

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

MINISTRY OF HIGHER EDUCATION
AND SCIENTIFIC RESEARCH

HIGHER SCHOOL IN APPLIED SCIENCES

-T L E M C E N-



المدرسة العليا في العلوم التطبيقية
École Supérieure en
Sciences Appliquées

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

المدرسة العليا في العلوم التطبيقية
- تلمسان -

Mémoire de fin d'étude

Pour l'obtention du diplôme de Master

Filière: Automatique
Spécialité: Automatique

Présenté par : Douniazed BENOSMAN et Chahira KHIATI

Thème

Analyse et commande en simulation
d'un procédé de digestion anaérobie

Soutenu publiquement, le 29 / 09 /2025 , devant le jury composé de:

M CHERKI Ibrahim
Mme KHEDIM Zeyneb
M BENYAHIA Boumediene
Mme BELAID Asma
M BOUKLI HACENE Lotfi

Professeur
Maitre de Conférence
Professeur
Maitre de Conférence
Maitre Assistant

ESSA. Tlemcen
ESSA. Tlemcen
Université de Tlemcen
ESSA. Tlemcen
ESSA. Tlemcen

Président
Directeur de mémoire
Co-Directeur de mémoire
Examineur 1
Examineur 2

Année universitaire : 2024 / 2025

DÉDICACE 1

À mes parents bien-aimés,

Ce mémoire est avant tout le fruit de votre amour, de votre soutien et de vos encouragements constants depuis mes premiers pas à l'école jusqu'à aujourd'hui. Grâce à vous, j'ai pu suivre ce chemin, affronter les défis, et me tenir fièrement là où je suis. Même si cette année j'ai quitté la maison pour fonder la mienne, votre présence reste gravée en moi à travers vos prières, vos conseils et votre amour inconditionnel. Rien n'aurait été possible sans vous.

À ma grand-mère maternelle,

La plus douce des grands-mères, toujours présente pour moi avec ses paroles réconfortantes et son affection infinie. Merci d'avoir été un pilier dans ma vie, une présence chaleureuse et rassurante à chaque étape.

À mon mari,

Merci pour ta patience, ton écoute, et ton soutien sans faille durant cette année si particulière. Tu as été mon refuge dans les moments de doute, mon énergie quand j'étais à bout. Merci de m'avoir portée, soulagée, encouragée, et de m'avoir redonné souffle et force pour avancer à nouveau. Ta présence est un cadeau précieux.

À toute sa famille,

Vous avez su m'accueillir avec un amour sincère, comme si j'étais l'une des vôtres. J'ai trouvé auprès de vous une seconde mère, un second père, et même une grande sœur au cœur immense. Merci pour votre tendresse, votre bienveillance, et pour être devenus ma deuxième famille. Je vous serai toujours profondément reconnaissante.

À mes petits frères et sœurs,

Votre amour pur, vos rires, vos petits mots et votre présence lumineuse sont une force immense dans ma vie. Merci d'être là, tout simplement.

Douniazed BENOSMAN

Tlemcen, le . Septembre 2025

DÉDICACE 2

Je dédie ce mémoire, fruit de plusieurs années de travail, de persévérance et de sacrifices, à toutes les personnes qui ont toujours cru en moi et m'ont soutenue sans relâche.

À mes chers parents,

Vous êtes la source de mon courage, de ma détermination et de ma réussite. Par votre amour inconditionnel, vos sacrifices silencieux et votre soutien indéfectible, vous m'avez transmis les valeurs du travail, de l'effort et de l'honnêteté. Vous avez cru en moi, même lorsque moi-même je doutais. Ce travail vous revient de droit, car c'est grâce à vous que j'ai pu atteindre ce niveau. Qu'Allah vous protège et vous accorde une longue vie, pleine de santé et de sérénité.

À mes sœurs,

Votre présence a toujours été un pilier dans ma vie. Par vos encouragements, votre écoute et vos mots réconfortants dans les moments difficiles, vous m'avez apporté un soutien précieux. Merci pour votre amour sincère, votre patience et votre fierté discrète. Ce mémoire est aussi le vôtre.

À mon frère,

Ton soutien discret mais profond m'a énormément touchée. Tu as toujours été là, prêt à me tendre la main dans les moments critiques. Merci pour ta bienveillance, ta confiance et ta présence constante. Ton exemple m'inspire, et ta fierté me pousse à aller toujours plus loin.

À mon amie de la cité universitaire,

Tu as été bien plus qu'une camarade de route : une véritable sœur de cœur. Merci d'avoir été là à chaque instant, dans la joie comme dans les moments de doute. Ton soutien moral, ton écoute sans jugement, ta bonne humeur contagieuse et ta loyauté m'ont permis de surmonter les périodes les plus difficiles. Ta présence a illuminé mon quotidien et a rendu ce chemin bien plus doux. Mille mercis du fond du cœur.

Chahira KHIATI

Tlemcen, le . Septembre 2025

REMERCIEMENTS

Avant toute chose, je tiens à exprimer ma profonde gratitude à Dieu Tout-Puissant, pour m'avoir accordé la force, la patience et la persévérance nécessaires tout au long de ce travail. Sans Sa miséricorde et Ses bénédictions, l'accomplissement de ce mémoire n'aurait jamais été possible.

Je tiens à adresser mes plus sincères remerciements à Madame **Zeyneb KHEDIM**, mon encadrante, pour sa disponibilité constante, ses conseils avisés et sa précieuse orientation tout au long de ce travail. Sa bienveillance, sa simplicité et sa bonne humeur ont été une véritable source de motivation. Elle a su nous accompagner avec un grand professionnalisme et une écoute attentive, nous permettant d'avancer sereinement à chaque étape de ce projet. Sa rigueur scientifique et sa pédagogie ont grandement enrichi notre expérience.

Je remercie également chaleureusement Monsieur **Boumediene BENYAHIA**, mon co-encadrant, qui nous a généreusement ouvert les portes de son laboratoire et mis à disposition les équipements nécessaires pour la réalisation de la partie pratique de ce mémoire. Sa confiance, sa disponibilité et son soutien technique ont été essentiels pour concrétiser les aspects expérimentaux de notre travail. Son accompagnement sur le terrain a été d'une grande valeur, tant sur le plan scientifique que humain.

Mes remerciements s'adressent aussi à l'ensemble des enseignants de notre formation, qui ont contribué à notre apprentissage durant ces années d'études. Plus particulièrement, je souhaite exprimer ma reconnaissance à Monsieur **Meliani** et Monsieur Mhamdi, pour leurs remarques constructives, leur aide précieuse et leurs encouragements lors de l'élaboration de ce travail. Leur expertise et leur disponibilité nous ont grandement aidés à améliorer la qualité de notre mémoire.

Enfin, je remercie toutes les personnes qui, de près ou de loin, ont contribué à la réalisation de ce mémoire.

TABLE DES MATIÈRES

Dédicace 1	i
Dédicace 2	ii
Remerciements	iii
Introduction Générale	1
<i>Introduction générale</i>	1
I État de l'art sur la digestion anaérobie (DA)	3
I.1 <i>Introduction</i>	3
I.2 <i>Définition de la digestion anaérobie</i>	3
I.3 <i>Étapes de la digestion anaérobie</i>	4
I.3.1 Hydrolyse et Acidogénèse	4
I.3.2 Acétogénèse	5
I.3.3 Méthanogénèse	5
I.4 <i>Conditions de fonctionnement d'un processus de digestion anaérobie</i> . . .	6
I.4.1 Température	6
I.4.2 pH	6
I.4.3 Rapport Carbone/Azote (C/N)	7
I.4.4 Temps de séjour hydraulique (TSH)	7
I.4.5 Charge organique (OLR – Organic Loading Rate)	7
I.5 <i>Qu'est-ce qu'un bioréacteur de digestion anaérobie ?</i>	7
I.6 <i>Modes de fonctionnement des bioréacteurs</i>	8
I.6.1 Fonctionnement discontinu (batch)	8
I.6.2 Fonctionnement semi-continu (fed-batch)	8
I.6.3 Fonctionnement continu	8
I.7 <i>Modélisation mathématique de la digestion anaérobie</i>	9
I.7.1 Loi de bilan de matière	10
I.7.2 Pourquoi utiliser des équations différentielles ?	11
I.7.3 Modélisation cinétique du taux de croissance spécifique	11
I.8 <i>Types de substrats utilisés en digestion anaérobie</i>	12
I.8.1 Matières organiques agricoles	13
I.8.2 Déchets industriels et agroalimentaires	13
I.8.3 Déchets ménagers et biodéchets	13

I.8.4	Cultures énergétiques dédiées	13
I.9	<i>Modèles de digestion anaérobie</i>	14
I.10	<i>Conclusion</i>	16
II	Modèle AM2 : Analyse et simulation	17
II.1	<i>Introduction</i>	17
II.2	<i>Présentation du modèle</i>	18
II.3	<i>Équations dynamiques du modèle</i>	18
II.4	<i>Analyse des équilibres du modèle</i>	19
II.5	<i>Investigation de la stabilité et linéarisation du modèle</i>	23
II.5.1	Étude de stabilité locale	23
II.5.2	Linéarisation autour d'un point d'équilibre	26
II.6	<i>Analyse Dynamique du Système</i>	28
II.6.1	Portrait de Phase	28
II.6.2	Réponse Temporelle	30
II.7	<i>Simulation du modèle</i>	32
II.7.1	Conditions initiales	32
II.7.2	Méthodologie de simulation	32
II.7.3	Résultats et interprétation	33
II.7.4	Synthèse comparative	41
II.8	<i>Conclusion</i>	43
III	Contrôle de modèle AM2	44
III.1	<i>Introduction</i>	44
III.2	<i>Pourquoi contrôler un bio digesteur ?</i>	44
III.3	<i>Régulation du modèle AM2 par un contrôleur PID</i>	45
III.3.1	Commande PID appliquée au modèle AM2 linéaire	45
III.3.2	Commande PID appliquée au modèle AM2 non linéaire	50
III.4	<i>Commande linéarisante appliquée au modèle AM2</i>	54
III.4.1	Modèle synthétique	54
III.4.2	Construction de la loi de commande	55
III.4.3	Résultats de simulation	56
III.4.4	Interprétation	58
III.5	<i>Commande non linéaire robuste- Sliding-Mode Control (SMC)</i>	59
III.5.1	Modélisation de la sortie et des incertitudes	59
III.5.2	Principe de la commande robuste	60
III.5.3	Calcul de la loi de commande	60
III.5.4	Résultats de simulation	61

III.5.5	Interprétation	63
III.6	<i>Étude comparative entre la commande linéarisante et la commande non linéaire robuste</i>	64
III.7	<i>Conclusion</i>	64
	Conclusion Générale	65

LISTE DES TABLEAUX

I.1	Comparaison des modèles cinétiques de croissance microbienne [14] . . .	12
II.1	Valeurs des paramètres du modèle AM2	19
II.2	Valeurs propres de la matrice A autour des équilibres du modèle AM2 . .	26
II.3	Résumé des scénarios simulés dans les cas 1 à 4	33
II.4	Comparaison des quatre scénarios simulés	43
III.1	Réglage des paramètres PID selon la méthode de Ziegler–Nichols (méthode des oscillations soutenues), adapté de [62].	47
III.2	Tableau comparatif : PID linéaire vs PID sur modèle non-linéaire	53

TABLE DES FIGURES

I.1	Schéma des étapes du processus de digestion anaérobie [2].	4
I.2	Etapes clés du processus de digestion anaérobie [3].	6
I.3	Bioréacteur anaérobie	9
I.4	Différents substrats [22]	14
II.1	Schéma réactionnel du modèle AM2	18
II.2	Portraits de phase (S_1, X_1) obtenus pour une variation de $(S_{1,in})$	28
II.3	Portrait de phase (S_2, X_2) obtenus pour une variation de $(S_{2,in})$ pour $D=0,4$	29
II.4	Réponse temporelle du système AM2 linéaire	30
II.5	Réponse temporelle du système AM2 non linéaire	31
II.6	Profil des entrées $D(t)$ et $S_{1,in}(t)$: cas 1	34
II.7	Évolution des variables du modèle AM2 : Débit constant, substrat constant.	34
II.8	Profil des entrées $D(t)$ et $S_1^{in}(t)$: Cas 2.	36
II.9	Évolution des variables du modèle AM2 : Débit variable, substrat constant.	36
II.10	Profil des entrées $D(t)$ et $S_1^{in}(t)$: Cas 3.	38
II.11	Évolution des variables du modèle AM2 – Cas 3 : Débit constant, substrat variable.	38
II.12	Profil des entrées $D(t)$ et $S_1^{in}(t)$: Cas 4.	40
II.13	Évolution des variables du modèle AM2 – Cas 4 : Débit et substrat variables.	40
III.1	Réponse $S_2(t)$ du système linéaire avec saturation	48
III.2	Commande $D(t)$ après saturation	48
III.3	Production de biogaz $Q(t)$	49
III.4	Évolution des concentrations de S_1, X_1, S_2, X_2	50
III.5	Évolution de la production de biogaz Q	51
III.6	Évolution de la commande D	51
III.7	Évolution de la sortie S_t	52
III.8	Évolution des états du système (S_1, X_1, S_2, X_2)	57
III.9	Production cumulée de biogaz	57

III.10	Commande (taux de dilution $D(t)$)	58
III.11	Sortie totale S_t avec consigne	58
III.12	Évolution des états du système (S_1, X_1, S_2, X_2)	61
III.13	Production cumulée de biogaz	62
III.14	Évolution de la commande robuste $D(t)$	62
III.15	Suivi de la sortie S_t par rapport à la référence	63

INTRODUCTION GÉNÉRALE

Dans le contexte actuel, la demande énergétique mondiale ne cesse de croître, principalement en raison de l'essor démographique, de l'urbanisation rapide et de l'industrialisation accrue. Selon l'Agence Internationale de l'Énergie (AIE), la consommation mondiale d'énergie a augmenté de 2,3 % en 2018, ce qui représente le rythme de croissance le plus rapide depuis 2010 [43]. Cette tendance se traduit par une augmentation significative des besoins en électricité, en chauffage, en transport et en production industrielle.

Cependant, cette demande énergétique croissante s'oppose à une diminution progressive des réserves d'énergies fossiles, telles que le pétrole, le charbon et le gaz naturel. Selon le rapport *Statistical Review of World Energy* publié par BP en 2023, les réserves prouvées de pétrole pourraient s'épuiser d'ici une cinquantaine d'années si la consommation actuelle se maintient [45]. De plus, la dépendance à ces énergies non renouvelables contribue fortement aux émissions de gaz à effet de serre, responsables du changement climatique. Le secteur énergétique représente en effet près de 75 % des émissions mondiales de gaz à effet de serre [46].

Face à ces enjeux, le développement de sources d'énergies renouvelables et durables apparaît comme une nécessité. Parmi les alternatives, la valorisation des déchets organiques par digestion anaérobie se distingue par son double avantage : produire de l'énergie sous forme de biogaz et réduire l'impact environnemental des déchets [47]. La digestion anaérobie est un procédé biologique qui permet la transformation de la matière organique en méthane et en dioxyde de carbone en l'absence d'oxygène, grâce à l'action des communautés microbiennes spécifiques.

La digestion anaérobie présente plusieurs atouts : production d'une énergie renouvelable (le biogaz, composé à 50–70 % de méthane), diminution du volume des déchets et production d'un digestat valorisable comme fertilisant [48]. Ces caractéristiques ont conduit à un essor des unités de méthanisation à travers le monde : par exemple, on compte plus de 18 000 unités de méthanisation agricole en Europe en 2020 [49].

Afin d'optimiser ce procédé complexe, il est essentiel de comprendre les mécanismes biologiques à l'origine de la digestion anaérobie, ainsi que les conditions opératoires nécessaires à son bon fonctionnement (température, pH, rapport C/N, temps de séjours, etc.) [50]. De plus, la conception des bioréacteurs et le choix des substrats influencent considérablement la performance du processus.

Dans le cadre des travaux de recherche sur la digestion anaérobie, la modélisation mathématique joue un rôle crucial. Elle permet de représenter le comportement dyna-

mique du système, de simuler son évolution dans diverses conditions et de concevoir des stratégies de commande efficaces [4]. Plusieurs modèles ont été développés au fil des années, dont les plus connus sont les modèles ADM1 (Anaerobic Digestion Model No.1) et AM2 [51].

Dans ce mémoire, on s'intéresse à l'analyse et à la commande d'un procédé de digestion anaérobie à travers une approche de modélisation dynamique et de simulation. Ce travail vise à mieux comprendre le fonctionnement du système, à évaluer son comportement en conditions variées et à proposer des solutions de régulation efficaces. L'objectif est d'optimiser la production de biogaz tout en assurant la stabilité du procédé. Cette étude est particulièrement utile pour la conception de systèmes énergétiques durables. Elle apporte aussi des outils concrets pour le pilotage des bioréacteurs.

Le présent mémoire s'articule ainsi en trois chapitres. Le premier chapitre est consacré à l'état de l'art sur la digestion anaérobie : il présente le procédé, ses étapes, ses conditions optimales, les types de bioréacteurs utilisés et les principaux modèles mathématiques développés.

Le deuxième chapitre porte sur la description du modèle AM2 : sa structure, ses équations différentielles, ses variables d'état et sa capacité à simuler des comportements dynamiques typiques des digesteurs. Des études numériques permettent d'observer l'influence de certains paramètres sur la stabilité du processus.

Enfin, le troisième chapitre est dédié à la commande du modèle AM2, avec une analyse des techniques de régulation (PID, commande linéaire et non linéaire), accompagnée de simulations visant à évaluer la performance, la robustesse et l'optimisation du système de digestion anaérobie.

Chapitre I

État de l’art sur la digestion anaérobie (DA)

I.1 Introduction

La transition vers des systèmes énergétiques durables et la gestion efficace des déchets organiques sont devenues des enjeux majeurs dans le contexte actuel de crise environnementale et de raréfaction des ressources fossiles. Parmi les différentes technologies émergentes visant à répondre à ces défis, la digestion anaérobie (DA) qui se révèle être une solution prometteuse, à la fois pour la production d’énergie renouvelable sous forme de biogaz et pour la valorisation des déchets organiques issus de divers secteurs (agriculture, industrie agroalimentaire, collectivités, etc.).

Ce processus biologique complexe, réalisé en l’absence d’oxygène, mobilise un consortium de microorganismes intervenant en plusieurs étapes, chacun étant influencé par diverses conditions environnementales et opératoires. La compréhension approfondie des mécanismes impliqués, des conditions opératoires optimales, ainsi que des technologies de réacteur utilisées, est essentielle pour optimiser les performances du procédé.

Ce chapitre présente un état de l’art détaillé sur la digestion anaérobie, en s’appuyant sur les avancées scientifiques et techniques récentes. Il mettra en lumière les différents types de substrats utilisés, les configurations de réacteurs développées, les stratégies de surveillance et de contrôle mises en œuvre, ainsi que les défis encore à relever pour améliorer la stabilité, la rentabilité et l’efficacité du procédé. Ce panorama permettra ainsi de situer le cadre général de la recherche et de justifier les axes d’innovation explorés dans le présent travail.

I.2 Définition de la digestion anaérobie

La digestion anaérobie, également appelée méthanisation, est un processus biologique naturel par lequel des micro-organismes transforment la matière organique en l’absence totale d’oxygène. Ce processus se déroule en plusieurs étapes et aboutit à la production de

biogaz, composé majoritairement du méthane (CH_4). Ce biogaz peut être valorisé comme source d'énergie renouvelable, notamment pour la production d'électricité, de chaleur ou de carburant. Par ailleurs, la digestion anaérobie joue un rôle important dans la gestion durable des déchets organiques, en réduisant leur volume et leur impact environnemental [1].

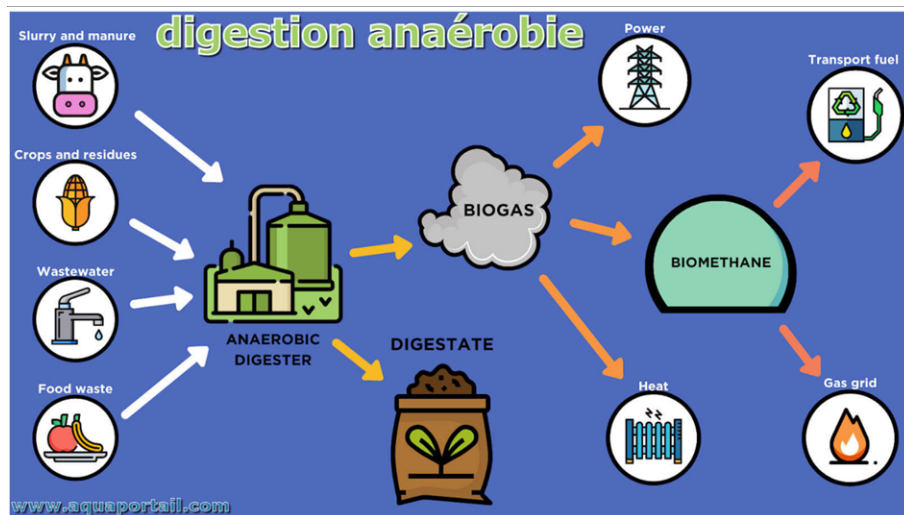


FIGURE I.1 – Schéma des étapes du processus de digestion anaérobie [2].

I.3 Étapes de la digestion anaérobie

La digestion anaérobie est un processus multi-étapes complexe, généralement structuré en **quatre phases principales** : *l'hydrolyse*, *l'acidogénèse*, *l'acétogénèse* et *la méthanogénèse* [3]. Ces étapes font intervenir des mécanismes **physico-chimiques**, **biochimiques** et **biologiques**, illustrant ainsi la complexité de ce procédé.

Les étapes biologiques sont assurées par des groupes spécialisés de micro-organismes (bactéries hydrolytiques, acidogènes, acétogènes et méthanogènes).

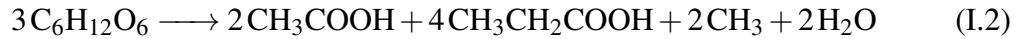
Chacune de ces étapes joue un rôle crucial dans la dégradation de la matière organique et la conversion finale en biogaz.

I.3.1 Hydrolyse et Acidogénèse

L'hydrolyse constitue la première étape, durant laquelle les macromolécules organiques (glucides, lipides, protéines) sont décomposées en composés solubles plus simples : sucres, acides gras à longue chaîne, acides aminés, etc. Cette étape, souvent limitante dans le cas de substrats complexes, est facilitée par des enzymes extracellulaires [4].

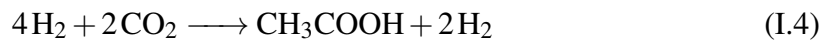
Ensuite, au cours de l'*acidogénèse*, ces produits sont fermentés par des bactéries *acidogènes* pour former des **Acides Gras Volatils** (acétate, propionate, butyrate), des **alcools**, ainsi que du CO_2 et du H_2 .

Les réactions typiques sont les suivantes :



I.3.2 Acétogénèse

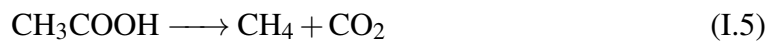
Les produits intermédiaires de l'*acidogénèse*, en particulier les Acides Gras Volatils (AGVs) et les alcools, sont transformés en **acétate**, CO_2 et H_2 par des bactéries *acétogènes*. Ces produits sont les substrats principaux de la *méthanogénèse*. Une réaction représentative est donnée par [5] :



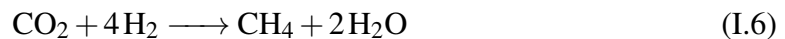
Cette étape fonctionne de manière optimale à un **pH compris entre 5,2 et 6,2**.

