

N° d'ordre : 646

50376
1985
85

50376
1985
85

THÈSE

présentée à

L'UNIVERSITÉ DES SCIENCES ET TECHNIQUES DE LILLE

pour l'obtention du grade de

DOCTEUR ÈS-SCIENCES PHYSIQUES

par

Robert LAURENT

DOCTEUR TROISIEME CYCLE

MODELISATION ET IDENTIFICATION DES SYSTEMES COMPLEXES

APPLICATION A L'EPURATION BIOLOGIQUE DES EAUX



Soutenu le 22 MARS 1985, devant la COMMISSION D'EXAMEN

MR VIDAL	PRESIDENT
MME CHERUY	RAPPORTEUR
MM SEVELY	RAPPORTEUR
POVY	RAPPORTEUR
STAROSWIECKI	EXAMINATEUR
GUILLAUME	EXAMINATEUR

A MES PARENTS

A MA FEMME

A MES ENFANTS

A TOUS CEUX QUE J'AIME

AVANT - PROPOS

Le travail que nous présentons dans ce mémoire a été effectué au Centre d'Automatique de l'Université des Sciences et Techniques de Lille 1 sous la direction de Monsieur le Professeur Lucien POVY.

Nous tenons à exprimer ici notre reconnaissance à Monsieur le Professeur Pierre VIDAL pour nous avoir accueilli dans son laboratoire, ce qui nous a permis de choisir la carrière d'enseignant-chercheur. Nous sommes très honoré de sa présence dans notre jury en tant que Président.

Madame le Professeur Arlette CHERUY a bien voulu accepter de juger notre travail. Nous lui en sommes très reconnaissant et la remercions vivement de l'honneur que nous procure sa présence dans notre jury.

Monsieur le Professeur Yves SEVELY nous a fait l'honneur de s'intéresser à nos travaux en acceptant de les juger et de participer à la Commission d'Examen. Nous tenons à lui témoigner toute notre reconnaissance.

C'est grâce à Monsieur le Professeur Lucien POVY que nous avons entrepris cette étude. Ses conseils nous ont permis de progresser et d'obtenir des résultats intéressants. Qu'il trouve en ces quelques mots l'expression de nos remerciements pour l'aide qu'il a pu nous apporter aussi bien en recherche qu'en enseignement.

Nous sommes très reconnaissant à Monsieur le Professeur Jean GUILLAUME d'avoir bien voulu siéger à cette Commission d'Examen. Nous l'en remercions vivement et sommes très honoré de sa présence.

Que Monsieur le Professeur Marcel STAROSWIECKI accepte nos plus vifs remerciements pour le témoignage d'amitié que nous apporte sa présence dans ce Jury, ce qui nous honore grandement.

Enfin, qu'il nous soit permis d'exprimer nos plus vifs remerciements à tout le personnel du laboratoire d'Automatique de Lille et de l'Ecole Universitaire d'Ingénieurs de Lille pour l'aide précieuse qu'il nous a apporté tant par sa présence amicale que par son expérience scientifique.

I N T R O D U C T I O N

Le processus d'épuration biologique des eaux est un système très complexe faisant intervenir des lois de l'hydraulique triphasique (solide liquide gazeux) , des lois de la microbiologie et de la chimie. En effet on met en présence, dans le bassin d'aération, de l'eau contenant de la pollution dissoute, des microorganismes de toutes sortes et de l'air pour son oxygène. Une étude complète d'un tel système, c'est à dire tenant compte de tous les paramètres internes, est pratiquement impossible. Il faudrait mettre en équation le comportement de chacun des microorganismes en fonction de son environnement biologique - concurrence et/ou complémentarité des microorganismes voisins - et hydraulique - agitation, concentration en oxygène dissous - . Il serait de même nécessaire de définir avec exactitude la répartition des temps de séjour dans le bassin en fonction des divers débits d'entrée, du niveau d'agitation, de la dimension et de la forme du bassin. Une telle étude générale est impensable, aussi nous sommes nous limité à un type de bassin particulier dans lequel l'influence de l'hydraulique sur le biologique est très faible, c'est un bassin du type piston.

La première étape à franchir est la modélisation du système étudié. En règle générale, une réaction biologique fait intervenir trois fonctions qui sont la croissance des microorganismes, la disparition du substrat et l'apparition d'un produit. Dans le cas présent la seule chose qui nous intéresse directement est la disparition du substrat puisque c'est le but même de l'installation. Il en découlera bien évidemment une croissance des microorganismes, mais celle-ci sera éliminée à la sortie du décanteur ; nous n'aurons donc pas à en tenir compte.

Après avoir établi la loi de disparition du substrat, l'étape d'identification va permettre de donner une valeur numérique aux paramètres de cette loi. Nous verrons que dans le cas de systèmes non linéaires, cette étude peut s'avérer être assez délicate et que les méthodes classiques ne permettent pas toujours d'obtenir les résultats souhaités. Enfin lorsque le fonctionnement interne du processus est bien connu, il ne reste qu'à définir un système de commande optimale. Considérant un bassin piston, l'hydraulique se ramène à un retard pur important entre l'instant où l'eau pénètre dans le bassin et celui où elle en sort. Cette particularité a pour conséquence une grande difficulté à obtenir un système de commande optimale.

CHAPITRE I

LES DIVERSES ETAPES DE L'ETUDE D'UN PROCESSUS

Automatiser le fonctionnement d'un processus afin d'en augmenter les performances nécessite le suivi d'un chemin intellectuel passant par certaines étapes, où il est obligatoire de s'arrêter. Suivant le type et la complexité d'un problème à résoudre, là où les questions qui se posent à certaines étapes paraîtront triviales, et les réponses seront immédiates.

Il n'est néanmoins pas inintéressant de se les poser, car ceci permet parfois de découvrir des problèmes sous-jacents qui ne seraient pas apparus autrement. Certaines étapes ne seront qu'une rapide halte, d'autres pourront faire jaillir des problèmes plus ou moins difficiles à résoudre, et pouvant même compromettre la réalisation du projet ou imposer certains remaniements du cahier des charges.

La première étape, généralement la plus rapide, car la plus évidente, ne sera autre que la définition du processus à étudier. Celle-ci, comportera le cahier des charges, mais aussi permettra de définir les grandeurs mesurables, les variables de commande et le système d'acquisition.

La seconde étape sera celle permettant de donner une représentation mathématique au système. Deux sous-étapes apparaîtront :

- la modélisation et l'identification.

La troisième et dernière étape de l'étude doit aboutir au système de commande.

1.1. Définition du processus.

La première étape de l'étude est une prise de contact avec le système à étudier. Durant cette étape, une analyse très fine du système doit être effectuée afin de le connaître sous tous ses aspects, et de s'en imprégner totalement. Cette analyse peut se décomposer en quatre parties.

1.1.1. Le but de l'étude

Le but de l'étude est défini dans le cahier des charges. Il faut néanmoins se rendre sur le site afin de se rendre compte très précisément du travail à effectuer et des difficultés qu'il est possible de rencontrer à cause de l'environnement ou autre. A ce moment, une étude détaillée du cahier des charges doit permettre de définir la faisabilité du projet en modifiant parfois certaines contraintes. Cette pré-étude permet d'autre part, une prise de contact étroite avec le système à étudier, et une meilleure connaissance de celui-ci.

1.1.2. Grandeurs de commande

Parmi toutes les entrées du système, il est nécessaire d'en choisir certaines qui seront utilisées comme grandeurs de commande. Ce choix ne devra pas être empirique, mais issu d'une étude montrant l'influence de chaque entrée sur les sorties. Deux méthodes sont envisageables pour la réalisation de cette étude :

Une méthode "intuitive" à partir de la connaissance même du processus ou l'utilisation d'une méthode plus scientifique en calculant par exemple : la matrice des intercorrélations entrées-sorties.

D'autre part, un système industriel travaille très souvent autour d'un point de fonctionnement. Cette remarque implique deux conclusions opposées.

C'est un avantage dans la mesure où le processus peut se simplifier non seulement par l'omission de non linéarités, mais aussi par la diminution du nombre des entrées, en ne tenant pas compte de celles qui restent constantes.

En contre-partie, ce sera un gros inconvénient, lorsque dans la partie analyse du système, certains phénomènes ou certaines influences n'apparaîtront pas pour la simple raison du niveau constant.

En conclusion, le choix des grandeurs de commande sera issu d'une analyse attentive du processus à laquelle il faudra ajouter les limitations physiques dues aux grandeurs elles-mêmes.

1.1.3. Grandeurs mesurables.

Une seconde conséquence de l'analyse du problème est la détermination des grandeurs de sortie ou internes qu'il est nécessaire de connaître pour pouvoir contrôler le processus. Ceci, fait apparaître la notion de mesurabilité d'une grandeur physique. Cette notion peut se traduire facilement par faire la correspondance bijective entre la grandeur physique et une valeur numérique. Mais si cette traduction de la mesurabilité est correcte dans l'absolu, elle est parfois incomplète, car elle ne fait pas intervenir le phénomène temps ; et celui-ci est dans certains cas, très important. Par exemple, lors de réactions biochimiques (voir chapitre II), la quantité de substrat présente dans un milieu donné est mesurée par sa demande biologique en Oxygène -DBO- La mesure de cette DBO nécessite un prélèvement et une réaction en éprouvette pendant un temps minimum de 5 jours. Au sens littéral du terme, la DBO est mesurable. Mais si la réaction dans les conditions réelles dure quelques heures, cette mesure, 5 jours plus tard, ne sert strictement à rien pour le système de régulation.

Nous allons modifier un peu la notion de mesurabilité, en y introduisant le phénomène temps. Une grandeur est mesurable, si à un instant quelconque il est possible, grâce à un dispositif bien adapté, d'en faire la correspondance bijective avec une valeur numérique, avec un retard maximum fixé par des contraintes extérieures.

Cette définition inclut donc, non seulement, la notion de mesure, mais aussi celle d'utilisation.

De ce fait, pour un système donné, une grandeur pourrait être considérée comme mesurable pour une procédure d'identification en temps différé, et non mesurable pour la conduite en temps réel. Il apparaît donc, que cette notion de mesurabilité n'aura de sens que si l'on précise le but de cette mesure.

Enfin, la mesurabilité d'une grandeur dépendra du système d'acquisition utilisé, et il est évident que l'on aura tout intérêt à prendre le plus performant.

1.1.4. Système d'acquisition.

Le système d'acquisition des mesures est composé d'un certain nombre de capteurs qui peuvent être de deux types très différents.

Le capteur ausens classique du terme est un système qui transforme une grandeur physique en une grandeur utilisable. Cette dernière sera analogique - par exemple une génératrice tachymétrique transforme une vitesse de rotation en une tension - ou numérique. Le passage en numérique est direct - codeur optique par exemple - ou se fait par l'intermédiaire d'un convertisseur analogique-numérique qui transforme une tension continue en une valeur numérique binaire.

Cette première catégorie de capteur est la plus répandue car d'une utilisation directe.

Dans certains cas assez complexes, il peut apparaître une grandeur physique dont la mesure est indispensable à la suite de l'étude mais pour laquelle il n'existe pas de capteur du type direct.

Par contre, la connaissance du phénomène physique a permis d'établir une relation entre cette grandeur et d'autres variables qui sont directement mesurables. Par inversion de cette relation, il est alors possible d'obtenir la grandeur désirée.

La précision de ce type de mesure est toujours plus faible qu'avec une mesure directe. Elle est fonction de la précision des mesures auxiliaires, de l'exactitude de la relation utilisée, et de la précision de calcul lors de l'inversion de cette relation. Dans un tel cas de figure, ce que nous appelons capteur est l'ensemble complet comportant les capteurs classiques ainsi que la partie calcul transformant les valeurs auxiliaires en la grandeur recherchée. Il est bien entendu que ce type de capteur doit être évité dans la mesure du possible, ne serait-ce que pour la mauvaise qualité de sa précision.

Une dernière remarque sur le système d'acquisition :

- Les mesures industrielles sont toujours bruitées. Il est nécessaire de les filtrer avant leur utilisation. Nous allons intégrer ce filtrage dans le système d'acquisition, si l'on considère que l'obtention d'une mesure bruitée correspond à un travail moitié fait. Lorsque la mesure est analogique mais le traitement numérique, on peut placer le filtre avant ou après le convertisseur analogique - numérique. Suivant l'option choisie, le filtrage sera analogique ou numérique.

Il semble a priori, que le filtrage numérique soit plus facile à implanter. Malheureusement, l'échantillonnage modifie le spectre fréquentiel du bruit, et les résultats obtenus sont souvent moins bons que ceux résultant de l'implantation d'une protection du capteur, et d'un filtrage analogique simple en sortie. (*)

(*) Gille Decaulne Pèlerin. "Théorie et calcul des asservissements linéaires. Chapitre 14.

1.1.5. Conclusion

La première étape qui correspond à la définition du processus est en général assez simple et peut se résumer ainsi :

- prise de contact avec le processus
- choix des grandeurs de commande
- choix des mesures de sortie
- choix des compteurs au sens large.

Tous ces points étant définis précisément, il est alors possible de passer à l'étape suivante concernant la représentation mathématique du système étudié.

1.2. La représentation du processus

Cette étape comporte deux sous étapes successives qui sont la modélisation et l'identification.

La modélisation est le choix d'une équation (ou d'un ensemble d'équations) traduisant les effets de l'entrée sur la sortie du système. Ce choix peut être empirique ou dicté par une connaissance du phénomène physique.

L'identification est la recherche des valeurs numériques des paramètres apparaissant dans le modèle. Le choix de la méthode d'identification est issu de la formulation de l'équation du modèle, mais aussi des possibilités de mesure sur le système.

1.2.1. Modélisation

Le choix d'un modèle est une opération extrêmement délicate ; en effet, suivant le niveau de représentativité du modèle le système de commande qui en découlera sera plus ou moins efficace. Deux approches possibles de la modélisation peuvent être envisagées.

1.2.1.1. Modèle de connaissance

La première approche possible est basée sur la connaissance du fonctionnement interne du système étudié. Il suffit d'écrire les lois physiques régissant le fonctionnement, l'ensemble de ces lois constituant le modèle de connaissance.

Quelles que soient les variations des entrées, le modèle réagira exactement comme le système réel, puisqu'il n'est que la traduction mathématique des phénomènes physiques internes. Un tel modèle est donc le nec plus ultra, et c'est ce type de représentation que l'on devrait toujours rechercher. Mais cette méthode possède néanmoins de gros inconvénients.

Tout d'abord, il est nécessaire de connaître suffisamment le système pour pouvoir en écrire toutes les relations internes. Ensuite, il y a de fortes chances pour que l'on fasse apparaître des grandeurs non mesurables. Enfin la représentation mathématique risque d'être tellement complexe qu'elle ne pourra pas être utilisée dans la suite de l'étude.

Il est préférable de se simplifier la tâche en n'utilisant que les grandeurs prépondérantes, et essayer d'obtenir un modèle, certes nettement moins bon, mais tout aussi efficace dans son utilisation.

1.2.1.2. Modèle de représentation

La quasi impossibilité d'obtenir un modèle de connaissance ou la complexité d'un tel modèle conduit à l'élaboration d'un modèle de représentation. Celui-ci ne sera autre que la traduction mathématique approximative de l'évolution des grandeurs mesurables en fonction des grandeurs de commande.

Un tel modèle sera choisi a priori dans une classe donnée : linéaire, non-linéaire, stationnaire ou non. La représentation sera celle la mieux adaptée au système de régulation envisagé : équation différentielle ou de récurrence.

Il n'existe pas de méthode générale permettant d'obtenir le meilleur modèle de représentation. Son choix est arbitraire, mais souvent orienté par une étude préalable permettant d'obtenir des informations sur le système. Cette pré-étude doit comporter deux parties :

- tout d'abord une partie concernant les propriétés physiques du système (donc proche du modèle de connaissance mais en restant plus superficiel),

ensuite, procéder à des mesures de la réponse du système à des évolutions de l'entrée.

Cette étude est certes assez peu précise, mais suffit bien souvent à définir un modèle dont le comportement est très voisin de celui du système étudié. Cette façon de procéder conduit à un modèle généralement simple mais dont le domaine de validité est assez étroit. En effet, on n'est sûr de sa bonne représentativité que pour des évolutions de l'entrée voisines de celles utilisées pour la modélisation.

En conclusion, le modèle de représentation est celui qui sera le plus souvent utilisé, mais il ne faut pas perdre de vue les limites de sa validité, et le modifier, ou tout au moins, vérifier à nouveau sa validité si le contexte de son utilisation a évolué.

1.2.2. Identification des paramètres

Si la modélisation pose des problèmes par manque de méthode et doit donc se faire de façon plus ou moins empirique, l'identification au contraire est très systématique lorsqu'une méthode a été choisie parmi le catalogue important des diverses possibilités. En effet, l'identification étant le calcul des valeurs numériques des paramètres du modèle, elle ne fait intervenir que les mathématiques et un grand nombre de méthodes ont été développées.

Ces méthodes peuvent être classées en différentes catégories suivant que :

- l'équation du modèle est linéaire ou non
- le signal d'entrée utilisé est déterministe ou aléatoire
- l'étude est basée sur la réponse temporelle ou fréquentielle
- l'identification est faite en temps réel ou en temps différé.

Devant un choix aussi large, il conviendra de retenir la méthode susceptible de donner la convergence la plus rapide vers le point le meilleur. Ce choix sera dicté par l'expression mathématique des équations à analyser et par la possibilité d'appliquer à l'entrée du système un signal de commande de tel ou tel autre type.

Lorsque, comme c'est pratiquement toujours le cas, le modèle utilisé pour décrire le fonctionnement du processus est un modèle de représentation ; les performances de la régulation sont directement liées au niveau de représentativité du modèle obtenu et, entre autres choses, aux valeurs numériques des paramètres issues de l'identification. Ces valeurs numériques dépendent en grande partie des signaux entrées-sorties utilisés pour leur calcul.

Le choix de ces signaux est donc très important. Il est évident que le signal d'entrée donnant les meilleurs résultats serait celui-là même résultant de la commande optimale, mais l'obtention d'un tel signal n'est pas envisageable.

La richesse tant du point de vue amplitude que spectral, du signal de commande utilisé dans le but d'identification, doit être la plus étendue possible. Les seules limites seront des limites physiques imposées par le processus et son mode de fonctionnement.

En conclusion, l'étape identification se décompose en deux parties. Le choix du signal de commande utilisé à cet effet est directement lié au processus de par ses contraintes physiques ainsi qu'à un choix à priori d'une certaine classe de fonctions (déterministe, aléatoire, ...).

Le choix de la méthode d'identification orienté par le type de modèle utilisé et par les mesures dont on dispose.

1.3. Le système de commande

Les deux étapes précédentes - modélisation et identification - ont permis de bien connaître le processus. Il est enfin possible de s'attaquer au problème posé qui est sa régulation. Ce problème sera étudié plus en détail au CHAPITRE VI, mais nous allons en donner ici un rapide aperçu.

1.3.1. Choix du type de régulation.

La base d'une chaîne de régulation est la comparaison de la sortie à contrôler avec sa valeur optimale. L'écart entre ces deux valeurs sert à la commande du système. Le schéma de principe comporte alors une boucle de retour, un détecteur d'écart et une boîte de commande. C'est le système asservi classique.

Ce schéma de base possède plusieurs variantes classiques par l'adjonction de fonctions tant sur la boucle de retour que dans la chaîne d'action.

Une étude mathématique en général plus complexe permet d'obtenir une régulation beaucoup plus performante que le simple système asservi. Elle sera basée sur un critère d'optimalité choisi en fonction des possibilités d'action et de mesure, et des contraintes liées au système. La recherche de la commande donnant une valeur maximum au critère - calcul de la commande optimale vis à vis dudit critère - définit une politique de commande et par voie de conséquence un système de régulation optimal.

1.3.2. La chaîne de régulation.

Elle comportera de façon plus ou moins explicite différentes parties qui sont :

- la mesure de certaines grandeurs d'entrée-sortie.
- parfois l'estimation de grandeurs non mesurables mais indispensable à une bonne régulation.
- la connaissance d'une représentation mathématique du processus
- les consignes
- les contraintes.

Si l'on veut représenter sous forme de schéma-bloc une telle chaîne, il faut considérer deux cas de figure qui sont la stationnarité ou non du processus considéré.

1.3.2.1. Système stationnaire.

Dans ce cas, l'étude permettant l'identification des paramètres du modèle représentatif du fonctionnement est faite en temps différé. Le schéma global sera du type de la figure 1.1.

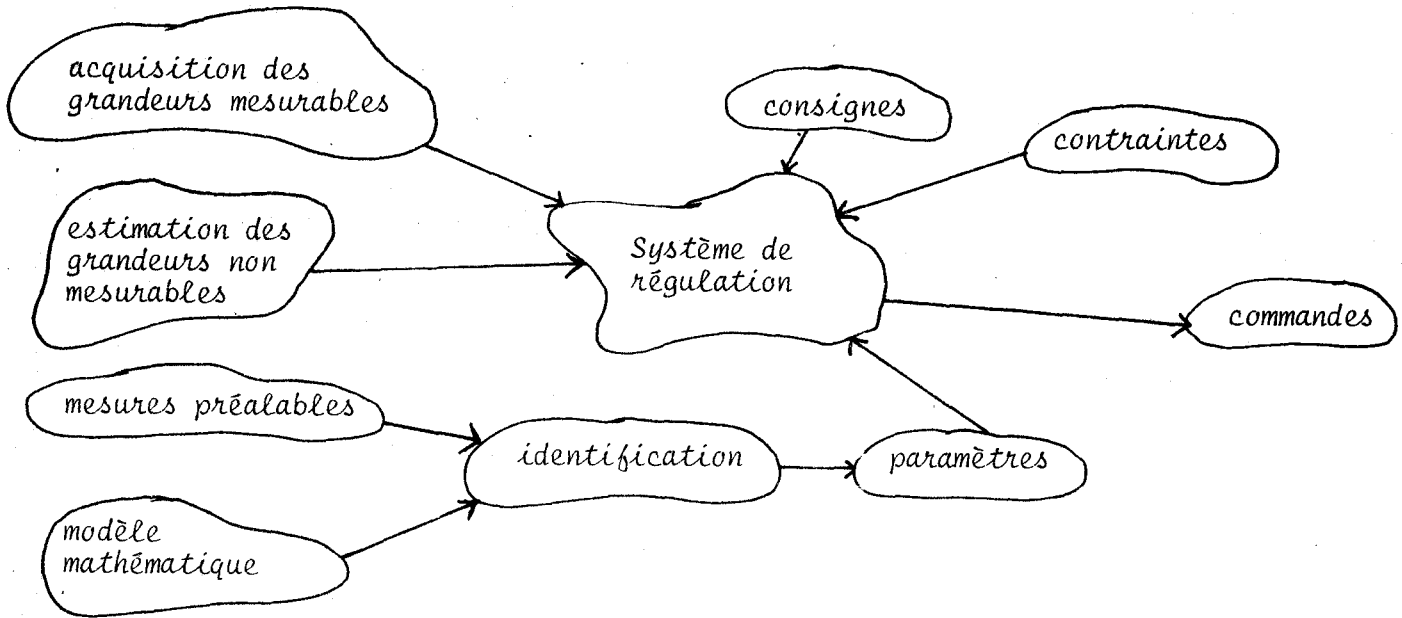


Fig 1.1.

Schéma général du système de régulation d'un processus stationnaire.

Le système de régulation proprement dit sera fonction du processus, du critère d'optimalité, du but de la régulation et des possibilités de commande. Il est en général solution d'un problème d'optimisation avec contraintes. Son efficacité sera fonction non seulement de la précision des mesures qui lui sont fournies, mais aussi de l'exactitude du modèle utilisé, et de l'identification qui en découle.

1.3.2.2. Système non stationnaire.

La partie identification doit alors être insérée dans la chaîne directe de régulation, l'évolution de la valeur numérique des paramètres interdisant toute identification en temps différée. La figure 1.1. se transforme alors en la figure 1.2.

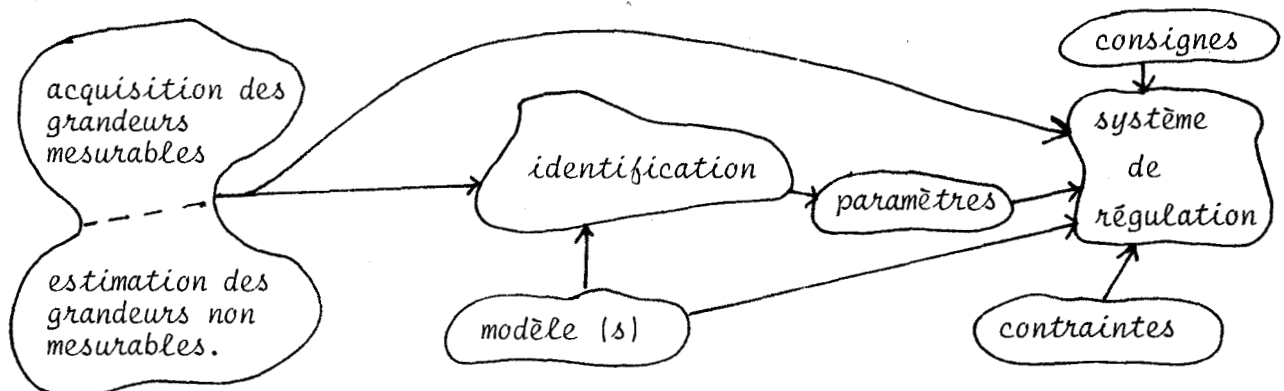


Fig. 1.2.

Schéma général du système de régulation d'un processus non stationnaire.

La non stationnarité peut apparaître de deux façons différentes :

- modèle unique dont les paramètres évoluent dans le temps.
- évolution dans le temps de la forme du modèle, par exemple en fonction du point de consigne. Dans ce cas le système de régulation doit tenir compte du modèle utilisé pour représenter le système.

La précision du processus de commande est cette fois, fonction du retard apporté par la partie identification. En contre-partie, le fait de corriger en temps réel les valeurs numériques des paramètres permet l'adaptation du système de commande et par conséquent doit en améliorer les performances.

1.4. Conclusion.

Ce chapitre d'introduction n'avait pour but que de rappeler des généralités connues de tout le monde mais que chacun oublie, lorsqu'il se penche sur la partie de l'étude qui lui incombe.

Il ne faut pourtant pas perdre de vue que l'efficacité générale de la résolution d'un problème complexe ne dépend pas de façon exclusive de l'optimalité apportée à chacune des divisions du problème général. Il y a souvent interdépendance entre les différentes parties et celle-ci n'est pas à négliger.

Pour donner un exemple simple mais concret, dans la conception d'une fusée, apparaît différents étages fonctionnant à tour de rôle. On pourrait donc penser étudier ces différents étages séparément et concevoir chacun d'eux de façon optimale, sans tenir compte des autres.

Le résultat risque fort d'être catastrophique.....

Cette façon de procéder ne représente souvent que la pré-étude qui permet de se placer dans un contexte donné. La seconde partie de l'étude devra se faire en "rassemblant les morceaux optimaux" et en les modifiant plus ou moins de façon que l'ensemble soit optimal.

CHAPITRE II

PRESENTATION DU SYSTEME BIOLOGIQUE

Dans tous les chapitres suivants, nous ferons référence à un système particulier que nous avons étudié, et sur lequel nous avons appliqué les divers aspects de l'automatique. Ce système est une partie de l'ensemble très complexe qu'est une station d'épuration des eaux usées. Nous avons pu entreprendre cette étude grâce aux contacts très étroits que nous avons eus avec le centre de recherche de l'omnium d'assainissement (CRODA).

Le but de ce chapitre est de présenter le système en question et de décrire son fonctionnement sous un aspect le plus général possible. Ensuite, sera présenté le système de mesure et enfin, nous exposerons les hypothèses qui ont été adoptées dans la suite de l'étude.

2.1. Description du système

Le processus d'élimination de la pollution des eaux usées est très complexe et peut prendre différents aspects. La méthode la plus employée actuellement fait appel à des boues activées. C'est celle que nous avons étudiée et que nous présentons ci-dessous.

Les eaux usées traversent tout d'abord un système de barrages permettant de supprimer les objets volumineux tels que boîte de conserve... L'eau parvient ensuite dans la station d'épuration proprement dite et va traverser trois bassins. Le premier d'entre eux dit "décanteur primaire" a pour effet l'élimination du maximum de pollution en suspension. Pour

ce faire, l'eau, introduite par le centre du bassin, séjourne plusieurs heures dans un milieu très calme. Seule une "raclette" récupère en surface les huiles ou autres produits à densité faible. L'eau sortant de ce bassin par débordement naturel ne contient pratiquement plus de pollution en suspension et a un aspect très limpide. Il y reste cependant une quantité parfois importante de pollution dissoute. Lorsque cette dernière risque d'être trop importante pour la suite du traitement, l'adjonction de produits chimiques du type flocculant permet de transformer une partie de la pollution dissoute en pollution décantable.

A la sortie du premier bassin, l'eau et sa pollution dissoute est introduite dans un second bassin dit "bassin d'aération". En ce lieu, l'eau se trouve mélangée à des boues activées, c'est à dire contenant des micro-organismes qui, grâce à leurs enzymes, cassent les chaînes carbonées de la pollution biodégradable pour en faire des sous-produits consommables en vue de leur développement. Mais les micro-organismes ont besoin d'oxygène tant pour les réactions chimiques qu'ils créent que sur le plan énergétique. Cet oxygène est introduit en aérant l'eau soit par des aérateurs rotatifs de surface ou par insufflation de bulles d'air par le fond. Le mixage de l'air et de l'eau permet la dissolution de l'oxygène qui est ainsi rendu utilisable par les micro-organismes. A la sortie de ce bassin l'eau d'aspect boueuse passe dans un second décanteur. Là se déposent les floccs de boues composés des micro-organismes et de la pollution qu'ils ont dégradée. L'eau ne contient maintenant plus qu'une quantité très faible de polluant pouvant être acceptée par le milieu récepteur. Les boues décantées sont pompées pour être recyclées dans le bassin d'aération ; les boues dites en excès sont éliminées par un traitement spécifique. Elles sont dues à la croissance des micro-organismes par démultiplication.

La description qui vient d'être faite correspond aux stations d'épuration les plus simples. Il peut en effet, y avoir un bassin de stockage ou un bassin tampon entre le décanteur primaire et le bassin d'aération. L'effet de ce bassin est double : il permet une meilleure régulation des débits et d'autre part amortit les brusques variations de concentration de la pollution par le fait même du mélange.

Dans le circuit des boues de retour se trouve parfois un bassin servant à la stabilisation des boues. Lors de leur séjour dans ce bassin les micro-organismes ont le temps de "digérer" et pénètrent ainsi dans le bassin d'aération avec leur pouvoir de dégradation maximum. Ce procédé dit "contact-stabilisation" permet une réduction importante du dimensionnement du bassin d'aération.

Enfin, dans pratiquement tous les cas de figure, il existe un circuit de by-pass permettant de shunter les bassins biologiques pour tout ou partie du débit d'entrée lorsque la charge polluante est trop importante ou contient des substances dangereuses pour la santé des micro-organismes.

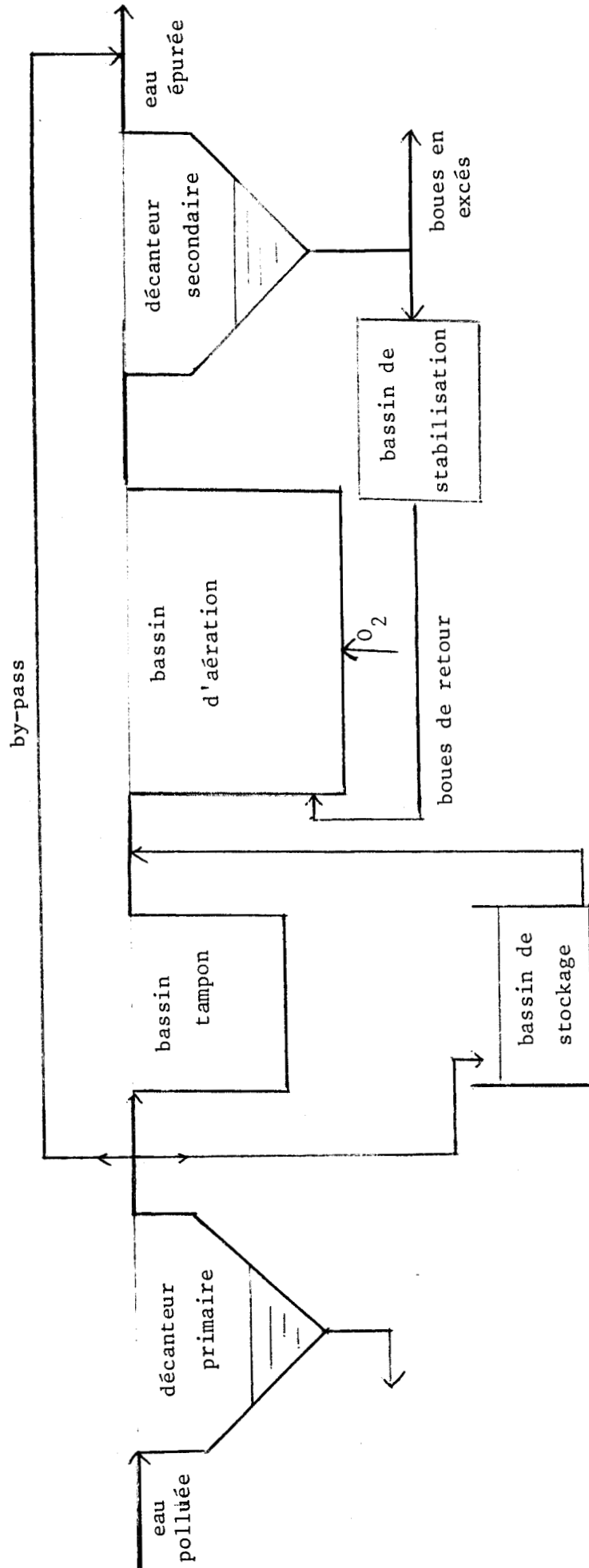


figure 2.1. Représentation maximale d'une station d'épuration des eaux

2.2. Fonctionnement

Après la description du système vu sur son aspect physique, il convient de décrire plus précisément son mode de fonctionnement. Il n'est rien d'autre à dire sur les deux décanteurs, mais le bassin de traitement biologique mérite une présentation plus approfondie. De prime abord, il semble que l'on puisse le séparer en deux parties qui sont le biologique et l'hydraulique.

2.2.1. Biologique

Les micro-organismes des boues de retour se trouvent en présence de pollution dissoute dans l'eau. Si cette pollution est carbonée et bio-dégradable, elle pourra se faire détruire par les micro-organismes présents, mais la vitesse de dégradation va dépendre de beaucoup de paramètres plus ou moins bien connus.

L'efficacité du fonctionnement biologique est liée à l'affinité du couple polluant-micro-organismes, mais aussi aux conditions d'environnement présent (pH, température, ...). Le déroulement des réactions biochimiques peut, de façon schématique, être dissociée en deux étapes.

Dans un premier temps les micro-organismes détruisent les chaînes moléculaires complexes pour les transformer en éléments plus simples et assimilables. Ceci est le travail des enzymes. On voit donc que si l'on introduit un substrat que les micro-organismes n'ont jamais eu à assimiler, ceux-ci ne possèdent pas les enzymes spécifiques à la dégradation de ce produit qui de ce fait se fera plus lentement.

La seconde partie du travail des micro-organismes est l'assimilation qui consiste à faire passer à l'intérieur de la cellule les substances carbonées simples qui ont été obtenues. Le carbone chimique pourra ainsi être transformé en carbone organique, en vue de la création de nouvelles cellules.

2.2.2. Hydraulique

Les lois hydrauliques sont trop complexes pour pouvoir être traitées de façon générale. Chaque bassin ayant ses particularités propres tant au point de vue dimension que système d'aération ou d'admission des eaux et des boues ; une étude précise du fonctionnement hydraulique devrait être réalisée pour chaque cas particulier.

Les lois hydrauliques ont une influence sur :

- la qualité du mélange eau - boues - air
- la concentration en oxygène dissous
- la distribution des temps de séjour dans le bassin

La qualité du mélange eau - micro-organismes est difficilement accessible. Elle pourrait être obtenue par une mesure de concentration des matières en suspension en divers points du bassin. La dispersion des mesures obtenues représenterait l'homogénéité du mélange. Mais ce type d'expérience ne nous donnerait que des approximations qualitatives dépendant des points de mesures.

La mesure de concentration en oxygène dissous ne pose en général pas de problèmes majeurs. Une ou plusieurs sondes spécifiques sont placées dans le bassin et au vu des résultats on sait si le niveau d'oxygénation est suffisant pour permettre un bon fonctionnement du système bactérien. Dans la plupart des cas, une régulation de l'aération est installée à partir de la mesure d'oxygène dissous, afin de maintenir un niveau d'oxygène acceptable pour une dégradation correcte tout en minimisant les dépenses énergétiques consommées par le système d'aération.

La distribution des temps de séjour dans le bassin est une fonction qui semble a priori ne poser aucun problème de mesure. Il suffit de mettre dans l'eau entrant dans le bassin un traceur qui soit soluble dans l'eau afin qu'il ait les mêmes réactions mécaniques au phénomène d'agitation. Ce traceur pourra être un colorant ou un produit chimique facilement détectable. On mesure en sortie la concentration du traceur dans l'eau et la courbe obtenue nous donne directement la courbe "distribution des temps de séjour". Mais c'est compter sans les micro-organismes ! En effet, pour eux le traceur sera un polluant comme un autre, et il se fera dégrader. Si l'on intègre la courbe de concentration en sortie, on est loin de retrouver la quantité de traceur introduite et il est impossible de faire une approximation proportionnelle car la quantité dégradée pendant la même fenêtre de temps Δt n'est pas une constante. La seule possibilité serait de trouver un traceur qui soit totalement neutre pour les micro-organismes - c'est à dire qui ne soit ni une nourriture ni un poison et qui soit aisément mesurable. Il est par contre possible d'obtenir facilement le temps de séjour moyen \bar{T}_s : si V est le volume du bassin et $deb(t)$ la fonction débit d'entrée, le temps de séjour moyen est donné par l'équation intégrale

$$V = \int_{t_0}^{t_0 + T_s} deb(t) \cdot dt$$

2.2.3. L'interaction biologique-hydraulique

La description des fonctions biologiques et hydrauliques fait apparaître une interaction importante entre ces deux fonctions, ou plus exactement l'incidence de l'une sur l'autre. Un bon fonctionnement du processus biologique va dépendre

* de la concentration en oxygène dissous. Celle-ci est obtenue par le système d'aération qui est en même temps celui d'agitation. Modifier le débit d'air insufflé aura conséquence directe sur l'agitation donc sur la qualité du mélange eau boues

** du temps de séjour dans le bassin. Celui-ci est une fonction directe des divers débits d'entrée. Prenons le cas où la concentration en pollution incidente augmente, . Il convient d'augmenter le débit des boues de retour pour que la charge ne devienne pas trop forte. Mais la conséquence de cette augmentation de débit est une diminution du temps de séjour moyen. Les micro-organismes disposeront alors d'un temps plus court pour dégrader la pollution. Nous nous trouvons en présence d'un système tel qu'une action sur une entrée entraîne deux conséquences opposées. Il ne faudra pas perdre de vue ce point, lors de l'étude d'un système de régulation.

2.3. Grandeurs mesurables

Le principe de fonctionnement d'une station d'épuration aboutit à la définition d'une liste de fonctions et paramètres qu'il serait intéressant de connaître dans un but de régulation. Sur le plan hydraulique plusieurs fonctions apparaissent immédiatement ; ce sont le débit d'eau et le débit des boues de retour. Une troisième fonction qui traduirait la qualité du mélange et permettrait de déterminer la distribution des temps de séjour serait d'un grand intérêt pour le système de régulation, mais nous avons vu qu'une telle fonction est pratiquement impossible à obtenir.

Pour le fonctionnement biologique plusieurs paramètres semblent irremplaçables. Ce sont la concentration en pollution dans l'eau, la concentration en micro-organismes dans les boues de retour, l'affinité entre la pollution et micro-organismes et l'aptitude des micro-organismes à dégrader à nouveau la pollution qui lui est présentée. (réserve énergétique). Cette affinité et l'aptitude des micro-organismes ne peuvent évidemment pas se mesurer avec une sonde, ils devront donc apparaître sous la forme de paramètres dans les équations traduisant les lois biologiques. Il est de même très difficile de mesurer la concentration en micro-organismes dans les boues de retour. Il serait possible d'adapter un système de mesure de matières en suspension, mais il n'est pas sûr que cette mesure soit le reflet de la concentration en micro-organismes actifs. Une autre grandeur très importante qu'il conviendrait de connaître est la concentration en pollution tant en entrée qu'en sortie. A l'entrée du bassin il paraît nécessaire de connaître la quantité de pollution que l'on introduit afin de savoir comment l'éliminer, et en sortie il semble naturel de pouvoir mesurer la concentration résiduelle qui permettrait de connaître l'efficacité de l'action d'épuration et de la corriger si nécessaire.

La concentration en substrat biodégradable se mesure en D B O qui est la demande biologique en oxygène. Cette mesure représente la quantité d'oxygène nécessaire aux micro-organismes pour dégrader la pollution qui lui est présentée. Afin d'avoir une valeur représentative de la D B O , on met en présence en milieu clos, une quantité connue de micro-organismes et d'eau polluée et on sature en oxygène. Après cinq jours, on mesure la quantité d'oxygène restant ce qui permet de calculer ce qui a été consommé.

DE par la méthode même, qui est une méthode de laboratoire, et le retard de cinq jours minimum nécessaire, il apparaît qu'une telle mesure est totalement inutilisable pour la conduite en temps réel d'une station d'épuration. La concentration en substrat peut aussi se mesurer par la demande chimique en oxygène D C O , où la demande totale en oxygène D T O .. Ces mesures donnent la quantité d'oxygène nécessaire à une dégradation chimique en substrat. Nous retrouverons donc dans une telle mesure la quantité de pollution non biodégradable, c'est à dire qui ne sera pas atteinte par les bactéries. Il existe des lois permettant de passer de la DCO ou de la DTO à la DBO, mais celles-ci sont très approximatives et l'erreur commise risque d'être très importante suivant la nature de la pollution incidente.

D'autre part, les mesures de DCO et DTO sont assez délicates à réaliser et ne peuvent être assez précises qu'utilisées en laboratoire par du personnel qualifié.

La figure 2.2. schématise un bassin d'aération en y faisant apparaître les différentes grandeurs d'entrée et de sortie.

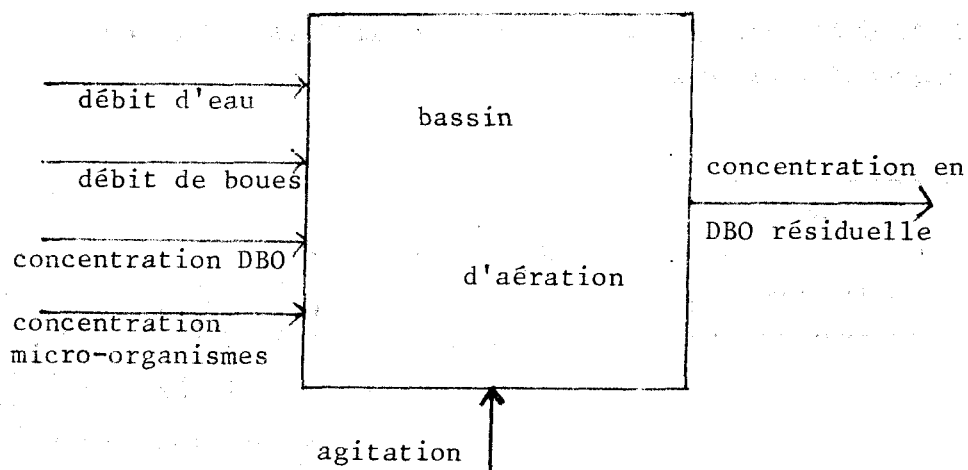


figure 2.2.

Le bilan des grandeurs mesurables n'est pas très engageant. Sur les cinq entrées présentant un gros intérêt pour l'étude de la station, seuls les deux débits seront mesurables ; la sortie que l'on cherche à réguler n'est pas mesurable. Afin de pouvoir continuer l'étude, nous avons été contraint à utiliser un moyen détourné pour estimer les grandeurs non mesurables et pourtant indispensables à la suite de l'étude. Ces grandeurs doivent permettre de définir le comportement des micro-organismes devant la pollution introduite.

2.4. Le pilote

Ce capteur est issu d'un appareil de laboratoire qui permettait aux techniciens de la CRODA de définir le dimensionnement du bassin d'aération lors de l'étude préliminaire à la construction d'une station d'épuration. Il permettait de voir l'adaptabilité d'une souche de micro-organismes au type de substrat qui lui sera présenté, ainsi que le temps de réaction reflétant l'affinité entre les micro-organismes et le substrat.

2.4.1. Son utilisation

Le pilote n'est rien d'autre qu'un petit bassin d'aération de laboratoire. Il se présente sous la forme d'une cuve cylindrique d'une contenance approximative de dix litres. On le remplit avec de l'eau contenant des micro-organismes, et il est aéré en permanence par un système de bulles d'air. Le mélange est obtenu à l'aide d'une pompe soutirant l'eau dans le fond de la cuve pour la réintroduire par sa partie supérieure. En entrée, une électrovanne permet d'injecter un volume connu d'eau polluée. Une sonde à oxygène fournit en continu la concentration en oxygène dissous dans l'eau.

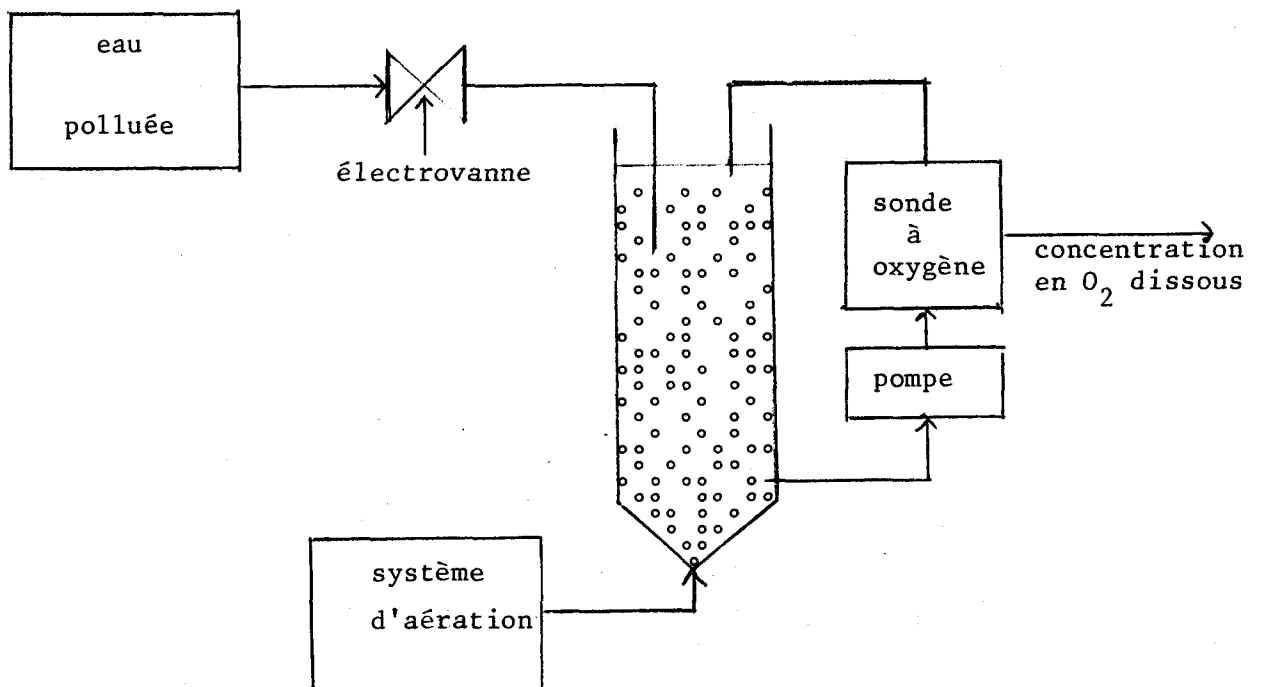


FIGURE 2.3. Schéma de principe du pilote

On peut estimer qu'à l'intérieur du pilote, le mélange est quasi parfait: le système d'aération crée un mouvement ascendant alors que le recyclage par la pompe crée un mouvement descendant.

Les lois hydrauliques sont du type mélange intégral, c'est à dire qu'à chaque instant la charge (rapport entre la DBO et la concentration en micro-organismes) est uniforme dans tout le pilote. Il est alors possible de faire l'étude du comportement biologique en faisant abstraction du phénomène hydraulique.

2.4.2. Les mesures

Les mesures prises lors de l'utilisation du pilote sont

- * le volume de boue microbienne introduit
- * le temps d'ouverture de l'électrovanne à partir duquel il est aisé de calculer le volume d'eau polluée introduit par simple intégration du débit.
- * la mesure en continu de la concentration en oxygène dissous dans l'eau.

