Commande prédictive d'un système biologique : comparaison entre les approches par linéarisation et non linéaire

Firas Rouissi

▶ **To cite this version:**

Firas Rouissi. Commande prédictive d'un système biologique : comparaison entre les approches par linéarisation et non linéaire. Automatique / Robotique. 2009. dumas-00407321

HAL Id: dumas-00407321

https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-00407321

Submitted on 24 Jul 2009

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

This document must be cited according to its final version which is the Master of Science thesis:

Firas Rouissi[1],

« Commande prédictive d'un système biologique : Comparaison entre les approches par linéarisation et non linéaire», rapport de stage de fin d'études de Master STS mention Génie Electrique Génie des Procédés[1], parcours recherche Génie des Systèmes Automatisés[2], UCBL1, 2008-2009

Advisors :

Madiha Nadri-Wolf[3] and Pascal Dufour[3]

All open archive documents of Pascal Dufour are available at:
http://hal.archives-ouvertes.fr/DUFOUR-PASCAL-C-3926-2008

The professional web page (Fr/En) of Pascal Dufour is:
http://www.lagep.univ-lyon1.fr/signatures/dufour.pascal

1
http://mastergegp.univ-lyon1.fr

2
http://m2rgsa.univ-lyon1.fr/

3
Université de Lyon, Lyon, F-69003, France; Université Lyon 1;
CNRS UMR 5007 LAGEP (Laboratoire d'Automatique et de GEnie des Procédés),
43 bd du 11 novembre, 69100 Villeurbanne, France
Tel +33 (0) 4 72 43 18 45 - Fax +33 (0) 4 72 43 16 99
http://www-lagep.univ-lyon1.fr/ http://www.univ-lyon1.fr http://www.cnrs.fr

Année universitaire 2009-2010

UFR GEP (Génie Electrique et des Procédés)
ufr-gep.univ-lyon1.fr

Master STS, mention GEGP, parcours recherche GSA
http://m2rgsa.univ-lyon1.fr

Stage de fin d'études en laboratoire

Commande prédictive d'un système biologique : comparaison entre les approches par linéarisation et non linéaire

Stage effectué du 15/01 au 31/07

Rapport de stage effectué par :
Rouissi Firas (firas.rouissi@gmail.com)

Encadrants universitaires :
Dufour Pascal (dufour@lagep.univ-lyon1.fr)
Nadri Madiha (nadri@lagep.univ-lyon1.fr)

Table des matières

Table des matières 2

Liste des figures 4

1. Remerciements 6

2. Introduction Générale 7

3. Chapitre 1 : Système biologique 9

3.1. Introduction 9

3.2. Présentation générale du bioprocédé 9

3.3. Commande des bioréacteurs 10

3.4. Modélisation et problèmes mathématiques pour les bioprocédés 11

3.4.1. Bilan de matière 11

3.4.2. La modélisation des bioprocédés 11

3.5. Observation des bioprocédés 13

3.6. Modèle utilisé 14

3.7. Modèle linéarisé 17

3.8. Etude en Boucle Ouverte 18

4. Chapitre 2 : Observation 20

4.1. Introduction 20

4.2. Observateurs 21

4.2.1. Estimation des entrées inconnus 21

4.2.2. Observateurs linéaires 22

4.2.3. Observateurs non-linéaires 23

4.3. Observabilité du bioprocédé 23

4.4. Observation du bioréacteur 25

4.5. Tests en boucles ouvertes 25

5. Chapitre 3 : Commande en Boucle Fermée 28

5.1. Introduction 28

5.2. Commande prédictive 28

5.3. Structure de commande 30
5.4. Conditions de simulation 32
5.5. Problème résolu avec fmincon 33
5.6. Problème résolu avec lsqnonlin 34
5.7. Problème résolu avec MPC@CB 37
5.8. Comparaison enter les 3 approches 39
5.9. Etude de la robustesse de la loi de commande prédictive non-linéaire 40
6. Conclusion générale 42
7. Bibliographie 43

Liste des figures

Figure 3.1. Principe de fonctionnement d'un bioréacteur 10

Figure 3.2. Réponse en boucle ouverte pour u=0 15

Figure.3.3. Réponse du procédé à une entrée de type échelon (u=0.1 h^{-1}) 16

Figure 3.4. Effet de la variation de la période d'échantillonnage sur la dynamique du système 16

Figure.3.5. Effet de la valeur de la commande sur la dynamique de la biomasse(x_1) 18

Figure.3.6. Effet de la valeur de la commande sur la dynamique du substrat(x_2) 19

Figure.3.7. Caractérisation de la nonlinéarité du modèle 19

Figure 4.1. Observateur en boucle ouverte: effet de la variation de θ 26

Figure 4.2. Observateur en boucle ouverte: effet de la variation de ρ 26

Figure 4.3. Observateur en boucle ouverte (erreur de CI de 40 % sur le substrat) : meilleure Observation obtenu avec ρ= 1 θ= 0.5 27

Figure.4.4. Observateur en boucle ouverte (erreur de CI de 40 % sur le substrat) : obtenu avec ρ= 1 θ= 0.5 27

Figure 5.1. Principe de la commande prédictive (GONZALEZ, 2001) 29

Figure.5.2. Structure générale de la commande IMC-MPC sans observateur 31

Figure.5.3. Structure de la commande IMC-MPC avec observateur 31

Figure.5.4. fmincon : suivi de trajectoire avec observateur 33

Figure.5.5. fmincon : Temps nécessaire pour le calcul de la commande 33

Figure.5.6. fmincon : suivi de trajectoire sans observateur 34

Figure.5.7. fmincon: Comparaison entre fonctionnement avec et sans observateur 34

Figure.5.8. lsqnonlin: suivi de trajectoire avec observateur 35

Figure.5.9. lsqnonlin: Temps nécessaire pour le calcul de la commande 35

Figure.5.10. lsqnonlin: suivi de trajectoire sans observateur 36

Figure.5.11. lsqnonlin: Comparaison entre fonctionnement avec et sans observateur 36

Figure.5.12. structure générale de la commande MPC@CB (Dufour, 2003) 37

Figure.5.13. MPC@CB: suivi de trajectoire avec observateur 37

Figure.5.14. MPC@CB : Temps nécessaire pour le calcul de la commande 38

Figure.5.15. MPC@CB: suivi de trajectoire sans observateur 38

Figure.5.16. MPC@CB: Comparaison entre fonctionnement avec et sans observateur 39

Figure.5.17. Comparaison entre les 3 commandes 39

Figure5.18. Ecart entre réponse pour fmincon et lsqnonlin 40

Figure.5.19. Robustesse de la commande avec 10% d'erreur sur μ_{max} 41

Figure.5.20. Robustesse de la commande avec plus que 50% d'erreur sur k_s 41

1. Remerciements

Je tiens à remercier M. Di Loreto, Maître de Conférences à l'INSA de Lyon, pour avoir accepté de présider l'évaluation de ce travail.

