

RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE

UNIVERSITÉ ABOU BEKR BELKAID TLEMCEM



Faculté des Sciences
Département de Mathématiques

MÉMOIRE DE MASTER

Option : Biomathématiques & Modélisations

présentée par

BERCISSE Silia

Soutenu le : 22 06 2024

Analyse mathématique d'un modèle de traitement des eaux usées

Soutenu devant le jury composé de :

M.TOUAOULA MOHAMED TARIK	Professeur	Université de Tlemcen	Président
Mme.SARI ZAKYA	MCB	Université de Tlemcen	Examinatrice
Mme. GHOUALI AMEL	MCA	ESSA.Tlemcen	Encadrante

Année Universitaire : 2023-2024

Dédicaces

Je dédie ce modeste travail

A celle qui m'a arrosé de tendresse et d'espoirs, à la source d'amour,
à la mère des sentiments fragiles qui ma bénie par ces prières.....Ma mère.

A mon support dans ma vie qui m'a appris m'a supportée et m'a
dérivée vers la gloireMon père.

A ma sœur "Soumia" qui sait toujours comment procurer la joie et
le bonheur pour toute la famille et mes chers frères "Fethi" et "Abdessamie"
qui n'ont pas cessé de me conseiller, encourager et soutenir tout au long de mes
études.

A toutes les personnes de ma grande famille particulièrement ma
grand-mère qui est la personne la plus idéale dans ce monde.

A mes meilleures amies pour les souvenirs des bons moments passés
ensemble.

Remerciements

Je remercie Dieu tout puissant de la patience et de la volonté qu'il m'a donnée pour réaliser ce travail.

Je tiens à adresser mes remerciements à ma famille, et plus précisément à ma mère et mon père qui m'ont toujours soutenue et poussée à continuer mes études.

J'offre aussi des sincères et chaleureux remerciements à mon directeur de mémoire **Mme Amel GHOUALI ep.BEDJAOUI** pour sa patience, sa disponibilité et surtout ses judicieux conseils, qui ont contribué à améliorer ma réflexion.

Je tiens également à exprimer ma gratitude au président du jury **Mr Touaoula Tarik** ainsi qu'à l'examinatrice **Mme Zakya Sari ep BOUAYAD AGHA** pour leur lecture attentive et les remarques afin de déposer la meilleure version possible du mémoire.

Je voudrais exprimer ma reconnaissance envers tous les professeurs, intervenants et toutes les personnes qui par leurs paroles, leurs écrits, leurs conseils et leurs critiques ont guidé mes réflexions et ont accepté de me rencontrer et de répondre à mes questions durant mes recherches.

Merci beaucoup.

Table des matières

1	Etat de l'art sur la digestion anaérobie	9
1.1	La digestion anaérobie	9
1.1.1	Définition	9
1.1.2	Avantages et de la digestion anérobie	10
1.2	Etapas de la digestion anaérobie	10
1.3	Les facteurs physico-chimiques influençant la digestion anaérobie	12
1.4	Les bioréacteurs	14
1.4.1	Définition	14
1.4.2	Mode d'alimentation d'un bioréacteur	14
1.5	La digestion anaérobie du point de vue des mathématiques	16
1.6	Conclusion	18
2	Modélisation mathématique de la digestion anaérobie	19
2.1	Introduction	19
2.2	Modélisation de la digestion anaérobie	19
2.2.1	Modèles existants	19
2.2.2	Choix du modèle	22
2.3	Description du modèle AM2 de digestion anaérobie	23
2.3.1	Les étapes clés du modèle AM2	23
2.3.2	Les équations dynamiques du modèle AM2	25
2.3.3	Existence et unicité de la solution	27
2.3.4	Positivité des variables d'états	27
2.3.5	Bornitude des variables d'états du modèle AM2	28
2.4	Quelques résultats de simulation	32
2.5	Conclusion	35
3	Calcul et analyse des points équilibres du modèle AM2	37
3.1	Introduction	37
3.2	Stabilité des points d'équilibres	41
3.2.1	Notions de stabilité :	41

3.3	Comportement asymptotique global du système	46
3.4	Conclusion	50
	Bibliographie	55

Introduction générale

L'eau est une ressource essentielle pour l'être humain, c'est un "or bleu" et un enjeu sanitaire, social et culturel au cœur des sociétés humaines.

Malheureusement cette richesse précieuse est inégalement répartie dans le monde car plus de 1.1 milliard de personnes dans le monde n'ont pas toujours accès à l'eau potable et 400 enfants (moins de 5 ans) meurent toutes les heures à cause des eaux polluées [2]. En effet, l'eau douce des cours d'eau et des nappes phréatiques représente 1 % du volume d'eau douce et 0.01 % de toute l'eau sur terre. Cette ressource est mal répartie à travers la planète et elle doit satisfaire les besoins de l'humanité (l'usage domestique, industrie et agriculture).

En outre, les ressources hydriques diminuent de plus en plus face à une augmentation de la population mondiale. D'ici 2050, la demande en eau devrait augmenter de 55 %, non seulement sous la pression d'une population croissante (la Terre comptera alors 9,5 milliards de personnes), mais aussi parce que la consommation s'envole. Les besoins de l'industrie devraient exploser de 400 % d'ici-là [3].

Les pays industrialisés gâchent les ressources en eau d'innombrables façons, loin devant les autres pays. Face au problème d'insuffisance d'eau et de pollution provient d'eau salie par nos activités domestiques (lavages et nettoyages divers) et les activités industrielles. Dans de telles conditions et compte tenu de la croissance démographique, l'auto-suffisance en eau devient un problème majeur, dont la solution est simple en apparence : le traitement des eaux usées domestiques.

L'Algérie avec ses 84 barrages de plus de 15 m de hauteur (78 sont en exploitation), ne mobilise que 8.9 milliard de m^3 d'eau. Signalons que les conditions naturelles et économiques en Algérie ne permettent pas d'avoir des barrages de plus grandes capacités [6]. Par ailleurs, La stratégie de purifier les eaux usées est la meilleure approche efficace et durable pour la mise en valeur des ressources hydriques et affronter la demande croissante de la population en Algérie.

L'Office National de l'Assainissement (ONA) compte varier les projets entre station d'épuration et stations de lagunage, de cette façon sur les 108 STEP (station d'épuration) en exploitation, 60 sont des stations de lagunages. L'ONA a géré environ de 350 stations de pompage, 39.000 km de réseau d'assainissement avec la perspective de récupérer un total de 44.000 km en étendant son activité à de nouvelles wilayas [8], mais, avec les $927 \text{ Hm}^3/\text{an}$ de volume d'eau rejetée, la capacité théorique absolue d'épuration est de l'ordre de $700 \text{ Hm}^3/\text{an}$. Cette quantité développée pour atteindre les $900 \text{ Hm}^3/\text{an}$ [7].

Ces différentes actions entreprises et les opérations futures à engager notamment pour l'utilisation des eaux traitées, montrent l'intérêt accordé à ce secteur.

Ce travail est une approche scientifique de traitement des eaux usées domestiques en utilisant un procédé biologique. En effet, la dépollution par voie biologique des résidus (liquides ou solides) consiste à transformer, (à l'aide des micro-organismes ou biomasse) la matière présente dans les déchets sous forme organique et constituée essentiellement de carbone, d'azote et de phosphore.

Il y a deux types de traitement des eaux usées dans les stations d'épuration : aérobie (présence d'aération) qui est le plus généralement utilisé dans les stations d'épuration et anaérobie qui est un processus efficace pour épurer les déchets et le substrat organique.

La digestion anaérobie s'effectue en absence d'oxygène, il s'appuie sur des bactéries anaérobies qu'elles risquent de mourir si elles se retrouvent exposées à l'oxygène, ces dernières servent à transformer les polluants organiques en biogaz tel que le méthane.

Le résidu de méthanisation est un intérêt écologique et énergétique non-négligeable puisque c'est un engrais utile pour fertiliser les terres agricoles.

En revanche, à cause de sa sensibilité aux conditions opératoires, les industriels ont écartés la digestion anaérobie. En effet, ce procédé peut se déstabiliser facilement et la remise de la digestion anaérobie demande beaucoup de temps (plus d'un mois), ce qui n'est pas bon ni du point de vue économique ni du point de vue pratique. Pour cela, les sciences de l'automatique s'intéressent à l'éducation de la digestion anaérobie en terme de modélisation, de contrôle et d'optimisation.

Ce mémoire se situe dans le cadre de la modélisation d'un procédé de digestion anaérobie pour le traitement des eaux usées domestiques. Ce travail est présenté de la manière suivante :

Le premier chapitre sera dédié à un état de l'art sur la digestion anaérobie, de

différents types de bioréacteurs liés à ce processus permis de comprendre ce processus, nous allons encore prendre en compte les paramètres physico-chimiques du fonctionnement.

Le deuxième chapitre présente la modélisation du processus de la digestion anaérobie, nous commençons par une revue bibliographique sur les modèles mathématiques existants, nous prenons le modèle AM2. En effet ce dernier a quelques avantages intéressants pour faire du contrôle, synthèse d'observateurs ou encore, de l'optimisation. La compréhension du modèle à deux étapes nommé AM2 est suivi de quelques résultats de simulation et interprétations du point de vue biologique.

Pour le troisième chapitre nous allons faire une étude détaillée sur les points d'équilibre du modèle AM2 et leur stabilité avec une simulation numérique.

A la fin du manuscrit, nous donnons une conclusion générale sur les principaux résultats dressés. Un certain nombre de pistes pour les futurs travaux de recherche sont proposées.

Chapitre 1

Etat de l'art sur la digestion anaérobie

Comme nous l'avons vu dans l'introduction générale, il est primordial de développer des systèmes performants de traitement des eaux usées, permettant de rejeter dans les milieux naturels des eaux épurées de bonne qualité. Une solution parmi tant d'autres : la technologie des bioréacteurs anaérobie qui apparaît comme une technique prometteuse pour relever ce défi.

Le but de ce chapitre du manuscrit est de se familiariser avec un moyen de dépollution des eaux usées sous la forme d'un réacteur biologique à fonctionnement anaérobie. Une étude générale sur le bioprocédé va nous permettre de comprendre la digestion anaérobie ainsi que les conditions physico-chimiques de son fonctionnement.

1.1 La digestion anaérobie

1.1.1 Définition

Le processus biologique de la digestion anaérobie est un environnement dans lequel les micro-organismes dégradent le substrat organique (généralement des déchets organiques solubilisés dans l'eau), en absence d'oxygène. A la sortie du bioréacteur anaérobie, on obtient une eau plus ou moins dépolluée selon le choix des conditions opératoires, et du biogaz. Ce dernier, composé de méthane (CH_4) avec un taux de 66.66% et de dioxyde de carbone CO_2 (33.33%) et dans un degré moindre d'hydrogène (H_2). Le méthane est un gaz énergétique favorable qui peut se substituer au gaz naturel pour de nombreuses applications à savoir :

- la production d'air chaud pour le séchage.
- la production combinée de chaleur et d'électricité.
- la production d'électricité par moteurs ou turbines à gaz.
- l'utilisation en tant que carburant automobile.
- la production de la chaleur sous forme de vapeur ou d'eau chaude [9].

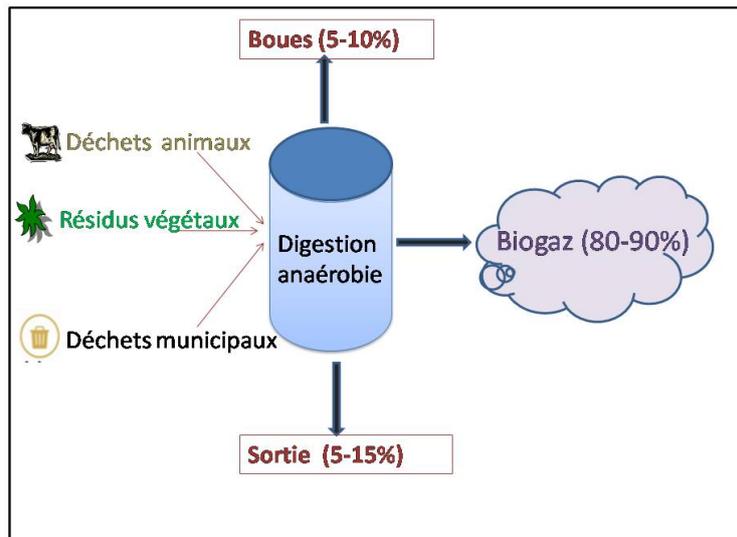


FIGURE 1.1 – La conversion de la matière organique dans la digestion anaérobie.

1.1.2 Avantages et de la digestion anaérobie

La dégradation biologique anaérobie (absence d'oxygène) présente des supériorités significatifs notamment par rapport à la technique aérobie :

- la dégradation d'effluents à forte concentration en matière organique.
- les boues se produisent (5 à 10 fois moins qu'un bioréacteur aéré).
- moins de demande énergétique car les bactéries se fonctionnent en absence d'oxygène.
- une source d'énergie renouvelable et favorable.

1.2 Etapes de la digestion anaérobie

La digestion anaérobie d'un produit organique complexe comporte quatre grandes étapes principales :

— L'Hydrolyse

Cette première étape est généralement la plus lente des quatre étapes de dégradation. Les bactéries transforment des matières organiques complexes en monomères et polymères ; c'est-à-dire les protéines, les glucides et les lipides (graisses) sont transformés en acides aminés, monosaccharides et acides gras respectivement.

— L'Acidogénèse

Dans un deuxième temps, les bactéries acidogènes convertissent les monomères organiques solubles de sucres et acides aminés en éthanol et acides gras volatiles (**AGV**), acétate, hydrogène H_2 et dioxyde de carbone CO_2 . La dégradation des acides aminés conduit également à la production d'ammoniac.

Notons que cette étape est plus rapide par rapport aux autres étapes et que les bactéries y participant ont un temps de duplication très court par rapport aux taux de duplications des autres populations de bactéries.

— L'Acétogénèse

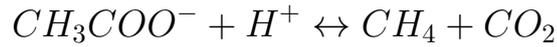
Dans cette troisième étape, les acides gras à longue chaîne ainsi que les acides gras volatils (AGV) et les alcools sont transformés par les bactéries acétogènes en hydrogène (H_2), dioxyde de carbone (CO_2) et acide acétique. Au cours de cette réaction, la D.B.O (demande biologique en oxygène) et la D.C.O (demande chimique en oxygène) sont toutes deux réduites et le pH diminue. Notons que la pression de l'hydrogène joue un rôle intermédiaire et important dans ce processus, car l'accumulation de l'hydrogène conduit à l'arrêt de l'acétogénèse, ce qui implique que ce groupe de bactérie doit être associé à un groupe consommateur d'hydrogène [10].

— La Méthanogénèse

Lors de cette dernière étape, les bactéries dites méthanogènes convertissent l'hydrogène H_2 et l'acide acétique en du méthane CH_4 et du dioxyde de carbone CO_2 . La méthanogénèse est affectée par les conditions dans le réacteur telles que la température, la composition de l'alimentation et le taux de charge organique.