Les deux mesures de volume introduit vont permettre de calculer les concentrations en DBO dans l'effluent et en micro-organismes dans les boues de retour. A partir de la fonction concentration en oxygène dissous, nous allons déterminer la consommation en oxygène par unité de temps. Pour cela, nous allons utiliser la loi de variation de cette concentration.

$$\frac{dC(t)}{dt} = K_{L_0} (C_{sat} - C(t)) - R_0(t) \quad 2.2$$

avec

- $C(t)$ concentration en O_2 dissous
- $R_0(t)$ respiration des micro-organismes
- C_{sat} concentration de saturation
- K_{L_0} taux de dissolution de O_2 dans l'eau.

Par respiration nous entendons vitesse de consommation d'oxygène par unité de temps.

La respiration $R_o(t)$ est la somme de deux termes

$$R_o(t) = R_e + R(t) \quad 2.3$$

R_e est la respiration endogène des micro organismes, elle est proportionnelle à leur concentration.

$R(t)$ est la vitesse de consommation d'oxygène nécessaire à la dégradation de la pollution introduite.

2.4.2.1. Calcul de $R(t)$

La juxtaposition des relations 2.2. et 2.3. permet d'écrire la loi donnant la respiration des micro-organismes en fonction de la concentration en oxygène dissous.

$$R(t) = K_{La} (C_{sat} - C(t)) - R_e - \frac{dC(t)}{dt} \quad 2.4$$

A partir de la mesure de $C(t)$ et de la relation 2.4. il est possible de calculer la fonction $R(t)$, mais ce, à condition de connaître les paramètres K_{La} , C_{sat} et R_e

Nous avons déjà dit que R_e est proportionnel à la concentration en micro-organismes ; quant aux paramètres K_{La} et C_{sat} ils dépendent de beaucoup de facteurs extérieurs comme la pression atmosphérique, la température, le PH, le taux de matière en suspension dans l'eau. D'autre part, K_{La} représentant la vitesse de transfert l'oxygène dans l'eau va être fonction du mode d'aération et dans le cas présent de la taille des bulles d'air et de leur débit. Tout ceci nous montre qu'il est très difficile d'obtenir les valeurs numériques de ces paramètres par l'étude du point de fonctionnement. Ces mesures peuvent pourtant être obtenues par une expérience simple.

Nous n'introduisons pas d'eau polluée dans le pilote et nous enregistrons la courbe $C(t)$ en partant d'un niveau assez bas. Puisque $R(t)$ est nul, il est facile de voir par intégration de la relation 2.4. que la fonction $C(t)$ sera

$$C(t) = \left(C_{sat} - \frac{R_e}{K_{La}} \right) \cdot \left(1 - \exp(-K_{La} \cdot t) \right) \quad 2.5$$

le régime permanent est $C_{sat} - \frac{R_e}{K_{la}} = C_\infty$

la dérivée à l'origine vaut $K_{la} - C_\infty$

le relevé de la courbe permet le calcul de K_{la} et C_∞

Toujours sans introduction de pollution, la concentration en oxygène ayant une valeur C_1 proche du régime permanent, nous coupons l'aération. De ce fait K_{la} devient nul et l'équation 2.4. se ramène à

$$\frac{dC(t)}{dt} + R_e = 0 \quad 2.6$$

Ceci nous permet d'obtenir R_e qui rapproché de la valeur C_∞ donnera le niveau C_{sat}

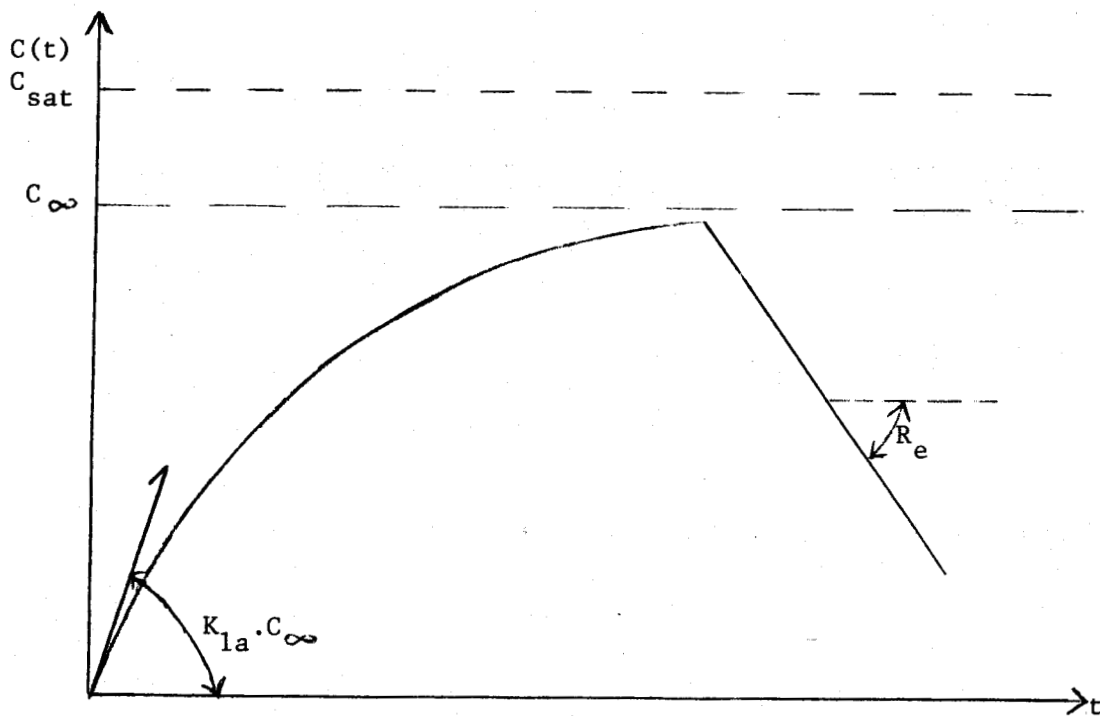


figure 2.4. Obtention des paramètres K_{la} , C_{sat} et R_e

Pour calculer la fonction respiration $R(t)$ il suffit maintenant de résoudre l'équation 2.4., les paramètres étant connus il ne reste qu'à calculer la dérivée de $C(t)$. Toutes les mesures sont gérées par un ordinateur, la fonction $C(t)$ est donc discrétisée et le calcul de $\frac{dC(t)}{dt}$ est évident.

$$\left(\frac{dC(t)}{dt}\right)_R = \frac{1}{\Delta T} (C_R - C_{R-1}) \quad 2.7$$

Malheureusement les mesures C_R sont assez fortement bruitées, et il est nécessaire de les filtrer avant le calcul de la dérivée.

2.4.2.2. Filtrage

Plusieurs types de filtrage ont été essayés par le CRODA, depuis la simple moyenne sur N points jusqu'à un filtrage du type KALMAN. Si la première méthode n'est en général pas suffisante, la seconde est par contre beaucoup trop lourde pour traiter un problème aussi simple. Nous proposons la méthode de filtrage suivante pour déterminer les valeurs filtrées \tilde{C}_R et $\left(\frac{d\tilde{C}}{dt}\right)_R$.

Nous construisons l'ensemble glissant

$$\{C_{R-9}, \dots, C_R, \dots, C_{R+9}\} \quad 2.8$$

et nous calculons la droite des moindres carrés optimal pour cet ensemble. Nous obtenons l'équation

$$y = \alpha_R \cdot i \cdot \Delta T + \beta_R \quad 2.9$$

pour $i = R$ nous obtenons

$$\tilde{C}_R = \alpha_R \cdot R \cdot \Delta T + \beta_R \quad 2.10$$

la pente de la droite égale à la dérivée au point R

$$\alpha_R = \left(\frac{d\tilde{C}(t)}{dt}\right)_R \quad 2.11$$

Il est possible d'obtenir les coefficients α_R et β_R par récurrence, ce qui permet d'éviter le calcul à chaque point de la droite des moindres carrés.

Le paramètre q est celui qui définit le niveau du filtrage et devra de ce fait être choisi convenablement en fonction de la forme de la courbe à lisser, afin de ne pas laisser trop de bruit si q est trop faible ou ne pas faire disparaître les zones de variation rapide si q est trop grand. Les courbes des figures 2.5. et 2.6. permettent de juger de l'efficacité du filtrage et de comparer les résultats pour divers valeurs du coefficient.

Le dernier problème que nous avons jusqu'à présent passé sous silence est l'influence d'une erreur d'estimation des paramètres

2.4.2.3. Précision

Nous pouvons rappeler l'équation 2.4.

$$R(t) = K_{la} (C_{sat} - C(t)) - \frac{dC(t)}{dt} - R_e$$

Supposons que l'erreur relative sur les coefficients soit

$$\frac{\Delta K_{la}}{K_{la}} \quad \frac{\Delta C_{sat}}{C_{sat}} \quad \frac{\Delta R_e}{R_e}$$

appelons $R(t)$ la valeur réelle et $R^*(t)$ la valeur calculée

$$R^*(t) = (K_{la} + \Delta K_{la}) \cdot (C_{sat} + \Delta C_{sat} - C(t)) - \frac{dC(t)}{dt} - (R_e + \Delta R_e) \quad 2.12$$

Nous obtenons

$$\Delta R(t) = R^*(t) - R(t) = K_{la} \cdot \Delta C_{sat} + \Delta K_{la} (C_{sat} - C(t)) - \Delta R_e \quad 2.13$$

si l'on néglige un terme du type $(\Delta p)^2$

Il apparaît que l'erreur due à C_{sat} et à R_e se traduit par une erreur constante dans le temps. Par contre l'erreur sur K_{la} se transforme au niveau de l'erreur sur $R(t)$ en quelque chose de proportionnel à l'écart entre C_{sat} et $C(t)$.

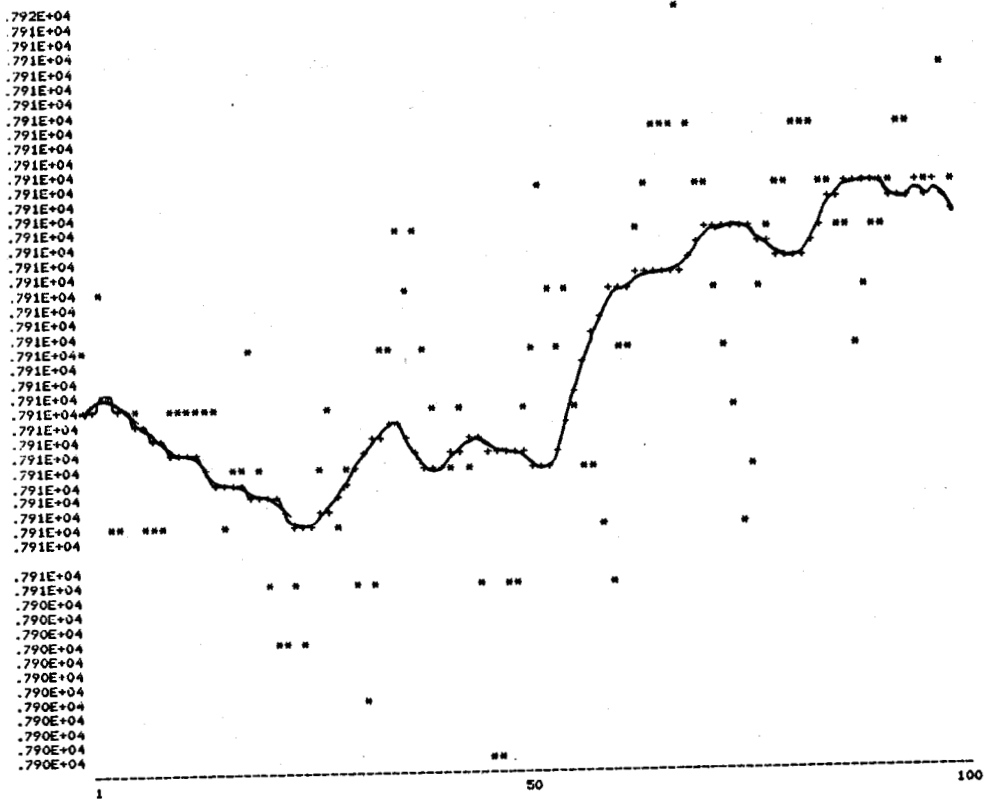


figure 2.5. Efficacité du filtrage

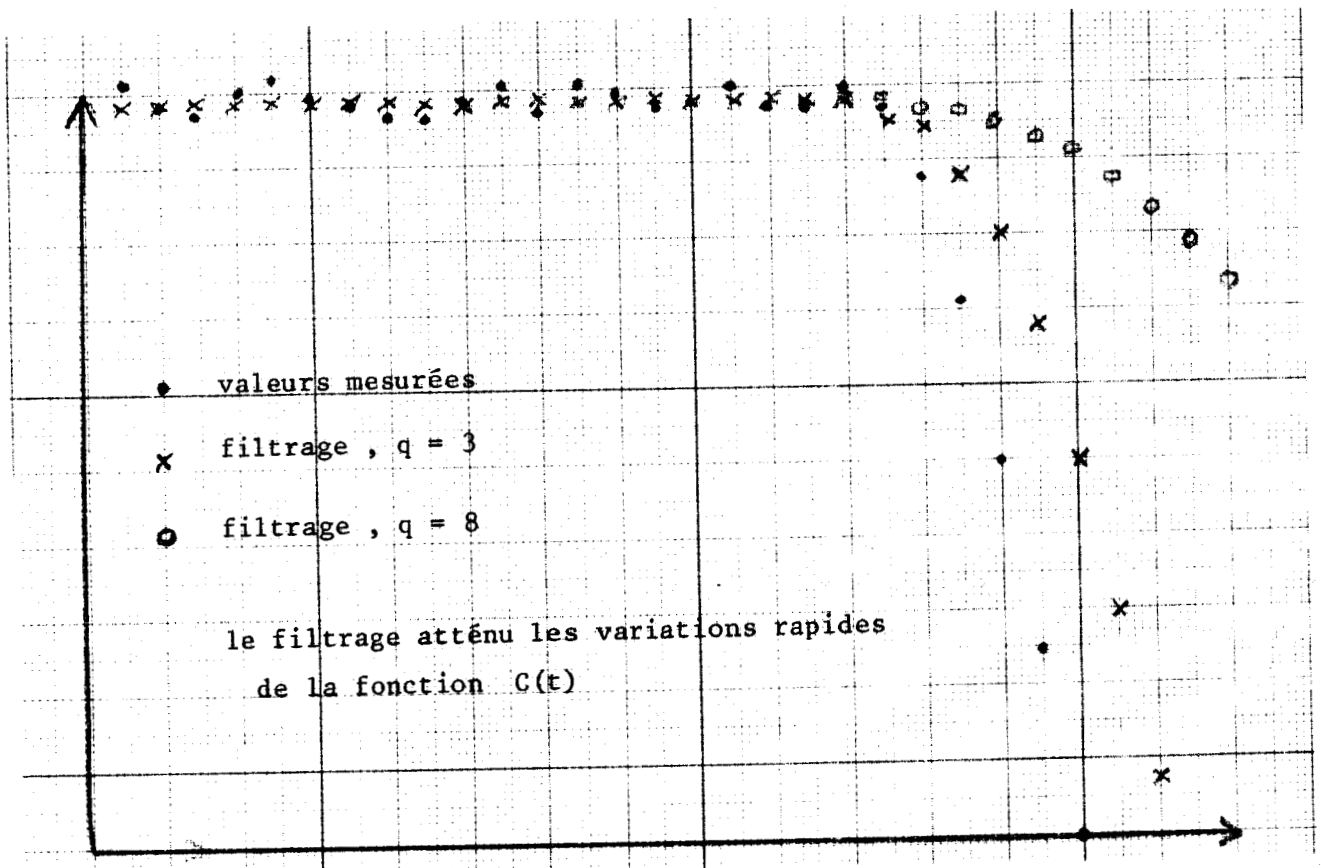


figure 2.6. Inconvénient du filtrage

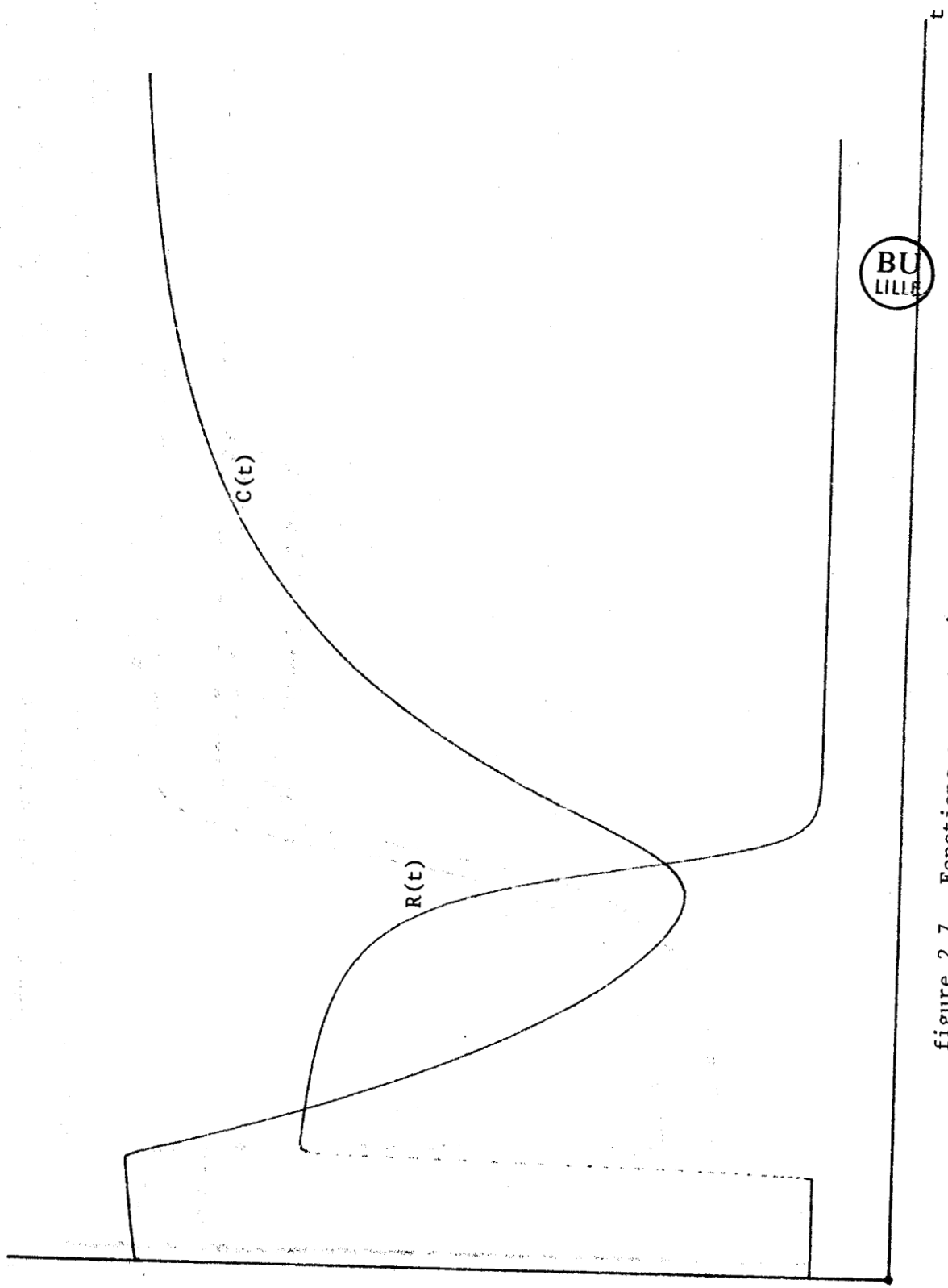


figure 2.7. Fonctions concentration et respiration

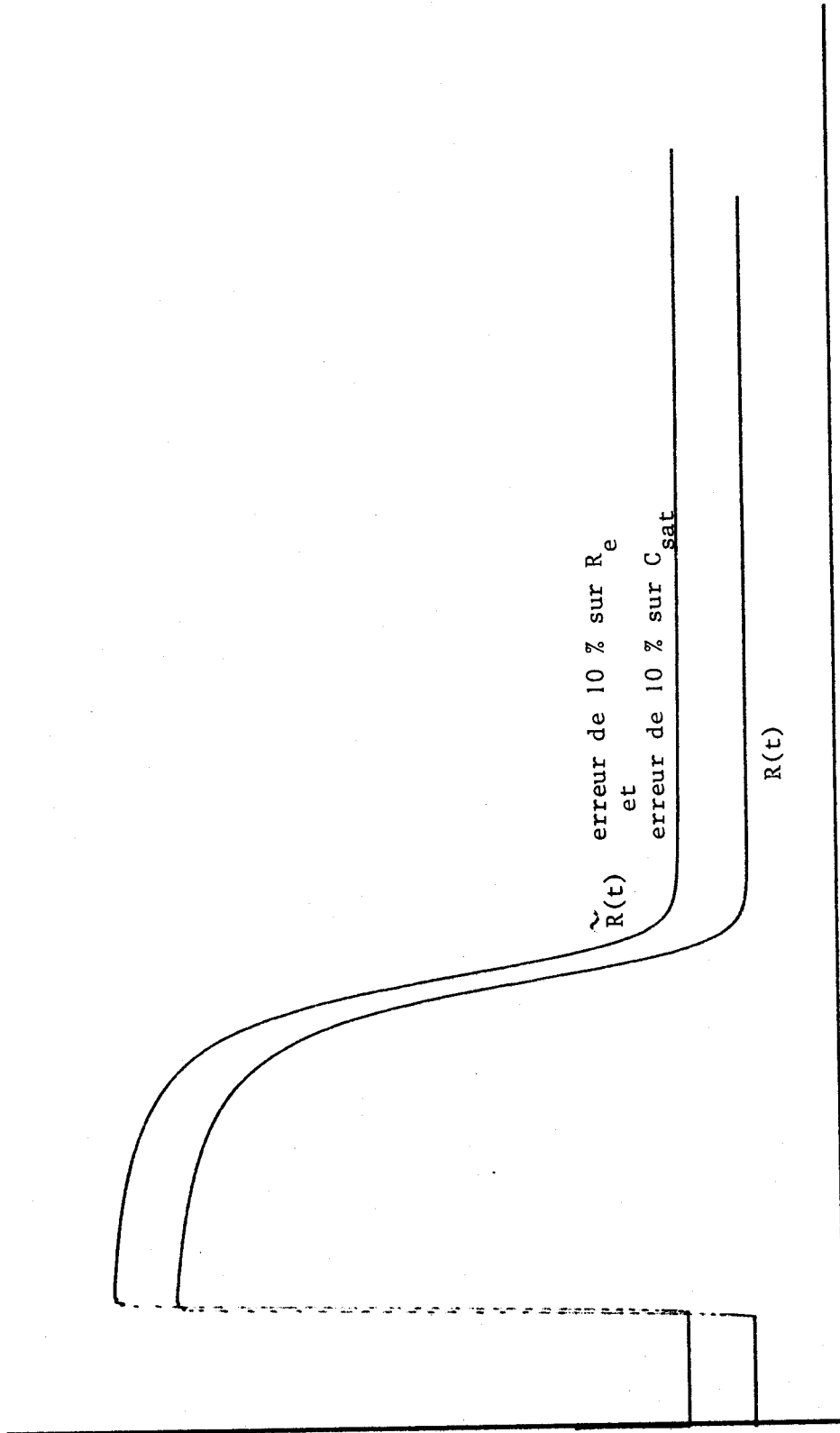


figure 2.8. La fonction estimée $\tilde{R}(t)$ est issue de $R(t)$ par translation

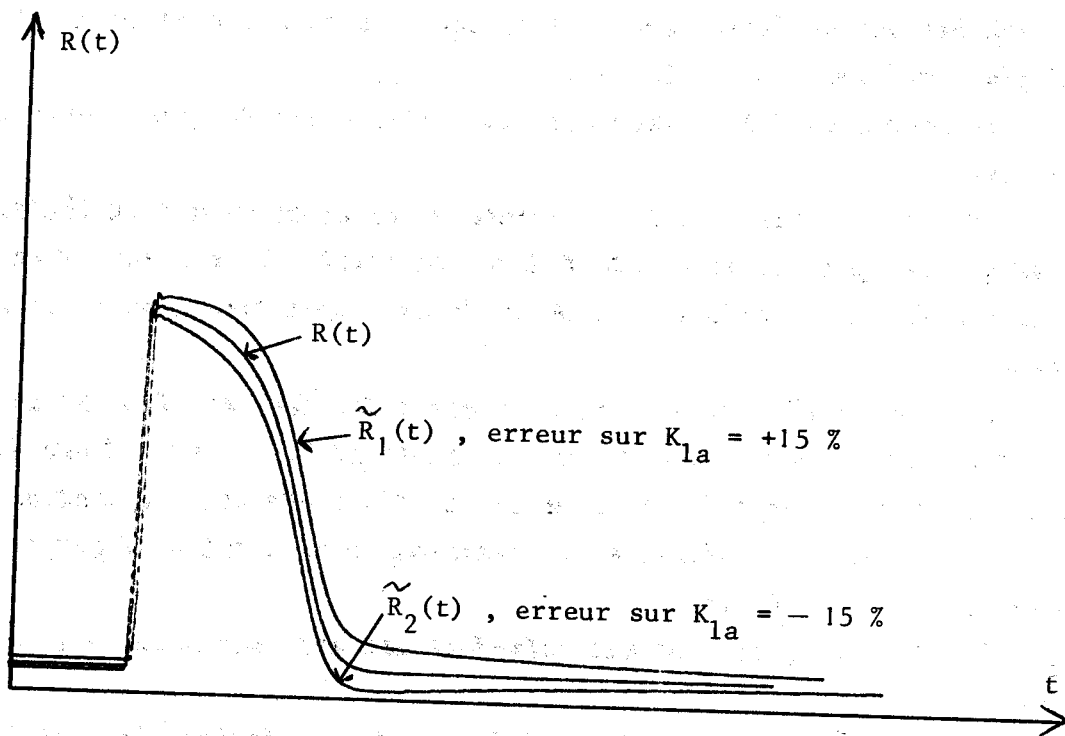
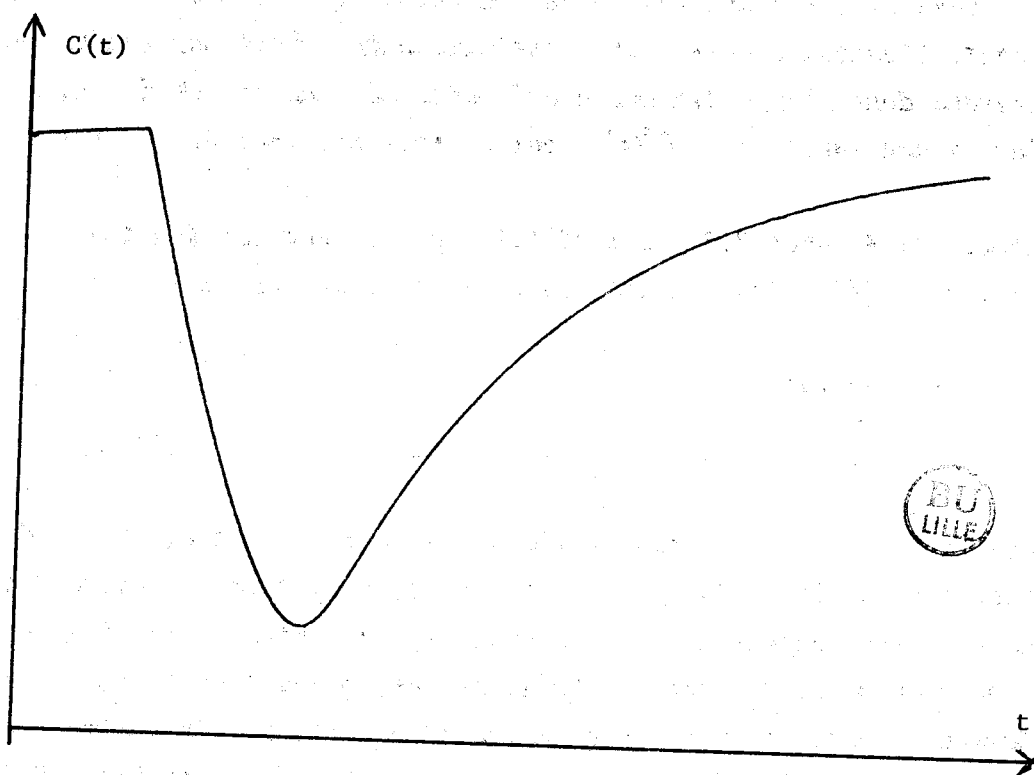


figure 2.9. Incidence d'une erreur sur K_{1a}

Lorsque cet écart sera grand, c'est à dire un peu après l'injection du substrat, l'erreur commise sur l'estimation de $R(t)$ deviendra importante. Il conviendra donc d'apporter une grande attention au calcul de K_{10} afin d'avoir une fonction $R^*(t)$ qui ne soit pas trop éloignée de sa valeur réelle.

Les courbes des figures 2.7., 2.8 et 2.9 représentent les fonctions $R^*(t)$ obtenues pour différentes valeurs des erreurs relatives sur les divers paramètres.

2.5. Conclusion

Le processus que nous avons choisi d'étudier appartient à la classe des systèmes biotechnologiques. D'une façon générale, de tels systèmes comportent deux entrées qui sont les micro-organismes et le substrat, la sortie pourra être soit la production d'un produit donné (méthane, alcool, produit pharmaceutique).....ou d'une famille précise de micro-organismes (levures), une troisième entrée qui est l'air (ou oxygène pur) existera dans le cas de réactions aérobies. Des variables internes apparaissent généralement et seront plus ou moins contrôlables (sous-produit inhibiteurs difficilement contrôlable - variation de pH ou de température pouvant plus facilement être régulée).

Le processus d'épuration des eaux usées est à la fois plus simple et plus complexe.

Il est plus simple dans la mesure où le problème des inhibiteurs ne se pose pratiquement pas. De même, étant donné la taille des bassins et le fonctionnement en continu, une variation du pH ou de la température n'aura qu'une influence très faible.

La complexité provient principalement des deux entrées. Si dans un fermenteur par exemple, on introduit un substrat bien connu et une famille très précise de micro-organismes, dans le cas d'une station d'épuration se trouvent mêlée une très importante diversité de micro-organismes qui vont parfois se faire concurrence, ou se compléter.

D'autre part, le substrat introduit est très variable tant en qualité qu'en quantité.

Ce type de processus n'est visiblement pas stationnaire, et il sera nécessaire de réactualiser en permanence la valeur des paramètres internes, si l'on veut optimiser son fonctionnement.

CHAPITRE III

MODELISATION

3.1. Les buts et les méthodes

La modélisation est la recherche d'une représentation mathématique du fonctionnement d'un processus. En fonction des connaissances à priori, des possibilités de mesure et des besoins, cette représentation pourra prendre divers aspects plus ou moins équivalents; par exemple

- fonction de transfert
- système d'équations différentielles linéaires ou non
- par variables d'état
- systèmes d'équations de récurrence

Le but de cette recherche est généralement une meilleure connaissance du fonctionnement à des fins d'optimisation ou au moins régulation. Il faut avant tout savoir comment orienter cette recherche en définissant le type de modèle que l'on veut obtenir et les moyens d'action dont on dispose pour y parvenir.

On ne peut pas dire qu'il existe réellement des méthodes de modélisation; un nombre pratiquement inexistant de publications traitant de ce sujet en est la preuve - si l'on ne considère pas la modélisation d'un système précis -. Mais lorsque l'on s'occupe d'un système industriel, il est impossible de faire une quelconque étude si l'on ne possède pas une représentation mathématique de son fonctionnement.

Quelle est alors la marche à suivre pour obtenir cette représentation, ce modèle mathématique.

Plusieurs cas de figure peuvent être envisagés. La structure du système étudié est relativement simple et son fonctionnement répond à des lois parfaitement déterminées. Dans ce cas le modèle mathématique sera simplement l'écriture de ces lois. Cette équation (ou ce système d'équations) liera les grandeurs de commande aux grandeurs de sortie. Malheureusement cette hypothèse n'est qu'un cas d'école. Dans la plupart des cas les lois de fonctionnement utilisées font abstraction des limitations physiques inévitables telles que la valeur maximum

que pourra atteindre le système (saturation), les non-linéarités du type hystérésis ou seuil... La représentation obtenue ne sera donc valable que pour une certaine plage de fonctionnement qui pourra être très large mais malgré tout limitée. Abstraction faite de cet inconvénient, il peut en apparaître un autre qui soit beaucoup plus grave pour la suite de l'étude: la non-accessibilité de certaines grandeurs internes au système et apparaissant dans les lois du modèle. Lorsque ceci entraîne une impossibilité d'utiliser le modèle obtenu, deux solutions viennent à l'esprit pour contourner le problème

- "inventer" un capteur adapté supprimant la cause dudit problème
- chercher une représentation du fonctionnement ne faisant intervenir que des grandeurs accessibles.

La deuxième solution rejoint le cas de figure où le système est trop complexe pour qu'une écriture simple de ses lois de fonctionnement puisse être envisagée. Lorsque l'on se trouve face à une telle situation, la marche à suivre qui semble la plus sage est dans un premier temps de regrouper, classer et trier toutes les informations plus ou moins précises que l'on puisse obtenir sur le fonctionnement du processus. Il conviendra ensuite de définir un mode de représentation de ses lois: fonction de transfert en P ou W (valable uniquement pour les lois linéaires), équations différentielles ou de récurrence (linéaire ou non). Le problème commun à toutes ces représentations est la détermination de l'ordre du modèle. Il peut être choisi à priori, mais pourra aussi rester indéterminé (intervenant comme paramètre à identifier). Sous cette dernière hypothèse il ne sera pas possible d'utiliser n'importe quelle méthode d'identification. Un autre doute est la représentativité du modèle ainsi obtenu. Cette notion ne pourra être que très subjective et dépendra beaucoup de l'identification des paramètres intervenant dans les équations du modèle. En effet, lors de l'identification, une valeur numérique des paramètres est recherchée afin d'optimiser un certain critère (en général minimiser la distance quadratique entre la réponse du système et celle du modèle à une variation donnée de l'entrée). Mais comment être sûr que pour une autre évolution de l'entrée l'optimisation du critère donnera les mêmes valeurs numériques aux paramètres. Cette expérience peut être tentée. Si les paramètres obtenus sont très différents, cela signifie que le modèle est mal adapté, qu'une non-linéarité importante a été négligée, ... Si les paramètres sont identiques cela signifie simplement que pour les deux excitations utilisées le modèle est correct, mais pour une autre...

Sans vouloir être pessimiste il faut reconnaître malgré tout que trouver un modèle représentant le système dans tous les modes d'utilisation possible est totalement utopique, et de plus sans intérêt. Il semble préférable de trouver un modèle dont la formulation est la plus simple possible et représentant correctement le système étudié dans le mode de fonctionnement où il sera utilisé. Cette idée est renforcée par le fait que lors de l'identification il ne sera pas possible d'appliquer au système n'importe quel type d'entrée. Dans l'hypothèse d'un système industriel implanté sur le site, il serait très mal vu de perturber la production en modifiant très fortement les commandes du processus.

En conclusion nous pouvons dire que la modélisation reste une chose assez empirique et sur laquelle il serait imprudent de vouloir créer une théorie. Chaque système étudié est un cas particulier qu'il faudra aborder en tenant compte des réflexions et impressions de ceux qui connaissent le processus, que ce soit pour l'avoir conçu ou utilisé. A partir de ces données il est alors possible d'avancer une possibilité de représentation dont la validité ne pourra être éprouvée qu'après identification des paramètres. C'est la voie que nous avons suivie pour modéliser le processus biologique d'épuration

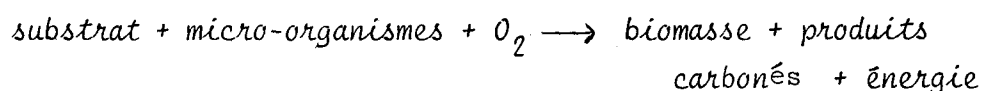
3.2. Modélisation

N'étant pas spécialiste en biochimie, nous avons dû nous pencher sur les études réalisées par les biologistes et biochimistes. Tous les travaux relatifs à ce sujet ont pour but la recherche d'un modèle de croissance des micro-organismes. Ceci semble naturel si l'on considère que la raison profonde du travail des micro-organismes est leur développement.

3.2.1. Modèle de croissance

Nous allons toujours raisonner sur une population simple de micro-organismes se développant sur un substrat unique en milieu non carencé (tous les éléments nécessaires à la croissance sont présents en quantité suffisante).

Sans entrer dans les détails très complexes des réactions biochimiques, il est toujours possible de schématiser le processus selon l'équation générale dans le cas d'une fermentation aérobie



Les éléments de croissance désignent tous les éléments nécessaires à la croissance autre que le substrat principal (azote, calcium, phosphore, sodium, oligo-éléments, ...). Le substrat principal sera toujours le carbone.

Le but de toutes les premières études des biologistes était de déterminer l'évolution de la biomasse en fonction du temps. Plusieurs méthodes permettant cette mesure ont été mises au point pour une utilisation sur des fermenteurs. La méthode la plus utilisée, malgré les problèmes techniques qu'elle soulève, est une méthode optique qui permet de suivre en continu la concentration des matières en suspension par une mesure d'absorbance de la lumière par la culture. Il existe en effet une relation linéaire entre la densité optique de la solution définie à partir de la loi de BEER-LAMBERT et la concentration en biomasse du milieu. Le coefficient de proportionnalité dépend de la longueur d'onde utilisée et de l'espèce de micro-organismes présents.

Lorsque l'activité des micro-organismes se traduit par l'apparition d'un métabolite facile à doser (CO_2 par exemple), on peut suivre par ce moyen la croissance microbienne. Une nouvelle possibilité permettant de suivre l'activité des micro-organismes est apparue à la suite de la mise au point de la micro-calorimétrie, cette mesure rend compte du dégagement de chaleur consécutif à la réaction biochimique.

La figure 3.1 représente l'évolution de la biomasse X en fonction du temps. Une échelle logarithmique est utilisée en ordonnée.

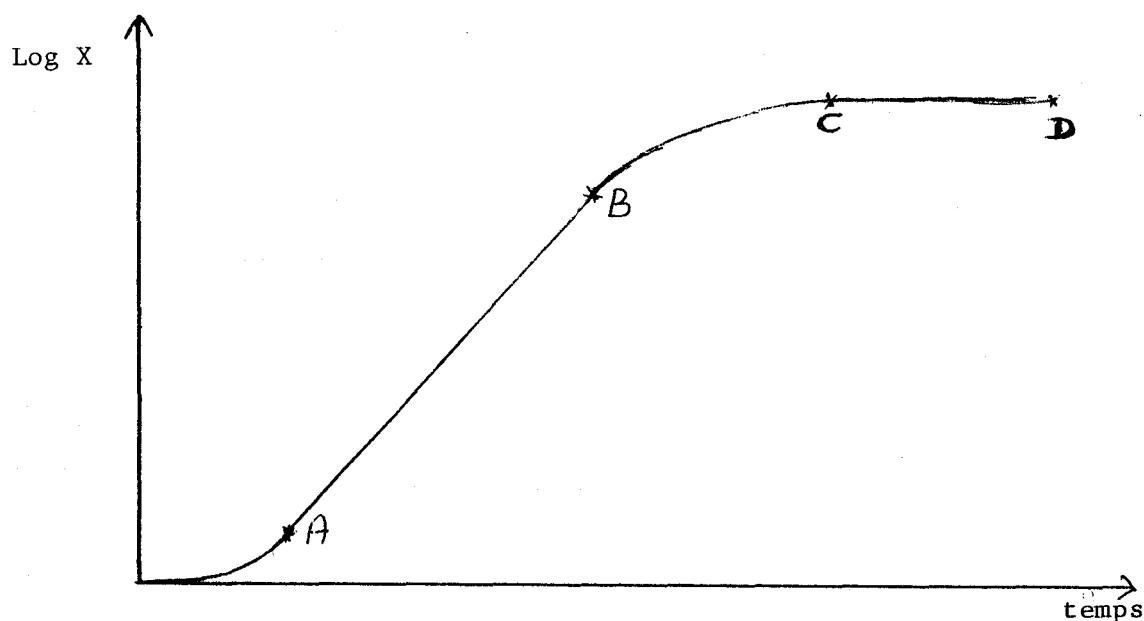


figure 3.1. Evolution de la concentration en micro-organismes

Nous remarquons qu'après une zone de latence certainement due à l'adaptation des micro-organismes au substrat qui lui est présenté, nous trouvons une zone linéaire AB puis une stabilisation. La partie linéaire, généralement nommée phase de croissance exponentielle, s'explique aisément si l'on se souvient du mode de reproduction des micro-organismes. Lorsque une bactérie a consommé suffisamment de substrat, elle se divise en deux. Chacune des deux cellules filles se scinderont en deux à leur tour et ainsi de suite. Dans l'hypothèse où il n'existe aucun facteur limitant, la période est de 15 à 20 mn pour une bactérie et de quelques jours pour les organismes pluricellulaires

chez qui la reproduction s'opère par apparition de ramifications secondaires sur le mycellium principal. Nous pouvons noter le fantastique pouvoir de synthèse de matière vivante que cela représente. En effet une bactérie ayant une période de reproduction de 15 mn donnerait naissance en 24 heures à 2^{96} cellules (environ 8.10^{28}). Si l'on considère que la masse d'une bactérie est de 10^{-12} g, nous en aurions après 24 h environ 8.10^{10} tonnes.

La stabilisation de la concentration en micro-organismes (partie CD) est généralement due à un manque de substrat - primaire ou nutriment - ou à l'apparition de composants inhibiteurs.

Si nous dérivons la courbe de la figure 3.1 et ne nous intéressons qu'à la zone AB nous obtenons

$$\frac{dX}{dt} = k X \quad 3.1$$

Dans tous les modèles bâtis sur l'hypothèse d'un arrêt de la croissance par épuisement du substrat, il est supposé que

- le taux de croissance k est fonction de la concentration en substrat S

$$k = k_0 \cdot f(S) \quad 3.2$$

- la biomasse édiflée est proportionnelle au substrat consommé

$$\frac{dS}{dt} = - \frac{1}{a} \frac{dX}{dt} \quad 3.3$$

Les modèles basés sur ces hypothèses ont été établis par

MONOD La fonction $f(S)$ a été prise

$$f(S) = \frac{S}{S + s_0} \quad 3.4$$

s_0 est la concentration seuil de Monod. Ce modèle totalement empirique à l'origine est le plus ancien et le plus utilisé.

TEISSIER pour lui $f(S) = (1 - \exp(-\frac{S}{T}))$ 3.5

l'ä. constante T joue le même rôle que le seuil s_0 de Monod

MOSER
$$f(S) = \frac{S^r}{S^r + s_0^r} \quad 3.6$$

C'est un modèle du type Monod dans lequel chaque est affecté d'un exposant r positif ou négatif permettant de faciliter le lissage des courbes expérimentales.

POWEL il pose

$$f(S) = \frac{S}{S + s_0 + H} \quad 3.7$$

où H représente la cinétique de diffusion du substrat au voisinage immédiat du micro-organisme.

HERBERT Il part de l'hypothèse que les micro-organismes privés de substrat peuvent consommer leur propre substance : c'est le métabolisme endogène. Il suppose que ce métabolisme endogène s'effectue en permanence et à taux constant k_2 . Ce raisonnement le conduit au résultat

$$k = k_0 \cdot f(S) - k_2 \quad 3.8$$

où $f(S)$ peut avoir l'une des formes présentées précédemment.

D'autres modèles faisant intervenir des inhibiteurs pour expliquer l'arrêt de la croissance ont été proposés

CONTOIS

$$f(S) = \frac{S}{S + s_0 + k_1 X} \quad 3.9$$

RAMKRISHNA

$$\frac{dX_v}{dt} = k_0 \frac{S}{S + s_0} X_v - K \cdot I \cdot X_v$$

$$\frac{dS}{dt} = - \frac{1}{a} k_0 \frac{S}{S + s_0} X_v \quad 3.10$$

$$\frac{dI}{dt} = b_1 k_0 \frac{S}{S + s_0} X_v + b_2 \cdot K \cdot I \cdot X_v$$

où X_v est la biomasse viable

I est la concentration en inhibiteur

Il apparait à la suite de cette énumération de quelques modèles que tous reprennent plus ou moins l'hypothèse de Monod en y ajoutant des paramètres choisis de façon empirique afin d'obtenir une courbe $f(S)$ se rapprochant le plus possible des courbes expérimentales.