I.3.3 Méthanogénèse

La *méthanogénèse* constitue l'étape finale du processus. Elle est assurée par des **bactéries méthanogènes** qui utilisent l'acétate, le CO_2 et le H_2 pour produire du CH_4 suivant deux voies métaboliques principales [6]. La première est la voie **acétoclastique** :



La seconde est la voie **hydrogénotrophe** :



Ces deux voies couvrent la majorité de la production de méthane dans les systèmes anaérobies.

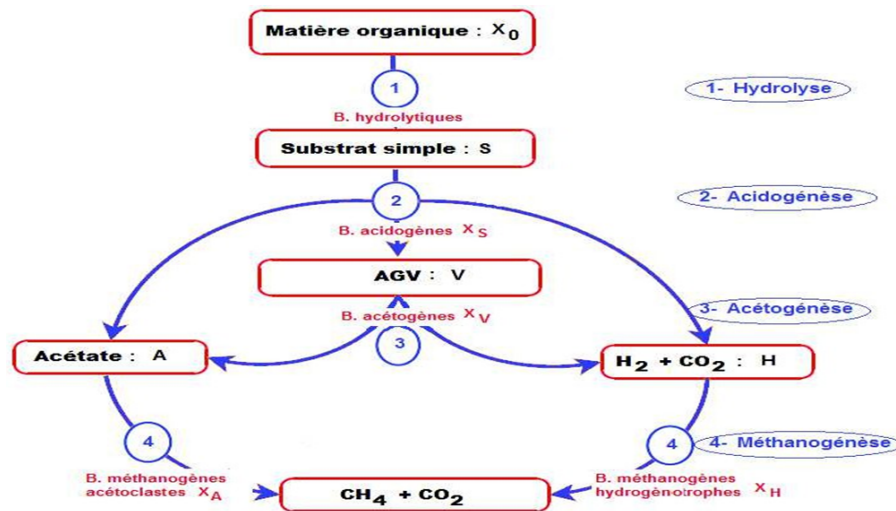


FIGURE I.2 – Etapes clés du processus de digestion anaérobie [3].

I.4 Conditions de fonctionnement d'un processus de digestion anaérobie

La digestion anaérobie constitue un processus biologique dont l'efficacité repose sur un équilibre précis entre les différents besoins bactériens qui, tout comme toute communauté vivante, nécessite certaines conditions de croissance. Une régulation adéquate de ces conditions accompagnée d'un choix judicieux des paramètres opératoires du bioréacteur sont essentielles pour assurer la stabilité du système et optimiser la production de biogaz.

I.4.1 Température

La température exerce une influence déterminante sur la croissance microbienne ainsi que sur l'efficacité globale du processus. On distingue généralement deux plages de fonctionnement adaptées à la digestion anaérobie :

- **Mésophile** : entre 30 et 40°C, avec un optimum autour de 35°C. Cette plage est caractérisée par une grande stabilité [7].
- **Thermophile** : entre 50 et 60°C, avec un optimum à 55°C, permettant une dégradation plus rapide mais nécessitant un contrôle plus rigoureux [7].

I.4.2 pH

Le pH optimal pour les bactéries méthanogènes est compris entre 6,5 et 7,5. Un pH en dessous de 6 inhibe fortement l'activité des méthanogènes, tandis qu'un pH supérieur

à 8 peut également être toxique. Le système est généralement stabilisé par des tampons naturels comme les ions d’ammonium et de bicarbonates [5].

I.4.3 Rapport Carbone/Azote (C/N)

Le rapport optimal C/N se situe entre 20 :1 et 30 :1. Un excès de carbone entraîne une carence en azote, ralentissant la croissance microbienne. À l’inverse, un excès d’azote peut générer de l’ammoniac libre (NH_3), toxique pour les méthanogènes [11].

I.4.4 Temps de séjour hydraulique (TSH)

Le temps de séjour hydraulique (TSH) représente la durée pendant laquelle le substrat reste dans le digesteur. En condition mésophile, il est généralement compris entre 15 et 30 jours, et en thermophile entre 10 et 20 jours. Un TSH trop court peut entraîner un lessivage des bactéries diminuant ainsi l’efficacité du processus [10].

I.4.5 Charge organique (OLR – Organic Loading Rate)

La charge organique (OLR) correspond à la quantité de matière organique introduite quotidiennement dans le digesteur. Une surcharge provoque une accumulation d’AGVs donc une chute du pH qui peut conduire à l’inhibition ou à l’arrêt du processus [10].

I.5 Qu’est-ce qu’un bioréacteur de digestion anaérobie ?

Un bioréacteur est un dispositif essentiel en microbiologie et en biotechnologie, conçu pour cultiver des micro-organismes dans des conditions strictement contrôlées. Il permet de reproduire un environnement favorable à la croissance bactérienne en maîtrisant des variables tels que l’apport en substrat, l’évacuation des produits, ainsi que des conditions environnementales comme la température, le pH et l’homogénéité du milieu. Ces éléments sont intimement liés aux besoins physiologiques des micro-organismes et influencent directement leur métabolisme et leur capacité de dégradation.

Dans le contexte de la digestion anaérobie, le bioréacteur joue un rôle fondamental dans la régulation de ces conditions afin d’assurer un fonctionnement stable et une production continue de biogaz [4, 5].

I.6 Modes de fonctionnement des bioréacteurs

Un bioréacteur peut être modélisé comme un système dynamique à volume V , dans lequel les flux d’entrée F_{in} et de sortie F_{out} sont régulés afin de contrôler les conditions de culture. Les micro-organismes y consomment des substrats et produisent des métabolites et du biogaz dans des environnements évolutifs. Le choix du mode de fonctionnement influence fortement la productivité et la stabilité du processus biologique.[12]

I.6.1 Fonctionnement discontinu (batch)

Le mode batch est le plus simple à mettre en œuvre. Le réacteur est rempli une seule fois avec un substrat, puis fermé pour permettre la digestion sans aucun ajout ou retrait de matière pendant toute la durée du cycle. La dégradation se fait jusqu’à épuisement du substrat, après quoi le système est vidé et un nouveau cycle peut commencer. Ce mode convient bien aux substrats solides ou peu homogènes, mais il présente des périodes d’arrêt non productives entre les cycles[12]

I.6.2 Fonctionnement semi-continu (fed-batch)

Dans le mode fed-batch, le substrat est ajouté progressivement au réacteur, tandis qu’aucun effluent n’est évacué pendant la phase d’alimentation ($F_{out} = 0$). Le volume du bioréacteur augmente au fur et à mesure jusqu’à atteindre une capacité maximale. Ce mode est particulièrement utile pour éviter les effets d’inhibition liés à des concentrations trop élevées en substrat ou en produits intermédiaires. Il permet également une meilleure adaptation des micro-organismes aux conditions de culture[12]

I.6.3 Fonctionnement continu

Le mode continu est basé sur l’apport permanent de substrat au débit F_{in} et l’évacuation simultanée du digestat au même débit F_{out} , ce qui permet de maintenir un volume constant dans le bioréacteur ($V = cste$). Cette configuration permet d’atteindre un état stationnaire, avec des taux de croissance et de production constants. Elle est largement utilisée pour le traitement en continu des eaux usées ou pour les digesteurs industriels à grande échelle. Ce mode offre l’avantage d’une production stable et continue, mais nécessite un contrôle rigoureux pour éviter les déséquilibres microbiens ou les lessivages excessifs de la biomasse[12]

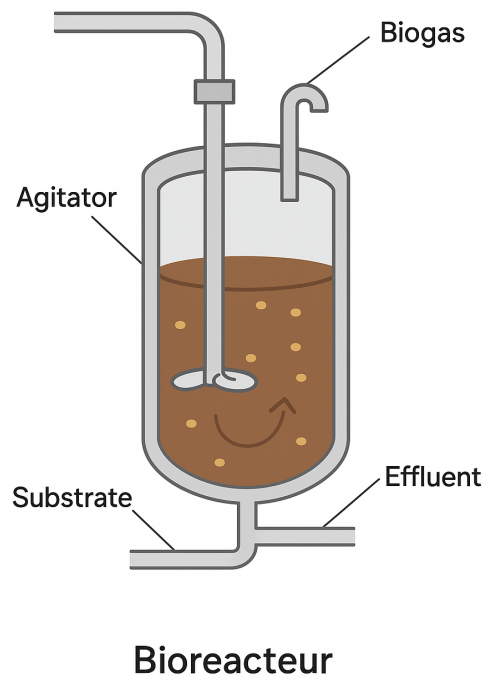


FIGURE I.3 – Bioréacteur anaérobie

I.7 Modélisation mathématique de la digestion anaérobie

La digestion anaérobie (DA) est un processus biologique complexe impliquant plusieurs groupes microbiens interagissant en cascade à travers quatre grandes étapes métaboliques : l'hydrolyse, l'acidogénèse, l'acétogénèse et la méthanogénèse. Chacune de ces étapes est assurée par des micro-organismes spécifiques et implique la conversion progressive de la matière organique complexe en biogaz valorisable [4].

La modélisation mathématique de la DA consiste à traduire ce système biologique en un système d'équations différentielles qui permet de prédire l'évolution temporelle des différentes espèces (substrat, biomasse, produits) en fonction des conditions opératoires. Cette modélisation repose sur deux approches : une approche détaillée multi-populations (comme le modèle ADM1 [4]) et une approche simplifiée à une seule population microbienne.

Dans une optique de simplification, certains processus peuvent être négligés selon l'objectif de l'étude. Par exemple, si l'on suppose que l'hydrolyse n'est pas limitante et que les substrats sont solubles, on peut ne considérer qu'une seule réaction globale représentée par une population microbienne unique consommant un substrat organique.

C'est cette hypothèse qui permet de recourir à un modèle de type **chémostat**, adapté aux études de dynamique microbienne et de contrôle [14].

Au-delà de cette représentation, la modélisation revêt un rôle indispensable : elle permet de tester en simulation la validité des conditions opératoires avant leur mise en œuvre réelle, ce qui est crucial compte tenu de la sensibilité extrême des biodigesteurs. Elle constitue également une base essentielle pour la synthèse de lois de commande stabilisantes et optimisantes, garantissant ainsi une exploitation plus robuste, sûre et efficace du procédé [8], [9].

I.7.1 Loi de bilan de matière

La base de toute modélisation dynamique repose sur le **principe de conservation de la matière**, aussi appelé bilan de masse [15]. Pour une espèce donnée (comme un substrat ou une biomasse), ce bilan s'écrit sous la forme :

$$\text{Accumulation} = \text{Entrée} - \text{Sortie} + \text{Production} - \text{Consommation}$$

Considérons un réacteur parfaitement agité, de volume constant V , dans lequel un fluide contenant du substrat est introduit à un débit F (avec une concentration en entrée S_{in}) et ressort au même débit (concentration S dans le réacteur). Le substrat est consommé par la biomasse microbienne à un taux proportionnel à son activité biologique.

L'application du bilan de matière au substrat donne :

$$V \frac{dS}{dt} = F(S_{\text{in}} - S) - r_S \cdot V$$

où r_S est la vitesse de consommation du substrat (g/L/h), généralement modélisée par :

$$r_S = \frac{1}{Y} \mu(S)x$$

En divisant les deux membres par V , on obtient l'équation différentielle :

$$\frac{dS}{dt} = D(S_{\text{in}} - S) - \frac{1}{Y} \mu(S)x$$

De manière similaire, le bilan appliqué à la biomasse x conduit à :

$$\frac{dx}{dt} = \mu(S)x - Dx$$

où :

- $D = \frac{F}{V}$: **taux de dilution**, exprimé en h^{-1} ,
- $\mu(S)$: **taux de croissance spécifique** des micro-organismes,
- Y : **rendement** de conversion du substrat en biomasse.

I.7.2 Pourquoi utiliser des équations différentielles ?

Les équations différentielles permettent de décrire l'évolution continue dans le temps des variables du système (substrat, biomasse, gaz, etc.). Elles traduisent la dynamique de croissance et de consommation dans le réacteur en tenant compte des flux d'entrée et de sortie, ainsi que des réactions internes. Elles sont essentielles pour simuler le comportement du bioréacteur, identifier les régimes stationnaires, prédire les temps de réponse et optimiser les conditions de fonctionnement [16].

I.7.3 Modélisation cinétique du taux de croissance spécifique

La cinétique de croissance microbienne est un élément central dans la modélisation des procédés biologiques, notamment dans la digestion anaérobie. Elle permet de relier la vitesse de croissance des micro-organismes, notée $\mu(S)$, à la concentration en substrat disponible S . Ce lien est crucial pour prédire l'évolution des populations microbiennes et optimiser les conditions opératoires du bioréacteur.

Plusieurs modèles empiriques et semi-mécanistes ont été développés pour exprimer cette relation. Le plus connu est le modèle de Monod [17], inspiré de la cinétique de Michaelis-Menten. Il postule que la vitesse de croissance spécifique augmente avec la concentration du substrat, jusqu'à atteindre une valeur maximale $\mu_{\max}$. Ce modèle est défini par l'expression :

$$\mu(S) = \mu_{\max} \cdot \frac{S}{K_s + S}$$

où K_s est la constante de demi-saturation, c'est-à-dire la concentration de substrat pour laquelle la croissance atteint la moitié de $\mu_{\max}$. Ce modèle, bien que simple et largement utilisé, ne tient pas compte des effets inhibiteurs pouvant apparaître à forte concentration de substrat.

Pour pallier cette limite, le modèle de Haldane (ou Andrews) introduit un terme d'inhibition par le substrat :

$$\mu(S) = \mu_{\max} \cdot \frac{S}{K_s + S + \frac{S^2}{K_I}}$$

où K_I est la constante d'inhibition. Ce modèle permet de représenter la diminution du taux de croissance lorsque le substrat devient trop concentré, phénomène observé dans de nombreux procédés de digestion anaérobie.

D'autres modèles ont été proposés pour des cas spécifiques. Le modèle de Contois, par exemple, est particulièrement adapté aux milieux riches en biomasse. Il exprime $\mu(S)$ en fonction non seulement du substrat mais aussi de la biomasse x , selon la relation :

$$\mu(S) = \mu_{\max} \cdot \frac{S}{K_c \cdot X + S}$$

où K_c est une constante empirique. Ce modèle est utile lorsque la densité cellulaire influence significativement l'absorption du substrat, comme c'est souvent le cas dans les réacteurs à fort taux de rétention de biomasse.

Le modèle de Tessier, quant à lui, adopte une approche exponentielle qui représente bien les faibles concentrations de substrat :

$$\mu(S) = \mu_{\max} \left(1 - e^{-\frac{S}{K_T}} \right)$$

où K_T est une constante cinétique. Ce modèle est plus rarement utilisé, notamment en raison d'un manque de données expérimentales le validant dans divers contextes.

Le choix du modèle cinétique dépend donc de plusieurs facteurs : la nature du substrat, la concentration en biomasse, le type de réacteur utilisé et la précision souhaitée. Une synthèse comparative de ces modèles est présentée dans le tableau I.1.

TABLE I.1 – Comparaison des modèles cinétiques de croissance microbienne [14]

Modèle	Expression de $\mu(S)$	Avantages	Inconvénients
Monod [17]	$\mu_{\max} \cdot \frac{S}{K_s + S}$	Modèle simple, facile à calibrer, utilisé dans de nombreux systèmes biologiques	Ne prend pas en compte l'inhibition à forte concentration
Haldane	$\mu_{\max} \cdot \frac{S}{K_s + S + \frac{S^2}{K_I}}$	Permet de modéliser l'inhibition par excès de substrat	Nécessite l'identification de trois paramètres, complexité accrue
Contois	$\mu_{\max} \cdot \frac{S}{K_c \cdot X + S}$	Représente bien les systèmes à haute densité cellulaire	La dépendance à la biomasse complique le suivi expérimental
Tessier	$\mu_{\max} \left(1 - e^{-\frac{S}{K_T}} \right)$	Bien adapté aux faibles concentrations de substrat	Peu utilisé, manque de données bibliographiques

I.8 Types de substrats utilisés en digestion anaérobie

Les substrats sont généralement classés selon leur origine et leur composition chimique :

I.8.1 Matières organiques agricoles

Effluents d'élevage : Les lisiers et fumiers sont riches en azote et en matière organique facilement biodégradable. L'azote constitue un nutriment essentiel pour la croissance des micro-organismes impliqués dans la digestion anaérobie, puisqu'il est nécessaire à la synthèse des protéines et autres composés cellulaires [4, 3]. Cependant, une concentration excessive d'azote, notamment sous forme d'ammoniaque libre (NH_3), peut devenir toxique et inhiber l'activité microbienne, ce qui réduit la performance du digesteur et la production de biogaz [18]. Il est donc crucial de maintenir un équilibre optimal dans la concentration d'azote afin d'assurer une digestion efficace.

Résidus de culture : La paille, les tiges et les feuilles sont riches en lignocellulose. Ces substrats nécessitent souvent un prétraitement mécanique, chimique ou biologique pour améliorer leur biodégradabilité [19].

Coproduits agro-industriels : Il s'agit par exemple du marc de fruits, des tourteaux ou du lactosérum. Ces coproduits présentent des compositions variées en nutriments et nécessitent une adaptation des conditions de digestion pour maximiser la production de biogaz [20].

I.8.2 Déchets industriels et agroalimentaires

Déchets de transformation alimentaire : Ils sont riches en graisses, protéines et amidons, avec un potentiel méthanogène élevé.

Boues de stations d'épuration : Ces boues sont riches en matières organiques et en bactéries. Elles sont souvent co-digérées avec d'autres substrats [21].

I.8.3 Déchets ménagers et biodéchets

Fraction organique des ordures ménagères (FOM) : Cette fraction est constituée de déchets alimentaires et verts.

Déchets de jardin et espaces verts : Ils sont riches en lignine et en cellulose, ce qui nécessite une hydrolyse plus longue [21].

I.8.4 Cultures énergétiques dédiées

Maïs ensilage, sorgho, miscanthus, seigle : Ces substrats sont riches en glucides et sont utilisés pour optimiser le rendement en méthane.

Microalgues et macroalgues : Ces cultures constituent une alternative intéressante en raison de leur croissance rapide et de leur potentiel méthanogène [21].

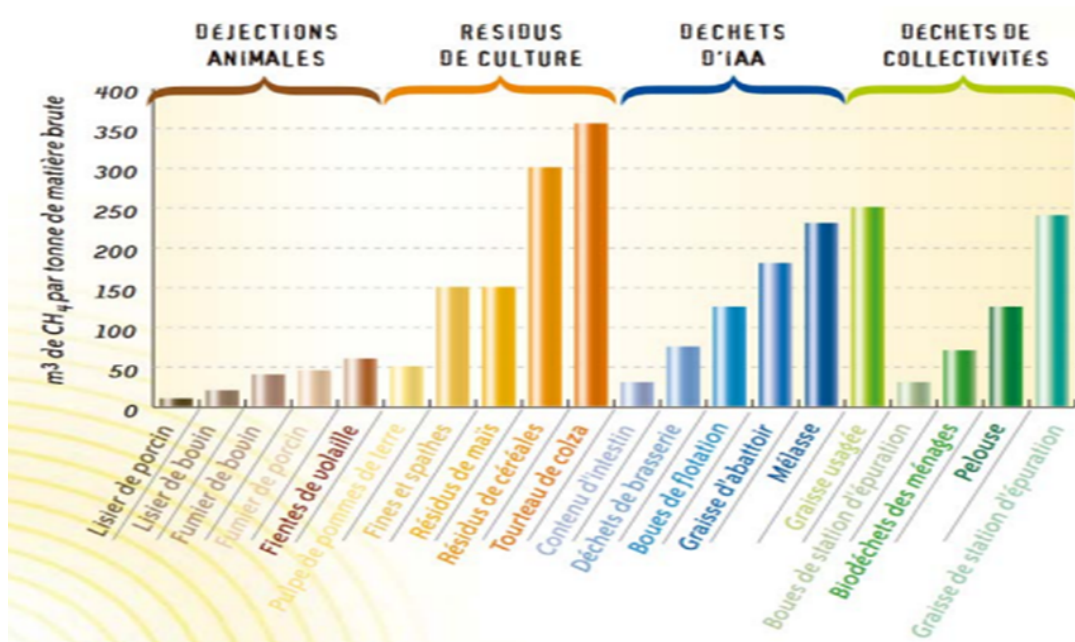


FIGURE I.4 – Différents substrats [22]

I.9 Modèles de digestion anaérobie

La digestion anaérobie est un processus complexe mettant en jeu plusieurs groupes de microorganismes. Pour modéliser ce processus biologique, plusieurs modèles mathématiques ont été développés afin de mieux comprendre, simuler et optimiser le fonctionnement des digesteurs anaérobies. Les modèles varient en complexité selon les objectifs : simulation dynamique, dimensionnement, contrôle ou régulation.

Depuis les années 1960, plusieurs chercheurs ont proposé des modèles représentant différents aspects du processus. Voici une chronologie des modèles les plus connus.

Ainsi, le tout premier modèle mathématique de la digestion anaérobie a été proposé par Andrews en 1969. Ce modèle très simple considérait uniquement la méthanogenèse en supposant un pH constant, ce qui constitue une importante limitation pour les conditions réelles [23]. Il est formulé sur la base de la cinétique de Monod.

Ensuite, en 1971, Andrews et Graef ont développé ce modèle en intégrant les transferts gaz-liquide. Ce dernier a été appliqué quelques années plus tard, en 1977, à la digestion des déchets de volaille et de porc. Il introduit la notion d'inhibition par les acides gras à longue chaîne (LCFA) et distingue deux étapes de dégradation [24].

En parallèle, Hill [25] a proposé un modèle qui distingue deux populations microbiennes : les acidogènes et les méthanogènes, en tenant compte de l'effet du pH. Ce mo-

dèle présente une avancée importante par rapport aux modèles précédents car il introduit une séparation des fonctions métaboliques.

Par la suite, Mosey [26] a introduit un modèle dynamique décrivant les cinétiques microbiennes dans des conditions de charge variable. Ce modèle a permis de mieux comprendre la stabilité des digesteurs continus soumis à des charges organiques fluctuantes.

De manière complémentaire, Pavlostathis et Giraldo-Gomez [27] ont élaboré un modèle tenant compte de l'hydrolyse comme étape limitante. Leur travail a mis l'accent sur l'effet de la biodisponibilité du substrat particulaire dans le traitement des boues.

Similairement, Noike et al. [28] ont proposé un modèle compartimenté basé sur l'idée que chaque étape microbienne peut être décrite séparément. Ils ont mis en évidence l'importance de la vitesse d'hydrolyse des particules dans les boues résiduelles.

Avec une approche plus détaillée, Vavilin et al. [29] ont proposé un modèle structuré incluant des processus de transport intra-cellulaires, en plus des cinétiques de croissance microbienne. Ce modèle a été utilisé pour simuler des digesteurs discontinus et continus.

En parallèle, Angelidaki et Sanders [30] ont développé un modèle compartimenté qui distingue les différentes étapes métaboliques (hydrolyse, acidogenèse, acétogenèse, méthanogenèse), chacune modélisée avec ses propres équations cinétiques.

De manière complémentaire, Gavala et al. [31] ont modélisé les effets des inhibiteurs comme l'ammoniaque libre et les AGVs, permettant ainsi de simuler les instabilités de fonctionnement dans les digesteurs.

Par la suite, Speece [32] a proposé un modèle empirique basé sur une large base de données expérimentales. Il s'agit d'un outil principalement destiné à l'ingénierie des digesteurs à grande échelle.

En suite, Batstone et al. [4], dans le cadre de l'IWA, ont développé le modèle ADM1. Ce modèle est considéré comme le plus complet à ce jour. Il comprend 19 cinétiques biochimiques, 3 transferts gaz-liquide, 10 équations algébriques, 8 variables implicites et 32 dynamiques. Il est largement utilisé pour la simulation industrielle.