Le produit gazeux, le biogaz, est constitué principalement de méthane (CH_4) et du dioxyde de carbone (CO_2) mais contient également plusieurs autres « impuretés » gazeuses telles que du sulfure d'hydrogène, de l'azote, de l'oxygène et de l'hydrogène. Le biogaz avec une teneur en méthane supérieure à 45% est inflammable, plus le CH_4 est élevé plus la valeur énergétique du gaz est élevée.

La réaction suivante montre la conversion de l'acétate en méthane et en dioxyde de carbone :



Toutes ces transformations se font à partir des résultats des différentes étapes qui interagissent entre elles selon le schéma suivant :

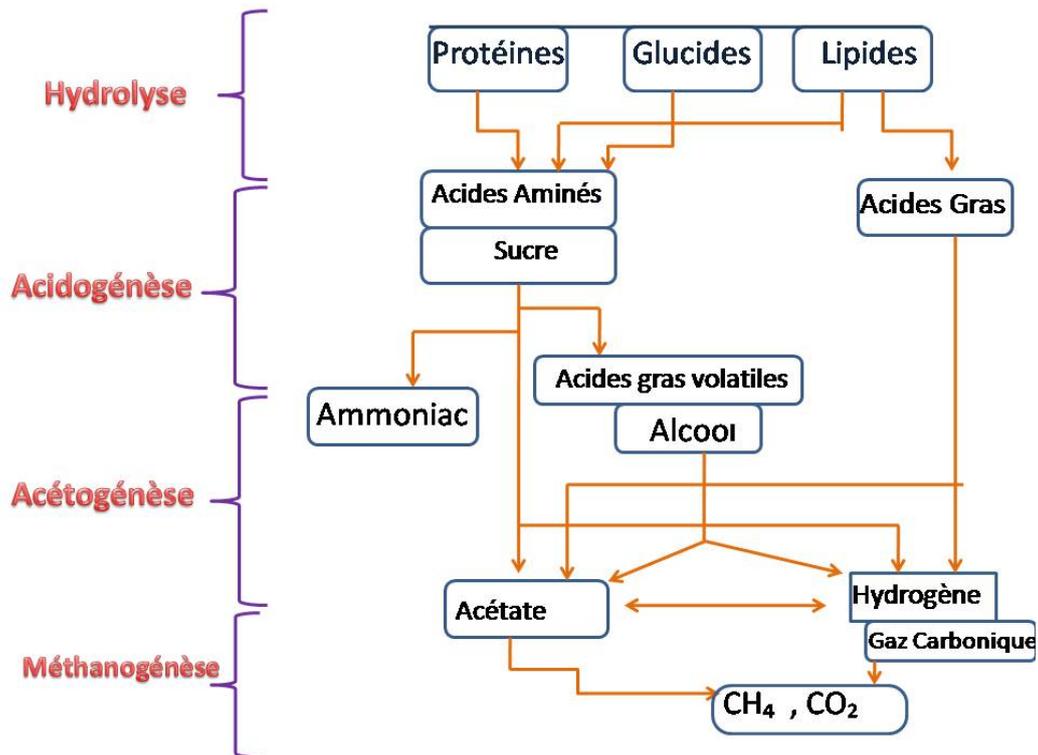


FIGURE 1.2 – Les étapes de la digestion anaérobie

Comme tout micro-organisme les bactéries sont influencées par plusieurs facteurs environnementaux pendant les réactions complexes mises en pratique par la digestion anaérobie, donc il faut souligner un point fondamental : le micro-organisme et le réacteur ne travailleront efficacement que si les conditions les permettent.

1.3 Les facteurs physico-chimiques influençant la digestion anaérobie

La digestion anaérobie ne peut être réalisée que sous certaines conditions comme le pH, la température, le pontentiel d'oxydoréduction, les nutriments, absence d'éléments inhibiteurs (comme l'agent chlorés, les antibiotiques..etc)

La température

La température affecte les réactions biochimiques ainsi que le développement des bactéries. Ainsi, On répartit les bactéries en trois catégories, selon la température à laquelle leur croissance est optimale :

- Les psychrophiles qui vivent dans des milieux de 4 à 30 °C avec un optimum de 12 à 18°C.
- Les mésophiles qui vivent dans des milieux de 20 à 50°C avec un optimum autour de 35°C.
- Les thermophiles qui vivent dans des milieux de 45 à 75 °C avec un optimum autour de 65°C [11].

L'activité des enzymes est encore influencée par la température, en effet, ils ne peuvent pas s'empresser jusqu'à une température minimale puis ils se développent jusqu'à la température optimale. Aux températures extrêmes, les enzymes sont dénaturées et les bactéries décroient.

Le PH

Le traitement biologique des eaux usées s'effectue généralement à pH neutre. Le pH optimal pour la croissance bactérienne se situe autour de 7, bien que certaines puissent être obligatoirement acidophiles et prospérer à un pH de 2. Les champignons préfèrent environnements acides avec un pH de 5 ou moins. Les cyanobactéries se développent de manière optimale au pH supérieur à 7. La croissance bactérienne se traduit généralement par une diminution du pH du milieu par la libération de métabolites acides. Le pH affecte l'activité des enzymes microbiennes. Cela affecte l'ionisation des produits chimiques et joue ainsi un rôle dans le transport des nutriments et des produits chimiques toxiques dans la cellule [12].

Le potentiel d'oxydoréduction

Ce paramètre représente l'état de réduction du système, il affecte l'activité des bactéries méthanogènes. Ces bactéries nécessitent en plus d'absence d'oxygène, un potentiel d'oxydoréduction inférieur à 330 mV pour débiter leur croissance [14].

Concentration en nutriments

La matière vivante est majoritairement composée d'atomes de carbone, d'hydrogène, d'oxygène, d'azote, de phosphore et de soufre. Ces constituants élémentaires doivent être présents dans le substrat selon des proportions exactes.

Il est à noter que la charge en polluants organiques est habituellement mesurée par la demande chimique en oxygène (DCO) qui représente l'oxygène nécessaire à l'oxydation complète des substances organiques et minérales de l'eau par des oxydants chimiques forts. En règle générale les quantités de carbone à éliminer sont trop importantes pour qu'il y ait un équilibre. Les proportions minimales peuvent être estimées. L'azote représente environ 12 % de la biomasse totale, le phosphore 1,5 %, et on considère habituellement que 10% de la charge traitée sert à la croissance bactérienne (rendement de croissance de 0,1g de biomasse par gramme de DCO traité). De plus, une teneur en humidité de 50 % dans le milieu réactionnel semble être un minimum pour permettre le développement des populations bactériennes. En dehors de ces macro-nutriments, les bactéries anaérobies ont besoin d'un grand nombre de micro-nutriments tels que des vitamines, des acides aminés [13].

Le déséquilibre de ces proportions dans le réacteur risque de ralentir la croissance bactérienne donc de retarder le processus global.

Revenons à présent aux fermenteurs anaérobies. Il est à noter que le processus de digestion anaérobie se déroule dans un bioréacteur, la partie ci-dessous est un aperçu sur ce dernier.

1.4 Les bioréacteurs

1.4.1 Définition

Un bioréacteur représente un écosystème miniaturisé et contrôlé, où des organismes vivants interagissent dans un environnement fermé. Les flux de matière sont régulés à l'entrée et à la sortie du système. En général, un bioréacteur se compose d'un récipient d'un volume donné V dans lequel les micro-organismes se développent. Ce récipient est alimenté en continu par un flux d'entrée F_{in} et vidé par un flux de sortie F_{out} . Ces débits peuvent être déterminés par l'expérimentateur ou calculés selon une loi de commande spécifique.

1.4.2 Mode d'alimentation d'un bioréacteur

Il existe trois modes d'alimentations dans un bioréacteur :

— **Mode batch (discontinu) :**

Les cultures batch sont généralement exécutées au maximum volume du navire. Pendant toute la durée de l'opération, les nutriments sont progressivement épuisés et les sous-produits toxiques s'accumulent à l'intérieur du récipient. A un moment donné, les cellules cesseront de croître et la proportion de cellules viables diminuera, parce que les nutriments sont consommés. Toutefois, les densités cellulaires et les rendements de production qui peuvent être obtenus dans les systèmes discontinus sont bien inférieurs à ceux obtenus dans les systèmes fed-batch et continues. Le mode batch est un excellent point de départ pour les débutants dans le domaine cherchant à optimiser les conditions de digestion dans les premiers stades du développement expérimental. Lorsque le dégagement du biogaz est nul, le réacteur est vidé et un nouveau y est introduit [15].

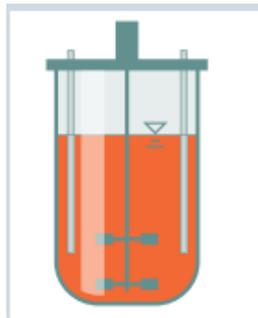


FIGURE 1.3 – Mode Batch : l'alimentation se produit en séquence .

— **Mode fed-batch (semi-continu) :**

Ici, la culture est nourrie pour maintenir la concentration des nutriments constante . Des concentrations élevées de substrat peuvent être obtenues, ce qui entraîne des densités cellulaires et un produit plus élevés titres et viabilité cellulaire prolongée, mais des métabolites toxiques restent s'accumulent avec le temps. Le bioréacteur est inoculé à un volume utile plus faible, qui est souvent le volume utile minimum du navire et est cultivé en batch pendant une courte période jusqu'à ce que certains critères soient remplis pour déclencher le démarrage d'alimentation. Généralement, l'alimentation commence lorsque le glucose initial est atteint ou il y a une accumulation importante de substances nocives sous-produits, tels que l'ammoniac (> 3 mmol/L), à l'intérieur du bioréacteur. Une fois que l'un ou l'autre de ces critères, ou les deux, ont été satisfaits, les nutriments sont ajoutés au bioréacteur via un biberon de milieu d'alimentation par incréments spécifiquement calculés tous les jours jusqu'à ce que le biberon soit vidé et

que le maximum volume de travail a été atteint [15].

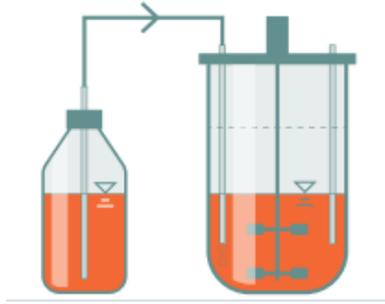


FIGURE 1.4 – Mode fed-batch : la concentration du substrat dans le bioréacteur est constante.

— Mode continu :

Dans un réacteur fonctionnant en continu la cuve est alimentée avec un débit constant ($V = cst$), le débit de la sortie est égal au débit d'entrée ($F_{in} = F_{out}$) et le digestat est évacué par une action mécanique. Cette technologie est idéale pour les installations de grandes tailles. Les réacteurs utilisés peuvent être disposés aussi bien verticalement qu'horizontalement. Ce mode de fonctionnement est le plus utilisé dans le domaine du traitement des eaux usées.

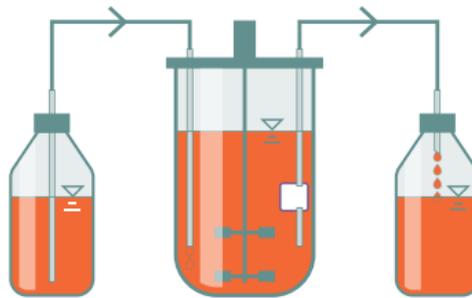


FIGURE 1.5 – Mode continu : l'alimentation est continue avec un débit constant.

1.5 La digestion anaérobie du point de vue des mathématiques

Les mathématiques jouent un rôle crucial dans l'amélioration des performances de la digestion anaérobie de plusieurs façons, à savoir :

— Modélisation et Simulation

Les mathématiques permettent de créer des modèles informatiques précis des processus de digestion anaérobie. Ces modèles peuvent être utilisés

pour simuler différents scénarios opérationnels, tester des hypothèses et prédire les performances du système dans des conditions variables. Cela permet ainsi aux chercheurs et aux ingénieurs d'identifier les meilleures pratiques et de concevoir des stratégies d'optimisation.

— Optimisation des Paramètres de Fonctionnement

Une fois établi, ces modèles peuvent être utilisés pour optimiser les paramètres de fonctionnement des digesteurs anaérobies cités plus haut, tels que la température, le pH, la charge organique, la concentration de nutriments. Ainsi, les méthodes d'optimisation mathématique permettent de trouver les valeurs optimales de ces paramètres pour maximiser la production de biogaz, améliorer l'efficacité de la digestion et réduire les coûts opérationnels.

— Contrôle et Régulation

Afin de maintenir les conditions de fonctionnement optimales dans les digesteurs anaérobies, les modèles mathématiques sont utilisés pour développer des algorithmes de contrôle avancés. Ces derniers utilisent des techniques tels que le contrôle prédictif, le contrôle adaptatif et le contrôle optimal pour ajuster en temps réel les paramètres du système et garantir des performances stables et efficaces.

— Analyse de Sensibilité

Les techniques mathématiques d'analyse de sensibilité permettent d'identifier les paramètres les plus influents sur les performances de la digestion anaérobie. Cela permet aux chercheurs de concentrer leurs efforts sur les aspects les plus critiques du processus et d'optimiser efficacement les ressources disponibles.

En résumé, l'utilisation de ces approches mathématiques, permettra aux chercheurs et ingénieurs d'améliorer significativement les performances des systèmes de digestion anaérobie, d'augmenter la production de biogaz, de réduire les émissions de gaz à effet de serre, et de contribuer ainsi à une utilisation plus durable des ressources organiques.

1.6 Conclusion

Suite à ce premier chapitre introductif présentant quelques connaissances sur le fonctionnement biochimique et physicochimique de la digestion anaérobie, il devient envisageable de passer en revue quelques modèles mathématiques proposés dans la littérature, décrivant le processus de la digestion anaérobie. Notre choix portera sur un modèle à deux étapes obtenu par bilan de matières. Ce modèle nommé AM2 sera au coeur du prochain chapitre.

Chapitre 2

Modélisation mathématique de la digestion anaérobie

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 oeuvre des méthodes d'optimisation 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.

L'objectif principal de ce chapitre est de procéder à un état de l'art sur la modélisation de la digestion anaérobie. Rappelons que cette dernière, est utilisée pour la dépollution des eaux usées et production du biogaz.

Le travail consiste à étudier l'essentiel des travaux réalisés sur le sujet dans le but de rédiger une synthèse bibliographique, afin de choisir par la suite, le type du modèle à étudier pour notre travail.

2.2 Modélisation de la digestion anaérobie

2.2.1 Modèles existants

Avant de lister les différents modèles de la digestion anaérobie existants dans la littérature rappelons d'abord la notion de Modèle.

Le modèle est une représentation claire d'un processus ou d'un concept, la formulation mathématique de cette représentation par des équations conduit à la notion de modèle mathématique.

Le modèle mathématique est une traduction mathématique d'un système réel

ou abstrait qui est utilisé dans une variété de domaines tels que la physique, la biologie la finance..etc. Notons qu'un modèle peut être développé pour des fins très diverses. Il peut servir pour reproduire ou expliquer un phénomène observé, pour prédire un comportement, contrôler un système,...etc. Un modèle n'est cependant utile que s'il permet de répondre aux questions que nous nous posons à propos du processus étudié : que modélise-t-on ? Comment ? et pourquoi ce modèle est satisfaisant ? Ceci explique pourquoi, parmi un ensemble donné de modèles, tel modèle est préféré aux autres, car il apportera des réponses aux questions posées plus haut [4].