Afin de comparer l'efficacité des différents modèles, nous pouvons les ramener à la seule grandeur aisément mesurable qui est la respiration des micro-organismes $R(t)$. Pour cela une hypothèse généralement acceptée est qu'il existe un rapport constant entre l'oxygène consommé et le substrat éliminé.

$$R(t) = -b \frac{dS}{dt} \quad 3.11$$

Si nous rapprochons cette équation des relations 3.1, 3.2 et 3.3 nous obtenons le système d'équations

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{1}{a} \frac{dX}{dt} \\ \frac{dX}{dt} &= k_0 f(S) \cdot X \\ R &= -b \frac{dS}{dt} \end{aligned} \quad 3.12$$

Ce système peut facilement s'intégrer. Si nous appelons S_0 et X_0 les conditions initiales en substrat et en micro-organismes on obtient

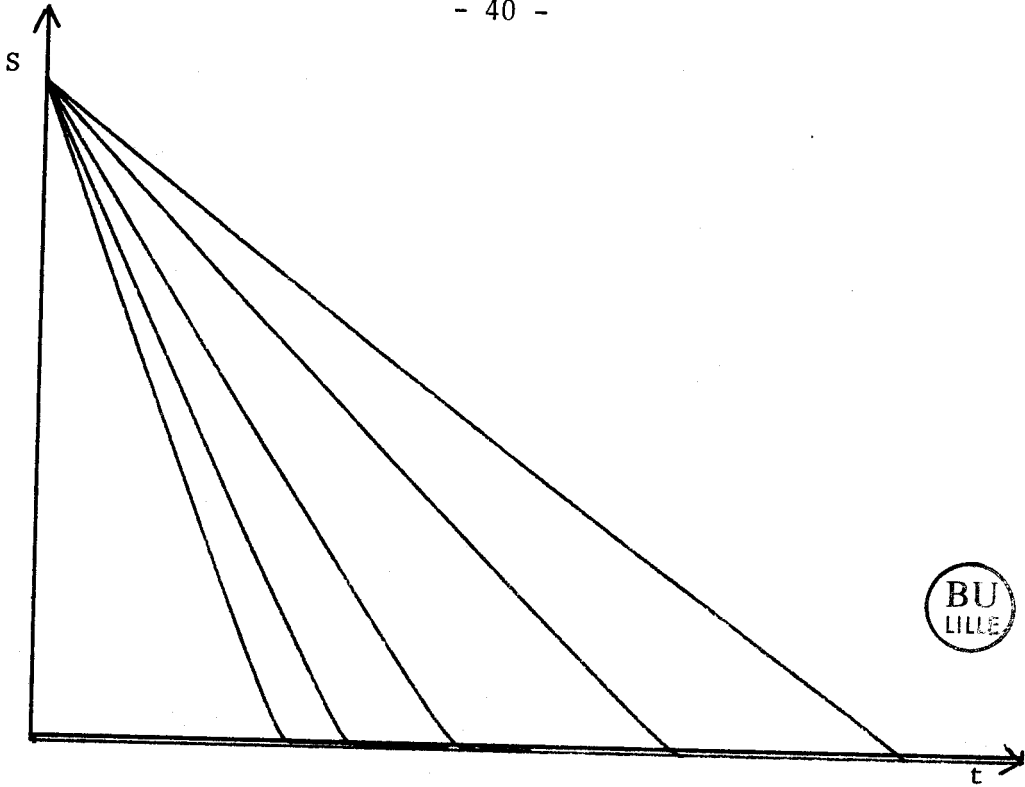
- pour le modèle de Monod

$$R(t) = \frac{b}{a} k_0 \frac{S_0 - \frac{1}{b} \int_0^t R(z) \cdot dz}{S_0 - \frac{1}{b} \int_0^t R(z) dz + s_0} \left(X_0 + \frac{a}{b} \int_0^t R(z) \cdot dz \right) \quad 3.13$$

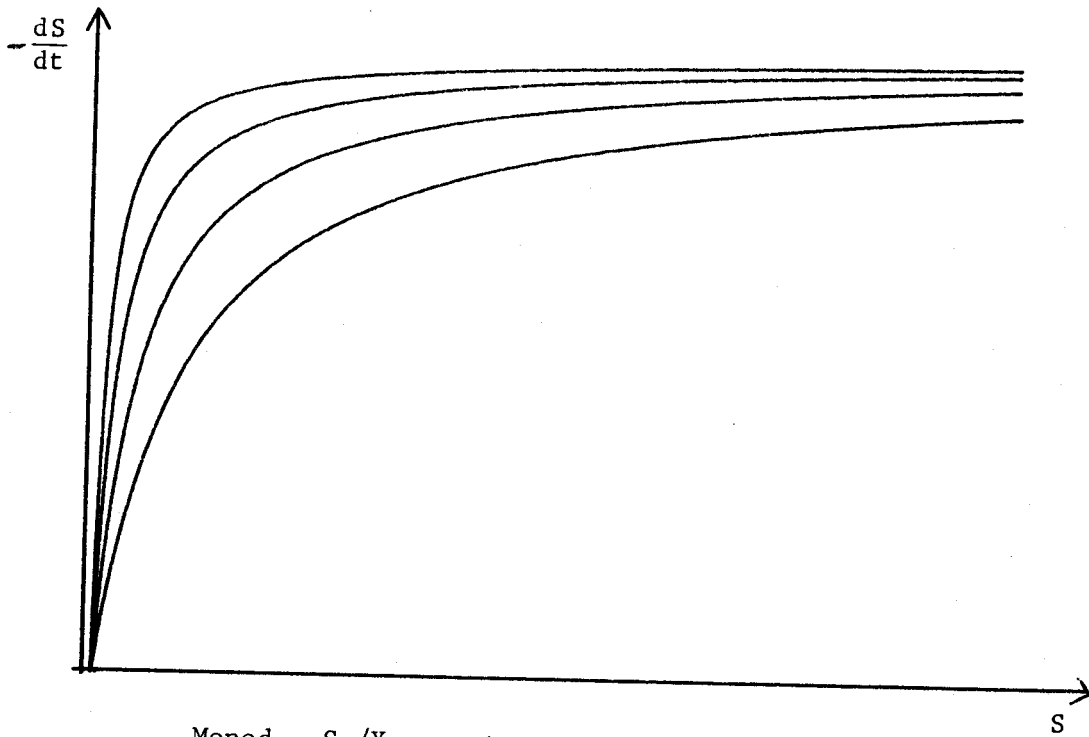
- pour le modèle de Contois

$$\begin{aligned} R(t) &= \frac{b}{a} k_0 \frac{S(t) \cdot X(t)}{S(t) + s_0 + KX(t)} \\ \text{avec } S(t) &= S_0 - \frac{1}{b} \int_0^t R(z) dz \\ X(t) &= X_0 + \frac{a}{b} \int_0^t R(z) dz \end{aligned} \quad 3.14$$

Nous avons simulé ces modèles pour diverses valeurs des paramètres. Les courbes obtenues sont données aux figures 3.2 et 3.3



Monod S_0/X_0 variable



Monod S_0/X_0 constant ; s_0 variable

FIGURE 3.2. Modèle de Monod

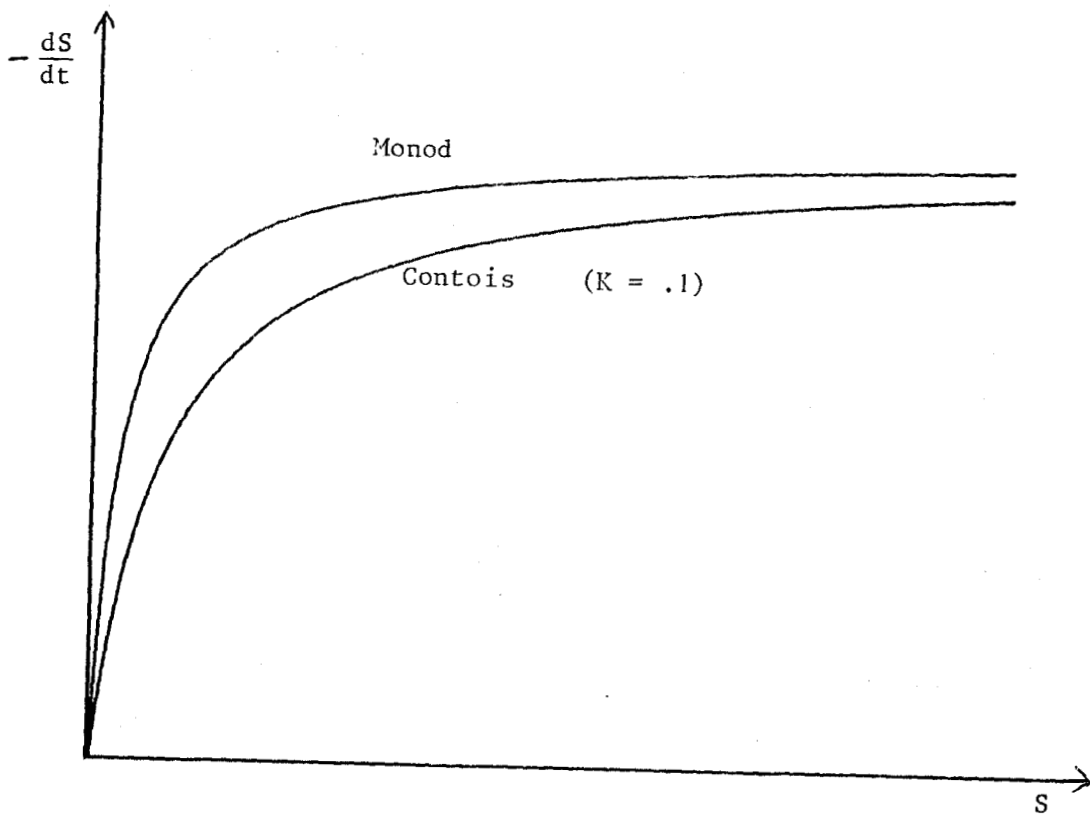
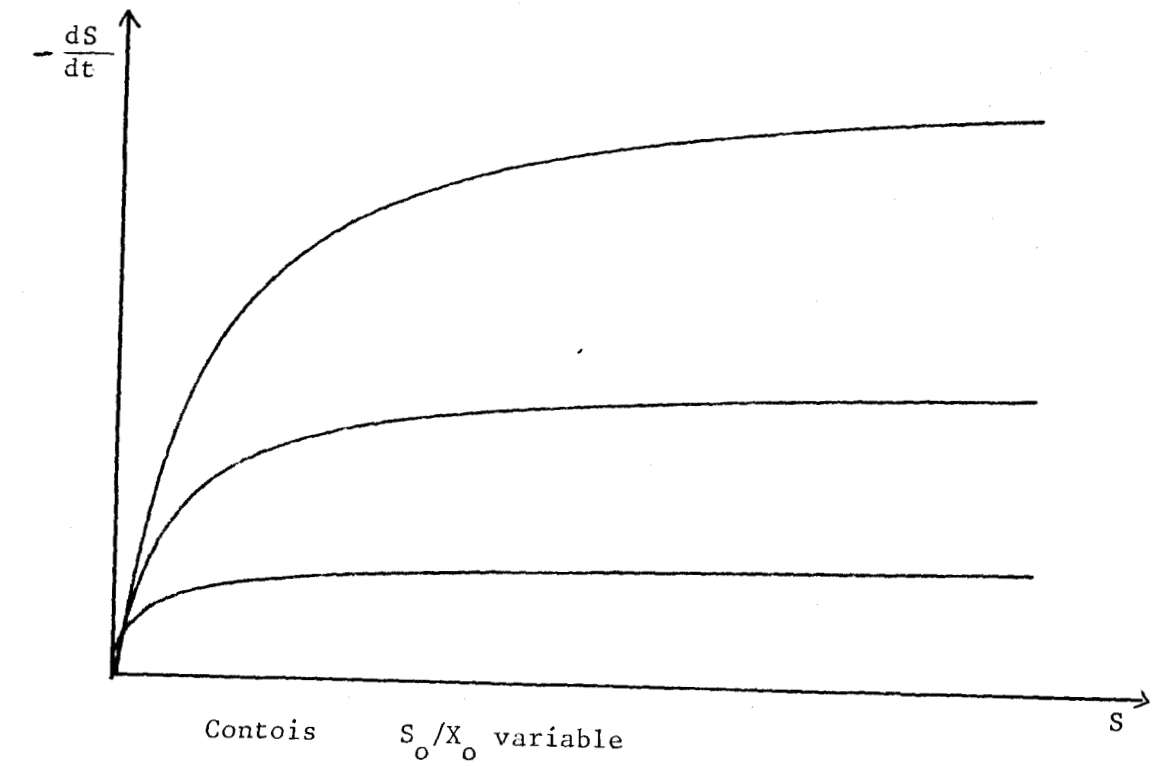


FIGURE 3.3. Modèle de Contois

3.2.2. Modèle de dégradation

Comme nous venons de le voir, tous les modèles classiques traduisant les phénomènes biochimiques sont basés sur la croissance des micro-organismes. Dans le traitement des eaux usées, ce n'est pas cette croissance qui est recherchée, mais la dégradation du substrat introduit. Nous avons été amené à déterminer un modèle de dégradation qui permettrait de retrouver toutes les caractéristiques des courbes de respiration puisque nous avons vu que $R(t)$ est proportionnel à la vitesse de disparition du substrat.

3.2.2.1. Méthode de modélisation

Nous cherchons un modèle ne représentant que le fonctionnement biologique. Ceci implique qu'au niveau hydraulique le système soit tel que l'on se trouve en mélange intégral parfait. La répartition dans l'espace des micro-organismes et du substrat est donc supposée uniforme. Les résultats obtenus pour un micro-organisme particulier sont, en conséquence, identiques à la moyenne.

Nous nous sommes placés au niveau d'un micro-organisme et avons étudié son comportement vis à vis de son environnement immédiat.

Soit X la concentration en micro-organismes. Chacun d'eux se trouve seul dans un volume k/X de rayon moyen $\propto X^{-1/3}$ (k est la masse moyenne d'un micro-organisme). Si S est la concentration en substrat, la masse de polluant dans ce volume sera égal à kS/X . Considérons maintenant une couche sphérique de rayon ρ et d'épaisseur $d\rho$ centrée sur le micro-organisme. Dans ces conditions la masse de substrat dégradé dans la couche sphérique pendant le temps dt sera

$$dJ = m \cdot \bar{z}(\rho, S) \cdot dt \quad 3.15$$

Nous avons introduit une fonction taux de dégradation $\bar{z}(\rho, S)$ de la distance ρ micro-organisme--substrat et S concentration en substrat. La masse de substrat m est égale à

$$m = S \cdot 4\pi \rho^2 \cdot d\rho \quad 3.16$$

correspond à la perte de masse dans ce volume pendant le temps dt

$$\begin{aligned} m(t+dt) - m(t) &= - \int \\ &= - 4\pi S \rho^2 \bar{z}(\rho, S) d\rho dt \end{aligned} \quad 3.17$$

La variation de masse dans le volume k/X pendant l'intervalle de temps dt sera

$$\frac{k}{X} \cdot S(t+dt) - \frac{k}{X} \cdot S(t) = \int_0^{\alpha X^{-1/3}} (- \int \rho^2 \bar{z}(\rho, S) d\rho) dt \quad 3.18$$

soit encore

$$\frac{k}{X} (S(t+dt) - S(t)) = - \int_0^{\alpha X^{-1/3}} 4\pi S \rho^2 \bar{z}(\rho, S) d\rho \cdot dt \quad 3.19$$

d'où l'on tire

$$\frac{dS(t)}{dt} = - \frac{X}{k} \int_0^{\alpha X^{-1/3}} 4\pi S \rho^2 \bar{z}(\rho, S) d\rho \quad 3.20$$

Nous avons obtenu une loi de variation du substrat de façon directe c'est à dire sans passer par une loi de croissance des micro-organismes. Il ne reste qu'à définir la fonction de dégradation $\bar{z}(\rho, S)$. A cet effet nous avons émis certaines hypothèses :

- Un élément de substrat sera d'autant plus vite dégradé qu'il sera proche du micro-organisme. Ceci peut se représenter par une fonction d'attraction $f(r)$ où r est la distance substrat-bactérie.

- Un micro-organisme ne peut, en un temps donné dt ; dégrader plus d'une quantité $b \cdot dt$ de substrat : c'est le phénomène de saturation. Le coefficient b qui représente la vitesse maximale de dégradation sera fonction de la qualité du couple substrat-micro-organisme. Il peut dépendre de la réserve énergétique du micro-organisme, de son état de saturation, de son aptitude à dégrader le polluant qui lui est proposé, ... Il serait peut-être possible de rapprocher ce paramètre de la période de reproduction bactérienne que nous avons signalée au début de ce chapitre.

La juxtaposition de ces deux hypothèses permet d'écrire la fonction taux de dégradation

$$\bar{z}(e, s) = \bar{z}_0 \cdot f(e) \cdot \lim_{dt \rightarrow 0} \frac{b \cdot dt - M(e, dt)}{b \cdot dt} \quad 3.21$$

où $M(e, dt)$ est la masse de substrat dégradé pendant le temps dt dans le volume de rayon e

$$\lim_{dt \rightarrow 0} \frac{b \cdot dt - M(e, dt)}{b \cdot dt}$$

est la pondération du taux \bar{z}_0 en fonction de la capacité relative de dégradation du micro-organisme envers un élément de substrat situé à la distance e

D'après la relation 3.17

$$M(e, dt) = \int_0^e 4\pi S r^2 \bar{z}(r, s) dr \cdot dt \quad \text{BU LILLE} \quad 3.22$$

les équations 3.21 et 3.22 nous donnent

$$\bar{z}(e, s) = \bar{z}_0 \cdot f(e) \cdot \left[1 - \frac{1}{b} \int_0^e 4\pi S r^2 \bar{z}(r, s) dr \right] \quad 3.23$$

Nous obtenons une équation intégrale d'ordre 1 qu'il est facile de résoudre. En dérivant 3.23 par rapport à e il vient:

$$\begin{aligned} \frac{d\bar{z}(e, s)}{de} &= \bar{z}_0 \cdot \frac{df(e)}{de} \left[1 - \frac{1}{b} \int_0^e 4\pi S r^2 \bar{z}(r, s) dr \right] \dots \\ &\dots - \bar{z}_0 \cdot f(e) \cdot \frac{4\pi S}{b} e^2 \bar{z}(e, s) \end{aligned} \quad 3.24$$

soit encore

$$\frac{d\bar{z}(e, s)}{de} = \frac{\bar{z}(e, s)}{f(e)} \cdot \frac{df(e)}{de} - \frac{4\pi \bar{z}_0 S}{b} f(e) \cdot e^2 \bar{z}(e, s) \quad 3.25$$

d'où

$$\frac{d\bar{z}(e, s)}{\bar{z}(e, s)} = \frac{df(e)}{f(e)} - \frac{4\pi \bar{z}_0 S}{b} e^2 f(e) de \quad 3.26$$

soit en intégrant

$$\text{Log } \bar{z}(e, s) = \text{Log } f(e) - \int_0^e \frac{4\pi \bar{z}_0 S}{b} r^2 f(r) dr + C' \quad 3.27$$

L'intégration risque de poser des problèmes de limites aux conditions

initiales, en particulier pour $\rho=0$. Nous devons vérifier ces conditions aux limites lors du choix de la fonction $f(\rho)$. D'une façon générale nous obtenons

$$\bar{\sigma}(\rho, s) = A \cdot f(\rho) \cdot \exp\left(-\frac{4\pi\bar{\sigma}_0}{b} s \int_0^\rho z^2 f(z) dz\right) \quad 3.28$$

Choix de la fonction $f(\rho)$

Cette fonction doit être positive décroissante, et le taux de dégradation ne peut être infini. Une fonction du type $1/\rho^N$ va rendre $\bar{\sigma}(0, s)$ infini, elle ne peut donc pas être retenue. Nous avons choisi la fonction

$$f(\rho) = e^{-a\rho^3} \quad 3.29$$

L'intégration de l'équation 3.27 conduit à

$$\bar{\sigma}(\rho, s) = \bar{\sigma}_0 \exp\left(-\left(a\rho^3 + \frac{4}{3}\pi\frac{\bar{\sigma}_0}{ab} s (1 - e^{-a\rho^3})\right)\right) \quad 3.30$$

La figure 3.4 représente la fonction $\bar{\sigma}(\rho, s)$ pour diverses valeurs de s . A la limite si s tend vers l'infini, le taux de dégradation est nul quel que soit ρ non nul, et égal à $\bar{\sigma}_0$ pour ρ nul.

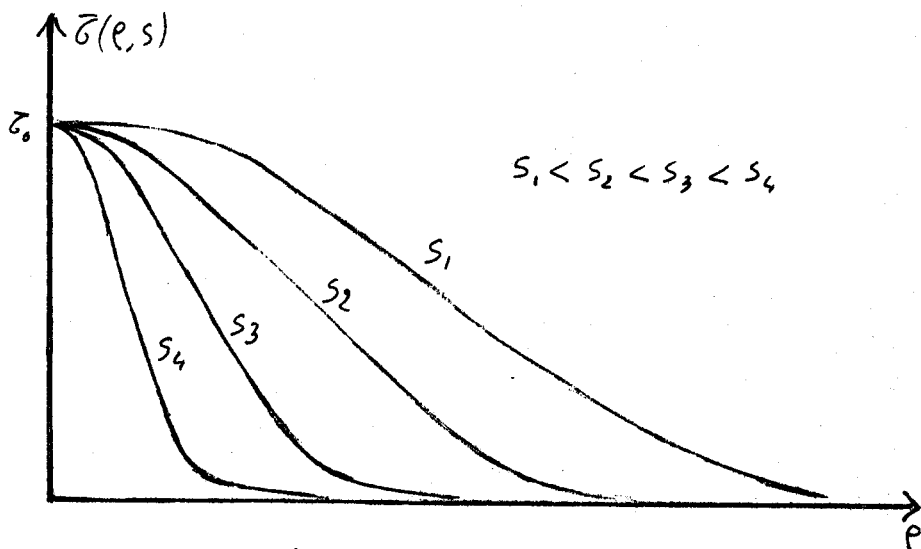


Figure 3.4.

Il est maintenant possible de calculer la loi de dégradation. Les équations 3.20 et 3.30 donnent

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{X}{R} \int_0^{\alpha X^{-1/3}} 4\pi S \sigma_0 \rho^2 \exp\left(-\left(a\rho^3 + \frac{4}{3}\pi \frac{\sigma_0}{ab} S(1 - e^{-a\rho^3})\right)\right) d\rho \quad 3.31$$

L'intégration ne pose aucun problème si l'on s'aperçoit que

$$4\pi S \sigma_0 \rho^2 e^{-a\rho^3}$$

est proportionnel à la dérivée par rapport à ρ de

$$\exp\left(-\frac{4}{3}\pi \frac{\sigma_0}{ab} S(1 - e^{-a\rho^3})\right)$$

il vient donc

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{b}{R} X \left(1 - \exp\left(-\frac{4}{3}\pi \frac{\sigma_0}{ab} S(1 - e^{-a\alpha^3/X})\right)\right) \quad 3.32$$

De façon générale, la loi de dégradation s'écrit

$$\frac{dS}{dt} = -KX \left(1 - \exp\left(-\mu(1 - e^{-\delta/X}) S\right)\right) \quad 3.33$$

Les courbes de la figure 3.5 représentent l'évolution de $\frac{dS}{dt}$ en fonction de S pour différentes valeurs de X .

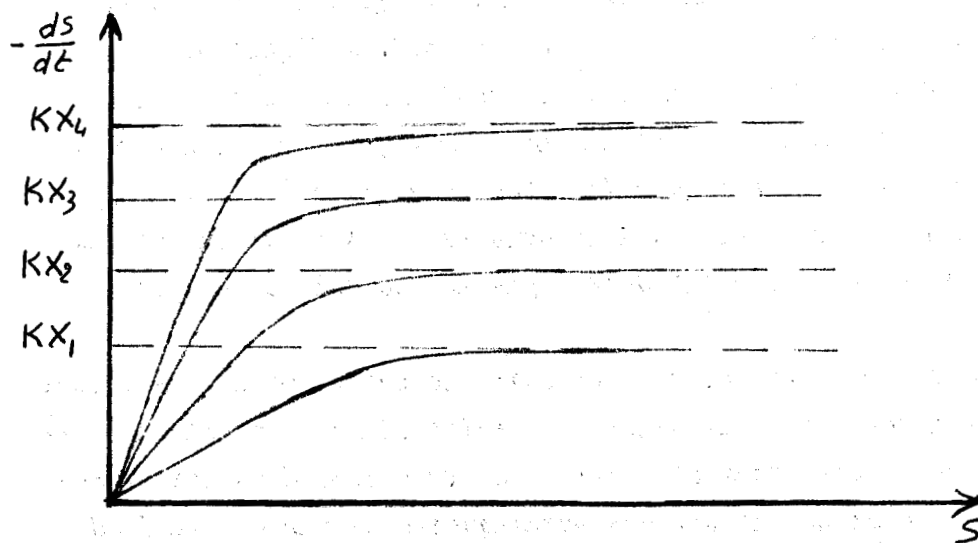


figure 3.5

3.2.2.2 Modèle utilisable

L'équation 3.33 nous donne la loi de dégradation d'un substrat dont la concentration est S en présence d'une concentration en micro-organismes X .

Nous avons vu dans le chapitre précédent que la seule mesure accessible sur le capteur (pilote) est la respiration des micro-organismes. Il est maintenant nécessaire de définir un modèle compatible avec la grandeur mesurable $R(t)$. A cet effet nous supposerons -en accord avec les biologistes- que la respiration des micro-organismes est proportionnelle à leur vitesse de consommation de substrat présent.

$$R(t) = - \lambda \frac{dS(t)}{dt} \quad 3.34$$

Si S_0 est la concentration initiale, il est aisé de calculer la concentration résiduelle après le temps t

$$S(t) = S_0 - \frac{1}{\lambda} \int_0^t R(\sigma) d\sigma \quad 3.35$$

Le modèle obtenu en fonction de la respiration s'écrit

$$R(t) = \lambda K X \left(1 - \exp(-\mu(1 - e^{-\delta/X})) \left(S_0 - \frac{1}{\lambda} \int_0^t R(\sigma) d\sigma \right) \right) \quad 3.36$$

Toute l'étude ayant abouti à ce modèle n'est en réalité valable que dans le cas où une seule espèce de micro-organismes se trouve en présence d'un substrat unique. En effet les paramètres intervenant dans le raisonnement sont des caractéristiques de l'affinité existant à l'intérieur du couple substrat-micro-organisme.

Dans le cas du traitement des eaux usées, le nombre d'espèces de micro-organismes est très important; de même, la composition du substrat est un mélange très variable dans le temps de divers produits chimiques plus ou moins biodégradables par tel ou tel autre type bactérien.

Un modèle voulant représenter correctement le processus global devrait faire apparaître toutes ces diversités et, de ce fait, devrait contenir un nombre important d'équations du type 3.36 dans lesquelles les paramètres auraient des valeurs numériques différentes. Il faudrait de la même façon, faire apparaître la concurrence entre les divers types de substrats et de micro-organismes, par exemple en écrivant que telle

transformation biochimique ne pourra se produire que si telle autre est terminée (introduction de retard pur fonction de certaines variables internes).

Il est évident qu'un tel modèle aurait une représentation mathématique tellement complexe qu'il serait totalement inutilisable. Afin de la simplifier nous avons décidé de nous limiter à deux classes différentes de substrat. Un substrat dit primaire représentant tous les produits rapidement biodégradables, et un substrat secondaire englobant les éléments lentement biodégradables et certains sousproduits pouvant être issus de la dégradation du substrat primaire.

La loi de dégradation du substrat secondaire peut s'écrire

$$\frac{dS_2}{dt} = - a' \left(KX + \frac{dS_1}{dt} \right) \left(1 - \exp(-b'S_2) \right) \quad 3.37$$

Le facteur $\left(KX + \frac{dS_1}{dt} \right)$ est le terme déterminant le retard pur. En effet, tant que la concentration en substrat primaire S_1 reste importante, il apparaît, d'après 3.33, que $\frac{dS_1}{dt}$ est égal à $-KX$; le terme $\left(KX + \frac{dS_1}{dt} \right)$ est nul, donc $\frac{dS_2}{dt}$ est nul

d'après la définition du substrat secondaire

$$S_2(t) = S_2(0) + \beta (S_1(0) - S_1(t)) - \sigma_2(t) \quad 3.38$$

où $S_2(0)$ est la quantité initiale de substrat lentement biodégradable

$(S_1(0) - S_1(t))$ est la quantité de substrat primaire dégradé à l'instant t

β est un coefficient donnant la quantité de sousproduit obtenu après dégradation de une unité de substrat primaire

$\sigma_2(t)$ est le substrat secondaire dégradé

S_2 étant lentement biodégradable, b' est petit. Il est possible de ne conserver que le premier terme du développement limité de l'exponentielle, il vient alors

$$\frac{dS_2}{dt} = -a'b'(KX - \frac{dS_1}{dt}) \left(S_2(0) + \beta(S_1(0) - S_1(t)) - \sigma_2(t) \right) \quad 3.39$$

En écrivant l'équation 3.39 en fonction des respirations $R_1(t)$ correspondant au substrat primaire et $R_2(t)$ pour le substrat secondaire

$$R_2(t) = a'b'(KX - \frac{1}{\lambda} R_1(t)) \cdot \left(S_2(0) + \frac{\beta}{\lambda} \int_0^t R_1(z) dz - \frac{1}{\lambda} \int_0^t R_2(z) dz \right) \quad 3.40$$

Le modèle global aura la forme suivante

$$\begin{aligned} R_1(t) &= K'X \left(1 - \exp(-\mu(1 - e^{-\delta/X})(S_1'(0) - \int_0^t R_1(z) dz)) \right) \\ R_2(t) &= C_s (K'X - R_1(t)) \left(S_2'(0) + \beta \int_0^t R_1(z) dz - \int_0^t R_2(z) dz \right) \\ R(t) &= R_1(t) + R_2(t) \end{aligned} \quad 3.41$$

$S_1'(0)$ et $S_2'(0)$ représentent la quantité de substrat introduit compté en quantité d'oxygène nécessaire à sa dégradation.

Ce modèle basé sur des hypothèses intuitives mais non vérifiées expérimentalement ne pourra être considéré comme valable pour représenter le phénomène qu'après des vérifications soigneusement effectuées.

3.2.2.3. Vérification du modèle

La première méthode de vérification qui vient à l'esprit est la comparaison des courbes réelles données par les tests respirométriques du pilote et celles calculées à partir des équations 3.41

La méthode utilisée pour cette vérification est la suivante: Nous avons utilisé trois courbes respirométriques obtenues avec les mêmes micro-organismes devant le même substrat. Ceci est nécessaire car les paramètres intervenant dans le modèle sont fonction du couple substrat-micro-organismes. Seule la concentration en substrat introduit a été modifiée. A partir de l'une des trois réponses $R(t)$ nous avons calculé les valeurs des différents paramètres du modèle permettant d'obtenir une réponse simulée aussi voisine que possible de la réponse réelle. (figure 3.6). D'après les équations 3.41, si les

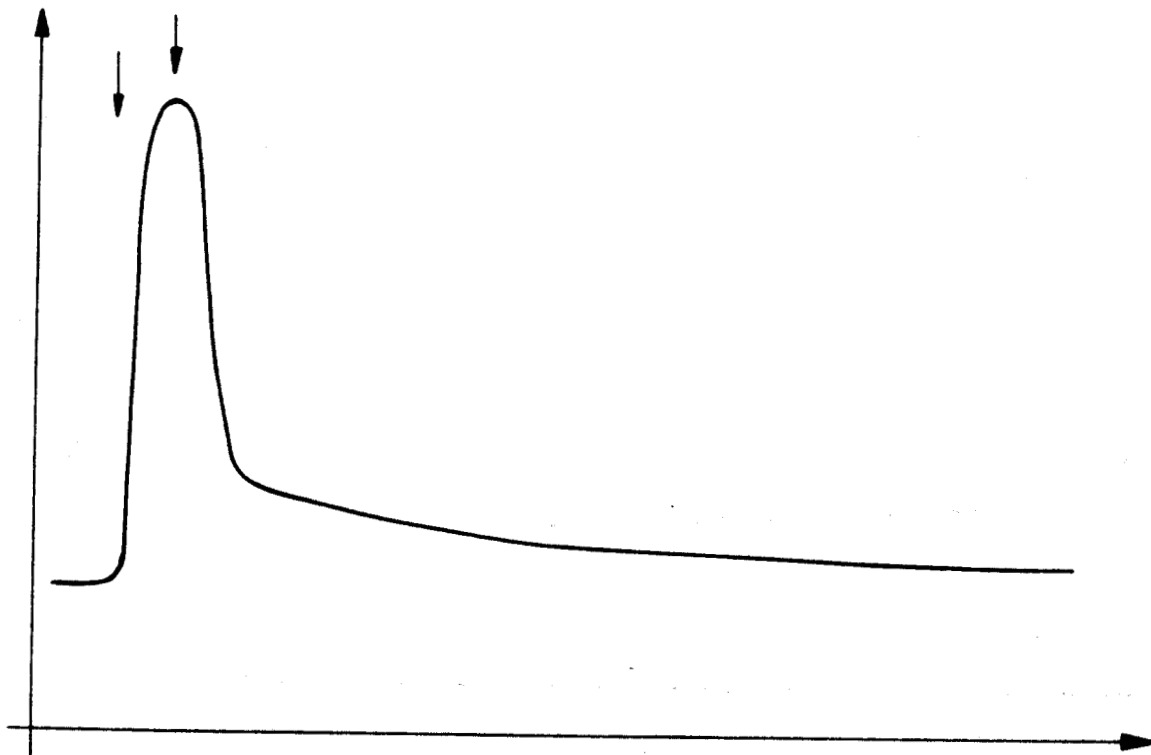
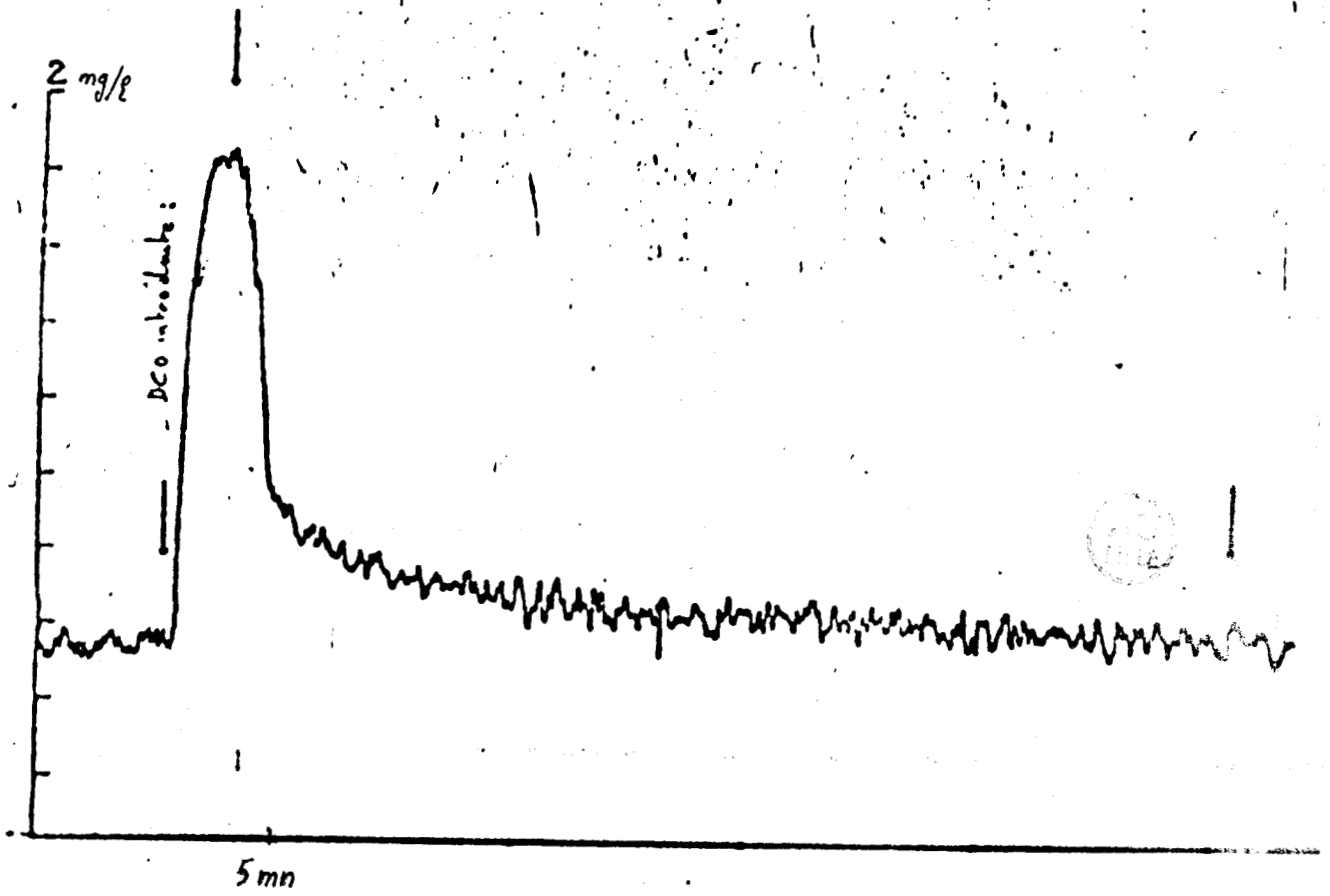


Figure 3.6

Comparaison entre la courbe réelle et la réponse du modèle

$$S_0 = 2500 \mu\text{g/l}$$

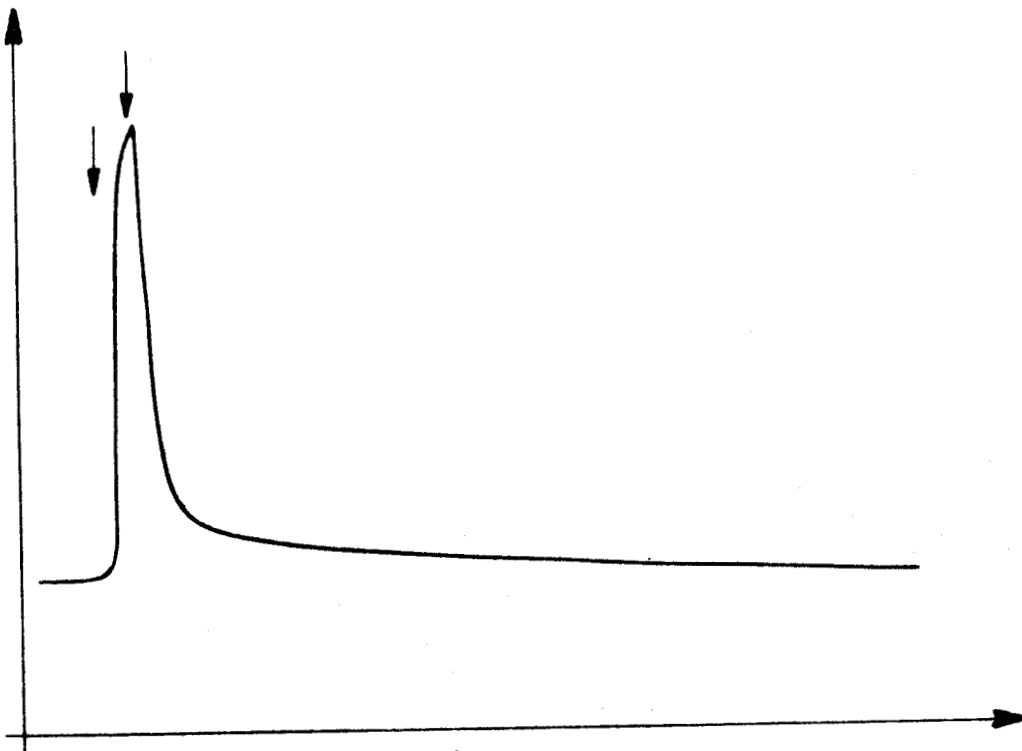
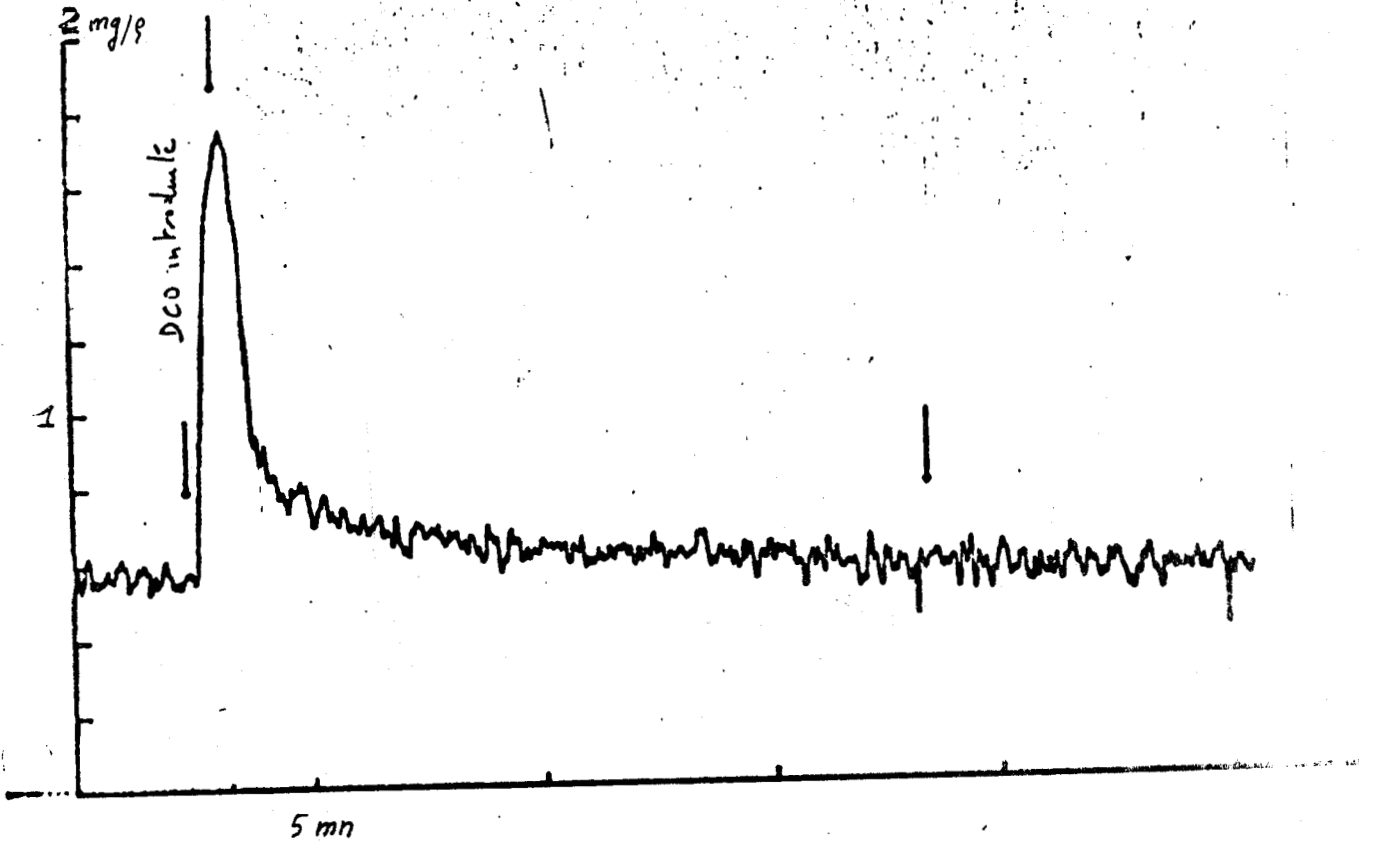


Figure 3.7

Comparaison entre la courbe réelle et la réponse du modèle
 $S_0 = 1200 \mu\text{g/l}$

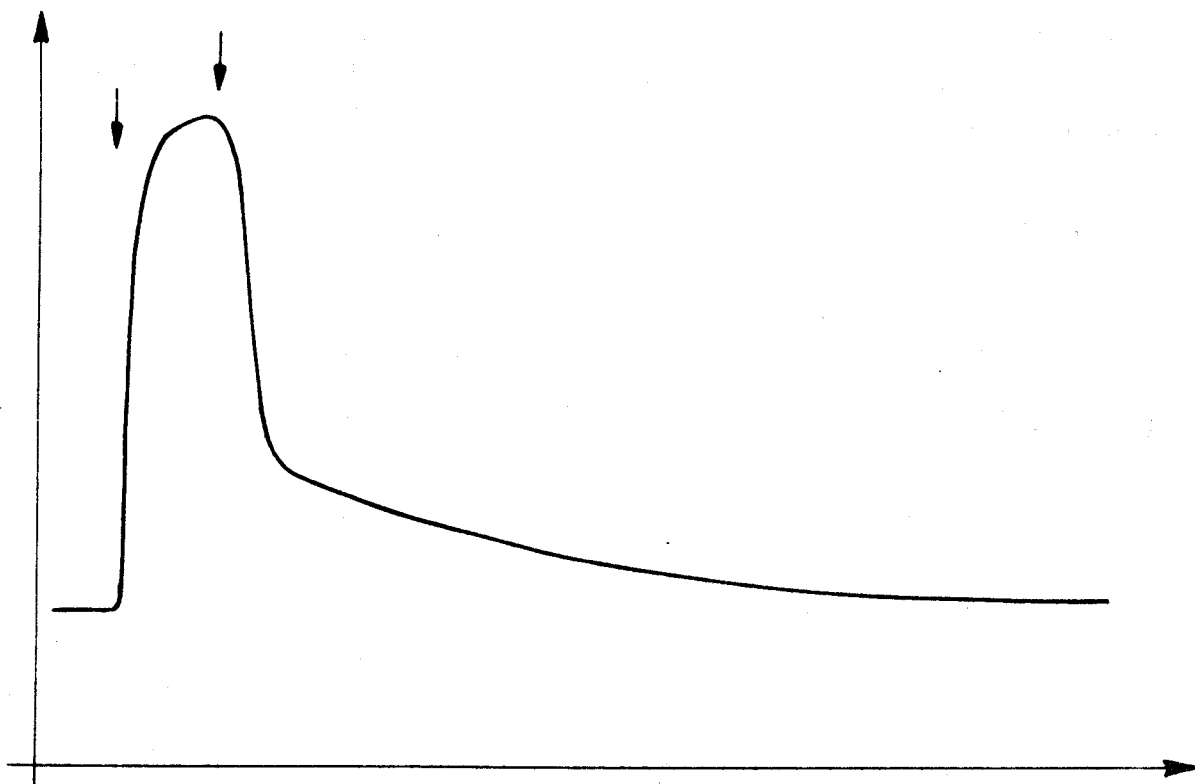
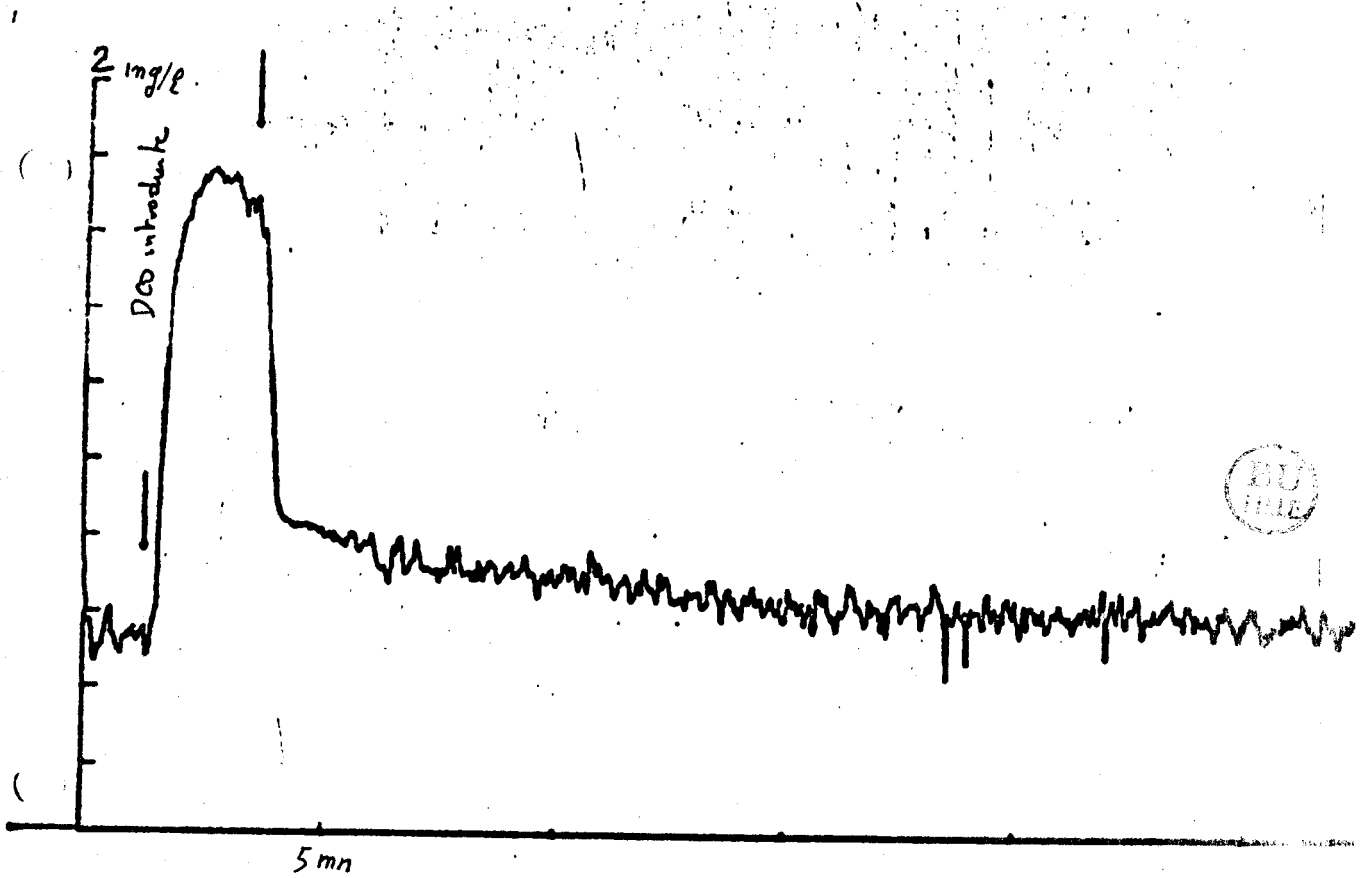


Figure 3.8

Comparaison entre la courbe réelle et la réponse du modèle

$$S_0 = 3800 \mu\text{g/l}$$

paramètres du modèle $S_1'(0)$ et $S_2'(0)$ sont tous deux multipliés par un coefficient , l'intégrale de la fonction $R(t)$ est multipliée par le même . Cette remarque nous a permis de calculer les rapports entre les différentes quantités de substrat injecté, d'où les différents $S'(0)$. Les figures 3.7 et 3.8 permettent de comparer les courbes réelles et les courbes simulées par le modèle, les coefficients du modèle ayant été obtenus à partir de la courbe réelle 3.6. On remarque aisément que les résultats sont très bons. ceci signifie que les coefficients obtenus avec une expérience sont transposables à d'autres. Le modèle représentant le système réel est donc bien adapté, tout au moins pour les expériences auxquelles il a été confronté.

3.2.3. Conclusion

Une étude empirique mais intuitive du comportement d'un micro-organisme vis à vis d'un substrat nous a permis d'obtenir un nouveau type de modèle de dégradation. L'étude comparative des courbes issues de ce modèle avec celles obtenues par les tests respirométriques semble montrer que le modèle est valable pour différents types de réactions biochimiques.

Nous avons voulu comparer ce modèle aux équations classiques présentées en première partie de ce chapitre.

Reprenons l'équation obtenue

$$\frac{dS}{dt} = - KX (1 - \exp(-\mu(1 - e^{-S/X})) S) \quad 3.42$$

Si X est petit l'équation 3.42 peut être assimilée à

$$\frac{dS}{dt} = - KX (1 - e^{-\mu S})$$

nous retrouvons le modèle de Teissier.

Si S reste petit on peut assimiler $e^{-\mu S}$ à $(1 + \mu S)^{-1}$ d'où

$$\frac{dS}{dt} = - K \frac{S \cdot X}{S + 1/b}$$

ce qui est le modèle de Monod.

Lorsque, dans 3.42 X est grand il est possible de remplacer

$$e^{-\delta/X} \quad \text{par} \quad (1 + \delta/X)^{-1}$$

et si S reste petit on obtient

$$\frac{dS}{dt} = -K \frac{S \cdot X}{S + \frac{1}{\mu} + \frac{1}{\mu\delta} X}$$

c'est à dire le modèle de Contois.

Nous pouvons en conclure que le modèle obtenu a de fortes probabilités de représenter convenablement le processus puisque d'une part on retrouve toutes les allures de courbes respirométriques, qu'elles soient issues d'un fermenteur (donc système simple) ou d'une dégradation des eaux usées, et d'autre part certaines hypothèses sur les concentrations en micro-organismes ou substrat permettent de retrouver les modèles les plus classiques.

CHAPITRE IV

IDENTIFICATION DES PARAMETRES

Contrairement à la modélisation pour laquelle il n'existe pratiquement pas de méthode, l'identification est l'un des axes de l'automatique qui se prête le mieux à la mise au point d'algorithmes.

