science*, 284(1-2) :352–360, 2006.
- [Jan07] N. Jang, X. Ren, G. Kim, C. Ahn, J. Cho, and I.S. Kim. Characteristics of soluble microbial products and extracellular polymeric substances in the membrane bioreactor for water reuse. *Desalination*, 202 :90–98, 2007.
- [Jei06] D. Jeison. *Anaerobic membranes bioreactors for wastewater treatment : Feasibility and potential applications.* PhD thesis, Université de Wageningen, 2006.
- [Jia07] T. Jiang. *Characterization and modeling of soluble microbial products in membrane bioreactors.* PhD thesis, University of Gent, 2007.
- [Jia08] T. Jiang, S. Myngheer, D.J.W. De Pauw, H. Spanjers, I. Nopens, M.D. Kennedy, G. Amy, and P.A. Vanrolleghem. Modelling the production and degradation of soluble microbial products (smp) in membrane bioreactors (mbr). *water research*, 42 :4955–4964, 2008.
- [Kal60] R. E. Kalman. On the general theory of control systems. In *1st Int. Cong. of IFAC, Moscow, URSS*, 1960.
- [Kal62] R. E. Kalman. Mathematical description of linear dynamical systems. *SIAM J. Contr.*, 1 :152–192, 1962.
- [Kha96] H.K. Khalil. *Nonlinear Systems, second edition.* Prentice-Hall, 1996.
- [Kle99] R. Kleerebezem, M. Ivalo, L.W.H. Pol, and G. Lettinga. High-rate treatment of terephthalate in anaerobic hybrid reactors. *Biotechnology Progress*, 15(3) :347–357, 1999.
- [Kuo96a] W.C. Kuo and G.F. Parkin. Characterization of soluble microbial products from anaerobic treatment by molecular weight distribution and nickel-chelating properties. *Water Res.*, 30(4) :915–922, 1996.
- [Kuo96b] W.C. Kuo, M.A. Sneve, and G.F. Parkin. Formation of soluble microbial products during anaerobic treatment. *Water Environ. Res.*, 68 :279–285, 1996.
- [LÓ8] I. López and L. Borzacconi. Modelling a full scale uasb reactor using a cod global balance approach and state observers. *Chemical Engineering Journal*, Article in Press, 2008.
- [Las02a] C.S. Laspidou and B.E. Rittmann. Non-steady state modeling of extracellular polymeric substances, soluble microbial products, and active and inert biomass. *Water Res.*, 36 :1983–1992, 2002.
- [Las02b] C.S. Laspidou and B.E. Rittmann. A unified theory for extracellular polymeric substances, soluble microbial products, and active and inert biomass. *Water Res.*, 36 :2711–2720, 2002.
- [LC06] P. Le-Clech, V. Chen, and T.A.G. Fane. Fouling in membrane bioreactors used in wastewater treatment. *Journal of Membrane Science*, 284 :17–53, 2006.
- [Lee02a] S. Lee, Y. Tee, and M. Park. An observer design for mimo nonlinear systems. *Transactions on Control, Automation, and Systems Engineering*, 4(3) :189–194, 2002.
- [Lee02b] Y. Lee, J. Cho, Y. Seo, J.W. Lee, and K.H. Ahn. Modeling of submerged membrane bioreactor process for wastewater treatment. *Desalination*, 146 :451–457, 2002.