Dans le domaine de la biologie, la modélisation pose un défi de taille. Contrairement à d'autres disciplines, il n'existe pas de lois ou de modèles universels définissant l'évolution des micro-organismes. Par conséquent, la modélisation de la digestion anaérobie représente un champ de recherche très actif ces dernières années.

Plusieurs étapes historiques caractérisent la modélisation des bioprocédés. Les premières études étaient le fait de chimistes et de biologistes qui cherchaient, jusqu'à 1930 environ, à identifier les précurseurs du méthane, à expliquer les problèmes encourus et à définir la stoechiométrie des réactions de biodégradation. Une description grossière de la méthanisation fut proposée en 1939. Elle était décrite par une réaction de dégradation qui définissait, à partir d'une quantité donnée de substrat d'alimentation, la quantité du méthane et du dioxyde de carbone formés en sortie du digesteur. Cette formulation, bien qu'extrêmement simple, a fourni une première modélisation du processus de fermentation.

Monod formula en 1950, le principe selon lequel la vitesse de croissance d'une population bactérienne pourrait être représentée comme étant le produit de la biomasse et le taux de croissance. Par la suite il développa le premier modèle de "chémostat" représenté par deux variables, à savoir, la concentration de la biomasse et le substrat limitant, dans un bioréacteur fonctionnant en continu. Les équations du modèle du chemostat sont repris en détail dans [21].

En 1968, Andrews introduit une cinétique de type Haldane pour caractériser l'inhibition de la digestion anaérobie consuisant au lessivage du réacteur en cas d'accumulation des AGV. Un modèle à une seule réaction (ou biomasse) fut alors proposé par Graef et Andrews en 1974.

Par la suite, la représentation du processus biochimique a été affinée par la description de trois étapes : hydrolyse des composés organiques, acidogénèse et

méthanogénèse. En 1983, Mosey introduit 2 populations acidogènes et 2 populations méthanogènes, mettant en exergue le rôle d'intermédiaire réactionnel de l'hydrogène.

Depuis, de nombreux modèles ont été proposés, certains de plus en plus complexes afin de représenter au mieux les réactions concernées mais au prix de l'augmentation du nombre de paramètres et de variables d'états.

Notons que les différents modèles présentent une structure commune qui repose sur la représentation du bilan de matière (et parfois d'énergie). Cette structure modèle formalise simplement le principe de conservation de la matière, illustré par la célèbre citation de Lavoisier : **"Rien ne se perd, rien ne se crée, tout se transforme"**.

Les modèles mathématiques se varient en difficulté suivant le nombre de processus biochimiques représentés.

Dans cette section, nous passerons en revue quelques modèles développés pour modéliser la digestion anaérobie.

Le modèle **ADM1** (Anaerobic Digestion Model No 1) a été publié pour la première fois par l'association de **IWA** (International Water Association) en 2001 [16]. L'ADM1 est un modèle complet basé au plus près du modèle phénoménologique, permettant de simuler au mieux les réacteurs anaérobies. ADM1 est donc un modèle descriptif très complexe, contient 32 équations différentielles qui modélisent les réactions entre les différentes espèces liquides et gazeuses, il décrit 19 processus biochimiques, 3 processus cinétiques de transfert gaz-liquide et 7 populations bactériennes différentes. Cependant pour qu'on puisse contrôler le modèle (ADM1) on a besoin d'établir plus de 80 paramètres. Ce modèle peut servir comme une base un procédé virtuel pour la mise en place d'unités de dépollution ou encore, pour tester dans un cadre plus réaliste avant de valider expérimentalement des stratégies de contrôle basées sur d'autres modèles plus simples. En revanche, à cause de sa grande dimension, l'utilisation de L'ADM1 pour l'estimation, la supervision des digesteurs anaérobies n'est pas appropriée : fortement non-linéaire, difficile à appréhender [17], [19].

Pour faire du contrôle des digesteurs anaérobies, un modèle nommé AM2, beaucoup plus approprié est utilisé. C'est un modèle à deux étapes : l'Acidogénèse et la Méthanogénèse, les auteurs ont pris en compte les phénomènes macroscopiques ayant lieu dans le milieu de digestion en supposant que les popula-

tions bactériennes de la digestion anaérobie sont divisées en deux principaux groupes avec des caractéristiques homogènes. Le modèle AM2 est décrit comme un modèle adapté pour le processus de la digestion anaérobie, puisqu'il prend en compte l'accumulation des acides gras volatils (AGV) dans le bioréacteur provoquant la déstabilisation du processus, un phénomène connu sous le nom de "déstabilisation des digesteurs anaérobies". Il est à noter que le modèle AM2 a été développé dans le cadre du projet européen **AMOCO** et a été validé suite à des résultats expérimentaux obtenus sur le réacteur à lit fixe de l'INRA de Narbonne [18], [22].

D'autres travaux plus récents ont porté sur le développement d'un nouveau modèle dynamique pour un bioréacteur membranaire anaérobie, basé sur la modification du modèle AM2 et l'intégration d'une nouvelle variable SMP (Produits Microbiens Solubles) [25].

Outre le modèle AM2, nous pouvons citer également le modèle AMH1 qui a été développé par Bernard et al [20] dont l'objectif était de déterminer le nombre d'équations nécessaire à l'expression de la variance du modèle AM2 par analyse des composantes principales. Ayant déduit des données expérimentales que 86% de la variance était obtenue dans un système à deux équations, contre 91% pour quatre équations. En d'autres termes, AMH1 ne prend en considération que la dernière étape de la digestion anaérobie, soit à supposer que le taux de croissance des acétogènes est infiniment plus grand que celui des méthanogènes. Dans ce modèle, la totalité de substrat se transforme en AGV d'une manière instantanée.

2.2.2 Choix du modèle

Nous venons de citer quelques modèles mathématiques concernant la digestion anaérobie. Suite à ce modeste état de l'art, nous avons constaté que l'enjeu principal des procédés de digestion anaérobie est de combiner un rendement épuratoire et une production optimale de biogaz.

Il faut alors des modèles suffisamment simples pour être analysables par les mathématiques mais également suffisamment complexes pour caractériser la dynamique du système de manière satisfaisante. De ce fait, la bonne représentation de la dynamique du système réel et sa relative simplicité par rapport à des modèles beaucoup plus complexes comme l'ADM1 font du modèle AM2 un bon candidat pour la suite de notre travail.

2.3 Description du modèle AM2 de digestion anaérobie

2.3.1 Les étapes clés du modèle AM2

Le modèle AM2 comprend deux étapes de dégradation et deux populations bactériennes comme décrit dans la figure ci-dessous :

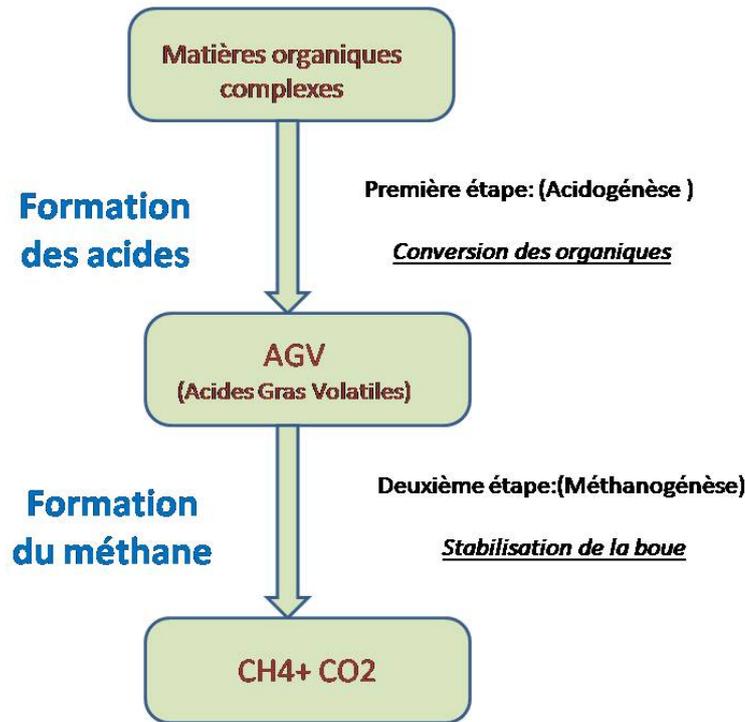


FIGURE 2.1 – Schéma réactionnel du modèle AM2

Acidogénèse

A cette étape, le substrat carboné noté s_1 se décompose en AGV (devient le substrat s_2) et en dioxyde de carbone CO_2 à l'aide des bactéries acidogènes de concentration x_1 selon le schéma réactionnel suivant :



où r_1 présente le taux de réaction d'acidogénèse donné par l'équation :

$$r_1 = \mu_1(s_1)x_1.$$

$\mu_1(s_1)$ représente le taux de croissance des acidogènes qui suit une loi de **Monod** :

$$\mu_1(s_1) = m_1 \frac{s_1}{s_1 + K_1} \quad (2.1)$$

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 .

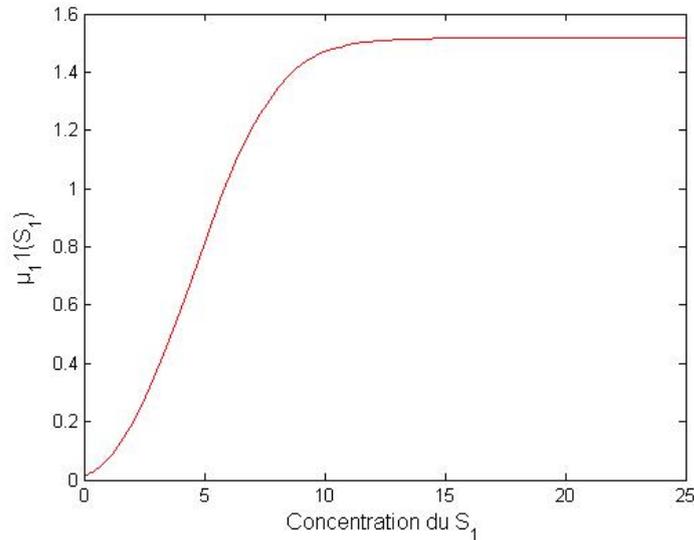


FIGURE 2.2 – Cinétique de croissance de Monod

Méthanogénèse :

C'est la deuxième étape du modèle AM2 où le substrat s_2 (Acides Gras Volatiles) se transforme à son tour en dioxyde de carbone CO_2 et en méthane CH_4 à grâce à la seconde population bactérienne x_2 , dite méthanogène, suivant ce schéma réactionnel :



où r_2 est le taux de réaction de méthanogène donné par

$$r_2 = \mu_2(s_2)x_2 .$$

avec $\mu_2(s_2)$ est le taux de croissance spécifique de x_2 sur s_2 qui suit une cinétique de **Haldane** donné par l'équation ci-dessous :

$$\mu_2(s_2) = m_2 \frac{s_2}{s_2 + K_2 + \frac{s_2^2}{K_i^2}} \quad (2.2)$$

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

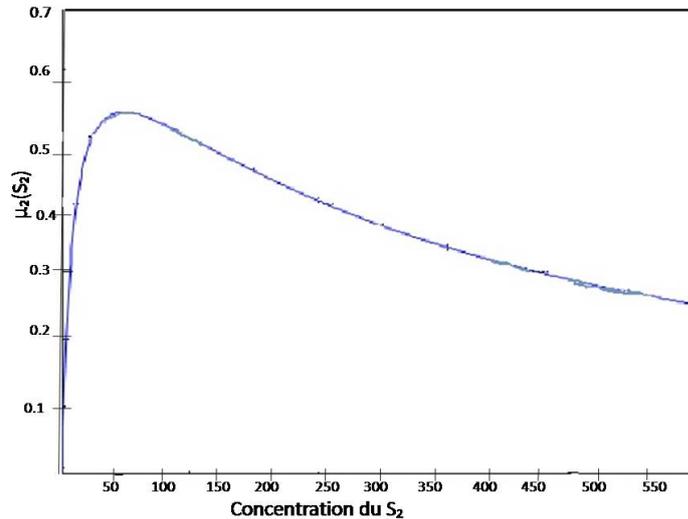


FIGURE 2.3 – Cinétique de croissance de Haldane

2.3.2 Les équations dynamiques du modèle AM2

Le modèle général AM2 à deux étapes tel qu'il a été proposé dans la littérature [18], [25] comprend 6 variables d'états $\xi = [s_1 \ x_1 \ s_2 \ x_2 \ z \ c]^T$ avec

- s_1 : concentration du substrat de matière carbonée.
- x_1 : concentration de la population bactérienne acidogène.
- s_2 : concentration des acides gras volatile (AGV).
- x_2 : concentration de la population bactérienne méthanogène.
- c : concentration du carbone inorganique.
- z : concentration de l'alcalinité.

Les concentrations citées ci-dessus sont toutes mesurées en (g/L) à l'instant t .

Il est à souligner que la structure originale de 4 variables (x_1, x_2, s_1 et s_2) est découplé des deux autres variables (z et c), ces deux dernières étant nécessaires uniquement pour calculer certaines sorties du système, à savoir, le débit de gaz de CO_2 et le pH qui dépendent des conditions physico-chimiques régnant dans

le réacteur [25].

Dans la suite de notre travail, nous allons considérer le modèle de digestion anaérobie simplifié à 4 variables. Il est à noter que cela ne posera pas de problème pour l'analyse mathématique du modèle réduit.

Le modèle dynamique de dimension 4 est le suivant

$$\dot{s}_1 = D(s_{1in} - s_1) - k_1\mu_1(s_1)x_1 \quad (2.3)$$

$$\dot{x}_1 = (\mu_1(s_1) - \alpha D)x_1 \quad (2.4)$$

$$\dot{s}_2 = D(s_{2in} - s_2) + k_2\mu_1(s_1)x_1 - k_3\mu_2(s_2)x_2 \quad (2.5)$$

$$\dot{x}_2 = (\mu_2(s_2) - \alpha D)x_2 \quad (2.6)$$

avec

- s_{1in} : concentration de s_1 dans l'alimentation [g/l].
- s_{2in} : concentration de s_2 dans l'alimentation [$mmol/l$].
- k_1 : rendement de dégradation de s_1 par x_1 [g/g].
- k_2 : rendement de production de s_2 par x_1 à partir de s_1 [$mmol/g$].
- k_3 : rendement de dégradation de s_2 par x_2 [$mmol/g$].
- $\mu_1(\cdot)$: cinétique de Monod.
- $\mu_2(\cdot)$: cinétique de Haldane.
- D : taux de dilution exprimé en [j^{-1}].
- α : taux de biomasse fixée et donc non soumis au lessivage.

En effet, le terme α permet de modéliser dans un même cadre de représentation des réacteurs à biomasse libre ($\alpha = 1$) ou à biomasse totalement fixée ($\alpha = 0$), $\alpha \in [0, 1]$. Dans ce travail, nous considérons $\alpha = 1$.