En effet, l'identification étant la détermination des valeurs numériques des paramètres d'un système d'équations, il est relativement aisé de définir une méthodologie adaptée à tel ou tel type de problème. Ceci est prouvé par une littérature extrêmement abondante sur ce sujet, et lorsque l'on doit aborder un problème pratique d'identification, la plus grande difficulté est peut être relative au choix de la méthode à utiliser. Il est certain que pour un cas de figure donné beaucoup de méthodes peuvent être utilisées, mais dans cet éventail de possibilités quelle est celle qui donnera les meilleurs résultats. (-pour un critère donné -), le plus rapidement possible, avec le minimum de calculs,....

Afin de faciliter ce choix, un classement des méthodes d'identification peut être établi de façon à préciser les conditions d'utilisation de chacune d'entre elles. Ce classement peut se concevoir de diverses façons. Nous en avons choisi un qui peut ne pas être le meilleur mais qui a l'avantage d'être simple. Il se divise en deux grandes parties séparant les modèles linéaires par rapport aux paramètres, de ceux qui ne le sont pas. On remarquera toutefois que les méthodes utilisables dans les cas non linéaires le seront également dans le cas linéaire. (- la linéarité pouvant être considérée comme un cas particulier de la non - linéarité -).

Remarque : Toutes les méthodes présentées sous-entendent le principe de stationnarité des paramètres. Lorsque cette hypothèse n'est pas vérifiée, (- les paramètres peuvent évoluer dans le temps -) il est nécessaire de choisir une méthode d'identification en temps réel, c'est à dire se corrigeant à chaque nouvelle mesure de manière à pouvoir suivre l'évolution des paramètres. Si cette évolution est lente, on peut se contenter de réactualiser les paramètres de temps en temps ; l'intervalle de temps entre les deux calculs sera fonction de la vitesse de variation des paramètres et de la précision désirée.

4.1. Systèmes non linéaires

Lorsque le système étudié est non linéaire, le problème de l'identification de ses paramètres est beaucoup plus complexe. Bien souvent, on sera tenté d'émettre l'hypothèse que l'on travaille autour d'un point de fonctionnement et de linéariser autour de ce point. On se retrouve alors dans le cas de l'Annexe A1, et le problème est simplifié. Mais cette hypothèse simplificative ne peut pas toujours être formulée ; il est alors nécessaire de procéder à l'identification en gardant les non linéarités. Il existe beaucoup moins de méthodes adaptées à de tels systèmes et nous allons présenter ci-après les méthodes les plus fréquemment utilisées.

4.1.1. Méthode du gradient

Considérons un modèle de la forme $y(t) = f(x(t), u(t), p)$ 4.1

où $y(t)$ est la sortie

$x(t)$ est un vecteur d'état pouvant faire intervenir des dérivées ou intégrales de la sortie.

$u(t)$ est l'entrée

p est le vecteur paramètre à identifier.

Nous définissons une distance système-modèle par une fonction de l'erreur entre la sortie réelle $y(t)$ et la sortie estimée par le modèle

Cette distance sera une fonction du vecteur paramètre p . Elle peut s'écrire

$$J(p) = F(y(t) - f(x(t), u(t), p)) \quad 4.2$$

Le fonction F peut par exemple être l'intégrale du carré de l'erreur (nous avons alors une distance du type euclidien). En faisant évoluer le vecteur paramètre p , nous allons chercher à minimiser la distance $J(p)$

Soit une valeur P_0 du vecteur paramètre. Quelle doit être la variation dP que nous devons apporter de telle sorte que la distance résultant $J(P_0 + dP)$ soit minimale ? Nous pouvons écrire

$$J(P_0 + dP) = J(P_0) + \left. \frac{dJ(P)}{dP} \right|_{P=P_0} \cdot dP + \frac{1}{2} dP^T \left. \frac{d^2 J(P)}{dP^2} \right|_{P=P_0} \cdot dP + \dots$$

Si l'on se limite au terme du premier ordre, on montre que la distance sera minimale si le vecteur dP se trouve dans la direction du vecteur gradient :

$$\nabla_P = \frac{dJ(P)}{dP}$$

Nous pouvons donc écrire la valeur du nouveau vecteur paramètre.

$$P_1 = P_0 + dP = P_0 - \lambda \cdot \nabla_P \quad 4.3$$

Le coefficient multiplicatif λ devra être choisi de façon telle qu'il assure la convergence en un temps raisonnable. Ceci signifie en théorie qu'il ne devra pas être trop grand (ce qui risquerait d'entraîner des oscillations et peut-être même la divergence du critère) ni trop petit (dans ce cas la convergence devrait être assurée mais le nombre d'itérations risque d'être très important.)

Afin de remédier en partie à cet inconvénient l'algorithme de Newton-Raphson peut être utilisé nous aurons alors

$$P_1 = P_0 - \lambda' H_P^{-1} \cdot \nabla_P \quad 4.4$$

où H_P est le Hessien du critère c'est à dire la tendance d'évolution du gradient. Si le gradient évolue très vite, la pondération apportée par sera faible et inversement. Il reste malgré tout un coefficient multiplicatif λ' , mais le choix de sa valeur numérique est beaucoup moins critique.

Nous allons regarder quelle est la notion cachée derrière ce gradient afin de juger de son importance. Prenons la définition la plus habituelle de la fonction

$$J(P) = \int_H (y(t) - f(Y(t), P))^2 dt \quad 4.5$$

$Y(t)$ regroupe $X(t)$ et $u(t)$

H est l'horizon d'observation

Ecrivons le gradient

$$\nabla_P = \frac{d}{dP} \int_H (y(t) - f(Y(t), P))^2 dt \quad 4.6$$

La dérivation par rapport à P et l'intégration par rapport au temps sont indépendants, il est alors possible de permuter ces deux opérateurs. Il vient donc

$$\nabla_P = -2 \int_{R_0} (y(t) - f(y(t), P)) \cdot \frac{d f(y(t), P)}{d P} \cdot dt \quad 4.7$$

que nous pouvons écrire

$$\nabla_P = -2 \int_{R_0} \varepsilon(t, P) \cdot \sigma(t, P) dt \quad 4.8$$

où $\varepsilon(t, P)$ est l'erreur de prédiction du modèle et $\sigma(t, P)$ est un vecteur dont les composantes sont la dérivée de la fonction $f(y(t), P)$ par rapport à chacun des paramètres du vecteur P. Une composante du vecteur $\sigma(t, P)$ est égal à

$$\sigma_i(t, P) = \frac{\partial}{\partial P_i} (f(y(t), P)) \quad 4.9$$

Cette fonction montre l'influence d'une petite variation du paramètre P_i sur l'estimation de la sortie $F(y(t), P)$. Ceci se nomme une fonction de sensibilité et toutes ses caractéristiques sont très bien décrites dans le livre de Richalet Rault, Poulinquên

Cette notion de sensibilité est très importante car elle signifie que si pour un horizon d'observation donné h_0 , la sensibilité par rapport à un paramètre est pratiquement nulle, ce paramètre ne sera pas identifiable sur h_0 . Ceci se conçoit aisément sur l'exemple suivant :

Soit un système linéaire du premier ordre en régime permanent de sa réponse à l'échelon. Cette seule connaissance de la réponse du système ne nous permet pas d'identifier la constante de temps. Si l'on calcule la fonction de sensibilité par rapport à ce paramètre pour une entrée constante, on trouve qu'en régime permanent la sensibilité est nulle.

Les fonctions de sensibilité permettent de comprendre pourquoi la méthode d'identification par le gradient ne permet pas toujours de converger vers une valeur correcte du vecteur paramètre. En effet, pour certains systèmes dans lesquelles apparaissent des non linéarités très importantes, la méthode du gradient ne converge pas où converge très mal. Ceci est dû très souvent à des fonctions de sensibilité très différentes en amplitude et peut s'expliquer ainsi :

Considérons deux paramètres π_i et π_j tels que sur l'horizon d'observation la sensibilité σ_i , soit beaucoup plus forte que la sensibilité σ_j (de l'ordre de 1000 ou plus). Dans ce cas le paramètre π_j ne sera pratiquement pas identifiable car une modification même dans le mauvais sens de π_j verra sa conséquence sur δ masquée par une évolution, même infime, de π_i .

Lorsqu'un tel cas de figure se présente, on se trouve devant un système qui ne pourra être identifié par le gradient et l'on est très souvent obligé d'utiliser une méthode d'identification axe par axe.

4.1.2. Méthode axe par axe

Comme dans la méthode du gradient, on définit une fonction coût qui est très souvent l'erreur quadratique. Mais au lieu d'essayer de minimiser la fonction coût en faisant varier tous les paramètres en même temps, on fait évoluer un paramètre à la fois (on ne travaille que sur un axe de l'espace paramétrique).

Il est possible d'imaginer différentes façons de faire évoluer les paramètres, chaque méthode ayant ses avantages et ses inconvénients. Nous allons en présenter quelques unes.

Comme nous l'avons dit, ce qui nous force très souvent à abandonner la méthode du gradient pour utiliser une méthode axe par axe est l'incompatibilité entre diverses fonctions de sensibilité. Travaillant sur un axe à la fois cette incompatibilité disparaît et il est alors possible de faire évoluer un paramètre en fonction du gradient qu'il crée. Nous aurons alors pour chaque paramètre π_i :

$$\pi_i(k+1) = \pi_i(k) - \lambda_i \frac{\partial \mathcal{J}}{\partial \pi_i} \quad 4.10$$

L'inconvénient de cette méthode est le même que lors du gradient global et réside dans le choix de la valeur du coefficient

Considérons maintenant le cas où la valeur optimale π_i^* de chaque paramètre π_i puisse être encadrée par une valeur minimale π_i^m et une valeur maximale π_i^M . Une méthode de recherche d'un optimum dans un espace monodimensionnel peut alors être considérée.

Une condition limitative d'utilisation de cette méthode est que, lors de la recherche du paramètre p_i les paramètres p_j $j \neq i$ étant fixés, la fonction coût $\mathcal{S}(p_i)$ soit unimodale sur l'intervalle $[p_i^m, p_i^M]$ (i.e. ne possède qu'un minimum). Cette restriction limite l'utilisation de ce type de procédure à des systèmes tels que la non-linéarité par rapport aux paramètres engendre des lieux isodistance assez réguliers.

Une autre possibilité assez lourde mais utilisable dans tous les cas de figure est la suivante:

Lors de la recherche de la valeur optimale du paramètre p_i étant donné les p_j , $j \neq i$, on incrémente la valeur de p_i d'un Δp_i fixé et on calcule la fonction coût. Si la valeur obtenue est inférieure à celle due à p_i on incrémente à nouveau,...

Comme on le voit le gros inconvénient est le nombre de calculs important qu'elle engendre, mais une telle procédure assure la convergence quelle que soit la complexité des non-linéarités et l'allure des courbes isodistance à condition toutefois qu'il n'existe pas de minimums locaux.

D'autres méthodes basées sur le même principe en améliorent les performances par la recherche de directions privilégiées dans l'espace paramétrique.

4.1.3. Conclusion

On peut constater que le chapitre traitant de l'identification des systèmes nonlinéaires est beaucoup moins riche que celui des systèmes linéaires (annexe A1). Ceci est inévitable car il est dû à la formulation mathématique du problème posé. Dans le cas linéaire l'écriture mathématique de l'équation représentant le système peut toujours s'écrire sous la forme

$$\sum_i \alpha_i p_i = 0$$

où les p_i sont les paramètres.

Par contre la représentation d'un système nonlinéaire est infiniment variée. Pourtant des études actuellement un cours cherchent à montrer que tout système nonlinéaire peut être représenté par une forme bilinéaire après un changement de variable approprié. Un tel résultat aurait l'avantage de permettre une représentation uniforme des systèmes nonlinéaires et orienterait les études vers l'identification des systèmes bilinéaires.

4.2. Application au système d'épuration des eaux

Le modèle de dégradation de la pollution obtenu au chapitre précédent est nonlinéaire par rapport aux paramètres. Nous avons obtenu une représentation du fonctionnement du système biologique de dégradation se présentant sous la forme d'un système d'équations (3.41) que nous rappelons ci-dessous

$$R_1(t) = KX \left(1 - \exp(-\mu(1 - e^{-\alpha/x}) (S_0 - \int_0^t R_1(\tau) d\tau)) \right)$$

$$R_2(t) = C_S \left(KX - R_1(t) \right) \left(S_{i0} + \beta \int_0^t R_1(\tau) d\tau - \int_0^t R_2(\tau) d\tau \right)$$

$$R(t) = R_1(t) + R_2(t)$$

Ce système présente une caractéristique très particulière: c'est un système composé de deux blocs en série, la seule grandeur mesurable étant la somme des sorties des deux blocs.

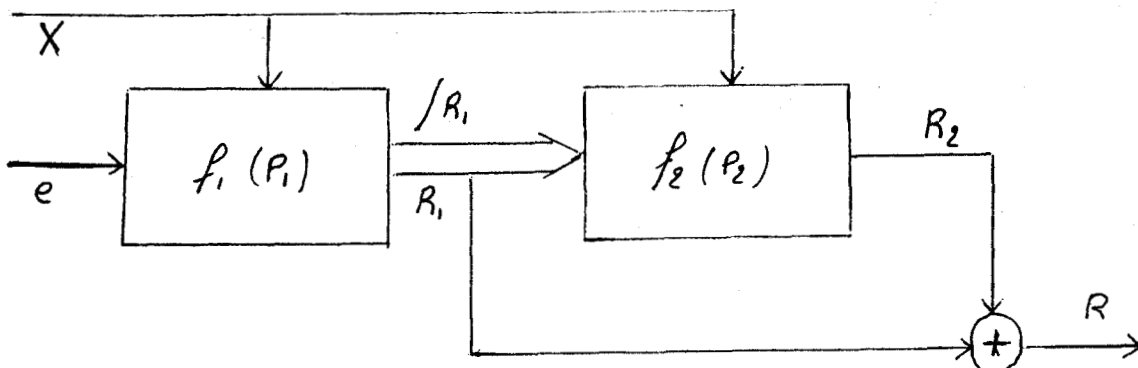


Figure 4.1.

La fonction $f_i(p_i)$, $i=1,2$ correspond à la i -ième équation du modèle, p_i est le vecteur des paramètres intervenant dans cette équation.

$$p_1^T = \{ K, X, \mu, \delta, S_{10} \} \quad 4.11$$

$$p_2^T = \{ C_s, K, X, S_{20}, \beta \} \quad 4.12$$

Les vecteurs paramètres p_1 et p_2 possèdent des éléments communs, il sera donc impossible de les calculer séparément.

Une étude un peu plus approfondie des équations conduit à une diminution du nombre des paramètres. Nous pouvons poser

$$a = \mu (1 - e^{-\delta/X}) \quad 4.13$$

car les paramètres μ , δ et X apparaissant sous une forme mathématique constante il sera impossible de les dissocier. De même le produit $K.X$ devient le paramètre KX .

Le vecteur paramètre p_1 se résume alors à

$$p_1^T = \{ KX, a, S_{10} \} \quad 4.14$$

Par ailleurs, le substrat S_2 ne se faisant dégrader que lorsque le premier substrat a disparu, il sera impossible de faire la part de ce qui revient à S_{20} et à la dégradation du premier substrat. Nous avons donc toujours considéré S_{20} nul.

Le vecteur paramètre complet du modèle s'écrit dans ce cas

$$P^T = P_1^T \cup P_2^T = (KX, a, S_0, C_s, \beta) \quad 4.15$$

et l'équation du modèle prend la forme suivante

$$R_1(t) = KX \left(1 - \exp\left(-\alpha \left(s_0 - \int_0^t R_1(\tau) d\tau \right)\right) \right)$$

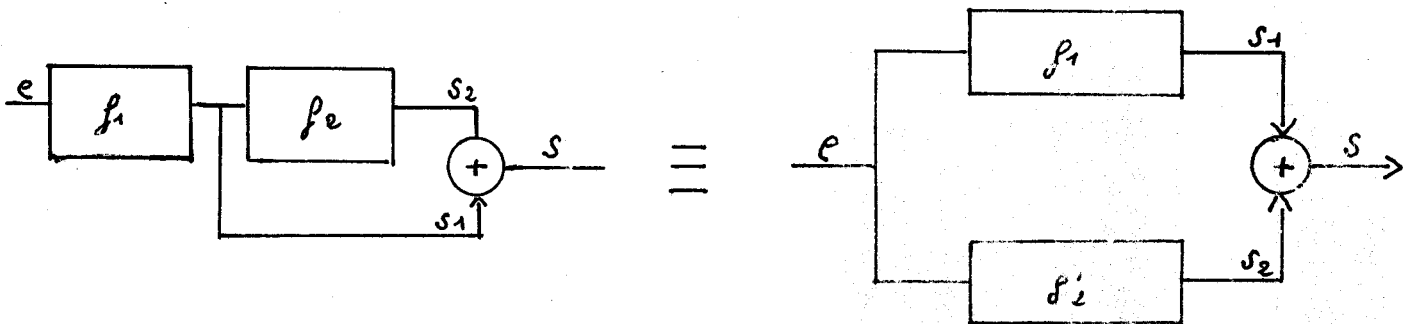
$$R_2(t) = c_s \left(KX - R_1(t) \right) \left(\beta \int_0^t R_1(\tau) d\tau - \int_0^t R_2(\tau) d\tau \right) \quad 4.16$$

$$R(t) = R_1(t) + R_2(t)$$

Nous allons tester plusieurs méthodes d'identification sur ce système d'équations non-linéaires.

4.2.1. Identifiabilité

Le problème de l'identifiabilité est, d'une façon générale, résolu par un choix adapté des signaux de commande utilisés lors de l'identification. Dans le cas présent le problème est un peu différent de par la structure même du modèle. Il se présente sous la forme de deux sous-systèmes en cascade, la sortie mesurable étant la somme des sorties des deux sous-systèmes. Ce type de structure n'est pas facile à analyser, mais il est possible de lui, donner une représentation équivalente utilisant des sous-systèmes parallèles.



Le sous-système f'_2 n'est que la mise en série des sous-systèmes f_1 et f_2

La première condition d'identifiabilité est liée à la possibilité de déterminer les sorties s_1 et s_2 à partir de la mesure de s (séparabilité). Il sera

alors possible de déterminer les paramètres de f_1 et f_2 en fonction de l'entrée et des sorties s_1 et s_2 . La connaissance de f_1 et f_2 doit permettre d'obtenir f_2 et de calculer ses paramètres.

Il est évident que si les fonctions font toutes deux apparaître un gain k_i ($i=1, 2$) la seule mesure de s et de l'entrée ne permettra en aucun cas de séparer ces deux valeurs à partir de la seule que l'on puisse déterminer $k_1(1 + k_2)$. Dans un tel cas, au moins les gains statiques ne seront pas identifiables.

Dans le cas qui nous préoccupe ici, les fonctions f_1 et f_2 sont telles que l'une est pratiquement nulle pendant que l'autre ne l'est pas. Cette particularité nous assure l'identifiabilité des paramètres des deux fonctions, la séparabilité étant quasi-évidente. Le seul paramètre qui risque d'être plus difficilement identifiable sera le paramètre b qui n'intervient que pendant le temps assez court où s_1 décroît vers zéro tandis que s_2 commence à évoluer.

4.2.2. Méthode du gradient

L'évolution du vecteur paramètre se fait dans la direction du gradient du critère utilisé. La mesure de l'écart système-modèle est représentée par un critère quadratique

$$J_k = \sum_{i=1}^N (y_i - \tilde{y}_{i,k})^2 \quad 4.17$$

où J_k est la valeur du critère à la k -ième itération
les y_i , $i = 1, 2, \dots, N$ sont les points de mesure de la sortie du système

$\tilde{y}_{i,k}$ est la sortie du modèle à l'instant i , et à la k -ième itération du processus d'identification

4.2.2.1. Evolution des paramètres

La valeur du vecteur paramètre P à l'instant $k+1$ s'écrira

$$P_{k+1} = P_k - \lambda \nabla_{J_k} \quad 4.18$$

Le choix du coefficient λ a posé quelques problèmes. Après différents essais, la valeur de λ permettant dans la plupart des cas la convergence du critère a été choisie comme suit :

$$\lambda_k = \frac{\alpha}{J_k} \cdot (\sigma^T \sigma)^{-1} \quad 4.19$$

σ étant la matrice de sensibilité de la sortie du modèle par rapport aux paramètres :

$$\sigma_{ij} = \frac{\partial \tilde{y}_i}{\partial p_j} \quad 4.20$$

α est un coefficient constant assez petit.

En rapprochant les équations (4.17), (4.18) et (4.19) il vient

$$P_{k+1} = P_k - \frac{\alpha}{J_k} (\sigma^T \sigma)^{-1} \sigma^T E \quad 4.21$$

où E est le vecteur des erreurs d'estimation.

4.2.2.2. Calcul des sensibilités.

Le calcul le plus lourd est celui de la matrice σ . En effet, la forme du modèle (4.58) se prête mal au calcul direct des fonctions de sensibilité. Il a été nécessaire de calculer ces fonctions de manière approchée en utilisant la stratégie suivante.

- calcul des points \tilde{R}_k pour le vecteur paramètre P
- modification de l'une des composantes p_i de P : $p_i' = p_i (1 + \epsilon)$

où ϵ est de l'ordre de 10^{-2}

- calcul des points \tilde{R}'_k
- estimation de la sensibilité σ_{ki} par $\sigma_{ki} = \frac{\tilde{R}'_k - \tilde{R}_k}{\epsilon \cdot p_i} \quad 4.22$

Cette méthode de calcul, quoique plus rapide que le calcul direct de la fonction de sensibilité, nécessite néanmoins un calcul supplémentaire de la fonction \tilde{R}_R paramètre, et à chaque itération.

4.2.2.3. Adaptation à la classe particulière du modèle.

L'application de la méthode au système global (équation 4.16) s'est avérée délicate. La convergence de l'algorithme n'est en rien assurée et dépend de l'ensemble conditions initiales des paramètres - choix du coefficient. Nous avons essayé de remédier à ce problème en nous souvenant de la forme particulière du modèle : il se compose de deux sous-systèmes en cascade, la sortie est la somme des sorties des deux sous-systèmes; le sous-système 2 est pratiquement à zéro tant que le sous-système 1 est à son niveau maximum. Utilisant cette particularité, l'identification s'est faite en deux étapes en scindant le vecteur paramètre en deux vecteurs.

$$P_1^T = (KX, a, S_0) \quad P_2^T = (C_s, \beta) \quad 4.23 - 24$$

et en considérant deux systèmes à identifier.

- i le système 1 de sortie R_1 défini par la première équation de 4.16
- ii le système 2 de sortie R_2 , les entrées connues étant $R_1(t)$ et KX .

Ainsi, connaissant la sortie $R(t)$ et une sortie $R_i(t)$ $i = 1$ ou 2 , il est aisé de calculer

$$R_j(t) = R(t) - R_i(t) \quad j \neq i \quad 4.25$$

Afin de pouvoir démarrer l'algorithme, nous avons supposé que la fonction R_2 était nulle jusqu'au point d'inflexion de $R(t)$. Soit T_0 cet instant tel que $\ddot{R}(t_0) = 0$. Avec cette hypothèse, il est possible d'initialiser correctement deux paramètres de P_1 en posant

$$S_0 = \int_0^{T_0} R(t) dt \quad KX = \max_{t < T_0} (R(t))$$

D'autre part si l'on suppose que $R_j(t)$ est nul pour $t > T_0$, il vient

$$\int_{T_0}^{\infty} R(t) dt = \beta S_0 \quad \text{d'où } \beta$$

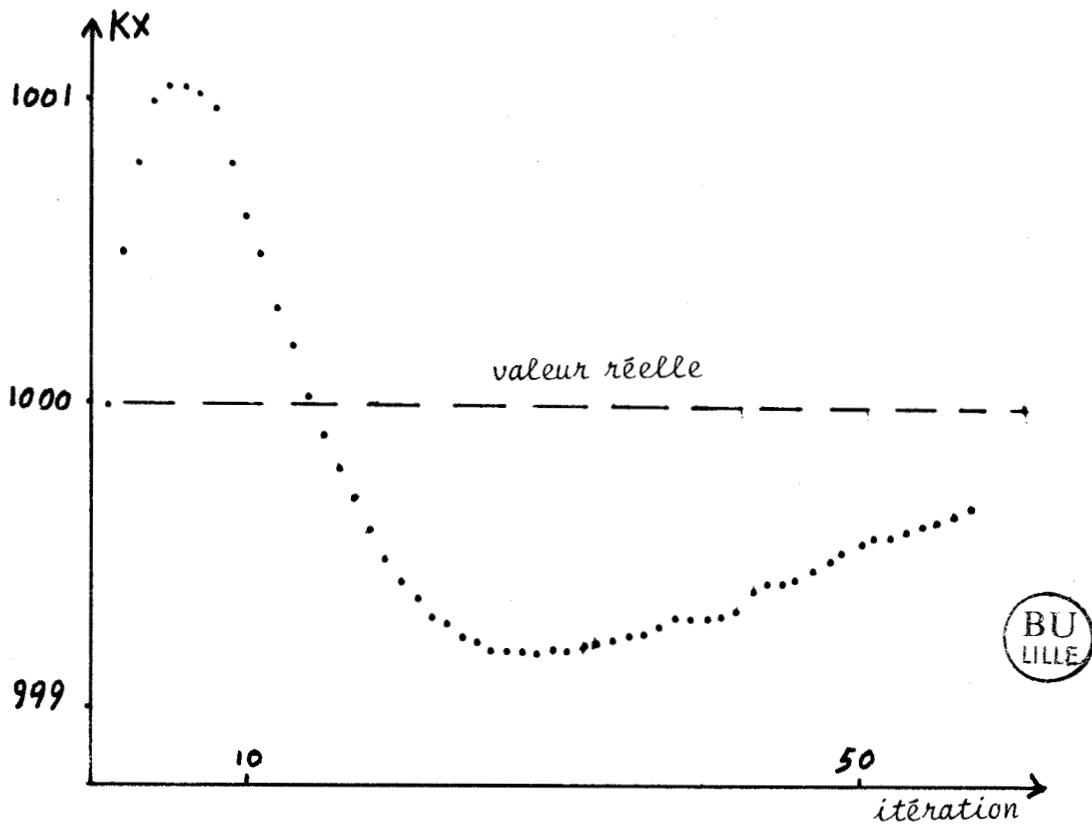


figure 4.2 évolution de KX

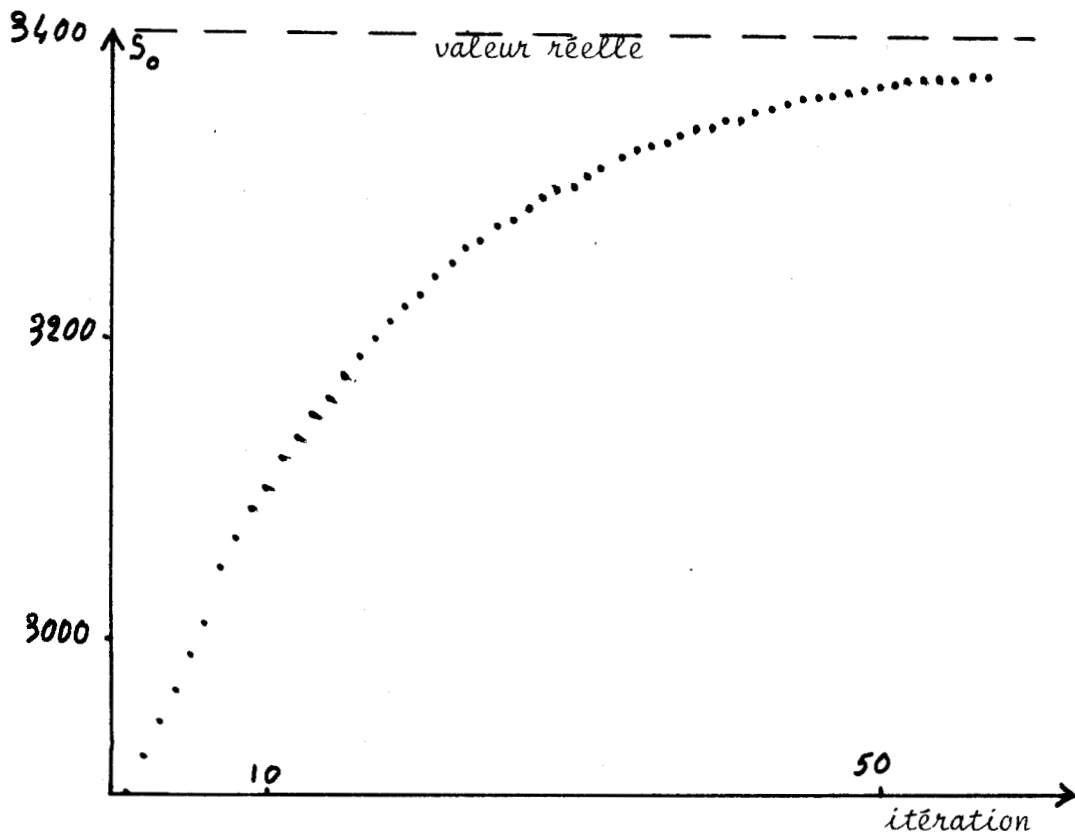


figure 4.3 évolution de S_0

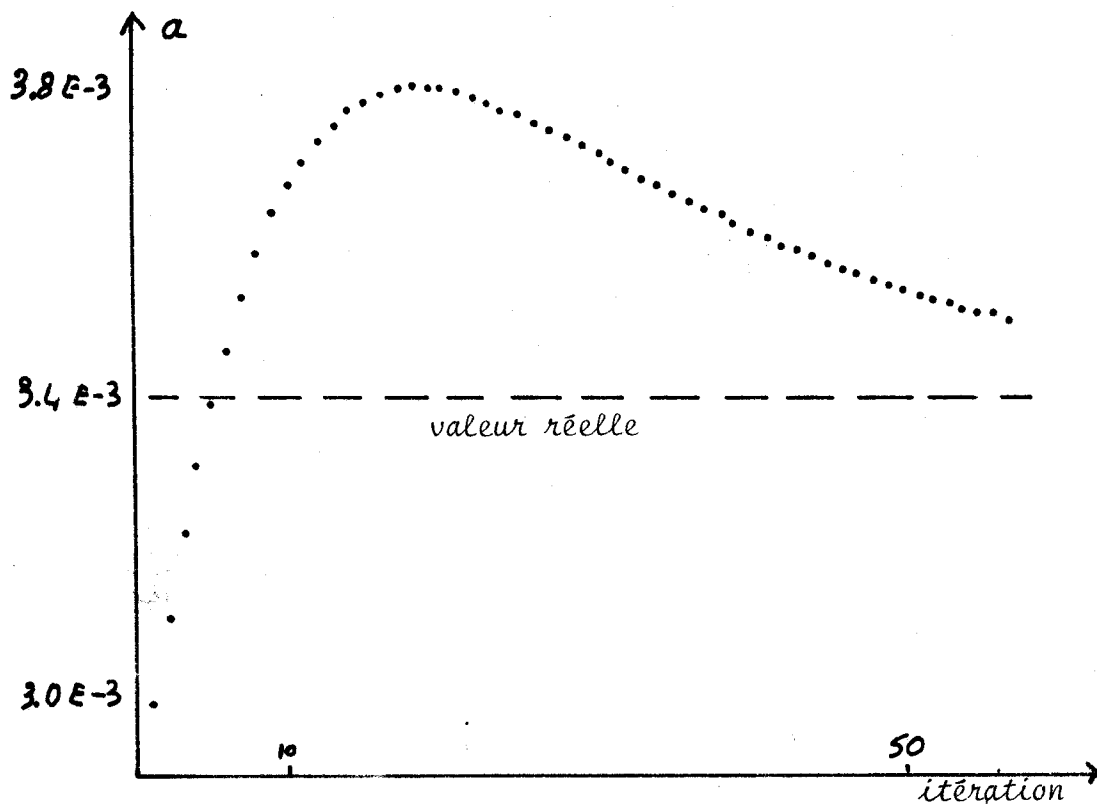


figure 4.4 évolution de a

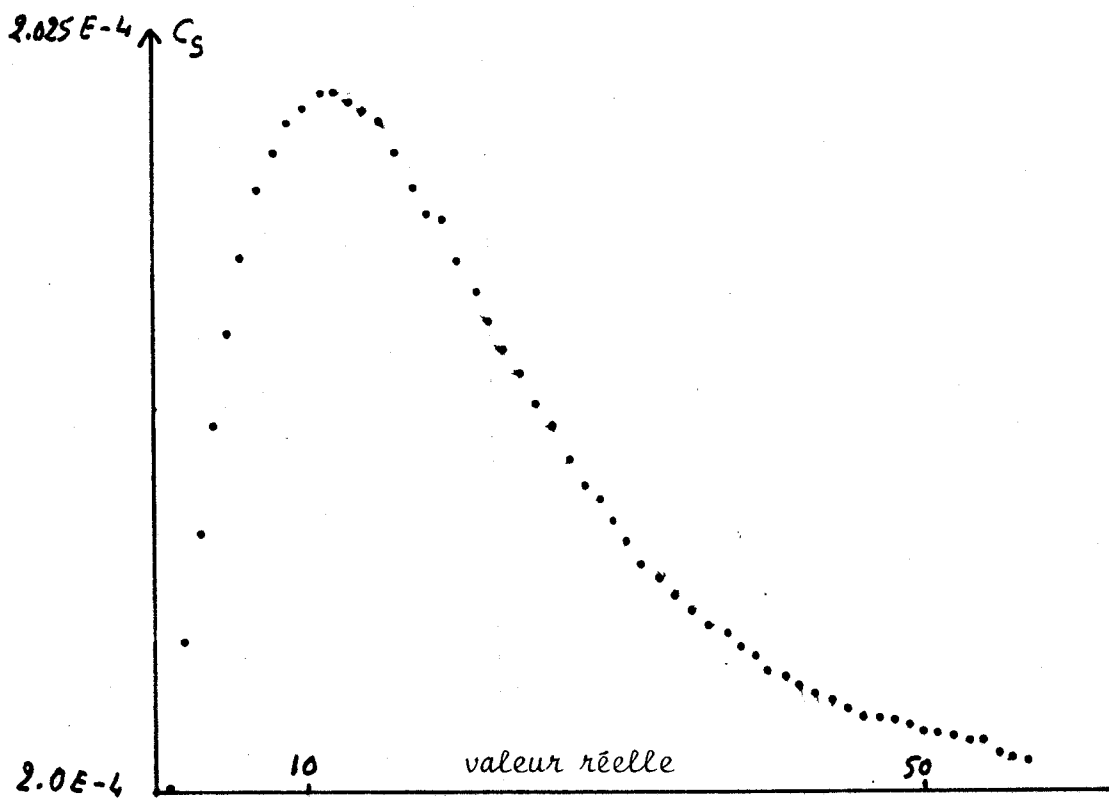


figure 4.5 évolution de C_S

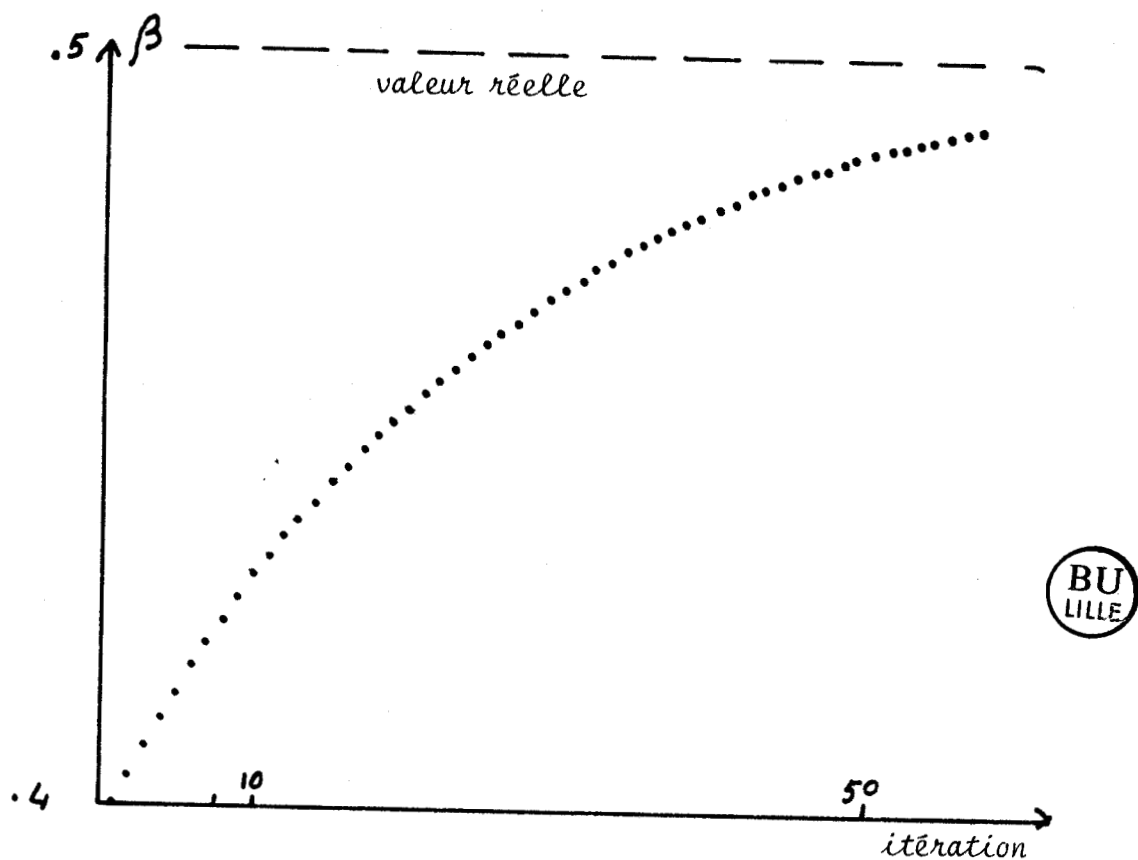


figure 4.6 évolution de β

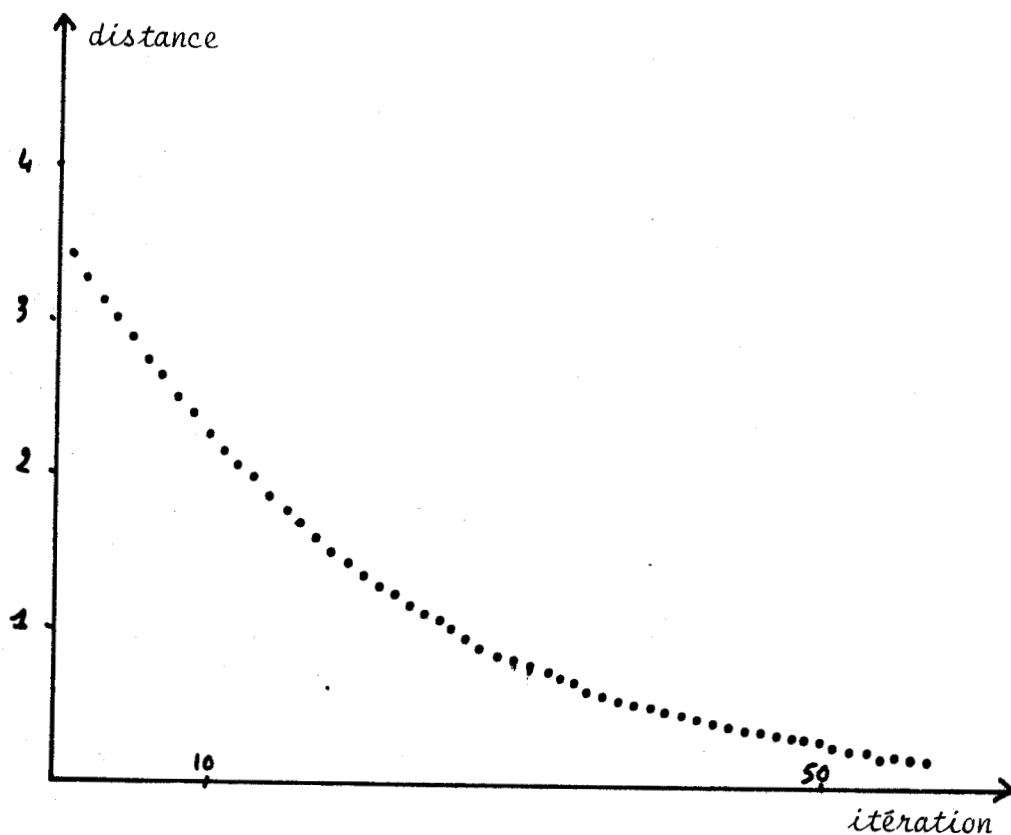
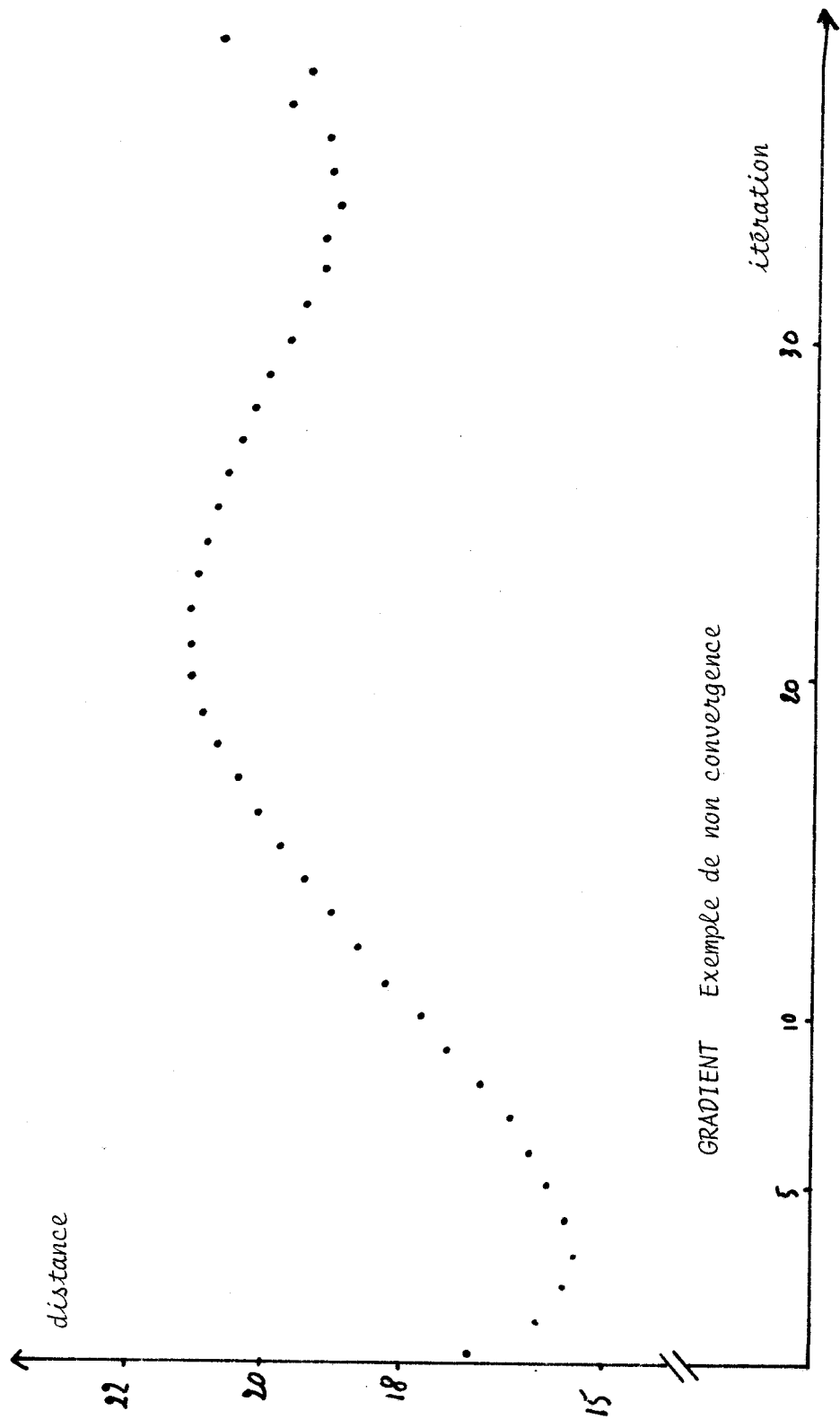


figure 4.7 évolution de la distance



GRADIENT Exemple de non convergence

4.2.2.4. Algorithme d'identification

Le programme d'identification est basé sur l'algorithme suivant :

i recherche du point d'inflexion T_0 et initialisation des paramètres

Les paramètres a et c_s sont choisis arbitrairement.

ii utilisation de la courbe $R(t)$, $t < T_0$

identification de P_1 à partir des relations 4.21 et 4.22

calcul de $\tilde{R}_1(t)$, $t < T_0$ et du critère J en supposant $R_2(t)$ nul.

Si J est supérieur à une valeur donnée J_0 nouveau calcul de P_1, \dots, \dots ,
sinon

iii utilisation de la courbe complète

iiii $R_2(t) = R(t) - R_1(t)$

identification de P_2

calcul de $\tilde{R}_2(t)$ et du critère J

Si J est supérieur à un J_1 donné, nouveau calcul de P_2 , sinon

iiii

même chose en ii mais en utilisant toutes les mesures.

4.2.2.5. Résultats

Cette dissociation du système en deux parties a donné de meilleurs résultats, la convergence étant presque toujours assurée. Ces résultats sont donnés aux figures 4.2. à 4.7.

Conclusion

Les résultats obtenus ne sont pas mauvais lorsque le critère converge. Malheureusement, il arrive qu'il y ait une divergence de l'algorithme : la valeur du critère décroît puis se met brutalement à croître ou à présenter une oscillation divergente. Ces "incidents" ne peuvent être dus qu'aux non linéarités provoquant des allures d'hyperplan-isodistance très "accidentés". Une autre remarque consécutive aux résultats obtenus est l'irrégularité de la convergence dans l'espace paramétrique. Si les paramètres KX et S_0 convergent rapidement vers leur vraie valeur, il n'en est pas de même pour les paramètres \dots . L'erreur relative sur ces deux paramètres reste toujours importante ; il semble que l'influence de ces coefficients est masquée par les autres ou se superpose.

En effet le paramètre a intervient lorsque la fonction $R_1(t)$ décroît vers zéro, c'est à dire la fonction $R_2(t)$ quitte sa position zéro, donc lorsque le coefficient C_s intervient.

Pour tenter de séparer les différentes influences des variations de chacun des paramètres, nous avons testé la méthode axe par axe.

4.2.3. Méthode axe par axe

4.2.3.1 Algorithme utilisé

Il n'est rien de particulier à dire sur cette méthode si ce n'est le choix de l'algorithme de variation de chacun des paramètres.

Nous avons cherché dans la direction i la valeur du paramètre p_i minimisant le critère. Pour cela la valeur de p_i est incrémentée d'un Δp_i (le signe de Δp_i est obtenu à la suite d'un essai positif et négatif; le signe retenu étant celui donnant le meilleur résultat).

Ensuite, lorsque pour trois valeurs successives de $p_i - p_i^1, p_i^2$ et p_i^3 - les valeurs respectives du critère sont c_1, c_2 et c_3 telles que

$$c_1 > c_2 \quad \text{et} \quad c_3 > c_2$$

la valeur optimale du paramètre p_i est calculée par approximation parabolique. Cette façon de procéder nous a parfois conduit à des résultats surprenants mais prévisibles si l'on considère les non-linéarités. Un de ces résultats est représenté à la figure 4.8.

La recherche du minimum par approximation parabolique donne le point p_i^{opt} pour lequel la valeur du critère serait c_m . En reportant la valeur du paramètre dans le système d'équations du modèle et en calculant le critère, nous obtenons une valeur c_r qui est supérieure à chacun des points ayant servi à l'approximation parabolique. Ce type de résultat a été obtenu avec des variations relatives des paramètres de l'ordre de 10^{-2} .

Ceci prouve que les non-linéarités engendrent des lieux isodistance très tordus et que sur chacun des axes paramétriques il existe des minimums locaux avec variation brusque de la valeur du critère.