- [Lem04] V. Lemesle. *Modélisation Mathématique Structurée de la Croissance Cellulaire en Chemo-stat : Analyse et estimation*. PhD thesis, Université de Nice - Sophia Antipolis, 2004.
- [Lem05] V. Lemesle and J.L. Gouzé. Hybrid bounded error observers for uncertain bioreactor models. *Bioprocess Biosyst. Eng.*, 27 :311–318, 2005.
- [Let91] G. Lettinga and L.W.H. Hulshoff Pol. Uasb-process design for various types of wastewaters. *Water Science and Technology*, 24(8) :87–107, 1991.
- [LG99] C.O. Leslie Grady, G.T Daigger, and C.L Henry. *Biological Wastewater Treatment, second edition*. Marcel Dekker, 1999.
- [Li06] X. Li and X. Wang. Modelling of membrane fouling in a submerged membrane bioreactor. *Journal of Membrane Science*, 278 :151–161, 2006.
- [Lia07] S. Liang, C. Liu, and L. Song. Soluble microbial products in membrane bioreactor operation : Behaviors, characteristics, and fouling potential. *Water Research*, 41 :95–101, 2007.
- [Lom99] M. Lombardi, K. Fiaty, and P. Laurent. Implementation of observer for on-line estimation of concentration in continuous-stirred membrane bioreactor : Application to the fermentation of lactose. *Chemical Engineering Science*, 54 :2689–2696, 1999.
- [Lu01] S.G. Lu, T. Imai, M. Ukita, M. Sekine, T. Higuchi, and M. Fukagawa. A model for membrane bioreactor process based on the concept of formation and degradation of soluble microbial products. *Water Res.*, 35(8) :2038–2048, 2001.
- [Lu02] S.G. Lu, T. Imai, M. Ukita, M. Sekine, and T. Higuchi. Modeling prediction of membrane bioreactor process with the concept of soluble microbial product. *Water Science and Technology*, 46(11-12) :63–69, 2002.
- [Lub96] V. Lubenova. On-line estimation of biomass concentration and non stationary parameters for aerobic bioprocesses. *Journal of Biotechnology*, 46 :197–207, 1996.
- [Lub02] V. Lubenova, I. Simeonov, and I. Queinnec. Two-step parameter and state estimation of the anaerobic digestion. In *IFAC'02, Barcelona, Spain*, 2002.
- [Lue59] R. Luedeking and E.C. Piret. A kinetic study of lactic acid fermentation batch process at controlled ph. *Journal of Biochem. Microbiol. Tech. Eng.*, 1(4) :393–412, 1959.
- [Lyb99] G. Lyberatos and I.V. Skiadas. Modelling of anaerobic digestion - a review. *Global Nest : the Int. J.*, 1(2) :63–76, 1999.
- [Mar01] J.I. Marriott, E. Sørensen, and I.D.L. Bogle. Detailed mathematical modelling of membrane modules. *Computers and Chemical Engineering*, 25 :693–700, 2001.
- [Mar03a] J. Marriott and E. Sørensen. A general approach to modelling membrane modules. *Chemical Engineering Science*, 58 :4975–4990, 2003.
- [Mar03b] R. Martinez. Estimation des paramètres de modèles pour la digestion anaérobie. Technical Report 0284, INRIA, 2003.
- [Mas04] A. Massé. *Bioréacteur à membranes immergées pour le traitement des eaux résiduaires urbaines : Spécificités physico-chimiques du milieu biologique et colmatage*. PhD thesis, L'Institut National des Sciences Appliquées de Toulouse, 2004.
- [Maz06] D.E. Mazouni. *Modélisation et Commande en Temps Minimum des Réacteurs Biologiques Séquentiels Discontinus*. PhD thesis, Université Claude Bernard - Lyon 1, 2006.

- [McC64] P.L. McCarty. Anaerobic waste treatment fundamentals. part one : Chemistry and microbiology. *PUBLIC WORKS*, 95 :107–112, 1964.
- [Men09] F. Meng, S.R. Chaeb, A. Drewsc, M. Kraumec, H.S. Shind, and F. Yanga. Recent advances in membrane bioreactors (mbrs) : Membrane fouling and membrane material. *water research*, 43 :1489–1512, 2009.
- [ML96] S. Marsili-Libelli and S. Beni. Shock load modelling in the anaerobic digestion process. *Ecol. Model.*, 84 :215–232, 1996.
- [MN08] MBR-Network. Mbr biological modelling. Workshop, Delft, Netherlands. Disponible sur <http://www.mbr-network.eu>, 2 april 2008.
- [Moh05] T. Mohammadi, A. Kohpeyma, and M. Sadrzadeh. Mathematical modeling of flux decline in ultrafiltration. *Desalination*, 184 :367–375, 2005.
- [Mol86] R. Moletta, D. Verrier, and G. Albagnac. Dynamic modelling of anaerobic digestion. *Wat. Res.*, 20 :427–434, 1986.
- [Mor93] P.E. Moraal, J.W. Grizzle, and J.A. Cook. An observer design for single-sensor individual cylinder pressure control. In *32nd Conference on Decision and Control, San Antonio, Texas, USA*, 1993.
- [Mor95] P.E. Moraal and J.W. Grizzle. Asymptotic observers for detectable and poorly observable systems. In *34th Conference on Decision and Control, New Orleans, USA*, 1995.
- [Mor09] J.A. Moreno. A linear framework for the robust stability analysis of a generalized super-twisting algorithm. In *6th ICEEE, Toluca, Mexique*, 2009.
- [Mor11] J.A. Moreno and E. Guzman. A new recursive finite-time convergent parameter estimation algorithm. In *IFAC'11, Milan, Italie*, 2011.
- [Mor12] J.A. Moreno and M. Osorio. Strict lyapunov functions for the super-twisting algorithm. *IEEE transactions on automatic control*, 57 :1035–1040, 2012.
- [Ng06] H.Y. Ng, T.W. Tan, and S.L. Ong. Membrane fouling of submerged membrane bioreactors : Impact of mean cell residence time and the contributing factors. *Environ. Sci. Technol.*, 40 :2706–2713, 2006.
- [Ng07] A.N.L. Ng and A.S. Kim. A mini-review of modeling studies on membrane bioreactor (mbr) treatment for municipal wastewaters. *Desalination*, 212 :261–281, 2007.
- [Nog94] D.R. Noguera, N. Araki, and B.E. Rittmann. Soluble microbial products (smp) in anaerobic chemostats. *Biotechnol. Bioeng.*, 44(9) :1040–7, 1994.
- [OE06] K.P. Oliveira-Esquerre, H. Narita, N. Yamato, N. Funamizu, and Y. Watanabe. Incorporation of the concept of microbial product formation into asm3 and modeling of a membrane bioreactor for wastewater treatment. *Brazilian Journal of Chemical Engineering*, 23(4) :461–471, 2006.
- [Ogn02] S. Ognier, C. Wisniewski, and A. Grasmick. Characterisation and modelling of fouling in membrane bioreactors. *Desalination*, 146 :141–147, 2002.
- [Oli12] R. Oliveira, E.C. Ferreira, and S. Feyo de Azevedo. Stability, dynamics of convergence and tuning of observer-based kinetics estimators. *Journal of Process Control*, 2002 :311–323, 12.