Notons que les fonctions μ_1 et μ_2 satisfont les hypothèses suivantes :

★ Hypothèses sur $\mu_1(\cdot)$:

- $\mu_1(0) = 0$.
- $\mu_1(\infty) = m_1$.
- $\mu_1'(s_1) > 0$ pour $s_1 \geq 0$.

★ Hypothèses sur $\mu_2(\cdot)$:

- $\mu_2(0) = 0$.
- $\mu_2(\infty) = 0$.
- $\max \mu_2(s_2) = \mu_2^m = \mu_2(s_2^m)$ avec $s_2 = s_2^m$.
- $\mu_2'(s_2) > 0$ si $0 \leq s_2 < s_2^m$.
- $\mu_2'(s_2) < 0$ si $s_2 > s_2^m$.

Afin que les variables d'état aient une signification physique, il est impératif de garantir l'existence, la positivité et la bornitude des solutions du modèle AM2.

2.3.3 Existence et unicité de la solution

Chaque équation de notre problème est une EDO avec une condition initiale qui a cette forme

$$\begin{cases} \dot{x} &= f(t, x) \\ x(0) &= x_0 \end{cases} \quad (2.7)$$

Il s'agit d'un problème de Cauchy où f est continue en (t, x) et localement lipschitzienne en x alors l'équation admet une solution unique locale.

2.3.4 Positivité des variables d'états

la positivité des variables d'états doit être vérifiée car notre système réel ne peut pas admettre des valeurs de concentrations négatives.

Positivité de l'état s_1

Posons $s_1(0) \geq 0$ (car les conditions initiales doivent satisfaire des contraintes réelles). Nous pouvons démontrer que $\forall t > 0 \implies s_1(t) \geq 0$. Raisonnons par l'absurde. Supposons qu'il existe un $t_1 > 0$ tel que $s_1(t_1) < 0$. Puisque la fonction $s_1(t)$ est continue et la condition initiale est positive alors pour arriver à t_1 la fonction doit atteindre 0 c-à-d :

il existe un $t_0 > 0$ tel que $s_1(t_0) = 0$ et $\dot{s}_1(t_0) < 0$.

Cependant $\dot{s}_1(t_0) = Ds_{1in} - k_1\mu_1(0)x_1(t) \geq Ds_{1in} \geq 0$: **absurde !**

Donc, $s_1(t) \geq 0 \quad \forall t > 0$.

Positivité de x_1

Soit $\dot{x}_1(t) = (\mu_1(s_1) - \alpha D)x_1(t)$. La solution de cette équation est donnée par :

$$x_1(t) = x_1(0)e^{\int_0^t (\mu_1(s_1(y)) - \alpha D(y)) dy}$$

Si la condition initiale est positive alors la solution est positive.

Positivité de s_2

Posons $s_2(0) \geq 0$, démontrons que $\forall t > 0 \implies s_2(t) \geq 0$.

Raisonnons, supposons qu'il existe un $t_1 > 0$ tel que $s_2(t_1) < 0$, tandis que la fonction s_2 est continue et la condition initiale est positive alors pour arriver à t_1 , la fonction doit atteindre 0 c-à-d il existe un $t_0 > 0$ tel que $s_2(t_0) = 0$ et $\dot{s}_2(t_0) < 0$.

Cependant $\dot{s}_2(t_0) = Ds_{2in} + k_2\mu_1(0)x_1 - k_3\mu_2(0)x_2 \geq Ds_{2in} + k_2\mu_1(0)x_1 \geq 0$: **absurde!**. Donc $s_2(t) \geq 0 \quad \forall t > 0$.

Positivité de x_2

Soit $\dot{x}_2(t) = (\mu_2(s_2) - \alpha D)x_2(t)$. La solution de cette équation est de la forme

$$x_2(t) = x_2(0)e^{\int_0^t (\mu_2(s_2(y)) - \alpha D(y)) dy}$$

Si la condition initiale est positive alors la solution est positive.

2.3.5 Bornitude des variables d'états du modèle AM2

En plus d'être positives, les valeurs de ces variables d'état doivent respecter des bornes de logique biologique. Par exemple il est évident que la valeur de s_1 ne peut jamais dépasser s_{1in} . Dans cette sous section, nous allons démontrer que chaque variables du modèle AM2 sont bornées.

Bornitude de s_1

Soit

$$\dot{s}_1(t) = D(t)(s_{1in} - s_1) - k_1\mu_1(s_1(t))x_1(t)$$

Sachant que $k_1\mu_1(s_1)x_1(t) \geq 0$ alors

$$\dot{s}_1(t) \leq D(t)(s_{1in} - s_1(t))$$

Et donc

$$\dot{s}_1(t) + D(t)s_1(t) \leq Ds_{1in}$$

Multiplions les deux membres de l'inégalité par $e^{\int_0^t D(y) dy}$ ainsi

$$\dot{s}_1(t)e^{\int_0^t D(y) dy} + D(t)s_1(t)e^{\int_0^t D(y) dy} \leq Ds_{1in}e^{\int_0^t D(y) dy}$$

En intégrant entre 0 et t , nous obtenons

$$s_1(t)e^{\int_0^t D(y) dy} \leq s_1(0) + s_{1in}[e^{\int_0^t D(y) dy} - 1]$$

Multiplions par le terme $e^{\int_0^t -D(y) dy}$ pour obtenir l'expression de $s_1(t)$.

$$s_1(t) \leq (s_1(0) - s_{1in})e^{\int_0^t -D(y) dy} + s_{1in}$$

Supposons que $s_1(0) \leq s_{1in}$, alors $s_1 \leq s_{1in}$ ■

Bornitude de x_1

Nous allons démontrer que l'état $x_1(t)$ est borné en posant une variable définie comme suit

$$\xi(t) = s_1(t) + k_1(t)x_1(t)$$

Par suite

$$\dot{\xi}(t) = \dot{s}_1(t) + k_1(t)\dot{x}_1(t)$$

Remplaçons les termes $s_1(t)$ et $x_1(t)$ par leurs expressions. Nous trouvons ainsi

$$\dot{\xi}(t) = D(t)s_{1in} - D(t)\xi(t)$$

En multipliant les deux côtés de cette équation par la valeur $e^{\int_0^t D(y) dy}$, nous obtenons

$$\dot{\xi}(t)e^{\int_0^t D(y) dy} + D(t)\xi(t)e^{\int_0^t D(y) dy} = D(t)s_{1in}e^{\int_0^t D(y) dy}$$

Le but est de trouver l'expression de $\xi(t)$. Intégrons tout d'abord entre 0 et t les deux côtés de l'inégalité

$$\xi(t)e^{\int_0^t D(y) dy} = \xi(0) + s_{1in}[e^{\int_0^t D(y) dy} - 1]$$

Multiplions ensuite par $e^{\int_0^t -D(y) dy}$ pour déduire l'expression de $\xi(t)$

$$\xi(t) = \xi(0)e^{\int_0^t -D(y) dy} + s_{1in}[1 - e^{\int_0^t -D(y) dy}]$$

Puisque $D(y)$ est positive alors $e^{\int_0^t -D(y) dy} < 1$ et donc $1 - e^{\int_0^t -D(y) dy} < 1$.

Par suite, nous déduisons l'inégalité ci-dessous

$$\xi(t) \leq \xi(0) + s_{1in}$$

Remplaçons $\xi(t)$ et $\xi(0)$ par leurs expressions respectives, nous obtenons ainsi

$$s_1(t) + k_1(t)x_1(t) \leq s_1(0) + k_1x_1(0) + s_{1in}$$

$s_1(t)$ étant positive alors

$$k_1(t)x_1(t) \leq s_1(0) + k_1x_1(0) + s_{1in}$$

Vu que $s_1(0) < s_{1in}$, alors

$$x_1(t) \leq x_1(0) + \frac{2s_{1in}}{k_1} \quad \blacksquare$$

Bornitude de s_2

Nous allons suivre les mêmes démarches que précédemment. Posons $Z(t) = S_2(t) - k_2X_1(t)$. Sa dérivée s'écrit comme suit

$$\dot{Z}(t) = D(t)s_{2in} - D(t)Z - k_3\mu_2(s_2)x_2$$

.

Puisque $k_3\mu_2(s_2)x_2(t)$ est positive alors

$$\dot{Z}(t) \leq D(t)s_{2in} - D(t)Z$$

Multiplions d'abord les deux membres de l'inégalité par $e^{\int_0^t D(y) dy}$ puis intégrons entre 0 et t . Après un simple calcul, nous trouvons

$$Z(t)e^{\int_0^t D(y) dy} \leq Z(0) + s_{2in}[e^{\int_0^t D(y) dy} - 1]$$

Multiplions par $e^{\int_0^t -D(y) dy}$

$$Z(t) \leq Z(0)e^{\int_0^t -D(y) dy} + s_{2in}(1 - e^{\int_0^t -D(y) dy})$$

Il est à noter que $D(y) \geq 0$ donc $e^{\int_0^t -D(y) dy} < 1$. Par suite, $1 - e^{\int_0^t -D(y) dy} < 1$. Nous déduisons l'inégalité suivante

$$Z(t) \leq Z(0) + s_{2in}$$

Comme précédemment, en remplaçons $Z(t)$ et $Z(0)$ par leurs expressions respectives, nous obtenons

$$s_2(t) - k_2(t)x_1(t) \leq s_2(0) - k_2x_1(0) + s_{2in}$$

Puisque $s_2(0) < s_{2in}$ alors

$$s_2(t) \leq 2s_{2in} + \frac{2k_2s_{1in}}{k_1} \quad \blacksquare$$

Bornitude de x_2

Ici aussi, nous allons suivre la même démarche que pour x_1 . Posons $\Psi(t) = s_2(t) - k_2x_1(t) + k_3x_2$. La dérivée s'écrit donc

$$\dot{\Psi}(t) = D(t)s_{2in} - D(t)\Psi$$

Multiplions d'abord l'équation par $e^{\int_0^t D(y) dy}$ puis intégrons entre 0 et t , après calcul, nous obtenons

$$\Psi(t)e^{\int_0^t D(y) dy} = \Psi(0) + s_{2in}[e^{\int_0^t D(y) dy} - 1]$$

Multiplions par $e^{\int_0^t -D(y) dy}$ pour déduire l'expression de $\Psi(t)$

$$\Psi(t) = \Psi(0)e^{\int_0^t -D(y) dy} + s_{2in}(1 - e^{\int_0^t -D(y) dy})$$

Puisque $D(y)$ est positive alors $e^{\int_0^t -D(y) dy} < 1$ et donc $1 - e^{\int_0^t -D(y) dy} < 1$.

Par suite, nous aboutissons à l'inégalité suivante

$$\Psi(t) \leq \Psi(0) + s_{2in}$$

Après avoir remplacé $\Psi(t)$ et $\Psi(0)$ par leurs expressions respectives, nous obtenons

$$s_2(t) - k_2(t)x_1(t) + k_3x_2(t)s \leq s_2(0) - k_2X_1(0) + k_3X_2(0) + s_{2in}$$

Puisque $s_2(t) > 0$ alors

$$x_2(t) \leq x_2(0) + \frac{2}{k_3}(s_{2in} + \frac{k_2s_{1in}}{k_1}) \quad \blacksquare$$

2.4 Quelques résultats de simulation

Afin de se familiariser davantage avec le modèle AM2, nous avons effectué des tests de simulation pour voir comment le système réagit face aux variations du taux de dilution sur des intervalles de temps différents s'étalant sur une période de temps de 40 jours. Nous avons simulé le modèle en utilisant le logiciel Matlab. Les valeurs des paramètres du AM2 ainsi que leurs unités sont mentionnées dans le tableau ci-dessous. Il est à noter que ces valeurs de paramètres ont été identifiées et validées sur un bioréacteur réel [18].

Grandeurs	Valeur	Unité
S_{1in}	30	g/l
S_{2in}	150	$mmol/l$
m_1	1.2	j^{-1}
m_2	0.74	j^{-1}
K_1	7.1	g/l
K_2	9.28	$mmol/l$
K_i	256	$mmol/l$
k_1	42.14	g/g
k_2	116.5	$mmol/g$
k_3	268	$mmol/g$
k_4	453	$mmol/g$

Pour observer cette influence sur notre modèle nous donnons des valeurs variantes du taux de dilution D selon la figure (2.4) :

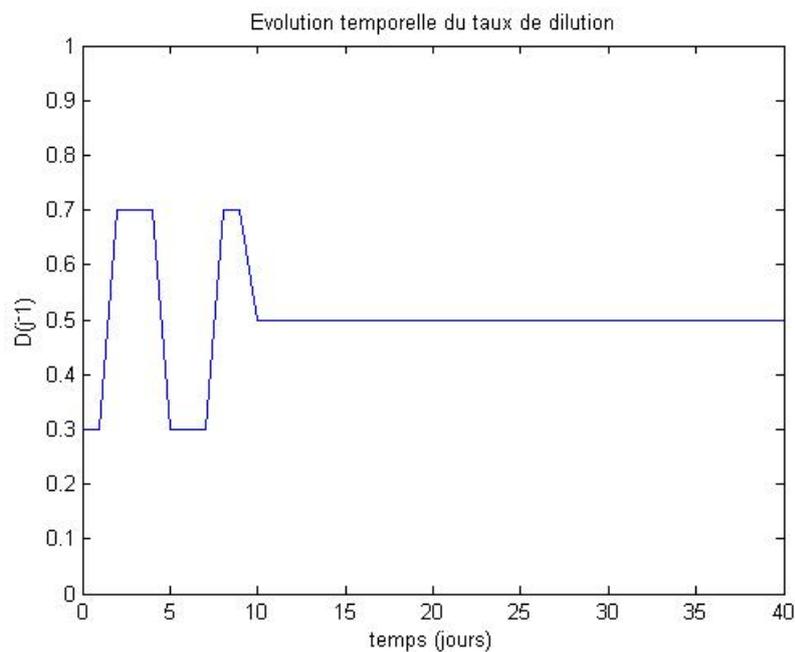


FIGURE 2.4 – Evolution temporelle du taux de dilution D

Pour lancer la simulation numérique, nous avons certainement besoin d'un vecteur des conditions initiales qui est donné par $\xi(0) = [S_1(0) \ X_1(0) \ S_2(0) \ X_2(0)] = [37.89 \ 0.05 \ 42.41 \ 0.52]$. Les résultats de simulation sont donnés par les figures ci-dessus

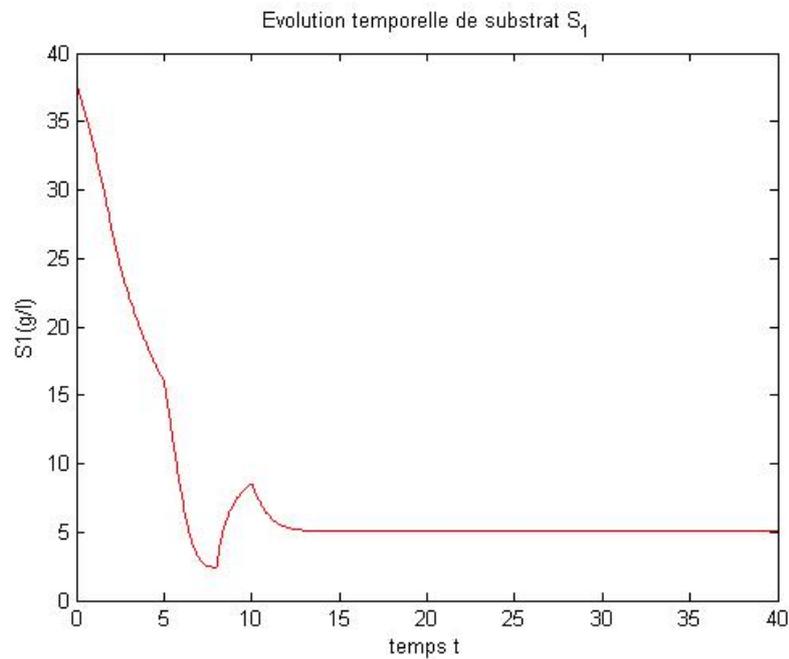


FIGURE 2.5 – Evolution temporelle du substrat s_1 .