J'adresse mes sincères remerciements aussi à Mme Nadri et M. Dufour, Maîtres de Conférences à l'Université Claude Bernard Lyon 1 pour l'encadrement, l'aide précieuse et l'encouragement qu'ils m'ont apporté pendant toute la période de réalisation de ce projet.

Je voudrais également remercier le personnel du Laboratoire d'Automatique et de Génie de Procédé pour l'accueil chaleureux durant la période de stage.

Que tous ceux qui ont contribué de près ou de loin à la réalisation de ce projet trouvent ici l'expression de ma profonde reconnaissance.

2. Introduction Générale

L'Automatique des procédés biologiques de traitement des eaux usées est un domaine en pleine expansion. Les efforts de recherche liés à l'Instrumentation, le Contrôle et l'Automatisation de ces systèmes biologiques sont en fait motivés par plusieurs facteurs.

Tout d'abord, la prise de conscience collective de l'importance de préserver l'environnement – et en tout premier lieu l'eau – a amené les instances législatives de la plupart des pays à édicter des lois de plus en plus contraignantes relativement à la gestion et au traitement de leurs déchets et de leurs effluents. Ensuite, la nature même des problèmes à résoudre, la nécessité d'appréhender les problèmes dans leur globalité et leur diversité amènent naturellement les experts de l'analyse et du contrôle des systèmes dynamiques à jouer un rôle important dans cette problématique. Enfin, la nécessité de mieux comprendre la multitude des phénomènes mis en jeu et leurs interactions fait du traitement biologique de la pollution un domaine de choix pour les experts de la modélisation.

La voie biologique de traitement des déchets et des effluents consiste en l'utilisation de microorganismes confinés dans des bassins dans lesquels les conditions environnementales et hydrodynamiques doivent être maintenues appropriées pour faciliter la dépollution. A ce titre, elle allie simplicité et atouts environnementaux en utilisant uniquement les capacités épuratoires d'écosystèmes naturels. Un des défis majeurs est alors de développer des procédés fiables, robustes et peu coûteux permettant le traitement simultané ou séquentiel des diverses sources de pollution. Or, du fait de la grande variabilité des intrants et de la mixité des populations microbiennes qui traitent ces pollutions, la stabilité, les performances et la robustesse des systèmes de dépollution ne peuvent être obtenues que par une pénétration très importante de l'Automatique dans leur gestion et leur contrôle.

Ainsi est apparue au fil de ces deux dernières décades une Automatique du traitement biologique des eaux usées dans le cadre de laquelle s'inscrivent ces travaux. Car si le domaine a bénéficié d'importants efforts de recherche, de nombreux problèmes théoriques demeurent. De plus, l'application de ces méthodes spécifiques de l'Automatique dans un contexte industriel, voire même simplement pilote, fait encore largement défaut.

La plupart des approches d'estimation et de commande développées jusqu'à aujourd'hui, y compris celles proposées pour le cas spécifique des procédés biologiques, nécessitent la connaissance de toutes les entrées du système. Si l'objectif est de se passer de cette connaissance et si les termes cinétiques sont connus, des approches d'estimation par observateurs à entrées inconnues sont possibles. Toutefois, la modélisation des cinétiques réactionnelles n'est pas chose aisée et elles doivent être considérées le plus souvent comme inconnues. Dans ce cas, il est difficile de reconstruire les variables non-mesurées sans la connaissance, même partielle, de toutes les entrées du système. Le système est alors dit « non observable pour ces entrées » et les approches classiques ne peuvent pas s'appliquer. Plutôt que de reconstruire la valeur exacte des variables non mesurées, une alternative

consiste alors à se contenter de reconstruire des bornes à l'intérieur desquelles il est possible, sous certaines conditions, de garantir que les variables non mesurées demeurent.

L’objectif de travail est de comparer le logiciel MPC@CB, conçu pour travailler en utilisant une stratégie de commande par linéarisation, à l’approche non linéaire. On utilise donc ici des techniques de commande non linéaire et un observateur.

Le rapport est structuré comme suit. Dans le chapitre 1 le procédé biologique est présenté, les problèmes de la modélisation, l’observation et la commande sont cités. On présente ensuite le modèle utilisée et une étude en boucle ouverte. Le chapitre 2 est consacré à la description de l’observateur utilisée, l’évaluation de ses paramètres ainsi qu’une étude de l’observabilité du procédé. Le chapitre 3 regroupe l’ensemble des résultats de commandes non linéaires par simulation avec les fonctions fmincon et lsqnonlin, et par linéarisation par MPC@CB, en présence et sans observateur.

3. Chapitre 1 : Système biologique

3.1. Introduction

L'intérêt pour les bioprocédés est de plus en plus croissant. De tels procédés concernent des secteurs aussi divers que la pharmacie, l'agro-alimentaire, la chimie ou l'énergie.

Le principe de fonctionnement d'un bioprocédé peut être décrit comme suit : une population de micro-organismes (la biomasse formée de bactéries, levures, champignons, etc.) se développe en consommant certains nutriments (le substrat contenant principalement du carbone et de l'azote) sous des conditions environnementales favorables.

Ces procédés ont pour objectif la production de la biomasse ou de produits aussi divers que les protéines, les antibiotiques l'alcool, les pesticides, etc. Ils peuvent également êtres utilisés à des fins de dépollution biologique c'est çà dire la dégradation de substances polluantes par la biomasse.

3.2. Présentation générale du bioprocédé

Les bioprocédés sont couramment utilisés pour la dépollution des effluents chargés de matière organique. En effet, certains secteurs comme l'industrie papetière et l'industrie agro-alimentaire génèrent de grandes quantités de polluants organiques.

