

**REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE**  
**MINISTRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA**  
**RECHERCHE SCIENTIFIQUE**



**UNIVERSITE ABOU BEKR BELKAID TLEMCEM**  
**FACULTE DE TECHNOLOGIE**  
**Département de Génie Électrique et Electronique**  
**Mémoire pour l'obtention du**  
**Diplôme de Master en Automatique**  
**Option Controle de Processus**

**Titre :**  
**REDUCTION DU MODELE No.1 DE LA DIGESTION ANAEROBIE**  
**(ADM1)**

présentée par

**Saliha Kahouadji**

Soutenue le 06 Octobre 2013 devant le jury :

Président :	Meghebbar Abdelmadjid	MCA à l'Université Aboubekr Belkaid Tlemcen .
Encadreur :	Cherki Brahim	Professeur à l'Université Aboubekr Belkaid Tlemcen .
Examineur :	Hadj Abdelkader Amine	MCA à l'Université Aboubekr Belkaid Tlemcen .
Examineur :	Benyahia Boumédiène	MCB à l'Université Aboubekr Belkaid Tlemcen .

2012-2013

## Remerciments

Je tiens à exprimer ma gratitude et mes remerciements à mon encadreur Mr Cherki Brahim professeur à l'université Abou Bekr Belkaid de Tlemcen, pour la confiance qu'il m'a accordé en acceptant de diriger ce projet. C'est en fait grâce à son aide inestimable, Ses précieux conseils, qu'il n'a cessé de me donner, je vous serai toujours reconnaissante.

Mes remerciements vont au membre du jury qui ont accepter d'évaluer mon travail de master. Je remercie Mr Meghebbar Abdelmadjid chef de département et enseignant à l'université Abou Bekr Belkaid de Tlemcen, pour l'honneur qu'il ma fait en acceptant de présider ce jury et Mr Hadj Abdelkader Amine, d'avoir accepté d'examiner et de juger ce travail. Mes vifs remerciements s'adressent aussi à Mr Benyahia Boumédiène, pour son aide, ses remarques pertinentes et ses encouragements continus.

Je remercie particulièrement les personnes qui m'ont accompagnées durant mon parcours et m'ont permies de mener, avec autant d'intérêt ce travail. À Madame Choukchou Braham Amel pour sa disponibilité, son aide et ses précieux conseils. Mes remerciements à Madame Borsali Salima pour son aide, sa gentillesse et son soutien.

## Dédicaces

À la mémoire de mon père el Hadj El Mansour Kahouadji. Dieu a voulu que tu nous quittes trop tôt. J'aurai tant aimé que tu sois parmi nous. Qu'Allah le tout-puissant t'accorde sa miséricorde et que tu sois parmi les gens heureux dans son vaste paradis.

À ma mère, aucune dédicace ne saurait être assez éloquente pour exprimer ce que tu mérites pour tous les sacrifices que tu n'as cessé de me donner pour mon instruction et mon bien-être. Ta prière et ta bénédiction m'ont été d'un grand secours pour mener à bien mes études. Je te dédie ce travail en témoignage de mon profond amour, respect et ma reconnaissance. Puisse Dieu le tout-puissant, te préserver et t'accorder santé, longue vie et bonheur.

À mes deux frères Abdelghani et M<sup>ed</sup> El Amine. En témoignage de mon affection fraternelle, de ma profonde tendresse et reconnaissance, je vous souhaite une vie pleine de bonheur et de succès et que Dieu le tout-puissant vous protège et vous garde.

À ma grande soeur Soumia, son mari Sofiane, mes chers petits nièce et neveu Amel et Ahmed Younes adorés.

À mes grands-parents, et à toute la famille KAHOUADJI et la famille CHOUKCHOU BRAHAM, qui ont contribué de près ou de loin pour ma réussite avec leurs conseils, aides et encouragements.

À mes amies Nesrine, Karima, Nezha et Zineb. En souvenir de notre sincère et profonde amitié et des moments agréables que nous avons passés ensemble.

## RESUME

Le modèle No.1 de la digestion anaérobie (ADM1) est un modèle non linéaire complexe, qui prend en compte beaucoup de variables et beaucoup de paramètres. le problème d'analyse de ce modèle avec tous ces paramètres est délicat, et voire impossible. Notre objectif dans ce présent travail consiste à appliquer des méthodes de réduction sur le modèle ADM1, tout en préservant ses caractéristiques entrée-sortie essentielles. En premier nous avons considéré la réduction par troncature équilibrée linéaire, ensuite, la méthode de la réduction par troncature équilibrée du système non linéaire plongé dans feature space, puis la représentation de la dynamique et de la sortie dans un espace de Hilbert à noyau reproduisants pour donner un système dynamique réduit. Une étude détaillée de ces deux méthodes est présentée.

## ABSTRACT

The anaerobic digestion model No.1 (ADM1) is an nonlinear complex model, which takes many variables and many parameters. The problem of analysis of this model with all this parameters is difficult, and even impossible. Our objective in the present work is to apply methods of reducing the ADM1 model, while preserving its essential input-output characteristics. First we have considered reduction by balanced truncation of linear systems, then, the reduction method by balanced truncation of nonlinear system lifted to a feature space and learn approximation of the dynamic and output functions on the reproducing kernel Hilbert space, to give a reduced dynamic system. A detailed study of these two methods is presented.

# Table des matières

Table des matières	vii
Liste des tableaux	viii
Liste des figures	ix
Introduction	1
<b>1 LE MODELE No.1 DE DIGESTION ANAEROBIE(ADM1)</b>	<b>2</b>
1.1 Introduction . . . . .	2
1.2 Processus de conversion dans la digestion anaérobie . . . . .	3
1.2.1 Structure des processus biochimiques . . . . .	3
1.2.2 Les Processus Physico-Chimiques . . . . .	5
1.2.3 Les expressions des processus . . . . .	6
1.2.4 Les Inhibitions . . . . .	8
1.3 Méthodologie de la mise en équation du modèle ADM1 . . . . .	8
1.3.1 Variables d'états dynamiques . . . . .	8
1.3.2 Mise en équation du modèle ADM1 . . . . .	9
1.4 Le point d'équilibre du modèle ADM1 . . . . .	12
1.5 Conclusion . . . . .	12
<b>2 Réduction du modèle ADM1 par la troncature équilibrée linéaire</b>	<b>13</b>
2.1 Introduction . . . . .	13
2.2 Etat de l'art sur les Méthodes de Réduction . . . . .	14
2.2.1 Réduction par troncature équilibrée linéaire . . . . .	14
2.2.2 Réduction par troncature équilibrée non linéaire . . . . .	14
2.3 Troncature équilibrée d'un système linéaire . . . . .	16
2.4 Réduction du modèle ADM1 . . . . .	18
2.4.1 La linéarisation du modèle ADM1 . . . . .	18
2.4.2 Réalisation équilibré du modèle linéaire de ADM1 . . . . .	18
2.4.3 Troncature équilibrée du modèle ADM1 . . . . .	18
2.5 Conclusion . . . . .	21

<b>3</b>	<b>Méthode de réduction non linéaire</b>	<b>22</b>
3.1	Introduction . . . . .	22
3.2	Troncature équilibrée des systèmes non linéaires . . . . .	22
3.2.1	Grammiens Empiriques dans RKHS . . . . .	23
3.2.2	Analyse par composantes principales à noyaux (Kernel PCA) . . . . .	24
3.2.3	Réduction d'ordre de modèle . . . . .	25
3.3	Système dynamique réduit . . . . .	28
3.3.1	Représentation de la dynamique dans RKHS . . . . .	29
3.3.2	Approximation de la jacobienne $J_{\Pi}(\Pi^{\dagger}(x_r))$ . . . . .	29
3.3.3	Sortie du système réduit . . . . .	31
3.3.4	Système Dynamique Réduit . . . . .	31
3.4	Réduction du modèle ADM1 par la méthode non linéaire . . . . .	31
3.5	Exemples de réduction de systèmes non linéaires . . . . .	32
3.5.1	Exemple 1 . . . . .	33
3.5.2	Exemple 2 . . . . .	35
3.5.3	Exemple 3 . . . . .	37
3.6	Conclusion . . . . .	38
	<b>Conclusion</b>	<b>39</b>
	<b>A Compléments de modélisation</b>	<b>40</b>
	<b>B Outils mathématiques</b>	<b>45</b>
	<b>Bibliographie</b>	<b>49</b>

# Liste des tableaux

1.1	Composés dans la phase liquide du modèle ADM1 . . . . .	8
1.2	Composés dans la phase gazeuse du modèle ADM1 . . . . .	9
1.3	Composés des concentrations ionisées dans le modèle ADM1 . . . . .	9
2.1	Borne de l'erreur . . . . .	19



# Table des figures

1.1	Processus Biochimique dans le modèle ADM1(Bastone et al. 2002) . . . . .	4
1.2	Schéma typique d'un digesteur anaérobie du type CSTR . . . . .	9
2.1	Les valeurs singulière de Hankel . . . . .	19
2.2	Tracé de Bode du système original avec le système réduit . . . . .	20
2.3	Réponses impulsionnelle et indicielle du système original et réduit . . . . .	21
3.1	Réponses du système Original (3D) et Réduit . . . . .	35
3.2	Réponses du système Original (4D) et Réduit . . . . .	36
3.3	Réponses du système Original (5D) et Réduit . . . . .	38
A.1	Taux de transfert des composés gazeux(Batstone et al(2002)) . . . . .	41
A.2	Réaction acide-base(Batstone et al(2002)) . . . . .	41
A.3	Processus et taux des composés solubles(Batstone et al(2002)) . . . . .	42
A.4	Processus et taux des composés particulaires(Batstone et al(2002)) . . . . .	43
A.5	Point d'équilibre . . . . .	44
A.6	Inhibition . . . . .	44

# INTRODUCTION GENERALE

La digestion anaérobie a été découverte, il y'a plus de trois siècles, où ils a été constaté pour la première fois qu'un gaz inflammable pouvait se dégager d'une matière organique par décomposition. C'est lors d'un congrès international de nomenclature chimique en 1892 que ce gaz fut nommé méthane.

La réduction de modèle est un outil intéressant dans de nombreux contextes. Réduire la complexité du modèle serait très pratique pour faciliter l'étude du processus. La réduction de modèle des systèmes linéaires est un sujet de recherche où les méthodes sont bien connues et disponibles. Cependant dans la pratique, on est souvent confronté à des systèmes non linéaires et la réduction de modèle pour cette classe est un problème de recherche ouvert. Notre travail consiste en l'utilisation de deux méthodes de réduction sur le modèle No.1 de la digestion anaérobie, une méthode de réduction linéaire et une autre non linéaire.

Le présent travail est composé de trois chapitres :

- Dans le premier chapitre, nous présenterons le modèle No.1 de la digestion anaérobie, en exposant les différents processus existant en digestion anaérobie, ainsi que la formulation des équations différentielles et algébriques. De là nous avons constaté la complexité du modèle ADM1.
- Le second chapitre sera consacré en premier lieu à un état de l'art sur les méthodes de réduction existant dans la littérature. Dans la seconde partie, nous utiliserons l'une des méthodes de réduction appelée la troncature équilibrée linéaire. Cette méthode sera détaillée et appliquée au modèle ADM1.
- Dans le dernier chapitre, nous aborderons une méthode de réduction non linéaire. Cette méthode nous l'utiliserons sur le modèle ADM1, puis nous comparerons entre le modèle original et le modèle réduit obtenu.

Enfin ce mémoire sera achevé par des conclusions.

# Chapitre 1

## LE MODELE No.1 DE DIGESTION ANAEROBIE(ADM1)

### 1.1 Introduction

La digestion anaérobie est un procédé de traitement biologique des eaux usées, des boues et des déchets organiques. Ce processus est réalisé par des bactéries et a lieu en absence d'oxygène, contrairement à la digestion aérobie qui est assimilée en présence d'oxygène; beaucoup de scientifiques, d'ingénieurs et d'entreprises sont engagés dans divers aspects de cette technologie. En raison de l'importance de la digestion anaérobie comme processus de traitement, différents modèles dynamiques ont été développés, ces derniers sont plus ou moins complexes selon le nombres de processus biochimiques et physico-chimiques mis en jeu. Le principe est décrit comme la conversion de la matière organique en biomasse puis en biogaz, composé essentiellement de méthane et de gaz carbonique. Elle comporte quatre métabolismes différents : l'Hydrolyse des particules, Acidogénèse, Acétogénèse et la Méthanogénèse. Parmi ces modèles, le modèle ADM1 ( Anaerobic Digestion Model N 1 ) a été développé par un groupe de chercheurs de l'association internationale de l'eau (IWA) en 2002 [13], dans le but de produire une plateforme commune pour la modélisation et la simulation des différentes équations différentielles et algébriques décrivant les différentes étapes composant le processus de la digestion anaérobie dans un réacteur biologique. Le modèle ADM1 comprend 26 variables dynamiques, 19 processus cinétiques biochimiques, 3 processus cinétiques de transfert de masse liquide-gaz, 8 variables algébriques et 86 paramètres.

## 1.2 Processus de conversion dans la digestion anaérobie

les processus de conversion représentés par le modèle ADM1 peuvent être de deux types :

- Les processus biochimiques : processus catalysés par des enzymes intra ou extracellulaires. La désintégration des composites (et de la biomasse décédée) puis l'hydrolyse enzymatique conduisant à des monomères solubles, sont des processus extracellulaires. La digestion de ces composés solubles par la biomasse est intracellulaire et conduit à la croissance et le décès de celle-ci.
- Les processus physico-chimiques : processus non biologiques tels que la dissociation ionique et les transferts gaz-liquides. L'expression de ces processus est importante dans le modèle car ils permettent d'intégrer entre autres les inhibitions et les débits de gaz.

Ainsi, le modèle ADM1 prend en compte à la fois les processus biochimiques liés aux groupes biologiques différents mais aussi l'évolution physico-chimique des composés en solution.

### 1.2.1 Structure des processus biochimiques

Le modèle ADM1 inclut trois principales étapes intracellulaires (acidogénèse, acétogénèse et méthanogénèse) et les étapes extracellulaires de désintégration et d'hydrolyse montrées sur la figure (1.1).

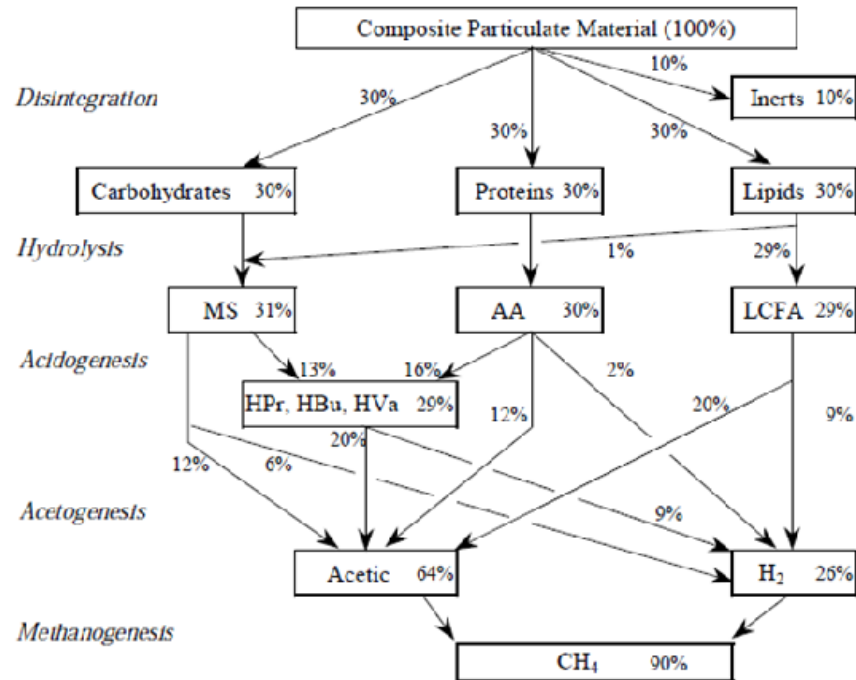


FIGURE 1.1 – Processus Biochimique dans le modèle ADM1(Bastone et al. 2002)

### – La Désintégration et l'Hydrolyse

La Désintégration et l'Hydrolyse sont des processus biologiques extracellulaires. Elles permettent, la solubilisation des molécules complexes en leurs monomères utilisables en biomasse. La dépolymérisation de ces macro-molécules conduit à la formation de sucres simples (MS), d'acide aminés(AA) et d'acides gras à longues chaînes (LCFA).