En parallèle, Bernard et al. [33] ont conçu le modèle AM2, une alternative simplifiée à l'ADM1. Il considère deux populations (acidogènes et méthanogènes) et deux substrats, et a été utilisé dans plusieurs études de contrôle automatique. Le modèle se compose de cinq équations différentielles.

De manière innovante, Donoso-Bravo et al. [34] ont développé un modèle hybride intégrant les réseaux de neurones pour estimer certains paramètres difficilement mesurables, combinant ainsi une approche empirique et mécaniste.

Similairement, Lübken et al. [35] ont élaboré un modèle spécifique aux réacteurs de type batch, particulièrement utilisé dans les études du potentiel de production de biogaz.

Puis, Kleerebezem et al. [36] ont proposé un modèle simplifié applicable à différents

substrats complexes. Ce modèle a permis de simuler l'effet de la composition du substrat sur la conversion méthanogène.

De manière complémentaire, Girault et al. [37] ont introduit un modèle avec cinétiques adaptatives permettant de suivre les modifications des communautés microbiennes en fonction des conditions d'exploitation.

Ensuite, Liu et al. [38] ont proposé un modèle prenant en compte les micro-polluants dans les substrats d'origine industrielle, ouvrant la voie à l'étude des effets toxiques sur les communautés anaérobies.

En parallèle, Derbal et al. [39] ont modélisé la digestion mésophile des boues activées en intégrant les effets de la température, du pH, et des concentrations initiales en substrat.

Enfin, dernièrement, Zaher et al. [40] ont utilisé une approche bayésienne pour identifier les paramètres de modèles de digestion sur la base de données expérimentales incertaines, renforçant l'intégration des outils statistiques modernes.

Chaque modèle présenté a permis d'apporter une meilleure compréhension du processus de digestion anaérobie, à travers des niveaux de complexité variables. Le choix du modèle dépend du contexte d'utilisation : modélisation fine pour les simulateurs de procédés ou modèles réduits pour la régulation en temps réel. Cette progression chronologique montre une évolution continue des connaissances et des outils disponibles.

I.10 Conclusion

Cette section a permis d'approfondir les bases scientifiques nécessaires à la compréhension du fonctionnement de la digestion anaérobie. En s'appuyant sur les mécanismes biologiques, les modèles de croissance microbienne et les caractéristiques des différents substrats, elle met en évidence les multiples facteurs conditionnant la stabilité et l'efficacité du processus. La maîtrise de ces éléments apparaît essentielle pour garantir une valorisation optimale de la matière organique et une production énergétique durable.

Ces connaissances fondamentales constituent une base indispensable pour aborder les aspects appliqués du procédé. La suite du mémoire se concentre ainsi sur l'analyse et la simulation du modèle de digestion anaérobie, tout en intégrant les contraintes biologiques identifiées afin de les traduire en exigences mathématiques et de contrôle. L'objectif est d'aboutir à une représentation fonctionnelle et optimisée du système, permettant ensuite d'explorer différentes stratégies de commande.

Chapitre II

Modèle AM2 : Analyse et simulation

II.1 Introduction

La digestion anaérobie est un processus biologique complexe, reposant sur une succession de réactions microbiennes interdépendantes. La maîtrise de ce mécanisme, tant pour des raisons de performance énergétique que de stabilité opérationnelle, nécessite une compréhension approfondie des dynamiques internes du système. Dans cette optique, la modélisation mathématique constitue un levier essentiel pour l'analyse, la prévision et la commande du comportement des digesteurs.

Parmi les modèles proposés dans la littérature, le modèle AM2 (*Anaerobic Model No. 2*) occupe une place privilégiée en raison de sa capacité à représenter de manière simplifiée mais cohérente les deux principales étapes du processus biologique : l'acidogénèse et la méthanogénèse. Il offre un compromis intéressant entre richesse descriptive et facilité d'implémentation, ce qui en fait un outil adapté aux simulations numériques et aux études de commande.

L'emploi du modèle AM2 vise ainsi à éclairer les interactions entre les substrats, les différentes populations microbiennes et les produits intermédiaires, tout en tenant compte de l'impact des conditions opératoires sur la stabilité et les performances du système. Son analyse mathématique permet notamment de mettre en évidence les phénomènes d'instabilité biologique susceptibles de compromettre l'efficacité du processus.

Ce chapitre est donc dédié à la description du modèle AM2, avec ses variables et paramètres associés, à une analyse mathématique détaillée du modèle, une étude des équilibres du modèle et de leur stabilité est menée. Ensuite, leur propriétés de bifurcation sont établies. Enfin, nous évaluons les performances du processus en termes de production du biogaz, afin de définir les gammes optimales du pH , D et S_{in} assurant un rendement maximal de fermentation. Cette base théorique est essentielle pour le développement des lois de commande qui sera abordés dans le chapitre suivant.

II.2 Présentation du modèle

Le modèle AM2 est une version simplifiée du modèle ADM1 (Anaerobic Digestion Model No. 1), conçu pour capturer l'essentiel des mécanismes de la digestion anaérobie à deux étapes : l'hydrolyse-acidogénèse et la méthanogénèse. Il considère deux populations microbiennes distinctes, à savoir la biomasse acidogène, notée X_1 , et la biomasse méthanogène, notée X_2 . Ces micro-organismes interagissent avec deux types de substrats. Le premier substrat, noté S_1 , correspond à la matière organique facilement biodégradable consommée par les acidogènes, tandis que le second, noté S_2 , représente l'acide acétique utilisé par les méthanogènes.

Le produit final recherché à travers ce processus est le méthane (CH_4), issu principalement de la conversion de l'acide acétique par les méthanogènes. Le modèle AM2 prend en compte les phénomènes biologiques fondamentaux tels que la croissance microbienne et la consommation de substrats, ainsi que les aspects hydrauliques liés au débit d'alimentation et de sortie. Il intègre également des effets d'inhibition pouvant affecter la performance du système. Ce modèle constitue ainsi un compromis judicieux entre la complexité des phénomènes représentés et la simplicité requise pour une mise en œuvre efficace, permettant de simuler de manière réaliste le processus de digestion anaérobie avec un nombre limité de variables d'état [21].

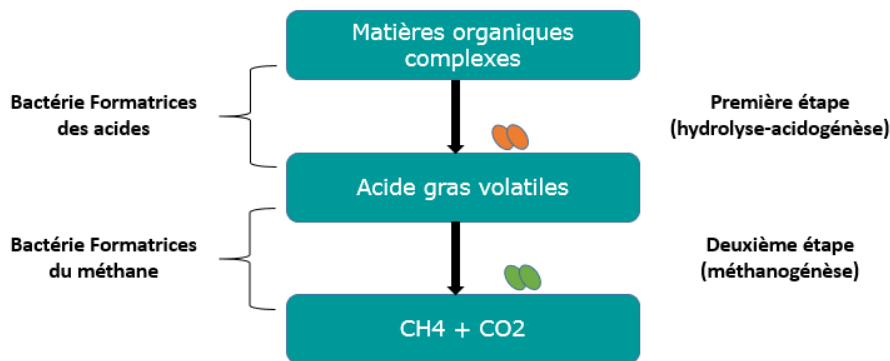


FIGURE II.1 – Schéma réactionnel du modèle AM2

II.3 Équations dynamiques du modèle

Le modèle AM2 est formulé sous la forme d'un système de cinq équations différentielles ordinaires (EDO) qui décrivent l'évolution temporelle des concentrations en biomasses, substrats et biogaz produit [21]. Ce système intègre les effets de la croissance microbienne, ainsi que les phénomènes de conversion biologique. Les équations du mo-

dèle s'écrivent comme suit :

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

$$\dot{X}_1 = \mu_1(S_1)X_1 - \alpha DX_1, \quad (\text{II.2})$$

$$\dot{S}_2 = D(S_{in,2} - S_2) + k_2\mu_1(S_1)X_1 - k_3\mu_2(S_2)X_2, \quad (\text{II.3})$$

$$\dot{X}_2 = \mu_2(S_2)X_2 - \alpha DX_2, \quad (\text{II.4})$$

$$\dot{Q} = \beta \mu_2(S_2) X_2. \quad (\text{II.5})$$

Les cinétiques de croissance $\mu_1(S_1)$ et $\mu_2(S_2)$ sont respectivement décrites par :

$$D = \frac{Q}{V}, \quad \mu_1(S_1) = \mu_{1,\max} \frac{S_1}{K_{S1} + S_1}, \quad \mu_2(S_2) = \mu_{2,\max} \frac{S_2}{K_{S2} + S_2 + \frac{S_2^2}{K_I}} \quad (\text{II.6})$$

Ces équations traduisent l'interaction dynamique entre les différents composants du système et permettent d'analyser l'influence des paramètres biologiques et opératoires sur le comportement global du digesteur.

TABLE II.1 – Valeurs des paramètres du modèle AM2

Paramètre	Signification	Unité / Remarques	Valeurs recommandées
D	Taux de dilution (débit / volume)	j^{-1}	0.1
$S_{1,in}$	Substrat soluble à l'entrée	$\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ (ou $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$)	à définir
$S_{2,in}$	Acétate à l'entrée	$\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ (ou $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$)	à définir
$\mu_{1,\max}$	Taux de croissance max de X_1 (acidogènes)	j^{-1}	1.2
K_{S1}	Constante de demi-saturation de S_1	$\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$	7.1
$\mu_{2,\max}$	Taux de croissance max de X_2 (méthanogènes)	j^{-1}	0.74
K_{S2}	Constante de demi-saturation de S_2	$\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$	9.28
K_I	Constante d'inhibition (C inorganique sur μ_2)	$\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$	256
k_1	Rendement de dégradation de S_1 par X_1	$\text{g biomasse} / \text{g substrat}$	42.14
k_2	Rendement de production de S_2 par X_1 à partir de S_1	$\text{g (ou mmol) produit} / \text{g substrat}$	116
k_3	Rendement de dégradation de S_2 par X_2	$\text{g (ou mmol) produit} / \text{g substrat}$	268
β	Conversion $\mu_2 X_2 \rightarrow q_{gaz}$	unité de conversion	453

II.4 Analyse des équilibres du modèle

L'étude des points d'équilibre d'un système dynamique vise à identifier les états stationnaires où les dérivées temporelles des variables sont nulles. Pour le modèle AM2, cette analyse a été menée de manière rigoureuse dans la littérature, notamment par Benyahia *et al.* [41], et constitue une base importante pour l'étude du comportement asymptotique du système.

Dans le cadre de ce travail, nous considérons que le réacteur est parfaitement agité, ce qui revient à fixer le paramètre $\alpha = 1$. Ce paramètre représente la fraction de biomasse non retenue dans le réacteur, avec $\alpha \in [0, 1]$. Ainsi, les conditions d'équilibre du modèle s'écrivent en annulant les dérivées temporelles :

$$\dot{X}_1 = (\mu_1(S_1) - \alpha D)X_1 = 0 \quad \Rightarrow \quad X_1 = 0 \quad \text{ou} \quad \mu_1(S_1) = \alpha D \quad (\text{II.7})$$

$$\dot{X}_2 = (\mu_2(S_2) - \alpha D)X_2 = 0 \quad \Rightarrow \quad X_2 = 0 \quad \text{ou} \quad \mu_2(S_2) = \alpha D \quad (\text{II.8})$$

Nous distinguons alors quatre cas d'équilibres :

Cas 1 : $X_1 = 0$ et $X_2 = 0$

Dans ce cas, l'absence de biomasse implique que les substrats conservent leur concentration d'entrée :

$$S_1^* = S_{1,\text{in}}, \quad S_2^* = S_{2,\text{in}}$$

L'équilibre correspondant est le **lessivage total** :

$$E_0 = (S_{1,\text{in}}, 0, S_{2,\text{in}}, 0)$$

Cet équilibre existe pour toute valeur de D .

Cas 2 : $X_1 \neq 0$, $X_2 = 0$

La condition $\mu_1(S_1) = \alpha D$ permet de déterminer la concentration de substrat S_1 :

$$\mu_1(S_1) = \mu_{1,\text{max}} \frac{S_1}{K_{s1} + S_1} = \alpha D \quad \Rightarrow \quad S_1^* = \lambda_1 = \frac{\alpha D K_{s1}}{\mu_{1,\text{max}} - \alpha D}$$

Sous la condition $\mu_{1,\text{max}} > \alpha D$, on calcule ensuite :

$$X_1^* = \frac{1}{\alpha k_1} (S_{1,\text{in}} - \lambda_1), \quad S_2^* = S_{2,\text{in}} + \frac{k_2}{k_1} (S_{1,\text{in}} - \lambda_1)$$

Ce qui donne l'équilibre :

$$E_1 = \left(\lambda_1, \frac{1}{\alpha k_1} (S_{1,\text{in}} - \lambda_1), S_{2,\text{in}} + \frac{k_2}{k_1} (S_{1,\text{in}} - \lambda_1), 0 \right)$$

Cet équilibre existe si $S_{1,\text{in}} > \lambda_1$.

Cas 3 : $X_1 = 0, X_2 \neq 0$

Ici, on considère que $S_1^* = S_{1,\text{in}}$ à l'état initial, et l'on impose une condition d'équilibre pour la croissance des méthanogènes :

$$\mu_2(S_2) - \alpha D = 0 \quad \Rightarrow \quad \mu_2(S_2) = \alpha D$$

En remplaçant $\mu_2(S_2)$ par son expression cinétique de type Haldane, on obtient :

$$\mu_{2,\text{max}} \cdot \frac{S_2}{K_{s2} + S_2 + \frac{S_2^2}{K_I}} = \alpha D$$

On commence par isoler le dénominateur :

$$\frac{S_2}{K_{s2} + S_2 + \frac{S_2^2}{K_I}} = \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}}$$

On multiplie chaque membre par le dénominateur :

$$S_2 = \left(K_{s2} + S_2 + \frac{S_2^2}{K_I} \right) \cdot \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}}$$

Développement du second membre :

$$S_2 = \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}} K_{s2} + \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}} S_2 + \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}} \cdot \frac{S_2^2}{K_I}$$

On rassemble les termes pour former une équation quadratique :

$$S_2 - \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}} S_2 - \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}} K_I} S_2^2 = \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}} K_{s2}$$

$$S_2 \left(1 - \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}} \right) - \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}} K_I} S_2^2 = \frac{\alpha D}{\mu_{2,\text{max}}} K_{s2}$$

Multiplication des deux membres par $\mu_{2,\text{max}} K_I$:

$$-\alpha D S_2^2 + (\mu_{2,\text{max}} - \alpha D) K_I S_2 - \alpha D K_I K_{s2} = 0$$

Forme quadratique finale :

$$\boxed{-\alpha D S_2^2 + (\mu_{2,\text{max}} - \alpha D) K_I S_2 - \alpha D K_I K_{s2} = 0}$$

On peut donc écrire la solution pour λ_2^i à l'aide de la formule quadratique :

$$\lambda_2^i = S_2^* = \frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$$

avec :

$$\begin{aligned} a &= -\alpha D \\ b &= (\mu_{2,\max} - \alpha D)K_I \\ c &= -\alpha D K_I K_{s2} \end{aligned}$$

sous la condition d'existence réelle :

$$(b)^2 \geq 4ac.$$

La biomasse X_2 se calcule alors par :

$$X_2^i = \frac{1}{\alpha k_3} (S_{2,\text{in}} - \lambda_2^i), \quad \text{avec } S_{2,\text{in}} > \lambda_2^i.$$

Ce qui conduit aux équilibres méthanogènes :

$$E_2^i = (S_{1,\text{in}}, 0, \lambda_2^i, X_2^i), \quad \text{avec } i = 1, 2.$$

Cas 4 : $X_1 \neq 0, X_2 \neq 0$

On impose les conditions d'équilibre pour les deux populations :

$$\mu_1(S_1) = \alpha D \quad \Rightarrow \quad S_1^* = \lambda_1 = \frac{\alpha D K_{s1}}{\mu_{1,\max} - \alpha D} \quad \text{avec } \mu_{1,\max} > D$$

et, pour les méthanogènes (cinétique de type Haldane) :

$$\mu_2(S_2) = \alpha D \quad \Rightarrow \quad -\alpha D S_2^2 + (\mu_{2,\max} - \alpha D)K_I S_2 - \alpha D K_I K_{s2} = 0$$

Les solutions de cette équation (valeurs possibles de S_2 à l'équilibre) sont :

$$\lambda_2^i = S_2^* = \frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}, \quad i = 1, 2$$

avec :

$$\begin{aligned} a &= -\alpha D \\ b &= (\mu_{2,\max} - \alpha D)K_I \\ c &= -\alpha D K_I K_{s2} \end{aligned}$$

sous la condition d'existence réelle :

$$(b)^2 \geq 4ac.$$

Les biomasses à l'équilibre s'expriment ensuite :

$$X_1^* = \frac{1}{\alpha k_1} (S_{1,\text{in}} - \lambda_1), \quad \text{avec } S_{1,\text{in}} > \lambda_1,$$

et, en utilisant l'équation de S_2 à l'équilibre (et $\mu_2(\lambda_2^i) = D$),

$$X_2^{*i} = \frac{1}{\alpha k_3} [(S_{2,\text{in}} - \lambda_2^i)], \quad \text{avec } S_{2,\text{in}} > \lambda_2^i.$$

On obtient donc les équilibres de coexistence :

$$E_3^i = (\lambda_1, X_1^*, \lambda_2^i, X_2^{*i}), \quad i = 1, 2.$$

Le modèle AM2 admet jusqu'à six points d'équilibres selon les conditions d'entrée et les paramètres du système. Ces points correspondent à différents régimes de fonctionnement du réacteur : lessivage total, dominance d'une seule population, ou coexistence des deux populations microbiennes.

II.5 Investigation de la stabilité et linéarisation du modèle

Le modèle AM2, utilisé pour décrire la dynamique de la digestion anaérobie, est de nature fortement non linéaire. Afin d'exploiter les outils de la commande linéaire, il est nécessaire d'analyser la stabilité locale des points d'équilibre, puis de linéariser le système autour de ces équilibres. Cette section suit une méthodologie classique décrite par Khalil et al. [52] et Ogata et al. [56], qui consiste à étudier la stabilité via le Jacobien, puis à exprimer le modèle sous forme d'espace d'état linéaire.

II.5.1 Étude de stabilité locale

Considérons le modèle AM2 sous forme d'état :

$$\dot{\mathbf{x}} = f(\mathbf{x}, u), \quad \text{où } \mathbf{x} = \begin{bmatrix} S_1 \\ X_1 \\ S_2 \\ X_2 \end{bmatrix}, \quad u = D$$

Un couple $(\mathbf{x}_e, D_e)$ est dit *point d'équilibre* si :

$$f(\mathbf{x}_e, D_e) = 0$$

Pour analyser la stabilité locale autour de ce point, on calcule la matrice Jacobienne du système :

$$A = \left. \frac{\partial f}{\partial \mathbf{x}} \right|_{(\mathbf{x}_e, D_e)}$$

a. Calcul de la matrice Jacobienne

a.1) Rappels des cinétiques et de leurs dérivées

On utilise les notations classiques K_{s1} , K_{s2} , K_I .

Pour les acidogènes (cinétique de Monod) :

$$\mu_1(S_1) = \mu_{1,\max} \cdot \frac{S_1}{K_{s1} + S_1}, \quad \mu_1'(S_1) = \mu_{1,\max} \cdot \frac{K_{s1}}{(K_{s1} + S_1)^2}.$$

Pour les méthanogènes (cinétique de Haldane), posons :

$$g(S_2) = K_{s2} + S_2 + \frac{S_2^2}{K_I}.$$

Alors :

$$\mu_2(S_2) = \mu_{2,\max} \cdot \frac{S_2}{g(S_2)},$$

et, par dérivation quotient :

$$\mu_2'(S_2) = \mu_{2,\max} \cdot \frac{g(S_2) - S_2 g'(S_2)}{[g(S_2)]^2} = \mu_{2,\max} \cdot \frac{K_{s2} - \frac{S_2^2}{K_I}}{\left(K_{s2} + S_2 + \frac{S_2^2}{K_I}\right)^2}.$$

où $g'(S_2) = 1 + \frac{2S_2}{K_I}$.

a.2) Écriture générale de la Jacobienne

La matrice Jacobienne est définie par :

$$A(x, D) = \frac{\partial f(x, D)}{\partial x} = \begin{bmatrix} \frac{\partial \dot{S}_1}{\partial S_1} & \frac{\partial \dot{S}_1}{\partial X_1} & \frac{\partial \dot{S}_1}{\partial S_2} & \frac{\partial \dot{S}_1}{\partial X_2} \\ \frac{\partial \dot{X}_1}{\partial S_1} & \frac{\partial \dot{X}_1}{\partial X_1} & \frac{\partial \dot{X}_1}{\partial S_2} & \frac{\partial \dot{X}_1}{\partial X_2} \\ \frac{\partial \dot{S}_2}{\partial S_1} & \frac{\partial \dot{S}_2}{\partial X_1} & \frac{\partial \dot{S}_2}{\partial S_2} & \frac{\partial \dot{S}_2}{\partial X_2} \\ \frac{\partial \dot{X}_2}{\partial S_1} & \frac{\partial \dot{X}_2}{\partial X_1} & \frac{\partial \dot{X}_2}{\partial S_2} & \frac{\partial \dot{X}_2}{\partial X_2} \end{bmatrix}.$$

a.3) Matrice Jacobienne finale

$$A(x, D) = J = \left[\begin{array}{cc|cc} -D - k_1 \mu'_1(S_1) X_1 & -k_1 \mu_1(S_1) & 0 & 0 \\ \mu'_1(S_1) X_1 & \mu_1(S_1) - \alpha D & 0 & 0 \\ \hline k_2 \mu'_1(S_1) X_1 & k_2 \mu_1(S_1) & -D - k_3 \mu'_2(S_2) X_2 & -k_3 \mu_2(S_2) \\ 0 & 0 & \mu'_2(S_2) X_2 & \mu_2(S_2) - \alpha D \end{array} \right]$$

$$\equiv \left[\begin{array}{c|c} J_{11} & 0 \\ \hline J_{21} & J_{22} \end{array} \right]$$

a.4) Matrice Jacobienne au point d'équilibre (x_e, D_e)

$$J = \left[\begin{array}{cc|cc} -D_e - k_1 \mu'_1(S_1^e) X_1^e & -k_1 \mu_1(S_1^e) & 0 & 0 \\ \mu'_1(S_1^e) X_1^e & \mu_1(S_1^e) - \alpha D_e & 0 & 0 \\ \hline k_2 \mu'_1(S_1^e) X_1^e & k_2 \mu_1(S_1^e) & -D_e - k_3 \mu'_2(S_2^e) X_2^e & -k_3 \mu_2(S_2^e) \\ 0 & 0 & \mu'_2(S_2^e) X_2^e & \mu_2(S_2^e) - \alpha D_e \end{array} \right]$$

$$\equiv \left[\begin{array}{c|c} J_{11} & 0 \\ \hline J_{21} & J_{22} \end{array} \right]$$

b. Analyse numérique des valeurs propres

En utilisant les paramètres cinétiques et stœchiométriques présentés dans le tableau **II.1**, les états d'équilibre ont été déterminés numériquement pour un débit constant $D_e = 0,1 \text{ j}^{-1}$, ce qui correspond à un temps de rétention hydraulique (HRT) de 10 jours — une valeur plus représentative du fonctionnement réel d'un digesteur anaérobie à l'échelle industrielle. Les concentrations d'entrée ont été fixées à $S_{1in} = 40 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ et $S_{2in} = 0.175 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$.