Dans ce contexte, les micro-organismes (biomasse) qui sont à l'origine de la digestion anaérobie ou aérobie permettent la dégradation des substrats complexes en biogaz. Par ailleurs, ce bioprocédé comporte un intérêt énergétique additionnel car le biogaz produit est composé principalement de dioxyde de carbone et de méthane, ce dernier peut être utilisé comme source d'énergie. Ainsi, à part les micro-organismes, il y a deux éléments nécessaires pour l'existence de ce bioprocédé, à savoir un bioréacteur et un substrat. En effet, le procédé de digestion anaérobie se déroule en absence d'oxygène dans le bioréacteur où les micro-organismes transforment le substrat chargé de matière organique en gaz suivant quatre étapes successives.

<u>Le bioréacteur :</u>

Un bioréacteur, autrement connu comme fermenteur, est le récipient où se produit la synthèse du gaz à partir du substrat (s) (matière généralement organique) qui a été digéré par la biomasse (x) (substance vivante). D'une manière générale, le bioréacteur est constitué d'une alimentation en substrat à un débit *Qe*, d'une extraction du milieu déjà traité à un débit *Qs* et d'une sortie du gaz produit (Figure 1.1).

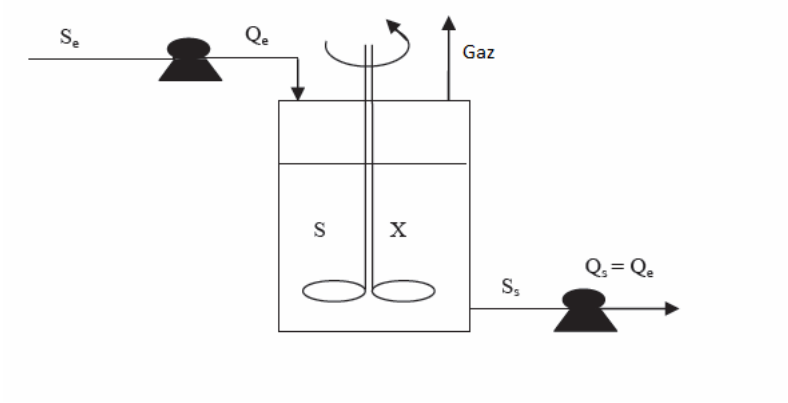

Figure 3.1. Principe de fonctionnement d'un bioréacteur

Le bioréacteur peut avoir différents modes opératoires :

- Discontinu : couramment désigné par le terme anglais « batch », les bactéries et le substrat sont laissés à l'intérieur du bioréacteur sans aucune intervention additionnelle ($Qe = Qs = 0$) ; l'expérience est considérée terminée lorsque les bactéries ont dégradé la totalité du milieu.

- Semi-continu : connu aussi comme « fed- batch », le fermenteur est alimenté progressivement en substrat mais sans extraction du milieu ($Qe \neq 0$, $Qs = 0$) ; l'expérience est arrêtée une fois que le bioréacteur est plein. Ce mode opératoire est utilisé pour les volumes en expansion.

- Continu : l'alimentation et l'extraction du milieu sont effectuées avec le même débit ($Qe = Qs \neq 0$) pour avoir un volume constant à l'intérieur du réacteur. En théorie, une expérience en mode continu peut avoir une durée infinie, structurée en deux étapes : l'étape de démarrage qui consiste en l'adaptation des bactéries aux conditions opératoires et l'étape en régime permanent qui commence lorsque le procédé atteint son point de fonctionnement.

Ce dernier mode opératoire est le plus intéressant car le traitement du substrat et la récupération du gaz produit peuvent être effectués en permanence. Dans le domaine de la dépollution des effluents industriels faisant intervenir la digestion anaérobie, le mode opératoire couramment utilisé est le mode continu. En effet, les substrats à traiter arrivent aux stations d'épuration de manière continue pendant toute la journée. Dans le cadre de notre étude expérimentale, nous considérerons le mode continu.

3.3. Commande des bioréacteurs

La problématique de commande des procédés biologiques est trop souvent présentée comme limitée à la régulation de systèmes non-linéaires mono variables en présence de perturbations externes. S'il est vrai que la plupart des problèmes de commande rencontrée dans l'industrie du traitement de l'eau trouve une solution adéquate dans l'implémentation d'un simple régulateur de type PID (Proportionnel Intégral Dérivé), il n'en

demeure pas moins que nombre de problèmes d'automatique subsistent. Par rapport aux autres domaines scientifiques, la particularité fondamentale des procédés biologiques est la présence de cellules vivantes. A ce titre, il faut d'emblée se placer dans un contexte d'incertitude des modèles – et ce quel que soit le problème considéré.

Ainsi, dans le domaine du traitement de l'eau, parmi les objectifs ciblés on peut citer entre autre : la régulation de la pollution en sortie, la stabilisation du procédé, l'optimisation de la production de méthane et la régulation du pH. Pour atteindre ces objectifs, la plupart des techniques de commande connues ont été explorées. Dans (Vanrolleghem, 1999), un résumé des techniques alternatives pour la commande des bioprocédé est présentée : commande non-linéaire linéarisante, adaptative, robuste, optimale, floue. Une autre technique intéressante à considérer est la commande linéarisante adaptative proposée par (Lakrori, 1999). Son principe repose sur des transformations logarithmiques et exponentielles des variables pour prendre en compte les contraintes physiques des bioprocédés (HERNANDEZ, 2005).

D'autre part l'utilisation des bioréacteurs ne s'arrête pas au traitement de l'eau. Les industries agro-alimentaires, vinicoles et bien d'autres l'utilisent pour résoudre des problèmes très variés. Par exemple, la réduction des boues et le traitement de la vinasse entre autre. Ceci implique que les objectifs de commande dépendent des applications particulières.

3.4. Modélisation et problèmes mathématiques pour les bioprocédés

3.4.1. Bilan de matière

Les modèles, formés d'un ensemble d'équations différentielles non linéaires, sont obtenus à partir des équations dynamiques de bilan sur le bioréacteur. Un bilan de matière définit l'accumulation d'un composé comme étant la somme de ce qui est apporté ou produit, diminué de ce qui est soutiré ou consommé, soit :

Accumulation = (Entrée + Production) – (Sortie + Consommation)

L'écriture d'un bilan pour chaque composé aboutit à la proposition d'un modèle global du procédé. La partie traduisant les réactions biologiques est représentée par les termes Production et Consommation.

3.4.2. La modélisation des bioprocédés

Synthétiquement, les processus biologiques que nous étudions peuvent être classés en deux familles distinctes :

- Les réactions microbiologiques dans lesquelles la transformation d'un substrat **S** en un produit **P** est associée à une croissance de la masse microbienne **X**. Par analogie avec les procédés chimiques, on dira que ce type de réaction est auto-catalytique car la vitesse de réaction est alors associée à la concentration de **X** dans le réacteur.