### – Acidogénèse

L'Acidogénèse est la seconde étape du processus de conversion de la matière organique, elle transforme les produits de l'étape d'Hydrolyse en acide gras volatils (AGV).

### – Acétogénèse

L'Acétogénèse est l'étape biochimique de formation d'acétate du CO<sub>2</sub> et du H<sub>2</sub> depuis les produits d'hydrolyse et de l'Acidogénèse.

### – Méthanogénèse

La méthanogénèse est la dernière étape du processus de conversion anaérobie, et consiste à transformer l'acétate, l'hydrogène et le dioxyde de carbone en méthane CH<sub>4</sub>.

## 1.2.2 Les Processus Physico-Chimiques

Les processus physico-chimiques sont inclus dans la digestion anaérobie, le système physico-chimique peut être défini comme un processus non biologique qui se déroule dans les réacteurs anaérobies et donc ils sont intégrés dans le modèle. Ces processus décrivent principalement les phénomènes physiques et les réactions chimiques, comme le transfert de gaz, la précipitation, les réactions acido-basiques.

– Les réactions acido-basiques

Puisque l'inhibition de PH est incorporée dans le modèle, le comportement du PH doit être vérifié. La détermination du PH dans le modèle se fait par la résolution de l'équation de l'équilibre des charges.

$$\sum S_{c^+} = \sum S_{A^-} \quad (1.1)$$

$\sum S_{c^+}$  représente l'ensemble des cations, et  $\sum S_{A^-} = 0$  représente l'ensemble des anions. Le bilan de charge mis en oeuvre par IWA est le suivant :

$$S_{Cat^+} + S_{NH_4^+} + S_{H^+} - S_{HCO_3^-} - \frac{S_{Ac^-}}{64} - \frac{S_{Pr^-}}{112} - \frac{S_{Bu^-}}{160} - \frac{S_{Va^-}}{208} - S_{OH^-} - S_{An^-} = 0 \quad (1.2)$$

De l'équation (1.2), on peut calculer la concentration des ions  $H^+$  comme suit :

$$S_{H^+} = -\frac{\theta}{2} + \frac{1}{2}\sqrt{\theta^2 + K_w} \quad (1.3)$$

Avec :  $\theta = S_{Cat^+} + S_{NH_4^+} - S_{HCO_3^-} - \frac{S_{Ac^-}}{64} - \frac{S_{Pr^-}}{112} - \frac{S_{Bu^-}}{160} - \frac{S_{Va^-}}{208} - S_{An^-}$

$S_{NH_4^+} = S_{ic} - S_{NH_3}$

$S_{CO_2} = S_{ic} - S_{HCO_3^-}$

Enfin le PH peut être calculé comme suit :

$$PH = -\log(S_{H^+}) \quad (1.4)$$

– Les transferts liquide-gaz

La phase gazeuse en contact avec la phase liquide va atteindre un état stable. Lorsque la phase liquide est relativement diluée, la loi d'Henry peut être utilisée pour décrire la relation d'équilibre :

$$K_{HP}p_{gaz,i,ss} - S_{liq,i,ss} = 0 \quad (1.5)$$

- $p_{gaz,i,ss}$  est la pression de la phase gazeuse à l'état d'équilibre du composant  $i$ .
- $S_{liq,i,ss}$  est la concentration de la phase liquide à l'état d'équilibre pour le composant  $i$ .
- $K_H$  est le coefficient de la loi d'Henry.

Il est possible de déterminer le taux de transfert massique spécifique d'un gaz  $i$  à partir de la relation :

$$\rho_{T,i} = k_{La}(S_{liq,i}K_H p_{gaz,i}) \quad (1.6)$$

l'ensemble du taux de transfert des composés gazeux est présenté dans la matrice de transfert liquide-gaz sur la figure (A.1).

### 1.2.3 Les expressions des processus

Les étapes extracellulaires sont identifiées comme des cinétiques du premier ordre. les étapes intracellulaires sont décrites selon trois expressions : croissance, décès et consommation. L'ensemble des processus est alors exprimé sous forme de matrice appelée matrice de Petersen (figure(A.3) et (A.4)).

La matrice de Peterson est la structure la plus largement répandue, elle est assez flexible pour élaborer les modèles chimiques et biologiques. Une ligne représente un processus qui est listé dans la colonne à gauche de la matrice, l'indice  $j$  est associé à chaque processus qui varie de 1 à 19, par contre une colonne correspond à un composant qui est listé du côté supérieur du tableau par leurs symboles et du côté inférieur par leurs nom et unité. Les expressions cinétiques pour chaque processus sont marquées dans la colonne à droite de la matrice notée  $\rho_j$ . Les coefficients stoechiométriques  $v_{ij}$  font ressortir le rapport de masse entre le composant dans les processus, le signe  $-$  c'est la consommation et le signe  $+$  c'est la production, parfois les paramètres stoechiométriques sont représentés par le taux de conversion de chaque substrat en biomasse  $Y$ .

Il y'a 19 processus biochimiques dans le modèle ADM1, les quatre premiers processus sont la désintégration et l'hydrolyse, la cinétique adoptée dans cette étape et la cinétique du 1<sup>er</sup> ordre exprimée comme suit :

$$\rho_j = k_j X_i.$$

Avec :

- $\rho_i$  : taux de consommation du substrat i, g COD/( $m^3 \cdot jr$ ).
- $k_j$  : paramètre cinétique du composé particulier i,  $j^{-1}$ .
- $X_i$  : composé particulier i, kg DCO/ $m^3$

le paramètre  $k_{des}$  est utilisé pour la désintégration, par contre les paramètres  $k_{hyd-ch}$ ,  $k_{hyd-pr}$ ,  $k_{hyd-li}$  sont utilisés pour l'hydrolyse des carbohydrates (ch), des protéines (pr), et les lipides (li), respectivement.

Après la désintégration et l'hydrolyse viennent trois autres étapes : l'acidogénèse, l'acétogénèse et la méthanogénèse des processus 5 à 12 qui représentent les processus de consommation du substrat. Sept espèces sont impliquées dans les trois étapes, à savoir les espèces utilisées dans la dégradation des sucres, des acides aminés, des AGLC, du valérate, du butyrate, du propionate, d'acétate ainsi que de l'hydrogène. La cinétique pour la description du taux de consommation du substrat est de la forme :

$$\rho_j = K_{m,j} \frac{S_i}{K_{S,j} + S_i} X_i I_{i-j}$$

Avec :

- $\rho_j$  : le taux de réaction du processus j, kg DCO/( $m^3 \cdot j$ ).
- $K_{m,j}$  : le taux spécifique maximale de consommation du processus j,  $j^{-1}$ .
- $K_{S,j}$  : concentration de demi saturation du processus j, kg DCO/ $m^3$
- $S_i$  : composant soluble utilisé (c-à-d Substrat), kg DCO/ $m^3$
- $X_i$  : composant particulaire (c-à-d Biomasse), kg DCO/ $m^3$
- $I_{i-j}$  : fonction d'inhibiteur i au processus j, kg DCO/ $m^3$

L'étape indispensable du processus biochimique est la disparition de la biomasse des sept dernières espèces, du processus 13 à 19. Elle est décrite comme des cinétiques du 1<sup>er</sup> ordre, d'où l'utilisation de la même formule donnée dans le processus de désintégration et d'hydrolyse. Sept constantes  $k_{dec,i}$  représentent les taux de désintégration des espèces différentes.

Ainsi, le modèle comporte 24 variables dynamiques et 19 processus biochimiques. Il ont été implémentés dans la matrice de Petersen. Les processus 1 à 4 sont la désintégration et l'hydrolyse, les processus 5 à 12 sont les processus de consommation du substrat et les sept derniers processus de 13 à 19 sont la disparition de la biomasse des sept espèces. Cette matrice nécessite l'utilisation de 55 paramètres parmi lesquels des constantes de demi-saturation ( $K_S$ ), des taux de consommation ( $k_m$ ) et des constantes d'inhibition ( $K_I$ ).



### 1.2.4 Les Inhibitions

Différentes inhibitions sont prises en compte dans le modèle afin de considérer l'influence du PH, de l'hydrogène, de l'ammoniac et d'une insuffisance en azote inorganique. Celles-ci sont reportées dans la figure (A.6).

## 1.3 Méthodologie de la mise en équation du modèle ADM1

### 1.3.1 Variables d'états dynamiques

Le modèle ADM1 se compose d'un système DAE (d'équations algébro-différentielles), de 35 équations différentielles et d'une équation algébrique. Vingt neuf variables d'états sont en fait des concentrations dans la phase liquide et la phase gazeuse qui sont listés dans les tableaux (1.1) et (1.2). Les six autres variables représentent des concentrations ionisées et sont listés dans le tableau (1.3).

TABLE 1.1 – Composés dans la phase liquide du modèle ADM1

i	Composés	Description	i	Composés	Description
1	$S_{su}$	Monosaccharides	2	$S_{aa}$	Acides aminés
3	$S_{fa}$	Acides gras longue chaines	4	$S_{va}$	Valérate
5	$S_{bu}$	Butyrate	6	$S_{pro}$	Propionate
7	$S_{ac}$	Acétate	8	$S_{h2}$	Hydrogène
9	$S_{ch4}$	Méthane	10	$S_{ic}$	Carbone inorganique
11	$S_{in}$	Azote inorganique	12	$S_i$	Solubles Inertes
13	$X_c$	Composite	14	$X_{ch}$	Glucides
15	$X_{pr}$	Protéine	16	$X_{li}$	lipides
17	$X_{su}$	Sucre dégradé	18	$X_{aa}$	Acides aminés dégradés
19	$X_{fa}$	Acides gras longue chaines dégradés	20	$X_{c4}$	Valérate et propionate dégradés
21	$X_{pro}$	propionate dégradés	22	$X_{ac}$	Acides acétiques particuliers
23	$X_{aa}$	Hydrogène	24	$X_i$	particulaire Inertes
25	$S_{cat}$	cations	26	$S_{an}$	Anions

TABLE 1.2 – Composés dans la phase gazeuse du modèle ADM1

i	Composés	Description
33	$S_{gCO_2}$	dioxyde de carbone
34	$S_{gCH_4}$	Méthane
35	$S_{gH_2}$	Hydrogène

TABLE 1.3 – Composés des concentrations ionisées dans le modèle ADM1

i	Composés	Description
27	$S_{va^-}$	Valérate
28	$S_{bu^-}$	Butyrate
29	$S_{pro^-}$	Propionate
30	$S_{ac^-}$	Acétate
31	$S_{HCO_3}$	Bicarbonate
32	$S_{NH_3}$	amoniaque

### 1.3.2 Mise en équation du modèle ADM1

Ce paragraphe décrit la mise en équation du modèle ADM1. Le digesteur anaérobie est considéré comme un réacteur complètement agité à un seul étage (CSTR), ainsi le modèle utilisé est basé sur ce type de réacteur représenté par la figure (1.2).

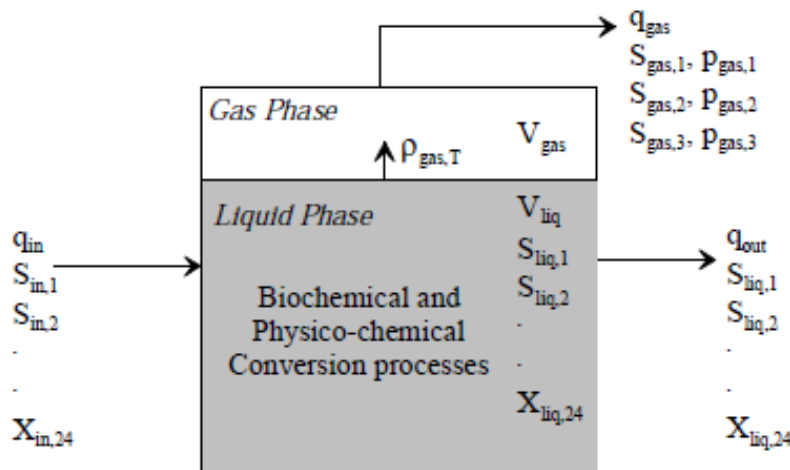


FIGURE 1.2 – Schéma typique d'un digesteur anaérobie du type CSTR

Selon l'équation du bilan de matière, l'état de chaque composant dans la phase liquide peut être exprimé par l'équation suivante

$$\begin{aligned} \frac{dS_{liq,i}}{dt} &= \frac{Q_{in}}{V_l} (S_{i,in} - S_i) + \sum_{j=1}^{19} \rho_j v_{i,j} & i = 1 \dots 12 \\ \frac{dX_{liq,i}}{dt} &= \frac{Q_{in}}{V_l} (X_{i,in} - X_i) + \sum_{j=1}^{19} \rho_j v_{i,j} & i = 12 \dots 24 \end{aligned} \quad (1.7)$$

$\rho_j$  est le taux de réaction du processus  $j$  et  $v_{i,j}$  est le coefficient stoechiométrique du composant  $i$  impliqué dans le processus  $j$ , qui sont regroupés dans la matrice de Petersen (voir figure (A.4) et figure (A.3)).

Dans le modèle ADM1, l'équilibre du carbone est considéré pour toutes les réactions biologiques pour empêcher des pertes dues aux différences dans les paramètres de fraction du modèle. Ceci est réalisé en définissant la teneur en carbone  $C_i$  dans tous les composants du modèle afin de satisfaire le bilan massique du carbone pour chaque réaction par le biais du carbone inorganique  $S_{ic}$ . En conséquence, la stoechiométrie de  $S_{ic}$  est définie par l'équation (1.8) pour toutes les réactions.

$$\forall : j = 1 \dots 19 \quad v_{10,j} = - \sum_{i=1-9}^{11-24} C_i v_{i,j} \quad (1.8)$$

Avec  $C_i$  est la teneur en carbone du composant  $i$ .

De même, en définissant la teneur en azote  $N_i$  de tous les composants du modèle, l'équation (1.9) est appliquée pour réaliser l'équilibre de l'azote.

$$\forall : j = 1 \dots 19 \quad v_{11,j} = - \sum_{i=1-10}^{12-24} N_i v_{i,j} \quad (1.9)$$

les bilans massiques du carbone et d'azote sont importants pour modéliser le système. Le carbone et l'azote inorganique sont sources de la concentration en bicarbonate et en ammonium respectivement (voir Annexe (A)).