- [Ols05] G. Olsson, M.K. Nielsen, Z. Yuan, A. Lynggaard-Jensen, and J.P. Steyer. *Instrumentation, Control and Automation in Wastewater Systems : Scientific and Technical Report No. 15*, chapter 7 : Control of Anaerobic Digestion Processes. IWA Publishing, 2005.
- [Que11] M. Oueder, M. Farza, R. Ben Abdennour, and M. M'Saad. A dynamic high gain observer for a class of mimo non triangular systems. In *IFAC'11, Milan, Italie*, 2011.
- [Par05] N. Park, B. Kwon, I.S. Kim, and J. Cho. Biofouling potential of various nf membranes with respect to bacteria and their soluble microbial products (smp) : Characterizations, flux decline, and transport parameters. *J. Membr. Sci.*, 258 :43–54, 2005.
- [Pau08] P. Paul and C. Hartung. Modelling of biological fouling propensity by inference in a side stream membrane bioreactor. *Desalination*, 224 :154–159, 2008.
- [Per00] M. Perrier, S.F De Azevedo, E.C. Ferreira, and D. Dochain. Tuning of observer-based estimators : theory and application to the on-line estimation of kinetic parameters. *Control Engineering Practice*, 8 :377–388, 2000.
- [Pet95] A.I. Petros and S. Jing. *Robust Adaptive Control*. Prentice Hall, 1995.
- [Pet00] B. Petersen. *Calibration, Identifiability and Optimal Experimental Design of Activated Sludge Models*. PhD thesis, University of Gent, 2000.
- [Qua95] J. Quarmby and C.F. Forster. A comparative-study of the structure of thermophilic and mesophilic anaerobic granules. *Enzyme and Microbial Technology*, 17(6) :493–498, 1995.
- [Ram06] A. Ramesh, D.J. Lee, and S.G. Hong. Soluble microbial products (smp) and soluble extracellular polymeric substances (eps) from wastewater sludge. *Appl. Microbiol Biotechnol.*, 73 :219–225, 2006.
- [Rap05] A. Rapaport and D. Dochain. Interval observers for biochemical processes with uncertain kinetics and inputs. *Mathematical Biosciences*, 193 :235–253, 2005.
- [Rei08] E. Reid, X. Liu, and S.J. Judd. Sludge characteristics and membrane fouling in full-scale submerged membrane bioreactors. *Desalination*, 219 :240–249, 2008.
- [Rod05] M.S. Rodríguez. *Etude d'un bioréacteur anaérobie à membranes immergées pour le traitement des eaux résiduaires*. PhD thesis, L'Institut National des Sciences Appliquées de Toulouse, 2005.
- [RV06] G. Robledo Veloso. *Quelques Résultats sur la Commande du Chemostat*. PhD thesis, Université de Nice - Sophia Antipolis, 2006.
- [SA09] M.C. Sosse Alaoui. *Commande et Observateur par Modes glissants d'un système de pompage et d'un bras manipulateur*. PhD thesis, Université de Fes, 2009.
- [Sad06] A. Saddoud, M. Ellouze, A. Dhoub, and S. Sayadi. A comparative study on the anaerobic membrane bioreactor performance during the treatment of domestic wastewater of various origins. *Environmental Technology*, 27 :991–999, 2006.
- [Sad07] A. Saddoud, I. Hassaïri, and S. Sayadi. Anaerobic membrane reactor with phase separation for the treatment of cheese whey. *Bioresource Technology*, 98 :2102–2108, 2007.
- [Sba10a] M. Sbarciog, M. Loccufier, and E. Noldus. Determination of appropriate operating strategies for anaerobic digestion systems. *Biochemical Engineering Journal*, 51 :180–188, 2010.