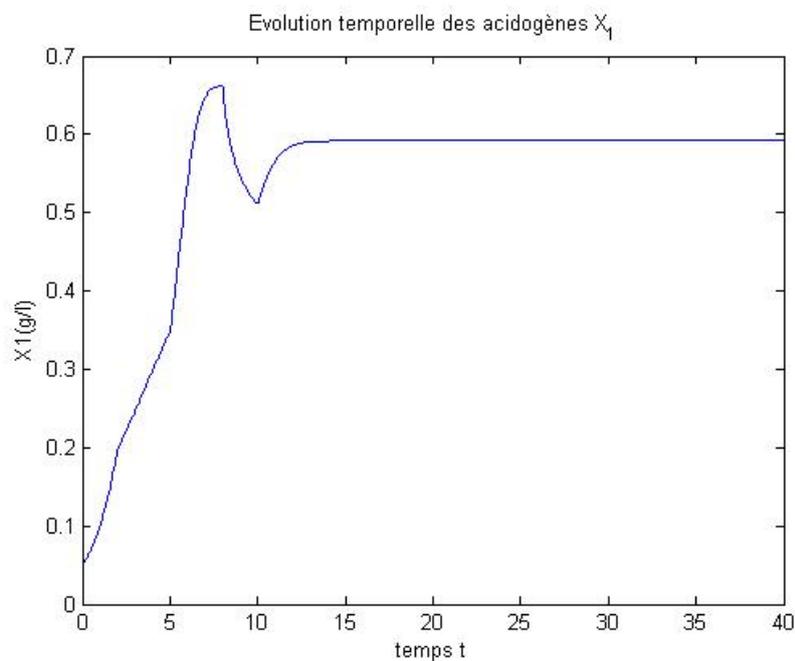


FIGURE 2.6 – Evolution temporelle des bactéries acidogènes x_1 .

Les Figures (2.5) et (2.6) illustrent l'évolution temporelle de substrat carboné et des bactéries acidogènes de notre système.

Notons qu'il ya une décroissance du substrat s_1 dans les premiers jours qui s'accompagne parallèlement par une croissance des acidogènes x_1 et des AGV (illustré dans la figure 2.7) .

L'explication que nous pouvons donné sur ces résultats est que les substrats organiques s_1 diminuent car ils sont consommés par les bactéries acidogènes x_1 pour qu'elles se développent et afin de les transformer en AGV.

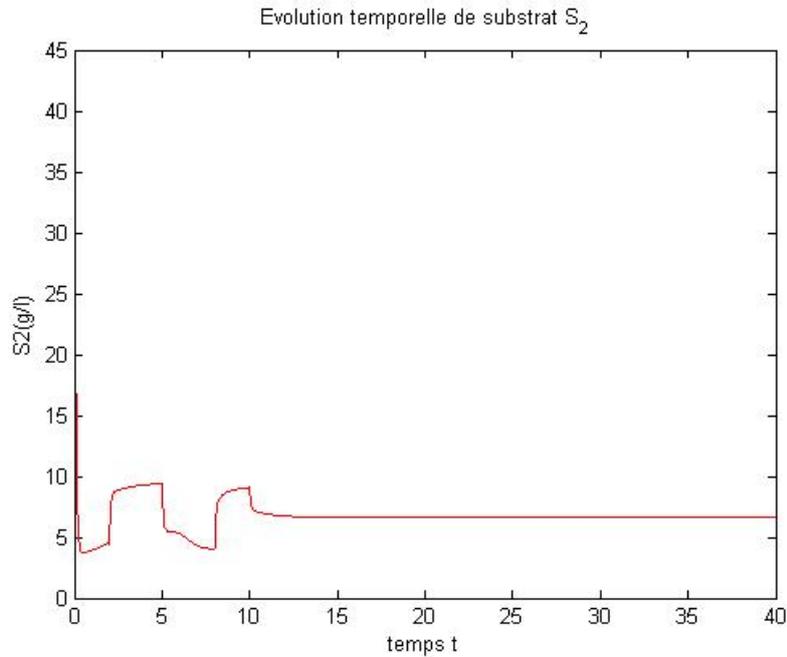


FIGURE 2.7 – Evolution temporelle du substrat s_2

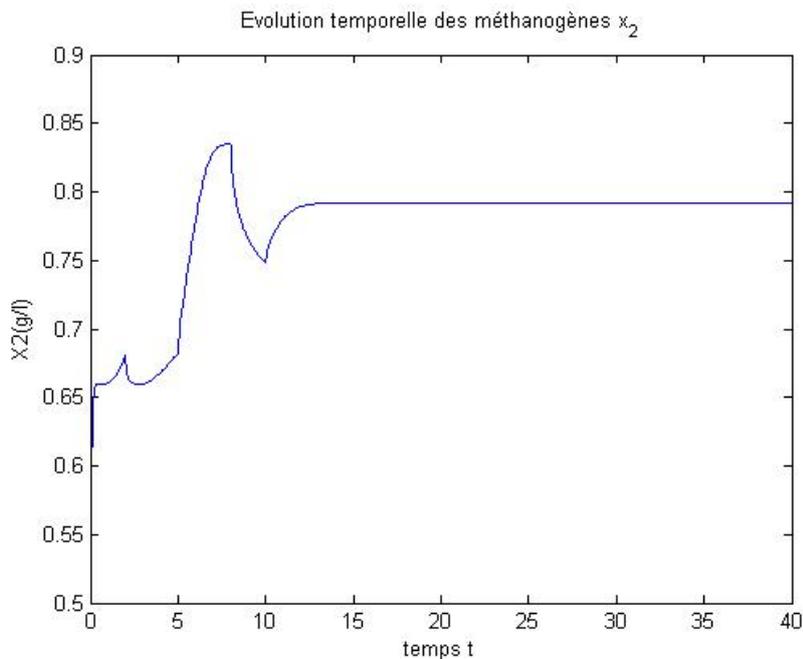


FIGURE 2.8 – Evolution temporelle des bactéries méthanogènes x_2 .

A partir des figures (2.7) et (2.8) représentant l'évolution temporelle des AGV

et des méthanogènes dans le digesteur, nous remarquons que pendant cette étape, le consortium de bactéries méthanogènes x_2 utilise la matière organique s_2 afin de la transformer en méthane CH_4 et dioxyde de carbone CO_2 donc en biogaz (2.9).

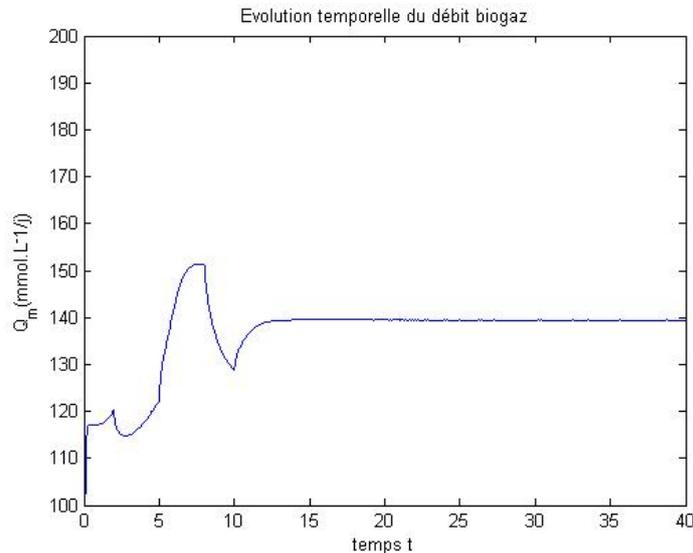


FIGURE 2.9 – Evolution temporelle du biogaz

2.5 Conclusion

Dans ce chapitre, la modélisation de la digestion anaérobie a été mise en exergue. Après avoir passé en revue quelques modèles existants, l'accent a été mis sur le modèle simplifié dit AM2. Ce dernier, est un modèle de dimension 4, basé sur deux étapes (l'Acidogénèse et la Méthanogénèse), établi via un bilan de matières. Afin de se familiariser davantage avec ce modèle, nous avons effectué quelques simulations pour voir comment le système réagit face aux variations du taux de dilution.

Aussi surprenant que cela paraisse, ce modèle, pourtant relativement simple, est capable de reproduire le comportement dynamique du système.

Cependant, il est facilement déstabilisable 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 fera l'objectif du chapitre suivant.

Chapitre 3

Calcul et analyse des points équilibres du modèle AM2

3.1 Introduction

Dans ce chapitre nous allons faire une étude qualitative sur les points d'équilibres du modèle AM2 et leurs stabilité afin de décrire comment notre système réagit à différentes entrées. Les analyses de stabilité locale de ce modèle ont été déjà faites dans l'état de l'art et bien détaillés dans [25]. Ce mémoire est fourni ci-après.

Rappelons les équations du modèle dynamique réduit de dimension 4 :

$$\dot{S}_1 = D(S_{1in} - S_1) - k_1\mu_1(S_1)X_1 \quad (3.1)$$

$$\dot{X}_1 = (\mu_1(S_1) - \alpha D)X_1 \quad (3.2)$$

$$\dot{S}_2 = D(S_{2in} - S_2) + k_2\mu_1(S_1)X_1 - k_3\mu_2(S_2)X_2 \quad (3.3)$$

$$\dot{X}_2 = (\mu_2(S_2) - \alpha D)X_2 \quad (3.4)$$

La condition de stationnarité des équations dynamiques du modèle AM2, s'écrit de manière générale comme l'annulation des dérivées

$$(3.2) = 0 \implies \dot{X}_1 = 0 \implies X_1 = 0 \quad \text{ou} \quad \mu_1(S_1) = \alpha D.$$

$$(3.4) = 0 \implies \dot{X}_2 = 0 \implies X_2 = 0 \quad \text{ou} \quad \mu_2(S_2) = \alpha D.$$

Vérifions tout d'abord l'existence de solutions de l'équation : $\mu_1(S_1) = \alpha D$

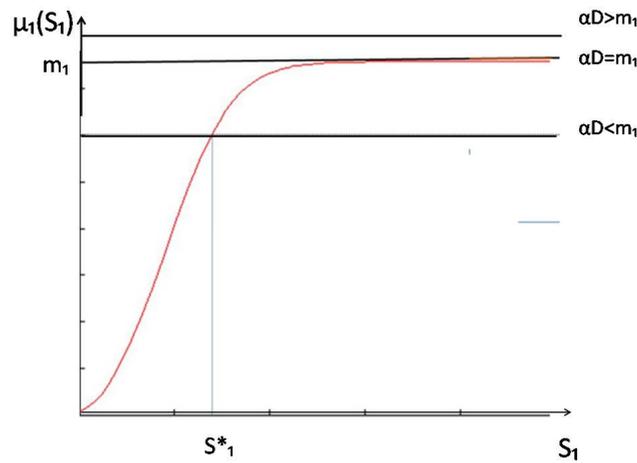


FIGURE 3.1 – Les solutions possibles de $\mu_1(S_1) = \alpha D$

Posons $\lim_{S_1 \rightarrow \infty} \mu_1(S_1) = m_1$ quand $S_1 \rightarrow \infty$.

— Si $\alpha D < m_1$: l'équation $\mu_1(S_1) = \alpha D$ a une unique solution :

$$S_1^*(D) = \frac{\alpha D k_1}{m_1 - \alpha D} \text{ (Sachant que } \mu_1(S_1) = m_1 \frac{S_1}{S_1 + K_1} \text{ (voir chapitre 2 l'équation (2.1)))}$$

— Si $\alpha D \geq m_1$: l'équation $\mu_1(S_1) = \alpha D$ n'a pas de solution.

Vérifions ensuite l'existence de solutions de l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$

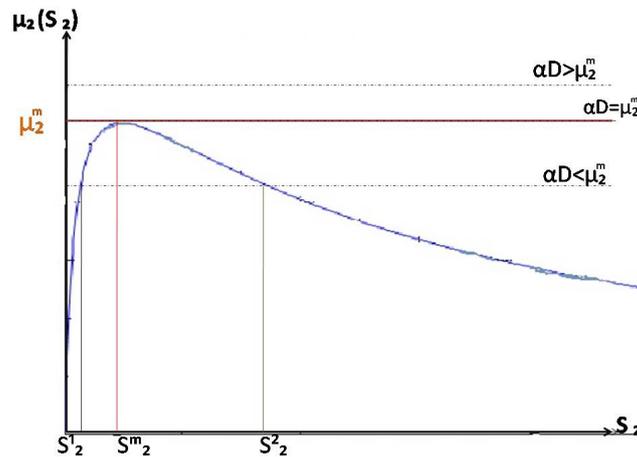


FIGURE 3.2 – Les solutions possibles de $\mu_2(S_2) = \alpha D$

Posons $\mu_2(S_2) = \mu_2^m$ quand $S_2 = S_2^m$. Sachant que $\mu_2(S_2) = m_2 \frac{S_2}{S_2 + K_2 + \frac{S_2^2}{K_i}}$

d'après le chapitre 2 l'équation (2.2).

D'après la figure (3.2), nous obtenons les résultats suivants

— Si $\alpha D > \mu_2^m$, l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ n'a pas de solution.

- Si $\alpha D = \mu_2^m$, l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ a une unique solution notée $S_2^m(D)$ (max).
- Si $\alpha D < \mu_2^m$, l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ admet deux solutions distinctes $S_2^1(D)$ et $S_2^2(D)$ tels que $S_2^1(D) < S_2^2(D)$.