Les valeurs propres de la matrice A pour les différents points d'équilibre sont résumées dans le tableau II.2 :

TABLE II.2 – Valeurs propres de la matrice A autour des équilibres du modèle AM2

Équilibre	Valeurs propres de A (jour ⁻¹)	Stabilité locale
E_0	$-0,5, -0,5, 0,5191, -0,0746$	Instable
E_1	$-0,5, -0,5, -2,0088, -0,1471$	Stable
E_2^1	$-2,481, -0,5, -0,5, 0,5191$	Instable
E_2^2	$-0,5, -0,1965, -0,5, 0,5191$	Instable
E_3^1	$-0,8878, -2,0088, -0,5, -0,5$	Stable
E_3^2	$-2,0088, -0,5, -0,5, 0,1688$	Instable

Parmi les différents équilibres, seuls les points E_1 et E_3^1 sont localement stables. Toutefois, l'équilibre E_1 correspond à une situation dans laquelle la biomasse méthanogène (X_2) est inhibée, ce qui implique une absence de production de biogaz. Cet état n'est donc pas exploitable dans un objectif de valorisation énergétique.

Les équilibres E_3^1 et E_3^2 présentent la coexistence des deux populations bactériennes (X_1 et X_2), ce qui permet une transformation complète de la matière organique en biogaz. Cependant, seul l'équilibre E_3^1 est stable, tandis que E_3^2 présente une instabilité locale.

L'équilibre E_3^1 constitue donc l'unique point de fonctionnement stable et biologiquement pertinent, et sera utilisé comme point de référence pour la conception de lois de commande dans la suite de ce travail.

II.5.2 Linéarisation autour d'un point d'équilibre

Afin d'analyser dynamiquement le système autour d'un point de fonctionnement pertinent, on procède à une linéarisation du modèle AM2 autour de l'état d'équilibre E_3^1 , qui est à la fois localement stable et biologiquement significatif, pour les mêmes conditions opératoires mentionnées précédemment.

On introduit les variables déviées autour de ce point d'équilibre :

$$\delta \mathbf{x}(t) = \mathbf{x}(t) - \mathbf{x}_e, \quad \delta u(t) = u(t) - D_e, \quad \mathbf{x}(t) = \begin{bmatrix} S_1 \\ X_1 \\ S_2 \\ X_2 \end{bmatrix}$$

Le système non linéaire est alors approché par un modèle linéaire présenté sous la forme de la représentation d'état suivante :

$$\begin{cases} \delta \dot{\mathbf{x}}(t) = A \cdot \delta \mathbf{x}(t) + B \cdot \delta u(t) \\ \delta y(t) = C \cdot \delta \mathbf{x}(t) \end{cases}$$

Matrice B : dérivée par rapport au débit

La matrice B est obtenue par différentiation du modèle par rapport à l'entrée D , au point $(\mathbf{x}_e, D_e)$:

$$B = \left. \frac{\partial f}{\partial D} \right|_{(\mathbf{x}_e, D_e)} = \begin{bmatrix} S_{1,\text{in}} - S_1^e \\ -\alpha X_1^e \\ S_{2,\text{in}} - S_2^e \\ -\alpha X_2^e \end{bmatrix}$$

Matrice C : sortie choisie S_2

La sortie d'intérêt étant la concentration en acide acétique S_2 , directement liée à la production de méthane, la matrice de sortie est :

$$C = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

Exemple numérique autour de l'équilibre E_3^1

Pour le point d'équilibre E_3^1 , obtenu pour un débit constant $D_e = 0.1 \text{ j}^{-1}$, les valeurs d'équilibre simulées sont les suivantes [12] :

$$S_1^e = 0.0325 \text{ g/L}, \quad X_1^e = 1.061 \text{ g/L}, \quad S_2^e = 0.078 \text{ g/L}, \quad X_2^e = 0.533 \text{ g/L}$$

À l'aide des paramètres du tableau II.1 et des valeurs ci-dessus, on obtient les matrices du système linéarisé (dans l'ordre (S_1, X_1, S_2, X_2)) :

$$A = \begin{bmatrix} -0.894 & -1.529 & 0 & 0 \\ 9.364 & 0.036 & 0 & 0 \\ -9.454 & 106.94 & -0.733 & -33.45 \\ 0 & 0 & 2.008 & 0.055 \end{bmatrix}, \quad B = \begin{bmatrix} 0.9675 \\ -1.061 \\ 0.422 \\ -0.533 \end{bmatrix}, \quad C = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

Calcul de la fonction de transfert

La fonction de transfert entre la variation du débit $\delta u(t)$ et la sortie $\delta y(t)$ (variation de la concentration en produit final S_2) est donnée par :

$$G(s) = C(sI - A)^{-1}B$$

Par calcul numérique sous MATLAB, on obtient la fonction de transfert sous la forme :

$$G(s) = \frac{0,422s^3 - 104,4s^2 + 880,4s + 207,5}{s^4 + 1,536s^3 + 81,99s^2 + 67,28s + 958,9}$$

Cette fonction de transfert servira de base à la conception de lois de commande linéaires dans les chapitres suivants, notamment les stratégies PID et de retour d'état.

II.6 Analyse Dynamique du Système

II.6.1 Portrait de Phase

Le portrait de phase montre une convergence des trajectoires vers des points d'équilibre stables, selon les conditions initiales.

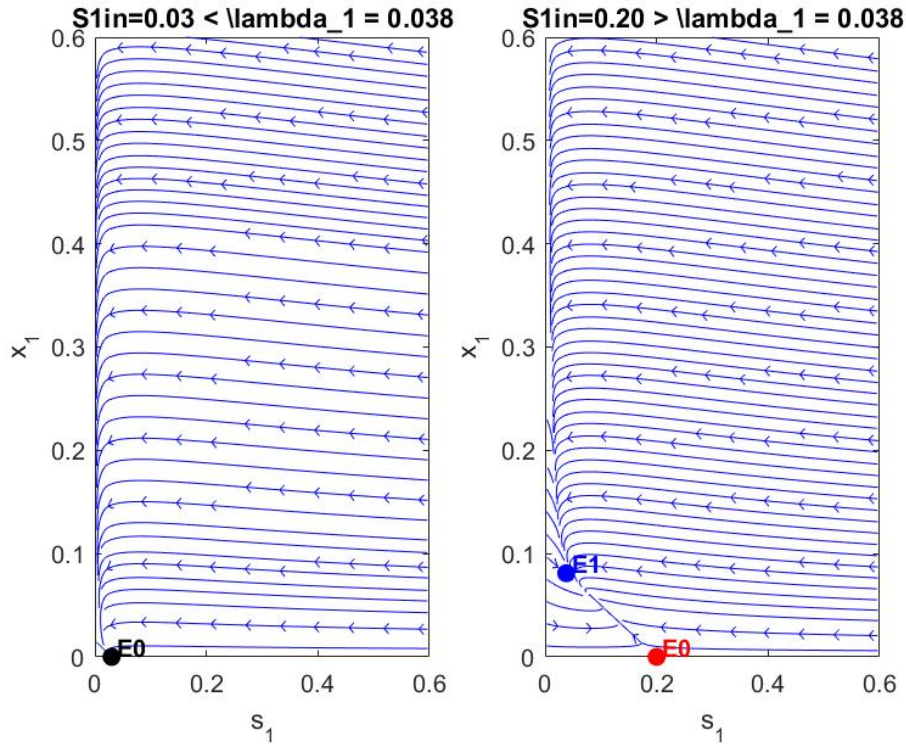


FIGURE II.2 – Portraits de phase (S_1, X_1) obtenus pour une variation de $(S_{1,in})$

Les résultats des simulations du portrait de phase dans le plan (S_1, X_1) pour $D = 0.4$ et $\mu_{1,\max} = 1,2j^{-1}$ montrent que le point E_0 , correspondant au lessivage de la biomasse X_1 , est instable, tandis que le point E_1 , traduisant la persistance de X_1 , est stable. Cette configuration demeure valide pour toute valeur de $D \in [0, 0.5]$, puisque $\mu(s_{1in}) > D$ et $S_{1in} > \lambda_1$, conditions qui assurent l'existence de E_1 . En revanche, lorsque $S_{1in} = 0.3$ avec $D = 0.4$, on constate que E_1 disparaît ($S_{1in} < \lambda_1$) et que E_0 devient stable, ce qui traduit la condition $\mu(s_{1in}) < D$.

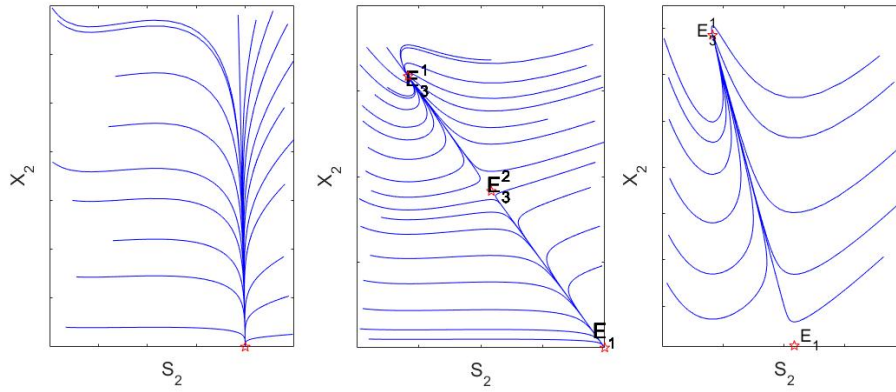


FIGURE II.3 – Portrait de phase (S_2, X_2) obtenus pour une variation de $(S_{2,in})$ pour $D=0,4$

L'analyse des portraits de phase présentés sur la figure ci-dessus dans le plan (S_2, X_2) illustre clairement deux comportements possibles du système en fonction de la valeur initiale du substrat $S_{2,in}$. Dans le premier cas (figure de gauche), quelle que soit la condition initiale, les trajectoires convergent vers l'équilibre E_1 , caractérisé par une biomasse méthanogène X_2 nulle et une accumulation du substrat S_2 . Ce régime correspond au lessivage, où la population méthanogène disparaît et le processus de digestion anaérobie est inhibé. Dans le deuxième cas (figure centrale), plusieurs équilibres coexistent : E_1 (lessivage), E_3^2 (instable) et E_3^1 (équilibre fonctionnel). Selon la valeur de $S_{2,in}$, le système peut évoluer vers E_1 si la concentration initiale en substrat est trop élevée ou si la biomasse est insuffisante, ou bien vers E_3^1 si $S_{2,in}$ se situe dans une plage modérée et que X_2 initial est assez important. Cet équilibre E_3^1 traduit le fonctionnement stable du digesteur, où la biomasse méthanogène se maintient et consomme efficacement le substrat. Enfin, dans le troisième cas (figure de droite), on observe encore la coexistence de deux régimes : l'équilibre fonctionnel et le lessivage, séparés par une frontière dynamique fortement influencée par $S_{2,in}$. Ainsi, ces résultats mettent en évidence la sensibilité du système aux conditions initiales : un $S_{2,in}$ trop élevé conduit inévitablement au lessivage, tandis qu'un $S_{2,in}$ adapté permet le maintien de l'équilibre fonctionnel.

II.6.2 Réponse Temporelle

La réponse temporelle permet d'observer l'évolution des variables d'état en fonction du temps. Elle est présentée pour deux cas :

— **Système AM2 Linéaire :**

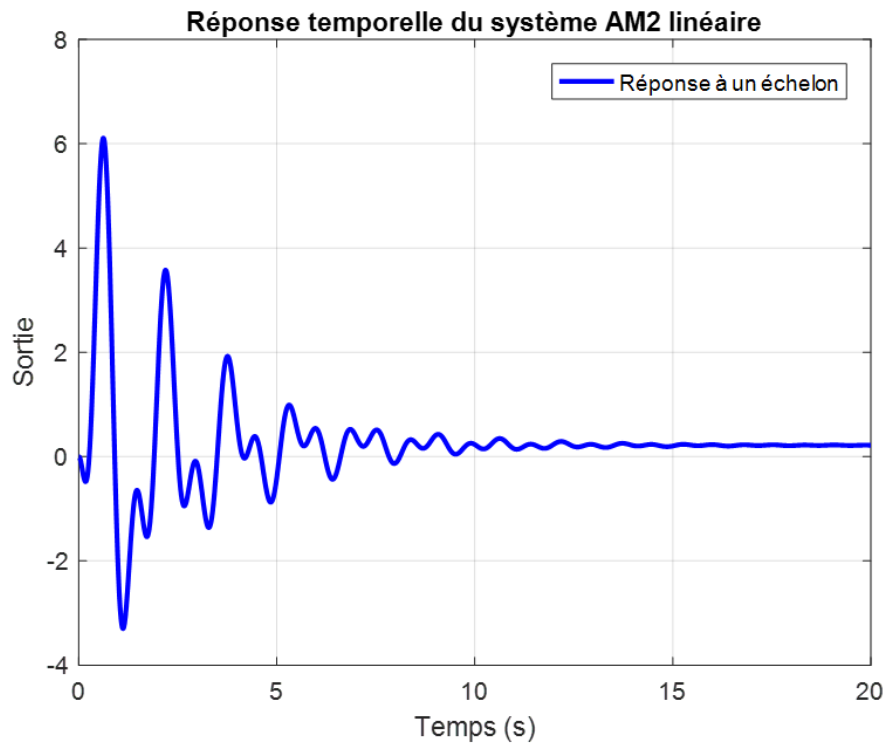


FIGURE II.4 – Réponse temporelle du système AM2 linéaire

— **Système AM2 Non Linéaire :**

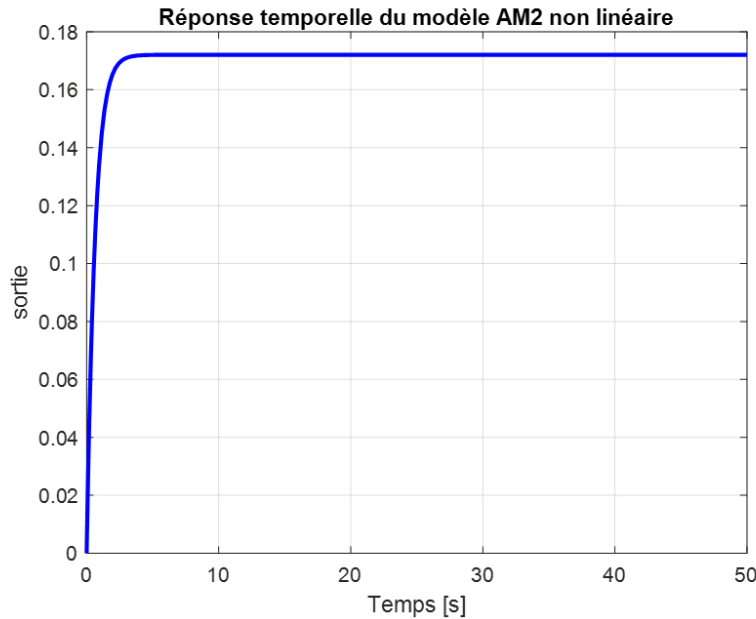


FIGURE II.5 – Réponse temporelle du système AM2 non linéaire

La comparaison des réponses temporelles obtenues pour le modèle AM2 linéaire et non linéaire met en évidence des différences significatives. En effet, la réponse du système linéaire présente des oscillations marquées traduisant un comportement faiblement amorti, puis elle tend progressivement vers zéro. Ce résultat s'explique par le fait que la linéarisation, réalisée autour d'un point d'équilibre, ne reste valide que localement et ne permet pas de reproduire fidèlement la dynamique globale du système. Ainsi, dans ce cadre simplifié, l'entrée appliquée ne génère pas de régime permanent non nul et la sortie revient artificiellement à l'état initial. À l'inverse, le modèle non linéaire traduit plus justement la réalité physique : la réponse croît de manière monotone avant de se stabiliser à une valeur constante positive. Cette différence illustre les limites de la modélisation linéaire, utile pour l'analyse locale et la conception de lois de commande, mais insuffisante pour prédire le comportement global. Le modèle non linéaire demeure donc indispensable pour décrire l'évolution réelle du procédé et mettre en évidence l'existence d'un régime stationnaire stable.

II.7 Simulation du modèle

II.7.1 Conditions initiales

Afin d'analyser une situation représentative d'un fonctionnement stable du procédé, le système est initialisé au voisinage d'un **équilibre de coexistence**, où les deux populations bactériennes sont présentes. Les conditions initiales utilisées sont :

$$x_0 = \begin{bmatrix} S_1(0) \\ S_2(0) \\ X_1(0) \\ X_2(0) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,0325 \\ 0,078 \\ 1,061 \\ 0,533 \end{bmatrix} \quad [\text{g/L}].$$

Ces valeurs correspondent à un point d'équilibre E_3^1 du modèle AM2, déterminé à partir des équations différentielles en annulant les dérivées. En partant de cet état, il est possible d'étudier l'effet de perturbations sur la stabilité dynamique du système, notamment sous l'action de variations du taux de dilution $D(t)$ ou de la concentration en substrat entrant $S_1^{\text{in}}(t)$.

II.7.2 Méthodologie de simulation

Dans le but d'analyser la sensibilité du modèle de digestion anaérobie AM2 face à des perturbations dynamiques, nous avons simulé différents scénarios de fonctionnement en faisant varier les conditions opératoires. Les deux principales variables d'entrée manipulées sont :

- le débit d'alimentation $D(t)$, qui représente l'inverse du temps de séjour hydraulique,
- la concentration de l'influent en entrée $S_1^{\text{in}}(t)$.

L'étude a pour objectif d'évaluer l'impact de variations temporelles de ces entrées sur les dynamiques internes du digesteur, notamment la croissance des biomasses acidogène (X_1) et méthanogène (X_2), la consommation des substrats (S_1, S_2), ainsi que la production de biogaz. Ce type d'analyse est essentiel pour mieux comprendre le comportement transitoire du système et identifier les situations pouvant conduire à des instabilités ou à une baisse de performance [4, 33].

Quatre cas de simulation sont définis selon les combinaisons de variations du débit et de la concentration du substrat :

TABLE II.3 – Résumé des scénarios simulés dans les cas 1 à 4

Cas	Débit $D(t)$ [j^{-1}]	Substrat $S_1^{\text{in}}(t)$ [g/L]
1	Constant ($D(t) = 0,05$)	Constant ($S_1^{\text{in}}(t) = 25$)
2	Sinusoidal ($D(t) = 0,05 + 0,005 \cdot \sin(\frac{2\pi t}{10})$)	Constant ($S_1^{\text{in}}(t) = 25$)
3	Constant ($D(t) = 0,05$)	Escalier ($S_1^{\text{in}}(t) = 25 + 15 \cdot \text{square}(0,3t)$)
4	Sinusoidal ($D(t) = 0,05 + 0,005 \cdot \sin(\frac{2\pi t}{10})$)	Escalier ($S_1^{\text{in}}(t) = 25 + 15 \cdot \text{square}(0,3t)$)

Les équations différentielles du modèle AM2 sont résolues numériquement sous MATLAB à l'aide du solveur ode45, qui est basé sur une méthode de Runge-Kutta d'ordre 4 et particulièrement adapté aux systèmes modérément raides [42]. Les conditions initiales étant constantes pour tous les cas, afin de permettre une comparaison cohérente entre les différents scénarios.

Chaque simulation est réalisée sur un horizon temporel de 100 jours. Les fonctions de variation temporelle utilisées sont définies de manière à introduire des perturbations réalistes et non destructives, compatibles avec le bon fonctionnement du digesteur. Par exemple, le débit variable est modélisé par une fonction sinusoïdale, tandis que le substrat variable suit un profil en escalier simulant une alternance de phases riches et pauvres en matières polluantes.

Les résultats graphiques obtenus permettent d'analyser l'impact de ces perturbations sur les performances du système. Ce type d'approche permet d'évaluer la robustesse du modèle AM2 face aux fluctuations opérationnelles et constitue une base pour les futures stratégies de commande et de régulation [57, 58].

II.7.3 Résultats et interprétation

Cette section présente les résultats issus des quatre simulations du modèle AM2. Chaque scénario correspond à une combinaison spécifique des entrées du système : $D(t)$ et $S_1^{\text{in}}(t)$. Les figures montrent l'évolution temporelle des états internes (X_1 , X_2 , S_1 , S_2 , Q_{gaz}), précédée d'une représentation des entrées appliquées dans chaque cas.

Cas 1 : Débit constant, substrat constant

Entrées appliquées :

- **Taux de dilution** : $D(t) = 0,05 \text{ jour}^{-1}$ (valeur constante)
- **Substrat entrant** : $S_1^{\text{in}}(t) = 25 \text{ g/L}$ (valeur constante)

Ce cas correspond à un fonctionnement en régime stationnaire, où le taux de dilution ainsi que la concentration en substrat à l'entrée du réacteur sont maintenus constants. Ce choix permet d'analyser le comportement asymptotique du modèle AM2 autour d'un point d'équilibre connu. Les conditions initiales

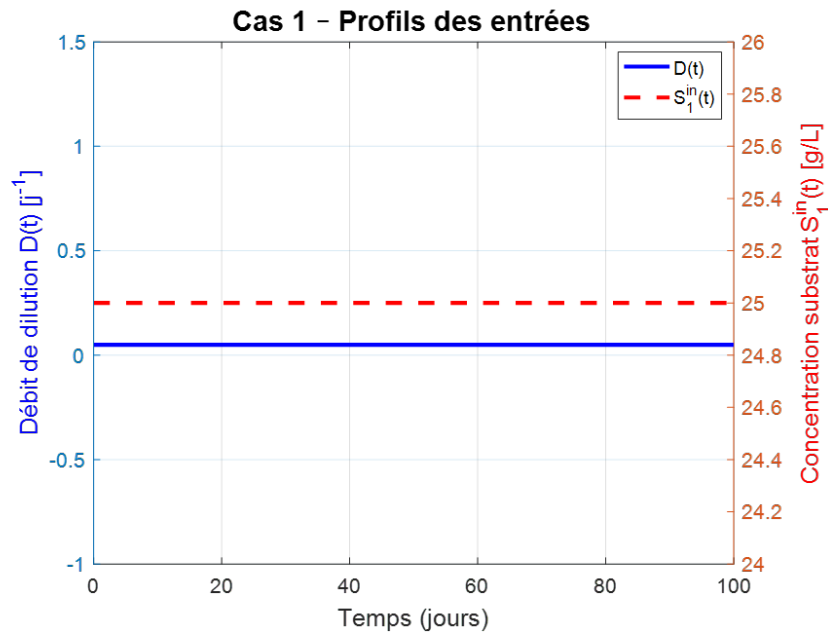


FIGURE II.6 – Profil des entrées $D(t)$ et $S_{1,in}(t)$: cas 1

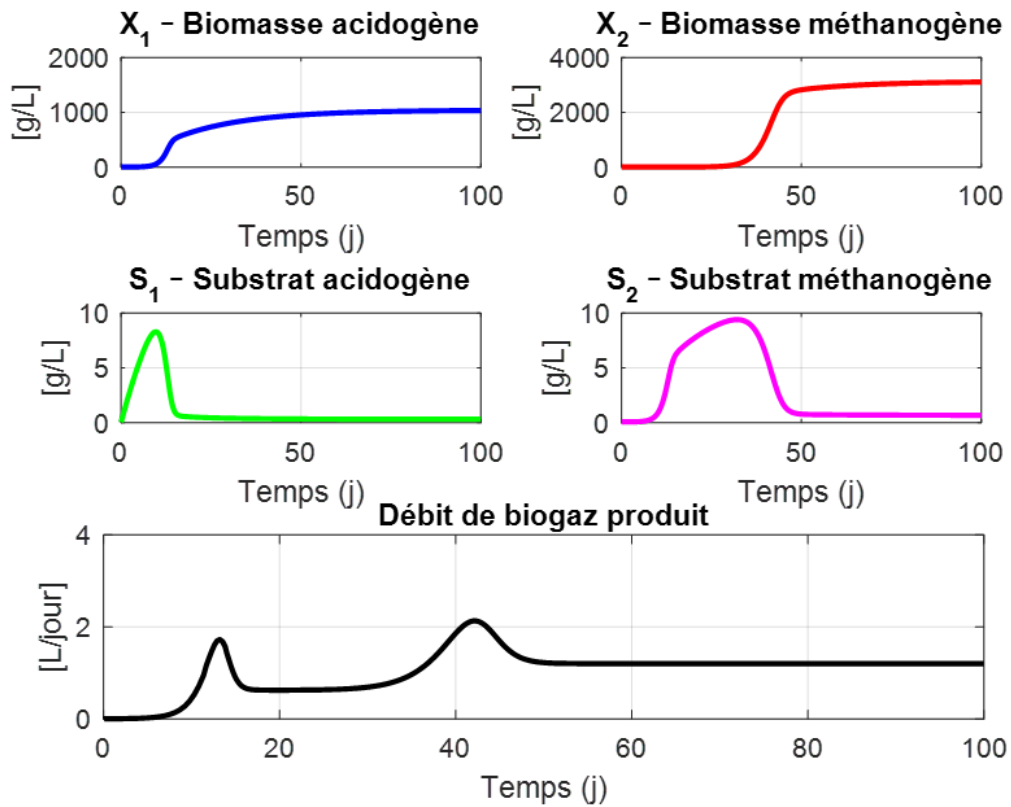


FIGURE II.7 – Évolution des variables du modèle AM2 : Débit constant, substrat constant.