Une réaction biologique de ce type est schématiquement représentée par le schéma réactionnel suivant : $S \rightarrow X + P$

- Les réactions enzymatiques dans lesquelles l'utilisation du substrat n'est pas directement liée à une croissance microbienne mais à la présence d'une enzyme **E**. Le schéma réactionnel est alors donné par : $S + E \rightarrow E + P$

Dans ce cas, c'est seulement la présence des micro-organismes qui est importante et non leur concentration. En fait, ce sont les enzymes libérées par ces micro-organismes pendant la réaction qui jouent un rôle de catalyseur de type chimique. Puisque les enzymes sont produites par **X**, on peut dire que **X** lui-même s'apparente au catalyseur de la réaction et on aura : $S + X \rightarrow X + P$

Par analogie aux réactions chimiques de ce type, on dira que cette réaction biologique est une réaction catalytique.

Une réaction biologique est un ensemble de m réactions dans lesquelles interagissent n composants. L'ensemble de ces réactions est appelé le « réseau de réactions » ou le « réseau réactionnel ». Les composants sont essentiellement de trois types :

- Les différentes espèces de micro-organismes présentes,

- Les substrats, ces derniers pouvant être sous une forme liquide, solide ou gazeuse,

- Les produits, ces derniers pouvant être considérés comme des substrats si le réseau réactionnel fait apparaître des réactions en série, le produit d'une réaction étant alors le substrat d'une autre (Harmand, 2004).

Considérons un réacteur de volume V parfaitement homogène dans toutes ses phases dans lequel se déroule une réaction microbiologique dans laquelle une biomasse X croît sur un substrat S qui est transformé en un produit P. Notons l'état $x = (X\ S\ P\ V)^T$ où T représente l'opération de transposition, Q_{in} et Q_{out} les débits entrant et sortant du réacteur (qui sont des actions de commande possibles), S_{in} la concentration en substrat dans l'alimentation (on suppose ici qu'il n'y a ni biomasse ni produit dans l'alimentation) qui n'est pas une action de commande. En appliquant le principe de conservation de la masse au réacteur, on peut écrire le bilan suivant :

$$\begin{cases} \dfrac{dXV}{dt} = r_X(x) - Q_{out}X \\ \dfrac{dSV}{dt} = -r_S(x) + Q_{in}.S_{in} - Q_{out}.S \\ \dfrac{dPV}{dt} = r_P(x) - Q_{out}.P \\ \dfrac{dV}{dt} = Q_{in} - Q_{out} \end{cases} \qquad (3.1)$$

Avec des conditions initiales adéquates qui peuvent êtres connus ou pas à l'avance, les fonctions r_X, r_P et r_S sont les cinétiques réactionnelles, c'est-à-dire respectivement les vitesses auxquelles X et P sont formés et S est utilisé (dégradé si l'on se place dans un contexte de traitement).

Un réacteur décrit par les équations bilan I.1 et fonctionnant en continu (V est alors constant) est alors décrit par :

$$\begin{cases} \dot{X} = \dfrac{r_X(x)}{V} - \dfrac{Q}{V}X \\ \dot{S} = -\dfrac{r_S(x)}{V} + \dfrac{Q}{V}S_{in} - \dfrac{Q}{V}S \\ \dot{P} = \dfrac{r_P(x)}{V} - \dfrac{Q}{V}P \end{cases} \tag{3.2}$$

Avec les conditions initiales adéquates toujours prises en considération.

En ce qui concerne les expressions des cinétiques, dans la mesure où la masse de microorganismes provient de la transformation du substrat, nous avons généralement la relation stœchiométrique $r_S = r_X Y_1$, où Y_1 est un coefficient de conversion. De même on a $r_P = r_X Y_2$.

Nous avons également noté ci-dessus que dans le cas d'une réaction auto-catalytique, nous avions $r_X(x) = f(x)X$, la fonction f étant elle-même dépendante de nombreux facteurs tels que la température ou le pH du milieu réactionnel. Toutefois, dans la plupart des réactions, les valeurs optimales des conditions environnementales sont connues et les utilisateurs se contentent de les réguler autour de leurs optimaux. De fait, f est souvent une fonction des seules concentrations de composants intervenant dans la réaction. En supposant que f est uniquement une fonction du substrat, nous avons $r_X = f(S)X$. Enfin, rapportée au volume du réacteur, la vitesse réactionnelle est exprimée comme $\mu(S) = f(S)\ V$ d'où l'expression finale du modèle du système :

$$\begin{cases} \dot{X} = \mu(S)X - \dfrac{Q}{V}X \\ \dot{S} = -\dfrac{\mu(S)}{Y_1}X + \dfrac{Q}{V}S_{in} - \dfrac{Q}{V}S \\ \dot{P} = \dfrac{\mu(S)}{Y_2}X - \dfrac{Q}{V}P \end{cases} \tag{3.3}$$

3.5. Observation des bioprocédés

L'activité biologique à l'intérieur des bioréacteurs est détectée grâce au suivi de l'évolution de certaines variables indicatrices, telles que le pH, le gaz produit, le substrat et la biomasse. Néanmoins, tous ces indicateurs ne sont pas toujours accessibles. En effet, actuellement il existe encore peu de capteurs à prix abordable pour mesurer certaines variables biologiques comme la biomasse. Par ailleurs, d'autres variables telles que le substrat peuvent demander beaucoup de temps pour être mesurées. Du point de vue de l'automatique, la connaissance en ligne des états biologiques est impérative dans la perspective de l'élaboration des stratégies de commande (HERNANDEZ, 2005). Une alternative à la mesure directe d'une variable est de recourir à un estimateur. (M. Nadri, 2004)

En effet lorsqu'une variable à mesurer est une concentration d'un composant du processus réactionnel, une fonction chimique ou encore un paramètre de la réaction biologique (*i.e.*, rendement, taux de croissance...), il peut s'avérer très difficile (voire impossible parce que trop coûteux ou parce qu'aucune technique n'est encore connue) de développer et de mettre en œuvre un capteur direct. Dans ce cas, il peut s'avérer judicieux de recourir à une mesure indirecte de cette variable, c'est-à-dire à son estimation en ligne en utilisant les connaissances(via le modèle) et les mesures en ligne disponibles sur le procédé. Un tel dispositif est appelé « estimateur ». Lorsque cette variable est une variable d'état, on utilise le terme « observateur d'état » ou simplement « observateur ». Parce qu'un estimateur permet de reconstruire en temps réel la valeur d'une variable, le terme de « capteur logiciel » a également été proposé (G, 1990) et est largement utilisé dans le domaine du Génie des Procédés et du Génie Biologique (GONZALEZ, 2001).