L'expression mathématique pour les différents gaz en phase gazeuse est donnée comme suit :

$$\frac{dS_{gas,i}}{dt} = - \frac{Q_{gas}}{V_g} S_i + \rho_{T,i} \frac{V_l}{V_g} \quad i=33,34,35 \quad (1.10)$$

où  $V_{gas}$  est le volume total du gaz dans le réacteur et  $\rho_{T,i}$  est la vitesse de transfert des

gaz appropriés aux composantes  $S_{gas,CH_4}$ ,  $S_{gas,H_2}$ ,  $S_{gas,CO_2}$  Avec :

$$p_{gas,h_2} = S_{gas,h_2} * \frac{R*Top}{16} \quad (1.11)$$

$$p_{gas,CH_4} = S_{gas,CH_4} * \frac{R*Top}{64} \quad (1.12)$$

$$p_{gas,CO_2} = S_{gas,CO_2} * R * Top \quad (1.13)$$

$$p_{gas} = p_{gas,h_2} + p_{gas,CH_4} + p_{gas,CO_2} \quad (1.14)$$

$$Q_{gas} = kp * (p_{gas} - p_{atm}) * \frac{p_{gas}}{p_{atm}} \quad (1.15)$$

où  $k_p$  est le coefficient du flux de sortie,  $p_{atm}$  est la pression atmosphérique.  $Q_{gaz}$  est la sortie du débit du Biogaz.  $p_{gaz}$  est la pression du biogaz donnée par la somme des pressions partielles de l'hydrogène, le méthane, le dioxyde de carbone et eau, ainsi

$$p_{gaz} = S_{gaz-H_2} \frac{RTop}{16} + S_{gaz-CH_4} \frac{RTop}{64} + S_{gaz-CO_2} RTop + p_{H_2O} \quad (1.16)$$

R étant la constante des gaz parfaits.

les équations différentielles de l'anion et le cation sont simplement définies par l'effet de dilution du réacteur, car ils sont non réactifs, ce qui donne l'équation (1.17)

$$\frac{dS_{liq,i}}{dt} = \frac{Q_{in}}{V_l} (S_{i,in} - S_i) \quad i = 25, 26 \quad (1.17)$$

Tandis que les dynamiques de l'acide dissocié et de l'ammoniac libre sont donnés par

$$\frac{dS_i}{dt} = -\rho_{A,i} \quad , i = 27 \dots 32 \quad (1.18)$$

où  $\rho_{A,i}$  sont les taux cinétique acide-base, ils sont suggérés dans [17] (2002), (voir la figure (A.2))

## 1.4 Le point d'équilibre du modèle ADM1

Le point d'équilibre du modèle ADM1 correspond à l'état d'équilibre du digesteur anaérobie. Sur le papier de [13] les résultats des simulations de l'état d'équilibre du modèle ADM1 ont été présenté. voir sur la figure (A.5).

## 1.5 Conclusion

Le modèle No.1 de digestion anaérobie (ADM1) a été présenté dans ce chapitre. Ce modèle est très intéressant en ce qui concerne la précision des simulations si le réglage des paramètres s'avère possible pour le type de substrat qu'on veut utiliser. Cependant sa complexité est un gros handicap pour faire de l'optimisation ou synthétiser des lois de commande basées sur le modèle. De plus il est difficile à implémenter numériquement. De là nous avons envisagé l'approche des méthodes de réduction que nous aborderons dans le second chapitre.

# Chapitre 2

## Réduction du modèle ADM1 par la troncature équilibrée linéaire

### 2.1 Introduction

Les techniques de réduction des modèles dynamiques permettent l'obtention de modèles de dimensions réduites, ce qui simplifie l'analyse et la commande des systèmes d'origine. Dans le cas des systèmes linéaires, les résultats sont bien établis et d'usage courant par contre, pour les systèmes non linéaires, divers méthodes ont été mises au point chacune avec ses avantages et inconvénients et font toutes usage de méthodes numériques sophistiquées.

Notre projet consiste à utiliser une méthode de réduction afin de réduire le modèle No.1 de digestion anaérobie. Deux méthodes ont déjà été appliquées sur ADM1, il s'agit d'une méthode présentée dans le papier [14] appelée la méthode d'homotopie, c'est un moyen qui permet d'associer les valeurs propres et les variables d'états du système dynamique. Le principe réside dans le choix d'un système dynamique simplifié et dont les états peuvent être reliés aux valeurs propres du système linéarisé tangent correspondant. Alors cette méthode a permis de réduire le modèle ADM1 à onze équations différentielles. La seconde méthode utilisée pour la réduction du modèle ADM1 est présentée dans [3], une technique d'analyse en composante principale (PCA) a été étendue et appliquée pour simplifier le modèle ADM1. La méthode montre que les principales caractéristiques du modèle pourraient être obtenues avec un minimum de deux réactions. Le modèle réduit a reproduit la dynamique du processus de façon très précise.

## 2.2 Etat de l'art sur les Méthodes de Réduction

### 2.2.1 Réduction par troncature équilibrée linéaire

Moore (1981)[10] a introduit la réalisation équilibrée dans le but de l'utiliser comme un outil de réduction de modèle. L'idée est que les valeurs singulières du grammien de commandabilité correspondent à la quantité d'énergie qui doit être mise dans le système afin de déplacer les états correspondants. Pour le grammien d'observabilité, ses valeurs singulières se rapportent à l'énergie qui est générée par les états correspondants.

Si un système linéaire est sous forme équilibrée, les valeurs singulières de Hankel fournissent une mesure de l'importance des états, parce que l'état avec les plus grandes valeurs singulières influence le plus le comportement entrée-sortie. Ceci est directement lié à la réduction de modèle, ainsi les états qui contribuent très peu au comportement entrée-sortie peuvent être supprimés.

### 2.2.2 Réduction par troncature équilibrée non linéaire

La troncature équilibrée des systèmes non linéaires stables a été introduite par Scherpen (1994) [15], l'énergie d'entrée passée et l'énergie de sortie future sont définies comme des fonctions de commandabilité et d'observabilité, et jouent un rôle dominant dans la troncature équilibrée non linéaire. Leurs caractéristiques sont étudiées et imposées afin de transformer le système non linéaire en forme équilibrée. Les fonctions des valeurs singulières de Hankel sont définies et jouent un rôle similaire aux valeurs singulières de Hankel dans le cas linéaire, nous pouvons décider si oui ou non une composante d'état influe sur le système d'une manière forte ou faible. Cette analyse aboutit à un outil de réduction de modèle. Cependant, le calcul de ces fonctions d'énergie est coûteux en calcul et le résultat est rarement une solution explicite. Pour ces raisons, il est très difficile d'appliquer cette méthode à des problèmes à grande échelle.

Dans le papier de Lall S, Marsden JE, Glavaski S (1999) [9] une nouvelle méthode de réduction des modèles des systèmes non linéaires est introduite appelée la décomposition de Karhunen-Loève de l'espace d'état. L'idée centrale est d'utiliser les données obtenues pour identifier les dynamiques les plus pertinentes du point de vue entrée-sortie.

Hahn J et Edgar TF (2000) [5], présentent une approche pour la réduction de modèle non linéaire, basée sur la réalisation équilibrée des grammien empiriques de commanda-

bilité et d'observabilité et la projection de Galerkin. La première étape consiste à trouver une réalisation équilibrée des grammiens empiriques d'observabilité et de commandabilité afin de déterminer les états qui ont le plus contribué au comportement entrées- sorties, la seconde étape consiste à effectuer une projection de Galerkin sur les états correspondant aux plus grandes valeurs singulières de la réalisation équilibrée. La projection de Galerkin est basée sur l'idée que la dynamique d'un système peut être remplacée par la dynamique basée sur un sous espace du système original. Cette méthode a l'avantage de nécessiter que de simples calculs matricielles pour la réduction des modèles non linéaires.

Dans le papier de Lall S, J Marsden, et S Glavaski (2002)[8] une nouvelle méthode de réduction pour les systèmes de commande non linéaires est présentée. Cette méthode évite certaines difficultés rencontrées dans le calcul des fonctions énergétiques présentées par Sherpen [15], cette méthode consiste à construire une réalisation approximativement équilibrée, qui nécessite seulement des calculs matriciels standards. L'approche présentée ici utilise en premier des données de simulation ou expérimentation et identifie les états du système qui ne sont pas affectés par les actionneurs, et qui affectent le plus les capteurs. Ensuite il s'agit de construire une réalisation équilibrée empirique pour les systèmes non linéaires, qui coïncide avec la réalisation équilibrée pour les systèmes linéaire. Enfin une projection de Galerkin est appliquée à la réalisation équilibrée pour construire un modèle non linéaire de faible dimension.

Dans l'article de Fujimoto K et D Tsubakino (2006) [4], un algorithme de calcul de la réalisation équilibrée et la troncature basée sur le développement en série de Taylor est proposé, où deux ensembles d'équations aux dérivées partielles sont à résoudre. Le premier est un ensemble d'équation Hamilton-Jacobi-Bellman et une équation de Lyapunov pour obtenir les fonctions d'observabilité et de commandabilité. L'autre est une équation algébrique non linéaire par rapport aux fonctions de commandabilité et d'observabilité pour obtenir une transformation de coordonnées qui convertit le système non linéaire en réalisation équilibrée.

Krener, A. J. (2008) [7] a présenté une méthode plus intrinsèque de la réduction de modèle non linéaire. Il a introduit la forme normale pour les fonctions de commandabilité et d'observabilité et a montré qu'un système non linéaire peut toujours être ramené à cette forme par des changements locaux. Les paramètres de cette forme normale indiquent l'importance relative des coordonnées de l'espace d'état du système. Ensuite il a proposé une nouvelle interprétation de la troncature équilibrée linéaire qui peut être étendue à un système non linéaire.

Bouvier J, Hamzi B (2011) [6], ont introduit une nouvelle approche de réduction de modèle non linéaire, en s'appuyant sur les progrès récents dans l'apprentissage automa-



tique et la réduction de dimensionnalité statistique. La méthode repose sur l'hypothèse que le système non linéaire se comporte linéairement lorsqu'il est plongé dans un feature space de dimension élevée, où la troncature équilibrée peut être effectuée. Cela conduit à une application non linéaire dans un espace de Hilbert à noyaux reproduisants qui permet de générer un système dynamique de faible dimension, pour donner un système dynamique réduit qui garde les caractéristiques entrée-sortie essentielles du modèle original.

## 2.3 Troncature équilibrée d'un système linéaire

Soit le système linéaire suivant :

$$\begin{aligned}\dot{Z}(t) &= \hat{f}(Z(t), u(t), y(t)) \\ \hat{X} &= \hat{h}(Z(t), u(t), y(t))\end{aligned}\quad (2.1)$$

où  $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$ ,  $B \in \mathbb{R}^{n \times p}$  et  $C \in \mathbb{R}^{p \times n}$

**Définition 1.** [10] : Les fonctions de commandabilité et d'observabilité d'un système linéaire sont définies respectivement comme :

$$L_c(x_0) = \min_{\substack{u \in L_2(-\infty, 0) \\ x(-\infty)=0, x(0) = x_0}} \frac{1}{2} \int_{-\infty}^0 \|u(t)\|^2 dt \quad (2.2)$$

et

$$L_o(x_0) = \frac{1}{2} \int_0^{\infty} \|y(t)\|^2 dt, \quad x(0) = x_0, \quad u(t) \equiv 0, \quad 0 \leq t < \infty \quad (2.3)$$

La valeur de la fonction de commandabilité à  $x_0$  est la quantité minimum d'énergie d'entrée nécessaire pour atteindre l'état  $x_0$  à partir de l'état zéro, et la valeur de la fonction d'observabilité est la quantité d'énergie de sortie générée par l'état  $x_0$ .

**Théorème 2.3.1.** [15] : Soit le système (??). Alors  $L_c(x_0) = \frac{1}{2} x_0^T W_c^{-1} x_0$ , et  $L_o(x_0) = \frac{1}{2} x_0^T W_o x_0$ , où  $W_c = \int_0^{\infty} e^{At} B B^T e^{A^T t} dt$  est le grammien de commandabilité et  $W_o = \int_0^{\infty} e^{A^T t} C^T C e^{At} dt$  est le grammien d'observabilité. De plus,  $W_c$  et  $W_o$  sont symétriques, définis positifs et sont les uniques solutions des équations de Lyapunov.

$$\begin{aligned}A W_c + W_c A^T &= -B B^T \\ A^T W_o + W_o A &= -C^T C\end{aligned}\quad (2.4)$$

**Théorème 2.3.2.** [10] : Les valeurs propres de  $W_c W_o$  sont invariantes, c'est à dire, elles ne dépendent pas du choix des coordonnées de l'espace d'états. Il existe une représentation

d'espace d'états où :

$$\Sigma := \tilde{W}_c = \tilde{W}_o = \begin{bmatrix} \sigma_1 & \dots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & \sigma_n \end{bmatrix} \quad (2.5)$$

Avec  $\sigma_1 \geq \sigma_2 \geq \dots \geq \sigma_n > 0$  sont les racines carrées des valeurs propres de  $W_c W_o$ . Par ailleurs les  $\sigma'_i, i = 1, \dots, n$  sont les valeurs singulières de Hankel.

Deux autres représentations peuvent être obtenues à partir de l'équation (2.5) par changement de coordonnées :  $x = \Sigma^{-1/2} \tilde{x}$  et  $x = \Sigma^{1/2} \tilde{x}$ .

Le système dont les Gramiens vérifient l'égalité ci-dessus est appelé réalisation équilibrée et la transformation  $x = T\tilde{x}$  est nous avons :

$$\begin{aligned} \tilde{W}_c &= T W_c T^T \\ \tilde{W}_o &= (T^{-1})^T W_o T^{-1} \end{aligned} \quad (2.6)$$

Où T représente la matrice de transformation avec  $x = T\tilde{x}$ . De cette façon nous avons la réalisation équilibrée de notre système :

$$\begin{cases} \dot{\tilde{x}}(t) &= T A T^{-1} \tilde{x}(t) + T B u(t) \\ y(t) &= C T^{-1} \tilde{x}(t) \end{cases} \quad (2.7)$$

**Théorème 2.3.3.** [15] : Borne d'erreur

Supposons que les valeurs singulières de Hankel vérifient :

$$\sigma_1 > \dots > \sigma_k > \sigma_{k+1} > \dots > \sigma_n$$

$\tilde{G}$  est obtenu par troncature à l'ordre k d'une réalisation équilibrée alors :

$$\|G - \tilde{G}\|_\infty \leq 2(\sigma_{k+1} + \dots + \sigma_n) \quad (2.8)$$

Nous enlevons les composantes de  $x_{k+1}, \dots, x_n$  qui correspondent aux petites valeurs singulières de Hankel  $\sigma_{k+1}, \dots, \sigma_n$  (petites par rapport au reste des valeurs singulières). Le système d'ordre réduit constitue une bonne approximation du système original.

## 2.4 Réduction du modèle ADM1

### 2.4.1 La linéarisation du modèle ADM1

Le modèle ADM1 est un système non linéaire qui s'écrit de la forme :

$$\begin{cases} \dot{x} &= f(x, u) \\ y &= h(x) \end{cases} \quad (2.9)$$

Avec :  $f(x, u)$  correspond a l'ensemble des équations (1.7), (1.10), (1.17) et (1.18),  $u = Q_{in}$  et  $h(x) = Q_{gas}$  équivalent a l'équation (1.15).

Il a été linéarisé autour d'un point d'équilibre (A.5) et rendu sous la forme (??).