Interprétation :

Au début de la simulation, la biomasse acidogène X_1 se développe rapidement grâce à la disponibilité du substrat S_1 . Une fois cette phase de croissance passée, elle atteint un niveau stable qui reflète un équilibre entre l'apport en substrat et son activité métabolique.

De son côté, la biomasse méthanogène X_2 met un peu plus de temps à s'adapter : elle reste faible au départ, puis commence à croître fortement lorsque le substrat intermédiaire S_2 est produit en quantité suffisante par les acidogènes. Après cette phase d'expansion, elle se stabilise également à un niveau élevé.

Le substrat S_1 , introduit de façon continue, est très vite consommé par X_1 et tend presque vers zéro. En revanche, le substrat méthanogène S_2 s'accumule pendant un certain temps, avant d'être rapidement utilisé par X_2 , ce qui explique sa forte diminution par la suite.

La production de biogaz q_{CH_4} suit cette dynamique : elle connaît deux pics successifs, correspondant d'abord à la consommation du substrat S_1 , puis à l'activité plus intense des méthanogènes grâce à S_2 . Finalement, le système atteint un régime permanent où la production de méthane se maintient à un niveau constant.

En résumé, on observe une succession de phases transitoires – croissance, accumulation puis consommation – avant que le digesteur n'entre dans un état stable. Ce comportement illustre bien la complémentarité entre les deux populations microbiennes et leur rôle dans la stabilité de la production de méthane.

Cas 2 : Débit variable, substrat constant**Entrées appliquées :**

- **Taux de dilution** : $D(t) = 0,05 + 0,005 \cdot \sin\left(\frac{2\pi t}{10}\right)$ jour⁻¹ (variation sinusoïdale)
- **Concentration du substrat entrant** : $S_1^{\text{in}}(t) = 25$ g/L (valeur constante)

Ce scénario vise à étudier l'effet des fluctuations hydrauliques sur le comportement du système, tout en maintenant une charge organique constante. Le débit d'entrée suit un profil sinusoïdal centré autour de 0,05 j⁻¹, ce qui reflète des perturbations modérées pouvant survenir dans un contexte réel (ex. : variation de pompe, alimentation non homogène, etc.). Le substrat entrant restant constant permet d'isoler l'effet dynamique du débit seul sur la production de biogaz et les populations microbiennes.

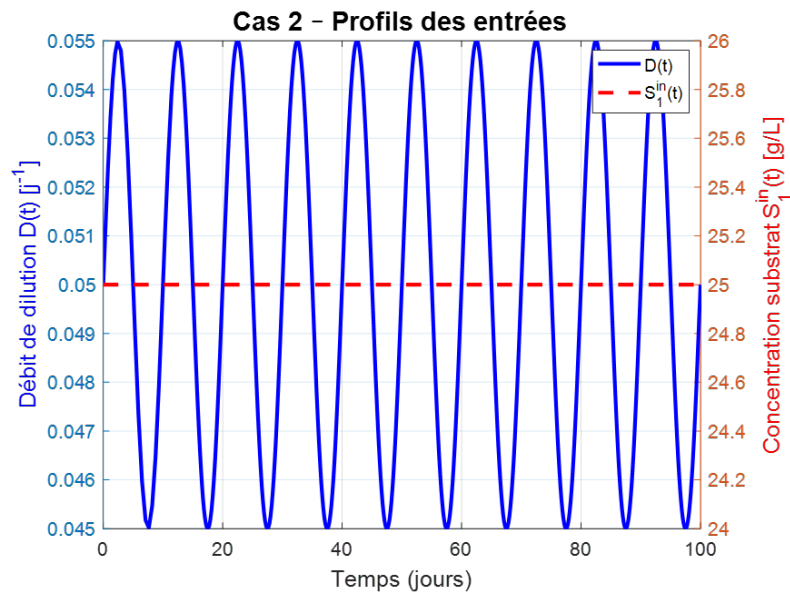


FIGURE II.8 – Profil des entrées $D(t)$ et $S_1^{\text{in}}(t)$: Cas 2.

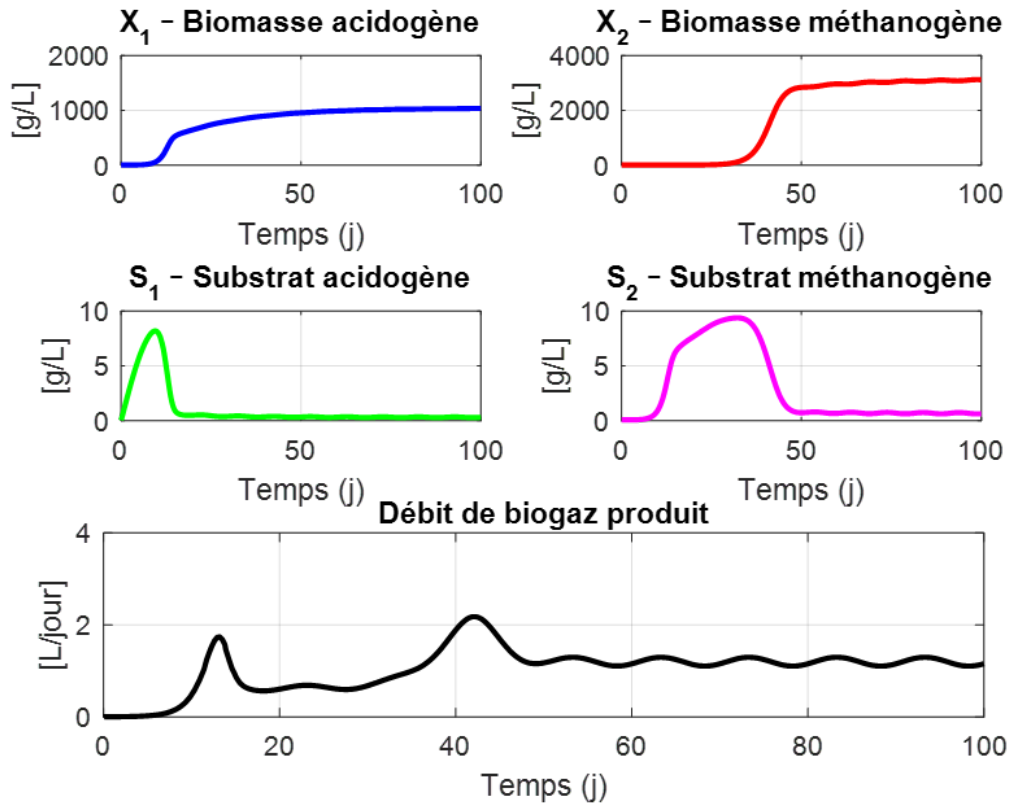


FIGURE II.9 – Évolution des variables du modèle AM2 : Débit variable, substrat constant.

Interprétation :

Dans ce scénario, la biomasse acidogène X_1 connaît une croissance continue qui atteint rapidement un niveau stable, traduisant une bonne adaptation des bactéries acidogènes à l'environnement du réacteur. La biomasse méthanogène X_2 , après une phase d'adaptation plus longue, finit elle aussi par croître de manière soutenue, puis se stabilise avec de petites oscillations qui reflètent l'impact des variations de débit sur son activité.

Le substrat acidogène S_1 s'accumule fortement au départ, puis chute rapidement pour se maintenir à un niveau très bas, signe qu'il est efficacement consommé par X_1 . Quant au substrat méthanogène S_2 , il présente une accumulation transitoire importante avant d'être progressivement utilisé par X_2 . Les oscillations observées en fin de période indiquent que les variations hydrauliques perturbent légèrement son équilibre, sans toutefois déstabiliser le système.

Le débit de biogaz q_{CH_4} traduit bien cette dynamique : il présente plusieurs pics successifs, correspondant aux phases d'accumulation et de consommation des substrats, avant de tendre vers un régime quasi stable. Ces fluctuations montrent que la production de méthane reste soutenue malgré les perturbations imposées au débit.

En résumé, ce cas illustre la résilience du procédé anaérobie : même en présence de variations hydrauliques, le système parvient à maintenir une activité microbienne efficace et une production de biogaz relativement stable, ce qui est un atout important pour son exploitation en conditions réelles.

Cas 3 : Débit constant, substrat variable**Entrées appliquées :**

- **Taux de dilution** : $D(t) = 0,05 \text{ jour}^{-1}$ (valeur constante)
- **Concentration du substrat entrant** : $S_1^{\text{in}}(t) = 25 + 15 \cdot [\text{square}(0,3t) + 1] \text{ g/L}$ (profil en escalier)

Ce scénario reproduit une variation brutale et périodique de la concentration du substrat entrant, simulée à l'aide d'un signal en escalier. Cette forme d'entrée représente une situation où le réacteur reçoit par intermittence une charge organique plus élevée (par exemple due à une alimentation discontinue ou irrégulière). Le débit d'alimentation est maintenu constant afin d'observer uniquement l'effet de la variation de charge organique sur la dynamique du système.

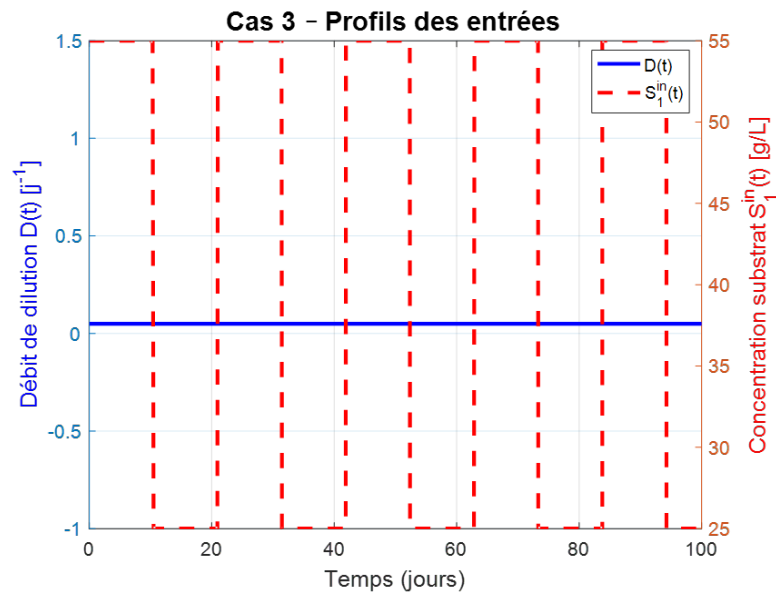


FIGURE II.10 – Profil des entrées $D(t)$ et $S_1^{\text{in}}(t)$: Cas 3.

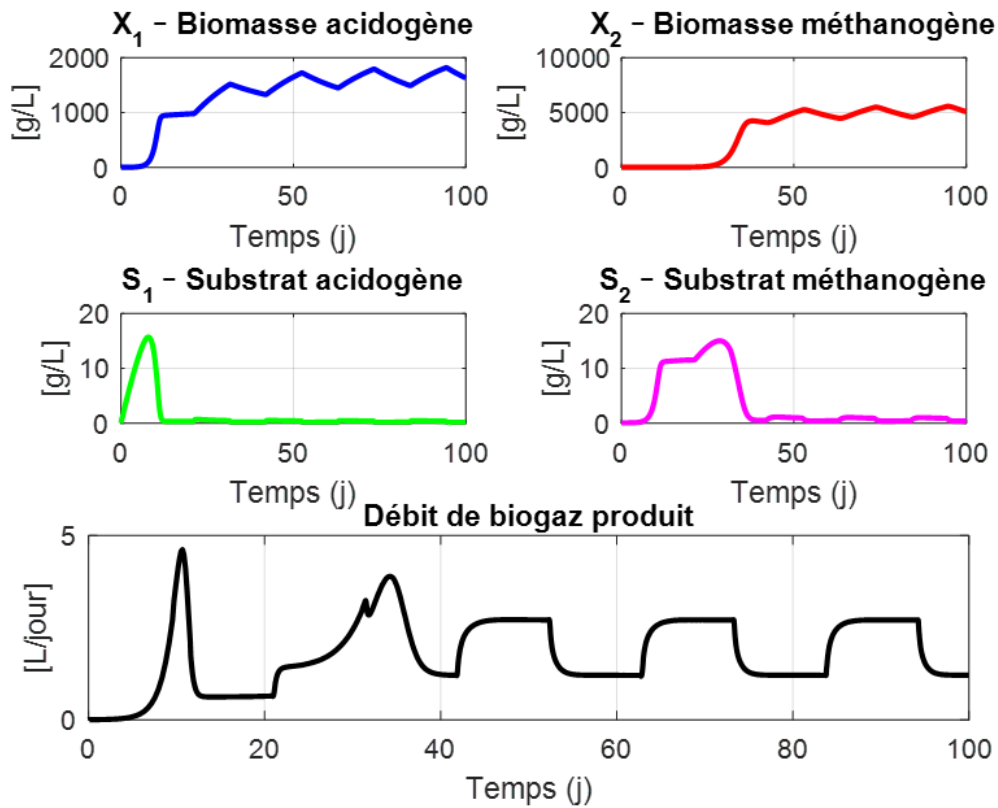


FIGURE II.11 – Évolution des variables du modèle AM2 – Cas 3 : Débit constant, substrat variable.

Interprétation : La biomasse acidogène X_1 présente une croissance rapide dès les premiers jours, atteignant ensuite une phase de stabilisation autour de valeurs élevées. Cette dynamique reflète une forte réactivité de la communauté acidogène face aux apports discontinus de substrat S_1^{in} . Autrement dit, les bactéries acidogènes s'adaptent rapidement aux variations de charge organique et parviennent à maintenir une activité soutenue.

La biomasse méthanogène X_2 réagit plus lentement, avec une progression graduelle qui traduit son temps de réponse biologique plus long. Malgré cette inertie, elle réussit à se stabiliser sans signe d'effondrement, ce qui souligne la robustesse et la résilience de cette population microbienne.

Le substrat acidogène S_1 montre un pic marqué autour du 10^e jour, suivi d'une diminution rapide, indiquant que la consommation par X_1 finit par compenser les apports massifs. Le substrat intermédiaire S_2 , issu de la dégradation de S_1 , présente quant à lui une accumulation transitoire avant de décroître, traduisant son rôle central de passerelle métabolique vers la méthanogenèse.

Enfin, la production de biogaz suit cette dynamique globale : elle augmente fortement après le pic de substrat, atteint un maximum vers le 15^e jour, puis se stabilise avec des oscillations en fonction des apports successifs. Ce décalage temporel illustre bien l'inertie biologique du processus, où la réponse en méthane est toujours retardée par rapport aux variations de la charge organique.

Dans l'ensemble, cette simulation met en évidence la capacité du système à encaisser des perturbations importantes liées à des apports discontinus, sans échec du processus. Cette robustesse est un atout essentiel pour les applications industrielles, où la qualité des intrants est rarement constante.

Cas 4 : Débit variable, substrat variable

Entrées appliquées :

- **Taux de dilution** : $D(t) = 0,05 + 0,003 \cdot \sin\left(\frac{2\pi t}{10}\right)$ jour⁻¹ (variation sinusoïdale autour de 0,01)
- **Concentration du substrat entrant** : $S_1^{\text{in}}(t) = 25 + 15 \cdot [\text{square}(0,3t) + 1]$ g/L (profil en escalier alternant entre 25 et 40 g/L)

Ce cas représente une situation où le bioréacteur est soumis simultanément à des fluctuations hydrauliques et organiques. Les deux entrées principales varient dans le temps, l'une de manière continue (sinusoïdale pour D), l'autre de manière discontinue (escalier pour S_1^{in}), ce qui permet d'analyser la réponse du système à des perturbations combinées, proches de celles rencontrées dans des conditions d'exploitation réelles.

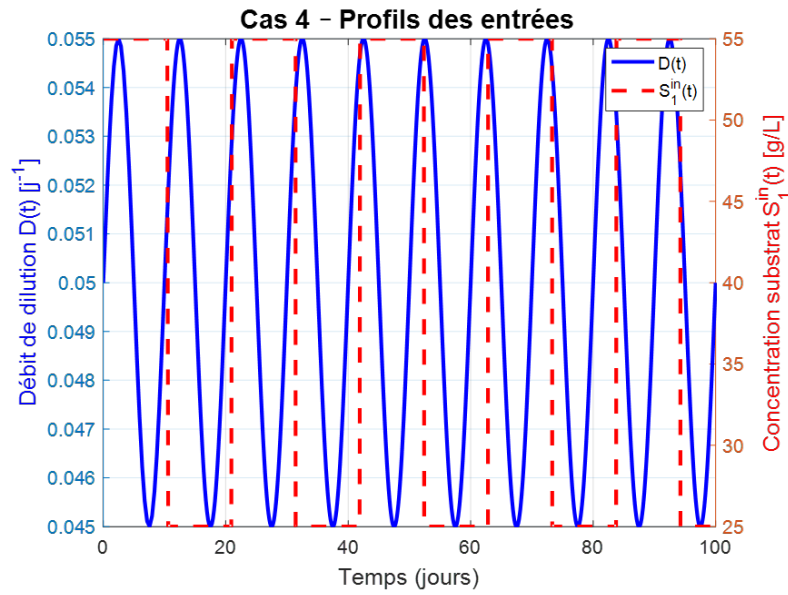


FIGURE II.12 – Profil des entrées $D(t)$ et $S_1^{\text{in}}(t)$: Cas 4.

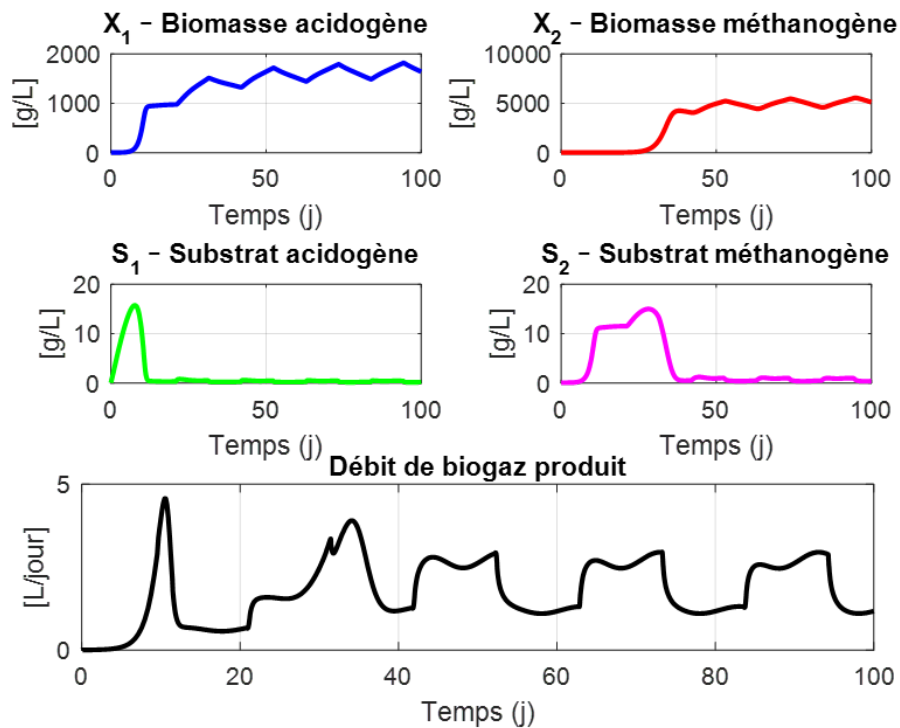


FIGURE II.13 – Évolution des variables du modèle AM2 – Cas 4 : Débit et substrat variables.

Interprétation :

Ce scénario combine les effets des perturbations dynamiques, à la fois hydrauliques et liées à la charge organique. La biomasse acidogène X_1 réagit de manière vive aux

fluctuations, avec une croissance soutenue dès les premiers jours. Cette dynamique traduit une forte capacité d'assimilation du substrat entrant, même dans un contexte instable.

La biomasse méthanogène X_2 , bien que caractérisée par une réponse plus lente, suit également une trajectoire ascendante et se stabilise progressivement sans effondrement. Cela témoigne de la résilience du consortium méthanogène face au double stress imposé par les variations de débit et de substrat.

Le substrat S_1 présente une accumulation transitoire jusqu'à un pic marqué autour du 10^e jour, avant de décroître rapidement sous l'effet de la consommation par X_1 . Le substrat intermédiaire S_2 , issu de cette conversion, montre une croissance significative suivie d'une stabilisation, confirmant l'intérêt de S_2 entre les deux populations microbiennes.

La production de biogaz reflète directement cette dynamique : elle augmente fortement dès les premiers jours, atteint un maximum vers le 15^e jour, puis adopte un profil oscillant en fonction des variations successives du débit et du substrat. Ce décalage temporel illustre le couplage étroit entre l'hydraulique et la biodégradation, tout en révélant une certaine inertie du système.

Dans l'ensemble, cette simulation met en évidence la capacité d'adaptation du procédé anaérobie à des conditions particulièrement variables. Elle souligne aussi l'importance de la synergie entre le débit et la charge organique pour optimiser le rendement en biogaz, tout en montrant les limites d'un fonctionnement instable sur la durée.

II.7.4 Synthèse comparative

L'analyse des quatre scénarios simulés permet de mieux comprendre l'influence respective et combinée du débit d'alimentation $D(t)$ et de la concentration du substrat entrant $S_1^{\text{in}}(t)$ sur la dynamique du procédé anaérobie décrit par le modèle AM2.

Dans le **cas 1** (débit constant, substrat constant), le système se comporte de manière prévisible : les biomasses se développent progressivement jusqu'à atteindre des valeurs stables, tandis que les substrats sont consommés et se stabilisent à des niveaux faibles. La production de méthane suit cette dynamique, d'abord marquée par des pics transitoires, puis par un régime stationnaire. Ce scénario constitue une référence, représentant un fonctionnement optimal et équilibré du digesteur.

Le **cas 2** (débit variable, substrat constant) introduit des perturbations hydrauliques qui engendrent des oscillations modérées dans les concentrations internes. Malgré ces fluctuations, le système conserve une bonne stabilité : les biomasses s'adaptent, les substrats restent globalement maîtrisés, et la production de biogaz demeure soutenue. Ce comportement illustre la résilience du procédé face à des variations du temps de séjour, fréquentes en conditions réelles.