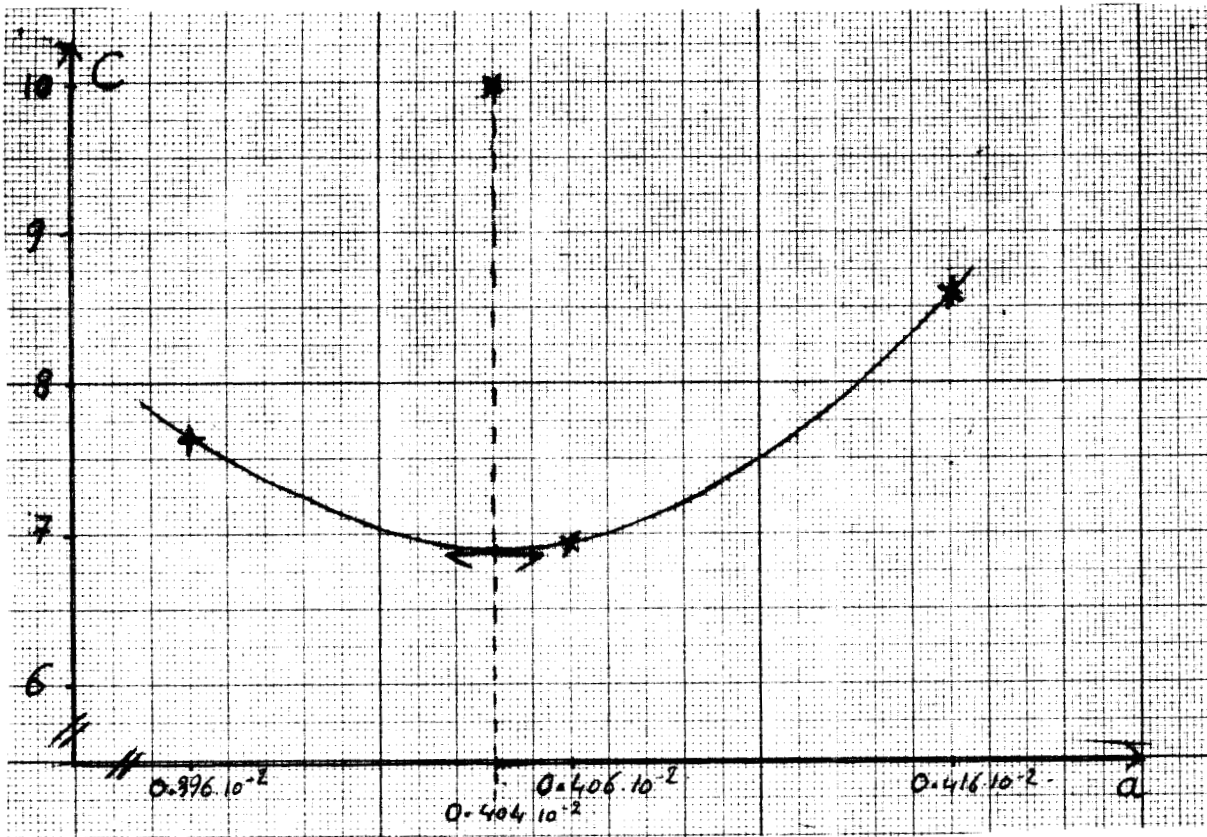


Figure 4.8



4.2.3.2. Sensibilité au bruit

Afin d'étudier la sensibilité au bruit de la méthode utilisée, nous avons ajouté à la fonction $R(t)$ un bruit de valeur moyenne nulle et d'écart type variable. Les résultats obtenus sont regroupés dans le tableau T.4.1

L'algorithme d'identification a été arrêté lorsque la valeur des paramètres est stabilisée.

Dans le tableau 1, σ est l'écart type du bruit et d la distance résiduelle système-modèle.

$$d = \left(\frac{1}{N} \sum_R (R_R - \tilde{R}_R)^2 \right)^{\frac{1}{2}}$$

Nous pouvons remarquer une chose un peu surprenante : le rapport d/σ décroît lorsque σ augmente et il devient même inférieur à 1 pour la valeur maximum de la perturbation. D'autre part, les paramètres les moins sensibles au bruit sont KX et S_0 , ce qui est normal puisque le KX obtenu sera la valeur moyenne du niveau de saturation et S_0 est l'intégrale de la première partie de la courbe.

valeurs réelles	1200	4.00E-3	5000	1.00E-4	.90		
bruit	KX	a	S _O	C _s	β	d	d/ σ
max							
0	1192.59	4.04E-3	4993.47	1.07E-4	.8647	8.145	
10	1186.45	4.13E-3	4962.16	1.08E-4	.8692	9.432	1.5652
20	1187.46	4.89E-3	4966.38	1.06E-4	.8894	13.83	1.1671
30	1194.52	4.38E-3	4982.65	1.01E-4	.9179	18.27	1.0728
40	1175.52	4.82E-3	4923.31	1.03E-4	.9246	24.65	1.0409
50	1201.51	4.43E-3	4986.51	1.00E-4	.9063	30.39	1.0407
70	1189.24	4.34E-3	4894.03	1.04E-4	.9338	40.54	0.9943

Tableau T4.1 Sensibilité au bruit de la méthode axe par axe

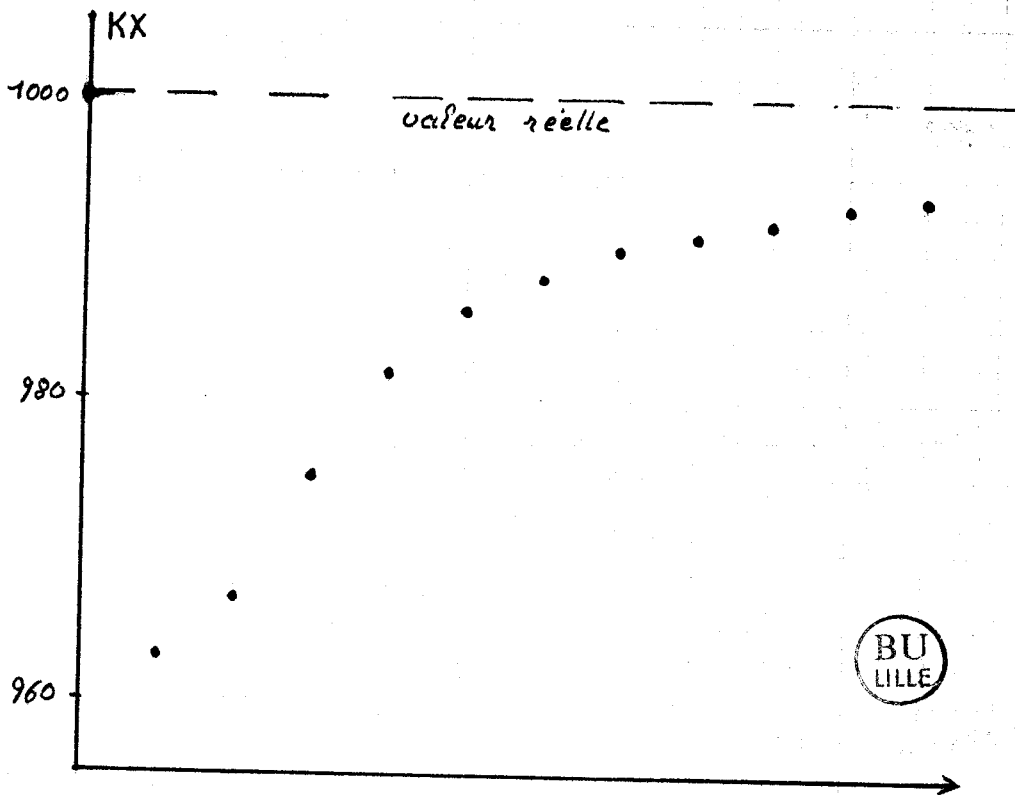


Figure 4.9. évolution de KX

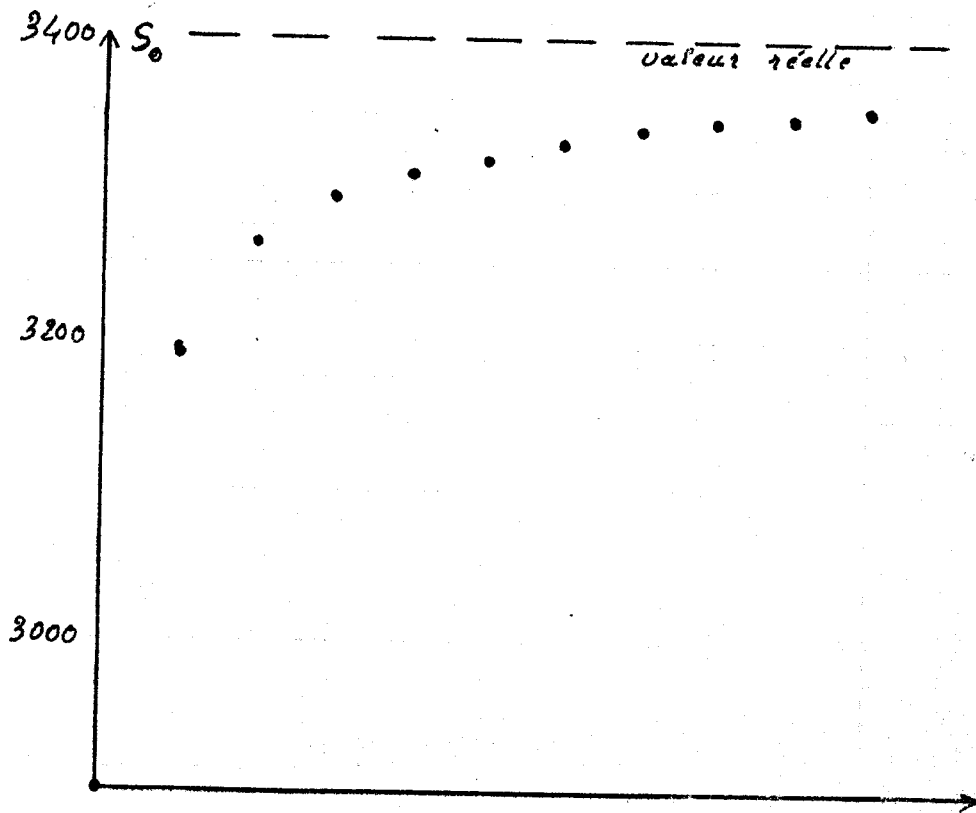


Figure 4.10 évolution de S_0

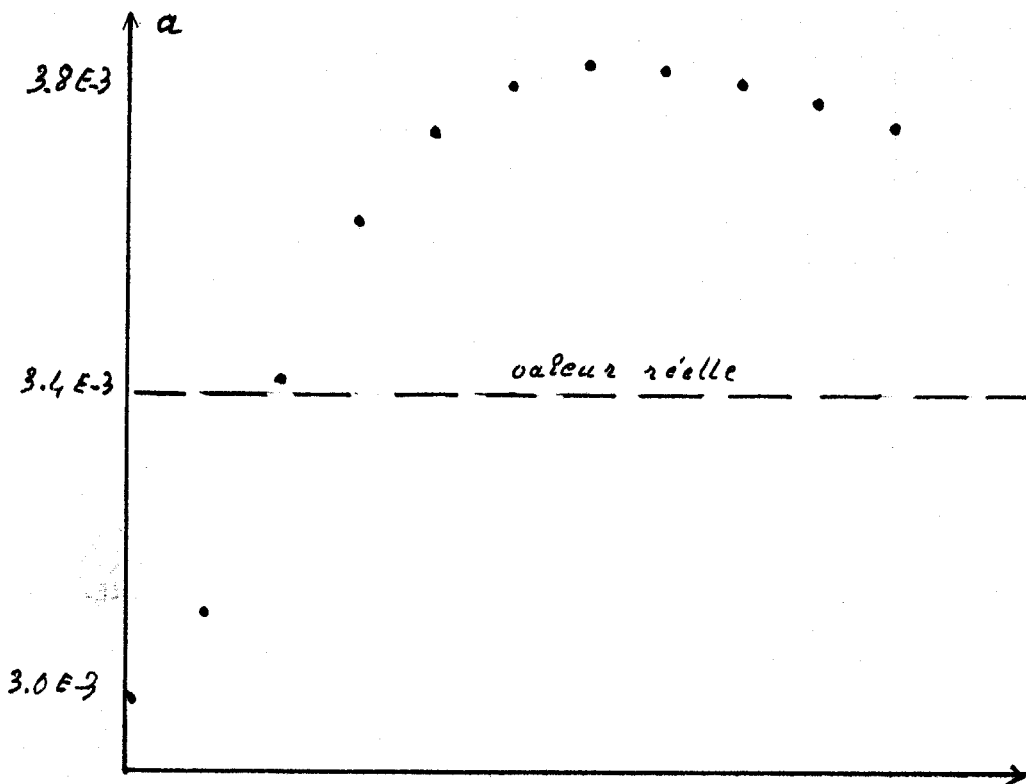


Figure 4.11

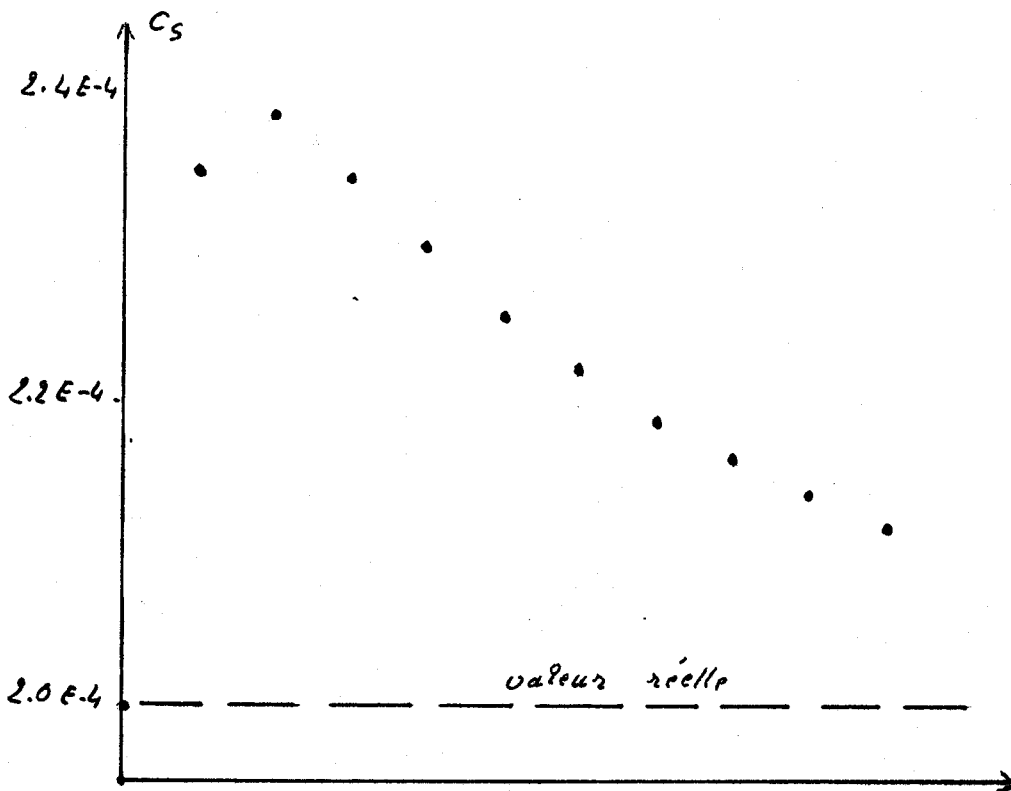


Figure 4.12

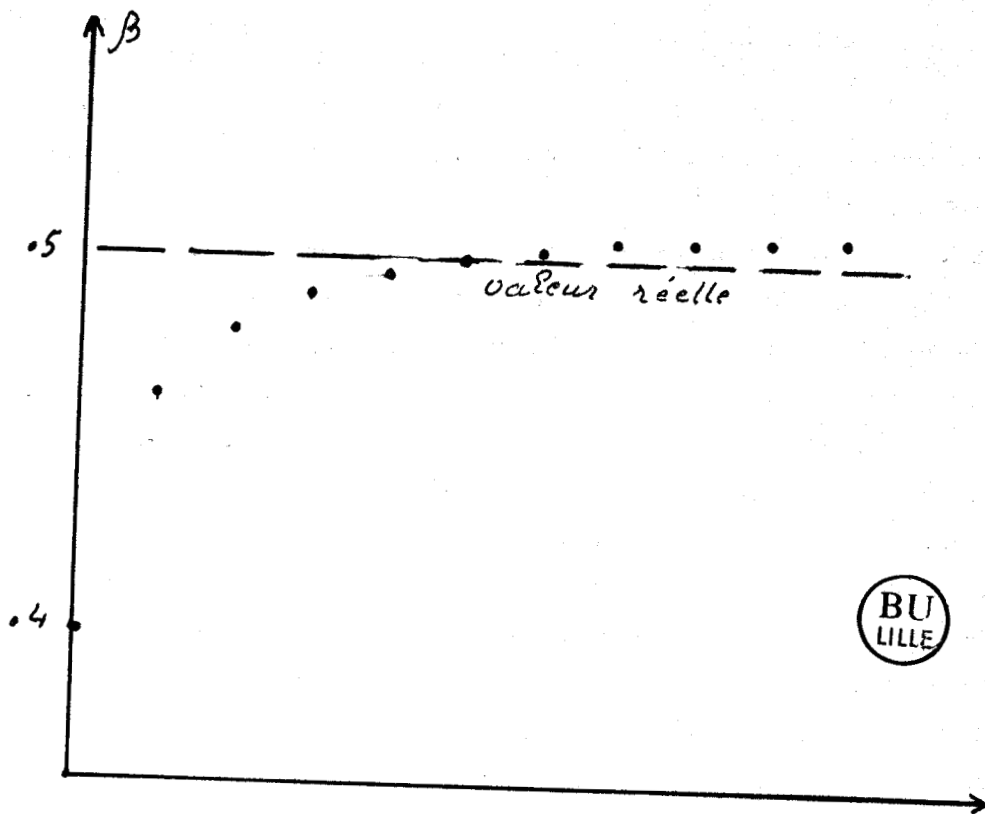


figure 4.13

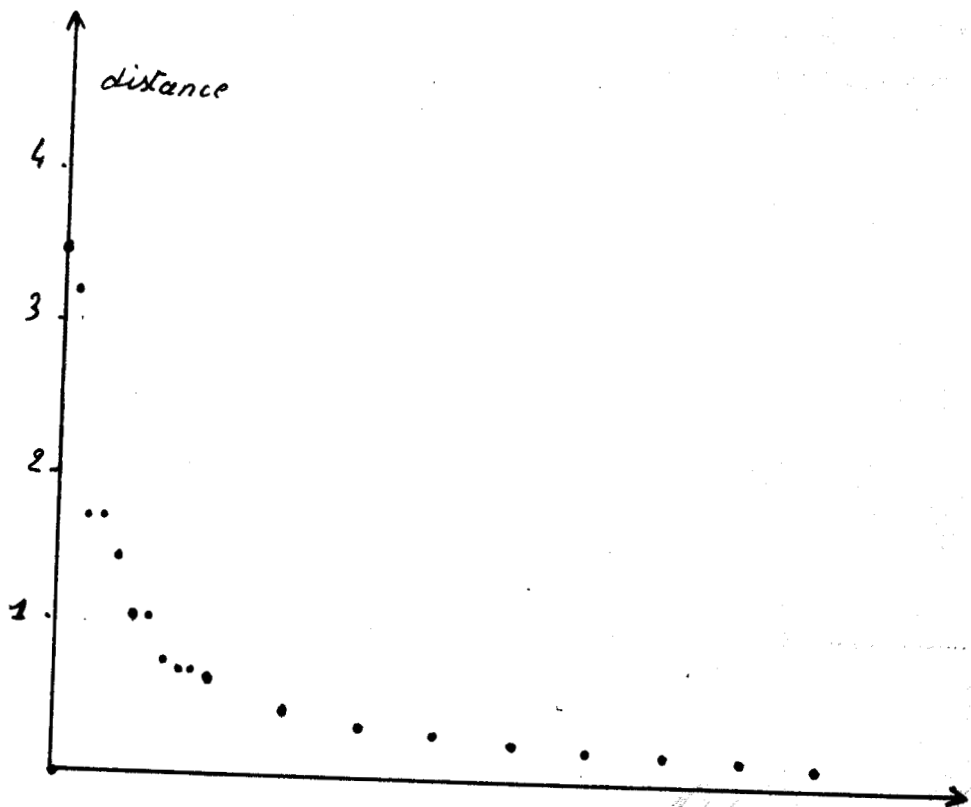


figure 4.14 : évolution de la distance système - modèle.

4.2.4. Conclusion

Les résultats obtenus par les deux méthodes d'identification pré-citées ne sont pas concluants et ce pour une raison importante : la convergence de l'algorithme n'est pas assurée. Nous avons alors essayé de réfléchir à quoi était dû ce problème.

Pour cela, nous nous sommes rappelé la forme un peu particulière du modèle et la signification ainsi que l'influence de chacun des paramètres. La conclusion est alors très simple. En ce qui concerne le gradient, certains paramètres convergent mal parce que leur influence est masquée par celle d'un autre paramètre. Il faut donc séparer ces deux effets en identifiant ces paramètres l'un après l'autre. Dans la méthode axe par axe, le problème inverse se pose. Considérons en effet la première équation du modèle. En première approximation, la fonction $R_1(t)$ peut se représenter par un rectangle de hauteur Kx et de surface S_0 . Ceci montre que relativement à la forme de la courbe, les deux paramètres Kx et S_0 sont étroitement liés. Une correction successive des deux paramètres sera assez difficile et il serait plus efficace de les modifier en même temps.

Cette réflexion nous a alors poussé vers l'étude d'une méthode d'identification qui serait intermédiaire entre le gradient et le axe par axe. Il faudrait pouvoir définir les groupes de paramètres et utiliser la méthode du gradient dans chaque groupe et un groupe après l'autre.

CHAPITRE V

DECOMPOSITION DE L'ESPACE PARAMETRIQUE EN SOUS-ESPACES

Le chapitre précédent a montré que l'identification des paramètres de certains systèmes non linéaires n'est pas toujours chose aisée. Entre autre difficulté, celle qui est apparue sur l'exemple choisi était imprévisible. En effet une méthode d'identification globale - du type gradient - présente une incertitude dans la convergence parce que l'effet d'une variation, même importante, d'un paramètre est parfois masqué par une très faible variation d'un autre paramètre. D'autre part une méthode d'identification monovariable - du type axe par axe - nécessite un nombre d'itérations très important pour converger ceci étant dû à la dépendance de plusieurs paramètres.

Cette réflexion nous conduit à la conclusion suivante : identifions en parallèle les paramètres présentant entre eux une certaine dépendance, et en série ceux qui risquent de se gêner mutuellement. Ceci revient à décomposer l'espace paramétrique en sous-espaces, et procéder à l'identification par une méthode globale dans chacun des sous-espaces et un sous-espace après l'autre.

Ce chapitre présente une méthode permettant de définir les sous-espaces avec comme seul critère de choix la dépendance des paramètres vis à vis d'une fonction donnée. Dans l'exemple appliqué à l'identification, les paramètres d'un même sous-espace doivent avoir, sur la sortie du système, approximativement la même influence au même instant. Aucune autre contrainte ne sera imposée dans la recherche des sous-espaces. En particulier ne seront fixés ni leur nombre ni leur dimension minimum ou maximum ; en outre nous n'imposerons pas la disjonction des sous-espaces.

5.1 Création des sous-espaces

Pour définir la méthode de décomposition en sous-espaces, nous allons nous placer dans le cas le plus général d'un système possédant un grand nombre de paramètres et oublier, pour quelque temps, l'identification. Nous allons supposer qu'il existe une fonction f_i caractérisant chacun des paramètres p_i

5.1.1. Définition d'un coefficient de ressemblance

Soit un système possédant un nombre N de paramètres p_i , $i = 1, 2, \dots, N$

Considérons d'autre part qu'il existe une fonction $f_i(\theta)$ caractérisant chacun des paramètres p_i en fonction d'une variable commune θ définie sur un ensemble donné $A \subset \mathbb{R}^+$

$f_i(\theta)$ est une transformation de A dans \mathbb{R}

Soit la transformation r qui au couple $(f_i(\theta), f_j(\theta))$ fait correspondre le coefficient r_{ij} tel que

$$r_{ij} \triangleq \frac{\int_A \min\{f_i(\theta), f_j(\theta)\} d\theta}{\left[\int_A f_i(\theta) d\theta \cdot \int_A f_j(\theta) d\theta \right]^{1/2}} \quad 5.1$$

Il est montré en annexe que la fonction $d_{ij} = 1 - r_{ij}$ est une distance, c'est à dire qu'elle vérifie les lois suivantes

$$d_{ij} = 0 \iff f_i(\theta) = f_j(\theta) \quad \forall \theta \in A$$

$$d_{ij} = d_{ji}$$

$$d_{ij} + d_{jk} \geq d_{ik}$$

La fonction $d = 1 - r$ est une distance définie sur $[0, 1]$, donc la fonction r définie par la relation 5.1 est une ressemblance entre les fonctions f_i et f_j : Le coefficient r_{ij} représente la surface commune aux deux courbes $f_i(\theta)$ et $f_j(\theta)$ tracées en fonction de θ divisée par la moyenne géométrique des deux surfaces.

De l'expression 5.1 il est évident que $r_{ii} = 1$

D'autre part si les fonctions sont telles que l'une est nulle si l'autre ne l'est pas, alors $r_{ij} = 0$.

Ceci semble assez proche du coefficient de corrélation, mais il a l'avantage d'être borné entre 0 et 1 ce qui donne directement une représentation de la proximité des deux fonctions contrairement au coefficient de corrélation. Prenons un exemple simple pour illustrer ce fait.

Le coefficient de corrélation c_{ij} est donné par

$$c_{ij} = \int_a^b f_i(\theta) \cdot f_j(\theta) d\theta \quad 5.2$$

Soit les quatre fonctions $f_i(\theta)$, $i=1, \dots, 4$ définies comme suit

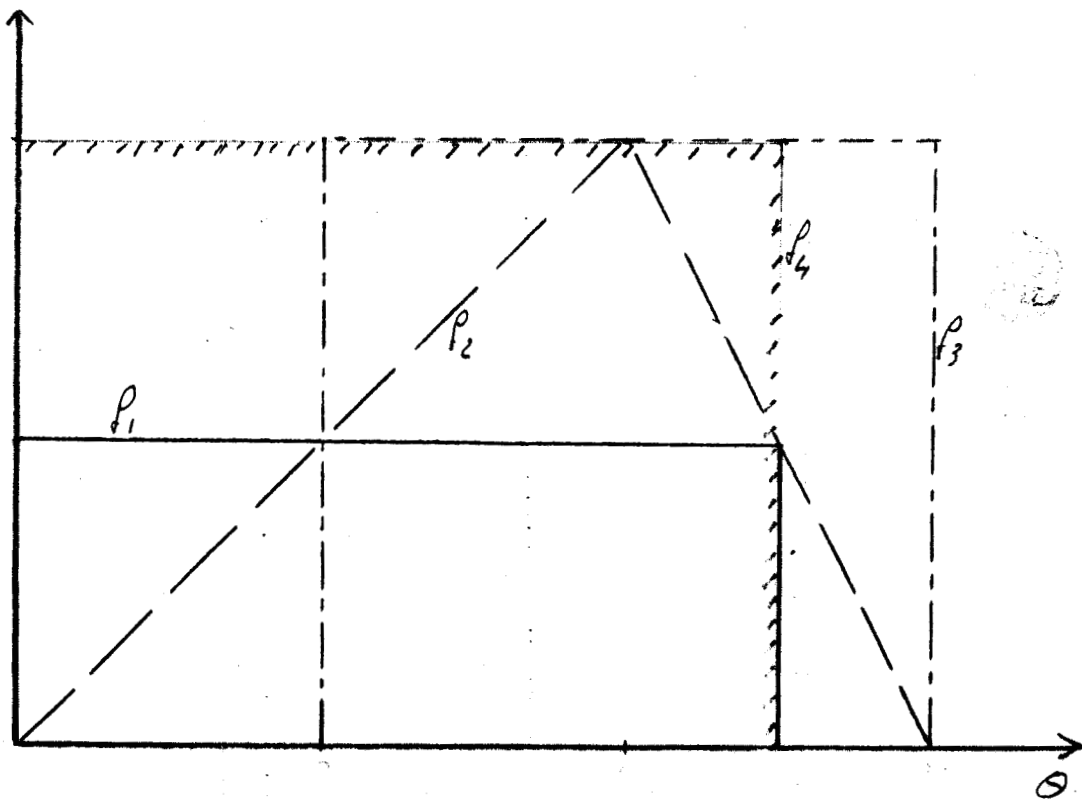


Figure 5.1. Choix des quatre fonctions f_i comme exemple simple

Le calcul des six coefficients r_{ij} et c_{ij} donnent les résultats regroupés dans le tableau T5.1

$i \ j$	1 2	1 3	1 4	2 3	2 4	3 4
r_{ij}	.73	.47	.707	.72	.71	.67
c_{ij}	22	24	40	40	44	48

Tableau T5.1

Les fonctions δ_1 et δ_4 ont été choisies de telle sorte que $\delta_4(\theta)$ soit égal à deux fois $\delta_1(\theta)$. Conformément à la définition du coefficient c_{ij} ceci implique que $c_{4i} = 2 \cdot c_{2i} \quad \forall i$

Il en est tout autrement pour les coefficients r_{ij} . En effet r_{12} vaut .73 et r_{42} vaut .71, le rapport est pratiquement 1; tandis que r_{13} est égal à .47 et r_{43} à .67 ce qui donne un rapport de 1.42

D'autre part les fonctions donnant le coefficient r_{ij} le plus important sont le couple (δ_1, δ_2) , et c'est ce même couple qui donne le c_{ij} le plus petit. Cette valeur faible de c_{12} est due à l'amplitude moins importante des fonctions δ_1 et δ_2 . Dans le calcul des r_{ij} l'amplitude des fonctions n'intervient pas. Considérons par exemple deux fonctions telles que $\delta_2(\theta) = a \cdot \delta_1(\theta)$; le coefficient correspondant r_{12} sera égal à \sqrt{a} quelle que soit l'amplitude du signal $\delta_1(\theta)$. Nous retrouvons le résultat dans l'exemple précédent où r_{14} est égal à $1/\sqrt{2}$ (a est égal à $1/2$).

Ce coefficient r_{ij} représentant la ressemblance entre deux fonctions de façon indépendante à leur amplitude sera l'élément de base à la détermination de classes de fonctions.

5.1.2. Détermination des sous-espaces

Soit un ensemble de paramètres p_i caractérisés par les fonctions $\delta_i(\theta)$, $i = 1, 2, \dots, N$

Nous pouvons calculer les $N(N-1)/2$ coefficients r_{ij} définis par la relation 5.1

Afin de simplifier l'algorithme de classement, introduisons un tableau T de dimension $(N(N-1)/2, 3)$ défini de la façon suivante

T_{k1} est l'un des r_{ij} $k = 1, 2, \dots, N(N-1)/2$

$\forall k \quad T_{k1} > T_{k+1,1} \quad : \text{les } r_{ij} \text{ sont classés par valeurs décroissantes.}$

si $T_{k1} = r_{ij}$ alors $T_{k2} = i$ et $T_{k3} = j$

Une ligne du tableau T donne la valeur d'un coefficient r_{ij} et les numéros des indices correspondants.

Si nous reprenons les résultats obtenus avec les quatre fonctions f_i définies précédemment (tableau T5.1), le tableau T s'écrit

$$T = \begin{array}{|c|c|c|c|} \hline & .73 & 1 & 2 \\ \hline & .72 & 2 & 3 \\ \hline & .71 & 2 & 4 \\ \hline & .707 & 1 & 4 \\ \hline & .67 & 3 & 4 \\ \hline & .47 & 1 & 3 \\ \hline \end{array}$$

5.1.2.1 Sous-espaces à deux dimensions

Soit un nombre α compris entre 0 et 1, et représentant une valeur seuil du coefficient r_{ij} . Si r_{ij} est supérieur ou égal à α , la ressemblance des deux fonctions est assez grande pour que les paramètres p_i et p_j soient dans la même classe. Au contraire si r_{ij} est inférieur à α , les paramètres p_i et p_j sont dans des sous-espaces différents.

La détermination des sous-espaces à deux dimensions est alors évidente. Pour une valeur de α fixée, nous relevons dans le tableau T tous les couples $(i, j) = (T_{k2}, T_{k3})$ tels que

$$r_{ij} = T_{k1} \geq \alpha$$

Chaque couple de paramètres p_i, p_j vérifiant $r_{ij} > \alpha$ formera un sous-espace à deux dimensions. Ces sous-espaces pourront être regroupés sous certaines conditions.

5.1.2.2. Concaténation des sous-espaces à deux dimensions

Soit trois paramètres p_i, p_j et p_k . Le sous espace basé sur ces trois paramètres ne pourra exister que si la première étape conduisant aux sous-espaces à deux dimensions a fait apparaître les trois classes (i,j) , (i,k) et (j,k) .

D'une façon plus générale, un sous-espace S_n de dimension n ne pourra apparaître que si tous les sous-espaces de dimension deux pouvant être générés à partir de S_n existent dans l'ensemble des sous-espaces de dimension deux.

Un regroupement des sous-espaces (p_i, p_j) est réalisable à condition de vérifier la contrainte ci-dessus.

Remarque 1:

Il est également envisageable de déterminer les sous-espaces en commençant par la dernière ligne du tableau T , c'est à dire en utilisant le principe d'exclusion. On sait que pour $\alpha = 0$ on obtient une seule classe contenant tous les paramètres. A la dernière ligne se trouvent deux paramètres p_i et p_j tels que $r_{ij} < \alpha$. En conséquence ils ne peuvent appartenir au même sous-espace, d'où la création de deux sous-espaces S^i et S^j comprenant tous les paramètres sauf p_i dans l'un et p_j dans l'autre.

En continuant à remonter le tableau, nous arrivons à la ligne l avec les sous-espaces

$$S^a, S^b, \dots, S^k$$

Il est dit à la ligne l que p_u et p_v ne peuvent appartenir à la même classe ($r_{uv} < \alpha$). Nous cherchons les sous-espaces contenant les paramètres p_u et p_v et les divisons en deux parties afin de séparer p_u et p_v . Puis nous vérifions si l'une des deux classes obtenues n'est pas incluse dans une classe déjà existante. Si c'est le cas nous la supprimons.

Mais que l'on procède par regroupement ou par décomposition nous arrivons au même résultat.

Remarque 2:

Ni le nombre de classes, ni le nombre de paramètres par classe n'est choisi a priori. Ceux-ci ne dépendent que de la valeur du coefficient de ressemblance minimum α .

5.1.3. Exemple particulier

Nous allons donner ci-dessous un exemple particulier justifiant la nécessité de prévoir la possibilité pour un paramètre d'appartenir à différentes classes.

Soit deux fonctions $f_1(\theta)$ et $f_2(\theta)$ positives sur l'intervalle étudié $[0, \infty[$

Considérons d'autre part une fonction $f_3(\theta)$ telle que

$$f_3(\theta) = f_1(\theta) + f_2(\theta) \quad \forall \theta \in [0, \infty[$$

Calculons les coefficients r_{13} et r_{23}

$$r_{13} = \frac{\int_0^{\infty} \min(f_1(\theta), f_2(\theta)) d\theta}{\left[\int_0^{\infty} f_1(\theta) d\theta \cdot \int_0^{\infty} f_3(\theta) d\theta \right]^{1/2}}$$

soit encore

$$r_{13} = \frac{\left(\int_0^{\infty} f_1(\theta) d\theta \right)^{1/2}}{\left(\int_0^{\infty} f_3(\theta) d\theta \right)^{1/2}}$$

Nous obtenons de la même façon

$$r_{23} = \frac{\left(\int_0^{\infty} f_2(\theta) d\theta \right)^{1/2}}{\left(\int_0^{\infty} f_3(\theta) d\theta \right)^{1/2}}$$

Si nous notons

$$\alpha = \frac{\int_0^{\infty} f_1(\theta) d\theta}{\int_0^{\infty} f_2(\theta) d\theta}$$

il vient

$$r_{13} = \left(\frac{a}{1+a} \right)^{1/2} \quad r_{23} = \left(\frac{1}{1+a} \right)^{1/2}$$

d'où

$$r_{13}^2 + r_{23}^2 = 1$$

Cette relation est vraie quelles que soient les fonctions b_1 et b_2 donc quel que soit le coefficient r_{12} .

Considérons le cas où r_{12} est nul ou trop faible pour que les paramètres p_1 et p_2 appartiennent à la même classe. Considérons d'autre part que les fonctions b_1 et b_2 telles que leur intégrale soit égale (i.e. $a=1$)

De telles hypothèses conduisent à

$$r_{13} = r_{23} = \sqrt{2}/2$$

Si le coefficient α est choisi inférieur à $\sqrt{2}/2$, les paramètres p_1 et p_3 appartiennent à la même classe, de même que les paramètres 2 et 3, alors que les paramètres 1 et 2 sont dans des classes séparées.

5.2. Application à l'identification

La décomposition de l'espace paramétrique en sous-espaces regroupant les différentes classes de paramètres sera obtenue en utilisant la méthode précédemment citée. Pour cela il faut définir la fonction $f_i(\theta)$ caractérisant le paramètre p_i . Il paraît naturel d'utiliser les fonctions de sensibilité des différents paramètres. En effet, la fonction de sensibilité $\sigma_i(t)$ d'un paramètre p_i représente, en fonction du temps, l'évolution de l'influence de la valeur numérique du paramètre sur la sortie du système à une entrée donnée. La comparaison de ces différentes influences permettra de savoir si deux paramètres agissent en même temps et de la même façon, donc de trouver une éventuelle dépendance.

En effet, si les fonctions de sensibilité de deux paramètres sont très voisines, il est possible que ces deux paramètres soient corrélés.

D'autre part, si deux fonctions f_i et f_j sont pratiquement proportionnelles et si f_i est en permanence mille fois (par exemple) plus importante que f_j , cela signifie que la sensibilité du paramètre p_i est mille fois plus importante que celle de p_j . Si l'on tente d'identifier en même temps ces deux paramètres, il y aura une imprecision très grande sur p_j : une évolution assez importante de p_j pourra être masquée, au niveau de la sortie, par une variation dix ou cent fois plus faible de p_i .

5.2.1. Application au modèle biologique

Le système biologique d'épuration des eaux a été modélisé sous la forme

$$R_1(t) = KX \left(1 - \exp\left(-b \left(S_0 - \int_0^t R_1(z) dz \right) \right) \right)$$

$$R_2(t) = C_s (KX - R_1(t)) \left(\beta \int_0^t R_1(z) dz - \int_0^t R_2(z) dz \right)$$

$$R(t) = R_1(t) + R_2(t)$$

La première étape consiste à calculer les fonctions de sensibilité de chacun des paramètres.

Notation

Les cinq paramètres à identifier sont :

$$KX, \quad b, \quad S_0, \quad C_s, \quad \beta$$

Les fonctions de sensibilité seront écrites σ_{p_i}

$$\sigma_{p_i}(t) = \frac{\partial R(t)}{\partial p_i} \quad 5.3$$

p_i étant l'un des cinq paramètres cités.

Les fonctions de sensibilité doivent vérifier un système d'équations qui, étant donné la forme du modèle sera assez complexe.

C'est pourquoi nous avons choisi de calculer les fonctions de sensibilité (donc le vecteur gradient) en faisant une approximation au premier ordre de la fonction dérivée. Nous avons écrit que

$$\frac{\partial R(t, p_i)}{\partial p_i} = \frac{R(t, p_i + \Delta p_i) - R(t, p_i)}{\Delta p_i} \quad 5.6$$

Pour que cette approximation soit valable il faut un Δp_i très petit. Mais dans la pratique, lors de la programmation, le choix d'un trop petit rendait la variation réelle de $R(t)$ du même ordre de grandeur que l'imprécision de calcul. Il semble qu'une variation relative de 1% donne des résultats corrects dans le calcul de la pseudo-dérivée.

Les courbes des figures 5.2 à 5.7 montrent l'évolution de la fonction $R(t)$ et les fonctions de sensibilité correspondantes.

Une étude de ces courbes fait apparaître que les amplitudes des sensibilités sont très différentes. Les valeurs maximales des fonctions sont données dans le tableau T5.2 ainsi que l'instant t_0 où le maximum est atteint.

	KX	b	S ₀	C _S	β
max(σ _i)	1.6	47500	.6	1160000	540
t ₀	80'	85'	90'	100'	110'

Tableau T5.2

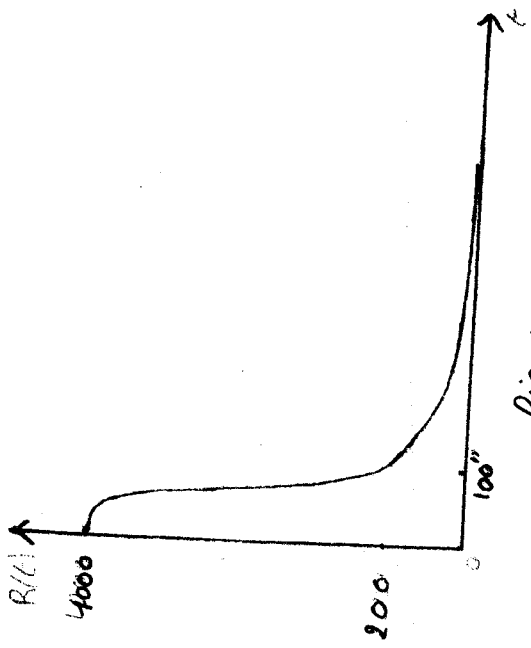


Figure 5.2

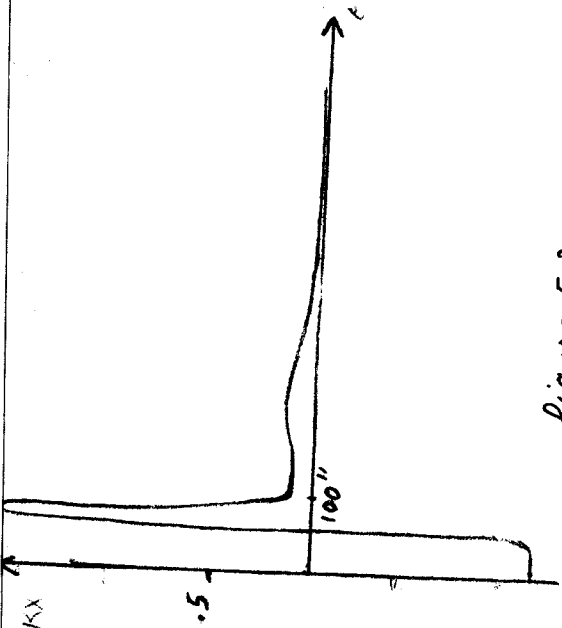


Figure 5.3

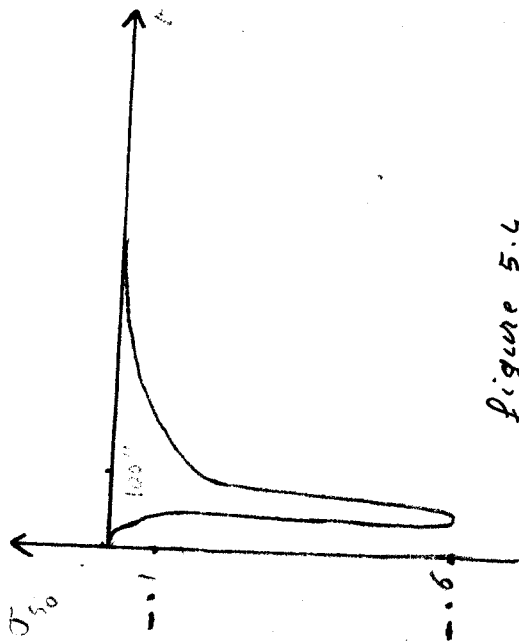


Figure 5.4

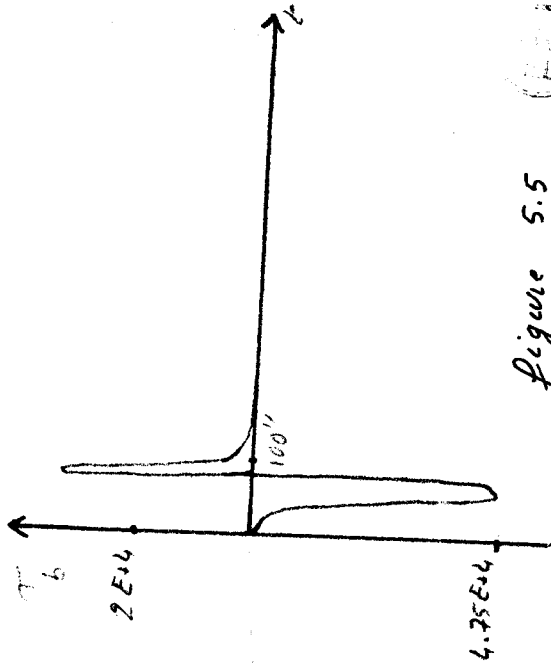


Figure 5.5



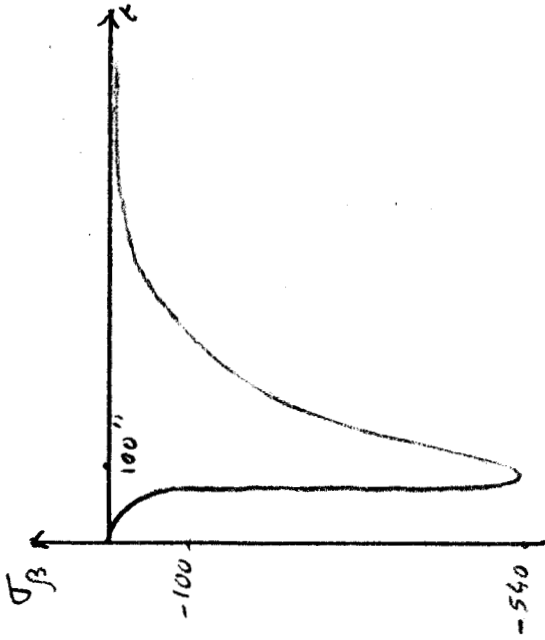


Figure 5.7

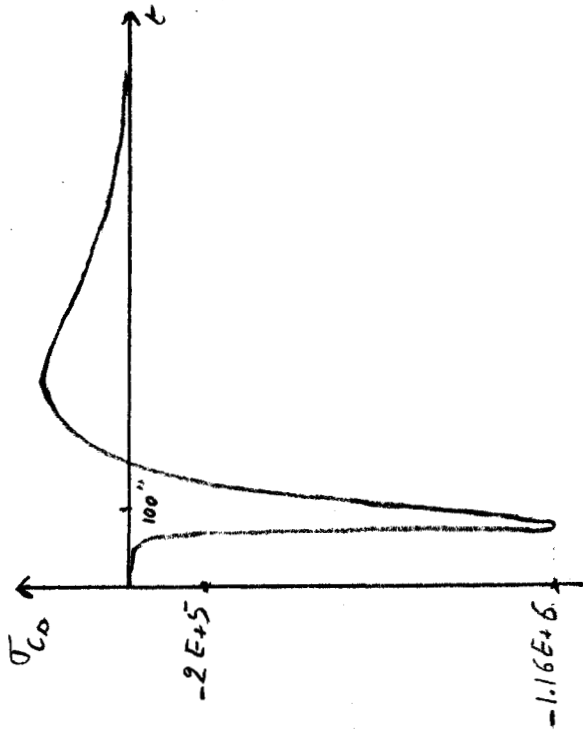


Figure 5.6

Il apparaît que les valeurs maximales sont atteintes à peu près au même instant, mais les amplitudes varient dans un rapport extrêmement important. Ceci confirme donc l'impression qui ressortait lors de l'identification par la gradient; la variation de la sortie due à une modification d'un paramètre pouvait être masquée par une variation infime d'un autre paramètre.

5.2.2. Détermination des sous-espaces

La mesure de la respiration $R(t)$ se fait en discret avec une période d'échantillonnage de 2 secondes. Le nombre d'échantillons est de l'ordre de 350. La réponse du modèle ainsi que les fonctions de sensibilité ont été calculées avec la même période d'échantillonnage.

La relation 5.1 définissant le coefficient de ressemblance devient, en échantillonné

$$r_{ij} = \frac{\sum_{R=1}^N \min(f_i(R), f_j(R))}{\left(\sum_R f_i(R) \cdot \sum_R f_j(R) \right)^{1/2}} \quad 5.7$$

La matrice C des coefficients de ressemblance r_{ij} obtenue avec la fonction respiration représentée à la figure 5.2 est la suivante

$$C = \begin{vmatrix} 1 & .0075 & .48 & .0009 & .028 \\ .0075 & 1 & .004 & .12 & .19 \\ .48 & .004 & 1 & .0005 & .021 \\ .0009 & .12 & .0005 & 1 & .024 \\ .028 & .19 & .021 & .024 & 1 \end{vmatrix} \quad 5.8$$

Les coefficients r_{ij} ont été calculés à partir de la relation 5.7 dans laquelle la fonction $f_i(k)$ a été prise égale à la valeur absolue de la fonction de sensibilité

En fonction de la valeur choisie pour α les différentes classes obtenues sont données dans le tableau T5.3

	nombre de classes	classes
0	1	(1 2 3 4 5)
.0005	2	(1 2 3 5) (1 2 4 5)
.0009	2	(1 2 3 5) (2 4 5)
.004	3	(1 2 5) (1 3 5) (2 4 5)
.0075	2	(1 3 5) (2 4 5)
.021	3	(1 3) (1 5) (2 4 5)
.024	4	(1 3) (1 5) (2 4) (2 5)
.028	3	(1 3) (2 4) (2 5)
.12	3	(1 3) (2 5) (4)
.19	4	(1 3) (2) (4) (5)
.48	5	(1) (2) (3) (4) (5)
1		



Tableau T5.3

Les numéros notés dans les classes correspondent aux paramètres de la façon suivante:

$$1 = KX \quad 2 = b \quad 3 = S_0 \quad 4 = C_\delta \quad 5 = \beta$$

Dans l'exemple considéré, si α est supérieur à .48 chaque paramètre forme sa propre classe, et les paramètres ne seront regroupés en une seule classe que si α est choisi inférieur à .0005. Entre ces deux valeurs extrêmes le nombre de classes varie de 2 à 4 sans loi logique apparente.