Avec :

$$A = \left. \frac{\partial f}{\partial x} \right|_{x=x_{eq}, u=u_{eq}}, \quad B = \left. \frac{\partial f}{\partial u} \right|_{x=x_{eq}, u=u_{eq}}, \quad C = \left. \frac{\partial h}{\partial x} \right|_{x=x_{eq}}.$$

où  $A \in \mathbb{R}^{35 \times 35}$ ,  $B \in \mathbb{R}^{35 \times 1}$  et  $C \in \mathbb{R}^{1 \times 35}$ .

Étant donnée la complexité du modèle ADM1, l'outil *Maple13* a été nécessaire pour calculer les matrices A, B et C.

### 2.4.2 Réalisation équilibré du modèle linéaire de ADM1

Nous avons utilisé *MATLAB* pour les grammien transformées  $\tilde{W}_c$  et  $\tilde{W}_o$  de l'équation (2.6) et la matrice de transformation linéaire  $T \in \mathbb{R}^{35 \times 35}$ . Nous avons obtenu une réalisation équilibrée de notre système qui s'écrit de la forme (2.7).

### 2.4.3 Troncature équilibrée du modèle ADM1

Pour la réduction de modèle, les états qui ne contribuent pas énormément dans le comportement entrées-sorties peuvent être enlevées, c'est à dire les valeurs singulières de Hankel les moins dominantes sont négligeables.

Nous avons visionné les valeurs singulières de Hankel illustrées par la figure(2.1). Les états les moins commandables et peu observables sont représentés par zéro ou sont proches de zéro.

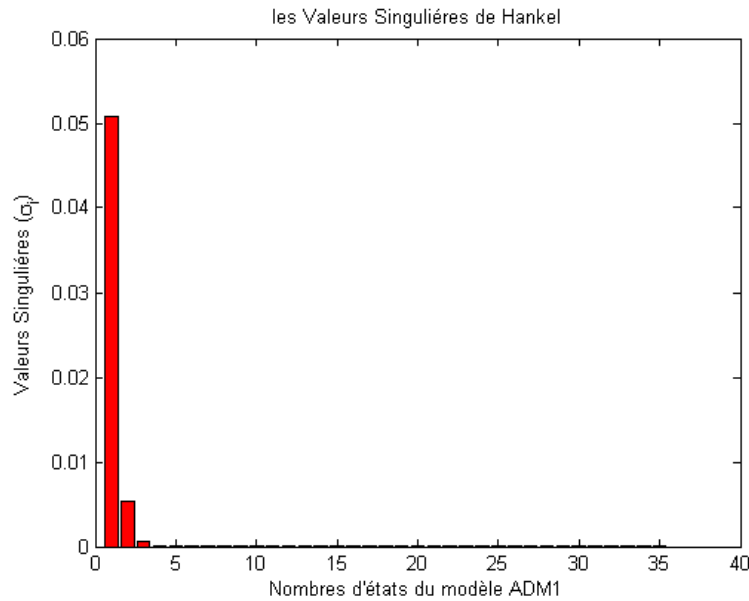


FIGURE 2.1 – Les valeurs singulière de Hankel

Sur la figure (2.1), on remarque qu'à partir de l'ordre 5 les valeurs singulières sont presque nulles. Nous allons calculer la borne d'erreurs (2.8) pour avoir la meilleure approximation du modèle réduit.

TABLE 2.1 – Borne de l'erreur

Ordre de modèle réduit	$\ G(s) - G(s)_{red}\ _{\infty}$	$2 \sum_{i=k+1}^n \sigma_i$
6	$1.20786e - 07$	$1.7739e - 07$
5	$1.649e - 06$	$1.91564e - 06$
<b>4</b>	<b><math>4.3022e-05</math></b>	<b><math>4.3289e-05</math></b>
3	$1.590e - 04$	$2.0200e - 04$

Le tableau (2.1) désigne la borne d'erreur pour différents ordres, à l'ordre 3 nous constatons qu'il y a une perte d'information importante. Cependant il semblerait que l'ordre 4 représente le choix raisonnable conduisant à un système réduit. Alors au final

nous avons un système réduit d'ordre 4 suivant :

$$\begin{cases} \dot{x}_r &= A_r x + B_r u \\ y_r &= C_r x \end{cases}$$

Avec :

$$A_r = \begin{bmatrix} -2.629 \cdot 10^{-2} & 5.855 \cdot 10^{-2} & -1.9638 \cdot 10^{-2} & 1.816 \cdot 10^{-2} \\ -5.855 \cdot 10^{-2} & -2.440 \cdot 10^{-1} & 1.6431 \cdot 10^{-1} & -1.722 \cdot 10^{-1} \\ 1.963 \cdot 10^{-2} & 1.642 \cdot 10^{-1} & -3.2731 \cdot 10^{-1} & 7.153 \cdot 10^{-1} \\ 1.816 \cdot 10^{-2} & 1.722 \cdot 10^{-1} & -7.1530 \cdot 10^{-1} & -2.015 \end{bmatrix}$$

$$B_r = \begin{bmatrix} -5.169 \cdot 10^{-2} \\ -5.141 \cdot 10^{-2} \\ 1.909 \cdot 10^{-2} \\ 1.788 \cdot 10^{-2} \end{bmatrix}$$

$$C_r = \begin{bmatrix} -5.169 \cdot 10^{-2} & 5.141 \cdot 10^{-2} & -1.909 \cdot 10^{-2} & 1.7886 \cdot 10^{-2} \end{bmatrix}$$

La figure(2.2) représente le tracé de Bode entre le système original et le système réduit, comme on peut le voir les deux systèmes se comportent de manière très similaire.

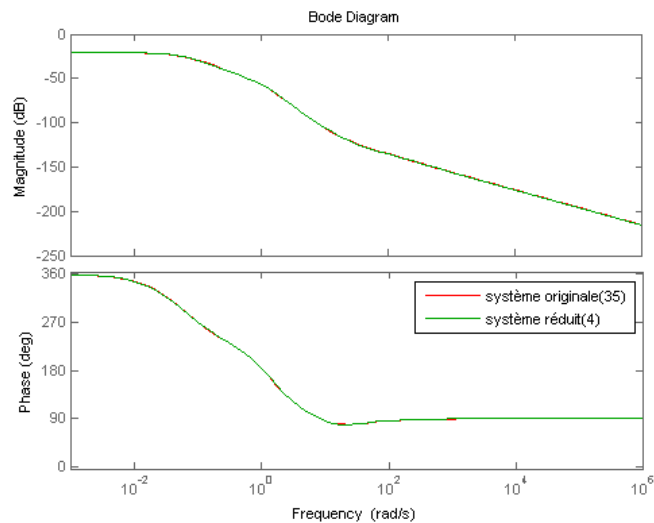


FIGURE 2.2 – Tracé de Bode du système original avec le système réduit

Nous pouvons aussi représenter les réponses impulsionnelle et indicielle pour comparer

les deux systèmes. Ainsi sur la figure (2.3), en comparant les deux systèmes nous pouvons voir que le modèle réduit représente une bonne approximation du modèle original

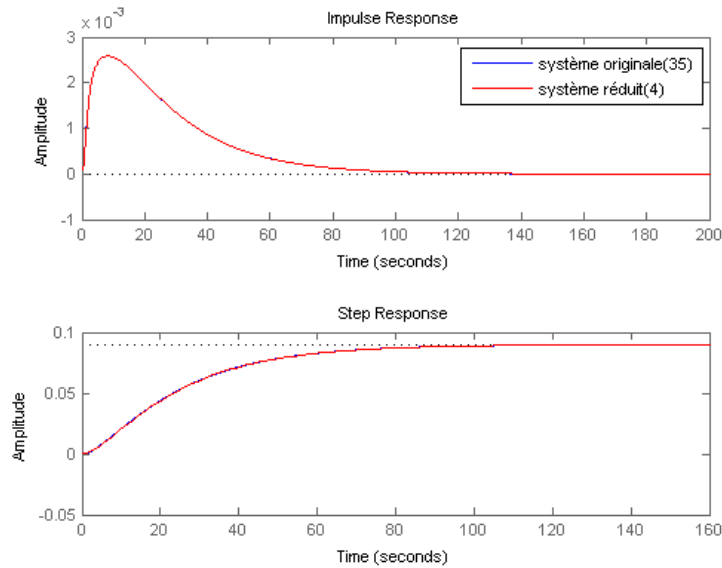


FIGURE 2.3 – Réponses impulsionnelle et indicielle du système original et réduit

## 2.5 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons exposé un état de l'art sur les méthodes de réduction. nous avons présenté et appliqué une de ces méthodes sur le modèle ADM1 appelé troncature équilibrée linéaire, cette méthode nous a permis de réduire le nombre d'états du système original d'ordre 35 à l'ordre 4. L'utilisation de cette approche a assuré une approximation du système initial par un système de dimension réduite tout en préservant les propriétés entrées-sorties.

# Chapitre 3

## Méthode de réduction non linéaire

### 3.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons procéder à la réduction du modèle ADM1 par l'approche proposée en [6]. L'approche consiste tout d'abord à supposer que le système non linéaire se comporte linéairement lorsqu'il est plongé dans un feature space de dimension élevé, après nous réalisons une troncature équilibrée équivalente aux techniques linéaires dans le feature space pour enfin construire un modèle non linéaire d'ordre réduit.

### 3.2 Troncature équilibrée des systèmes non linéaires

Nous considérons un système non linéaire de la forme :

$$\begin{cases} \dot{x} &= f(x, u) \\ y &= h(x) \end{cases} \quad (3.1)$$

Avec :  $x \in \mathbb{R}^n$ ,  $u \in \mathbb{R}^m$ ,  $f(0,0) = 0$ ,  $h(0) = 0$  et  $x(0) = x_0$ . Le linéarisé du système (3.1) autour de l'origine est commandable, et  $\dot{x} = f(x, u)$  est asymptotiquement stable.

Nous présentons dans l'annexe B quelques rappels mathématiques utiles pour la compréhension de la suite de ce chapitre.

### 3.2.1 Grammiens Empiriques dans RKHS

#### – LE GRAMMIEN EMPIRIQUE DE COMMANDABILITE

Nous estimons le grammien de commandabilité en excitant chaque coordonnée de l'entrée avec des impulsions tout en plaçant  $x_0 = 0$ . Soit  $u^i(t) = \delta(t)e_i$  le  $i^{\text{ème}}$  signal d'excitation, et soit  $x^i(t)$  la réponse correspondante du système.

Nous formons la matrice  $X(t) = [x^1(t) \dots x^m(t)] \in R^{n \times m}$ , de sorte que  $X(t)$  soit considérée comme une matrice de données.

Alors  $W_c \in R^{n \times n}$  est donnée par :

$$W_c = \frac{1}{m} \int_0^\infty X(t)X^T(t)dt \quad (3.2)$$

Nous pouvons approximer cette intégrale en échantillonnant la matrice de données  $X(t)$  dans un intervalle fini  $[0, T]$ , cela conduit au grammien empirique de commandabilité :

$$\hat{W}_c = \frac{T}{mN} \sum_{i=1}^N X(t_i)X(t_i)^T \quad (3.3)$$

#### – LE GRAMMIEN EMPIRIQUE D'OBSERVABILITE

le grammien empirique d'observabilité est estimé en fixant  $u(t) = 0$ , nous mettons  $x_0 = e_i$  pour  $i = 1 \dots n$ , nous mesurons les réponses du système correspondant  $y^i(t)$ . Les réponses sont assemblées dans une matrice  $Y(t) = [y^1(t) \dots y^n(t)] \in R^{p \times n}$ .

Le grammien d'observabilité  $W_o \in R^{n \times n}$  est défini par :

$$W_o = \frac{1}{p} \int_0^\infty Y(t)Y^T(t)dt \quad (3.4)$$

De même en échantillonnant la matrice de fonction  $Y(t)$  sur un intervalle  $[0, T]$ , nous obtenons le grammien empirique d'observabilité.

$$\hat{W}_o = \frac{T}{pN} \sum_{i=1}^N \tilde{Y}(t_i)\tilde{Y}^T(t_i) \quad (3.5)$$

où  $\tilde{Y}(t_i) = Y^T(t)$ , la matrice  $\tilde{Y}(t_i) \in R^{n \times p}$  peut être considérée comme une matrice de données avec les observations :

$$d_j(t_i) = (y_1^1(t_i) \dots y_j^n(t_i))^T \in R^n \quad j = 1 \dots p, \quad i = 1 \dots N. \quad (3.6)$$

De sorte que  $d_j(t_i)$  correspond à la réponse à l'instant  $(t_i)$  de la sortie de coordonnée  $j$ ,



pour chacune des conditions initiales  $x_0 = e_k$ ,  $k = 1 \dots n$ .

### 3.2.2 Analyse par composantes principales à noyaux (Kernel PCA)

Kernel PCA [1], [16] est une extension du PCA (voir Annexe B) aux distributions non linéaires, au lieu de faire directement le PCA, les points de données d'origine sont plongés dans un feature space de dimension élevée défini par un feature map :  $\Phi : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathcal{F}$ . PCA dans feature space conduit à un algorithme appelé Kernel PCA. Compte tenu de l'ensemble des données  $x := \{x_i\}_{i=1}^N \in \mathbb{R}^n$ , l'objectif est de trouver les vecteurs propres  $v$  et les valeurs propres  $\lambda$  de la matrice de covariance  $C$  dans le feature space, où :

$$C_x = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^N \Phi(x) \otimes \Phi(x) \quad (3.7)$$

Avec  $\Phi(x) \otimes \Phi(x) = \langle \Phi(x), \cdot \rangle \Phi(x)$  désigne le produit tensoriel entre deux vecteurs en  $\mathcal{H}$ . Nous supposons que les données sont centrées dans le feature space afin que  $\sum_{i=1}^m \Phi(x_i) = 0$ . les principaux sous espaces sont calculés par diagonalisation de  $C_x$ , mais comme cela est montré dans [1], on peut former la matrice  $(K)_{i,j} = K(x_i, x_j)$ ,  $i = 1 \dots N$  et résoudre le problème des valeurs propres :

$$K\alpha = N\lambda\alpha \quad (3.8)$$

Si :

$$C_x v_i = \lambda v_i \quad (3.9)$$

Il existe des coefficients  $\alpha_i \dots \alpha_m$  de sorte que :

$$v_i = \sum_{i=1}^N \alpha_i \Phi(x_i) \quad (3.10)$$

Les valeurs propres  $\alpha_i$  de  $K$  sont alors normalisées, de sorte que les vecteurs propres  $v_i$  de  $C_x$  ont une norme unité dans le feature space.