Ces deux dernières sont solutions de l'équation du deuxième ordre ci-dessous

$$\frac{\alpha D}{K_i^2} S_2^2 + (\alpha D - m_2) S_2 + K_2 \alpha D = 0.$$

$$\text{avec } \Delta = (\alpha D - m_2)^2 - 4 \frac{\alpha^2 D^2 K_2}{K_i^2}.$$

Supposons $\Delta > 0$, donc les solutions sont

$$S_2^1(D) = \frac{K_i^2}{2\alpha D} (m_2 - \alpha D - \sqrt{\Delta})$$

$$S_2^2(D) = \frac{K_i^2}{2\alpha D} (m_2 - \alpha D + \sqrt{\Delta}).$$

Revenons au calcul des équilibres, on a d'après ce qui précède

$$(3.2) \Rightarrow X_1 = 0 \quad \text{où} \quad \mu_1(S_1) = \alpha D.$$

$$(3.4) \Rightarrow X_2 = 0 \quad \text{où} \quad \mu_2(S_2) = \alpha D$$

Nous distinguons donc 4 cas :

1. Si $X_1 = 0$ et $X_2 = 0$ alors de (3.1), nous retrouvons $S_1 = S_{1in}$ et de (3.3) et nous obtenons $S_2 = S_{2in}$. C'est l'équilibre $E_1 = (S_{1in}, 0, S_{2in}, 0)$ qui ne dépend pas de D . Cet équilibre correspond au lessivage de X_1 et de X_2 du bioréacteur.
2. Si $X_1 = 0$ et $X_2 \neq 0$, nous les remplaçons dans (3.1), nous retrouvons $S_1 = S_{1in}$ puis dans (3.4), nous obtenons $\mu_2(S_2) = \alpha D$ c-à-d $S_2(D) = S_2^i(D)$ $i = 1, 2$. (comme nous l'avons illustré sur la figure (3.2)) De (3.3), nous obtenons $X_2^i(D) = \frac{1}{k_3 \alpha} (S_{2in} - S_2^i(D))$ avec $i = 1, 2$. Dans ce cas, nous avons deux équilibres 2 équilibres, $E_2 = (S_{1in}, 0, S_2^1(D), X_2^1(D))$ et $E_3 = (S_{1in}, 0, S_2^2(D), X_2^2(D))$ qui existent si et seulement si $S_{2in} > S_2^i(D)$. Ces équilibres correspondent seulement au lessivage de la biomasse acidogène X_1 .
3. Si $X_1 \neq 0$ et $X_2 = 0$. En remplaçant dans (3.2), nous obtenons $\mu_1(S_1) = \alpha D$ c-à-d $S_1(D) = S_1^*(D)$ (comme déjà illustré sur la figure (3.1)). De l'équation (3.1), nous obtenons $X_1^*(D) = \frac{1}{k_1 \alpha} (S_{1in} - S_1^*(D))$ En remplaçant $X_1^*(D)$ par sa valeur dans (3.3), nous obtenons $S_2^*(D) = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1} (S_{1in} - S_1^*(D))$. Nous avons ainsi l'équilibre $E_4 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^*(D), 0)$. Cet équilibre existe si et seulement si $S_{1in} > S_1^*(D)$. Il correspond seulement au lessivage de la biomasse méthanogène X_2 .
4. Si $X_1 \neq 0$ et $X_2 \neq 0$: de (3.2) et (3.4), nous obtenons les expressions qui sont déjà calculées précédemment, à savoir $S_1^*(D)$ et $S_2^i(D)$, $i = 1, 2$.

En les remplaçant dans (3.1), nous obtenons $X_1^* = \frac{1}{k_1\alpha}(S_{1in} - S_1^*(D))$.

De même, de l'équation (3.3), nous obtenons

$$\tilde{X}_2^i = \frac{1}{k_3\alpha}(S_{2in} - S_2^i(D) + \frac{k_2}{k_1}(S_{1in} - S_1^*(D))) = \frac{1}{k_3\alpha}(S_2^*(D) - S_2^i(D)), \quad i = 1, 2.$$

Nous avons ainsi, les deux équilibres $E_5 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^1(D), \tilde{X}_2^1(D))$ et $E_6 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^2(D), \tilde{X}_2^2(D))$.

Ces derniers existent si et seulement si $S_{1in} > S_1^*(D)$ et $S_2^*(D) > S_2^i(D)$, $i = 1, 2$.

Les équilibres E_5 et E_6 sont les équilibres intérieurs où E_5 correspond au point de fonctionnement opérationnel du bioréacteur qui est le seul souhaité du point de vue pratique [25].

Pour résumer, le modèle AM2 admet au plus six points d'équilibres. Afin de simplifier l'étude de la stabilité des points d'équilibres qui vient après, nous présentons d'abord les cas possibles des positions qui peuvent prendre les valeurs de S_{2in} et $S_2^*(D)$ par rapport à $S_2^1(D)$ et $S_2^2(D)$ selon la comparaison entre S_{1in} et $S_1^*(D)$. Les figures (3.3) et (3.4) suivantes illustrent ces cas de figure

Si $S_{1in} < S_1^(D)$

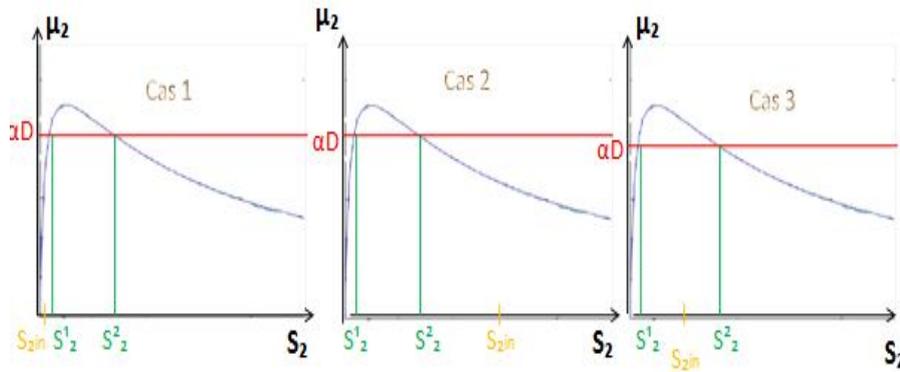


FIGURE 3.3 – Les positions possibles de S_{2in} par rapport à S_2^1 et S_2^2 .

— Cas 1 : $S_{2in} < S_2^1(D) < S_2^2(D)$.

— Cas 2 : $S_2^1(D) < S_2^2(D) < S_{2in}$.

— Cas 3 : $S_2^1(D) < S_{2in} < S_2^2(D)$.

Si $S_{1in} > S_1^(D)$

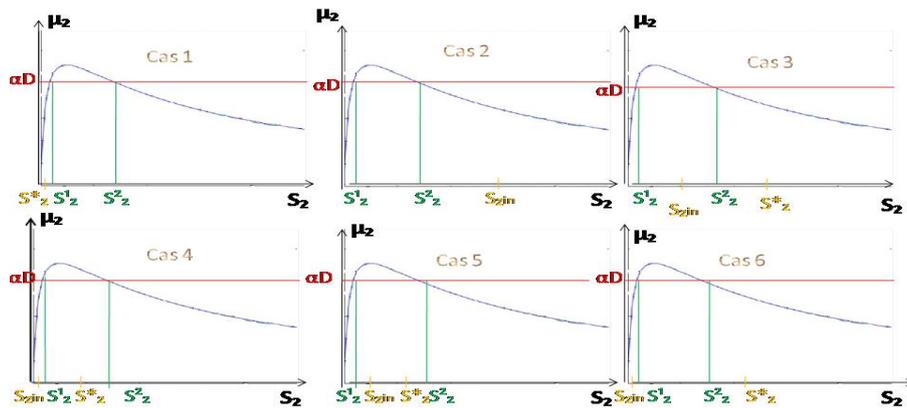


FIGURE 3.4 – Les positions possibles de S_{2in} et S_2^* par rapport à S_2^1 et S_2^2 .

- Cas 1 : $S_2^*(D) < S_2^1(D) < S_2^2(D)$.
- Cas 2 : $S_2^1(D) < S_2^2(D) < S_{2in}$.
- Cas 3 : $S_2^1(D) < S_{2in} < S_2^2(D) < S_2^*(D)$.
- Cas 4 : $S_{2in} < S_2^1(D) < S_2^*(D) < S_2^2(D)$.
- Cas 5 : $S_2^1(D) < S_{2in} < S_2^*(D) < S_2^2(D)$.
- Cas 6 : $S_{2in} < S_2^1(D) < S_2^2(D) < S_2^*(D)$.

3.2 Stabilité des points d'équilibres

Avant d'étudier la nature des points d'équilibres du modèle AM2 il est essentiel de rappeler quelques notions de stabilité :

3.2.1 Notions de stabilité :

Définition : Soit l'équation différentielle suivante :

$$\dot{x} = f(x) \quad \text{avec } f \in C^1, x \in \mathfrak{R}^n$$

Supposons que 0 est un point d'équilibre isolé c-à-d $f(0) = 0$ et il existe un voisinage v de 0 qui ne contient pas d'autres équilibres que 0.

Un équilibre correspond à une solution constante : $x(t) = 0 \quad \forall t \in \mathfrak{R}^+$

★ On dit que 0 est :

- **Stable au sens de Lyapunov** :s'il vérifie :
 $\forall \epsilon > 0, \exists \delta > 0 : \forall x(.) \text{ solution } : \|x(0)\| < \delta \Rightarrow x(t) < \epsilon \quad \forall t \geq 0.$
- **Attractif** :s'il vérifie :
 $\exists r > 0, \forall x(.) \text{ solution } , \|x(0)\| < r \Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = 0.$

— **Asymptotiquement stable au sens de Lyapunov :**

Si l'équilibre est stable et attractif en même temps on dit qu'il est asymptotiquement stable.

Si r est arbitraire on dit qu'il est globalement asymptotiquement stable.

— **Instable :** s'il vérifie :

$\exists \epsilon > 0, \forall \delta > 0 : \exists x(\cdot)$ solution : $\|x(0)\| < \delta$ et $\exists t > 0$ tq $x(t) \geq \epsilon$.

✂ A présent, nous allons rappeler quelques notions de stabilité dans le cas des systèmes linéaires à coefficients constants.

Soit le problème (S) suivant :

$$\dot{X} = AX, \quad A \in M_n(\mathbb{R})$$

si $\det(A) \neq 0$ et $X = 0$ est le seul équilibre de (S).

soit $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_s$ les valeurs propres de A d'indices de multiplicité $\gamma(\lambda_j) = k_j$.

Corollaire :

Le point d'équilibre $X = 0$ de (S) est :

— **globalement asymptotiquement stable** si $\forall j : \operatorname{Re}(\lambda_j) < 0$.

— **stable** si $\forall j : \operatorname{Re}(\lambda_j) < 0$ ou $\operatorname{Re}(\lambda_j) = 0$ (avec $k_j = 1$) .

— **instable** si $\exists j : \operatorname{Re}(\lambda_j) > 0$ ou $\operatorname{Re}(\lambda_j) = 0$ (avec $k_j \geq 2$).

L'objectif de la partie suivante est d'étudier la nature des points d'équilibres de notre système AM2, nous devons donc linéariser le système autour d'un point de fonctionnement. La matrice Jacobienne du système est triangulaire par bloc de la forme

$$J = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S_1} & \frac{\partial f_1}{\partial X_1} & \frac{\partial f_1}{\partial S_2} & \frac{\partial f_1}{\partial X_2} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S_1} & \frac{\partial f_2}{\partial X_1} & \frac{\partial f_2}{\partial S_2} & \frac{\partial f_2}{\partial X_2} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S_1} & \frac{\partial f_3}{\partial X_1} & \frac{\partial f_3}{\partial S_2} & \frac{\partial f_3}{\partial X_2} \\ \frac{\partial f_4}{\partial S_1} & \frac{\partial f_4}{\partial X_1} & \frac{\partial f_4}{\partial S_2} & \frac{\partial f_4}{\partial X_2} \end{pmatrix}$$

avec

$$f_1 = D(S_{1in} - S_1) - k_1 \mu_1(S_1) X_1.$$

$$f_2 = (\mu_1(S_1) - \alpha D) X_1.$$

$$f_3 = D(S_{2in} - S_2) + k_2 \mu_1(S_1) X_1 - k_3 \mu_2(S_2) X_2.$$

$$f_4 = (\mu_2(S_2) - \alpha D) X_2.$$

Alors

$$J = \begin{pmatrix} -D - k_1\mu'_1(S_1)X_1 & -k_1\mu_1(S_1) & 0 & 0 \\ \mu'_1(S_1)X_1 & \mu_1(S_1) - \alpha D & 0 & 0 \\ k_2\mu'_1(S_1)X_1 & k_2\mu_1(S_1) & -D - k_3\mu'_2(S_2)X_2 & -k_3\mu_2(S_2) \\ 0 & 0 & \mu'_2(S_2)X_2 & \mu_2(S_2) - \alpha D \end{pmatrix}$$

Remarquons que la matrice J est écrite sous forme d'une matrice triangulaire inférieure par blocs

$$J = \begin{pmatrix} J_{11} & | & 0 \\ \hline J_{21} & | & J_{22} \end{pmatrix}$$

où

$$J_{11} = \begin{pmatrix} -D - k_1\mu'_1(S_1)X_1 & -k_1\mu_1(S_1) \\ \mu'_1(S_1)X_1 & \mu_1(S_1) - \alpha D \end{pmatrix}, \quad J_{21} = \begin{pmatrix} k_2\mu'_1(S_1)X_1 & k_2\mu_1(S_1) \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$J_{22} = \begin{pmatrix} -D - k_3\mu'_2(S_2)X_2 & -k_3\mu_2(S_2) \\ \mu'_2(S_2)X_2 & \mu_2(S_2) - \alpha D \end{pmatrix}$$

Les valeurs propres de J sont les valeurs propres des blocs diagonaux J_{11} et J_{22} . Rappelons que la trace d'une matrice carrée est égale à la somme des valeurs propres et le déterminant de cette matrice est le produit des ces valeurs propres.

Notons que si la trace est négative et le déterminant est positif alors nous avons un point d'équilibre stable.

Pour l'équilibre E_1 : On a : $E_1 = (S_{1in}, 0, S_{2in}, 0)$

$$J_{11} = \begin{pmatrix} -D & -k_1\mu_1(S_{1in}) \\ 0 & \mu_1(S_{1in}) - \alpha D \end{pmatrix} \quad J_{22} = \begin{pmatrix} -D & -k_3\mu_2(S_{2in}) \\ 0 & \mu_2(S_{2in}) - \alpha D \end{pmatrix}$$

$$\begin{aligned} tr(J_{11}) &= \mu_1(S_{1in}) - (\alpha + 1)D \Rightarrow tr(J_{11}) < 0 \quad \text{ssi} \quad \mu_1(S_{1in}) < (\alpha + 1)D. \\ det(J_{11}) &= -D(\mu_1(S_{1in}) - \alpha D) \Rightarrow det(J_{11}) > 0 \quad \text{ssi} \quad \mu_1(S_{1in}) < \alpha D. \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} tr(J_{22}) &= \mu_2(S_{2in}) - (\alpha + 1)D \Rightarrow tr(J_{22}) < 0 \quad \text{ssi} \quad \mu_2(S_{2in}) < (\alpha + 1)D. \\ det(J_{22}) &= -D(\mu_2(S_{2in}) - \alpha D) \Rightarrow det(J_{22}) > 0 \quad \text{ssi} \quad \mu_2(S_{2in}) < \alpha D. \end{aligned}$$

Alors, les valeurs propres de J_{11} et J_{22} ont des parties réelles négatives ssi $\mu_1(S_{1in}) < \alpha D$ et $\mu_2(S_{2in}) < \alpha D$ respectivement donc :

- L'équilibre E_1 est localement asymptotiquement stable si $S_{1in} < S_1^*$ et $(S_{2in} < S_2^1$ ou $S_{2in} > S_2^2)$ (cas 1 ou 2 de la figure (3.3) .