5.2.3. Algorithme d'identification

La raison ayant engendré la recherche d'une décomposition en sous-espaces de l'espace paramétrique était le problème posé par l'identification de certains systèmes non-linéaires et pour lesquels l'identification par une méthode globale du type gradient ne convergerait pas toujours à cause d'une importante disproportion entre les différentes fonctions de sensibilité, et l'identification par une recherche cyclique monodimensionnelle pouvait être très délicate à cause d'une dépendance entre eux de certains paramètres.

La méthodologie de la détermination des sous-espaces est basée sur ces problèmes et conduit à regrouper les paramètres présentant une certaine dépendance, et à séparer en sous-espaces différents les groupes de paramètres ainsi obtenus.

L'algorithme d'identification en découle tout naturellement. Il conviendra de procéder à l'identification en travaillant sur un sous-espace après l'autre; dans chacun des sous-espaces une méthode globale sera utilisée.

Dans l'exemple présenté de l'épuration des eaux, la méthode globale utilisée a été celle de Gauss-Newton.

5.2.4. Résultats

Un grand nombre de tests ont été effectués pour différentes valeurs du coefficient α de ressemblance minimum déterminant le nombre de classes, de λ coefficient de pondération du gradient, de la valeur initiale des paramètres.

Les valeurs réelles des paramètres sont

$$(K_X, S_0, b, C_s, \beta) = (1000, 3400, 3,4 \cdot 10^{-3}, 2 \cdot 10^{-4}, 0.5)$$



itération	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
valeur du critère	.344E+1	.502E00	.321E00	.212E00	.141E00	.924E-1	.598E-1	.381E-1	.240E-1	.148E-1	.906E-2
	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
	.545E-2	.324E-2	.190E-2	.110E-2	.634E-3	.359E-3	.201E-3	.111E-3	.607E-4	.327E-4	.173E-4

Tableau T5.4.a évolution de la valeur du critère en fonction du nombre d'itérations

	KX	S ₀	b	C _Δ	β
paramètres réels	1000	3400	3.4E-3	2.0E-4	.5
condition initiale	1000	2900	3.0E-3	2.0E-4	.4
après 21 itérations	1000.0007	3400.001	3.39997E-3	1.999999E-4	.5000016

Tableau T5.4.b convergence des paramètres

Une première partie des tests a été effectuée avec une initialisation des paramètres aux valeurs suivantes

$$(1000, 2900, 3 \cdot 10^{-3}, 2 \cdot 10^{-4}, 0.4)$$

ce qui place le vecteur paramètre initial assez proche de sa valeur réelle.

Pour un coefficient λ très faible les résultats obtenus sont représentés par les courbes de la figure 5.8 Sur cette figure est comparée l'évolution de la distance résiduelle en fonction du nombre d'itérations lorsque sont utilisées les méthodes du gradient, axe par axe, et par sous-espaces. Il est évident que, dans ce cas, la méthode par décomposition en sous-espaces est de loin la plus efficace.

Pour une valeur de λ cent fois plus importante ($\lambda = .1$), l'identification par la méthode du gradient n'est plus permise. Le paramètre b prend très vite une valeur négative qui entraîne la divergence de l'algorithme.

Les courbes de la figure 5.9 permettent la comparaison du gradient et d'une décomposition en sous-espaces pour des valeurs de λ proche de leur optimum dans les deux cas. Ces courbes montrent que là encore la décomposition en sous-espaces est plus efficace. Le tableau T5.4 donne une idée de la vitesse de convergence de l'algorithme lorsque la décomposition en sous espaces est la suivante

$$(KX \ S_0) \quad (b \ \beta) \quad (C_s)$$

Lorsque l'on garde le coefficient de pondération du gradient égal à .05 dans tous les cas de figure on obtient les résultats regroupés dans les tableaux T5.5, T5.6 et T5.7

Une analyse de ces résultats montre que dans ces conditions (optimales pour le gradient et non pour les autres méthodes), l'identification par le gradient donne les meilleurs résultats.

La seconde partie des tests est basée sur l'hypothèse de la non connaissance des valeurs réelles des paramètres. La condition initiale du vecteur paramètre a été prise égale à zéro. Les courbes de la figure 5.10 permettent la comparaison des résultats obtenus avec différents sous-espaces et pour diverses valeur de λ .

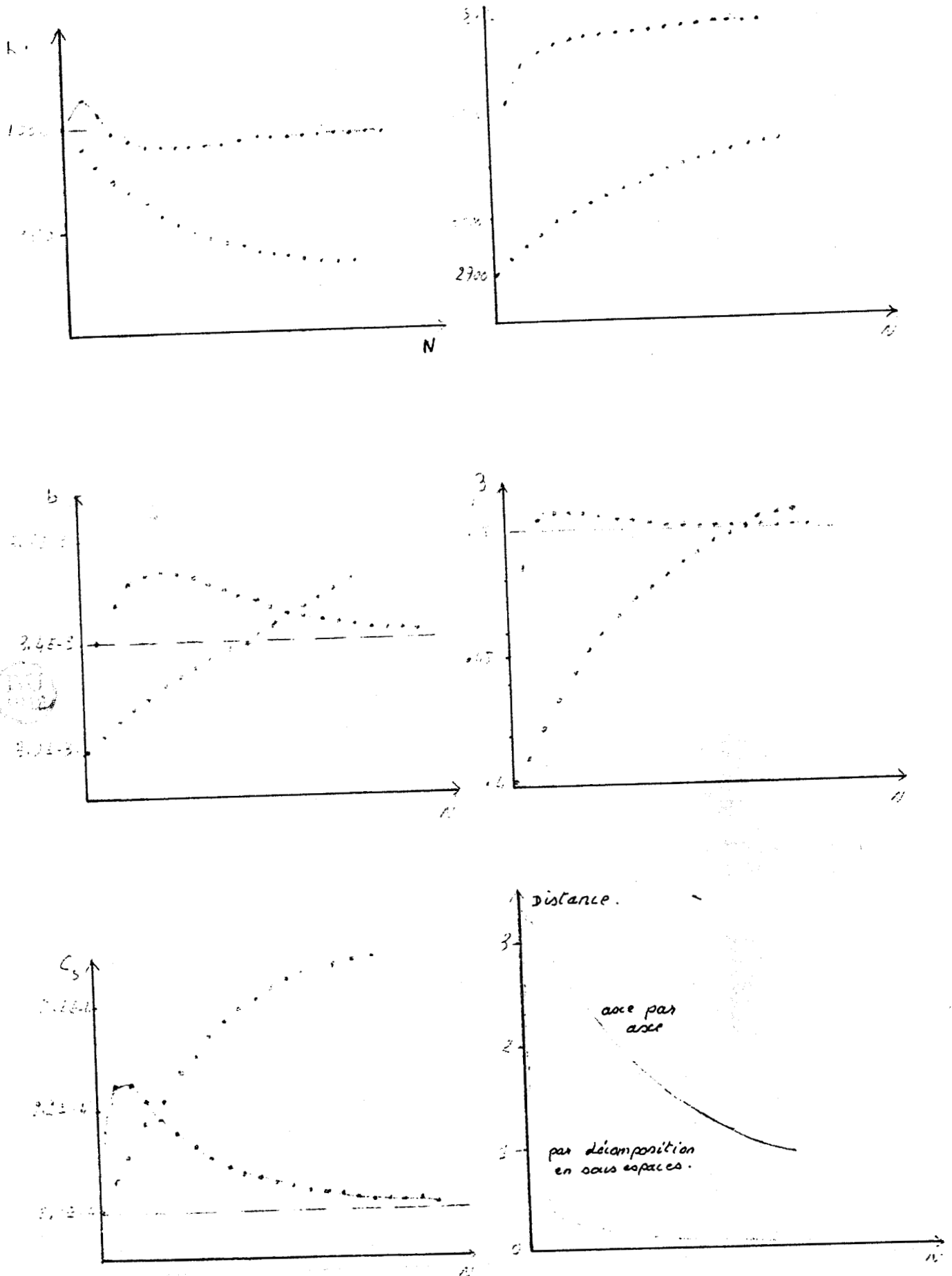


Figure 5.8. Comparaison des méthodes - axe par axe ...
par sous-espaces

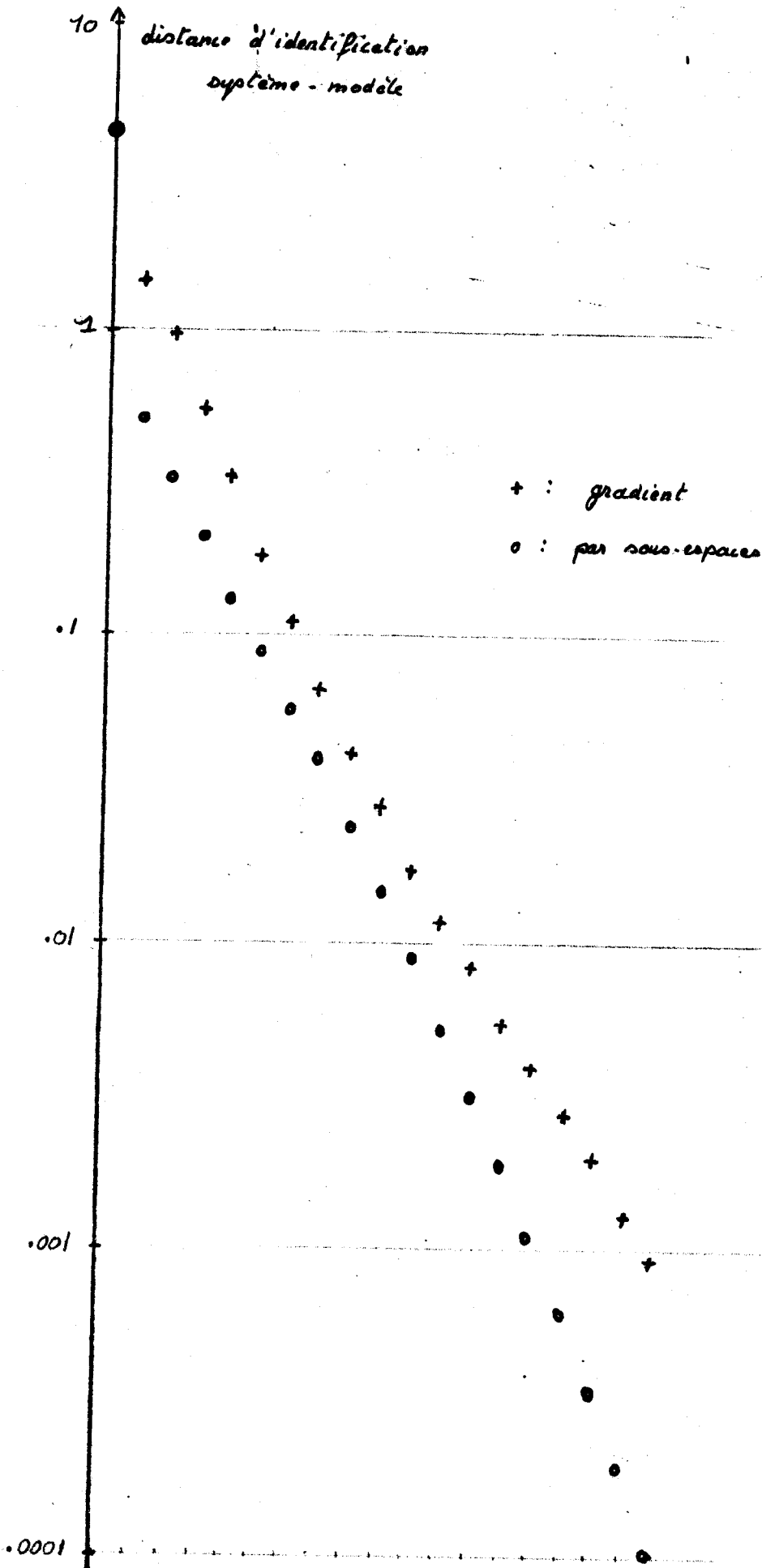


figure 5.9. Evolution de la distance avec les iterations.

Dans les tableaux T5.5 , T5.6 ,T5.7 les notations suivantes ont été adoptées :

cycles élémentaires C E : calcul du minimum dans un sous-espace

macrocycle MC : calcul du minimum après balayage de tous les sous espaces

erreur ϵ : distance système-modèle

N : numéro de l'ensemble des sous-espaces pour α croissant

N = 1 (1,2,3,4,5)

N = 11 (1), (2),(3),(4),(5) cf tableau T5.3

N	C E	M C	ϵ
1	20	20	4.23E-4
2	28	14	6.40E-4
3	26	13	5.26E-4
4	42	14	1.06E-2
5	34	17	5.66E-3
6	45	15	3.86E-2
7	72	18	3.24E-2
8	45	15	5.10E-2
9	66	22	1.65E-2
10	64	16	4.87E-2
11	65	13	1.12E-1

Tableau T5.5

N	1	2	5	10	13
1	1.6181	.9830	.1858	.0179	.0056
2	1.0377	.2990	.0289	.0031	.0009
3	1.0617	.3153	.0380	.0024	.0005
4	.7548	.2792	.1038	.0293	.0140
5	1.1228	.3542	.0742	.0228	.0131
6	.7553	.3182	.1606	.0777	.0509
7	.6599	.4133	.2531	.1173	.0732
8	.9275	.4464	.2431	.1094	.0691
9	.9296	.3789	.1699	.0832	.0560
10	.9799	.5093	.2307	.1016	.0698
11	1.0554	.6389	.2896	.1527	.1118



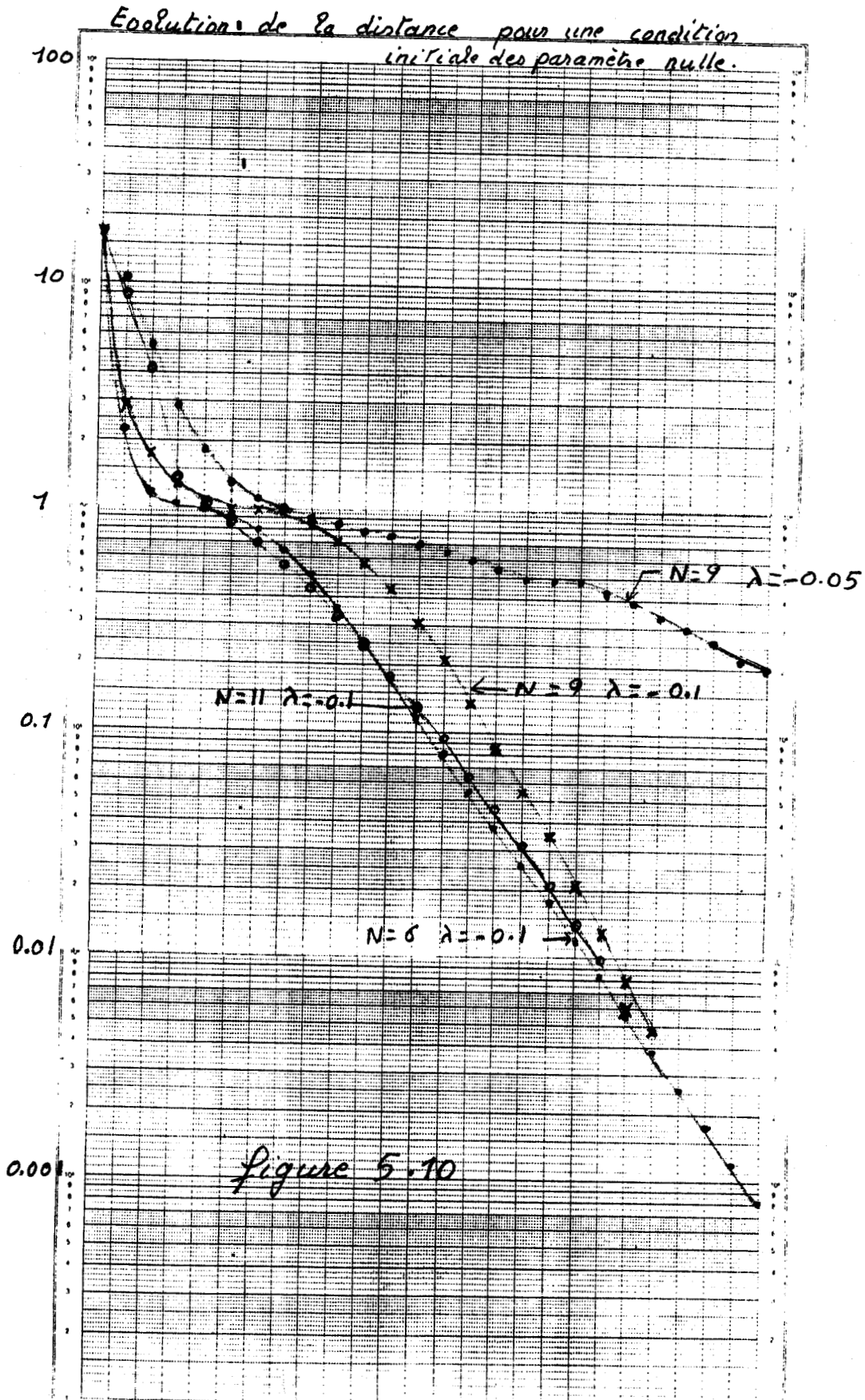
Tableau T5.6 : ξ résiduel après n macrocycles

N	1	5	10	20	M C	nb nouveaux espaces
1	1.6181	.1858	.0179	.0004	8	1
2	1.6770	.1767	.0289	.0179	4	2
3	1.6770	.1881	.0380	.0024	4	2
4	1.7339	.2996	.1475	.0642	8	3
5	1.7339	.1926	.0742	.0228	7	2
6	1.7404	.3342	.2020	.1197	13	3
7	1.7404	.4586	.3481	.2532	15	4
8	1.7404	.5218	.3328	.1756	15	3
9	1.7404	.3790	.2219	.1332	14	3
10	1.7404	.6168	.4129	.2306	15	4
11	3.1934	1.0554	.6389	.3534		5

ξ après n fois C E

$E < 5 \cdot 10^{-2}$

Tableau T5.7



La méthode du gradient n'y apparaît pas car elle diverge dès la première itération.

5.3. Conclusion

La comparaison de l'identification par le gradient global et le gradient par sous-espaces montre, une fois de plus, que dans le domaine du non-linéaire il n'existe pas de méthode d'identification optimale. En effet suivant le cas de figure considéré la méthode la plus rapide sera celle-ci ou celle-là sans que rien a priori ne puisse le laisser prévoir.

Si la méthode proposée nécessite parfois un temps de calcul plus important que pour le gradient, elle a néanmoins l'avantage de converger de façon certaine, même avec un vecteur paramètre initial égal à zéro.

Une conséquence secondaire intéressante est sa retombée dans un domaine différent de l'identification qui est le classement en sous-espaces d'un ensemble de paramètres. Cette méthode de décomposition ne nécessite ni la connaissance du nombre de classes, ni le choix d'un nombre maximum de paramètres par classe. Une autre particularité de la méthode est la possibilité de non-disjonction des différents sous-espaces.

CHAPITRE VI

SUR LES METHODES DE REGULATION

La raison fondamentale de l'étude d'un processus industriel n'est autre que l'espoir d'une amélioration de sa rentabilité. Il est vain de croire qu'un système de régulation bien adapté - pour ne pas dire optimal - pourra être obtenu si l'on ne passe pas par l'une des deux étapes précédemment décrites. La modélisation permettra de donner une représentation mathématique du déroulement des opérations et de la dynamique interne du processus. L'étape d'identification donnera les valeurs numériques des paramètres internes du système. Elle pourra se faire en temps différentiel si le processus est stationnaire ou considéré comme tel, ou en temps réel lorsque les paramètres évoluent en fonction du temps ou du point de fonctionnement.

Ces deux étapes nécessaires ayant été franchies, il est alors possible de s'attaquer au problème de base qui est la régulation et dans la mesure du possible déterminer un algorithme de commande optimale en fonction d'un critère fourni par le cahier des charges.

La méthode de régulation-commande la plus simple et la plus intuitive est basée sur la comparaison de la consigne avec la valeur réelle en sortie.

6.1. Régulation en boucle fermée

La méthode de régulation naturelle en boucle fermée est fondée sur le principe de la contre-réaction. La sortie du système est comparée à la valeur de consigne et cet écart détermine la commande à appliquer au processus. Elle est représentée de façon classique par le schéma de la figure 6.1.

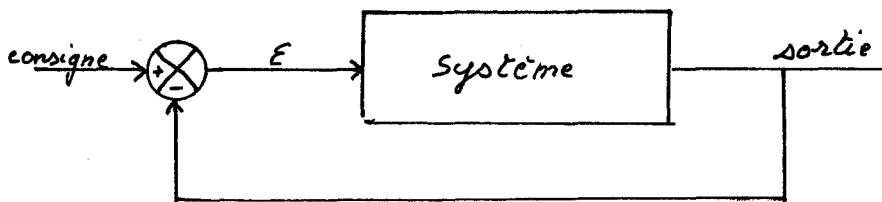


Figure 6.1. Schéma élémentaire de boucle fermée

Un système de régulation aussi simple ne permettra pas une commande optimale, mais il est à la base de tout automatisme et système de régulation. La première modification qui puisse être apportée à ce schéma est l'introduction d'une fonction entre le détecteur d'écart et le système. Le plus classique est le régulateur P.I.D. dont le but et l'effet sont doubles: le gain intégral supprime - en règle générale - toute erreur de position, quant au facteur dérivé il évite et corrige toutes les tendances du système.

L'évolution actuelle de l'informatique dont la conséquence première est le remplacement de l'analogique par le numérique, fait que le régulateur P.I.D. est le plus souvent remplacé par un régulateur P.I.R. dans les études nouvelles. Le correcteur dérivé est remplacé par un retard dont l'effet sur la régulation du système est similaire.

Le schéma de base de la figure 6.1. modifié dans la chaîne d'action devient alors (figure 6.2.)

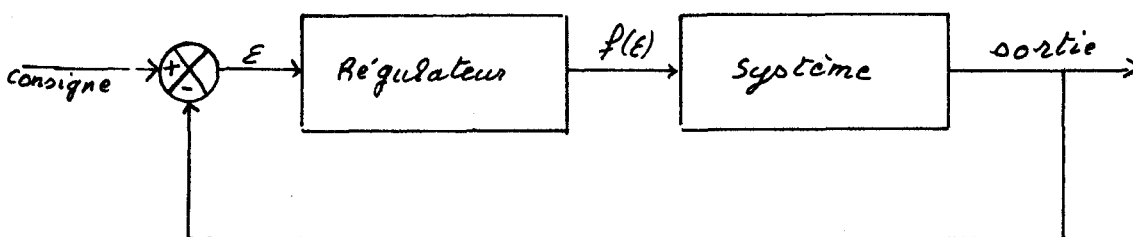


Figure 6.2

Un autre type de schéma très souvent rencontré fait apparaître un bloc dans la boucle de contre réaction. Le plus classique est le retour tachymétrique dans une régulation de position.

L'association des deux correcteurs donne le schéma de la figure 6.3.

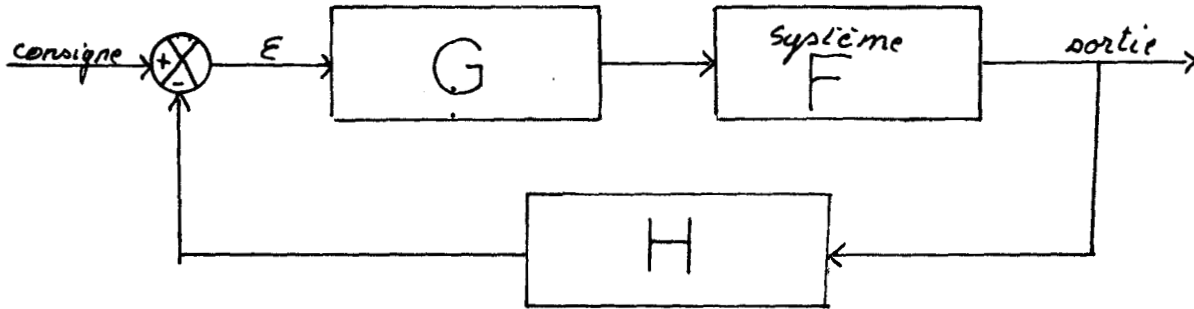


Figure 6.3.

Si les trois fonctions F , G , H sont linéaires, l'écriture en Laplace donne la fonction de transfert globale

$$\frac{S}{E} = \frac{F.G}{1 + F.G.H}$$

Pour une fonction donnée $F(p)$, un choix judicieux des fonctions $G(p)$ et $H(p)$ permet d'obtenir la fonction de transfert globale désirée.

Toutes ces remarques sont purement théoriques et ne sont applicables que dans le cas simple de systèmes linéaires. Lorsqu'il existe une non-linéarité il est théoriquement possible de la supprimer en introduisant dans la fonction G la non-linéarité inverse (de telle sorte que le produit des deux fasse 1); mais encore faut-il que la non-linéarité soit séparable.

Dans tous ces systèmes de régulation l'hypothèse de base évidente est que la sortie du processus à réguler soit mesurable, ce qui, à priori, est une condition toujours remplie. Il existe pourtant des systèmes pour lesquels cette mesurabilité n'existe pas; tout au moins la mesurabilité dans le sens que nous lui avons donné au chapitre 1.

Le système d'épuration des eaux que nous avons étudié en est un exemple. La sortie à réguler est la D.B.O. résiduelle. Or une mesure correcte de la D.B.O. nécessite un retard de cinq jours minimum ce qui, de toute évidence, est inutilisable dans un système de régulation.

Se trouver en présence d'un tel processus est assez peu courant et la méthode de régulation ne paraît pas évidente de prime abord.

6.2. La sortie n'est pas mesurable

Lorsque la sortie n'est pas mesurable, il n'est pas possible d'envisager une régulation classique en boucle fermée. Il existe alors deux possibilités.

- une commande en boucle ouverte
- une régulation en 'pseudo boucle fermée' par une simulation du système permettant d'estimer la sortie et, de ce fait, réguler les entrées commandables afin d'optimiser le fonctionnement. Une telle méthode peut être assez dangereuse et donner des résultats bien plus mauvais qu'une simple commande en boucle ouverte si la simulation du système donne des résultats faux, c'est à dire si le modèle utilisé ne reflète pas toutes les particularités du système. La figure 6.4. montre un type de schéma correspondant à cette façon de procéder.

C'est cette méthode de régulation que nous proposons pour le système étudié.

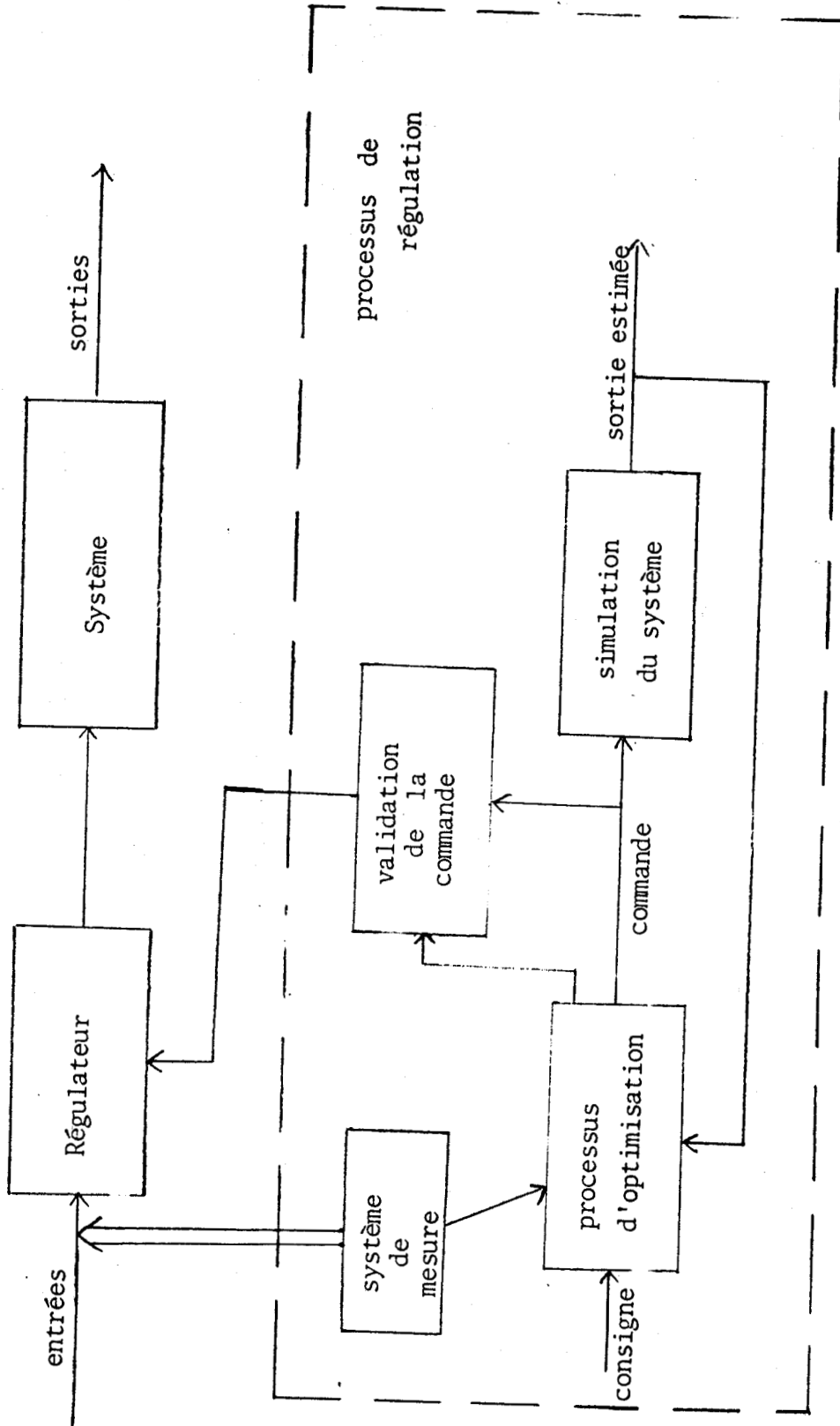


FIGURE 64

Système de régulation lorsque la sortie n'est pas mesurable



6. 3. La régulation

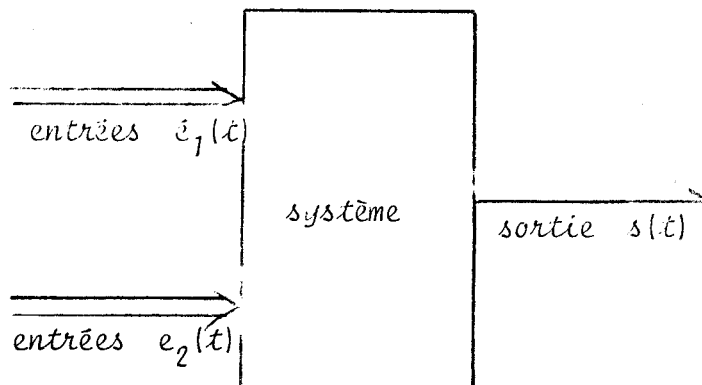
Le processus d'épuration des eaux comporte, outre la non mesurabilité de la sortie, certaines particularités qui sont :

* deux types d'entrées

- i - les entrées commandables (les débits)
- ii - les entrées non commandables
 - concentration et activité des micro-organismes dans les boues de retour
 - concentration et biodégradabilité de la pollution incidente. Celle-ci peut malgré tout être limitée par un traitement physico chimique dans la décanteur primaire.

** un retard important entre une action sur l'entrée et sa conséquence sur la sortie.

Dans un but de généralisation, nous avons étudié des possibilités de régulation de systèmes répondant au schéma de la figure 6.5



$e_1(t)$: entrées non commandables

$e_2(t)$: entrées commandables

$$s(t) = \int (e_1(t-\theta) , e_2(\tau) \tau \in [t-\theta, t])$$

figure 6.5

La sortie à l'instant t est fonction de la valeur des entrées non commandables à l'instant $t-\theta$ et de l'évolution des entrées commandables entre les instants $t-\theta$ et t .

Le retard θ sera soit une constante connue, soit une fonction des entrées. Nous allons proposer trois méthodes de commande possibles et allons les comparer en fonction de leur efficacité et de la complexité de leur mise en place.

6.3.1. Les méthodes de régulation

Les trois méthodes proposées sont les suivantes:

1) L'entrée commandable e_2 est calculée à l'instant T en fonction de l'entrée non commandable e_1 . C'est la régulation en fonction de l'entrée : R F E

A l'instant T on mesure l'entrée $e_1(T)$ et la valeur numérique des paramètres correspondants à cette entrée est calculée. Ces données nous permettent d'estimer l'évolution future de cette entrée dans le système, et ce, en fonction de l'entrée commandable $e_2(t)$. Il est alors possible d'estimer la valeur de la sortie à l'instant $T+\theta$. Si l'on considère que l'entrée $e_1(t)$ restera constante pendant l'intervalle de temps $T, T+\theta$, il en sera de même pour $e_2(t)$. L'estimation de la sortie $S(T+\theta)$ est fonction de l'entrée $e_2(t)$ qu'il est aisé de calculer afin que $S(T+\theta)$ soit égale à sa valeur souhaitée.

2) Soit ΔT la période d'échantillonnage. L'entrée $e_2(T)$ est calculée de façon telle que la sortie à l'instant $T+\Delta T$ ait sa valeur optimale. C'est la régulation en fonction de la sortie : R F S

Il est nécessaire de retrouver les conditions d'entrées $e_1(T+\Delta T-\theta)$ de ce qui se trouvera en sortie à l'instant $T+\Delta T$. Cette connaissance va permettre de déterminer la valeur de l'entrée commandable $e_2(T)$ pour que la sortie $S(T+\Delta T)$ soit égale à S_{opt} .

3) Dans la méthode de régulation en fonction de l'état interne R F E I , le calcul de l'entrée de l'entrée $e_2(T)$ tient compte de l'état interne du processus. Cette méthode est issue de la méthode R F S . On va calculer n valeurs de l'entrée $e_2(T)$ de telle sorte que chacune des valeurs $S(T+k\Delta T)$ $k=1,2,\dots,n$ soit égale à S_{opt} . La valeur que l'on prendra pour $e_2(T)$ sera une somme pondérée de ces n valeurs.

6.3.1.1. Méthode R F E

Cette première méthode est la plus simple. A l'instant T nous devons calculer la valeur de l'entrée commandable $e_2(T)$ à partir de la mesure de $e_1(T)$. La sortie à l'instant $T+\theta$ sera

$$S(T+\theta) = f(e_1(T), e_2(t) \quad t \in [T, T+\theta]) \quad 6.1$$

Nous considérerons que l'entrée $e_2(t)$ restera constante pendant l'intervalle de temps $[T, T+\theta]$

Cette hypothèse simplifie l'équation 6.1 qui devient

$$S(T+\theta) = f(e_1(T), e_2(T)) \quad 6.2$$

Si S_{opt} est la valeur optimale de la sortie et g la fonction inverse de f par rapport à e_2 il vient

$$e_2(T) = g(e_1(T), S_{opt}) \quad 6.3$$

Il est certain que l'hypothèse $e_2(t)$ constante ne sera pas vérifiée sauf si $e_1(t)$ reste constante. En conséquence, il est peu probable que la sortie $S(t)$ conserve sa valeur présumée S_{opt} ; il serait de ce fait abusif d'appeler cette méthode, une méthode de régulation optimale.

6.3.1.2. Méthode RFS

Afin de préserver de façon certaine sa valeur optimale à la sortie, il suffit de penser autrement et de calculer l'entrée non plus en fonction de e_1 mais en fonction de ce qui va sortir un temps ΔT plus tard.

$$S(T+\Delta T) = f(e_1(T+\Delta T-\theta) , e_2(t) \ t \in [T+\Delta T-\theta, T[, e_2(T)) \quad 6.4$$

L'entrée $e_2(t)$ étant maintenue constante entre deux périodes d'échantillonnage.

Pour que $S(T+\Delta T)$ soit égal à S_{opt} , l'inversion de l'équation (6.4) donne

$$e_2(T) = g(e_1(T+\Delta T-\theta) , e_2(t) \ t \in [T+\Delta T-\theta, T[, S_{opt}) \quad 6.5$$

Puisque nous nous trouvons à l'instant T , tous les éléments apparaissant dans l'équation (6.5) sont connus puisqu'ils se réfèrent au passé.

L'utilisation d'une telle méthode implique la valeur optimale de la sortie.

Mais il peut apparaître un inconvénient au niveau de l'entrée commandable ; en effet, pour une petite variation de l'entrée une réaction trop tardive peut avoir pour conséquence des oscillations très importantes au niveau de la commande.

6.3.1.3. Méthode RFEI

Dans ce cas, l'entrée commandable $e_2(T)$ est calculée en fonction de l'état interne du système de façon à réduire les oscillations. Pour tenir compte de l'état interne, nous proposons de calculer dans un premier temps un ensemble de valeurs $e_2(T,k)$ telle que la sortie aux instants $T+k$ soit égale à S_{opt} $k=1,2,\dots$.
D'après (6.5.) il vient

$$e_2(T,k) = g(e_1(T+k\Delta T - \theta) , e_2(t) \text{ te} [T+k\Delta T - \theta , T[, S_{opt}) \quad 6.6$$

Soit une suite α_R décroissante en fonction de k

La valeur de la commande $e_2(T)$ est définie par la relation (6.7.)

$$e_2(T) = \left(\sum_{R=1}^N \alpha_R e_2(T,k) \right) / \left(\sum_{R=1}^N \alpha_R \right) \quad 6.7$$

Cette façon de procéder permet de tenir compte des évolutions futures et a, de ce fait, un effet prédictif dont la conséquence devrait être une disparition des oscillations. (filtrage numérique). Ce filtrage dépend de la suite α_R choisie.

6.3.2. Exemple d'application

Dans un premier temps, les trois méthodes seront testées sur un système simple pour lequel le retard Θ sera une constante. Le processus considéré est une simplification d'un système de chauffage par l'insufflation d'air chaud en sens inverse de celui d'avance du produit à chauffer (type séchage ou autre).

Soit T la température de l'air
 t la température du produit P
 L la longueur du four

En considérant que l'on se trouve en état stable, il est possible de calculer les températures de sorties à partir des températures d'entrée.

$$T_0 = T_L - A (T_L - t_0)$$

6.8

$$t_L = t_0 + A' (T_L - t_0)$$

L'indice '0' correspond à la position d'entrée du produit, l'indice 'L' à sa position de sortie (position d'entrée de l'air chaud). A et A' sont des constantes faisant intervenir l'échange de chaleur air-produit (constantes thermiques).

Le retard Θ entre l'instant d'entrée de P et sa sortie dépend de la longueur L du four et de la vitesse d'écoulement du produit.

6.3.2.1. Les entrées sorties

La température d'entrée du produit t_0 est mesurable mais non commandable. L'entrée commandable est T_L la température d'entrée de l'air chaud. La sortie à réguler est la température du produit qui doit rester à sa valeur optimale t_L .

Dans le système considéré, les températures d'entrée ne restent pas constantes, donc les équations (6.8) ne peuvent pas être utilisées pour une représentation du système complet.

Il est par contre possible de diviser la longueur en N parties égales de telle sorte que dans chacune d'elle, on puisse considérer le système (6.8) comme vérifié.

Soit l'un de ces intervalles repéré par ses positions d'entrée et de sortie k et $k+1$. Si ΔT est le temps de transfert du produit entre k et $k+1$, le calcul des diverses températures donne (6.9)

$$T_k(\theta) = T_{k+1}(\theta) - A (T_{k+1}(\theta-1) - t_k(\theta-1)) \quad 6.9$$

$$t_{k+1}(\theta) = t_k(\theta-1) + A' (T_{k+1}(\theta-1) - t_k(\theta-1))$$

Cette hypothèse a été utilisée pour la simulation et le test des méthodes de régulation.

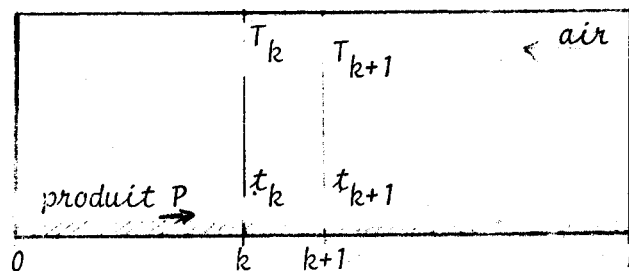


figure 6.6

$t_{k+1}(\theta)$ est la température à l'instant θ de P se trouvant à la position $(k+1)$. Ce volume de produit se trouvait à la position k à l'instant $\theta-1$ et avait la température $t_k(\theta-1)$

Au même instant θ , l'air à la position k possède la température $T_k(\theta)$. Il a échangé de la chaleur avec le produit qu'il vient de croiser et était à la température $T_{k+1}(\theta-1)$.

6.3.2.2. La régulation

L'entrée non commandable t_0 a été choisie égale à 20° auquel s'ajoute un nombre aléatoire compris entre -5 et $+5$.

La valeur optimable de la sortie t_{opt} est égale à 40°

Pour la méthode RFS des oscillations d'amplitude beaucoup trop importante de l'entrée commandable T_L nous ont obligé à y adjoindre des contraintes limitant en amplitude T_L entre 40 et 120°

Enfin, la suite des poids α_R dans la dernière méthode RFEI a été choisie en exponentielle décroissante.

$$\alpha_R = \exp(-0.05 R)$$

Les résultats obtenus sont représentés par les courbes des figures 6.8 (RFE), 6.9 (RFS) et 6.10 (RFEI). Une première remarque évidente est que la méthode RFS donne des résultats médiocres dès que des contraintes sur l'entrée sont imposées. Il semble que les méthodes RFE et RFEI donnent des résultats équivalents. Le tableau 6.7 permet une comparaison différente des diverses méthodes en donnant la valeur moyenne MV et l'écart type E des entrées-sorties. Au niveau de la sortie t_L les résultats sont équivalents pour RFE et RFEI. Il n'en est pas de même pour l'entrée régulée T_L . L'écart type vaut 7.6 avec RFE et seulement 2.4 avec RFEI. On retrouve l'effet de filtrage des α_R donnés par (6.10) qui est un filtre du type premier ordre.

Un dernier point de comparaison défavorable cette fois à la troisième méthode est le temps de calcul nécessaire à l'obtention de la valeur de la commande. En fortran sur calculateur T1600 si ce temps de calcul est de 8 secondes pour la méthode RFE, il passe à 40 secondes avec R.F.E.I.

TABLEAU 6.7

	t_0		T_L		t_L	
	MV	E	MV	E	MV	E
RFE	19.95	14	87.65	7.6	40.02	6
RFS	20.08	12	90	55	40.45	25
RFEI	20.04	13	87.5	2.4	40.00	1.2

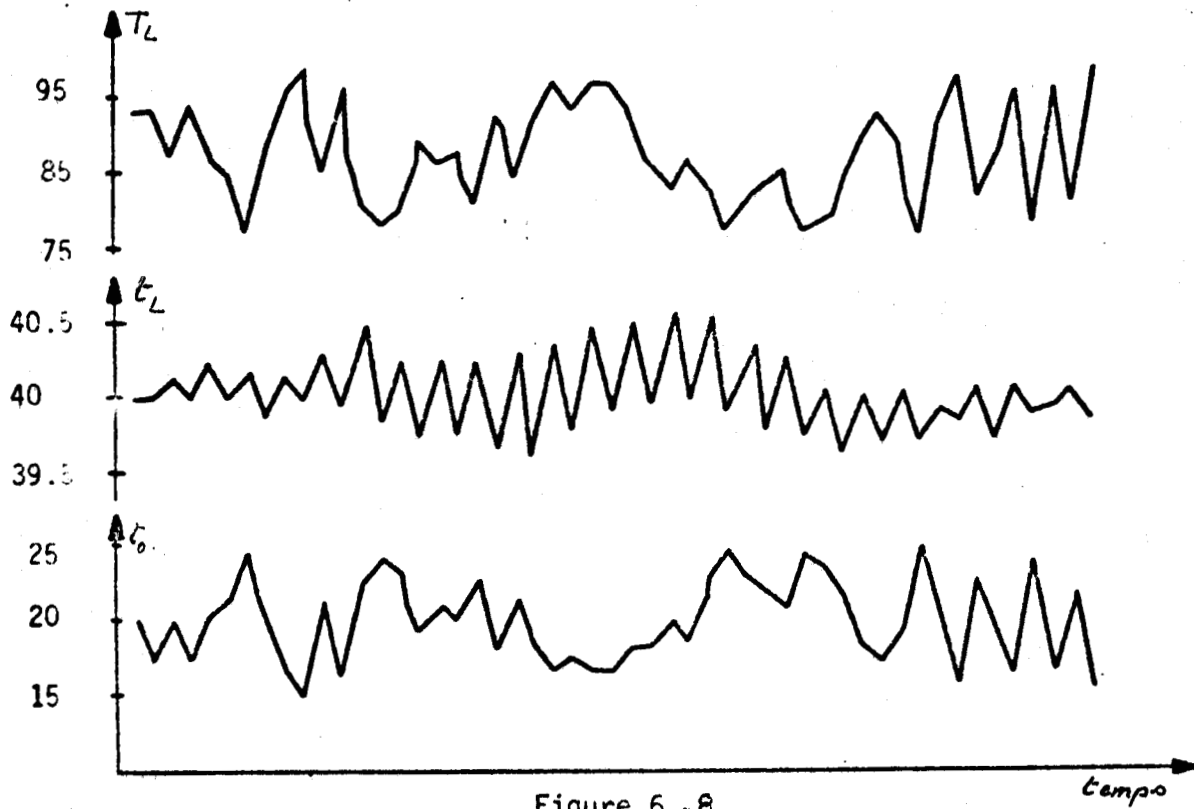


Figure 6.8
méthode R.F.E

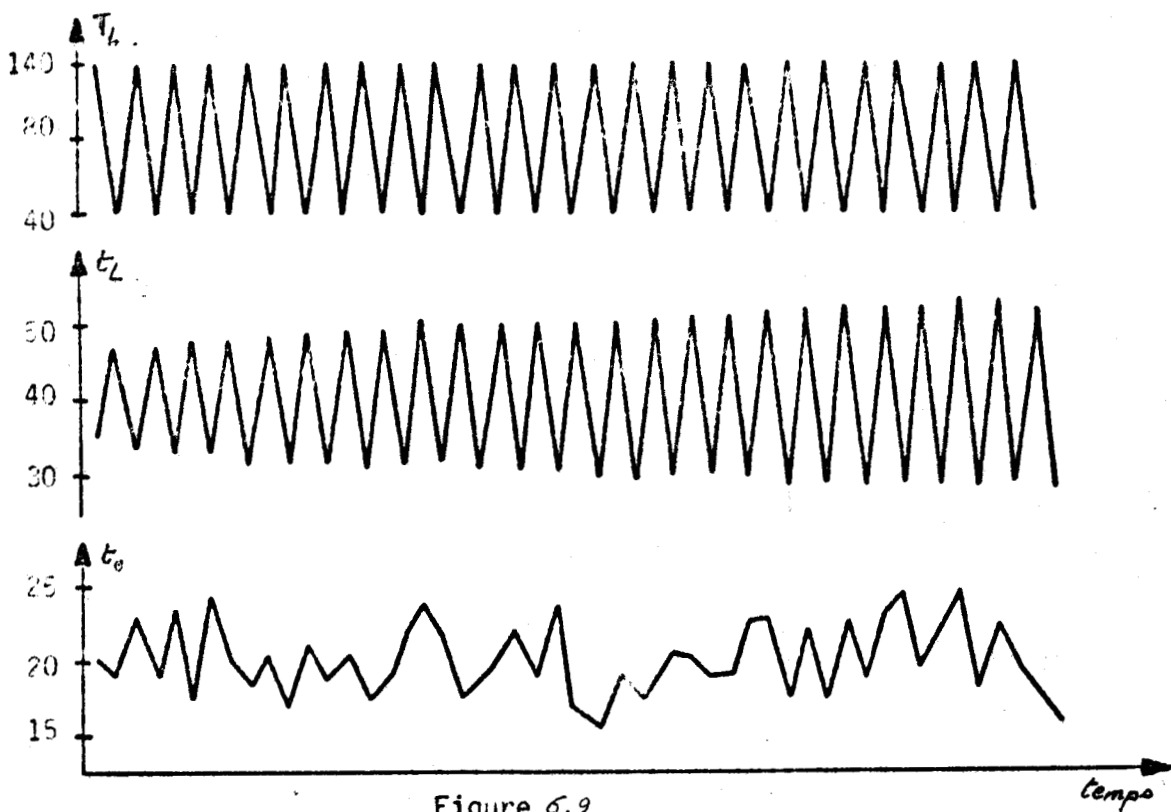


Figure 6.9
méthode R.F.S

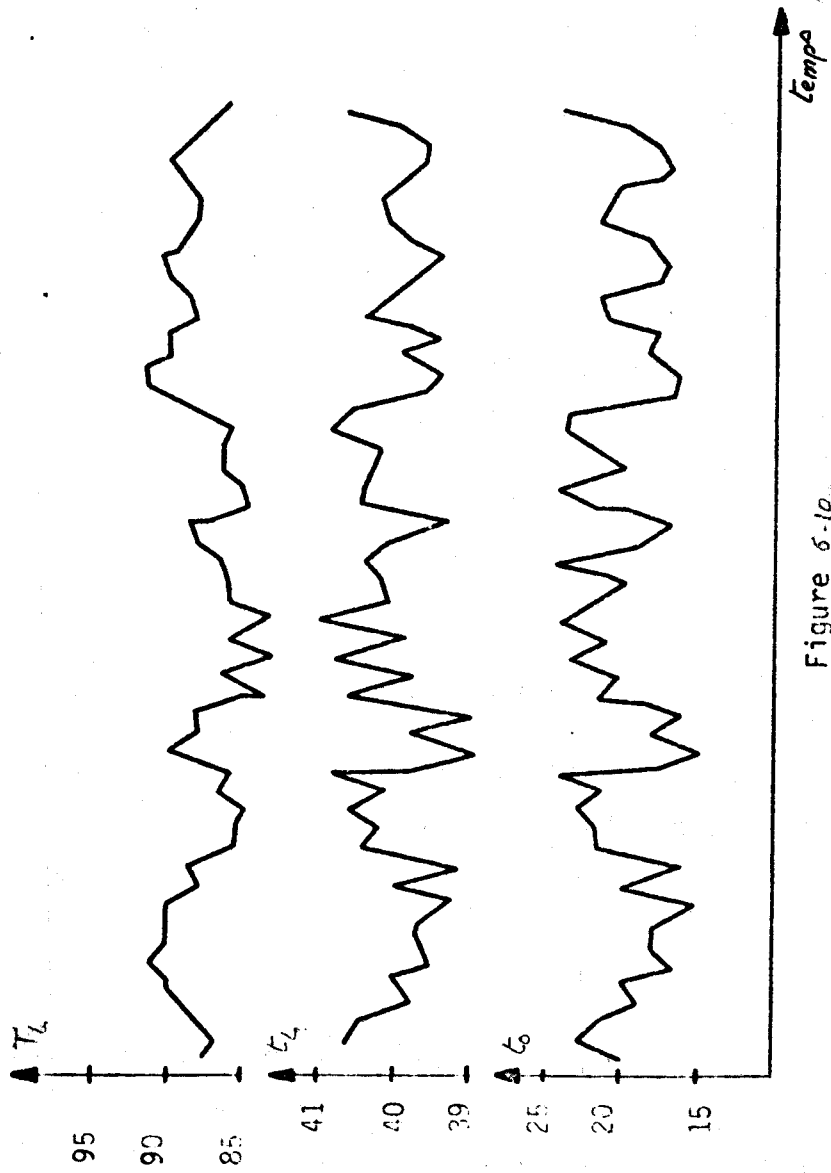


Figure 6-10
méthode HF&I



6.3.3. Application au système d'épuration

Toutes les 20 minutes, le pilote fournit les valeurs des nouveaux paramètres biologiques déterminant la dynamique de la réaction et les entrées non commandables qui sont les concentrations en substrat dans l'eau S_0 et en micro-organismes dans les boues de retour KX . Afin d'obtenir le niveau prévu de concentration en substrat résiduel SR à la sortie du bassin, il faut calculer le débit d'entrée F de telle sorte que le temps de séjour de l'eau dans le bassin ait sa valeur optimale T_{S_0} .