Nous devons trier les vecteurs propres selon les amplitudes des valeurs propres correspondantes dans l'ordre décroissant et former la matrice  $V_q = [v_1 \dots v_q]$ ,  $1 \leq q \leq n$ , Les premières composantes principales  $q$  du vecteur  $x = \Phi(\tilde{x})$  dans le feature space sont données par  $V_q^T x$ .

par similitude nous formons la matrice :

$$A_q = [\alpha_1 \dots \alpha_q] \quad 1 \leq q \leq \min(n, N) \quad (3.11)$$

les composantes principales dans feature space peuvent être calculées dans l'espace d'origine avec les noyaux en utilisant

$$\Pi(x) = A_q^T k(x) \quad (3.12)$$

où  $k(x) = (K(x, x_1), \dots, K(x, x_N))^T$

### 3.2.3 Réduction d'ordre de modèle

On considère le système non linéaire de l'équation (3.1). D'après [6], l'approche proposée commence par la construction d'estimation empirique du grammien de commandabilité et d'observabilité dans le feature space. Notons d'abord que le grammien empirique de commandabilité peut être considéré comme covariance d'un ensemble d'échantillons de  $N \cdot m$  vecteurs mis à l'échelle par  $T$ .

$$\hat{W}_c = \frac{T}{mN} \sum_{i=1}^N X(t_i) X^T(t_i) = \frac{T}{mN} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^m x^j(t_i) x^j(t_i)^T \quad (3.13)$$

Et le grammien empirique d'observabilité peut être considéré de même, comme covariance d'un ensemble d'échantillons de  $N \cdot p$  vecteurs.

$$\hat{W}_o = \frac{T}{pN} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^p d_j(t_i) d_j(t_i)^T \quad (3.14)$$

On peut donc considérer trois quantités d'intérêt :

- Le noyau de commandabilité  $K_c \in R^{Nm \times Nm}$

$$(K_c)_{\mu\nu} = k(x_\mu, x_\nu) = \langle \Phi(x_\mu), \Phi(x_\nu) \rangle_F \quad (3.15)$$

pour  $\mu, \nu = 1 \dots Nm$

- Le noyau d'observabilité  $K_o \in R^{Np \times Np}$

$$(K_o)_{\mu\nu} = k(d_\mu, d_\nu) = \langle \Phi(d_\mu), \Phi(d_\nu) \rangle_F \quad (3.16)$$

pour  $\mu, \nu = 1 \dots Np$

- Le noyau de Hankel  $K_{o,c} \in R^{Np \times Nm}$

$$(K_{o,c})_{\mu\nu} = k(d_\mu, x_\nu) = \langle \Phi(d_\mu), \Phi(x_\nu) \rangle_F \quad (3.17)$$

pour  $\mu = 1 \dots Np$  et  $\nu = 1 \dots Nm$ .

les racines carrées des valeurs propres non nulles de la matrice  $K_{o,c}K_{o,c}^T$  sont les valeurs singulières empiriques de Hankel du système plongé dans le feature space, pour cela  $K_{o,c}$  est appelé noyau de Hankel par analogie avec le cas linéaire.

En PCA et KPCA les données sont centrées, alors dans notre cas cette question doit être considérée avec une certaine prudence. Nous avons deux ensembles distincts de données :

- Les échantillons d’observabilité : soit  $\Psi$  la matrice dont les colonnes sont les échantillons d’observabilité plongée dans le feature space
- Les échantillons de commandabilité : soit  $\Phi$  la matrice construite à partir de la matrice de fonction  $X(t)$

Alors nous avons :

$$K_o = \Psi^T \Psi \quad , K_c = \Phi^T \Phi \quad \text{et} \quad K_{o,c} = \Psi^T \Phi \quad (3.18)$$

En supposons  $1_M, 1_N$  la longueur des  $N, M$  vecteurs qui représentent respectivement  $N$  échantillons de données d’observabilité et  $M$  échantillons de données de commandabilité. Nous pouvons définir les versions centrées sur les matrices  $\Phi$  et  $\Psi$  dans le feature space :

$$\tilde{\Phi} = \Phi - \mu_c 1_N^T \quad , \quad \tilde{\Psi} = \Psi - \mu_o 1_M^T \quad (3.19)$$

Puisque nous ne pouvons pas calculer  $\mu_c$  et  $\mu_o$  explicitement à partir des données , nous pouvons calculer  $\tilde{K}_{o,c} = \tilde{\Psi} \tilde{\Phi}^T$ , en remplaçant  $\mu_c := N^{-1} \Phi 1_N$  et  $\mu_o := M^{-1} \Psi 1_M$ , et nous obtenons :

$$\begin{aligned} \tilde{K}_{o,c} &= (\Phi - \mu_c 1_N^T)^T (\Psi - \mu_o 1_M^T) \\ &= K_{o,c} - \frac{1}{N} K_{o,c} 1_N 1_N^T - \frac{1}{M} 1_M 1_M^T K_{o,c} + \frac{1}{MN} 1_M 1_M^T K_{o,c} 1_N 1_N^T \end{aligned} \quad (3.20)$$

Nous aurons aussi besoin de la version centrée d'observabilité empirique en feature map.

$$k_o(x) := \Psi^T \Phi(x) = (K(x, d_1), \dots, K(x, d_M))^T \quad (3.21)$$

La version centrée d'observabilité empirique en feature map suit le même raisonnement du noyau de Hankel.

$$\begin{aligned} \tilde{k}_o(x) &= (\Phi - \mu_o 1_M^T)(\Phi(x) - \mu_c 1_M^T) \\ &= k_o(x) - \frac{1}{N} K_{o,c} 1_N - \frac{1}{M} 1_M 1_M^T K_o(x) + \frac{1}{MN} 1_M 1_M^T K_{o,c} 1_N \end{aligned} \quad (3.22)$$

Pour la suite nous considérons que les notations  $K_{o,c}$  et  $K_o(x)$  sont les versions centrées.

Avec les quantités définies ci-dessus, on peut co-diagonaliser les grammien empiriques (Réalisation équilibrée) et réduire la dimension des variables d'états (Troncature) dans le feature space où nous avons supposé que le système se comporte de façon linéaire, l'ordre du modèle peut être réduit en éliminant les petites valeurs singulières de Hankel  $\{\Sigma_{ii}\}_{i=q+1}^n$ .

La troncature équilibrée dans le feature space est définie d'après [6] de la façon suivante :

**Théorème 3.2.1.** [6] La troncature équilibrée dans le feature space peut être effectuée par l'application de la réduction de l'espace d'état  $\Pi : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^q$  qui est donnée par :

$$\Pi(x) = T_q^T k_o(x), \quad x \in \mathbb{R}^n \quad (3.23)$$

où  $T_q = V_q \Sigma_q^{-1/2}$  si  $K_{o,c} K_{o,c}^T = V \Sigma^2 V^T$ , et  $k_o(x)$  l'application empirique d'observabilité.

Nous pouvons démontrer l'équation(3.23) de la façon suivante :

Soit  $X = \Phi \Phi^T$  le grammien de commandabilité dans le feature space équivalent à l'équation (3.13), et soit  $Y = \Psi \Psi^T$  le grammien d'observabilité dans le feature space équivalent à l'équation (3.14).

Avec :  $\Phi$  la matrice dont les colonnes sont  $\{\Phi(x^j(x_i))\}$ ,  $i = 1 \dots N$ ,  $j = 1 \dots m$ , et  $\Psi$  la matrice dont les colonnes sont  $\{\Phi(d_j(t_i))\}$ ,  $i = 1 \dots N$ ,  $j = 1 \dots p$ . Par définition nous savons que :  $K(x, y) = \langle \Phi(x), \Phi(y) \rangle_F$ , nous avons aussi que  $K_o = \Psi^T \Psi$  et  $K_c = \Phi^T \Phi$ .

Nous réalisons maintenant la réalisation équilibrée (X,Y) dans le feature space RKHS. En premier on prend les SVD de  $X^{1/2}$  telle que :

$$U \Sigma V^T = X^{1/2} \Psi \quad (3.24)$$

maintenant nous allons calculer  $(U\Sigma V^T)(U\Sigma V^T)^T = (X^{1/2}\Psi)(X^{1/2}\Psi)^T$  et nous avons :

$$U\Sigma^2U^T = X^{1/2}YX^{1/2} \quad (3.25)$$

Enfin nous calculons  $(U\Sigma V^T)^T(U\Sigma V^T) = (X^{1/2}\Psi)^T(X^{1/2}\Psi)$

$$V\Sigma^2V^T = K_{o,c}K_{o,c}^T \quad (3.26)$$

La transformation linéaire de l'équation (3.25) est  $M = \Sigma^{1/2}U^T X^{-1/2}$  sachant que X est symétrique donc  $X^{1/2}$  l'est aussi. Pour les équations (3.24) et (3.26) on peut voir que  $U^T = \Sigma^{-1}V^T\Psi^T X^{1/2}$ .

Alors :

$$\begin{aligned} M &= \Sigma^{1/2}U^T X^{-1/2} \\ &= \Sigma^{1/2}\Sigma^{-1}V^T\Psi^T X^{1/2}X^{-1/2} \\ M &= \Sigma^{-1/2}V^T\Psi^T \end{aligned} \quad (3.27)$$

Notons que les racines carrées des valeurs propres non nulles de  $K_{o,c}K_{o,c}^T$  sont les valeurs singulières de Hankel du système représenté dans le feature space. On peut former la matrice  $V_q$  en prenant les meilleurs vecteurs propres de  $K_{o,c}K_{o,c}^T$  à partir de l'équation (3.26).

$$M_q\Phi(x) = \Sigma_q^{-1/2}V_q^T\Psi^T\Phi(x) = \Sigma_q^{-1/2}V_q^T k_o(x) \quad (3.28)$$

### 3.3 Système dynamique réduit

Compte tenu de la réduction non linéaire  $\Pi : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^q$ , nous devons maintenant construire un système dynamique sur un espace d'état réduit qui garde les caractéristiques entrée-sortie essentielles du modèle original.

On pose  $x_r = \Pi(x)$  et nous avons :

$$\dot{x}_r = (J_\Pi(x)f(x, u))|_{x=\Pi^\dagger(x_r)} \quad (3.29)$$

où  $\Pi^\dagger$  fait référence à l'inverse de  $\Pi$ , et  $J_\Pi$  est le jacobien de  $\Pi$ . L'approche consiste à approximer la dynamique  $f$  et la sortie  $h$  de RKHS défini dans l'espace d'état réduit. Il faut aussi approximer  $J_\Pi(\Pi^\dagger(x_r))$  avec la méthode des moindres carrés.

### 3.3.1 Représentation de la dynamique dans RKHS

Nous approximations  $f : \mathbb{R}^{n^*m} \rightarrow \mathbb{R}^n$  par une composition d'un ensemble de  $n$  régressions (une pour chaque coordonnée),  $\tilde{f}_i : \mathbb{R}^{q^*m} \rightarrow \mathbb{R}^n$  dans RKHS avec la réduction  $\Pi$ .

Soit  $\tilde{x} = \Pi(x_j) \in \mathbb{R}^q$ ,  $u_j \in \mathbb{R}^m$  de sorte que  $z_j = (\tilde{x}, u_j)$ . Nous allons chercher la fonction  $\tilde{f}_i \in \mathbb{H}$  qui minimise :

$$\sum_{j=1}^l (\tilde{f}_i(z_j) - f_i(x_j, u_j))^2 + \lambda_i \|\tilde{f}_i\|_H^2 \quad (3.30)$$

Où  $\lambda_i > 0$  est un paramètre de régularisation.  $f_i$  qui minimise (voir le théorème B.0.1), l'équation (3.30) est :

$$\tilde{f}_i(z) = \sum_{j=1}^l C_j^i K^f(z, z_j) \quad i = 1 \dots n \quad (3.31)$$

La preuve de cette minimisation se trouve dans [2].  $K^f$  définit le RKHS  $H_f$ . Ici le  $C_j^i$  comprend un ensemble de coefficients calculés en utilisant l'algorithme des moindres carrés régularisés, cette méthode est citée dans [12]. Pour simplifier la notation, nous allons définir plus précisément l'application vectorielle empirique dans le feature space :

$$k^f(\tilde{x}, u) := K^f((\tilde{x}, u), z_i) \quad i = 1 \dots l \quad (3.32)$$

Dans cette notation :

$$\tilde{f}_i(\Pi(x), u) = C_i^T k^f(\tilde{x}, u) \quad i = 1 \dots l \quad (3.33)$$

### 3.3.2 Approximation de la jacobienne $J_\Pi(\Pi^\dagger(x_r))$

Pour approximer la jacobienne  $J_\Pi(\Pi^\dagger(x_r))$ , nous devons calculer le développement de Taylor d'ordre faible de  $\Pi$  et obtenir l'approximation

$$\Pi(x) = \Pi(\alpha) + J_\Pi(x)(x - \alpha) \quad (3.34)$$

Et ensuite inverser à l'aide de la pseudo-inverse et obtenir :

$$\hat{\Pi}(x_r) = (J_\Pi(\alpha))^\dagger(x_r - \Pi(\alpha)) + \alpha \quad (3.35)$$

Nous pouvons calculer  $J_\Pi(x)$  sans aucune difficulté, puisque les noyaux les plus couramment utilisés sont différentiables.

$$J_{\Pi} = \frac{\partial \Pi}{\partial x} = T_q^T \left( I - \frac{1}{M} \mathbf{1}_M \mathbf{1}_M^T \right) \frac{\partial K_o(x)}{\partial x} \quad (3.36)$$

Le calcul  $\frac{\partial K_o(x)}{\partial x}$  est montré ci-dessous pour le cas d'un noyau polynomial de degré  $d$ .

$$\begin{aligned} K_d(x, y) &= (1 + \langle x, y \rangle)^d \\ &= (1 + x^T y)^d \end{aligned} \quad (3.37)$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial K_d(x, y)}{\partial x} &= d(K_{d-1}(x, y)) y^T \\ &= d(K_d(x, y))^{\frac{d-1}{d}} y^T \end{aligned} \quad (3.38)$$

Nous savons que  $K_d(x, y) = \langle \Phi(x), \Phi(y) \rangle_{\mathcal{H}}$  et  $x_r = \Pi(x) = M_q^T \Phi(x)$ .