Trois raisons principales justifient le recours à un estimateur :

• l'acquisition de connaissance et la modélisation : par exemple, lorsqu'il s'agit de déterminer une variable qui ne peut pas être mesurée directement ou encore d'estimer certains paramètres,

• la commande : par exemple, lorsque l'on désire réguler une variable non directement mesurée, ou que des variables non mesurées interviennent dans la loi de commande,

• le diagnostic et la supervision : par exemple lorsqu'il s'agit de surveiller une concentration

en micro-organismes dans un bio film.

D'un point de vue systémique, les entrées d'un estimateur sont les entrées connues du procédé

(*i.e.*, les commandes et les perturbations mesurées) ainsi que les mesures disponibles en-ligne sur le procédé tandis que ses sorties sont les estimées des variables non mesurées (GONZALEZ, 2001).

3.6. Modèle non linéaire utilisé

Pour ce travail on va considérer le modèle le plus simple du bioréacteur:

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = \dfrac{\mu_{\max}.x_2.x_1}{k_s + x_2} - u.x_1 \\ \dot{x}_2 = -a_1.\dfrac{\mu_{\max}.x_2.x_1}{k_s + x_2} - u.(x_2 - x_{2in}) \\ y = x_2 \end{cases} \qquad (3.4)$$

Où x_1 représente la biomasse (g/l) (variable mesurée)et x_2 le substrat (g/l) (variable estimée), la commande u (h^{-1}) représente le taux de dilution du substrat à l'entrée de réacteur.

μ_{max} est le taux de croissance maximal, k_s est une constante de saturation.

On prendra $\mu_{max} = 0.5\ (h^{-1})$, $k_s = 0.07\ (g.l^{-1})$, $a_1 = 0.7$ et $x_{2in} = 2.5\ (g.l^{-1})$

Notre but est de commander l'évolution du substrat au cours du temps.

En appliquant une entrée nulle et en partant des conditions initiales $\begin{pmatrix} x_1 = 0.01 \\ x_2 = 2.5 \end{pmatrix}$ on obtient le comportement décrit par la figure

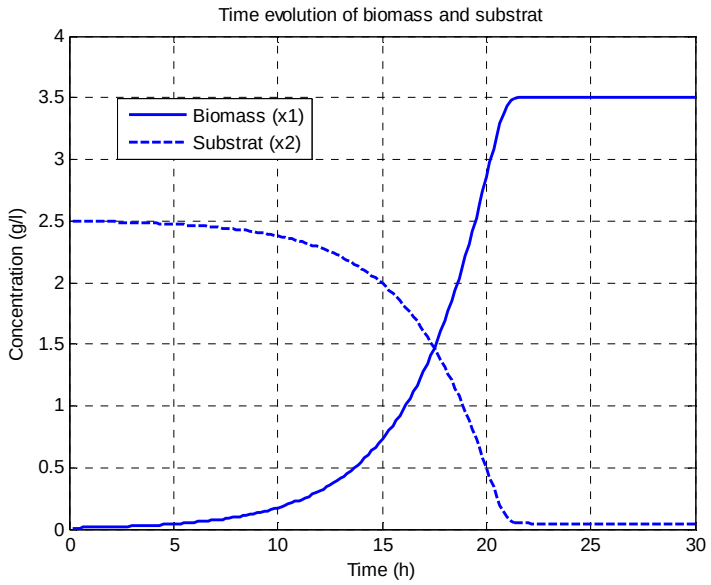

Figure 3.2. Réponse en boucle ouverte pour u=0

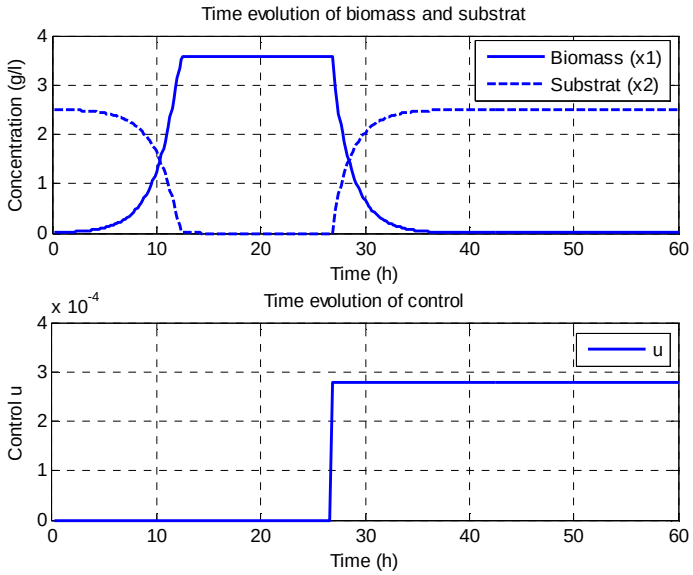

Figure.3.3. Réponse du procédé à une entrée de type échelon (u=0.1 h^{-1})

En termes de période d'échantillonnage, la figures 3.4 montre qu'un réglage de l'ordre de la minute est nécessaire.

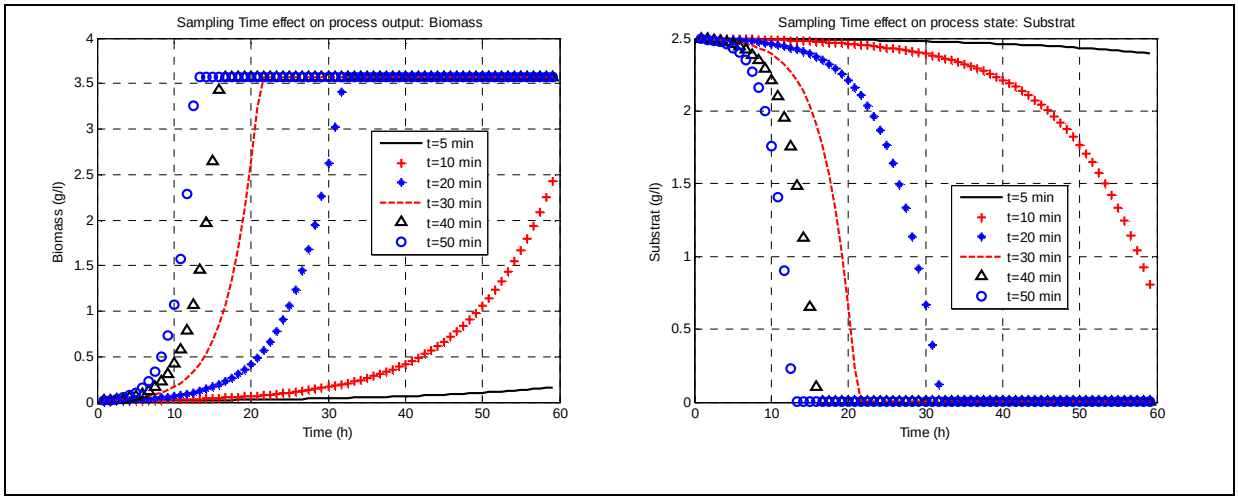

Figure 3.4. Effet de la variation de la période d'échantillonnage sur la dynamique du système