- Il est instable si $S_{1in} > S_1^*$ ou $(S_2^1 < S_{2in} < S_2^2$: cas 3 de la figure(3.3))

Pour l'équilibre E_2 : On a : $E_2 = (S_{1in}, 0, S_2^1(D), X_2^1(D))$

$$J_{11} = \begin{pmatrix} -D & -k_1\mu_1(S_{1in}) \\ 0 & \mu_1(S_{1in}) - \alpha D \end{pmatrix} \quad J_{22} = \begin{pmatrix} -D - k_3\mu_2'(S_2^1)X_2^1 & -k_3\alpha D \\ \mu_2'(S_2^1)X_2^1 & 0 \end{pmatrix}$$

Pour la matrice J_{11} :

$$tr(J_{11}) = \mu_1(S_{1in}) - (\alpha + 1)D \Rightarrow tr(J_{11}) < 0 \quad ssi \quad \mu_1(S_{1in}) < (\alpha + 1)D.$$

$$det(J_{11}) = -D(\mu_1(S_{1in}) - \alpha D) \Rightarrow det(J_{11}) > 0 \quad ssi \quad \mu_1(S_{1in}) < \alpha D.$$

★ Les valeurs propres de J_{11} ont des parties réelles négatives ssi $\mu_1(S_{1in}) < \alpha D$.

Pour la matrice J_{22} :

$$tr(J_{22}) = -D - k_3\mu_2'(S_2^1)X_2^1 \Rightarrow tr(J_{22}) < 0 \quad car \quad \mu_2'(S_2^1) > 0 \quad (\text{Illustré dans la figure (3.2)}).$$

$$det(J_{22}) = k_3\alpha D\mu_2'(S_2^1)X_2^1 \Rightarrow det(J_{22}) > 0 \quad car \quad \mu_2'(S_2^1) > 0.$$

Alors, les valeurs propres de J_{11} et J_{22} ont des parties réelles négatives ssi $\mu_1(S_{1in}) < \alpha D$. Donc, si $S_{1in} < S_1^*$ l'équilibre E_2 est localement asymptotiquement stable sinon il est instable .

Pour l'équilibre E_3 : On a : $E_3 = (S_{1in}, 0, S_2^2(D), X_2^2(D))$

$$J_{11} = \begin{pmatrix} -D & -k_1\mu_1(S_{1in}) \\ 0 & \mu_1(S_{1in}) - \alpha D \end{pmatrix} \quad J_{22} = \begin{pmatrix} -D - k_3\mu_2'(S_2^2)X_2^2 & -k_3\alpha D \\ \mu_2'(S_2^2)X_2^2 & 0 \end{pmatrix}$$

Les valeurs propres de J_{11} ont des parties réelles négatives ssi $\mu_1(S_{1in}) < \alpha D$.

On a $\mu_2'(S_2^2) < 0$ donc $tr(J_{22}) > 0$ et $det(J_{22}) < 0$

Alors, l'équilibre E_3 est instable.

Pour l'équilibre E_4 : On a : $E_4 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^*(D), 0)$

$$J_{11} = \begin{pmatrix} -D - k_1\mu_1'(S_1^*)X_1^* & -k_1\alpha D \\ \mu_1'(S_1^*)X_1^* & 0 \end{pmatrix} \quad J_{22} = \begin{pmatrix} -D & -k_3\mu_2(S_2^*) \\ 0 & \mu_2(S_2^*) - \alpha D \end{pmatrix}$$

Commençons par la matrice J_{22} :

$$tr(J_{22}) = \mu_2(S_2^*) - (\alpha + 1)D \Rightarrow tr(J_{22}) < 0 \quad ssi \quad \mu_2(S_2^*) < (\alpha + 1)D.$$

$$det(J_{22}) = -D(\mu_2(S_2^*) - \alpha D) \Rightarrow det(J_{22}) > 0 \quad ssi \quad \mu_2(S_2^*) < \alpha D.$$

★ Les valeurs propres de J_{22} et ont des parties réelles négatives ssi $\mu_2(S_2^*) < \alpha D$.

Pour la matrice J_{11} :

$$tr(J_{11}) = -D - k_1\mu'_1(S_1^*)X_2^* < 0 \quad .$$

$$det(J_{11}) = \mu'_1(S_1^*)X_1^*k_1\alpha D > 0.$$

Alors :

- Si $S_{1in} > S_1^*$ et ($S_2^* < S_2^1$ ou $S_2^* > S_2^2$: cas 1 ou 3 ou 6 de la figure (3.4)) l'équilibre E_4 est localement asymptotiquement stable.
- Si $S_2^1 < S_2^* < S_2^2$ (cas 4 et 5 de la figure (3.4)) l'équilibre E_4 est instable.

Pour l'équilibre E_5 : On a : $E_5 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^1(D), \tilde{X}_2^1(D))$

$$J_{11} = \begin{pmatrix} -D - k_1\mu'_1(S_1^*)X_1^* & -k_1\alpha D \\ \mu'_1(S_1^*)X_1^* & 0 \end{pmatrix} \quad J_{22} = \begin{pmatrix} -D - k_3\mu_2(S_2^1)\tilde{X}_2^1 & -k_3\alpha D \\ \mu'_2(S_2^1)\tilde{X}_2^1 & 0 \end{pmatrix}$$

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

$$tr(J_{11}) = -D - k_1\mu'_1(S_1^*)X_1^* < 0.$$

$$det(J_{11}) = k_1\alpha D\mu'_1(S_1^*)X_1^* > 0.$$

Pour la matrice J_{22} :

$$tr(J_{22}) = -D - k_3\mu_2(S_2^1)\tilde{X}_2^1 < 0.$$

$$det(J_{22}) = k_3\alpha D\mu'_2(S_2^1)\tilde{X}_2^1 > 0.$$

Les valeurs propres de J_{22} ont des parties réelles négatives.

Donc l'équilibre E_5 est L.A.S.

Pour l'équilibre E_6 : On a : $E_6 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^2(D), \tilde{X}_2^2(D))$

$$J_{11} = \begin{pmatrix} -D - k_1\mu'_1(S_1^*)X_1^* & -k_1\alpha D \\ \mu'_1(S_1^*)X_1^* & 0 \end{pmatrix} \quad J_{22} = \begin{pmatrix} -D - k_3\mu_2(S_2^2)\tilde{X}_2^2 & -k_3\alpha D \\ \mu'_2(S_2^2)\tilde{X}_2^2 & 0 \end{pmatrix}$$

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

$$tr(J_{11}) = -D - k_1\mu'_1(S_1^*)X_1^* < 0.$$

$$det(J_{11}) = k_1\alpha D\mu'_1(S_1^*)X_1^* > 0.$$

Pour la matrice J_{22} :

$$tr(J_{22}) = -D - k_3\mu_2(S_2^2)\tilde{X}_2^2.$$

$$det(J_{22}) = k_3\alpha D\mu'_2(S_2^2)\tilde{X}_2^2 < 0.$$

On remarque que les valeurs propres de J_{22} sont de signes opposés.

Donc, l'équilibre E_6 est instable.

On peut résumer les résultats précédents dans les deux tableaux suivants :

★ Si $S_{1in} < S_1^*$ on distingue 3 cas :

cas 1 : $S_{1in} < S_1^*$	E_1	E_2	E_3
cas 1.1 : $S_{2in} < S_2^1$	stable	\nexists	\nexists
cas 2.1 : $S_2^1 < S_{2in} < S_2^2$	instable	stable	\nexists
cas 3.1 : $S_2^2 < S_{2in}$	stable	stable	instable

★ Si $S_{1in} > S_1^*$ on trouve 6 cas possibles :

cas 2 : $S_{1in} > S_1^*$	E_1	E_2	E_3	E_4	E_5	E_6
cas 2.1 : $S_2^* < S_2^1$	instable	\nexists	\nexists	stable	\nexists	\nexists
cas 2.2 : $S_{2in} < S_2^1 < S_2^* < S_2^2$	instable	\nexists	\nexists	instable	stable	\nexists
cas 2.3 : $S_{2in} < S_2^1 < S_2^2 < S_2^*$	instable	\nexists	\nexists	stable	stable	instable
cas 2.4 : $S_2^1 < S_{2in} < S_2^* < S_2^2$	instable	instable	\nexists	instable	stable	\nexists
cas 2.5 : $S_2^1 < S_{2in} < S_2^2 < S_2^*$	instable	instable	\nexists	stable	stable	instable
cas 2.6 : $S_2^1 < S_2^2 < S_{2in}$	instable	instable	instable	stable	stable	instable

3.3 Comportement asymptotique global du système

Le système (3.1)-(3.4) a une structure en cascade ce qui rend l'étude plus simple, nous l'écrivons d'abord sous forme deux sous systèmes :

Sous-système 1 : Acidogénèse :

$$\begin{cases} \dot{S}_1 = D(S_{1in} - S_1) - k_1\mu_1(S_1)X_1 \\ \dot{X}_1 = (\mu_1(S_1) - \alpha D)X_1 \end{cases} \quad (3.5)$$

Sous-système 2 : Méthanogénèse :

$$\begin{cases} \dot{S}_2 = D(S_{2in} - S_2) + k_2\mu_1(S_1)X_1 - k_3\mu_2(S_2)X_2 \\ \dot{X}_2 = (\mu_2(S_2) - \alpha D)X_2 \end{cases} \quad (3.6)$$

Nous remarquons que les dynamiques des variables de (3.5) sont indépendantes à celles de (3.6) donc nous pouvons séparer l'intégration de chaque système.

Observons que le système (3.5) ressemble à un modèle de chémostat avec une mortalité spécifique de X_1 et une cinétique de croissance de type Monod $\mu_1(S_1)$.

Appuyons sur la figure (3.1) on analyse les régimes permanents du système (points d'équilibre), nous concluons les résultats suivants :

1. Si $\alpha D \geq m_1$: l'équation $\mu_1(S_1) = \alpha D$ n'a pas de solutions alors on déduit que $X_1 = 0$ et $S_1 = S_{1in}$ c à d le substrat S_1 n'est pas consommé du tout et sa valeur est égal à S_{1in} pendant que les acidogènes X_1 sont détruits.

Le système (3.5) admet un équilibre de lessivage $E_0 = (S_{1in}, 0)$ qui est globalement asymptotiquement stable comme se figure ci-dessous :

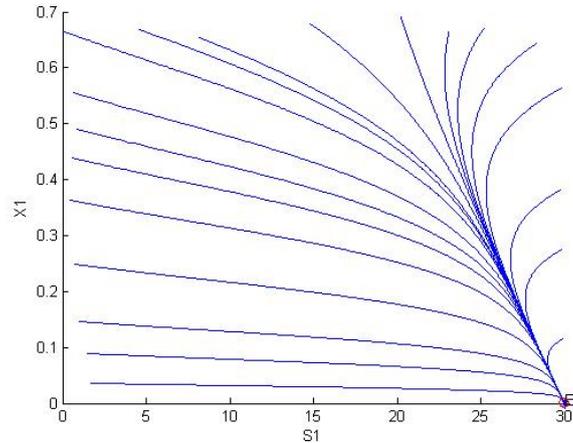


FIGURE 3.5 – Plan de phase (S_1, X_1) représente les trajectoires de certains points et l'équilibre de lessivage E_0 du système (3.5).

2. Si $\alpha D < m_1$: l'équation $\mu_1(S_1) = \alpha D$ a une solution $S_1(D) = S_1^*(D)$ on peut considérer deux cas pour cette solution :
 - Si $S_{1in} < S_1^*(D)$: on ne peut pas accepter cette solution puisque à l'équilibre il n'y a pas de substrat suffisant pour que les acidogènes peuvent croître. L'équilibre E_0 de lessivage reste globalement asymptotiquement stable.
 - Si $S_{1in} > S_1^*(D)$: la solution est acceptable, dans ce cas le système (3.5) admet deux équilibres : l'équilibre de lessivage E_0 qui devient instable et l'équilibre où il n'y a pas le lessivage de la biomasse X_1 qui est égal à $E_x = (S_1^*(D), X_1^*(D))$ il est globalement asymptotiquement stable comme il est illustré dans la figure suivante

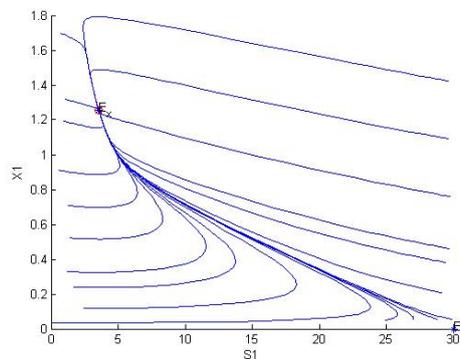


FIGURE 3.6 – Plan de phase (S_1, X_1) représente les trajectoires de certains points avec l'équilibre de lessivage E_0 et l'équilibre non trivial E_x du système (3.6).

Intéressons nous à présent au point non trivial où il n'aura pas un lessivage de X_1 , c'est le point de fonctionnement opérationnel de système, donc

considérons par la suite que $S_{1in} > S_1^*(D)$ et que $(S_1(D), X_1(D))$ converge vers $(S_1^*(D), X_1^*(D))$.

Considérons maintenant le système (3.6). Soit la fonction f définie par :

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

Le système (3.6) devient :

$$\begin{cases} \dot{S}_2 = D(f(t) - S_2) - k_3\mu_2(S_2)X_2 \\ \dot{X}_2 = (\mu_2(S_2) - \alpha D)X_2 \end{cases} \quad (3.7)$$

Notons que la limite de $f(t)$ quand t tend vers l'infini est égale à

$$S_2^* = S_{2in} + \frac{k_2}{k_1}(S_{1in} - S_1^*(D))$$

prenons évidemment $S_1(t) = S_1^*(t)$ et $X_1(t) = X_1^*(t)$.

Donc, le système (3.7) tend vers :

$$\begin{cases} \dot{S}_2 = D(S_2^* - S_2) - k_3\mu_2(S_2)X_2 \\ \dot{X}_2 = (\mu_2(S_2) - \alpha D)X_2 \end{cases} \quad (3.8)$$

Le système (3.8) correspond à un modèle de chémostat avec une cinétique de type Haldane $\mu_2(S_2)$ et une mortalité spécifique de X_2 .

D'après la figure (3.2) la cinétique de $\mu_2(S_2)$ est non monotone c'est pourquoi nous obtenons plusieurs cas pour étudier la solution de $\mu_2(S_2) = \alpha D$.

Rappelons que : $\max \mu_2(S_2) = \mu_2^M$:

1. Si $\alpha D > \mu_2^M$ l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ ne possède pas une solution on déduit que $X_2 = 0$ et $S_2 = S_2^*$ c à d le substrat S_2^* n'est pas dégradé et la biomasse X_2 ne se croît pas et elle est soutirée plus vite, on a donc l'équilibre du lessivage : $(S_2^*(D), 0)$ qui correspond à l'équilibre $E_4 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^*(D), 0)$ du modèle AM2. c'est un équilibre globalement asymptotiquement stable comme ça montre la figure suivante :

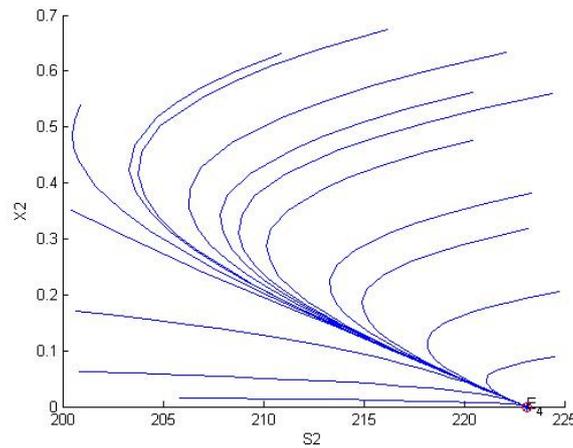


FIGURE 3.7 – Plan de phase (S_2, X_2) représente les trajectoires de certains points et l'équilibre de lessivage E_4 du système (3.8).