Si  $\Pi$  était inversible alors nous aurions :

$$x = \Pi^{-1}(x_r) \Rightarrow K_d(x, y) = \langle \Phi(\Pi^{-1}(x_r)), \Phi(y) \rangle_{\mathcal{H}} = \langle (\Phi \circ \Pi^{-1})(x_r), \Phi(y) \rangle_{\mathcal{H}}$$

Cependant  $\Pi$  n'est pas injective, alors il est raisonnable de définir  $(\Phi \circ \Pi^{-1})(x_r)$  comme la solution d'un problème d'optimisation :

$$\min_{z \in \mathcal{H}} \|z\|_{\mathcal{H}} \quad (3.39)$$

$$\text{Subj.to} \quad \|M_q z - x_r\|_{\mathbb{R}^k} = 0$$

où  $M_q : \mathcal{H} \rightarrow \mathbb{R}^k$  est défini dans l'équation (3.28). La solution  $z$  de (3.39) est la pseudo inverse de Moore Penrose  $z^* = M_q^\dagger x_r$ . on insert cette solution sur le noyau dans le feature map :

$$\begin{aligned} K(\Pi^\dagger(x_r), y) &= \langle (\Phi \circ \Pi^\dagger)(x_r), \Phi(y) \rangle_{\mathcal{H}} \\ &= \langle M_q^\dagger x_r, \Phi(y) \rangle_{\mathcal{H}} \\ &= \langle x_r, (M_q^T)^\dagger \Phi(y) \rangle \\ &= \langle x_r, (M_q M_q^T)^{-1} M_q \Phi(y) \rangle \\ &= \langle x_r, \Sigma^{-1/2} V_q^T \Psi^T \Psi V_q \Sigma^{-T/2} \Pi(y) \rangle \\ &= \langle x_r, (T_q^T K_o T_q)^{-1} \Pi(y) \rangle \end{aligned} \quad (3.40)$$

Au final nous avons la dérivée du noyau polynomial de degré  $d$  :  $K_d(x, y) = (1 + \langle x, y \rangle)^d$  :

$$\left. \frac{\partial K_d(x, y)}{\partial x} \right|_{x=\Pi^\dagger(x_r)} = d \langle x_r, (T_q^T K_o T_q)^{-1} \Pi(y) \rangle^{\frac{d-1}{d}} y^T \quad (3.41)$$

### 3.3.3 Sortie du système réduit

Pour calculer la sortie du système réduit, nous allons procéder de la même manière présentée dans l'approximation de  $\tilde{f}(\Pi(x), u)$ . Etant donné un ensemble d'échantillons  $\{\Pi(x_j), y_j\}_{j=1}^l$ , chaque coordonnées de la fonction  $(\hat{h})_{i=1}^p$  est donnée sous la forme :

$$\hat{h}_i(\Pi(x)) = \sum_{j=1}^l b_j^i K^h(\Pi(x), \Pi(x_j)) \quad i = 1 \dots n \quad (3.42)$$

### 3.3.4 Système Dynamique Réduit

Etant donnée l'estimation de  $\tilde{f}(\Pi(x), u)$  de  $f(x, u)$  dans RKHS  $\mathcal{H}_f$  et  $J(\Pi^\dagger(x_r))$  vue ci dessus, Nous pouvons obtenir :

$$\begin{aligned} \dot{x}_r &= (J_\pi(x)\tilde{f}(\Pi(x), u))\Big|_{x=\Pi^\dagger(x_r)} \\ &= (J_\pi(x))\Big|_{x=\Pi^\dagger(x_r)} C^T k^f(x_r, u) \\ &= T_q^T J_k(\Pi^\dagger(x_r)) C^T k^f(x_r, u) \end{aligned} \quad (3.43)$$

Nous obtenons un système dynamique réduit :

$$\begin{cases} \dot{x}_r &= T_q^T J_k(\Pi^\dagger(x_r)) C^T k^f(x_r, u) \\ \hat{y} &= \hat{h}(x_r) \end{cases} \quad (3.44)$$

où  $C$  est la matrice avec les vecteurs lignes  $c_i$  et  $J_k$  la jacobienne d'observabilité empirique en feature map définie dans l'équation (3.21)

## 3.4 Réduction du modèle ADM1 par la méthode non linéaire

Dans cette section, nous avons voulu utiliser la méthode de réduction présentée ci-dessus pour réduire le modèle ADM1.

Le modèle ADM1 est un système non linéaire de la forme (3.1)



Il admet un point d'équilibre présenté dans le tableau(A.5). Cette méthode de réduction est appliquée sous certaines conditions que nous devons vérifier En premier nous devons avoir  $f(0, 0) = 0$ ,  $h(0) = 0$

le point d'équilibre du modèle ADM1 n'est pas à l'origine, alors nous avons fait le changement de coordonnées

$$\begin{aligned}\tilde{x} &= x - x_{eq} \\ \tilde{u} &= u - u_{eq}\end{aligned}\tag{3.45}$$

Avec  $x_{eq}$  et  $u_{eq}$  représentant l'état d'équilibre du modèle. Nous allons remplacer le  $x$  dans toutes les équations du modèle ADM1 par  $\tilde{x} + x_{eq}$  et remplacer  $u$  par  $\tilde{u} + u_{eq}$ . Ce changement de coordonnées vérifie la condition  $f(0, 0) = 0$ .

La sortie du modèle  $y = h(x) = Q_{gaz}$  (équation (1.15)) ne vérifie pas  $h(0) = 0$ , nous avons  $h(0) = a$  ( $a$  est une constante non nulle). Alors nous avons défini une nouvelle sortie  $\tilde{h}(x) = h(x) - a$ .

Le modèle ADM1 s'écrit alors de la forme suivante

$$\begin{cases} \dot{\tilde{x}} = \dot{x} = f(\tilde{x} + x_{eq}, \tilde{u} + u_{eq}) \\ y = \tilde{h}(x) = h(x) - a \end{cases}\tag{3.46}$$

Étant donnée la complexité et la rigidité du modèle ADM1, la simulation d'un tel système est difficile et demande un support informatique puissant. Nous n'avons pas pu réaliser cette méthode de réduction sur le modèle ADM1, à cause de sa complexité, des problèmes numériques restent à régler nous espérons effectuer cette réduction dans l'avenir.

### 3.5 Exemples de réduction de systèmes non linéaires

N'ayant pas réussi à appliquer la méthode présentée sur le modèle ADM1, nous nous proposons de vérifier son applicabilité sur des exemples plus simples.

### 3.5.1 Exemple 1

On considère le système non linéaire de dimension 3 à une seule entrée et une seule sortie.

$$\begin{aligned}
 \dot{x}_1 &= -2x_1 + x_1^2 x_2 - u \\
 \dot{x}_2 &= -x_2 - 2x_3 + 6x_1 x_2^2 \\
 \dot{x}_3 &= -2x_1 - x_1 - 3x_3 + u \\
 y &= -2x_1 + x_2
 \end{aligned} \tag{3.47}$$

Le système (3.47) admet un point d'équilibre à l'origine. La linéarisation de ce système

nous donne

$$A = \begin{pmatrix} -2 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & -2 \\ -2 & -1 & -3 \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} -1 \\ 0 \\ 1 \end{pmatrix}$$

$$C = (-2 \quad 1 \quad 0)$$

(A, B) est commandable, (A,C) est observable et A est stable. Nous avons aussi  $f(0, 0) = 0$  et  $y = h(0) = 0$ .

La réduction du modèle (3.47) a été effectuée ci-dessous :

800 échantillons espacés de manière égale dans un intervalle de temps  $[0, 1000s]$  ont été échantillonnés pour trouver Le noyau de Hankel  $K_{o,c}$ , calculé à partir d'un noyau polynomial de degrés 3,  $K(x, y) = (1 + \langle x, y \rangle)^3$ .

Ainsi la réduction  $\Pi$  a été définie en prenant les meilleures valeurs singulières de Hankel. Si nous prenons les six premières valeurs singulières de Hankel dans le feature space pour les systèmes (3.47).

$$H_3 = \begin{bmatrix} 1.9480 \\ 2.332 \cdot 10^{-2} \\ 2.334 \cdot 10^{-7} \\ -3.698 \cdot 10^{-17} \\ 1.1109 \cdot 10^{-17} \\ -3.950 \cdot 10^{-18} \end{bmatrix}$$

De là nous avons pris les états qui influencent le plus sur le comportement entrées-sorties. Nous avons réduit le système (3.47) à un état.

Etant donné la variable d'état réduite  $x_r = \Pi(x)$  nous allons construire un système dynamique réduit de la forme (3.44). Nous devons estimer la dynamique  $\tilde{f}_i(\Pi(x), u)$  et la sortie  $\hat{y}$ .

Pour estimer la dynamique  $\tilde{f}_i(\Pi(x), u)$ , nous avons choisi la commande sous forme d'une onde carré de  $10Hz$ ,  $u = square(2.\pi.10.t)$  et 1000 échantillons dans un intervalle de  $[0, 5s]$ . Le  $k^f(\tilde{x}, u)$  est calculé en prenant un noyau polynomial de degrés 3. L'ensemble des coefficients  $C_i$  sont estimés en utilisant l'algorithme des moindres carré régularisé RLS [11]

la sortie  $\hat{y} = \hat{h}_i(\Pi(x))$  est estimé de la même manière qu'on a estimé  $\tilde{f}_i(\Pi(x), u)$ . la commande a été choisie de la forme d'une onde carré de  $10Hz$ ,  $u = 2square(2\pi 10t)$  et 700 échantillons dans un intervalle de  $[0, 5s]$ . Pour calculer  $K^h(\Pi(x), \Pi(x_j))$  nous avons pris cette fois-ci un noyau gaussien  $K(x, y) = e^{-\frac{\|x-y\|^2}{\sigma^2}}$  pour montrer que la méthode ne repose pas sur le type du noyau. Nous avons aussi utilisé l'algorithme des moindres carré régularisé RLS, pour estimer  $b_j^i$ .

En final nous pouvons simuler le système dynamique réduit, nous avons pris 300 échantillons sur un intervalle de  $[0, 2s]$  avec la commande  $u(t) = 0.25(sin(2\pi 3t) + square(2\pi 5t - \pi/2))$ . Cette commande est simulée en haut des figures (3.1).

La simulation de la sortie  $\hat{y}(t)$  du système dynamique réduit est similaire à la sortie  $y(t)$  du système original comme nous pouvons le voir sur la figure (3.1).

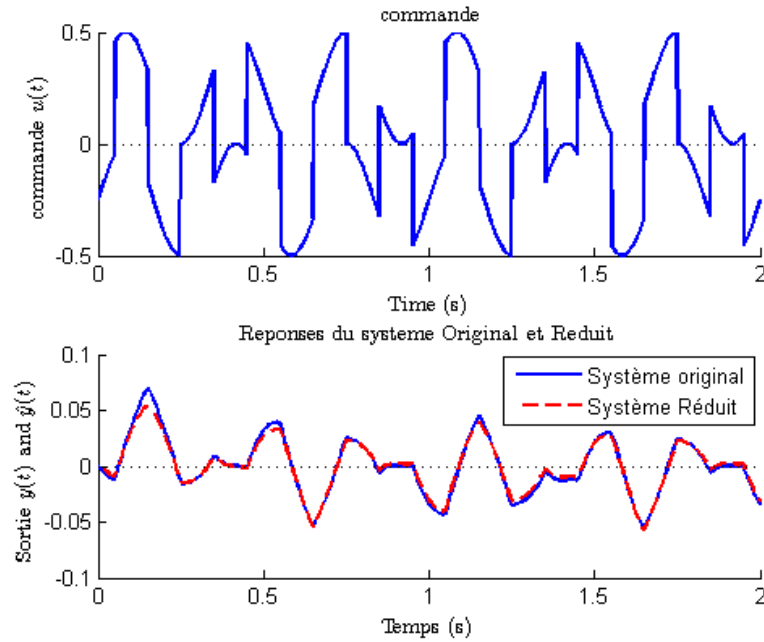


FIGURE 3.1 – Réponses du système Original (3D) et Réduit

### 3.5.2 Exemple 2

Nous allons prendre un système non linéaire d'ordre 4 avec une seule entrée et une seule sortie.

$$\begin{aligned}
 \dot{x}_1 &= -2x_1 - x_3 - x_4 + x_1^2 x_2 - u \\
 \dot{x}_2 &= -2x_1 - x_2 + 5x_1 x_2^2 \\
 \dot{x}_3 &= x_1 - x_2 - x_4 \\
 \dot{x}_4 &= -2x_1 - 2x_2 - x_3 - 4x_4 + x_4^3 + u \\
 y &= -x_1 + x_3
 \end{aligned} \tag{3.48}$$

Le système (3.48) admet un point d'équilibre à l'origine. La linéarisation de ce système nous donne

$$A = \begin{pmatrix} -2 & 0 & -1 & -1 \\ -2 & -1 & 0 & 0 \\ 1 & -1 & 0 & -1 \\ -2 & -3 & -1 & -4 \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} -1 \\ 0 \\ 0 \\ 1 \end{pmatrix}$$

$$C = (-1 \ 0 \ 1 \ 0)$$

$(A, B)$  est commandable,  $(A, C)$  est observable et  $A$  est stable. Nous avons aussi  $f(0, 0) = 0$  et  $y = h(0) = 0$ .

La réduction du modèle (3.48) a été effectuée comme la réduction du système (3.47).

les six premières valeurs singulières de Hankel dans le feature space pour le système (3.48).

$$H_4 = \begin{bmatrix} 25.029 \\ 1.0188 \\ 4.7676 \cdot 10^{-2} \\ 1.9220 \cdot 10^{-3} \\ 7.2873 \cdot 10^{-4} \\ 1.4900 \cdot 10^{-6} \end{bmatrix}.$$

les deux premières valeurs singulières sont les plus influentes. Ainsi nous avons réduit le système (3.48) à deux états.

La simulation de la sortie  $\hat{y}(t)$  du système dynamique réduit est similaire à la sortie  $y(t)$  du système original comme montré sur la figure (3.2).

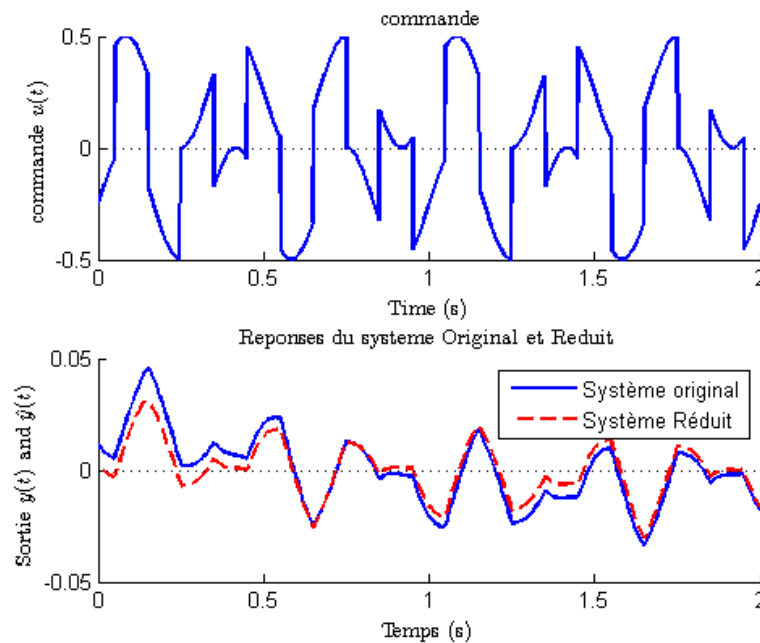


FIGURE 3.2 – Réponses du système Original (4D) et Réduit

### 3.5.3 Exemple 3

Nous considérons un système non linéaire d'ordre 5 avec une seule entrée et une seule sortie.

$$\begin{aligned}
 \dot{x}_1 &= -2x_1 + x_2 - x_4 - x_5 + 3x_1^2x_2 + u \\
 \dot{x}_2 &= -2x_1 - x_3 - x_5 \\
 \dot{x}_3 &= -x_1 - x_2 - 2x_3 - x_4 - x_5^3 - u \\
 \dot{x}_4 &= x_1 - x_2 - 2x_3 + 3x_5 - x_4^4 - u \\
 \dot{x}_5 &= -2x_1 - 3x_2 - x_3 - 4x_4 - x_5 + x_3^2x_4^3 + u \\
 y &= x_1 - 2x_3 + x_5
 \end{aligned} \tag{3.49}$$

La linéarisation du modèle (3.49) est réalisée autour du point d'équilibre

$$A = \begin{pmatrix} -2 & 1 & 0 & -1 & -1 \\ -2 & 0 & -1 & 0 & -1 \\ 1 & -1 & -2 & -1 & 0 \\ -1 & -1 & -2 & 0 & 3 \\ -2 & -3 & -1 & -4 & -1 \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} -1 \\ 0 \\ 0 \\ -1 \\ 1 \end{pmatrix}$$

$$C = (1 \quad 0 \quad -2 \quad 0 \quad 0 \quad 1)$$

Le système (3.49) est stable, (A, B) sont commandables et (A, C) sont Observables. Nous avons aussi  $f(0, 0) = 0$  et  $y = h(0) = 0$ .