Points d'équilibre

Cherchons les points d'équilibre pour notre système, définit (u,x) tel que $\frac{dx}{dt} = 0$

Ainsi on aura les points d'équilibre suivants

Point 1	$x_1 = 0$	$x_2 = \forall$	$u = 0$
Point 2	$x_1 = 0$	$x_2 = x_{2in}$	$u = \forall$
Point 3	$x_1 = \forall$	$x_2 = 0$	$u = 0$
Point 4	$x_1 = \frac{1}{a_1}.(x_{2in} - \frac{u.k_s}{\mu_{\max} - u_0})$	$x_2 = \frac{u.k_s}{\mu_{\max} - u_0}$	$u = \forall$

Au niveau de la problématique de la commande, on se réfère au quatrième point où x_1 et x_2 sont en fonction de u.

3.7. Modèle linéarisé utilisé

Comme on va le voir par la suite, le logiciel MPC@CB© repose sur la commande par linéarisation autour d'une trajectoire de fonctionnement déterminée en ligne. Ainsi, on présente dans ce paragraphe le modèle linéarisé du procédé biologique. (Dufour, 2003)

Le STVL est décrit comme suit : $\exists u = u_0 \rightarrow$ représentation(S_0) du (SNL) d écrite par le triplet $\{u(t) = u_0(t),\ x(t) = x_0(t),\ y_m = y_0(t)\}$, les variations autour du triplet sont donnée par

$$\begin{cases} u(t) = u_0(t) + \Delta u(t) \\ x(t) = x_0(t) + \Delta x(t) \\ y_m = y_0(t) + \Delta y_m(t) \end{cases} \tag{3.5}$$

Les variations sont décrites par le modèle linéarisé autour de (S0): (Dufour, 2003)

$$\begin{cases} \frac{\partial \Delta x(t)}{\partial x} = A(t)\Delta x(t) + B(t)\Delta u(t) \quad t > 0 \\ \Delta x(t,0) = 0 \\ \Delta y_m(t) = C\Delta x(t), \quad t > 0 \end{cases} \tag{3.6}$$

En se basant sur le modèle (3.4) on peut calculer A et B :

© Université Claude Bernard Lyon 1 – EZUS. Pour utiliser MPC@CB, merci de contacter son auteur dufour@lagep.univ-lyon1.fr <mailto:dufour@lagep.univ-lyon1.fr>. Visitez le site du logiciel : http://MPC-AT-CB.univ-lyon1.fr <http://mpc-at-cb.univ-lyon1.fr/>

$$A(t)=\begin{pmatrix} \frac{\mu_{\max}.x_2}{k_s+x_2}-u & -a_1.\frac{\mu_{\max}.x_2}{k_s+x_2} \\ \frac{\mu_{\max}.x_1}{(k_s+x_2)^2} & -a_1.\frac{\mu_{\max}.x_1}{(k_s+x_2)^2}-u \end{pmatrix}\Bigg|_{\substack{x_0\\u_0}} \qquad B(t)=\begin{pmatrix} -x_1u \\ -x_2u \end{pmatrix}\Bigg|_{\substack{x_0\\u_0}} \qquad (3.7)$$

3.8. Etude en Boucle ouverte

On réalise une étude en boucle ouverte afin de quantifier la non linéarité du modèle en terme de :

- gain statique $k=\frac{y_\infty - y_0}{u}$
- et de dynamique : temps de réponse à 5% τ

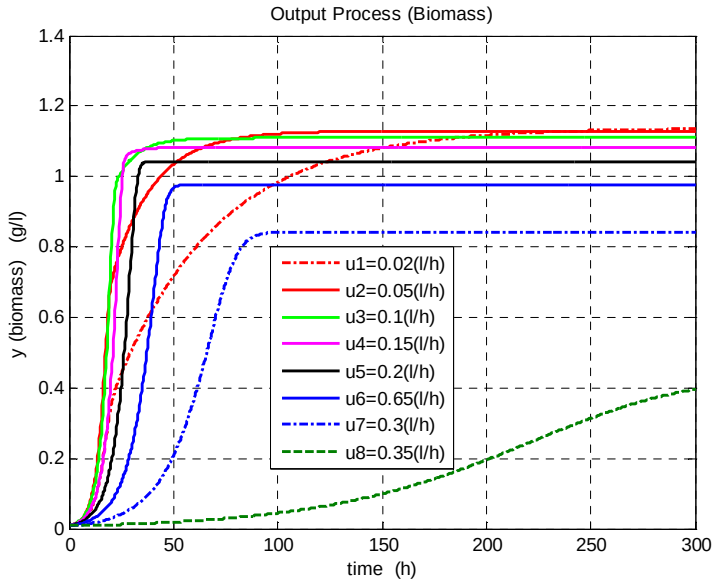

Figure.3.5. Effet de la valeur de la commande sur la dynamique de la biomasse(x_1)

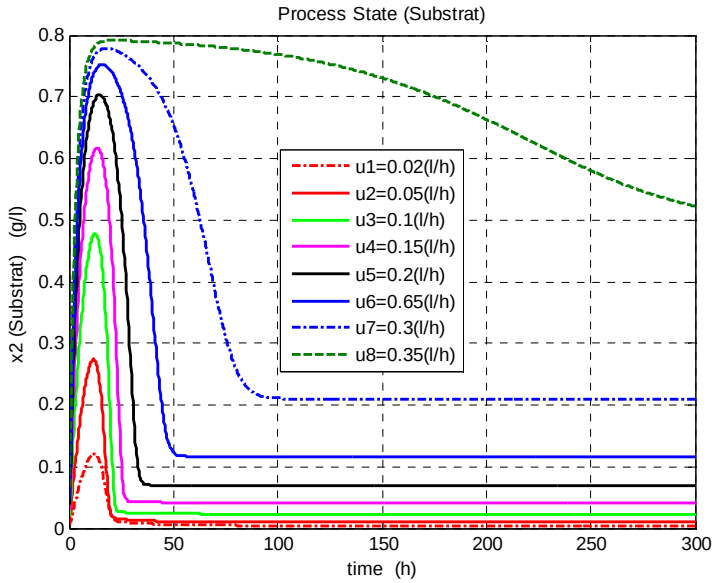

Figure.3.6. Effet de la valeur de la commande sur la dynamique du substrat(x_2)