2. Si $\alpha D \leq \mu_2^M$: on peut distinguer 2 cas :

— Si $\mu_2(S_2^*) < \alpha D < \mu_2^M$: l'équation $\mu_2(S_2) = \alpha D$ admet deux solutions S_2^1 et S_2^2 (voir les cas la figure 3.4) ces solutions peuvent prendre deux positions par rapport à $S_2^*(D)$:

(a) $S_2^1(D) < S_2^2(D) < S_2^*(D)$: le système (3.8) admet donc 3 équilibres :

- l'équilibre $(S_2^1(D), \tilde{X}_2^1(D))$ qui est identifié avec l'équilibre $E_5 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^1(D), \tilde{X}_2^1(D))$ du système principal (3.1)-(3.4) cet équilibre intérieur est stable.
- l'équilibre $(S_2^2(D), \tilde{X}_2^2(D))$ qui correspond à l'équilibre $E_6 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^2(D), \tilde{X}_2^2(D))$ du système principal (3.1)-(3.4) cet équilibre intérieur est instable.
- l'équilibre de lessivage $E_4 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^*(D), 0)$ qui est stable.

La figure (3.8) montre les résultats obtenus

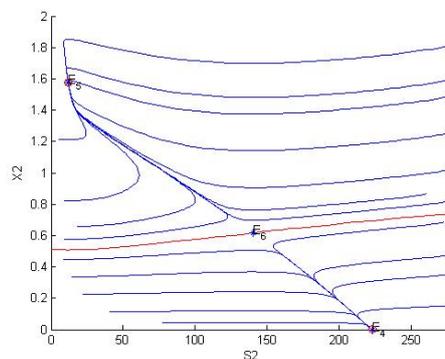


FIGURE 3.8 – Plan de phase (S_2, X_2) représente les trajectoires de certains points et l'équilibre de lessivage E_4 (stable), les deux équilibres intérieurs E_5 (stable) et E_6 (instable) du système (3.8).

- (b) $S_2^*(D) < S_2^1(D) < S_2^2(D)$: les solutions $S_2^1(D)$ et $S_2^2(D)$ sont inacceptables et exclus : le substrat est insuffisant pour le développement de la biomasse, il existe un seul point d'équilibre $E_4 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^*(D), 0)$ de lessivage qui reste stable.
- Si $\alpha D \leq \mu_2(S_2^*)$ (voir le cas 4 et 5 de la figure 3.4) c à d : $S_2^1(D) < S_2^*(D) < S_2^2(D)$ la solution $S_2^2(D)$ est inacceptable pendant qu'on prend la solution $S_2^1(D)$, alors le système (3.8) admet deux équilibres :
- l'équilibre intérieur $(S_2^1(D), \tilde{X}_2^1(D))$ qui est identifié avec l'équilibre stable $E_5 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^1(D), \tilde{X}_2^1(D))$ du système AM2.
 - l'équilibre instable de lessivage $E_4 = (S_1^*(D), X_1^*(D), S_2^*(D), 0)$ comme il est illustré dans la figure (3.9) suivante

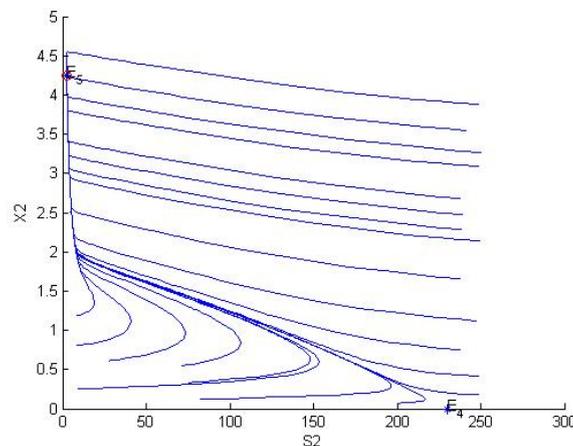


FIGURE 3.9 – Plan de phase (S_2, X_2) représente les trajectoires de certains points et l'équilibre de lessivage E_4 (instable) et l'équilibre intérieur E_5 (stable) du système (3.8).

3.4 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons présenté l'analyse mathématique du modèle AM2 décrivant la digestion anaérobie. Les équilibres du système en question ont été calculés suivi d'une analyse fine de leur stabilité.

Nous avons constaté lors de cette étude que les conditions de stabilité dépendent des valeurs des entrées $D(t)$, $s_{1in}(t)$ et $s_{2in}(t)$.

Pour mettre en exergue quelques résultats des équilibres calculés, nous avons tracé quelques portraits de phase du système. Nous voyons bien que les trajectoires se dirigent vers les points d'équilibres stables selon les valeurs des conditions initiales.

Ces résultats permettent une meilleure caractérisation du comportement du modèle pour prédire d'éventuels risques d'inhibition et optimiser le rendement de ce genre de processus. Cela peut être très utile pour la compréhension et le contrôle des modèles de digestion anaérobie.

Conclusion et perspectives

Dans ce modeste travail de master, un procédé d'épuration des eaux usées domestiques en vue de son utilisation pour l'agriculture a été présenté. Il s'agit du procédé de digestion anaérobie.

Suite à l'étude bibliographique sur la digestion anaérobie décrite dans le premier chapitre, nous avons pu acquérir certaines connaissances, comprendre le phénomène biologique et les conditions physico-chimiques.

Après avoir passé en revue les différents modèles mathématiques décrivant la digestion anaérobie qui existent dans la littérature, l'accent a été mis sur le modèle AM2.

En effet, sa bonne représentation dynamique du processus réel et sa relative simplicité par rapport à des modèles beaucoup plus complexes comme l'ADM1 font du modèle AM2 un candidat de choix pour la synthèse d'une loi de commande ou de l'optimisation. Ce point a été discuté en détail dans le deuxième chapitre du manuscrit.

En revanche, ce type de modèle peut 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 fait l'objectif du troisième chapitre.

L'analyse du modèle AM2 a révélé qu'un tel système 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.

Nous pourrions regretter que certains aspects n'étaient pas évoqués pour des contraintes de temps. Il aurait été souhaitable d'enrichir l'analyse le comportement qualitatif du système numériquement par des diagrammes opératoires pour explorer à quel point les paramètres du contrôle agissent sur le système. Pour rappel, l'un des principaux intérêts du diagramme opératoire est de mettre en évidence quels équilibres sont stables pour une paire de contrôles (D, S_{in}) donnée. Cette analyse purement numérique, nous permettra de déduire les conditions optimales de fonctionnement. En se fondant sur les

propriétés qualitatives révélées, l'opérateur s'attachera ainsi à choisir préalablement les valeurs de ses paramètres d'entrée ou à la synthèse d'une commande stabilisante.

Un autre aspect que nous aurions aimé développer suite à cette initiation de recherche concerne le contrôle de la digestion anaérobie.

En effet, la commande du modèle de digestion anaérobie est un des aspects essentiels de la conduite des bioprocédés dans le but de parvenir à les stabiliser dans le mode de fonctionnement souhaité.

Il serait par exemple intéressant de viser quelques objectifs à savoir

- Stabilisation autour d'une consigne : garantir la pérennité du procédé en dépit de perturbations extérieures, éviter l'accumulation de composés intermédiaires toxiques et inhibiteurs (hydrogène, propionate,...), ou encore, permettre la production d'intermédiaires réactionnels qui, généralement ne sont pas présents à l'équilibre (acides gras volatils, hydrogène,...).
- Optimisation des performances du réacteur : améliorer le fonctionnement du système, on peut citer à titre d'exemple la production maximale de biogaz, épuration maximale, charge traitée maximale, accélération du démarrage du bioréacteur...ect.

Enfin, ce projet touche plusieurs aspects : mathématiques, automatiques, biologiques,... le tout dans un contexte environnemental auquel la communauté internationale est très sensible.

Bibliographie

- [1] A. Berman, R. J. Plemmons, Nonnegative Matrices in the Mathematical Sciences, Academic Press, New York 1994.
- [2] A. Gadgil, Drinking water in developing countries, Annual review of energy and the environment, 1998.
- [3] Martine Valo(/journaliste/martine-valo/), Le Monde.fr, 2015
- [4] Manon Denoyer, La modélisation et la représentation en mathématiques, Education, 2019, fhal-02313638
- [5] Kettab An Les ressources en eau en Algérie : Stratégies, enjeux et vision. Desalination, 136 (1) : 25-33, 2001
- [6] Adjou A, l'Algérie se met hors de danger par 94 barrages et des ressources hydriques considérables après le pétrole restera l'eau. Mon journal (DZ), Algérie, 3p. <http://www.algerie360.com/algerie>, 2013
- [7] ONA, Documentation interne du service d'exploitation ONA, Office nationale d'assainissement, Algérie. 20p, 2014
- [8] BOUCHAALA Laid, CHARCHAR Nabil et GHERIB Abde Elfettah, Division Biotechnologies et Environnement, Centre de Recherche en Biotechnologies (C.R.Bt), Constantine, Algérie ,12 mai 2017.
- [9] J. Hess, "Modélisation de la qualité du biogaz produit par un fermenteur méthanogène et stratégie de régulation en vue de sa valorisation", Ph. D. dissertation, Sophia Antipolis, France : INRIA Sophia-Antipolis, 2007
- [10] Eawag – Swiss Federal Institute of Aquatic Science and Technology Department of Water and Sanitation in Developing Countries (Sandec) P.O. Box 611, Überlandstrasse 133, 8600 Dübendorf, Switzerland Phone +41 (0)58 765 52 86, www.sandec.ch ,2014
- [11] Julien Eynard, Modélisation, optimisation dynamique et commande d'un méthaniseur par digestion anaérobie, Laboratoire ELIAUS Laboratoire d'Electronique, Informatique, AUtomatique et Systèmes Université de Perpignan Via Domitia 52 Avenue Paul Alduy, F66860 Perpignan Cedex , 2007

- [12] Gabriel Bitton, WASTEWATER MICROBIOLOGY, Department of Environmental Engineering Sciences University of Florida, Gainesville, Florida , 2005
- [13] Aymen ZEGNOUNI, Développement d'un modèle dynamique sous matlab pour un processus anaérobie de traitement des eaux, Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen-Faculté des sciences de l'ingénieur, Janvier 2010
- [14] Ait Youcef Ilyes and DEVANT Le JURY, Commande avancées d'un procédé biologique, 2019.
- [15] Amanda Suttle and Ma Sha, A Beginner's Guide to CHO Culture, Bioprocess Modes – Batch, Fed-Batch, and Perfusion, Eppendorf Inc, Enfield, CT, USA
- [16] IWA. Anaerobic digestion model no. 1 (ADM1), Technical report. IWA Task Group for Mathematical Modeling of Anaerobic Digestion Processes, 2001.
- [17] U. Jeppsson, Problems and Progress with Implementation of the ADM1 into the COST 624 Benchmark Simulation Model, COST 624 WG1 Meeting, Belgique, 2002
- [18] O. Bernard, Z. Hadj-Sadock, D. Dochain, A. Genovesi, J-P. Steyer, Dynamical Model Development and Parameter Identification for an Anaerobic Wastewater Treatment Process, Biotechnology and Bioengineering, vol. 75 n°4, France, INRIA, November 20, 2001.
- [19] Younoussa Moussa Baldé, Modélisation et estimation de digesteurs anaérobies pour la dépollution de déchets et la production d'énergie, Biotechnologies, Université Paris-Saclay ; Université Gamal Abdel Nasser (Conakry), 2022. Français.ffNNT : 2022UPAST183ff.ftel-03959222ff
- [20] O. Bernard, B. Chachuat, A. Helias and J. Rodriguez, Can we assess the model complexity for a bioprocess ?, Theory and example of the anaerobic digestion process, Water Science and Technology, (2006)
- [21] Meriem BELHDJ KACEM et Amine LALOUCHE, Synthèse d'observateurs invariants pour le modèle du chemostat, HIGHER SCHOOL IN APPLIED SCIENCES T L E M C E N , 2021.
- [22] O. Bernard, B. Chachuat, A. Helias and J. Rodriguez, Can we assess the model complexity for a bioprocess ?, Theory and example of the anaerobic digestion process, Water Science and Technology, 2006
- [23] G. Bastin and D. Dochain, Online estimation and adaptive control of bioreactors, Elsevier, 1990.
- [24] Meriem BELHDJ KACEM et Amine LALOUCHE, Synthèse d'observateurs invariants pour le modèle du chemostat, HIGHER SCHOOL IN APPLIED SCIENCES T L E M C E N , 2021.

- [25] 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.ffNNT :ff.ftel-02810196ff
- [26] J. Tumwiine, J. Y. T. Mugisha et L. S. Luboob, A mathematical model for the dynamics of malaria in human host and mosquito vector with temporary immunity, Applied Mathematics and Computation, 189 1953–1965, 2007

يساهم هذا العمل في دراسة نموذج رياضي للعمليات الحيوية لتنقية مياه الصرف الصحي يسمى $AM2$ نموذج يستخدم هذا النموذج لإعطاء تمثيل ديناميكي جيد للعملية ومعرفة تأثير كل معلمة على أداء المعالجة. تم إجراء تحليل رياضي مفصل لهذا النموذج، يتضمن هذا التحليل وجود الحل وتفرده وإيجابيته وحدوده، وكذلك البحث عن حالات التوازن، ومن ثم تم إثبات ثبات توازن النقاط واختبارات المحاكاة العددية تم تنفيذها.

Résumé

Ce travail contribue à l'étude d'un modèle mathématique des bioprocédés pour l'épuration des eaux usées qu'il est appelé le modèle $AM2$. Ce modèle sert à donner une bonne représentation dynamique du processus et de connaître l'influence de chaque paramètre sur les performances du traitement. Une analyse mathématique détaillée de ce modèle a été réalisée, cette analyse comprend l'existence, l'unicité, la positivité et la bornitude de la solution, ainsi que la recherche des états d'équilibres. Ensuite, on a établi la stabilité des points d'équilibre et on a effectué des tests de simulation numérique. **Mots clés** : épuration des eaux usées, bioréacteur, modélisation, équilibres, digestion anaérobie, modèle.

Abstract

This work contributes to the study of a mathematical model of bioprocesses for wastewater purification called the $AM2$ model. This model is used to give a good dynamic representation of the process and to know the influence of each parameter on the processing performance. A detailed mathematical analysis of this model was carried out, this analysis includes the existence, uniqueness, positivity and boundedness of the solution, as well as the search for equilibrium states. Then, we established the stability of the points balance and numerical simulation tests were carried out.

Keywords : wastewater purification, bioreactor, modeling, equilibria, anaerobic digestion, model.