Si le temps de séjour T_S est une fonction directe du débit d'entrée, le temps de séjour optimal T_{S_0} est fonction des concentrations d'entrée et de la dynamique de la réaction biochimique.

Le temps de séjour T_S est défini par la relation (6.11) pour de l'eau entrant à l'instant t_0 .

$$V = \int_{t_0}^{t_0 + T_S} F(\tau) d\tau \quad 6.11$$

6.3.3.1. Calcul du débit

La méthode RFE suppose que les entrées ne changent pas après l'instant t_0 . Le débit à cet instant sera

$$F(t_0) = V / T_{S_0} \quad 6.12$$

Avec la seconde méthode, il faut calculer le débit $F(t_0)$ de telle sorte que la sortie à l'instant $t_0 + T$ ait sa valeur optimale. Il est alors nécessaire de savoir où se trouve l'eau qui sortira à cet instant depuis combien de temps elle se trouve dans le bassin et quel est son temps de séjour optimal. Il est donc nécessaire de mémoriser l'état interne du bassin. Le débit à appliquer à l'entrée est alors donné par (6.13).

$$F(t_0) = \left(V - \int_{t_i}^{t_i + T_S(t_0)} F(\tau) d\tau \right) / (T_{S_0} - T_S(t_0)) \quad 6.13$$

où pour l'eau qui sortira à l'instant $t_0 + \Delta T$

t_i est son instant d'entrée

$T_S(t_0) = t_0 - t_i$ est son temps de séjour actuel.

La troisième méthode est basée sur le même principe, mais il faut calculer un ensemble $F_i(t_0)$ correspondant au débit optimal pour que l'eau qui sortira à l'instant $t_0 + \Delta T$ ait son temps de séjour optimal. Le débit réellement appliqué sera une somme pondérée de ces $F_i(t_0)$ donnée par (6.14)

$$F(t_0) = \frac{\sum_i \alpha_i F_i(t_0)}{\sum_i \alpha_i} \quad 6.14$$

Nous avons choisi un filtre α_i de type second ordre

$$\alpha_i = 0.2 e^{-2i} - 0.1 e^{-i} \quad 6.15$$

6.3.3.2. Les résultats

De même que dans l'exemple précédent, la méthode RFS donne une fonction débit très oscillante et parfois même négative. Des contraintes sur le débit ont donc été imposées et le limite entre 400 et 2400.

L'entrée KX est aléatoire entre 200 et 210. L'entrée S_0 évolue entre 5000 et 5500. La sortie optimale SR_{opt} est fixée à 20.

Les courbes des figures (6.11), (6.12), (6.13) et (6.14) donnent les résultats obtenus avec les méthodes RFE, RFS sans contraintes sur F , RFS avec contraintes sur F , et RFEI.

Là encore les méthodes les plus performantes sont RFE et RFEI.

Le tableau 6.15 permet une comparaison plus statistique des résultats. Il met en parallèle la valeur moyenne et la variance ramenée en pourcentage de la valeur moyenne.

$$MV = \frac{1}{N} \sum_{R=1}^N x_R$$

$$E = 100 \left(\frac{1}{N} \sum_{R=1}^N (x_R - MV)^2 \right)^{1/2} / MV$$

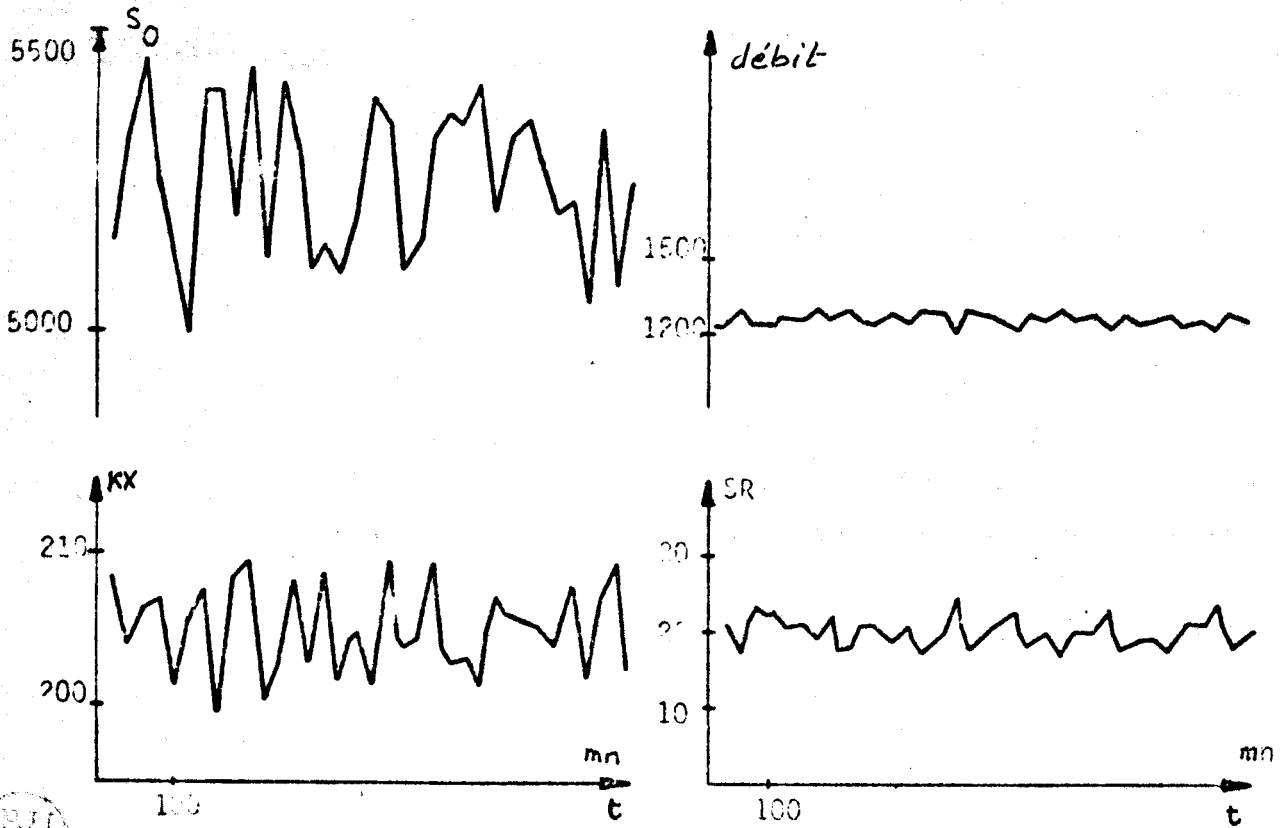


Figure 6.11. méthode RFE

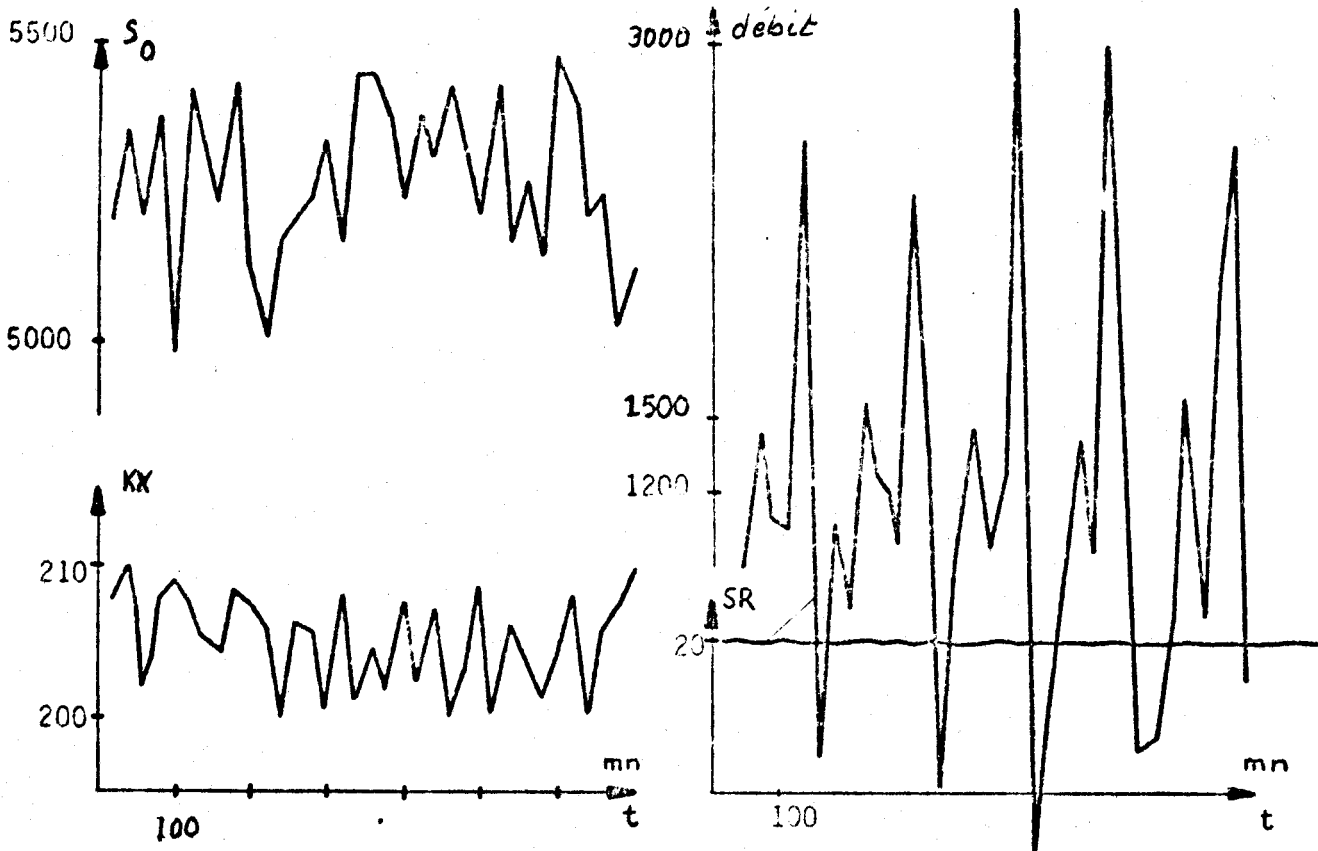


Figure 6.12. méthode RFS

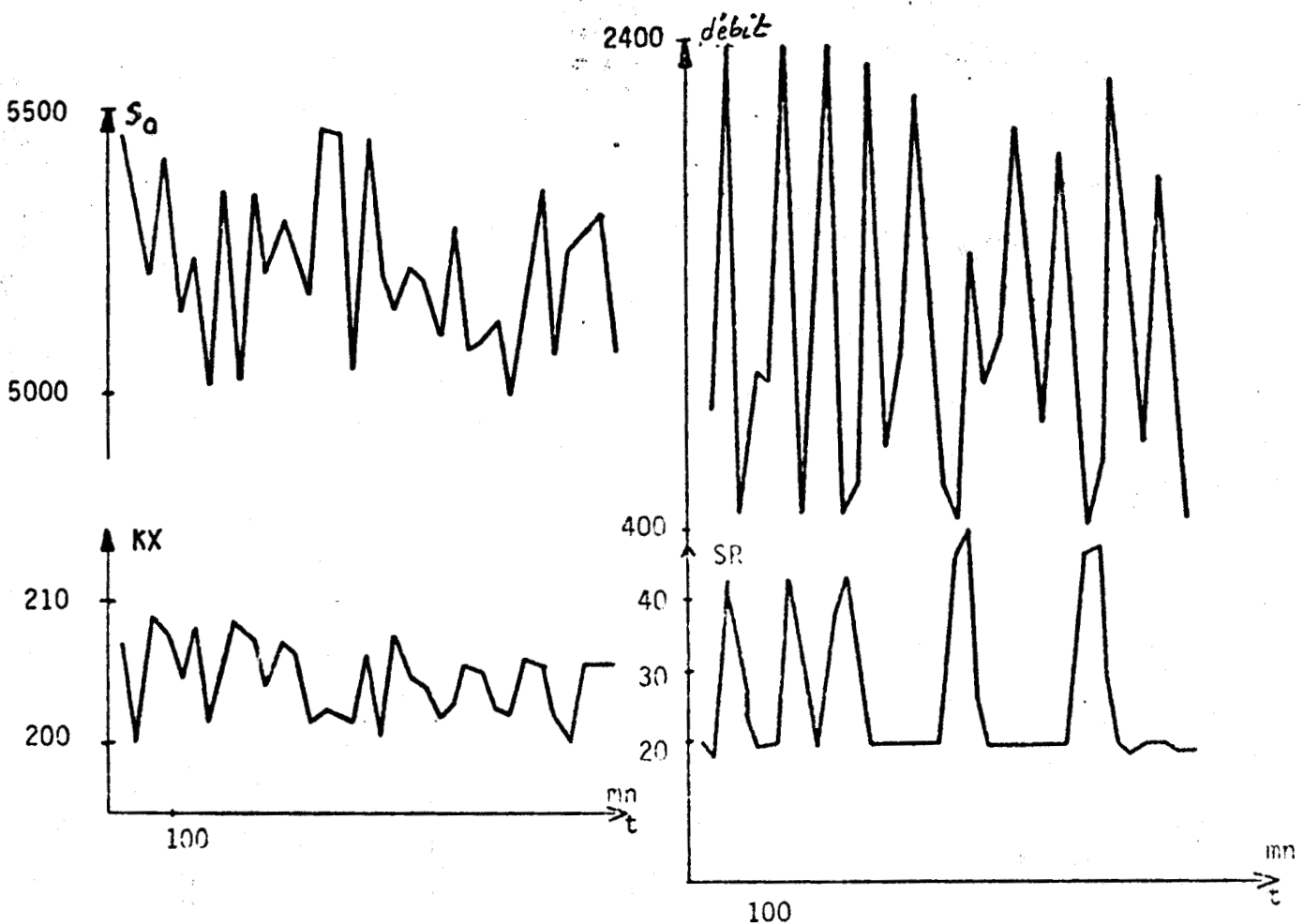


Figure 6.13. méthode RFS avec contraintes

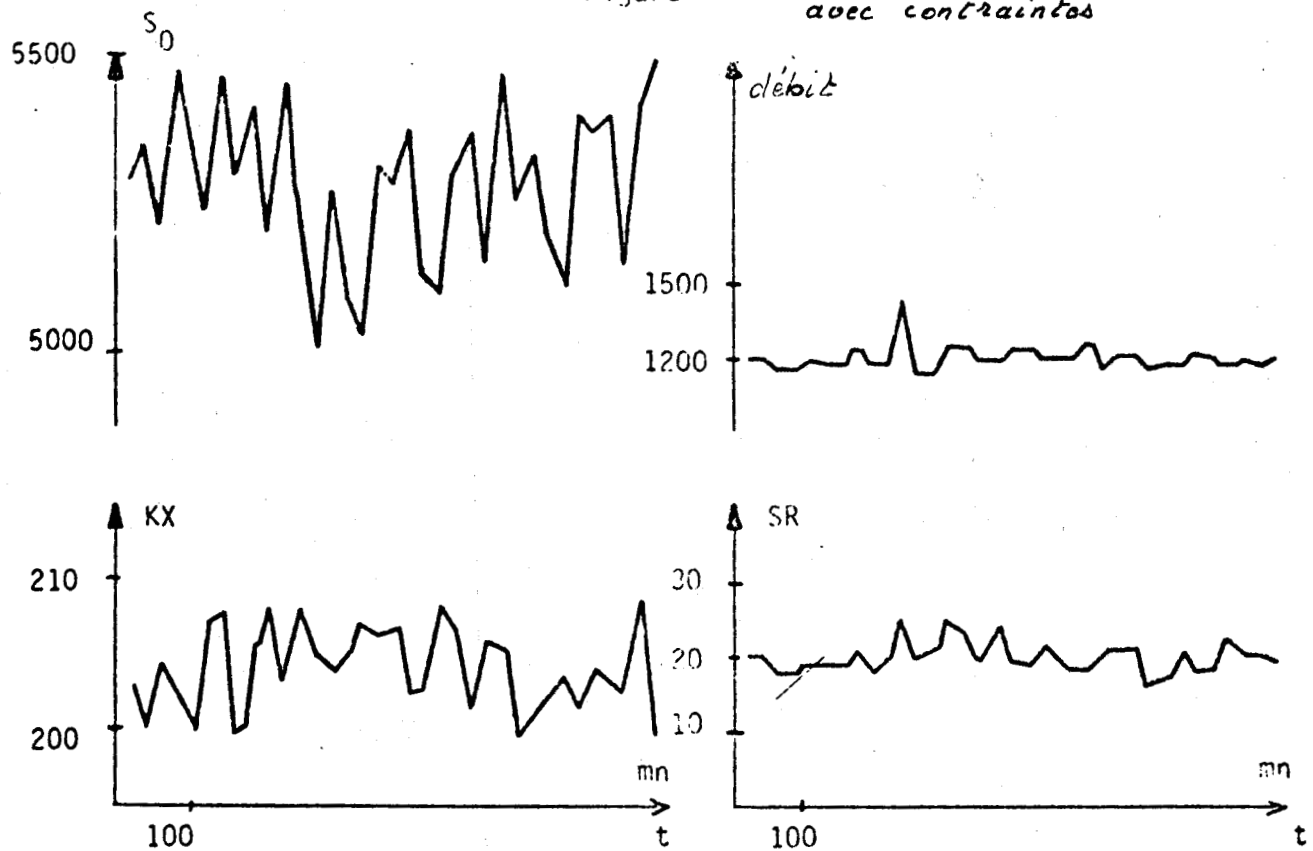


Figure 6.14. méthode RFEI.



		S ₀		F		SR	
KX							
MV	E	MV	E	MV	E	MV	E
RFE	205	5253	2.6	58	1.6	20.24	7.96
RFS(a)	205	5275	2.76	61	76.4	20.	0
RFS(b)	205	5221	2.57	62	49.1	26.4	39.1
RFEI	204	5279	2.58	59.5	3.9	20.8	10

Tableau 6.15 (a) sans contraintes
(b) avec contraintes

Les résultats obtenus donnent un léger avantage à la méthode la plus simple RFE. Néanmoins, celle-ci fait apparaître un important inconvénient dans le cas de l'évolution en échelon du niveau S_0 comme l'indique la figure 6.16.

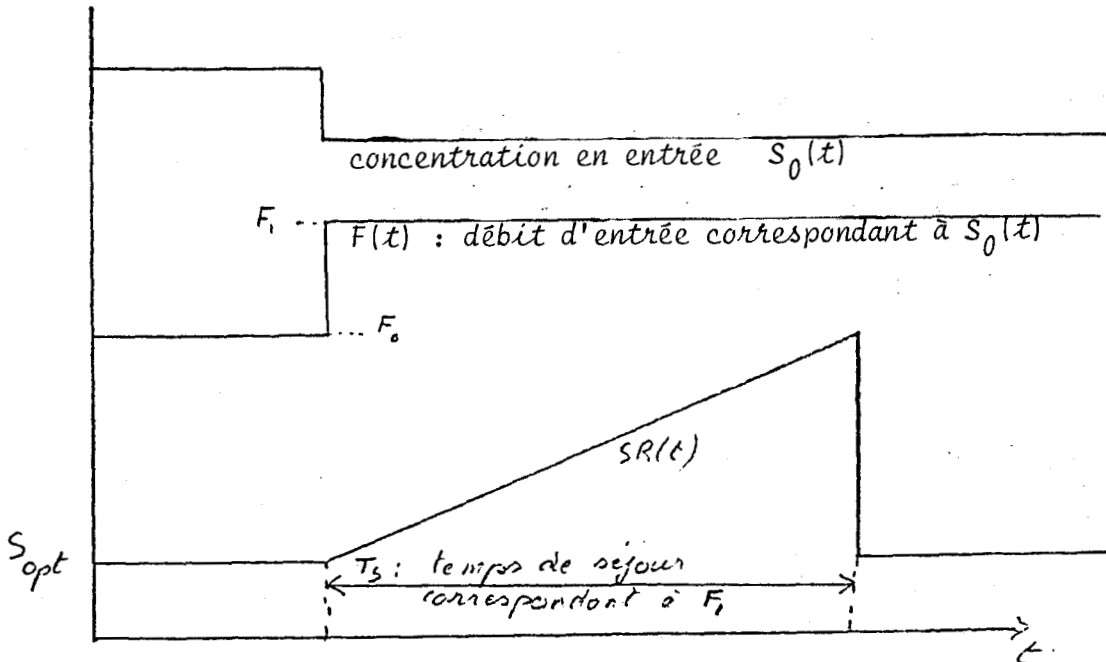


figure 6.16

Celle-ci montre que si la concentration en entrée diminue, la méthode de régulation impose immédiatement une augmentation du débit d'où une diminution du temps de séjour et en conséquence une augmentation de SR pour ce qui se trouve déjà dans le bassin.

Cette méthode fait répondre le système à l'envers : une variation intéressante d'une entrée non commandable a pour conséquence immédiate une mauvaise évolution de la sortie. La figure 6.11 et le tableau (6.15) montrent qu'en valeur moyennée cette mauvaise réaction est compensée.

6. 4. Conclusion

Les méthodes de régulation qui viennent d'être présentées s'appliquent à des systèmes très particuliers. Leur définition générale est représentée à la figure 6.5 et leurs caractéristiques sont les suivantes :

i) deux types d'entrées

- les entrées commandables
- les entrées mesurables mais non commandables.

ii) la sortie à l'instant t dépend de la valeur des entrées non commandables à l'instant $t-\theta$ et de l'évolution des entrées commandables pendant l'intervalle de temps $[t-\theta, t]$. Le retard θ est une constante du système ou une fonction de l'une des entrées.

Les trois méthodes de régulation qui ont été proposées diffèrent par l'état pris en compte pour calculer la commande. La méthode RFE utilise l'entrée non commandable, RFS se base sur la sortie et RFEI tient compte de l'état interne.

Les deux exemples choisis montrent que la méthode RFS donne de très mauvais résultats. C'est pourtant celle qui est le plus proche de la régulation classique en boucle fermée. Les deux autres méthodes, RFE et RFEI, donnent des résultats équivalents.

RFEI, la méthode la plus complexe, semble à priori celle qui devrait assurer les meilleurs résultats, mais ses performances sont étroitement liées au choix de la suite des pondérations α_k .

Avant chaque utilisation une étude devrait être menée afin de déterminer (si elle existe) la suite α_k optimale. Contrairement à la méthode RFE, RFEI utilise une estimation des sorties futures afin de calculer la commande à appliquer pour que celles-ci soient proches de leur valeur optimale. Elle nécessite donc une simulation du système et par voie de conséquence, une modélisation et une identification des paramètres.

CONCLUSION

La plupart des points touchant à l'automatique classique ont été abordés et l'analyse de leur application à un cas particulier a permis de faire apparaître de nouveaux problèmes ou l'insuffisance de certaines théories. Passant en revue les diverses étapes de l'étude, nous trouvons en première position la modélisation. L'analyse des méthodes générales existantes est très rapide : c'est le vide complet pour ce qui touche aux systèmes non linéaires. Il est vrai qu'il semble utopique de vouloir créer une méthodologie générale de modélisation s'appliquant à tous les systèmes non linéaires. Il a donc été nécessaire de se limiter au cas particulier étudié. Les modèles classiques de représentation des phénomènes biologiques ne pouvant pas être appliqués, il a été nécessaire de reprendre l'analyse du fonctionnement interne et certaines hypothèses sur les réactions physiques nous ont permis d'obtenir un modèle qui semble réaliste. Il est bien évident que ce modèle n'est pas universel. Il y manque, entr'autres, l'action d'inhibiteurs, les lois de fabrication d'un produit et de croissance des microorganismes.

Le point suivant de l'étude est l'identification des paramètres du modèle. La complexité de celui-ci tant par sa structure que par la forme des non linéarités a mis en évidence les difficultés parfois très grandes de l'identification des systèmes non linéaires. Des essais d'utilisation des méthodes classiques ont révélés l'insuffisance de certaines d'entre elles devant ce type de modèle. Une idée originale d'utilisation des fonctions de sensibilité nous a conduit à la définition d'un coefficient de ressemblance de deux fonctions. Ceci nous a permis de travailler par sous espaces et les résultats obtenus sont très encourageants. D'autre part la fonction distance entre deux courbes que nous avons définie pourrait être utilisée à d'autres fins que l'identification : décomposition de grands systèmes par exemple.

Enfin la partie commande a mis en évidence la difficulté de la commande des systèmes à grand retard. La particularité du système étudié nous a conduit à tester trois possibilités de méthode de régulation. Les résultats obtenus ne sont pas très nets. Il est certain qu'un système de commande classique en boucle fermée (R F S) donne de très mauvais résultats mais les deux autres méthodes sont difficiles à départager.

En conclusion, il ressort de ce rapide passage en revue de divers points de l'automatique classique que beaucoup d'amélioration peuvent encore être apportées aux méthodes de base et qu'il serait une erreur de penser que tout a été dit.

BIBLIOGRAPHIE

I MODELISATION

BOVEE JP. - SEVELY Y : A new trend in alcoholic fermentation : Modelling and optimal steady state for continuous cascade ethanol product - 1st Workshop on Modelling and control of biotechnical processes - IFAC Helsinki (1982)

BOVEE JP. - STREHAIANO P. - GOMA G. - SEVELY Y - : Alcoholic fermentation : Modelling based on sole substrate and product measurement - Biotechnology and bioengineering : Vol 26 n°3 (1984)

BROUZES P. - : Précis d'épuration biologique - édition technique et documentation.

CHERUY A. - GAUTIER C. - PAVE A. - : Analyse des systèmes biologiques : certains aspects méthodologiques liés à la modélisation. - Colloque CNRS Gréco Rhône-Alpes : La contribution des disciplines scientifiques à la notion de système - Lyon (1980)

de CONTOIS : J. Gen. microbiologique Vol 21, 40 (1959)

LAURENT R. - POVY L. - : Sur la modélisation de l'épuration des eaux usées - C.R. Académie des Sciences Paris T 288 série A (1979)

MONOD J. : Recherche sur la croissance des cultures bactériennes Herman (1942)

ROQUES H. - : *Fondement théorique du traitement biologique des eaux* - Edit. Tech. et Document.

SEVELY Y. - RIBOD D. - POURCIEL JB. - BEOUNES C. - : *Mesure de l'activité biologique à partir du bilan thermique par microprocesseur. Application à l'optimisation d'une fermentation continue. VII : Triennal IFAC. Helsinky (1978)*

II IDENTIFICATION

BARRAUD A. - : *Théorie et pratique des méthodes numériques en programmation non linéaire - tome 1 Grenoble (1976)*

BRENT R.P. - : *Algorithms for minimization without derivatives* Prentice Hall (1973)

CONANT R.C. - : *Detecting subsystems in a complex system .* IEEE - Trans. syst. Men and Cybern Vol.SMC 2 n°4

DIXON LCW. - : *On conjugate gradients algorithms . Non linear optimization. Theory and algorithms. Internat Summer School. Bergamo USA (1980)*

EYKHOFF P. - : *System Identification - Edition John Wiley and Sons (1974)*

FLETCHER R. - : *A new approach to variable metric algorithms -* Comp. Journal Vol 13. (1963)

FLETCHER R. - REEVES C.M. - : *Function minimization by conjugate gradients -* Comp. Journal Vol 7 (1964)

FLETCHER R. - : *Function minimization without evaluating derivative - a review -* Comp. J. Vol 8 (1965)

- GAUSS K.F. - : *Theoria motus corporum coelestium - Werke Vol. 7*
Book 2 (1809)
- HASIEWCZ Z. - LAURENT R. - BUBNICKI Z. - : *an analysis of identifiability of static complex systems with cascade structure and aggregated output signal. - Systems Science - Vol.3 n°2 (1977)*
- HIMMEL BLAU D.M. - LINDSAY J.W. - : *An evaluation of substitute methods for derivatives in unconstrained optimisation - 6 Per Res. Vol.28 N)3 (1980)*
- ISERMAN R. - BAUR W. - BAMBERGER W - KNEPPO P - SIEBERT H - : *Comparison and evaluation of six on line identification and parameter estimation methods with three simulated processes - Automatica - I (1974)*
- Mc KEOWN JJ. - : *Sensitivity analysis with respect to independent variables - non linear optimization - theorie and algorithms - Internat Summer School - Bergamo USA (1980)*
- de LARMINAT P. - : *Automatique des systèmes linéaires - Flammarion*
- LAAFIA O - : *Thèse de 3ème cycle - Lille (1983)*
- LAURENT R. - LAAFIA o. - : *Problems relative to identification of non linear systems with cascade structure - VIth IFAC - Symposium Identification and system parameter estimation - Washington (1982)*
- POVY L. - : *Identification des processus - Dunot (1975)*
- POWELL M.J.D. - : *An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives - Comp. J. Vol 7 - (1964)*
- PUN L. - : *Introduction à la pratique de l'optimisation - Dunod (1972)*

RICHALET J. - RAULT A. - POULINQUEN R. - : *Identification des processus par la méthode du modèle* - Gordon and Breach

ZANGWILL I.W. - : *Minimizing a function without calculating derivatus* - Comp.J. Vol 10 (1967)

III COMMANDE

BARBOUCHA M. - : *Contribution à l'automatisation d'un bassin biologique de traitement des eaux usées* - Thèse de 3ème cycle Automatique Lille (1981)

BARBOUCHA M. - LAURENT R. - : *Sur la conduite des processus complexes - Application aux stations d'épuration des eaux* - Le Point en Automatique - J.C. Pruvost - Tech. et Doc.

BARBOUCHA M. - LAURENT R. - : *Comparison of three regulation methods for particular incompletely controlable multivariable systems* - Inter. Conf. on systems Sciences VII - Wroclaw - Poland (1981)

KOPPEL L.B. - : *Dynamics and control of a class of non linear distributed parameters, parametrically forced, heat exchangers and chemical reactors* - I and EC fundamentals (1965)

de LARMINAT P. - THOMAS Y. - : *Automatique des systèmes linéaires* - Tome III Commande - Flammarion (1977)

LAURENT R. - BARBOUCHA M. - : *Simulation d'un bassin de traitement biologique des eaux usées.*

x/ *Simulation 80* - Interlaken - Suisse (1980)

x/ *International Journal of modelling and simulation*
Vol.1 n°4 (1981)

LAURENT R. - BARBOUCHA M. - : Control system for a Wastewater biological purification process - Inter. Conf. on systems engineering - Coventry - England (1980)

LAURENT R. - BARBOUCHA M. - POVY L. - : Conception d'un système de surveillance d'une station d'épuration des eaux - Congrès AFCET - Nantes (1981)

MINIER A. - MOREAUD H. - : Etude pour la conduite d'une station d'épuration multitraitemment - Compte rendu contrat DGRST (1980)

TECHNIQUES DE L'INGENIEUR J.2314 - Echangeurs de chaleur.

IV DIVERS

COLVILLE A.R. - : A comparative study of non linear programming codes - IBM. New York Scientific center report p.320 - 2949 - (1968)

ELNALEH S. - BENNAIN - : Representation de l'écoulement macroscopique dans un bassin d'aération - The Chemical engineering Journal (1975)

FLETCHER R. - POWELL M.J.D. - : A rapidly convergent descent method for minimization - Comp. J Vol 6. (1963)

KOWALIK J.S. - OSPORNE MR. - : Methods for unconstrained optimization problems - Elsevier - New York (1968)

POWELL MJD - : An iterative method for finding stationary point of a function of several variables - Comp J. Vol.5 (1962)

RAJAGOPALAN C. : *Segmentation des suites temporelles* - Thèse de
Docteur Ingénieur - Lille (1979)

ROSENBOCK H.H. - : *An automatic method for finding the greatest or
least value of a function* - *Comp. J.* Vol3 (1960)

ANNEXE A 1

IDENTIFICATION DES SYSTEMES LINEAIRES

L'hypothèse de linéarité simplifié considérablement le problème de l'identification. Il s'en suit une diversité de méthode très importante et il serait beaucoup trop long de les énumérer toutes. Aussi, avons nous choisi de les regrouper en fonction de leur principe de base. Nous pouvons alors distinguer trois grandes classes qui sont :

- les méthodes déterministes
- les méthodes stochastiques
- les méthodes paramétriques.

A.1.1. Méthodes déterministes

Cette première classe de méthode est basée sur la réponse de système à une entrée déterminée. La méthodologie ne fait pas appel à des considérations mathématiques très poussées, et son utilisation ne demande pas de moyen de calcul important. Toutes ces méthodes ne tiennent pas compte des perturbations et bruits qui peuvent entacher les mesures. La conséquence de cette simplicité est le manque de précision sur les résultats, mais un avantage est l'obtention rapide de l'ordre de grandeur des paramètres recherchés.

Les signaux d'entrée utilisés sont principalement l'échelon, l'impulsion et l'excitation sinusoïdale.

Il existe malgré tout une limite à l'utilisation de telles méthodes. Sur le site en milieu industriel, il est très difficile de modifier les signaux de commande du système étudié, ceci ayant pour conséquence une perturbation de la sortie donc de la production. On ne peut donc travailler qu'avec des signaux d'amplitude faible ce qui limite la précision et risque de cacher certains phénomènes.

D'autre part, l'identification n'est pas faite dans les conditions normales d'utilisation.

A.1.1.1. Réponse indicielle

Ce type de méthode est basé sur l'analyse du régime transitoire de la réponse à un échelon. Une première sous classe utilise certains points ou certaines caractéristiques particulières de la réponse indicielle. Pour une réponse apériodique le modèle est choisi sous la forme suivante :

$$H(p) = K \cdot \frac{e^{-T'p}}{(1+Tp)^n} \quad A1.1$$

$H(p)$ est la fonction de transfert dont les paramètres à déterminer sont :

- le gain statique K
- le constante de temps T
- l'ordre n
- le retard pur T'

Remarquons tout de suite que le retard pur T' introduit dans le modèle n'existe pas nécessairement dans le processus étudié. Il permet en général de faire mieux coïncider la réponse du système et celle du modèle, mais il peut aussi intégrer l'incertitude pouvant exister sur l'instant exact où l'échelon a été appliqué.

Parmi les auteurs ayant proposé une telle méthode d'identification, nous pouvons citer STREJC / . / , QUENTIN / . / , DAVOUST / . / , NASLIN (.,.).

Il existe certaines nuances entre les propositions de ces différents auteurs. Ces nuances sont axées principalement sur le choix des points particuliers de la réponse indicielle permettant l'identification des paramètres (- par exemple : l'origine, le régime permanent et la tangente au point d'inflexion pour STREJC).

Un inconvénient majeur des méthodes précédentes qui est la structure figée du modèle peut être levé, grâce à une analyse plus fine de la réponse indicielle. Nous pouvons citer par exemple la méthode d'intégrations progressives. Le modèle est choisi sous une forme polynomiale en P de la fonction transfert.

$$H(p) = \frac{K}{1 + a_1 p + a_2 p^2 + \dots} \quad A1.2$$

Les paramètres à identifier sont

- Le gain statique K
- Les coefficients a_i , $i = 1, 2, \dots$

Le gain statique est obtenue grâce au régime permanent. Si l'échelon appliqué est d'amplitude 1 et la réponse du système est $y(t)$ nous calculons la fonction $d_1(t)$

$$d_1(t) = 1 - \frac{1}{K} y(t) \quad A1.3$$

En intégrant cette fonction nous obtenons

$$s_1(t) = \int_0^t d_1(\tau) d\tau \quad A1.4$$

On montre que a_1 est égal à $s_1(\infty)$

Les autres coefficients s'obtiennent de la même façon en calculant les fonctions :

$$d_i(t) = s_{i-1}(t) - a_{i-1} y(t) \quad A1.5$$

$$s_i(t) = \int_0^t d_i(\tau) d\tau \quad A1.6$$

$$a_i = s_i(\infty) \quad A1.7$$

Si le système réel peut, de façon exacte, être représenté par la fonction de transfert,

$$H(p) = \frac{K}{1 + a_1 p + \dots + a_n p^n} \quad A1.8$$

lors du calcul des a_i le coefficient a_{n+1} est théoriquement égal à zéro. Ceci permet l'arrêt du calcul itératif des a_i et détermine l'ordre du système n . Dans la pratique ceci n'est jamais vérifié, et deux possibilités s'offrent à nous :

- l'ordre n est fixé à priori
- on arrête le calcul lorsqu'un coefficient a_i trouvé est assez faible pour que l'erreur consécutive à sa suppression soit inférieure à un niveau de précision fixé à priori.

A.1.1.2. Réponse impulsionnelle

L'impulsion de DIRAC est une fonction qu'il est impossible de réaliser. Il est toutefois possible d'assimiler un créneau à une impulsion lorsque sa largeur est très faible vis à vis de la plus petite constante de temps du système. Dans ces conditions, la réponse du système sera très voisine de sa réponse impulsionnelle.

Pour passer de la réponse impulsionnelle à la fonction de transfert, il suffit théoriquement d'en prendre le transformé de LAPLACE inverse. Mais un tel calcul n'est pas des plus aisés, aussi préfère-t-on souvent utiliser des méthodes voisines de l'intégration progressive.

Une autre solution assez séduisante est l'utilisation de la transformée de FOURIER de la réponse impulsionnelle $h(\tau)$. On obtient alors, la fonction de transfert isochrone $G(j\omega)$ définie par la relation

$$G(j\omega) = \Delta T \left[\sum_{k=1}^N h(k\Delta T) \cos k\omega \Delta T - j \sum_{k=1}^N h(k\Delta T) \sin k\omega \Delta T \right] \quad A1.9$$

ΔT représente la période d'échantillonnage de $h(\tau)$ et N est choisi de telle sorte que $h(k\Delta T) \simeq 0 \quad k \geq N \quad A1.10$

Il faut remarquer que d'après la th eor eme de SHANNON, on ne peut tenir compte que des pulsations ω inf erieurs   $\pi/\Delta T$

A.1.1.3. R eponse fr equentielle

Les m ethodes bas ees sur l'analyse fr equentielle n'utilisent pas, comme pr ec edemment le r egime transitoire, mais le comportement du syst eme soumis   un signal sinuso idal.

Dans le cas des syst emes lin eaires, si la pulsation d'entr ee est ω , la sortie sera un signal sinuso idal de pulsation ω d ephass  d'un angle $\varphi(\omega)$, le gain du syst eme sera $A(\omega)$. Une s erie de m esures   ω variable permet de tracer le lieu de NYQUIST du syst eme.

Parmi, toutes les m ethodes utilisant l'analyse fr equentielle nous pouvons en citer deux. La m ethode de DUDNIKOV qui est assez voisine de la m ethode d'int egration progressive, si l'on regarde la m ethodologie utilis ee. Un gros inconv enient de cette m ethode est la d etermination graphique des valeurs num eriques des param etres, d'o  une impr ecision assez importante.

La m ethode de KARDACHOV-KARNIOUCHINE est d'utilisation assez simple. Le principe est le suivant :

Pour diff erentes valeurs de ω on connait le gain et la phase du syst eme qu'il est facile de transformer en partie r eelle-partie imaginaire.

$$G_s(j\omega_R) = R(\omega_R) + j Y(\omega_R) \quad A1.11$$

Le mod ele est pris sous la forme

$$G_m(p) = \frac{\sum_{p=0}^n b_p p^p}{1 + \sum_{p=1}^m a_p p^p} \quad A1.12$$

soit encore

$$G_m(j\omega) = \frac{\sum_{p=0}^n b_p (j\omega)^p}{1 + \sum_{p=1}^m a_p (j\omega)^p} \quad A1.13$$

Pour chaque valeur de ω_R nous pouvons écrire que

$$\left(1 + \sum_{p=1}^m a_p (j\omega_R)^p\right) \left(R(\omega_R) + jY(\omega_R)\right) = \sum_{p=1}^n b_p (j\omega_R)^p \quad A1.14$$

Cette égalité dans l'espace des complexes peut se scinder en deux égalités en séparant les parties réelles et les parties imaginaires. Le nombre d'inconnues est égal à $m+n$. Il suffit donc de $(m+n)/2$ valeurs de ω_R pour obtenir un système linéaire de $m+n$ équations à $m+n$ inconnues. Les valeurs de ω_R devront donc être choisies judicieusement de façon à recouvrir toute la bande de fréquences auxquelles le système pourrait être soumis. On peut aussi choisir un nombre de pulsations supérieur à la résolution du système d'équations se fera dans ce cas en utilisant un critère des moindres carrés.

A.1.2. Méthodes statistiques

Considérons le système de la figure A1.1 où $h(\tau)$ est la réponse impulsionnelle.

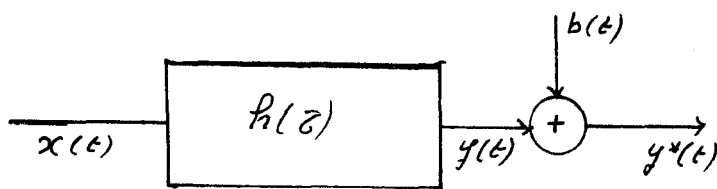


figure A1.1

La fonction $b(t)$ représente tous les bruits ramenés en sortie. D'après le théorème de convolution nous pouvons écrire

$$y(t) = \int_0^{\infty} h(\tau) \cdot x(t-\tau) d\tau \quad A1.15$$

d'où il vient

$$y^*(t) = \int_0^{\infty} h(\tau) \cdot x(t-\tau) d\tau + b(t) \quad A1.16$$

L'analyse statistique permet d'écrire la fonction d'intercorrélation liant les fonctions $x(t)$ et $y^*(t)$

$$\phi_{y^*x}(\tau) = \lim_{T \rightarrow \infty} \frac{1}{2T} \int_{-T}^{+T} y^*(t) \cdot x(t-\tau) dt \quad A1.17$$

En repartant A1.16 dans A1.17 il vient

$$\begin{aligned} \phi_{y^*x}(\tau) = & \lim_{T \rightarrow \infty} \frac{1}{2T} \int_{-T}^{+T} \left\{ \int_0^{\infty} h(\theta) x(t-\theta) d\theta \right\} x(t-\tau) dt \\ & + \lim_{T \rightarrow \infty} \frac{1}{2T} \int_{-T}^{+T} b(t) x(t-\tau) dt \end{aligned} \quad A1.18$$

Par permutation des signes somme

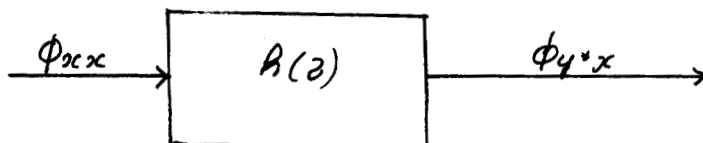


$$\begin{aligned} \phi_{y^*x}(\tau) = & \int_0^{\infty} h(\theta) \left\{ \lim_{T \rightarrow \infty} \frac{1}{2T} \int_{-T}^{+T} x(t-\theta) \cdot x(t-\tau) dt \right\} d\theta \\ & + \lim_{T \rightarrow \infty} \frac{1}{2T} \int_{-T}^{+T} b(t) x(t-\tau) dt \end{aligned} \quad A1.19$$

soit encore

$$\phi_{y^*x}(\tau) = \int_0^{\infty} h(\theta) \phi_{xx}(\tau-\theta) d\theta + \phi_{bx}(\tau) \quad A1.20$$

Si l'intercorrélation entre l'entrée $x(t)$ et le bruit $b(t)$ est très faible, le terme $\phi_{bx}(\tau)$ peut être négligé. Le système de la figure A.1.1. est donc équivalent au système de la figure A.1.2.



Par déconvolution numérique, il est alors possible de retrouver la réponse impulsionnelle à partir des fonctions d'auto et d'intercorrélation. Mais cette méthode numérique demande une quantité de calcul très importante. Un choix judicieux du signal x permet d'éviter ces calculs. En effet, si le signal $x(t)$ est tel que son spectre soit très étendu devant la bande passante du système il pourra être considéré comme un bruit blanc pour le système, et sa fonction d'autocorrélation assimilée à une impulsion de DIRAC. Dans ces conditions la relation A1.20 devient tout simplement

$$\Phi_{y^*x}(z) = K H(z) \quad \text{A1. 21}$$

Un inconvénient malgré tout, est que le terme $\Phi_{y^*x}(z)$ risque de ne plus être négligeable si le spectre du signal $x(t)$ devient trop large et recouvre pour tout ou partie, le spectre du bruit.

Lors de l'identification par analyse statistique, le signal $x(t)$ le plus fréquemment utilisé est la séquence binaire pseudo-aléatoire car elle est très facilement réalisable et contrôlable, tant en analogique qu'en numérique.

L'aboutissement de l'analyse statistique est la réponse impulsionnelle. Pour obtenir la fonction de transfert du système, on peut se référer aux méthodes classées sous le nom de déterministes soit en utilisant directement la réponse impulsionnelle, soit après intégration se baser sur la réponse indicielle.

A.1.3. Méthodes paramétriques

Nous avons regroupé sous ce chapitre toutes les méthodes d'identification basée d'une façon plus ou moins lointaine sur le principe des moindres carrés. Nous aurons de façon générale défini une fonction coût où un critère qu'il faudra optimiser en fonction des paramètres recherchés. Parmi, toutes les méthodes paramétriques, nous avons choisi d'en présenter trois qui sont les plus fréquemment utilisées.

A.1.3.1 Les moindres carrés.