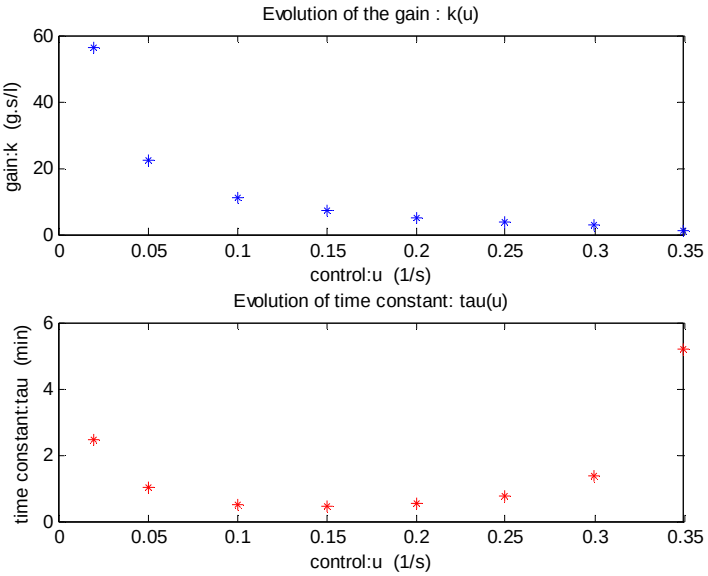

Figure.3.7. Caractérisation de la nonlinéarité du modèle

En conclusion, la figure3.7 montre la non linéarité du système étudié car le gain varie dans une intervalle d'ordre 100 entre 0.3 et 60 et le temps de réponse varie dans une intervalle d'ordre 10 entre 0.4 min et 6 min de façon non linéaire. Donc, en plus des différents points d'équilibres possibles, une approche de commande nonlinéaire s'impose.

4. Chapitre 2 : Observation

4.1. Introduction

Les capteurs physiques présentent souvent de nombreux problèmes, et ce particulièrement dans le domaine des bioprocédés :

- ils sont très onéreux : la mesure de densité cellulaire à l'aide de capteurs basée sur la variation de capacité dans le milieu de culture,
- ils sont destructifs vis-à-vis des échantillons prélevés : la mesure de densité cellulaire par comptage ou les mesures de concentration par dosages enzymatiques dans un milieu contenant des produits d'intérêt,
- ils sont difficilement stérilisables : les capteurs doivent être construits dans des matériaux pouvant supporter les températures au sein d'un autoclave de stérilisation, exigence qui conduit soit à des impossibilités de réalisation soit à un surcoût non négligeable,
- ils présentent des temps d'analyse élevés et par conséquent un retard dans la mesure : la mesure par chromatographie HPLC qui conduit à des temps d'analyse de l'ordre d'une demi-heure à deux heures,
- ils peuvent perturber l'écoulement dans certains types de bioréacteurs : le placement des capteurs au sein d'un bioréacteur en régime de couette-Taylor.

Etant donnée l'existence de l'ensemble de ces problèmes, il est bien souvent utile de remplacer un certain nombre de capteurs matériels par des capteurs logiciels. Ces derniers reconstruisent en temps continu certaines grandeurs non mesurées sur la base d'un modèle mathématique de bioprocédé et de certaines mesures matérielles.

En ce qui concerne la nécessité de mesures matérielles, il est bien évident que sans mesures on se retrouve dans un contexte où le système est totalement inobservable : ainsi, dans le cas d'une culture discontinue, une erreur sur les estimations initiales des concentrations au sein de la culture conduit inévitablement à des erreurs tout au long de l'estimation, car aucune information ne permet de constater le problème pour le corriger. Certaines mesures matérielles sont donc nécessaires.

4.2. Observateurs

4.2.1. Estimation des entrées inconnus

Problématique

Pour mieux replacer notre contribution par rapport aux travaux existants, rappelons tout d'abord la définition générale d'un observateur. Soit un système dynamique défini par :

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = f(t, x(t), u(t)), \quad x(t_0) = x_0 \\ y(t) = g(t, x(t), u(t)) \end{cases} \tag{4.1}$$

Dans le contexte informationnel imparfait qui caractérise les bioprocédés (on a $y(t) \neq x(t)$), un problème important consiste à synthétiser un système dynamique permettant de reconstruire l'état à partir des informations disponibles. Un observateur pour le système (3.1) est une famille de systèmes dynamiques paramétrée par $\theta \in \Theta$ de la forme :

$$\begin{cases} \dot{z} = \hat{f}_\theta(t, z(t), u(t), y(t)), \quad z(t_0) = z_0 \\ \hat{x}(t) = \hat{g}_\theta(t, z(t), u(t), y(t)) \end{cases} \tag{4.2}$$

Avec $z \in \Re^q$ le vecteur d'état, et ayant la propriété $\forall\, \lambda > 0, \exists\, \theta \in \Theta, \exists\, K_0$ tels que les systèmes couplés (4.1) et (4.2) possèdent la propriété $\left\| x(t) - \hat{x}(t) \right\| \leq K_0 e^{-\lambda t} \left\| x(0) - \hat{x}(0) \right\|, \ \forall\, (x(0), z(0))$, pour toute entrée *u*.

De nombreux travaux de la littérature se sont attachés à proposer des observateurs pour un système dynamique donné. Un système dynamique est dit observable si et seulement si l'application $x_0 \rightarrow \{y(t) / t \geq t_0\}$ est injective. Cette propriété est une condition nécessaire pour l'existence d'un observateur au sens ci-dessus (mais ce qui ne signifie pas nécessairement que l'on est capable de le synthétiser). Notons, cependant, que cela revient à dire que pour toute entrée, on peut reconstruire x_0 de manière unique à partir de la sortie. Remarquons également que dans le cas des systèmes non-linéaires, l'observabilité dépend de l'entrée. Certains systèmes seront donc observables pour certaines entrées mais pas pour d'autres, ce qui complique énormément le problème d'observation. Cette dernière remarque explique sans doute le peu de résultats dévolus à l'étude de l'observabilité des systèmes non-linéaires en présence d'entrées inconnues ou perturbations (lorsqu'une partie de *u* n'est pas connue).