- [Sba10b] M. Sbarciog, M. Loccufier, and E. Noldus. The estimation of stability boundaries for an anaerobic digestion system. In *CAB'10, Leuven, Belgique*, 2010.
- [SBK07] A. Saddoud Ben Kraiem. *Application des bioréacteurs membranaires pour le traitement anaérobie des eaux usées urbaines et industrielles en vue de leurs réutilisations potentielles*. PhD thesis, Université de Sfax, 2007.
- [Sch94] J.E. Schmidt and B.K. Ahring. Extracellular polymers in granular sludge from different upflow anaerobic sludge blanket (uasb) reactors. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 42(2-3) :457–462, 1994.
- [She07] S. Shen, G.C. Premier, A. Guwy, and R. Dinsdale. Bifurcation and stability analysis of an anaerobic digestion model. *Nonlinear Dyn.*, 48 :391–408, 2007.
- [Sim10] I. Simeonov and S. Diop. Stability analysis of some nonlinear anaerobic digestion models. *Int. J. BIOautomation*, 14(1) :37–48, 2010.
- [sit] Méthanisation. Disponible sur : <http://www.methanisation.info/etapes.html>.
- [Smi95] H.L. Smith and P. Waltman. *The theory of the chemostat : Dynamics of microbial competition*. Cambridge University Press, 1995.
- [Spé05] M. Spérandio, A. Masse, M.C. Espinosa-Bouchot, and C. Cabassud. Characterization of sludge structure and activity in submerged membrane bioreactor. *Water Science and Technology*, 52(10-11) :401–408, 2005.
- [Spé07] M. Spérandio, M. Heran, and S. Gillot. Modélisation dynamique des procédés biologiques de traitement des eaux. Editions Techniques de l'Ingénieur W 6500, 18, 2007.
- [Ste99] J.P. Steyer, P. Buffière, D. Rolland, and R. Moletta. Advanced control of anaerobic digestion processes through disturbances monitoring. *Wat. Res.*, 33 :2059–2068, 1999.
- [Ste00] T. Stephenson, S. Judd, B. Jefferson, and K. Brindle. *Membrane Bioreactors for Wastewater Treatment*. IWA Publishing, 2000.
- [Ste03] J.P. Steyer, L. Lardon, J.C. Bouvier, T. Conte, P. Neveu, L. Menut, B. Simon, and C. Hacquart. Instrumentation et gestion de l'information en traitement des eaux. In *Colloque Automatique et Agronomie, Montpellier, France, 22-24 Janvier 2003*.
- [Ste06] J.P. Steyer, O. Bernard, D.J. Batstone, and I. Angelidaki. Lessons learnt from 15 years of ica in anaerobic digesters. *Water Sciences and Technology*, 53(4-5) :25–33, 2006.
- [Tao03] G. Tao. *Adaptive Control Design and Analysis*. Wiley-Interscience, 2003.
- [Thi93] H.R. Thieme. Asymptotically autonomous differential equations in the plane. *Rocky Mountain J. Math.*, 24(1) :351–380, 1993.
- [Tru06] R.S. Trussell, R.P. Merlo, S.W. Hermanowicz, and D. Jenkins. The effect of organic loading on process performance and membrane fouling in a submerged membrane bioreactor treating municipal wastewater. *Water Research*, 40(14) :2675–2683, 2006.
- [Ula] B. Ulanicki, C. Hartung, and T. Janus. Concept of dynamic model of smp and eps formation based on the activated sludge model no 1. In *9th International Computers and Control in the Water Industry Conference*, pages 461–468.
- [UNE03] UNESCO. Water for people, water for life. report 1. UNESCO Publishing, 2003.