La méthode dite des moindres carrés a été introduite par GALISS pour permettre de résoudre un système de n équations à p inconnues ($n \geq p$) Elle est basée sur la recherche du minimum de la distance quadratique (-euclidienne) par apport aux paramètres. C'est une méthode que l'on utilise de façon intuitive lorsque l'on trace une courbe caractéristique d'un système à partir de mesures expérimentales. Son utilisation pour identifier les paramètres d'un processus est donc tout à fait naturelle.

Un système linéaire peut être décrit par le modèle

$$y_R = \sum_{i=1}^m a_i y_{R-i} + \sum_{i=1}^n b_i u_{R-i} \quad A1.22$$

où y_R est la sortie à l'instant $j \cdot \Delta T$

u_j est l'entrée à l'instant $j \cdot \Delta T$

ΔT étant la période d'échantillonnage

Les a_i et les b_i sont les paramètres à identifier que l'on peut regrouper dans le vecteur θ

$$\theta^T = (a_1, \dots, a_m, b_1, \dots, b_n) \quad A1.23$$

en posant

$$\psi_R^T = (y_{R-1}, \dots, y_{R-m}, u_{R-1}, \dots, u_{R-n}) \quad A1.24$$

l'équation A1.22 devient

$$y_R = \psi_R^T \theta \quad A1.25$$

La mesure du vecteur Ψ_R permet d'estimer la sortie à l'instant R

$$y_R^* = \Psi_R^T \theta$$

L'erreur d'estimation e_R est la différence entre la sortie réelle y_R et la sortie estimée y_R^* ; il vient donc

$$e_R = y_R - y_R^* = y_R - \Psi_R^T \theta \quad A1.26$$

Sur l'horizon $\{m, N\}$ l'erreur quadratique à minimiser est

$$J = \sum_{R=m}^N e_R^2$$



Soit
$$J = \sum_{R=m}^N (y_R - \Psi_R^T \theta)^2 \quad A1.27$$

Si l'on note

$$\underline{\Psi}^T = (\Psi_m, \dots, \Psi_N) \quad A1.28$$

La minimisation du critère A1.27 par rapport à θ donne la solution

$$\theta = (\underline{\Psi}^T \underline{\Psi})^{-1} (\underline{\Psi}^T \underline{y}) \quad A1.29$$

où
$$\underline{y}^T = (y_m, \dots, y_N)$$

Une condition de l'existence de la solution A1.29 est l'inversibilité de la matrice $\underline{\Psi}^T \underline{\Psi}$, condition qui est vérifiée par l'indépendance des vecteurs Ψ_R (en particulier l'entrée u ne peut rester constante) et une matrice $\underline{\Psi}$ rectangulaire "dans le bon sens" : il faut plus d'équations que d'inconnues

$$(N - m + 1) \geq 2m$$

L'estimation des moindres carrés peut se faire de façon récurrente à partir des relations suivantes

$$\begin{aligned} \theta_{R+1} &= \theta_R + [1 + \psi_{R+1}^T P_R \psi_{R+1}]^{-1} P_R \psi_{R+1}^T [y_R - \psi_{R+1} \theta_R] \\ P_{R+1} &= P_R [y_d - \psi_{R+1}^T \psi_{R+1} P_R (1 + \psi_{R+1}^T P_R \psi_{R+1})^{-1}] \end{aligned} \quad A1.30$$

Mais l'estimation des paramètres est biaisée si les résidus sont corrélés. La méthode des moindres carrés généralisés permet de contourner cette difficulté en introduisant un filtre qui placé sur les entrées et les sorties du système permet d'obtenir des résidus non corrélés donc une estimation non biaisée (fig A.1.3)

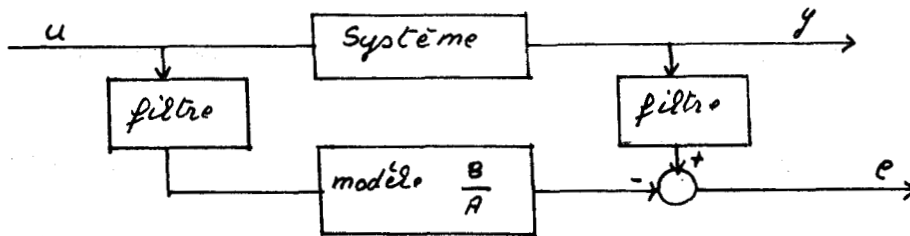


figure A1.3

Les résidus e_R sont calculés et analysés par autoregression à partir du filtre linéaire d'ordre ν

$$w_R = e_R + f_1 w_{R-1} + f_2 w_{R-2} + \dots + f_\nu w_{R-\nu} \quad A1.31$$

Les paramètres f_i sont calculés par les moindres carrés.

A.1.3.2. Matrice instrumentale.

Si nous utilisons les mêmes notations que ci-dessus, nous écrivons l'erreur de prédiction.

$$e_R = y_R - \psi_R \theta \quad A1.32$$

en notant

$$e^T = (e_m, \dots, e_N)$$

il vient

$$e = y - \psi \theta \quad A1.33$$

La méthode de la matrice instrumentale consiste à multiplier la relation A1.33 par une matrice w^T qui est dite instrumentale si

$$E(w^T e) = 0$$

et $(w^T w)$ est réversible

$E(\cdot)$ représente l'espérance mathématique

$$w^T e = w^T y - w^T \psi \theta \quad A1.35$$

L'estimation du vecteur paramètre θ est alors donné par la relation

$$\theta = (w^T \psi)^{-1} (w^T y) \quad A1.36$$

On trouve dans la littérature plusieurs choix possible pour la matrice instrumentale. Nous pouvons citer par exemple la matrice des observations retardées par GENTIL et FOULARD [1], l'utilisation d'un filtre auxiliaire par YOUNG.

Cette méthode d'identification peut également se faire en temps réel. La méthode proposée par YOUNG est représentée par le schémablock de la figure A.1.4.

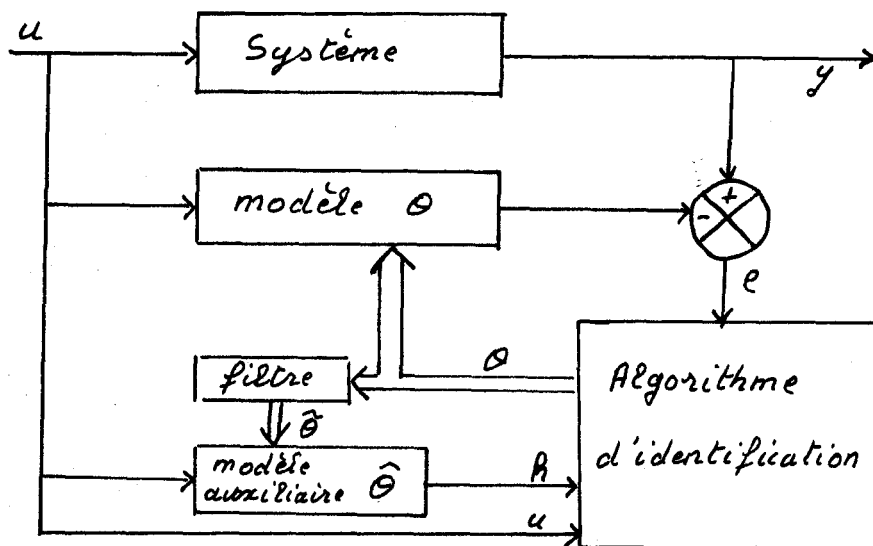


Figure A1.4

A.1.3.3. Maximum de vraisemblance

La forme du modèle utilisée dans cette méthode est celle suggérée par ASTROM :

$$A(z^{-1}) y(t) = B(z^{-1}) z^{-R} u(t) + \lambda C(z^{-1}) e(t) \quad A1.37$$

où $u(t)$ et $y(t)$ sont les entrées et les sorties du système, $e(t)$ est une variable aléatoire gaussienne non corrélée d'écart type λ

z^{-1} est l'opérateur de retard : $y(t) = z^{-1} y(t+1)$

$A(z^{-1})$, $B(z^{-1})$, $C(z^{-1})$ sont des polynômes en z^{-1} d'ordre n connu. Le retard R est supposé connu. Le but de l'identification est la détermination des paramètres des polynômes A, B et C, et de λ à partir d'une séquence d'observations des entrées - sorties du système.

La méthode considérée ici est basée sur la recherche du maximum de la fonction de vraisemblance

$$F(\theta, \lambda) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi\lambda)^N}} \exp\left(-\frac{1}{2\lambda^2} \sum_{j=1}^N \varepsilon_j^2\right) \quad A1.38$$

$$\varepsilon_j = C^{-1} \cdot A \cdot y_j - C^{-1} \cdot B \cdot z^{-R} u_j \quad A1.39$$

Cette fonction de vraisemblance représente la probabilité de prédire correctement la sortie en connaissant l'entrée et le vecteur paramètre θ .

Maximiser la fonction de vraisemblance est équivalent à minimiser le logarithme négatif de cette fonction.

$$-\text{Log } F(\theta, \lambda) = \frac{1}{2\lambda^2} \sum_{j=1}^N \varepsilon_j^2 + \frac{N}{2} \text{Log } \lambda + \frac{N}{2} \text{Log}(2\pi) \quad A1.40$$

ce qui revient à minimiser la fonction coût

$$V(\theta) = \sum_{j=1}^N \varepsilon_j^2 \quad A1.41$$

Le ε_j est non linéaire par rapport aux paramètres du polynôme $C(z^{-1})$. Le minimum du critère doit donc être recherché par des méthodes de programmation non linéaire pouvant être par exemple un algorithme de NEWTON - RAPHSON.

$$\theta_{R+1} = \theta_R - \eta H^{-1}(\theta_R) \cdot \nabla V(\theta_R) \quad A1.42$$

où $\nabla V(\theta_R)$ est le gradient du critère, $H(\theta_R)$ étant son HESSIEN. Le paramètre η doit être choisi de façon à optimiser la convergence de l'algorithme.

A.1.4. Conclusion

Cet exposé rapide des méthodes d'identification adaptées aux systèmes linéaires montre que lorsque le problème de l'identification se pose, un nombre important de méthodes est à notre disposition pour le résoudre. Mais quelle méthode choisir ?

Une partie de la réponse peut se trouver en consultant les différentes publications faisant une comparaison de diverses méthodes (.....). Mais cette comparaison n'est que partielle puisque ne mettant en concurrence que des méthodes dites paramétriques.

De façon plus générale, nous pouvons dire que :

* les méthodes déterministes sont souvent les plus simples à utiliser, mais aucune hypothèse n'est faite sur le bruit de mesure et de ce fait ne l'élimine pas. Les résultats obtenus seront en général peu précis, mais parfois suffisant si l'on ne désire connaître que l'ordre de grandeur des différents paramètres.

** les méthodes statistiques ont pour avantage l'élimination théorique du bruit si l'on émet l'hypothèse qu'il n'est pas corrélé au signal d'entrée. Par contre, un gros inconvénient est la lourdeur des calculs des différentes fonctions de corrélation.

*** Les méthodes paramétriques sont certainement les méthodes les plus précises puisqu'elles permettent une atténuation importante du bruit. Mais elles font appel à une quantité de calcul important et parfois assez complexe à mettre en oeuvre. Elles ont aussi un autre inconvénient majeur qui est l'hypothèse de la connaissance à priori de l'ordre du système étudié. Elles peuvent malgré tout être utilisées dans certains cas de non-linéarité; la seule condition de base étant la linéarité de la sortie en fonction des paramètres.

Nous pouvons dire en conclusion que la méthode à utiliser sera fonction du système étudié, de l'habitude que l'on aura de traiter des problèmes d'identification, et du matériel informatique que l'on aura à sa disposition.

ANNEXE A2

Vérification que d_{xy} est une distance

Rappel de la définition de d_{xy}

$$d_{xy} = 1 - r_{xy}$$

$$r_{xy} = \frac{\int_0^{\infty} \min(x(t), y(t)) dt}{\left[\int_0^{\infty} x(t) dt \int_0^{\infty} y(t) dt \right]^{1/2}}$$

Les fonctions $x(t)$ et $y(t)$ sont positives. La fonction d_{xy} sera une distance si elle vérifie les trois conditions :

- 1) $d_{xy} = d_{yx}$
- 2) $d_{xy} = 0 \iff x(t) = y(t) \quad \forall t$
- 3) $d_{xy} + d_{yz} \geq d_{xz}$

La condition 1 est vérifiée de façon évidente

A2.1 Vérification de la condition 2

D'après la définition de d_{xy} , si $x(t)$ est égal à $y(t)$ quel que soit t , alors $r_{xy} = 1$, donc $d_{xy} = 0$

supposons maintenant que $d_{xy} = 0$. Ceci implique que

$$\int_0^{\infty} x(t) dt \int_0^{\infty} y(t) dt = \left(\int_0^{\infty} \min(x(t), y(t)) dt \right)^2 \quad \text{A2.3}$$

L'espace d'intégration se décompose en deux parties:

- un domaine H_x dans lequel $\min(x, y) = x$
- un domaine H_y dans lequel $\min(x, y) = y$

La relation A2.3 s'écrit

$$\left(\int_{H_x} x(t) dt + \int_{H_x} x(t) dt \right) \left(\int_{H_y} y(t) dt + \int_{H_y} y(t) dt \right) = \left(\int_{H_x} x(t) dt + \int_{H_y} y(t) dt \right)^2 \quad \text{A2.4}$$

Afin de simplifier l'écriture nous écrirons de la façon suivante

$$\begin{aligned} \int_{H_x} x(t) dt &= X_x \leq Y_x \\ \int_{H_x} y(t) dt &= Y_x \\ \int_{H_y} x(t) dt &= X_y \\ \int_{H_y} y(t) dt &= Y_y \leq X_y \end{aligned}$$

Avec ces notations et en développant la relation A2.4 il vient

$$X_x(Y_x - X_x) + X_y(Y_x - X_x) + Y_y(X_y - Y_y) + X_x(X_y - Y_y) = 0 \quad \text{A2.5}$$

Chacun de ces termes est le produit de deux éléments

le premier du type U_y est positif

le second du type $U_y - V_y$ est positif ou nul

La somme ne pourra être nulle que si tous les seconds termes sont nuls, c'est à dire

$$Y_x = X_x \quad \text{et} \quad X_y = Y_y$$

Ceci ne sera vérifié que si les fonctions $x(t)$ et $y(t)$ sont égales en tous points.

A2.2 Démonstration de la relation triangulaire

$$d_{xy} = d_{yz} \geq d_{xz}$$

cette relation s'écrit en fonction des r_{ij}

$$1 + r_{xz} \geq r_{xy} + r_{yz}$$

L'espace d'intégration se décompose en six zones suivant les valeurs respectives des trois fonctions. Il faut vérifier la relation dans les six zones.

A2.2.1 zone $x(t) \leq y(t) \leq z(t)$

La relation A2.6 s'écrit

$$1 + \left(\frac{\int x \cdot dt}{\int z \cdot dt} \right)^2 \geq \left(\frac{\int x \cdot dt}{\int y \cdot dt} \right)^2 + \left(\frac{\int y \cdot dt}{\int z \cdot dt} \right)^2$$

En ramenant tout dans le premier membre on obtient en adoptant la notation

$$S_u = \left(\int u(t) dt \right)^2$$

$$(S_y - S_x) \cdot (S_z - S_y) / S_y \cdot S_z$$

ce qui est positif dans la zone considérée

A2.2.2 zone $x(t) \leq z(t) \leq y(t)$

$$A = 1 + S_x^2 / S_x \cdot S_z$$

$$B = S_x^2 / S_x \cdot S_y + S_z^2 / S_y \cdot S_z$$

d'où

$$A = (S_z + S_x) / S_z$$

$$B = (S_x + S_z) / S_y$$

Le dénominateur de B est supérieur à celui de A, donc la relation A2.6 est vérifiée.

A2.2.3 zone $y(t) \leq x(t) \leq z(t)$

Dans ce cas $A = 1 + S_x / S_z$

$$B = S_y / S_x + S_y / S_z$$

Dans B on majore $y(t)$ par $x(t)$ pour retrouver A; donc $B \leq A$. La relation A2.6 est vérifiée

A2.2.3 zone $y(t) \leq z(t) \leq x(t)$

$$A = 1 + S_z / S_x$$

$$B = S_y / S_x + S_y / S_z$$

En majorant $y(t)$ par $z(t)$ on vérifie à nouveau la relation A2.6



A2.2.5 zone $z(t) \leq x(t) \leq y(t)$

$$A = 1 + Sz/Sx = (Sx + Sz)/Sx$$

$$B = (Sx + Sz)/Sy$$

Le dénominateur de B est supérieur à celui de A, donc $A \geq B$.

A2.2.6 zone $z(t) \leq y(t) \leq x(t)$

$$A = 1 + Sz/Sx$$

$$B = Sy/Sx + Sz/Sy$$

$$A - B = (Sy - Sz)/Sy + (Sz - Sy)/Sx$$

$$A - B = (Sy - Sz)(Sx - Sy)/(Sx.Sy)$$

donc $A - B$ est positif

Dans les six zones possibles la relation A2.6 est vérifiée
donc

$$d_{xy} + d_{yz} \geq d_{xz}$$

La troisième condition est vérifiée, la loi $d = 1 - r$ est une distance.

ANNEXE A3

Simulation du système d'épuration

Avant de parler de simulation, il est au préalable nécessaire de rappeler les divers paramètres intervenant dans le processus.

Les entrées sont

- le débit d'eau polluée
- le débit de boues de retour
- la concentration en pollution à l'entrée
- la concentration en micro-organismes dans les boues

L'action des micro-organismes sur la pollution est représentée par leur respiration $R(t)$ donnée par le pilote et modélisée sous la forme

$$\begin{aligned} R(t) &= R_1(t) + R_2(t) \\ R_1(t) &= KX(1 - \exp[-\mu(1 - e^{-Y/X})(S_0 - \int_0^t R(\tau) d\tau)]) \\ R_2(t) &= C_s(KX - R_1(t))(\beta \int_0^t R_1(\tau) d\tau - \int_0^t R_2(\tau) d\tau) \end{aligned} \quad A3.1$$

La concentration résiduelle en substrat à l'instant t est donnée par

$$S(t) = (1 + \beta) S_0 - \int_0^t R(\tau) d\tau \quad A3.2$$

Mais le pilote ne fait intervenir que la partie purement biologique de la réaction. Dans le bassin réel l'entrée n'est pas une impulsion de Dirac mais un débit continu. D'autre part le volume introduit à l'instant t sortira après un temps de séjour dépendant de la géométrie du bassin, du mode d'aération et de l'évolution des débits entre le moment où il entre et celui où il sort.

Nous nous sommes intéressé à un bassin du type piston, c'est à dire qu'il n'y a aucune interaction entre ce qui entre à l'instant t et l'instant $t + dt$. Dans ce cas la distribution des temps de séjour se réduit à une impulsion de Dirac et le temps de séjour est défini par

$$\int_{t_0}^{t_0+T_s} \text{débit } dt = \text{Volume} \quad A3.3$$

La simulation du bassin doit nous permettre d'en avoir une représentation à chaque instant et en particulier connaître l'évolution de la charge

tout au long du bassin. Ce profil se modifie en permanence en fonction de la variation des concentrations en entrée et de l'évolution des débits.

Une telle simulation peut difficilement être effectuée sur calculateur analogique. Nous avons donc choisi une méthode numérique permettant une plus grande souplesse et une utilisation beaucoup plus simple surtout grâce au développement actuel des mini-ordinateurs.

A3.1. Première méthode

Afin de représenter le bassin, plusieurs possibilités sont apparues

- 1) découper le bassin en tranches de longueur constante et repérer en chacun de ces points
 - la concentration du substrat
 - le temps qui a été nécessaire pour atteindre cette position depuis l'entrée
 - la concentration initiale ainsi que les paramètres biologiques correspondants.

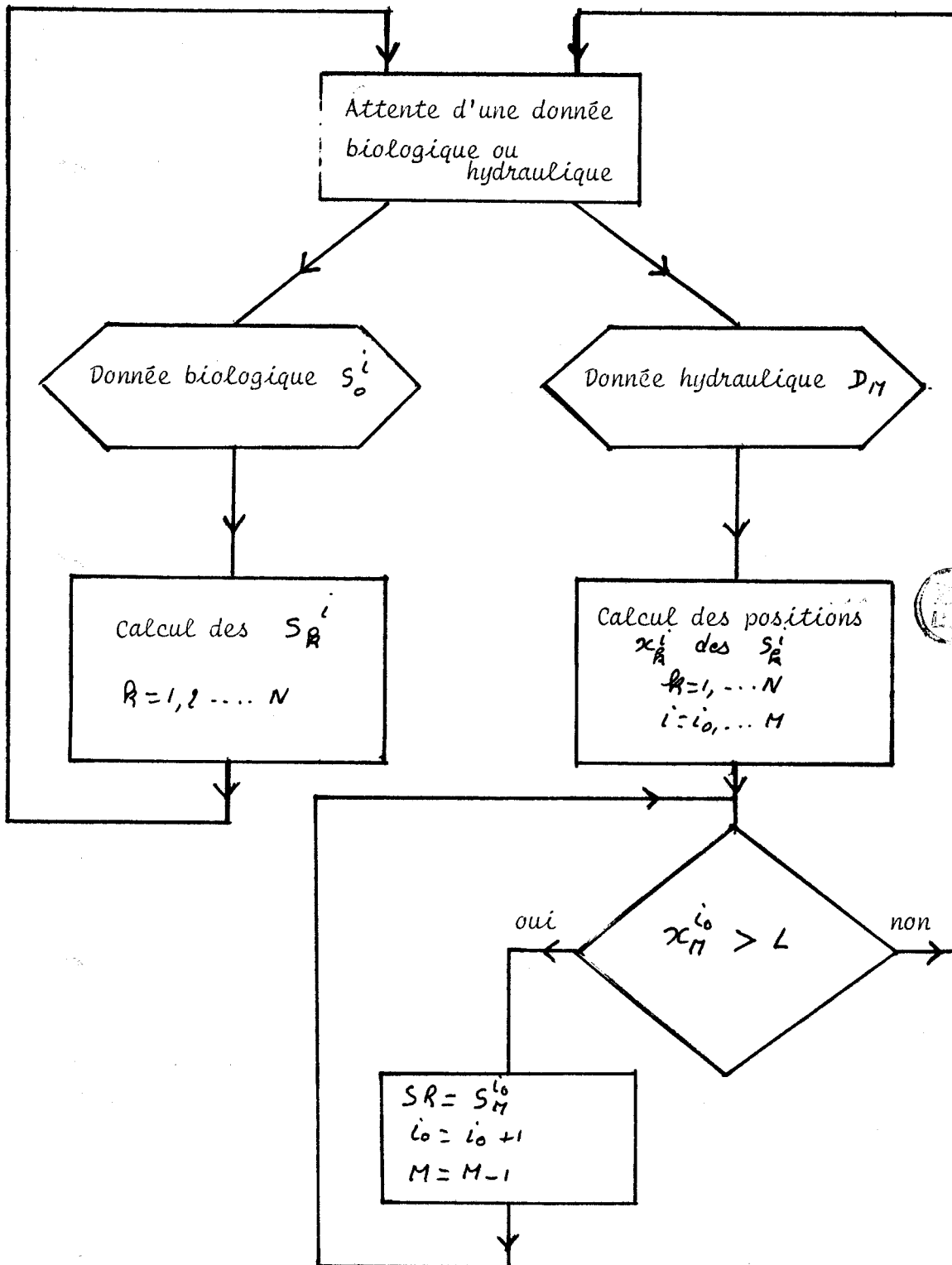
Cette méthode s'est avérée trop complexe car, le débit variant au cours du temps, le temps nécessaire à la traversée d'une tranche ne sera pas constant et devra sans cesse être corrigé.

- 2) découper le bassin en tranches de taille variable mais telles que en fonction des débits, le temps mis pour les traverser soit constant et égal à T_H , période de mesure du débit d'entrée.

Nous avons choisi cette seconde possibilité car elle ne nécessite aucune interpolation entre les points de mesure sauf au niveau de la sortie.

La méthode générale est présentée de façon simplifiée par l'organigramme 1.

Il apparaît donc nécessaire de construire un tableau faisant apparaître les S_k^i et les x_k^i où



ORGANIGRAMME 1

S_k^i est la concentration résiduelle en D.B.O. après un séjour dans le bassin de durée $k.T_H$. La concentration d'entrée valant S_0^i

x_k^i est l'abscisse correspondante à S_k^i ; c'est donc le déplacement dans le bassin pendant la durée $k.T_H$

Lors de l'arrivée d'une donnée biologique S_0^i et des paramètres correspondants p_i il est possible de calculer la ligne S_k^i , $k = 1 \dots N$

Une nouvelle valeur du débit permet le calcul des déplacements pour l'intervalle T_H venant de s'écouler. Si aucune donnée biologique n'a été fournie entre les instants d'échantillonnages $(m-1)T_H$ et mT_H nous considérerons que S_0^m est égal à S_0^{m-1} .

Le tableau 1 représente l'image vectorielle du bassin.

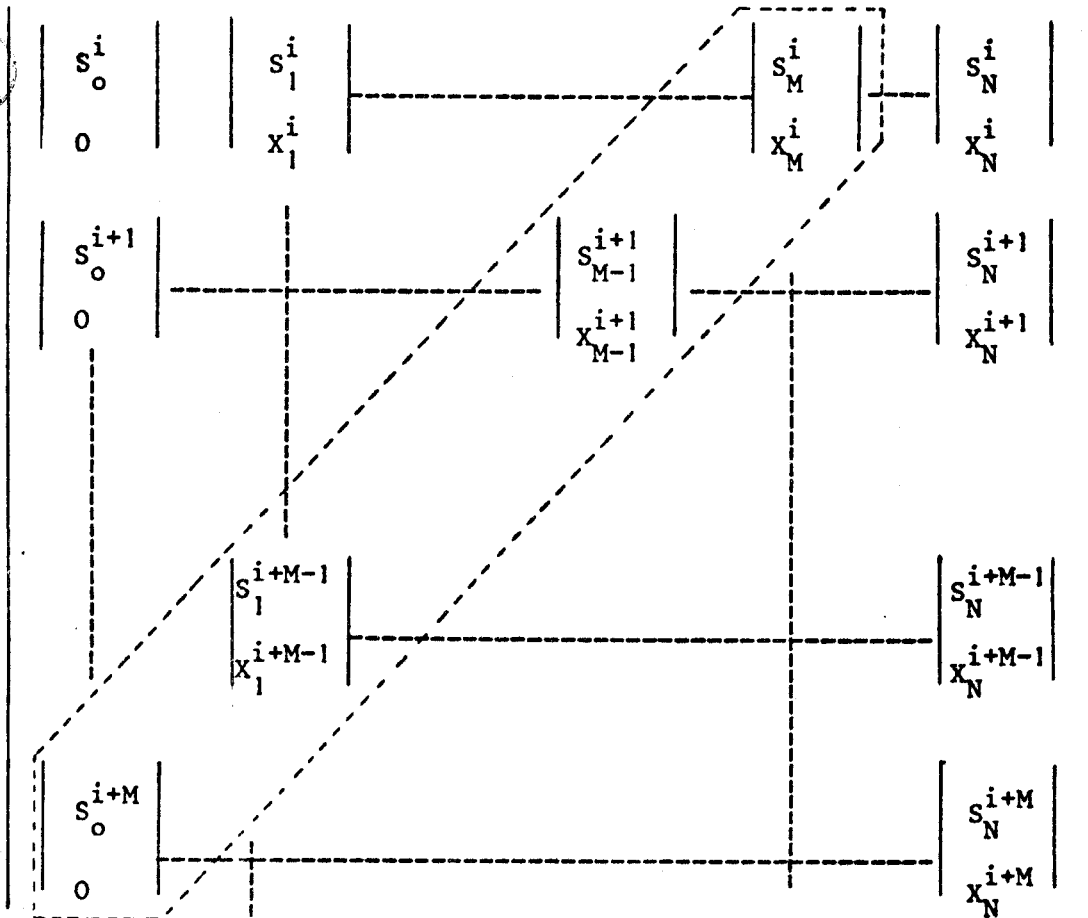


Tableau 1

La dernière donnée de débit a été faite à l'instant $(i+m).T_H$
Le profil du bassin est obtenu avec la diagonale entourée que nous
avons repris ci-dessous

$$\left| \begin{array}{cccc} S_0^{i+m} & S_1^{i+m-1} & \dots & S_{m-1}^{i+1} & S_m^i \\ 0 & x_1^{i+m-1} & \dots & x_{m-1}^{i+1} & x_m^i \end{array} \right| \quad A3.4$$

- Si L est la longueur du bassin, nous devons comparer x_m^i à L
- $x_m^i > L$: la concentration en sortie est obtenue en lisant S_m^i .
La première ligne du tableau devenue inutile est à supprimer
Nous comparons alors x_{m-1}^{i+1} à L .

Cette méthode, quoique relativement simple, présente un gros
inconvenient qui est la construction du tableau 1. Celui-ci va occuper
une place mémoire importante et la taille de chaque ligne définie par
n'est pas simple à déterminer. Par ailleurs une grande partie du
tableau fait référence soit au passé, soit au futur. Nous avons donc
cherché un moyen de supprimer ce tableau en ne présentant que le pro-
fil du bassin à chaque instant.

A3.2. Méthode simplifiée

Nous n'allons mémoriser que deux choses:

- les paramètres biologiques au fur et à mesure de leur arrivée
ainsi que leur numéro d'arrivée
- les positions dans le bassin correspondant aux x_k^i , et mis en
parallèle avec le numéro de la donnée biologique présente à cet
endroit.

A3.2.1. Mémorisation des données

a) Les données biologiques sont définies par les cinq paramètres du modèle.

Le vecteur biologique nommé BIO sera construit comme suit:

$$\text{BIO} = \{ N, p_1^N, p_2^N, p_3^N, p_4^N, p_5^N, p_1^{N+1}, p_2^{N+1}, \dots \} \quad \text{A3.5}$$

N correspond au numéro de la donnée biologique.

b) Le bassin sera représenté par le vecteur

$$k \quad \left| \begin{array}{cccc} k_1 & k_2 & k_3 & \dots & k_{N+1} \\ 0 & x_1^m & x_2^m & & x_{N+1}^m \end{array} \right| \quad \text{A3.6}$$

Les k_i sont les numéros des données biologiques se trouvant à la position x_{i-1}^m dans le bassin à l'instant $m.T_H$.

Les x_i^m sont fonction linéaire du débit. A l'instant $(m+1).T_H$ le bassin sera représenté par le vecteur

$$\left| \begin{array}{cccc} k_0 & k_1 & k_2 & \dots & \\ 0 & x_1^{m+1} & x_2^{m+1} & & \end{array} \right| \quad \text{A3.7}$$

Pour passer du vecteur A3.6 au vecteur A3.7 il suffit:

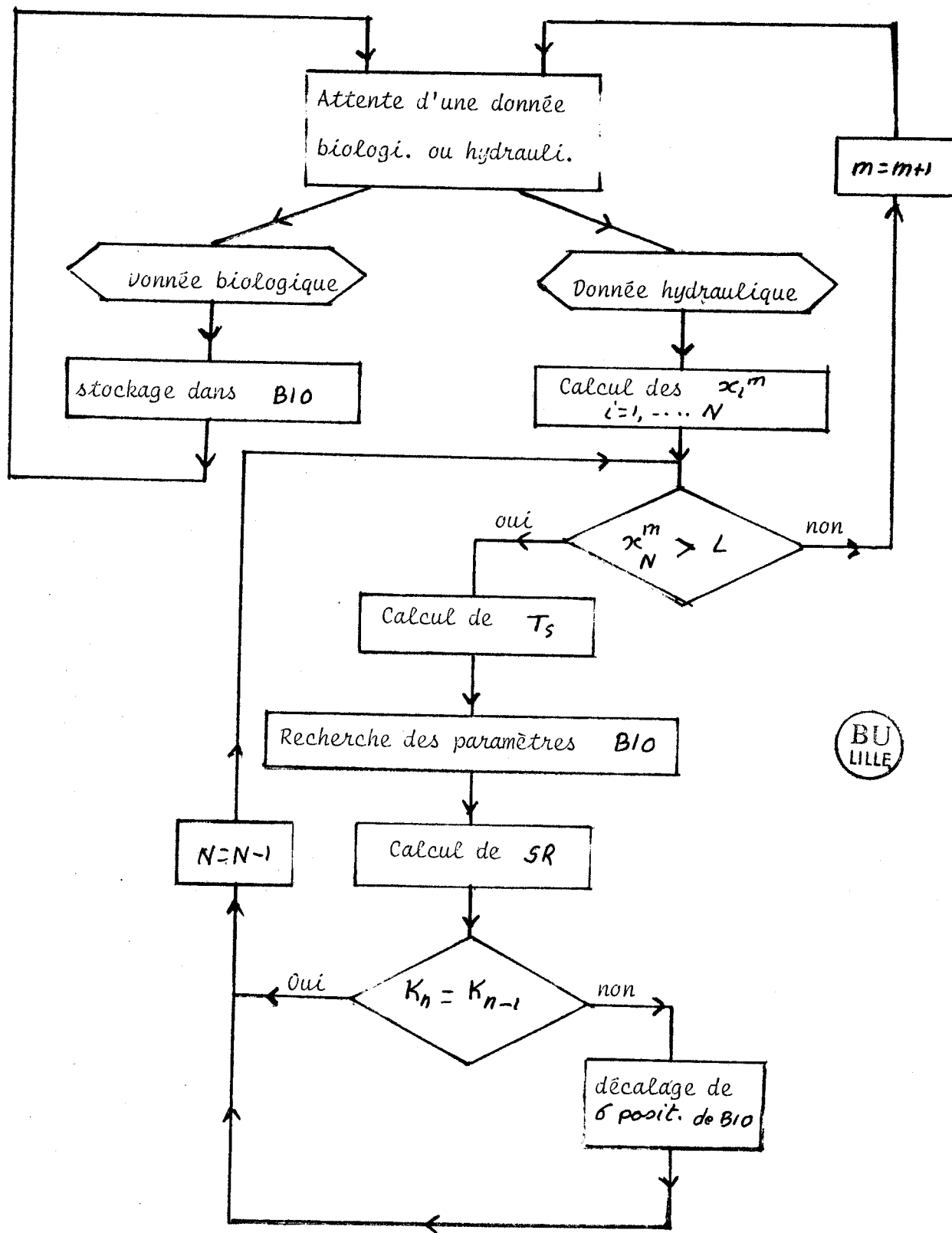
- de décaler de une position vers la droite la première ligne; k_0 sera le numéro de la nouvelle donnée biologique s'il en est apparue une entre les instants m et $m+1$, égal à k_1 sinon.

- de calculer les x_i^{m+1}

$$x_i^{m+1} = x_{i-1}^m + \lambda \text{ débit}$$

Plaçons nous à l'instant $m.T_H$. Nous devons comparer x_N^m à L . Si x_N^m est supérieur à L cela signifie que la donnée biologique représentée par le numéro k_{N+1} est sortie du bassin. Son temps de séjour dans le bassin T_s est obtenu par la relation 6.9.

$$T_s = T_H \cdot (N - (x_N^m - L) / x_1^m)$$



ORGANIGRAMME 2

la concentration correspondante en sortie est

$$SR = f_{bio} (S_0^{k_{N+1}}, P^{k_{N+1}}, T_s)$$

Le programme résultant de cette analyse est représenté par l'organigramme 2.

A3.2.2. Les résultats

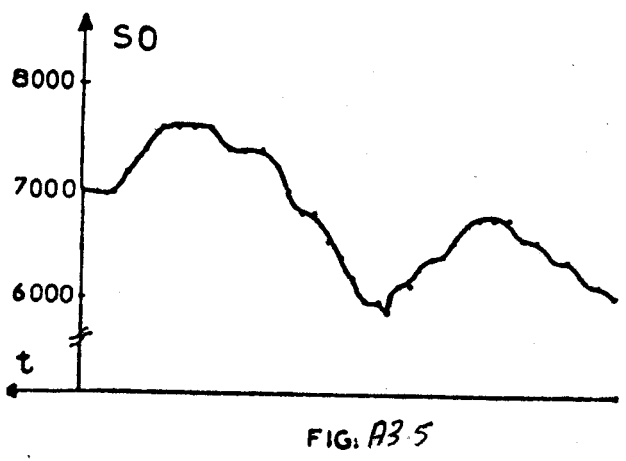
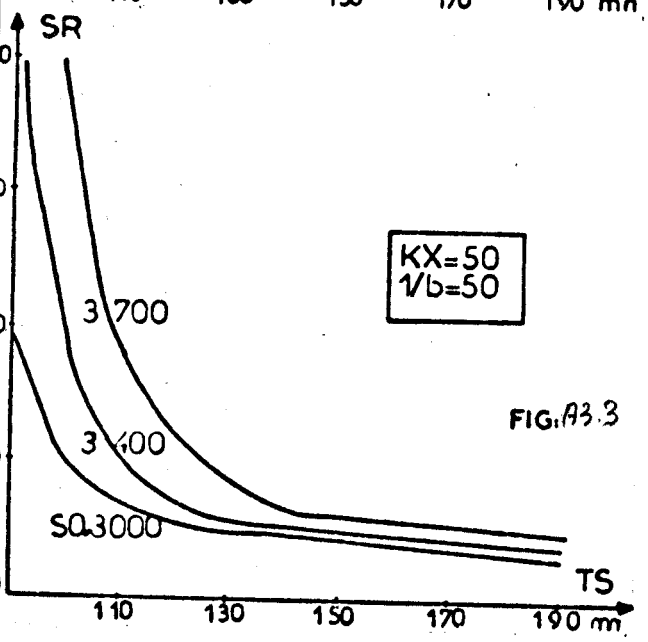
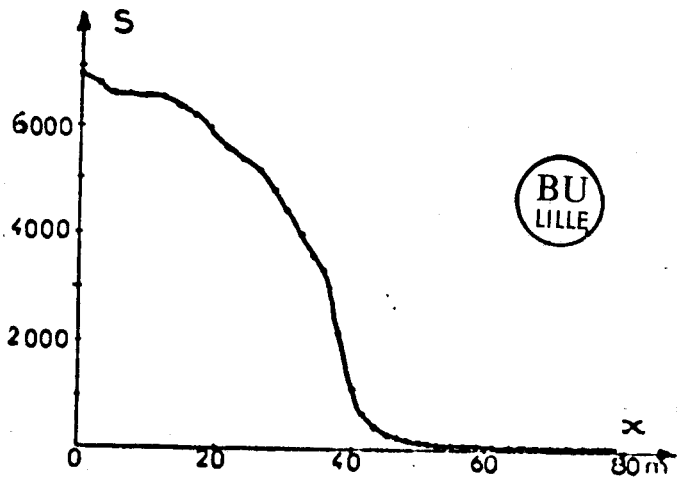
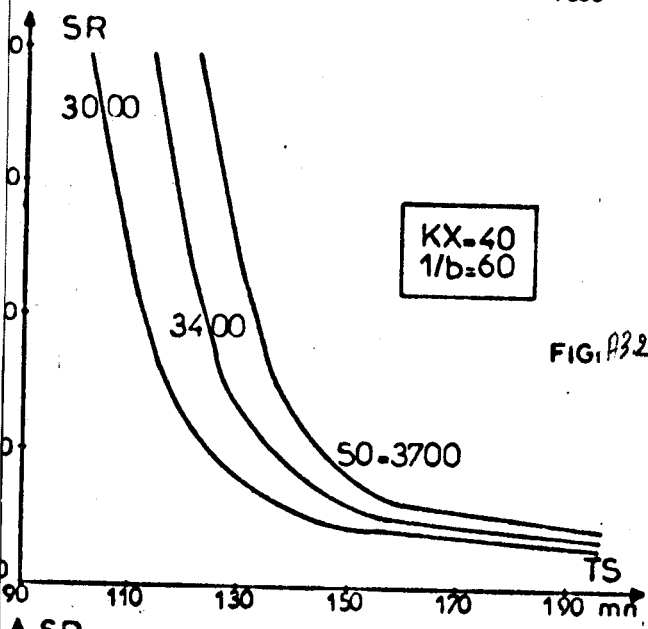
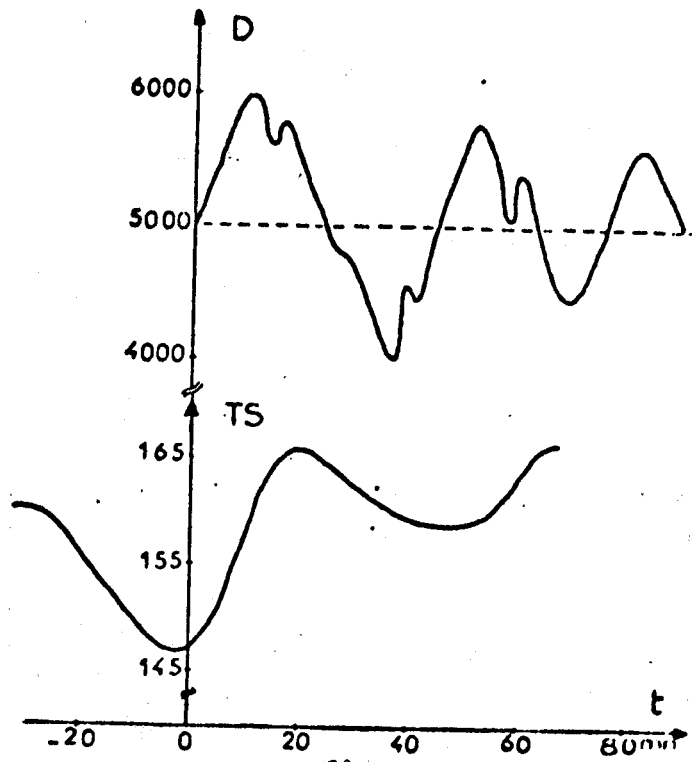
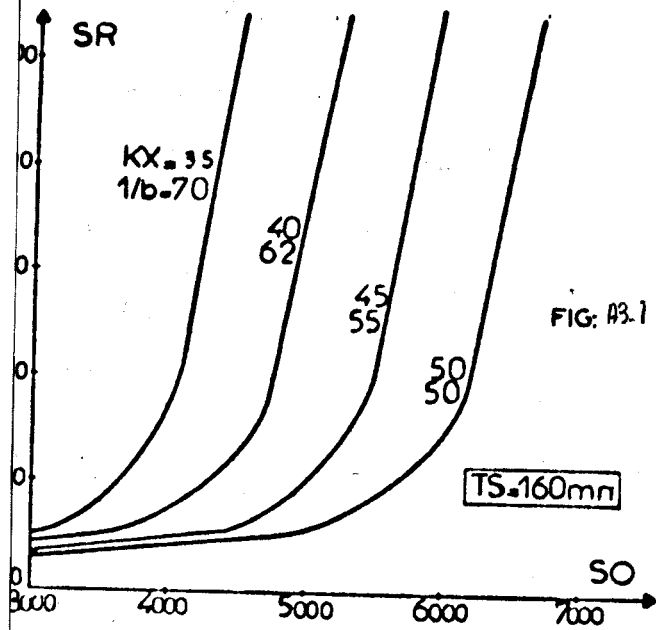
Nous avons implanté le programme écrit en Fortran sur un calculateur Télémécanique T 1600 . La place mémoire totale occupée est de 4 Kmots, Le temps calcul nécessaire à une boucle complète est inférieur à la seconde, ce qui est tout à fait négligeable devant la période d'échantillonnage que nous prévoyons de l'ordre de une à cinq minutes.

Le programme prévoit également la possibilité de sortir à tout moment le profil du bassin, c'est à dire la concentration en D.B.O. en fonction de la position.

Nous présentons ci-après des résultats de simulation permettant de faire l'étude du bassin. Quelques remarques peuvent être faites sur ces résultats.

La figure A3.4 est une mise en parallèle du temps de séjour d'un volume entré à l'instant t et du débit à ce même instant. Nous pouvons remarquer que le temps de séjour est une fonction de l'évolution future des débits.

La figure A3.5 représente un profil de bassin. Nous lui avons mis en parallèle l'évolution de la concentration en entrée; ceci nous a conduit à une échelle des temps inverse de celle des positions (la variation des débits est la cause de la non-linéarité des échelles) .



CHAPITRE I

LES DIVERSES ETAPES DE L'ETUDE D'UN PROCESSUS

1.1. Définition du processus -----	2
1.1.1. Le but de l'étude -----	2
1.1.2. Grandeurs de commande -----	2
1.1.3. Grandeurs mesurables -----	3
1.1.4. Système d'acquisition -----	3
1.1.5. Conclusion -----	4
1.2. La représentation du processus -----	5
1.2.1. Modélisation -----	5
1.2.1.1. Modèle de connaissance	
1.2.1.2. Modèle de représentation	
1.2.2. Identification des paramètres -----	6
1.3. Le système de commande -----	8
1.3.1. Choix du type de régulation -----	8
1.3.2. La chaîne de régulation -----	8
1.3.2.1. Système stationnaire	
1.3.2.2. Système non stationnaire	
1.4. Conclusion -----	11

CHAPITRE II

PRESENTATION DU SYSTEME BIOLOGIQUE

21 Description du système	12
22 Son fonctionnement	16
221 Biologique	16
222 hydraulique	16
223 l'interaction biologique-hydraulique	18
23 Grandeurs mesurables	19
24 Le pilote	21
241 son utilisation	21
242 les mesures	22
2421 calcul de $R(t)$	
2422 le filtrage	
2423 la précision	
25 Conclusion	31

CHAPITRE III

MODELISATION

3.1. Les buts et les méthodes	-----	32
3.2. Modélisation	-----	35
3.2.1. Modèle de croissance	-----	35
3.2.2. Modèle de dégradation	-----	42
3.2.2.1. Méthode de modélisation		
3.2.2.2. Modèle utilisable		
3.2.2.3. Vérification du modèle		
3.2.3. Conclusion	-----	53

CHAPITRE IV

IDENTIFICATION DES PARAMETRES

4.1. Systèmes non linéaires	56
4.1.1. Méthode du gradient	56
4.1.2. Méthode axe par axe	59
4.1.3. Conclusion	60
4.2. Application au système d'épuration des eaux	61
4.2.1. Identifiabilité	63
4.2.2. Méthode du gradient	64
4.2.2.1. Evolution des paramètres	
4.2.2.2. Calcul des sensibilités	
4.2.2.3. Adaptation à la classe particulière du modèle	
4.2.2.4. Algorithme d'identification	
4.2.2.5. Résultats	
4.2.3. Méthode axe par axe	72
4.2.3.1. Algorithme utilisé	
4.2.3.2. Sensibilité au bruit	
4.2.4. Conclusion	78

CHAPITRE V

DECOMPOSITION DE L'ESPACE PARAMETRIQUE EN SOUS-ESPACES

5.1. Création des sous-espaces -----	80
5.1.1. Définition d'un coefficient de ressemblance -----	80
5.1.2. Détermination des sous-espaces -----	82
5.1.2.1. Sous-espaces à deux dimensions	
5.1.2.2. Concaténation des sous-espaces à deux dimensions	
5.1.3. Exemple particulier -----	85
5.2. Application de l'identification -----	86
5.2.1. Application au modèle biologique -----	87
5.2.2. Détermination des sous-espaces -----	91
5.2.3. Algorithme d'identification -----	93
5.2.4. Résultats -----	93
5.3. Conclusion -----	101

CHAPITRE VI

SUR LES METHODES DE REGULATION

6.1. Régulation en boucle fermée	-----	103
6.2. La sortie n'est pas mesurable	-----	105
6.3. La régulation	-----	107
6.3.1. Les méthodes de régulation	-----	108
6.3.1.1. Méthode R F E		
6.3.1.2. Méthode R F S		
6.3.1.3. Méthode R F E I		
6.3.2. Exemple d'application	-----	112
6.3.2.1. Les entrées sorties		
6.3.2.2. La régulation		
6.3.3. Application au système d'épuration	-----	117
6.3.3.1. Calcul du débit		
6.3.3.2. Les résultats		
6.4. Conclusion	-----	123

- CONCLUSION	-----	124
- BIBLIOGRAPHIE	-----	126
- ANNEXES : 1 - 2 - 3 -		
1. Identification des systèmes linéaires	-----	132
2. Vérification que d_{xy} est une distance	-----	148
3. Simulation du système d'épuration	-----	152



Après avoir présenté une station d'épuration et décrit les rares possibilités de mesure, nous définissons la seule grandeur accessible et représentative de l'activité des microorganismes : la vitesse de consommation d'oxygène. Le chapitre suivant traite de la modélisation. En ne se basant que sur des considérations physiques, une loi liant la respiration des microorganismes aux divers paramètres internes a pu être établie. Les non linéarités et la dépendance de certains paramètres nous ont conduit à utiliser une méthode d'identification originale. L'utilisation d'un coefficient de ressemblance des fonctions de sensibilité permet une décomposition de l'espace paramétrique en sous espaces. L'identification peut se faire de façon globale dans chacun des sous espaces.

Enfin une approche du problème de la commande est abordée par la présentation de trois méthodes possibles.

* MOTS CLES : Modélisation - Identification - Systèmes non linéaires -
Biotechnologie