Dans le **cas 3** (débit constant, substrat variable), les perturbations viennent cette fois

du substrat entrant. Les réponses transitoires sont plus marquées : la biomasse acidogène X_1 réagit rapidement aux apports discontinus, tandis que la biomasse méthanogène X_2 suit avec un léger décalage, traduisant son temps de réponse plus long. Les substrats connaissent des phases d'accumulation et de consommation, et la production de biogaz fluctue en conséquence. Cette simulation met en évidence la capacité du système à absorber des pics de charge organique, tout en conservant une production robuste.

Enfin, le **cas 4** (débit variable, substrat variable) combine les deux types de perturbations, générant une dynamique plus complexe et moins prévisible. Les biomasses montrent une forte réactivité, les substrats oscillent selon les apports et la dilution, et la production de biogaz atteint des niveaux élevés avant de présenter des phases de décroissance. Ce scénario illustre à la fois la sensibilité du système aux variations multiples et sa capacité d'adaptation, même en contexte instable.

En comparant ces scénarios, on constate que les variations du substrat (cas 3) exercent un impact plus marqué que celles du débit (cas 2). Leur combinaison (cas 4) amplifie les effets, complexifie la dynamique et rend la stabilité plus délicate à maintenir. Toutefois, ces résultats montrent également que le modèle AM2, et par extension le procédé anaérobie, possède une bonne robustesse face à des perturbations modérées. Cela confirme l'importance d'intégrer des stratégies de régulation pour exploiter le potentiel de rendement tout en assurant la stabilité du système en conditions industrielles réelles.

TABLE II.4 – Comparaison des quatre scénarios simulés

Critères	Cas 1	Cas 2	Cas 3	Cas 4
Taux de dilution $D(t)$	Constant	Sinusoïdal autour de 0,01	Constant	Sinusoïdal faible autour de 0,01
Substrat entrant $S_1^{\text{in}}(t)$	Constant (25 g/L)	Constant (25 g/L)	Profil en escalier entre 25 et 40 g/L	Profil en escalier entre 25 et 40 g/L
Biomasse acidogène X_1	Croissance régulière vers un équilibre	Croissance continue avec oscillations douces	Forte croissance après pics de substrat	Réaction dynamique avec forte croissance
Biomasse méthanogène X_2	Croissance progressive après une baisse initiale	Légèrement affectée, stable	Croissance modérée et retardée	Croissance couplée, sans instabilité
Substrat acidogène S_1	Accumulation puis stabilisation	Oscillations liées au débit	Pics puis diminution après apports	Pic net suivi d'une décrue
Substrat intermédiaire S_2	Croissance lente et continue	Croissance modérée avec oscillations	Accumulation progressive	Croissance soutenue malgré perturbations
Production de méthane CH_4	Croissance quasi-linéaire	Croissance continue mais perturbée	Pic marqué suivi d'une décroissance lente	Pic élevé vers le jour 15 puis stabilisation
Robustesse du système	Très stable	Bonne adaptation aux variations hydrauliques	Bonne résilience aux apports variables	Bonne robustesse face aux perturbations combinées

II.8 Conclusion

Ce chapitre a décrit la structure et la dynamique du modèle AM2, illustrant sa capacité à représenter le comportement d'un réacteur anaérobie à deux étapes. Les simulations ont mis en évidence l'influence des conditions d'entrée sur la stabilité et la performance du système, constituant ainsi une base solide pour le développement de stratégies de commande robustes abordées au chapitre suivant.

Chapitre III

Contrôle de modèle AM2

III.1 Introduction

Le contrôle des systèmes dynamiques joue un rôle fondamental dans l'assurance de la stabilité, de la performance et de la robustesse des procédés industriels complexes, tels que les bioréacteurs anaérobies modélisés par le modèle AM2. L'intégration d'une stratégie d'automatisation dans ces procédés permet non seulement de maintenir les conditions optimales de fonctionnement, mais également de garantir une réponse adaptée face aux perturbations externes ou aux variations de charge.

Dans ce chapitre, nous explorons plusieurs techniques de commande appliquées au modèle AM2. La première approche étudiée est la commande classique de type PID, qui est largement utilisée pour sa simplicité de mise en œuvre. Ensuite, une commande linéarisante par retour d'état est développée, visant à transformer le système non linéaire en un système linéaire équivalent. Nous présentons également une méthode de commande non linéaire robuste, plus adaptée aux dynamiques complexes et fortement couplées avec le modèle.

Ces différentes approches seront analysées et comparées en termes de stabilité, de performance de suivi et de robustesse face aux perturbations, afin d'identifier les stratégies les plus efficaces pour le contrôle du système AM2.

III.2 Pourquoi contrôler un bio digesteur ?

Le contrôle des biodigesteurs anaérobies revêt une importance capitale pour garantir un fonctionnement stable, efficace et durable du procédé. En effet, l'automatisation de ces systèmes biologiques complexes permet de maintenir les conditions opératoires optimales, telles que la température, le pH, le débit d'alimentation ou la concentration des influents, afin d'assurer une activité microbienne efficace et continue. Cette maîtrise contribue à une production plus homogène de biogaz, améliore la répétabilité des résultats

expérimentaux, et augmente la précision du suivi des variables critiques.

De plus, une régulation bien conçue garantit la qualité constante du produit final, tout en limitant les risques d'instabilité ou de défaillance biologique, notamment liés à l'accumulation des acides dans le milieu ou à l'inhibition de certaines populations microbiennes par d'autres facteurs de risque. Elle permet également d'optimiser les conditions de travail, en automatisant les tâches de surveillance, et de réduire les coûts d'exploitation en minimisant les pertes énergétiques et les interventions correctives.

Ainsi, le développement de stratégies de commande adaptées constitue un levier essentiel pour améliorer les performances globales du digesteur et soutenir une valorisation énergétique efficace des déchets organiques.

III.3 Régulation du modèle AM2 par un contrôleur PID

Le régulateur **PID (Proportionnel–Intégral–Dérivatif)** est largement utilisé pour le contrôle des systèmes industriels et biologiques en raison de sa structure simple et de son efficacité prouvée dans un large éventail d'applications [59, 56]. Il calcule l'entrée $u(t)$ comme combinaison linéaire de l'erreur $e(t)$, de son intégrale et de sa dérivée :

$$u(t) = K_p e(t) + K_i \int_0^t e(\tau) d\tau + K_d \frac{de(t)}{dt}$$

où $e(t) = r(t) - y(t)$ est l'erreur entre la consigne $r(t)$ (ici, la limite de la matière organique désirée en sortie) et la sortie mesurée $y(t)$.

III.3.1 Commande PID appliquée au modèle AM2 linéaire

La fonction de transfert ci-dessous a été obtenue dans le chapitre précédent par linéarisation du modèle AM2 autour d'un point d'équilibre fonctionnel. Elle décrit la dynamique entre la variation du débit d'entrée $\delta u(t)$ et la variation de la concentration en produit final S_2 $\delta y(t)$:

$$G(s) = \frac{0,422s^3 - 104,4s^2 + 880,4s + 207,5}{s^4 + 1,536s^3 + 81,99s^2 + 67,28s + 958,9}$$

Cette représentation sous forme de fonction de transfert est particulièrement adaptée à la synthèse de régulateurs classiques tels que le PID, couramment utilisés dans les procédés industriels à dynamique lente, comme c'est souvent le cas dans les systèmes biologiques [60]. Elle permet également de réaliser une analyse fréquentielle complète (diagrammes de Bode, marges de gain et de phase), essentielle pour évaluer la robustesse du système de contrôle [61].

Réglage PID par méthode de Ziegler-Nichols (théorique)

La méthode empirique classique de *Ziegler-Nichols* constitue une approche largement utilisée pour le réglage des régulateurs PID sans nécessiter de modélisation détaillée du système [62]. Elle consiste à placer le système en boucle fermée avec un régulateur proportionnel pur, puis à observer les oscillations induites par une consigne en échelon afin de déterminer les paramètres critiques permettant d'ajuster les gains du contrôleur.

1. Mise en boucle fermée avec un régulateur P

Le système est placé en boucle fermée avec un contrôleur :

$$C(s) = K_p$$

Le gain K_p est progressivement augmenté jusqu'à atteindre la valeur critique K_u pour laquelle le système présente des oscillations permanentes, indicatrices de la limite de stabilité du système.

2. Identification de K_u et T_u

Pour déterminer les paramètres du régulateur PID par la méthode des oscillations soutenues proposée par Ziegler et Nichols, on applique une commande proportionnelle pure au système et on augmente progressivement le gain K_p jusqu'à obtenir une oscillation soutenue de la sortie. Le gain critique K_u correspond au gain limite avant instabilité, et T_u désigne la période d'oscillation associée.

les essais en simulation (sous MATLAB) ont permis d'identifier les valeurs suivantes :

$$K_u = 185 \quad T_u = 5,4 \text{ s}$$

3. Calcul des paramètres PID

À partir des valeurs critiques K_u et T_u , les paramètres des régulateurs P, PI et PID sont déduits à l'aide des formules standards issues de la méthode de Ziegler-Nichols [62]. Ces formules ont été largement utilisées dans l'industrie pour un réglage empirique rapide et efficace des régulateurs linéaires.

Type de régulateur	K_p	K_i	K_d
P	$0,5 K_u$	–	–
PI	$0,45 K_u$	$\frac{1,2 K_u}{T_u}$	–
PID	$0,6 K_u$	$\frac{1,2 K_u}{T_u}$	$0,075 K_u \cdot T_u$

TABLE III.1 – Réglage des paramètres PID selon la méthode de Ziegler–Nichols (méthode des oscillations soutenues), adapté de [62].

Ces réglages fournissent un point de départ efficace pour la mise en œuvre du contrôle PID. Toutefois, des ajustements fins peuvent être nécessaires pour tenir compte de la non-linéarité du système réel ou de contraintes spécifiques de stabilité, de rapidité ou de robustesse.

En appliquant les formules standards de Ziegler–Nichols avec les nouveaux paramètres critiques $K_u = 185.0$ et $T_u = 5.4$, on obtient les gains du régulateur PID :

$$K_p = 0,6 \cdot K_u = 111.0$$

$$K_i = \frac{1,2 \cdot K_u}{T_u} = \frac{222}{5,4} \approx 41.11$$

$$K_d = 0,075 \cdot K_u \cdot T_u = 0,075 \cdot 185 \cdot 5,4 \approx 74.93$$

4. Régulateur PID obtenu

Le régulateur obtenu à partir de ces coefficients est donné sous la forme classique :

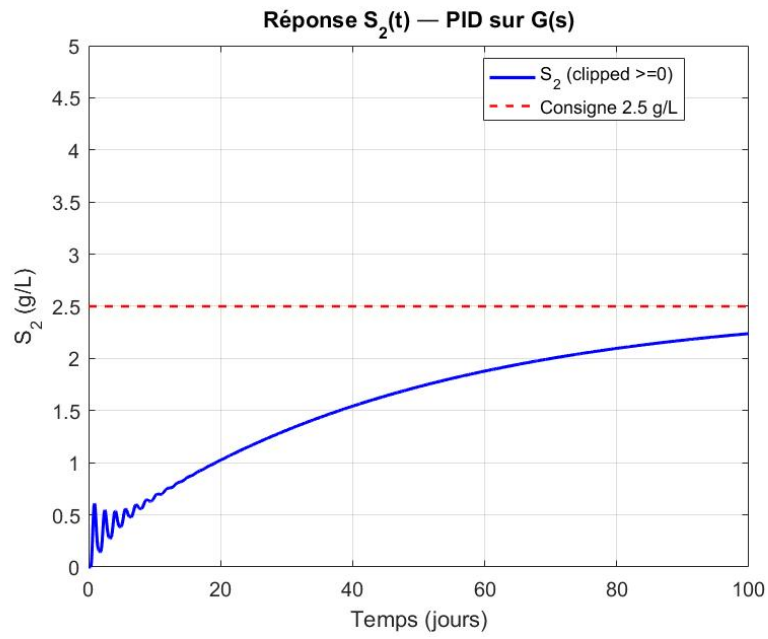
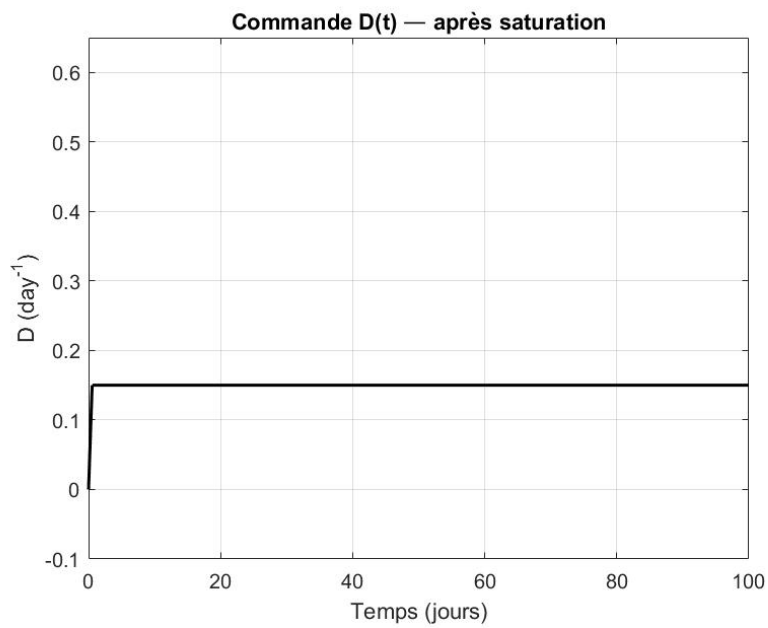
$$PID(s) = K_p + \frac{K_i}{s} + K_d \cdot s = 111.0 + \frac{41.11}{s} + 74.93 \cdot s$$

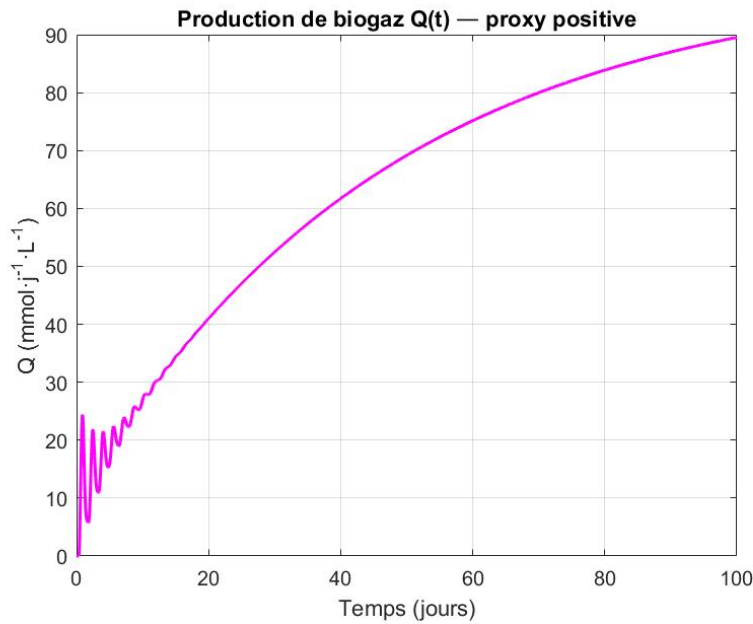
Ce régulateur est ensuite utilisé dans la simulation en boucle fermée pour contrôler la charge organique, en assurant un bon compromis entre rapidité, stabilité et précision.

Ce régulateur est simulé dans MATLAB en boucle fermée avec la fonction de transfert linéarisée $G(s)$, afin d'évaluer les performances dynamiques du système contrôlé.

5. Résultats de simulation

La consigne choisie s'est limité sur la concentration des AGVs(S_2) en sortie du bioréacteur. Elle est fixée à $S_2^* = 2,5$ g/L

FIGURE III.1 – Réponse $S_2(t)$ du système linéaire avec saturationFIGURE III.2 – Commande $D(t)$ après saturation

FIGURE III.3 – Production de biogaz $Q(t)$

Interprétation

Dans les simulations qu'on a réalisé avec le PID appliqué au modèle linéaire $G(s)$, on observe que la commande $D(t)$ atteint rapidement la valeur maximale permise (0.15 jour^{-1}) et s'y maintient ensuite. Cette limitation correspond à ce qu'on appelle la saturation de l'actionneur, une situation réaliste dans laquelle l'actionneur physique (pompe, vanne, etc.) ne peut pas appliquer une commande au-delà d'un certain seuil. Lorsque la commande est saturée, la loi de commande calculée par le PID n'est plus réellement appliquée au procédé, et le système se comporte alors comme s'il fonctionnait en boucle ouverte, ce qui constitue une situation à éviter en régulation. En l'absence d'un mécanisme de gestion de l'intégrateur (anti-windup), le terme intégral du PID continue à accumuler l'erreur, ce qui ralentit fortement la convergence de la sortie $S_2(t)$ vers la consigne de $2,5 \text{ g/L}$. Cette accumulation excessive, connue sous le nom de wind-up, peut induire un comportement lent, voire un dépassement de la consigne ou des oscillations. De ce fait, nous observons dans $S_2(t)$ une montée progressive, des oscillations initiales probablement dues au terme dérivé et un échec à atteindre complètement la consigne, tant que la saturation persiste. Enfin, la courbe de production de biogaz $Q(t)$, estimée comme un proxy proportionnel à S_2 , reste logique et positive, mais elle doit être interprétée comme une approximation visuelle, en attendant la simulation complète avec le modèle non-linéaire AM2.

III.3.2 Commande PID appliquée au modèle AM2 non linéaire

Applicabilité de la régulation PID aux systèmes non linéaires

Cette section transpose le régulateur PID calibré précédemment (sur le modèle linéarisé) au modèle AM2 complet, régi par des équations non linéaires basées sur les dynamiques acidogènes et méthanogènes [33]. Toujours régulé par la commande D, le système est simulé avec un mécanisme d'anti-windup robuste (qui limite l'accumulation de l'erreur qui vient de l'intégrateur) et une saturation réaliste, deux techniques largement utilisées pour éviter la dérive intégrale et garantir des réponses physiquement possibles dans les systèmes biologiques [59].

Cette approche permet d'évaluer la robustesse du même contrôleur lorsque la linéarisation ne suffit plus [65]. et de comparer directement les performances de suivi, de régulation et de stabilité entre les deux modèles [66].

Résultats de simulation

Les mêmes paramètres de régulateur PID appliquée au modèle AM2 linéaire sont appliquées ici

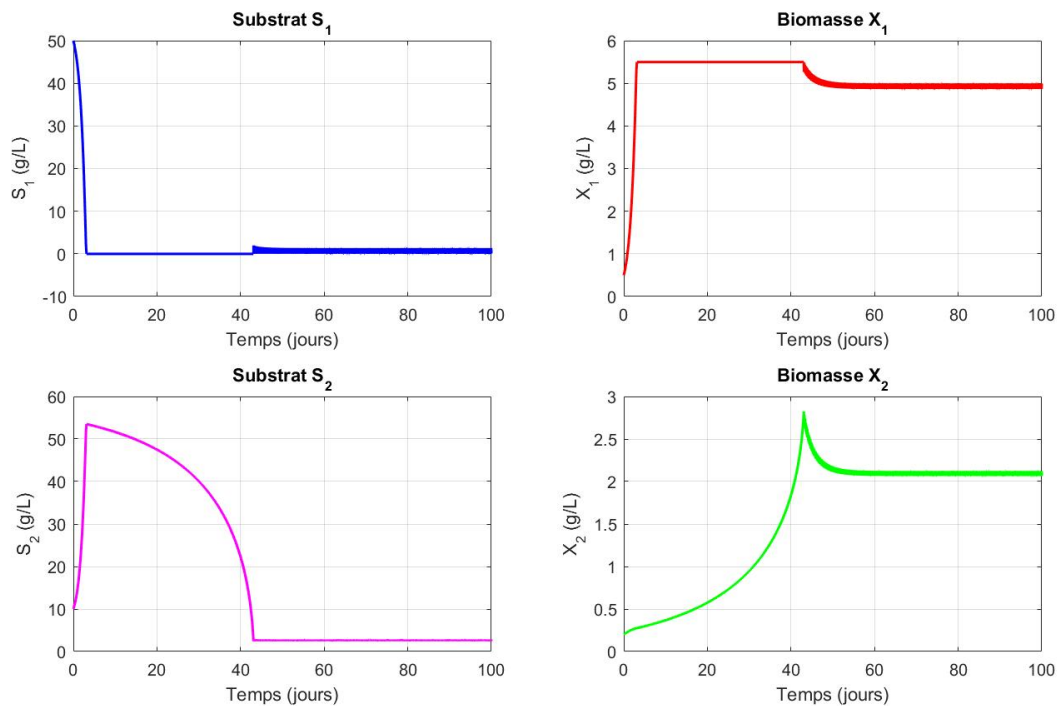


FIGURE III.4 – Évolution des concentrations de S_1 , X_1 , S_2 , X_2

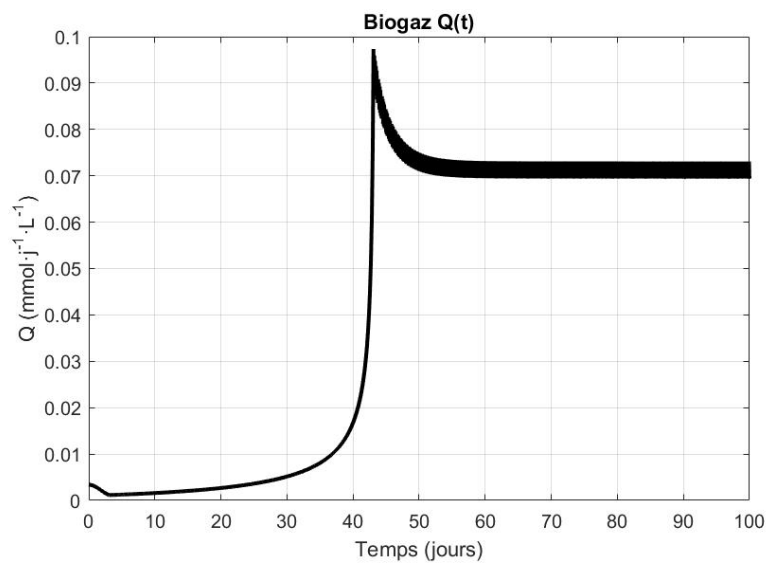


FIGURE III.5 – Évolution de la production de biogaz Q

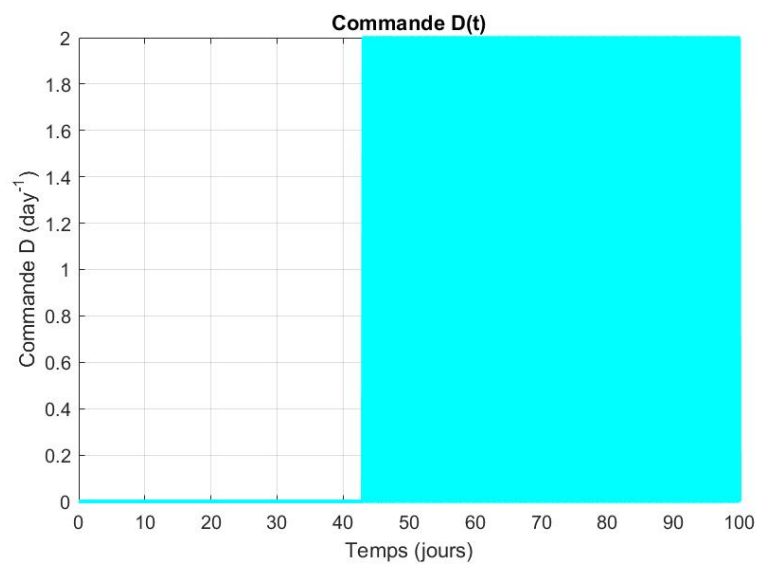
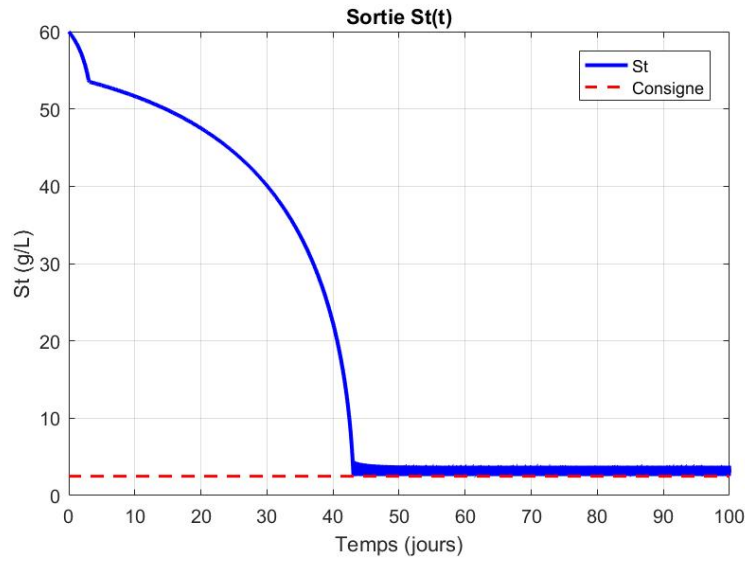