Ainsi la réduction  $\Pi$  a été définie en prenant les meilleures valeurs singulières de Hankel. Si nous prenons les six premières valeurs singulières de Hankel dans le feature space pour le système (3.49).

$$H_5 = \begin{bmatrix} 62.463 \\ 4.744 \\ 1.0729 \\ 3.0104 \cdot 10^{-1} \\ 5.4815 \cdot 10^{-2} \\ 1.36700 \cdot 10^{-4} \end{bmatrix}$$

Nous avons réduit le système (3.49) à deux états, en prenant les états qui influence le plus sur le comportement entrée-sortie.

la figure (3.3) affiche la simulation de la sortie  $\hat{y}(t)$  du système dynamique réduit avec

la sortie  $y(t)$  du système original, nous remarquons que comme les systèmes précédents les trajectoires sont très similaires.

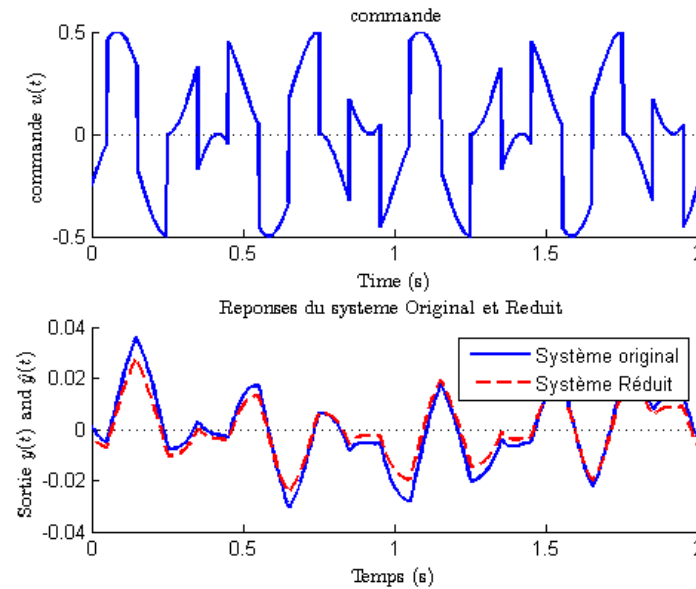


FIGURE 3.3 – Réponses du système Original (5D) et Réduit

## 3.6 Conclusion

Ce chapitre était consacré à la présentation d'une nouvelle approche de réduction de modèle pour les systèmes non linéaires. L'objectif était d'appliquer cette méthode sur le modèle ADM1, puisque nous avons été confrontés à des problèmes numériques, la réduction n'a pas pu être réalisée sur le modèle ADM1. Alors nous avons pris trois systèmes non linéaires sur lesquels nous avons appliqué la réduction. Le résultat était très satisfaisant et nous avons vu que le comportement entrée-sortie essentiel du système original est préservé.

# Conclusion Générale

Dans ce travail, nous avons présenté le modèle No.1 de la digestion anaérobie et constaté que ce modèle regroupe plusieurs variables et beaucoup de paramètres qui restent difficiles à mesurer. Notre objectif était d'appliquer des méthodes de réduction pour simplifier et réduire la complexité du modèle ADM1.

Deux méthodes ont été présentées et appliquées sur le modèle ADM1 :

La première méthode proposée sur le modèle ADM1 est la troncature équilibrée linéaire, pour appliquer cette approche, nous avons linéarisé le modèle ADM1 autour du point d'équilibre. Ensuite nous avons effectuée la réalisation équilibrée et d'après les valeurs singulières de Hankel, la troncature est réalisée en supprimant les états qui ne contribuent pas énormément au comportement entrée-sortie. Cette méthode nous a permis de réduire le modèle ADM1 à quatre variables d'état, tout en préservant ses caractéristiques essentielles.

La seconde méthode de réduction présentée est une nouvelle approche de réduction pour les systèmes non linéaires. Cette approche consiste à supposer que le système non linéaire se comporte linéairement lorsqu'il est plongé dans un feature space, où la troncature équilibrée peut être effectuée, cela conduit à une application non linéaire dans un espace de Hilbert à noyaux reproduisants. Nous allons approximer la dynamique et la sortie du système réduit sur cet espace, pour donner un système dynamique de dimension plus faible qui garde les caractéristiques entrée-sortie essentielles du modèle original. Cependant cette méthode n'a pas pu être appliquée au modèle ADM1 en raison des problèmes numériques. Afin de vérifier l'applicabilité de la méthode, nous avons alors pris trois systèmes non linéaires et nous avons appliqué la réduction, Les résultats sont très satisfaisants et les propriétés entrée-sortie ont été maintenues.



# Annexe A

## Compléments de modélisation

### Stoechiométrie de $S_{ic}$ et $S_{in}$

$$v_{10,j} = \sum_{k=1}^{12} s_k \rho_k + s_{13}(\rho_{13} + \rho_{14} + \rho_{15} + \rho_{16} + \rho_{17} + \rho_{18} + \rho_{19})$$

où :

$$s_1 = -C_{xc} + f_{si,xc}C_{ch} + f_{pr,xc}C_{pr} + f_{li,xc}C_{li} + f_{xI,xc}C_{xI}$$

$$s_2 = -C_{ch} + C_{su}$$

$$s_3 = -C_{pr} + C_{aa}$$

$$s_4 = -C_{li} + (1 - f_{fa,li})C_{su} + f_{fa,li}C_{fa}$$

$$s_5 = -C_{su} + (1 - Y_{su})(f_{bu,su}C_{bu} + f_{pro,su}C_{pro} + f_{ac,su}C_{ac}) + Y_{su}C_{bac}$$

$$s_6 = -C_{aa} + (1 - Y_{aa})(f_{va,aa}C_{va} + f_{bu,aa}C_{bu} + f_{pro,aa}C_{pro} + f_{ac,aa}C_{ac}) + Y_{aa}C_{bac}$$

$$s_7 = -C_{fa} + (1 - Y_{fa})0.7C_{ac} + Y_{fa}C_{bac}$$

$$s_8 = -C_{va} + (1 - Y_{c4})0.54C_{pro} + (1 - Y_{c4})0.31C_{ac} + Y_{c4}C_{bac}$$

$$s_9 = -C_{bu} + (1 - Y_{c4})0.8C_{ac} + Y_{c4}C_{bac}$$

$$s_{10} = -C_{pro} + (1 - Y_{pro})0.57C_{ac} + Y_{pro}C_{bac}$$

$$s_{11} = -C_{ac} + (1 - Y_{ac})C_{CH_4} + Y_{ac}C_{bac}$$

$$s_{12} = (1 - Y_{H_2})C_{CH_4} + Y_{H_2}C_{bac}$$

$$\begin{aligned}
v_{11,j} = & -Y_{su}N_{bac}\rho_5 + (N_{aa} - Y_{aa}N_{bac})\rho_6 + Y_{fa}N_{bac}\rho_7 + Y_{c4}N_{bac}\rho_8 + Y_{fa}N_{bac}\rho_9 \\
& + Y_{pro}N_{bac}\rho_{10} + Y_{ac}N_{bac}\rho_{11} + Y_{h2}N_{bac}\rho_{12} + (N_{bac} - N_{xc}) \sum_{i=13}^{19} \rho_i \\
& + (N_{xc} - f_{xI,xc}N_I - f_{sI,xc}N_I - f_{pr,xc}N_a)\rho_{13}.
\end{aligned}$$

TABLE B.1: Liquid phase yield coefficients ( $v_{ij}$ ) and rate equation (PJ) for liquid -gas reactions.

Component $\rightarrow$	i	8	9	10	Rate
j	Process $\downarrow$	Sh2	Sch4	Sic	
T8	H2 Transfer	-1			$kLa(16.KH,H2 P_{gasH2-Sliq,H2})$
T9	CH4 Transfer		-1		$kLa(64.KH,ch4 P_{gasCH4-Sliq,CH4})$
T10	Co2 Transfer			-1	$kLa(KH,CO2 P_{gasCO2-Sliq,CO2})$

FIGURE A.1 – Taux de transfert des composés gazeux(Batstone et al(2002))

TABLE 3.1: Rate coefficients ( $v_{ij}$ ) and kinetic rate equations ( $p_j$ ) for acid- base reaction in a DE implementation of the ADM1.

Component $\rightarrow$	i	4a	4b	5a	5b	6a	6b	7a	7b	10a	10b	11a	11b	$Rate\rho_j(kgCODm^{-3}.d^{-1})$
j	Process $\downarrow$	Shva	Sva-	Shbu	Sbu-	Shpro	Spro-	Shac	Sac-	Sco2	Shco3	Shnh4	Shnh3	
A4	Valerate Acid-Base	1	-1											$kA / Bva (Sva- .SH+ - Ka,vaShva)$
A5	Butyrate Acid-Base			1	-1									$kA / Bbu (Sbu- .SH+ - Ka,buShbu)$
A6	Propionate Acid-Base					1	-1							$kA / Bpro(Spro- .SH+ - Ka,proShpro)$
A7	Acetate Acid-Base							1	-1					$kA / Bac(Sac- .SH+ - Ka,acShac)$
A10	Inorganic Carbon Acid-Base									1	-1			$kA / Bco2(Shco3- .SH+ - Ka,co2Sco2)$
A11	Inorganic Nitrogen Acid-Base											1	-1	$kA / Bco2(SNH3- .SH+ - Ka,INSN4+)$

FIGURE A.2 – Réaction acide-base(Batstone et al(2002))

Utilisons le valerate par exemple, le taux du processus  $A_4$  est :

$$K_{A,Bva}(S_{va-} - S_{H+} - K_{a,va}S_{h,va})$$

on remplace  $S_{hva}$  par  $(S_{va} - S_{va-})$  et on aura :

$$K_{A,Bva}(S_{va-}(S_{H+} + K_{a,va}) - K_{a,va}S_{va})$$

TABLE 3.2: Biochemical rate coefficients ( $\mu_i$ ) and kinetic rate equations ( $p_j$ ) for particulate component ( $i=13-24, j=1-19$ )

Component	i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Rate kg cod m <sup>-3</sup> .d <sup>-1</sup> )
Process		Ssu	Saa	Sfa	Sva	Ssu	Spro	Sac	Sh2	Sen4	Sec	Shn	Si	
1 Desintegration														$K_{des} X_c$
2 Hydrolysis carbohydrates		1												$K_{hyd} X_c$
3 Hydrolysis of Proteins			1											$K_{hyd} X_c$
4 Hydrolysis of Lipids		1-f <sub>su</sub>		f <sub>su</sub>										$K_{hyd} X_c$
5 Uptake of Sugar		-1				(1-Y <sub>su</sub> )f <sub>su, su</sub>	(1-Y <sub>su</sub> )f <sub>pro, su</sub>	(1-Y <sub>su</sub> )f <sub>ac, su</sub>	(1-Y <sub>su</sub> )f <sub>n2, su</sub>					$K_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_{su} f_i$
6 Uptake of Aminos Acids			-1		(1-Y <sub>aa</sub> )f <sub>aa, aa</sub>	(1-Y <sub>aa</sub> )f <sub>su, aa</sub>	(1-Y <sub>aa</sub> )f <sub>pro, aa</sub>	(1-Y <sub>aa</sub> )f <sub>ac, aa</sub>	(1-Y <sub>aa</sub> )f <sub>n2, aa</sub>					$K_{aa} \frac{S_{aa}}{K_s + S_{aa}} X_{aa} f_i$
7 Uptake of LCFA				-1				(1-Y <sub>lc</sub> )0.7	(1-Y <sub>lc</sub> )0.3					$K_{lc} \frac{S_{lc}}{K_s + S_{lc}} X_{lc} f_i$
8 Uptake of Valerate					-1		(1-Y <sub>vd</sub> )0.54	(1-Y <sub>vd</sub> )0.31	(1-Y <sub>vd</sub> )0.15					$K_{vd} \frac{S_{vd}}{K_s + S_{vd}} X_{vd} f_i$
9 Uptake of Butyrate						-1		(1-Y <sub>bd</sub> )0.8	(1-Y <sub>bd</sub> )0.2					$K_{bd} \frac{S_{bd}}{K_s + S_{bd}} X_{bd} f_i$
10 Uptake of Propionate							-1	(1-Y <sub>pd</sub> )0.57	(1-Y <sub>pd</sub> )0.43					$K_{pd} \frac{S_{pd}}{K_s + S_{pd}} X_{pd} f_i$
11 Uptake of Acetate								-1						$K_{ac} \frac{S_{ac}}{K_s + S_{ac}} X_{ac} f_i$
12 Uptake of Hydrogen									-1					$K_{h2} \frac{S_{h2}}{K_s + S_{h2}} X_{h2} f_i$
13 Decay of Xsu														$K_{dec} X_{su} X_{su}$
14 Decay of Xaa														$K_{dec} X_{aa} X_{aa}$
15 Decay of Xfa														$K_{dec} X_{fa} X_{fa}$
16 Decay of Xva														$K_{dec} X_{va} X_{va}$
17 Decay of Xpro														$K_{dec} X_{pro} X_{pro}$
18 Decay of Xac														$K_{dec} X_{ac} X_{ac}$
19 Decay of Xn2														$K_{dec} X_{n2} X_{n2}$
		Monosaccharides (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Amino Acids (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Long chain fatty acids (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Total valerate (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Total butyrate (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Total propionate (kg COD-m <sup>-3</sup> )	total acetate (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Hydrogen gas (kg COD-m <sup>-3</sup> )	methane gas (kg COD-m <sup>-3</sup> )	inorganic carbon (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Inorganic nitrogen (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Soluble inerts (kg COD-m <sup>-3</sup> )	Inhibition factors(3,7) :
														1= $\frac{1}{1+I_{su}}$ I <sub>su</sub> /I <sub>m</sub> 12= $\frac{1}{1+I_{h2}}$ I <sub>h2</sub> /I <sub>m</sub> 13= $\frac{1}{1+I_{su}+I_{h2}+I_{n2}+I_{ac}}$

FIGURE A.3 – Processus et taux des composés solubles(Batstone et al(2002))

TABLE 3.2: Biochemical rate coefficients ( $\mu_i$ ) and kinetic rate equations ( $\rho_j$ ) for particulate component ( $i=13-24, j=1-19$ )

Component	$i$	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	Rate kg cod m <sup>-3</sup> .d <sup>-1</sup> )
Process		$X_c$	$X_{ch}$	$X_{pr}$	$X_{li}$	$X_{su}$	$X_{aa}$	$X_{rs}$	$X_{cd}$	$X_{pro}$	$X_{ac}$	$X_{h2}$	$X_i$	$k_{dec} X_c$
1 Desintegration		-1	$f_{dec}$	$f_{pr}$	$f_{li}$								$f_{li}$	$k_{dec} X_c$
2 Hydrolysis carbohydrates			-1											$k_{hyd} X_{ch} X_c$
3 Hydrolysis of Proteins				-1										$k_{hyd} X_{pr} X_c$
4 Hydrolysis of Lipids					-1									$k_{hyd} X_{li} X_c$
5 Uptake of Sugar						$Y_{su}$								$k_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_c f_i$
6 Uptake of Aminos Acids							$Y_{aa}$							$k_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_c f_i$
7 Uptake of LCFA								$Y_{rs}$						$k_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_c f_i$
8 Uptake of Valerate									$Y_{cd}$					$k_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_c f_i$
9 Uptake of Butyrate									$Y_{cd}$					$k_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_c f_i$
10 Uptake of Propionate										$Y_{pro}$				$k_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_c f_i$
11 Uptake of Acetate											$Y_{ac}$			$k_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_c f_i$
12 Uptake of Hydrogen												$Y_{h2}$		$k_{su} \frac{S_{su}}{K_s + S_{su}} X_c f_i$
13 Decay of $X_{su}$		1				-1								$k_{dec} X_{su} X_c$
14 Decay of $X_{aa}$		1					-1							$k_{dec} X_{aa} X_c$
15 Decay of $X_{rs}$		1						-1						$k_{dec} X_{rs} X_c$
16 Decay of $X_{cd}$		1							-1					$k_{dec} X_{cd} X_c$
17 Decay of $X_{pro}$		1								-1				$k_{dec} X_{pro} X_c$
18 Decay of $X_{ac}$		1									-1			$k_{dec} X_{ac} X_c$
19 Decay of $X_{h2}$		1										-1		$k_{dec} X_{h2} X_c$