- [UNE09] UNESCO. Water in a changing world. report 3. UNESCO Publishing, 2009.
- [Vel06] M. C.V. Vela, S.Á. Blanco, J.L. García, and E.B. Rodríguez. Application of a dynamic model for predicting flux decline in crossflow ultrafiltration. *Desalination*, 198 :303–309, 2006.
- [Vel07] A.C.A. Veloso, I. Rocha, and E.C. Ferreira. Estimation of biomass concentration using interval observers in an e. coli fed-batch fermentation. In *CAB'07, Cancún, Mexico*, 2007.
- [Vid04] P.E. Vidal. *Commande non-linéaire d'une machine asynchrone à double alimentation*. PhD thesis, L'institut National Polytechnique de Toulouse, 2004.
- [Vie95] F. Viel, E. Busvelle, and J.P. Gauthier. Stability of polymerization reactors using i/o linearization and a high-gain observers. *Automatica*, 31(7) :971–984, 1995.
- [VK05] R. Van Kaam. *Bioréacteur a membranes immergées pour le traitement d'eaux usées domestiques. influence des conditions de filtration et de l'hydrodynamique sur les performances du procédé*. PhD thesis, L'institut National Polytechnique de Toulouse, 2005.
- [Wee12] M. Weedermann. Analysis of a model for the effects of an external toxin on anaerobic digestion. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 9 :445–459, 2012.
- [WEF06] Biological nutrient removal : where we have been, where we are going ? WEFTEC'06, 2006.
- [Wil06] Darren J. Wilkinson. *Stochastic modelling for systems biology*. CRC Press, Taylor and Francis Group, 2006.
- [Win03] T. Wintgens, J. Rosen, T. Melin, C. Brepols, K. Drensla, and N. Engelhardt. Modelling of a membrane bioreactor system for municipal wastewater treatment. *Journal of Membrane Science*, 216 :55–65, 2003.
- [Wis98] C. Wisniewski and A. Grasmick. Floc size distribution in a membrane bioreactor and consequences for membrane fouling. colloids and surfaces. *A : Physicochemical and Engineering Aspects*, 138(2-3) :403–411, 1998.
- [Yan06] W. Yang, N. Cicek, and J. Ilg. State-of-the-art of membrane bioreactors : Worldwide research and commercial applications in north america. *Journal of Membrane Science*, 270 :201–211, 2006.
- [ZG08] A. Zarragoitia-González, S. Schetrite, M. Alliet, U. Jáuregui-Haza, and C. Albasi. Modelling of submerged membrane bioreactor : Conceptual study about link between activated sludge biokinetics, aeration and fouling process. *Journal of Membrane Science*, 325 :612–624, 2008.
- [Zha06] J.S. Zhang, C.H. Chuan, J.T. Zhou, and A.G. Fane. Effect of sludge retention time on membrane bio-fouling intensity in a submerged membrane bioreactor. *Separation Science and Technology*, 41(7) :1313–1329, 2006.



Abstract

This thesis focuses on the modeling of anaerobic membrane reactors. In the first part, we propose a generic mathematical analysis of a two-step model of the anaerobic digestion called AM2. The main limitation in the development of membrane reactors being the risk of clogging, we propose in a second part, to extend the AM2 model by incorporating a new state variable modeling the dynamics of the so-called Soluble Microbial Products (SMP) whose role in the clogging of the membranes has been demonstrated. A complete mathematical study of this new model called AM2b is realized to understand and compare the behavior of both models. Depending on operating conditions and on the model parameters values, we show that this new model can behave as the initial model AM2, or, conversely, have a completely different qualitative behavior. The next step is to use this model for the synthesis of controllers. However, the lack of online sensors led us to a third part where we carry out the synthesis of several state observers. In view of the specific characteristics of bioprocesses, this last part ends by proposing new ways to estimate both state and parameters using stochastic methods, including particulate filters which the concepts are briefly reviewed.

(PhD thesis in French)

Defended on October 18th, 2012 at :



With the financial support of :



INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE

Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement UR50

Avenue des Etangs F-11100 NARBONNE – France

Tel. +00 33 (0)468 425 151 · Fax +00 33 (0) 468 425 160 Email: lbe.contact@supagro.inra.fr

<http://www.montpellier.inra.fr/narbonne/>