FIGURE III.6 – Évolution de la commande D

FIGURE III.7 – Évolution de la sortie S_t

Sachant que : $S_t = S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2$

Interprétation

Sur le modèle AM2 non linéaire sous régulation PID, les trajectoires montrent une réponse plus réaliste et dynamique que dans le cas linéarisé. Le substrat S_1 est rapidement consommé pour se stabiliser à zéro, tandis que la biomasse acidogène X_1 atteint un plateau, indiquant un environnement favorable à sa croissance jusqu'à stabilisation. Le substrat intermédiaire S_2 (AGVs) présente une montée initiale suivie d'une chute dramatique vers 2,5 g/l, traduisant une dynamique de consommation rapide par les méthanogènes. On note aussi une croissance très marquée de X_2 , montrant une phase de surproduction biomasse. La production de biogaz $Q(t)$ reste faible initialement, puis connaît un pic brutal autour de 45 jours vraisemblablement dû au cumul de X_2 avant dilution ou extinction et se stabilise à un niveau plus élevé. Enfin la sortie S_t est très éloignée de la consigne fixée à 2.5 g/L, ce qui crée une erreur initiale fortement négative. Le contrôleur PID, confronté à cette erreur négative, calcule une commande également négative, mais étant donné que la commande $D(t)$ représente un débit, elle est immédiatement saturée à zéro. Cette saturation de la commande correspond à une contrainte physique de l'actionneur, qui empêche toute application effective de la loi de commande calculée par le PID. Cela explique pourquoi la figure de la commande montre une valeur nulle pendant toute la première moitié de la simulation. Malgré l'absence d'action du PID, la sortie S_t commence à décroître progressivement vers la consigne. Cette baisse est due à la dynamique interne du système, en particulier à l'activité des biomasses X_1 et X_2 qui consomment les substrats S_1 et S_2 . Ce phénomène illustre que le système possède une forme d'autorégulation

naturelle, capable de ramener la sortie vers la consigne sans intervention externe. Ce n'est qu'après environ 45 jours, lorsque l'erreur devient suffisamment faible, que le PID génère une commande positive non saturée, ce qui permet de stabiliser précisément la sortie autour de la consigne. Cette simulation met en évidence un comportement typique dans les systèmes à dynamique lente et à commande saturée, où le contrôleur peut rester inactif malgré une erreur importante, tant que la commande calculée n'est pas admissible.

TABLE III.2 – Tableau comparatif : PID linéaire vs PID sur modèle non-linéaire

Critère	PID sur modèle linéarisé $G(s)$	PID appliqué au modèle AM2 non-linéaire
Contexte et validité	Conçu sur une approximation locale autour du point d'équilibre, ce qui permet l'usage d'outils classiques	Appliqué à un système réaliste avec dynamique complexe (Monod/Haldane), interactions microbiennes, processus non-linéaire global
Suivi de la consigne S_2	Progression monotone et sous-amortie. La saturation de D peut empêcher d'atteindre la consigne	Montée non monotone de S_2 : pics, chutes brutales, surpassements locaux, reflétant la dynamique biologique complexe
Overshoot / oscillations	Faible overshoot initial, oscillations rapidement amorties	Overshoot souvent plus prononcé, oscillations plus importantes dues aux effets non linéaires
Temps de stabilisation	Temps de stabilisation prédictible si saturations minimales	Plus long ou incertain ; la dynamique non-linéaire ralentit ou complique la convergence
Production de biogaz Q	Souvent modélisée par un proxy proportionnel à S_2 (rampa simple)	Calculée physiquement via $Q = \beta \mu_2(S_2) X_2$, avec pics dynamiques correspondant à l'action microbienne
Adaptabilité	Facilement calibrable avec méthodes classiques	Demande validation empirique voire retuning, peut nécessiter des approches non linéaires avancées (gain scheduling, back-calculation)
Stabilité	Acceptable autour du point d'équilibre	Plus fragiles sans tests de robustesse : réponses très sensibles aux écarts d'état ou variations paramétriques

III.4 Commande linéarisante appliquée au modèle AM2

La commande linéarisante par retour d'état repose sur l'idée de transformer un système non linéaire en un système équivalent linéaire à l'aide d'un changement de variables et d'un retour d'état approprié [67]. Contrairement aux approches classiques de type PID (linéaire ou non linéaire), cette méthode exploite directement la structure mathématique du modèle afin de compenser les non-linéarités présentes dans les équations d'état [52]. L'objectif est de définir une loi de commande permettant d'imposer une dynamique linéaire simple et maîtrisée à la sortie choisie du système.

Dans le cas du modèle AM2 de digestion anaérobie, dont l'état est représenté par le vecteur $\mathbf{x}^T = [S_1, X_1, S_2, X_2]$, l'approche entrée-sortie consiste à sélectionner une sortie d'intérêt par exemple la concentration de la charge organique totale définie par :

$S_t = S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2$ et à déterminer l'ordre relatif du système par rapport à cette sortie [33],

on remarque que le terme $\frac{k_1}{k_2} S_2$ représente la quantité équivalente de substrat S_1 qui aurait été nécessaire pour générer, par l'acidogénèse complète, la quantité d'acides gras volatils S_2 . Ainsi, la définition de S_t s'apparente à celle de la demande chimique en oxygène totale (DCO_t), qui constitue une mesure classique de la charge organique, mais repose ici sur les rendements biochimiques spécifiques des réactions de conversion. En pratique, la concentration de S_t en sortie du réacteur doit être maintenue en dessous d'une valeur limite, généralement imposée par la réglementation environnementale.

Ensuite, la commande est construite de manière à annuler les non-linéarités et à obtenir une relation directe entre l'entrée de commande $D(t)$ et la sortie linéarisée. Cela permet de garantir la poursuite d'une consigne donnée, tout en améliorant la précision et la stabilité du procédé [68].

Cette stratégie est particulièrement adaptée aux procédés biologiques complexes, car elle ne se contente pas de corriger l'erreur mais agit directement sur la dynamique interne du système, ce qui assure une meilleure robustesse face aux incertitudes du modèle et aux perturbations externes [54],[68],[67].

III.4.1 Modèle synthétique

On travaille avec l'état

$$x = \begin{bmatrix} S_1 \\ X_1 \\ S_2 \\ X_2 \end{bmatrix}, \quad u(t) = D(t) \text{ (commande)}, \quad y = h(x) = S_t = S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2.$$

entrée $u(t) = D(t)$, sortie $y(t) = S_t = S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2$.

On écrit le système AM2 décrit par les équations (II.1–II.5) sous la forme standard

$$\dot{x} = f(x) + g(x)D,$$

avec

$$f(x) = \begin{bmatrix} -k_1\mu_1(S_1)X_1 \\ \mu_1(S_1)X_1 \\ k_2\mu_1(S_1)X_1 - k_3\mu_2(S_2)X_2 \\ \mu_2(S_2)X_2 \end{bmatrix}, \quad g(x) = \begin{bmatrix} S_{in,1} - S_1 \\ -X_1 \\ S_{in,2} - S_2 \\ -X_2 \end{bmatrix}.$$

III.4.2 Construction de la loi de commande

Gradient de la sortie :

$$\nabla h(x) = \begin{bmatrix} 1 & 0 & \frac{k_1}{k_2} & 0 \end{bmatrix}$$

Première dérivée de Lie $L_f h(x)$:

Définition :

$$\phi(x) = L_f h(x) = \nabla h(x) \cdot f(x)$$

.

donc :

$$L_f h(x) = f_1(x) + \frac{k_1}{k_2} f_3(x) = \frac{k_1}{k_2} k_3 \mu_2(S_2) X_2$$

Première dérivée de Lie $L_g h(x)$

Définition :

$$L_g h(x) = \nabla h(x) \cdot g(x)$$

donc :

$$L_g h(x) = S_{1in} - S_1 + \frac{k_1}{k_2} (S_{2in} - S_2)$$

On pose souvent :

$$h_1(x) = L_g h(x) = S_{in,1} + \frac{k_1}{k_2} S_{in,2} - y$$

.

Expression de $\dot{y}$:

$$\dot{y} = L_f h(x) + L_g h(x) \cdot D$$

Loi de commande (entrée-sortie) pour imposer $\dot{y}=v$:

On choisit une dynamique de référence (ex. régulateur proportionnel sur l'erreur)

$$v = -\alpha(y - y^*), \quad \alpha > 0$$

Avec la sortie définie par :

$$y = h(x) = S_t = S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2.$$

Et la consigne :

$$y^* = S_1^* + \frac{k_1}{k_2} S_2^*.$$

Imposons $\dot{y} = v$, d'où

$$h_1(x)D + \phi(x) = v \quad \Rightarrow \quad D(x) = \frac{v - \phi(x)}{h_1(x)}$$

Substituant v et h_1, ϕ :

$$D(x) = \frac{-\alpha \left(S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2 - S^* \right) + \frac{k_1}{k_2} k_3 \mu_2(S_2) X_2}{S_{1in} - S_1 + \frac{k_1}{k_2} (S_{2in} - S_2)}$$

III.4.3 Résultats de simulation

Afin de permettre une valorisation agricole sans risque pour l'environnement, la charge organique issue de la digestion anaérobie doit se conformer aux normes en vigueur. En Algérie, la concentration en Demande Chimique en Oxygène (DCO) est réglementée à un maximum de 3000 mg/L, seuil fixé pour garantir la compatibilité avec un usage agricole. Dans cette perspective, nous avons choisi de définir, dans notre loi de commande, une consigne de charge organique totale en sortie fixée à $S_t = 2,5g/L$.

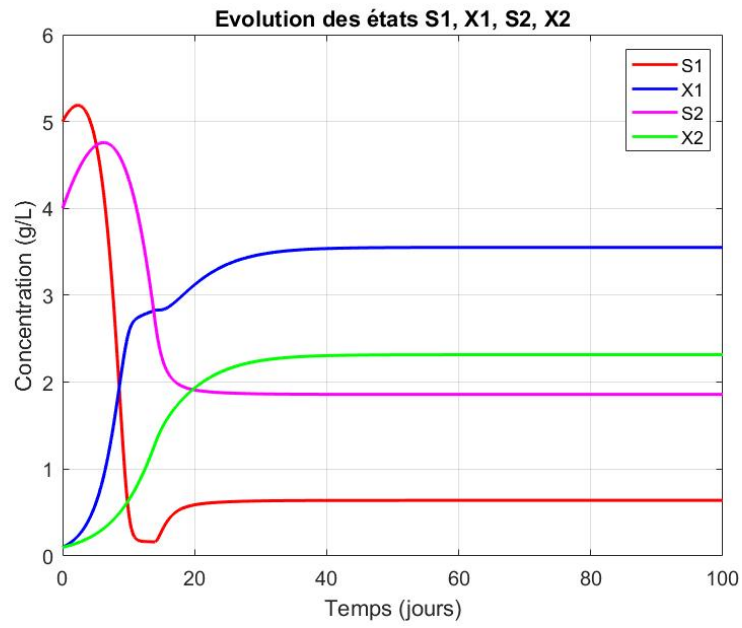


FIGURE III.8 – Évolution des états du système (S_1 , X_1 , S_2 , X_2)

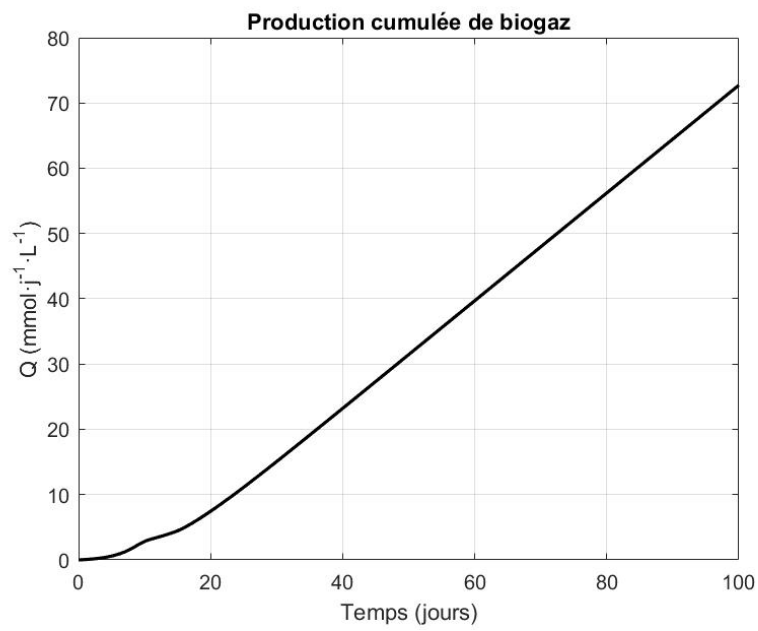
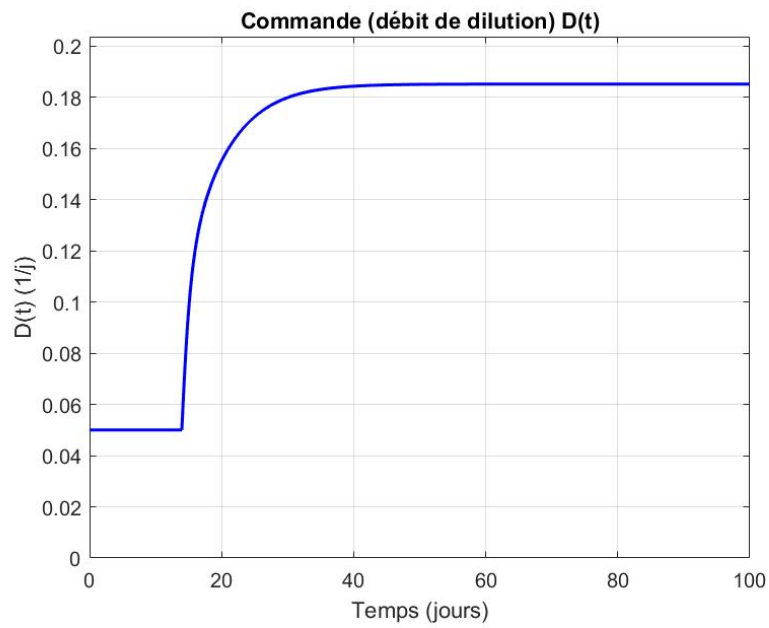
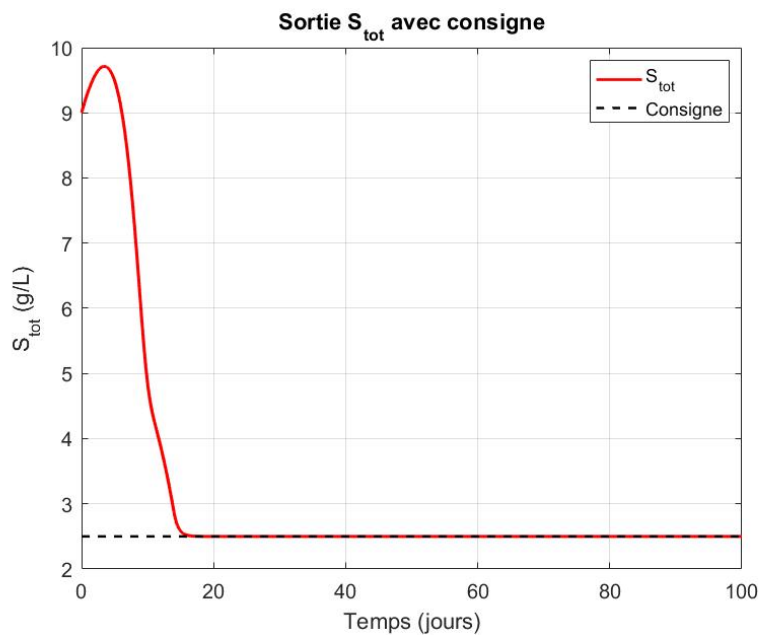


FIGURE III.9 – Production cumulée de biogaz

FIGURE III.10 – Commande (taux de dilution $D(t)$)FIGURE III.11 – Sortie totale S_t avec consigne

III.4.4 Interprétation

La simulation met en évidence le comportement du modèle AM2 sous l'action d'une commande linéarisante par retour d'état. L'évolution des variables d'état (S_1 , X_1 , S_2 , X_2) montre une phase transitoire marquée, suivie d'une stabilisation vers des valeurs

constantes, traduisant un équilibre dynamique atteint entre substrats et biomasses. En parallèle, la production cumulée de biogaz croît de manière régulière, confirmant la bonne stabilisation du processus et l'efficacité de la régulation pour maintenir une activité biologique stable.

La commande appliquée, représentée par le taux de dilution $D(t)$, évolue progressivement avant de converger vers une valeur quasi constante. Cette évolution démontre la capacité de la loi de commande à agir efficacement tout en limitant les oscillations et les variations brusques, ce qui traduit une consommation d'énergie et un effort de régulation réduits.

Enfin, la sortie totale S_t suit la consigne fixée, après un dépassement initial lié à la phase transitoire, elle décroît et converge correctement vers la valeur de référence. Cette convergence valide la pertinence de la commande linéarisante par retour d'état pour atteindre l'objectif de suivi de consigne avec précision et sans erreur statique significative.

Dans l'ensemble, les résultats confirment que cette approche de commande assure : une stabilisation rapide et fiable des états, une production de biogaz régulière, une commande douce et économique, et un bon suivi de la consigne en sortie.

III.5 Commande non linéaire robuste- Sliding-Mode Control (SMC)

La commande robuste non linéaire est une stratégie conçue pour assurer la stabilité et la performance d'un système dynamique en présence d'incertitudes paramétriques et de perturbations extérieures [63]. Elle repose sur l'idée de compenser les effets de ces incertitudes par l'ajout d'un terme correctif dans la loi de commande.

Dans le cas du modèle AM2, les incertitudes proviennent des paramètres cinétiques (μ_{imax}, K_{si}) et des rendements Y_i , qui peuvent varier selon les conditions expérimentales et la nature du substrat [33]

III.5.1 Modélisation de la sortie et des incertitudes

On choisit comme sortie du système :

$$y = S_t = S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2$$

La dynamique de S_t s'écrit :

$$\dot{y} = \dot{S}_1 + \frac{k_1}{k_2} \dot{S}_2$$

Avec :

$$\begin{cases} \dot{S}_1 &= D(S_{in,1} - S_1) - k_1\mu_1(S_1)X_1, \\ \dot{S}_2 &= D(S_{in,2} - S_2) + k_2\mu_1(S_1)X_1 - k_3\mu_2(S_2)X_2, \end{cases}$$

d'où :

$$\dot{y} = D(S_{in,1} - S_1) + \frac{k_1}{k_2}D(S_{in,2} - S_2) - \frac{k_1}{k_2}k_3\mu_2(S_2)X_2$$

III.5.2 Principe de la commande robuste

On définit une erreur de suivi :

$$e(t) = y(t) - y^*(t) = s_t(t) - s^*$$

La commande robuste se décompose en deux parties :

$$u = u_{eq} + u_{rob}$$

- u_{eq} : commande équivalente (calculée en supposant le modèle exact).
- u_{rob} : terme robuste qui compense les incertitudes.

III.5.3 Calcul de la loi de commande

Dynamique désirée de l'erreur

On impose :

$$\dot{e} + \lambda e = 0$$

avec $\lambda > 0$ un gain de convergence

Commande équivalente

On remplace y' par sa valeur calculée :

$$\dot{y} = f(x) + g(x)D$$

où :

- $f(x)$ regroupe les termes indépendants de D ,
- $g(x)$ est le terme multiplicatif en D .