Inhibition factors(3,7) :

$$I_1 = I_{aa} I_{h2} I_{rs}$$

$$I_2 = I_{su} I_{h2} I_{rs} I_{cd}$$

$$I_3 = I_{su} I_{h2} I_{rs} I_{cd} I_{pro} I_{ac}$$

FIGURE A.4 – Processus et taux des composés particulaires(Batstone et al(2002))

i	Composés	Description	i	Composés	Description
1	$S_{su}$	0.011954829	13	$X_c$	0.3086976637
2	$S_{aa}$	0.005314740	14	$X_{ch}$	0.0279472404
3	$S_{fa}$	0.0986214009	15	$X_{pr}$	0.1025741061
4	$S_{va}$	0.011625006	16	$X_{li}$	0.0294830497
5	$S_{bu}$	0.0132507296	17	$X_{su}$	0.4201659824
6	$S_{pro}$	0.015783666	18	$X_{aa}$	1.1791717989
7	$S_{ac}$	0.197629716	8	$S_{h2}$	0.0000002359
19	$X_{fa}$	0.2430353447	9	$S_{ch4}$	0.0550887764
20	$X_{c4}$	0.4319211056	21	$X_{pro}$	0.1373059089
10	$S_{ic}$	0.1526778706	22	$X_{ac}$	0.7605626583
11	$S_{in}$	0.1302298158	23	$X_{aa}$	0.3170229533
12	$S_i$	0.3286976637	24	$X_i$	25.6173953274
25	$S_{cat}$	0.040	26	$S_{an}$	0.020
27	$S_{va}^-$	0.0115962470726	28	$S_{bu}^-$	0.0132208262485
29	$S_{pro}^-$	0.0157427831916	30	$S_{ac}^-$	0.1972411554365
31	$S_{hco3}^-$	0.1427774793921	32	$S_{nh3}$	0.0040909284584
33	$S_{gh2}$	0.0000102410356	34	$S_{gch4}$	1.6256072099814
35	$S_{gco2}$	0.0141505346784			

FIGURE A.5 – Point d'équilibre

Description	Forme d'inhibition	Pour le taux de processus $\rho_j$
Inhibition empirique par le pH	$I_{pH} = \exp\left\{-3\left(\frac{pH - pH_{UL}}{pH_{UL} - pH_{LL}}\right)^2\right\},$ si le $pH < pH_{UL}$ ; et $I_{pH} = 1, \text{ si le } pH > pH_{UL}$	Tous les processus de consommation de substrat $\forall j = 5 - 12$
Inhibition de la croissance due à l'insuffisance en azote inorganique	$I_{NH,lim} = \frac{1}{1 + K_{I,IN}/S_{I,IN}}$	Tous les processus de consommation de substrat $\forall j = 5 - 12$
Inhibition non-compétitive par l' $H_2$	$I_{h2} = \frac{1}{1 + S_{I,h2}/K_{I,h2}}$	Processus acidogène $\forall j = 7 - 10$
Inhibition compétitive non-par l'ammoniaque	$I_{nh3} = \frac{1}{1 + S_{I,NH3}/K_{I,NH3}}$	Processus consommation d'acétate, $j = 11$

FIGURE A.6 – Inhibition

# Annexe B

## Outils mathématiques

### Analyse par composantes principales(PCA)

L'idée centrale de l'analyse par composantes principales est de réduire la dimensionnalité d'un ensemble de données composé d'un grand nombre de variables, tout en conservant autant que possible la variation présente entre eux.

#### – Principe

Pour  $n$  individus observés sur  $p$  variables quantitatives. L'ACP permet d'explorer les liaisons entre les variables et la ressemblance entre les individus. L'objectif est de chercher une représentation des  $n$  individus, dans un sous espace  $F_k$  de  $\mathbb{R}^p$  de dimension  $k$ . Autrement dit on cherche à définir  $k$  nouvelles variables de combinaison linéaire des  $p$  variables initiales qui feront perdre le moins d'information possible. Ces variables seront appelées "Composantes principales"

#### – Les données

L'analyse en composantes principales s'applique à un tableau de  $n$  lignes et  $p$  colonnes, que l'on stocke sous la forme d'une matrice  $X$  de taille  $n * p$ .

Chaque ligne  $(x_i^1 \dots x_i^p)$  de  $X$  représente les valeurs prises par l'individu  $i$  sur les  $p$  variables. Chaque colonne  $(x_i^j \dots x_n^j)$  de  $X$  représente les valeurs de la variable  $j$  pour les  $n$  individus.

#### – Méthode

On cherche des combinaisons linéaires des variables appelées composantes principales. Tout d'abord, il faut noter que le centrage des variables d'un tableau doit être considéré en ACP (on retranche à chaque observation la moyenne de la variable correspondante). En effet il est plus commode de travailler avec des données centrées, les expressions manipulées sont plus simples à écrire.

Considérons un ensemble d'observation  $x_i \in R^n, i = 1 \dots m$  centrée  $\sum_{i=1}^m x_i = 0$ . ACP trouve les axes principaux en diagonalisant la matrice de covariance :

$$C = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m x_j x_j^T \quad (\text{B.1})$$

C est définie positive et peut être diagonalisée avec des valeurs propres non négatives  $\lambda \geq 0$ . pour cela on résout le problème suivant :

$$\lambda v = C v \quad (\text{B.2})$$

S'il existe un  $\lambda_k \gg \lambda_{k+1}$  alors les composantes principales correspondantes aux plus grandes valeurs propres sont  $\{v_1, \dots, v_k\}$

## Espace de Hilbert

**Définition 2.** : soit H un espace vectoriel réel ou complexe, on appelle produit scalaire sur H notée  $\langle x, y \rangle$  des vecteurs  $x, y \in \mathcal{H}$  s'il vérifie :

1. la linéarité par rapport à une variable
2. La symétrie

$$\begin{aligned} \langle x, y \rangle &= \langle y, x \rangle && \text{si l'espace est réel} \\ \langle x, y \rangle &= \overline{\langle y, x \rangle} && \text{si l'espace est complexe} \end{aligned}$$

3. pour tout  $x \in \mathcal{H}$ , on a :  $\langle x, x \rangle \geq 0$  et  $\langle x, x \rangle = 0$  si et seulement  $x = 0$

**Définition 3.** : Si l'espace  $\mathcal{H}$  est muni d'un produit scalaire, on dit que c'est un espace préhilbertien

**Propriété 1.** : Puisque  $\langle x, x \rangle \geq 0$  on peut poser  $\|x\| = \sqrt{\langle x, x \rangle}$ , cette expression définit une norme sur H appelée norme Hilbertienne

**Définition 4.** : Un espace de Hilbert est un espace préhilbertien complet, pour sa norme Hilbertienne

Voici quelques exemples d'espaces de Hilbert :

- Un espace Euclidien  $\mathbb{R}^n$  de dimension finie muni d'un produit scalaire est un espace de Hilbert.
- un espace Hermitien  $\mathbb{C}^n$  de dimension finie muni d'un produit Hermitien est un espace de Hilbert.
- L'espace  $L^2(X)$  muni d'un produit scalaire  $\langle f, g \rangle = \int_X f(x)\overline{g(x)}dx$  est un espace de Hilbert.

## Espace de Hilbert à noyaux reproduisant

**Définition 5.** : Soit  $\mathcal{H}$  un espace de Hilbert sur un ensemble  $\mathcal{X}$ . Notons  $\langle f, g \rangle$  le produit scalaire dans  $\mathcal{H}$  et soit :  $\|f\| = \langle f, f \rangle^{1/2}$  la norme dans  $\mathcal{H}$ , pour  $f$  et  $g \in \mathcal{H}$ .  $\mathcal{H}$  est appelée un espace de Hilbert à noyau reproduisant (RKHS) s'il existe un  $K : \mathcal{X} \times \mathcal{X} \rightarrow \mathbb{R}$  de sorte que

1.  $K$  a la propriété de reproduction c-à-d :  $\forall f \in \mathcal{H}, f(x) = \langle f(\cdot), K(\cdot, x) \rangle$ .
2.  $K(\cdot, x) \in \mathcal{H}$  pour tout  $x \in \mathcal{X}$

$K$  est appelé un noyau reproduisant de  $\mathcal{H}$ .  $\mathcal{H}_K(X)$  sera notée RKHS  $\mathcal{H}$  avec le noyau reproduisant  $K$ .

**Définition 6.** : (Mercer Kernel map) Une fonction  $K : \mathcal{X} \times \mathcal{X} \rightarrow \mathbb{R}$  est appelé noyau Mercer si elle est continue, symétrique et définie positive.

**Propriété 2.** : Si  $K$  est un noyau reproduisant d'un espace de Hilbert  $\mathcal{H}$ , alors

1.  $K(x, y)$  est unique.
2.  $\forall x, y \in \mathcal{X}, K(x, y) = K(y, x)$  (Symétrie).
3.  $\sum_{i, j=1}^m \alpha_i \alpha_j K(x_i, x_j) \geq 0$  pour  $\alpha_i \in \mathbb{R}$  et  $x_i \in \mathcal{X}$  (noyau défini positif).
4.  $\langle K(x, \cdot), K(y, \cdot) \rangle_{\mathcal{H}} = K(x, y)$ .
5. les noyaux suivants définis dans un domaine compact  $\mathcal{X} \in \mathbb{R}^n$ , sont des noyaux Mercer :

$$K(x, y) = (1 + x^T y)^d, d \in \mathbb{N} \text{ (polynomiale)}, K(x, y) = e^{-\frac{\|x-y\|^2}{\sigma^2}}, \sigma > 0 \text{ (Gaussien)}$$

**Théorème B.0.1.** : Soit  $K(x, y)$  un noyau défini positif dans un domaine compact ou divers  $X$ . Alors il existe un espace de Hilbert  $\mathcal{F}$  et une fonction  $\Phi : X \rightarrow \mathcal{F}$  de sorte que

$$K(x, y) = \langle \Phi(x), \Phi(y) \rangle \quad \text{pour} \quad x, y \in X$$



$\Phi$  est appelée un feature map et  $\mathcal{F}$  un feature space

**Théorème B.0.2.** [2] Supposons que nous avons un ensemble  $\mathcal{X}$  non vide, un noyau  $k$  défini positif dans  $\mathcal{X} \times \mathcal{X}$ , les échantillons  $(x_1, y_1) \dots (x_m, y_m) \in \mathcal{X} \times \mathbb{R}$ , une fonction réelle strictement monotone croissante  $g$  dans  $[0, \infty]$ , une fonction de coût arbitraire  $c : (\mathcal{X} \times \mathbb{R}^2)^m \rightarrow \mathbb{R} \cup \infty$ , et une classe de fonctions :

$$\mathcal{F} = \left\{ f \in \mathbb{R}^{\mathcal{X}} \mid f(\cdot) = \sum_{i=1}^{\infty} \beta_i k(\cdot, z_i), \beta_i \in \mathbb{R}, z_i \in \mathcal{X}, \|f\| \prec \infty \right\}$$

Ici  $\|\cdot\|$  est la norme dans *RKHS*  $\mathcal{X}_k$  associée à  $k$ . Alors pour  $f \in \mathcal{F}$

$$c(x_1, y_1, f(x_1) \dots x_m, y_m, f(x_m)) + g(\|f\|)$$

Admet une représentation de la forme

$$f(\cdot) = \sum_{i=1}^m \alpha_i k(\cdot, x_i)$$

Avec une moyenne square loss, la forme originale de :

$$c(x_1, y_1, f(x_1) \dots x_m, y_m, f(x_m)) = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m (y_i - f(x_i))^2$$

Et

$$g(\|f\|) = \lambda \|f\| \quad \lambda \succ 0$$

# Bibliographie

- [1] A Smola B Scholkopf and K R Müller. " Nonlinear component analysis as a kernel eigenvalue problem". *Neural Computation*, 10(5) :1299–1319, 1998.
- [2] R Herbrich B Scholkopf and A J Smola. "A Generalized Representer Theorem". In *proceedings 14th Annual conference on computational learning theory*, pages 416 –426, 2001.
- [3] O. Bernard CG Déguez and E. Roca. Reducing the Anaerobic Digestion Model no.1 for its application to an industrial wastewater treatment plant treating winery effluent wastewater. In *Bioresource Technology 132*, pages 244 –253, July 2013.
- [4] K. Fujimoto and D. Tsubakino. "On computation of nonlinear balanced realization and model reduction". In *American Control Conference IEEE, Minneapolis, USA*, pages 460 –465, 2006.
- [5] Hahn J and Edgar TF. "Reduction of nonlinear models using balancing of empirical gramians and galerkin projections ". In *Proceedings of the American Control Conference*, pages 2864 –2868, 2000.
- [6] J.Bouvrrie and B Hamzi. "Model Reduction for Nonlinear Control Systems using Kernel Subspace Methods". In *48th Annual Allerton Conference on Communication, Control, and Computing*, August 2011.
- [7] A. J Krener. *"Reduced order modeling of nonlinear control systems"*. Springer, 2008.
- [8] J Marsden Lall S and S. Glavaski. " A subspace approach to balanced truncation for model reduction of nonlinear control systems". *International Journal on Robust and Nonlinear Control*, 12(5) :519 –535, 2002.
- [9] J. Marsden Lall.S and Glavaski.S. " Empirical model reduction of controlled nonlinear systems". In *Proceedings of the IFAC world Congress*, pages 473–478, July 1999.
- [10] B C. Moore. "Principal component analysis in linear systems : controllability, observability, and model reduction". *IEEE Transaction on Automatic Control*, 26(1) :17–32, February 1981.

- [11] R. M. Rifkin and R. A. Lippert. "Notes on Regularized Least Squares". Technical report, Computer Science and Artificial Intelligence Laboratory, Massachusetts Institute of Technology, Cambridge, May 2007.
- [12] R.M.Rifkin. "*Everything OLD is New Again : A Fresh Look at Historical Approches in Machine Learning*". PhD thesis, MASSACHUSETTS INSTITUTE OF TECHNOLOGY, September 2002.
- [13] Christian Rosen and Ulf Jeppsson. "Aspects on ADM1 implementation within the BSM2 framework". *Department of Industrial Electrical Engineering and Automation Lund University, Lund, Sweden*, 2006.
- [14] E. Ficara S. Hassam, B. Cherki and J. Harmand. "Towards a systematic approach to reduce complex bioprocess models - application to theADM1". In *20th Mediterranean Conference on Control & Automation (MED), Barcelona, Spain*, July 2012.
- [15] J M.A Scherpen. "*Balancing for Nonlinear Systems*". PhD thesis, Université of Twente, 1994.
- [16] B Scholkopf and A Smola. "Learning with Kernels". *MIT Press*, 2002.
- [17] IWA Task Group for Mathematical Modelling of Anaerobic Digestion Processes. "*Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)*". 2002.