La commande équivalente est :

$$u_{eq} = D = \frac{\dot{y}^* - f(x) - \lambda e}{g(x)}$$

Terme robuste

Pour tenir compte des incertitudes dans $f(x)$, on ajoute [64] :

$$u_{rob} = -\eta \operatorname{sign}(e)$$

$$\text{avec } \eta \geq \sup |\Delta f(x)|$$

Loi finale de commande robuste

La loi de commande robuste non linéaire pour la régulation de S_t est :

$$u = \frac{\dot{y}^* - f(x) - \lambda e}{g(x)} - \eta \operatorname{sign}(e)$$

avec : $\lambda = 1.5, \eta = 0.05$

III.5.4 Résultats de simulation

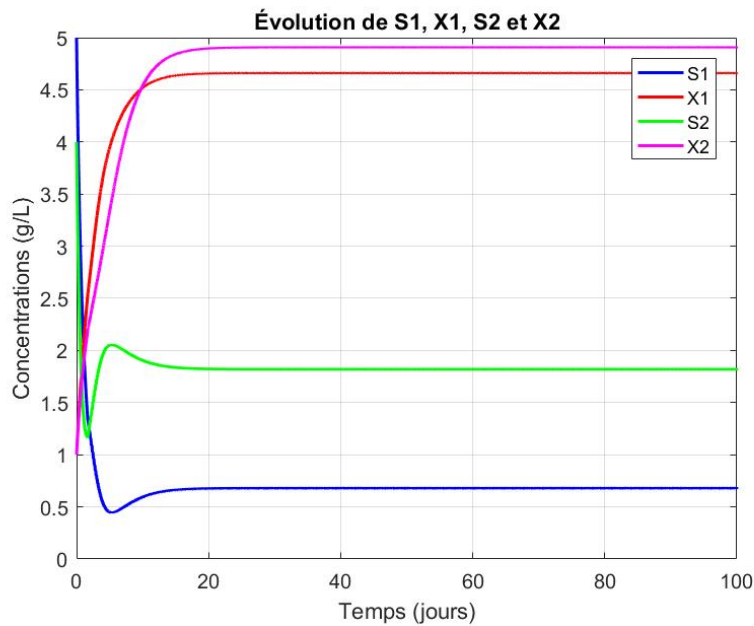


FIGURE III.12 – Évolution des états du système (S_1, X_1, S_2, X_2)

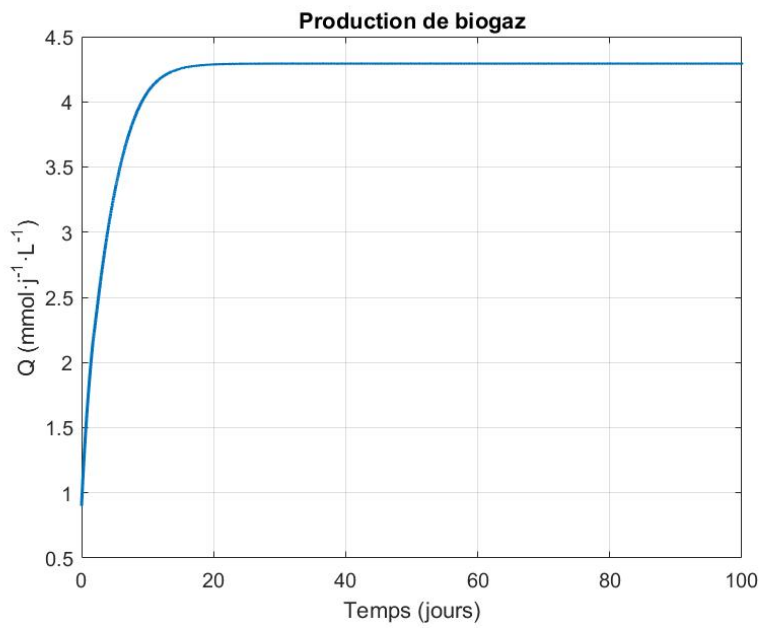


FIGURE III.13 – Production cumulée de biogaz

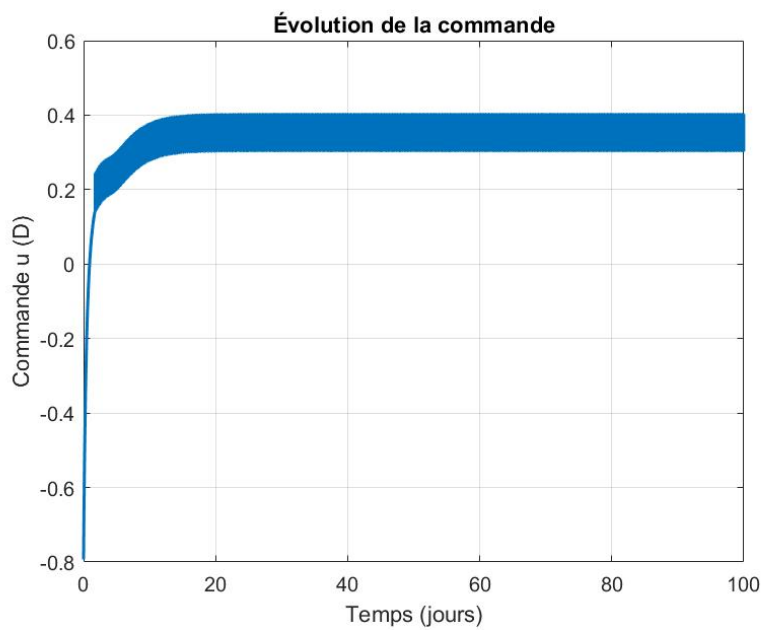
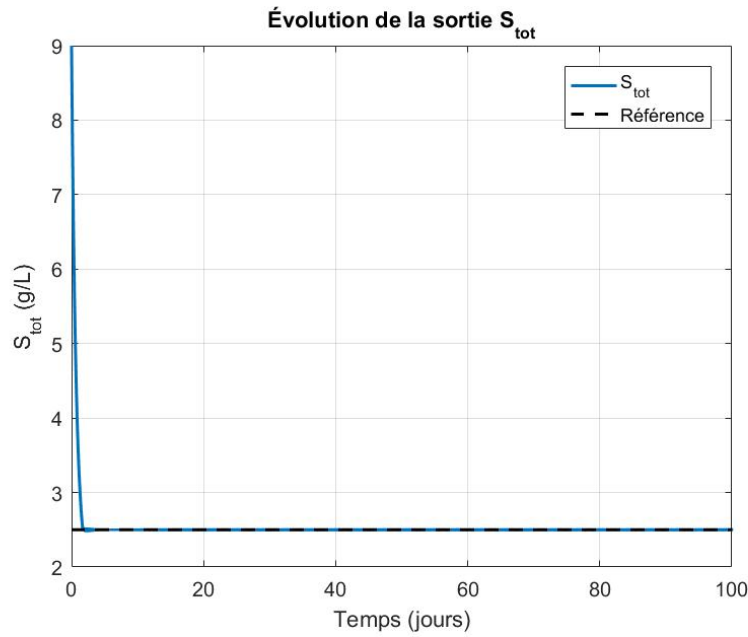


FIGURE III.14 – Évolution de la commande robuste $D(t)$

FIGURE III.15 – Suivi de la sortie S_t par rapport à la référence

III.5.5 Interprétation

L'analyse des résultats obtenus montre que la commande non linéaire robuste permet d'assurer un suivi précis et stable de la sortie S_t malgré les incertitudes et les perturbations du système. En effet, la Figure III.12 illustre que les substrats S_1 et S_2 ainsi que les biomasses X_1 et X_2 atteignent rapidement un régime permanent, traduisant une stabilisation du procédé biologique. La Figure III.13 indique que la production de biogaz croît rapidement dans la première dizaine de jours, puis atteint une valeur quasi constante, ce qui traduit une régulation efficace du processus. La Figure III.14 met en évidence l'évolution de la commande de dilution $D(t)$, qui s'ajuste dynamiquement au début pour compenser les perturbations puis se stabilise autour d'une valeur constante, démontrant la robustesse du contrôleur. Enfin, la Figure III.15 montre que la sortie S_t converge rapidement vers la consigne fixée avec une erreur de suivi négligeable et sans oscillations significatives, confirmant ainsi la capacité de la commande robuste à garantir une bonne performance en présence d'incertitudes.

III.6 Étude comparative entre la commande linéarisante et la commande non linéaire robuste

La comparaison entre les deux approches de commande met en évidence des différences notables dans le comportement du modèle AM2. Avec la commande linéarisante par retour d'état, les concentrations en substrats et biomasses (S_1, X_1, S_2, X_2) présentent une phase transitoire marquée avant de se stabiliser, ce qui traduit un équilibre dynamique bien établi. La production de biogaz croît régulièrement, tandis que la commande appliquée évolue progressivement vers une valeur quasi constante, démontrant une régulation efficace et économique. La sortie totale S_t suit la consigne avec un léger dépassement initial, puis converge correctement vers la valeur de référence, confirmant la pertinence de cette stratégie. En revanche, la commande non linéaire robuste assure une stabilisation plus rapide des états et un suivi de la sortie S_t sans oscillations significatives ni dépassement marqué, malgré la présence d'incertitudes. La production de biogaz y croît plus rapidement au début avant d'atteindre une valeur quasi constante, et la commande de dilution s'ajuste dynamiquement pour compenser les perturbations, puis se stabilise. Ces résultats montrent que la commande linéarisante garantit une bonne performance avec une action de contrôle douce, tandis que la commande robuste offre une meilleure capacité à maintenir la précision et la stabilité en présence de perturbations et d'incertitudes.

III.7 Conclusion

L'étude menée dans ce chapitre a permis de comparer plusieurs stratégies de commande appliquées au modèle AM2 de digestion anaérobie. Dans un premier temps, le régulateur PID a été étudié, aussi bien sur le modèle linéarisé que sur le modèle non linéaire complet. Cette approche, largement utilisée dans l'industrie pour sa simplicité et son efficacité, a montré de bonnes performances de régulation mais reste limitée face aux fortes non-linéarités et aux perturbations. Ensuite, la commande linéarisante par retour d'état a été mise en œuvre. Contrairement au PID, cette stratégie exploite directement la structure non linéaire du système afin de compenser ses dynamiques internes. Les résultats de simulation ont montré une amélioration notable de la précision et de la stabilité, avec une meilleure capacité de poursuite de consigne. Enfin, une commande non linéaire robuste a été introduite afin de renforcer la tolérance du système face aux incertitudes paramétriques et aux perturbations externes. Cette approche, inspirée des travaux en commande robuste et adaptative, a confirmé son efficacité en assurant une stabilité globale et une réponse cohérente, même dans des conditions de fonctionnement difficiles.

CONCLUSION GÉNÉRALE

La raréfaction des ressources fossiles et l'urgence climatique imposent aujourd'hui une révision en profondeur de nos modèles énergétiques. C'est dans cette perspective que nous avons mené ce travail de mémoire, en nous intéressant à la digestion anaérobie (DA), un procédé biologique capable de produire du biogaz tout en valorisant les déchets organiques.

Ce travail s'est structuré autour de trois grands axes : l'étude du fonctionnement biologique de la digestion anaérobie, la modélisation mathématique de ce procédé, puis l'application de différentes stratégies de commande pour en optimiser le rendement. Chaque étape a été l'occasion d'approfondir nos connaissances et de relever des défis spécifiques, tant sur le plan théorique que pratique.

Dans le premier chapitre, nous avons réalisé une revue approfondie des aspects biologiques et technologiques de la digestion anaérobie. Cela nous a permis d'acquérir une vision claire des différentes phases du processus (hydrolyse, acidogénèse, acétogénèse, méthanogénèse) ainsi que des conditions nécessaires à son bon fonctionnement (température, pH, rapport C/N, temps de séjour, etc.). L'une des principales difficultés rencontrées a été de comprendre les interactions complexes entre les microorganismes impliqués, souvent sensibles aux moindres variations de l'environnement. Cette phase a été essentielle pour asseoir notre compréhension globale du système et en dégager les variables clés à modéliser.

Le deuxième chapitre a été consacré à l'étude du modèle mathématique AM2. Ce modèle dynamique permet de décrire le comportement d'un digesteur anaérobie à travers un système d'équations différentielles non linéaires. Nous avons procédé à une analyse rigoureuse de sa stabilité, en étudiant ses points d'équilibre et en mettant en œuvre des méthodes de linéarisation locale. Les simulations numériques nous ont permis d'identifier des régimes dynamiques pertinents et d'interpréter les effets des différents paramètres. Cette étape nous a ainsi permis de faire le lien entre les phénomènes biologiques et leur représentation mathématique.

Dans le troisième chapitre, nous avons exploré différentes stratégies de commande appliquées au modèle AM2. Nous avons d'abord mis en œuvre des régulateurs PID, avant d'étudier des approches non linéaires par retour d'état et linéarisation entrée-sortie. Le réglage des paramètres PID s'est avéré délicat en raison de la sensibilité du système, ce qui a mis en évidence l'intérêt des commandes non linéaires plus robustes. Ces méthodes

ont permis d'améliorer la stabilité du système et d'optimiser la production de méthane. Ce travail de commande a constitué un prolongement naturel de nos apprentissages en automatique, appliqués ici à un cas concret et multidisciplinaire.

L'ensemble de ce mémoire illustre l'importance d'une démarche intégrée, combinant biologie, modélisation, simulation et commande. Il nous a permis de valoriser les compétences acquises au cours de notre formation en les mettant au service d'une problématique réelle, en lien direct avec les enjeux de la transition énergétique. La compréhension du système biologique s'est révélée indispensable pour garantir la fiabilité de la modélisation, tandis que les outils de contrôle ont permis d'envisager des solutions concrètes pour améliorer les performances du procédé.

Plusieurs perspectives peuvent être envisagées pour approfondir ce travail. La validation expérimentale des modèles et des stratégies de commande serait une première étape essentielle pour confronter les résultats obtenus à la réalité du terrain. Le développement de lois de commande robustes et adaptatives permettrait également de mieux faire face aux perturbations et à la variabilité des substrats. D'autres pistes intéressantes pourraient être explorées, telles que l'intégration de modèles plus complets incluant la production de nouveaux gaz ou des aspects environnementaux, ainsi que l'étude du fonctionnement en réseau (smart grids). Enfin, une évaluation technico-économique approfondie du procédé serait nécessaire pour apprécier pleinement sa viabilité industrielle et environnementale.

En conclusion, ce mémoire représente une contribution à la compréhension et à l'optimisation de la digestion anaérobie, en s'appuyant sur une approche scientifique rigoureuse et interdisciplinaire. Il témoigne également de notre capacité à mobiliser les connaissances acquises tout au long de notre parcours, depuis l'étude des systèmes biologiques jusqu'à leur modélisation et pilotage dans un cadre d'ingénierie. Nous espérons que ce travail pourra servir de fondement à de futurs développements dans le domaine des bioénergies et de la transition écologique.

Bibliographie

- [1] I. S. Edem, U. G. Akunna, *Anaerobic digestion : Process fundamentals*, Biomass, Biofuels, Biochemicals, pp. 53–72, 2021.
- [2] A. J. Ward, P. J. Hobbs, P. J. Holliman, D. L. Jones, *Anaerobic digestion of biodegradable organics in municipal solid waste*, Bioresource Technology, vol. 99, no. 18, pp. 7928–7940, 2008.
- [3] L. Appels, J. Baeyens, J. Degève, R. Dewil, *Principles and potential of the anaerobic digestion of waste-activated sludge*, Progress in Energy and Combustion Science, vol. 34, no. 6, pp. 755–781, 2008.
- [4] D. J. Batstone, J. Keller, I. Angelidaki, S. V. Kalyuzhnyi, S. G. Pavlostathis, A. Rozzi, W. T. M. Sanders, H. Siegrist, V. A. Vavilin, *The IWA Anaerobic Digestion Model No.1 (ADM1)*, Water Science and Technology, vol. 45, no. 10, pp. 65–73, 2002.
- [5] M. H. Gerardi, *The Microbiology of Anaerobic Digesters*, Wiley-Interscience, 2003.
- [6] D. Deublein, A. Steinhauser, *Biogas from Waste and Renewable Resources : An Introduction*, Wiley-VCH, 2008.
- [7] A. Khalid, M. Arshad, M. Anjum, T. Mahmood, L. Dawson, *The anaerobic digestion of solid organic waste*, Waste Management, vol. 31, no. 8, pp. 1737–1744, 2011.
- [8] I. Angelidaki, L. Treu, P. Tsapekos, G. Luo, S. Campanaro, H. Wenzel, P. G. Kougiass, *Biogas upgrading and utilization : Current status and perspectives*, Biotechnology Advances, vol. 37, no. 1, pp. 1–30, 2009.
- [9] J. Mata-Alvarez, *Anaerobic Digestion of Organic Solid Wastes : An Overview of Research Achievements and Perspectives*, Water Science and Technology, vol. 41, no. 3, pp. 3–12, 2000.
- [10] E. Abdelsalam, N. Samer, T. Mahmoud, H. Hassan, E. Badr, *Anaerobic digestion of food waste for biogas production*, International Journal of Environmental Science and Technology, vol. 13, no. 2, pp. 467–482, 2016.
- [11] B. Wu, J. Zhang, J. Zhou, Y. Dong, *Inhibition of anaerobic digestion process : A review*, Chemical Engineering Journal, vol. 160, no. 1, pp. 1–13, 2010.
- [12] S. Kahouadji, F. F. Temmouri, *Commande de la charge organique en sortie des bioréacteurs anaérobie : Application au modèle AM2*, Mémoire de Master, Université des Sciences et de la Technologie Houari-Boumediene (USTHB), Alger, 2020.

- [13] R. Daoud, Z. Khedim, *Analyse expérimentale et modélisation d'un digesteur anaérobie en régime permanent*, Revue des Énergies Renouvelables, vol. 20, no. 2, pp. 331–342, 2017.
- [14] P. M. Doran, *Bioprocess Engineering Principles*, 2nd ed., Academic Press, 2012.
- [15] O. Levenspiel, *Chemical Reaction Engineering*, 3rd ed., Wiley, 1999.
- [16] G. Stephanopoulos, A. A. Aristidou, J. Nielsen, *Metabolic Engineering : Principles and Methodologies*, Academic Press, 1998.
- [17] J. Monod, *The growth of bacterial cultures*, Annual Review of Microbiology, vol. 3, no. 1, pp. 371–394, 1949.
- [18] Y. Chen, J. J. Cheng, K. S. Creamer, *Inhibition of anaerobic digestion process : A review*, Bioresource Technology, vol. 99, no. 10, pp. 4044–4064, 2008.
- [19] M. J. Taherzadeh, K. Karimi, *Pretreatment of lignocellulosic wastes to improve ethanol and biogas production : A review*, International Journal of Molecular Sciences, vol. 9, no. 9, pp. 1621–1651, 2008.
- [20] P. Weiland, *Biogas production : current state and perspectives*, Applied Microbiology and Biotechnology, vol. 85, no. 4, pp. 849–860, 2010.
- [21] A. Daoud, *Étude comparative de la production de biogaz par codigestion de substrats organiques : déchets ménagers et boues de station d'épuration*, Mémoire de Master, Université Abou Bekr Belkaïd – Tlemcen, Algérie, 2017.
- [22] P. Le Branchu, *Étude des paramètres influençant la digestion anaérobie des substrats organiques*, Document technique, Chambre d'Agriculture de Bretagne, 2018. Disponible sur : <https://www.synagri.com/synagri/Documents/etude-biogaz-substrats.pdf>.
- [23] Andrews, J. F. (1969). A mathematical model for the continuous culture of microorganisms utilizing inhibitory substrates. *Biotechnology and Bioengineering*, 11(4), 491–507.
- [24] Graef, S. P., & Andrews, J. F. (1974). Mathematical modeling and control of anaerobic digestion. *Advances in Chemistry Series*, 105, 126–162.
- [25] Hill, D. T. (1983). Simplified monod kinetics of methane fermentation of animal wastes. *Agricultural Wastes*, 8, 111–119.
- [26] Mosey, F. E. (1983). Mathematical modelling of the anaerobic digestion process : regulatory mechanisms for the formation of short-chain volatile acids from glucose. *Water Science and Technology*, 15(8–9), 209–232.
- [27] Pavlostathis, S. G., & Giraldo-Gomez, E. (1991). Kinetics of anaerobic treatment. *Water Science and Technology*, 24(8), 35–59.

- [28] Noike, T., et al. (1985). Characteristics of carbohydrate degradation and the rate-limiting step in anaerobic digestion. *Biotechnology and Bioengineering*, 27, 1482–1489.
- [29] Vavilin, V. A., et al. (1994). Description of hydrolysis kinetics in anaerobic degradation of particulate organic matter. *Bioresource Technology*, 48(2), 123–131.
- [30] Angelidaki, I., & Sanders, W. (2004). Assessment of the anaerobic biodegradability of macropollutants. *Water Science and Technology*, 50(10), 1–10.
- [31] Gavala, H. N., et al. (1999). Anaerobic digestion of swine manure. *Water Science and Technology*, 40(1), 99–107.
- [32] Speece, R. E. (2000). *Anaerobic biotechnology for industrial wastewaters*. Archae Press.
- [33] Bernard, O., et al. (2001). Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process. *Biotechnology and Bioengineering*, 75(4), 424–438.
- [34] Donoso-Bravo, A., et al. (2009). Anaerobic digestion model validation under dynamic conditions and its use for process optimization. *Bioresource Technology*, 100(14), 3763–3771.
- [35] Lübken, M., et al. (2007). Modelling the energy balance of an anaerobic digester. *Ecological Modelling*, 208(2–4), 145–152.
- [36] Kleerebezem, R., et al. (2010). Anaerobic digestion without biogas ? *Reviews in Environmental Science and Bio/Technology*, 9, 283–306.
- [37] Girault, R., et al. (2012). Modeling microbial diversity in anaerobic digesters. *Water Research*, 46(16), 4872–4881.
- [38] Liu, Y., et al. (2013). Toxicity effects of pharmaceuticals on anaerobic digestion processes. *Science of the Total Environment*, 445–446, 12–17.
- [39] Derbal, K., et al. (2016). Simulation of anaerobic digestion of municipal sludge. *Desalination and Water Treatment*, 57(18), 8372–8379.
- [40] Zaher, U., et al. (2020). Bayesian calibration of anaerobic digestion models. *Water Research*, 171, 115392.
- [41] Benyahia, B., Steyer, J.-P., Harmand, J., Delgenes, J.-P., and Moletta, R., *Modeling and simulation of a two-step anaerobic digestion process*, Bioprocess and Biosystems Engineering, vol. 24, no. 6, pp. 419–429, 2001.
- [42] Shampine, L. F., and Reichelt, M. W., *The MATLAB ODE Suite*, SIAM Journal on Scientific Computing, vol. 18, no. 1, pp. 1–22, 1997.

- [43] Agence Internationale de l'Énergie, *World Energy Outlook 2019*, International Energy Agency, 2019.
- [44] Nations Unies, *World Population Prospects 2022*, UN DESA, 2022.
- [45] BP p.l.c., *Statistical Review of World Energy 2023*, BP, 2023.
- [46] GIEC, *Sixth Assessment Report : Mitigation of Climate Change*, Intergovernmental Panel on Climate Change, 2022.
- [47] A. Achinas, V. Achinas, G. J. W. Euverink, *A Technological Overview of Biogas Production from Biowaste*, Engineering, vol. 3, no. 3, pp. 299–307, 2017.
- [48] M. Rasi, A. Veijanen, J. Rintala, *Characteristics of biogas from different raw materials*, Energy, vol. 69, pp. 58–65, 2014.
- [49] European Biogas Association, *EBA Statistical Report 2020*, EBA, 2020.
- [50] T. P. H. Lübken, M. Wichern, M. Schlattmann, A. Gronauer, H. Horn, *Modeling the anaerobic digestion of agricultural biogas plants*, Bioresource Technology, vol. 99, no. 6, pp. 1708–1719, 2008.
- [51] J. Bernard, Z. Hadj-Sadok, D. Dochain, A. Genovesi, J.-P. Steyer, *Modélisation et simulation de la digestion anaérobie : le modèle AM2*, Revue des Sciences de l'Eau, vol. 15, no. 4, pp. 661–673, 2002.
- [52] Khalil, H. K., *Nonlinear Systems*, 3^e édition, Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ, 2002.
- [53] Ang, K. H., Chong, G., and Li, Y. (2005). PID control system analysis and design. *IEEE Control Systems Magazine*, 26(1), 32–41.
- [54] G. Bastin and D. Dochain, *On-Line Estimation and Adaptive Control of Bioreactors*, Elsevier, 1990.
- [55] J.-P. Steyer, L. Bernard, R. Molina, and V. Bernard, *Combining respirometric experiments in sequencing batch reactors with mathematical modeling for the characterization of particulate organic matter biodegradation*, Biochemical Engineering Journal, vol. 28, no. 1, pp. 22–27, 2006.
- [56] Ogata, K., *Modern Control Engineering*, 5^e édition, Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ, 2010.
- [57] Bernard, O., Hadj-Sadok, Z., Dochain, D., Genovesi, A., and Steyer, J. P., *Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process*, Biotechnology and Bioengineering, vol. 91, no. 5, pp. 569–582, 2005.

- [58] Pulkkanen, V. M., and Kaparaju, P., *Modeling and control of anaerobic digestion process*, In : Proceedings of the 1st Nordic Symposium on Systems Analysis and Control in Biotechnology, 2000.
- [59] Åström, K. J., and Murray, R. M., *Feedback Systems : An Introduction for Scientists and Engineers*, Princeton University Press, Princeton, NJ, 2006.
- [60] K. J. Åström, T. Hägglund, *PID Controllers : Theory, Design, and Tuning*, 2^e édition, Instrument Society of America (ISA), Research Triangle Park, NC, 1995.
- [61] R. C. Dorf, R. H. Bishop, *Modern Control Systems*, 12^e édition, Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ, 2011.
- [62] J. G. Ziegler, N. B. Nichols, *Optimum Settings for Automatic Controllers*, Transactions of the ASME, vol. 64, pp. 759–768, 1942.
- [63] Slotine, J.-J. E. and Li, W. (1991). *Applied Nonlinear Control*. Prentice Hall.
- [64] Edwards, C., and Spurgeon, S. (1998).
- [65] Marquez, H. J. (2003). *Nonlinear control systems : analysis and design*. Wiley.
- [66] Åström, K. J., and Murray, R. M. (2010). *Feedback Systems : An Introduction for Scientists and Engineers*. Princeton University Press.
- [67] Isidori, A. (1995). *Nonlinear Control Systems*. Springer.
- [68] Dochain, D. (2003). *Bioprocess Control*. Wiley.