Il se trouve qu'une des difficultés majeures lorsque confronté à un problème d'estimation ou de contrôle d'un bioprocédé est précisément la présence d'entrées inconnues (essentiellement la composition de l'effluent à traiter). En effet, même si certains capteurs de concentrations sont désormais disponibles, ils ne peuvent généralement pas être placés en entrée de procédé. Les raisons de cette limitation sont multiples :

- Tout d'abord, la plupart des systèmes d'analyse modernes sont très sensibles à la présence de MES (Matières En Suspension).
- La présence de ces solides en suspension dans l'alimentation nécessiterait la mise en place de systèmes de filtration qui sont coûteux et nécessitent une maintenance importante.
- Ces capteurs sont souvent adaptés à une gamme de concentrations correspondant aux concentrations usuellement rencontrées à l'intérieur des réacteurs. La calibration des capteurs pour des caractéristiques d'effluents variant beaucoup dans le temps - comme c'est le cas en entrée de procédé - limite largement leur utilisation en entrée de procédé.
- Les capteurs coûtent généralement chers. Si un seul capteur peut être acheté (ce qui est déjà bien !), le bon sens prôné par la théorie des systèmes dynamiques veut que ce capteur soit implanté en sortie de procédé plutôt qu'à son entrée afin de pouvoir éventuellement utiliser cette information dans le cadre de la mise en place d'une boucle de contre-réaction (Harmand, 2004).

La structure interne d'un observateur est fondée sur le modèle du système considéré. Le modèle peut être extrêmement simple et se réduire à une simple relation algébrique liant les mesures disponibles. Toutefois, lorsque le modèle est dynamique, la valeur d'une variable n'est plus seulement influencée par les entrées à l'instant considéré, mais également par les valeurs antérieures à la fois des entrées et des autres variables du système. Ces phénomènes sont alors décrits par des systèmes d'équations différentielles. Ce sont alors ces modèles (porteurs des informations relatives aux interactions entre les entrées et les variables d'état) qui sont utilisés pour estimer, à partir des mesures disponibles, un certain nombre de variables (GONZALEZ, 2001).

En termes de méthodes, les approches de synthèse peuvent être classées selon le type de modèle sur lequel elles sont basées. Ainsi on distingue – parmi celles appliquées aux procédés biologiques – deux grandes classes : les approches linéaires et les approches non-linéaires.

4.2.2. Observateurs linéaires

Initialement les systèmes abordés ont été les systèmes linéaires, dont les observateurs de Kalman et Luenberger ont donné de bons résultats. Parmi les différences entre ces deux approches, nous remarquons le choix fait pour la modélisation des perturbations, déterministe ou stochastique respectivement (VALDES-GONZALEZ, 2002. Dans les caractéristiques communes à ces approches, nous pouvons remarquer que ces algorithmes sont récursifs (à chaque nouvelle mesure, ils calculent la nouvelle valeur des variables d'état en fonction de l'estimation précédente), que la stabilité et la convergence sont garanties (il y a normalement un rapprochement de la valeur exacte à chaque pas de calcul). Malgré les bons résultats obtenus, les systèmes linéaires ne modélisent qu'un

groupe très limité des systèmes existants du milieu pratique industriel. Ainsi, des extensions à des domaines non-linéaires ont été nécessaires, et les travaux de recherche se sont focalisés sur cet aspect (VALDES-GONZALEZ, 2002).

4.2.3. Observateurs non-linéaires

Dans ce contexte, quand les systèmes sont non-linéaires, l'observation d'état est un peu plus délicate et les approches envisageables sont soit une approximation des algorithmes linéaires, soit des algorithmes non-linéaires spécifiques. Dans le premier cas, l'approximation est basée sur une linéarisation du modèle autour d'un point de fonctionnement. Malheureusement la convergence de ce type de méthode n'est pas assurée, sauf sous quelques conditions particulières comme en (K. Reif, 1999). Ceci a donné lieu par exemple, à l'observateur de Luenberger étendu et au filtre de Kalman étendu (Grizzle, 1995), (Grewal, 1993), (Hwang, 1997), (Brookner, 1998). Dans le cas d'algorithmes non-linéaires spécifiques nous pouvons retrouver par exemple des approches tel que l'observateur adaptatif de (G, 1990) ou d'autres observateurs spécifiques tel que (J. P. Gauthier, 1992), ou (Alvarez, 2000).

Ces observateurs ne servent qu'à la classe de systèmes pour lesquels ils ont été conçus, mais leur convergence a bien été démontrée. La synthèse de ces types d'observateurs est normalement complexe, car leur développement est mathématiquement complexe et difficile d'accès pour les non-spécialistes. De plus, ce type d'approches suppose que le modèle est parfaitement connu, hypothèse peu réaliste dans un contexte industriel, mais qui est une bonne approche théorique. Tout ceci nous conduit à proposer qu'un autre de nos objectifs soit de contribuer à la représentation d'incertitudes spécifiques d'un modèle non-linéaire notamment pour des cas réels, au moment de faire l'estimation de l'état (VALDES-GONZALEZ, 2002).

4.3. Observabilité du bioprocédé

Avant de construire un observateur, il faut voir si le système est observable, ce qui fait l'objet d'une analyse du modèle qui suit :

Notre système est observable s'il existe deux conditions initiales différentes telles que la sortie soit différente pour ces deux conditions $\Leftrightarrow \exists\ x(0) \neq x'(0)$ telque $y(x(x(0)),u,t) \neq y(x(x'(0)),u,t)$ (distinguabilité)

Pour ceci, supposons qu'on a $y(x(x(0)),u,t)=y(x(x'(0)),u,t) \Rightarrow x_1(t) = x'_1(t)$

A partir du modèle (3.4) on aura

$$\Rightarrow \dot{x}_1(t) = \dot{x}'_1(t)$$

$$\Rightarrow \frac{\mu_{\max}.x_2.x_1}{k_s + x_2} - u.x_1 = \frac{\mu_{\max}.x'_2.x'_1}{k_s + x'_2} - u.x'_1$$

- Si $x_2(0) = x'_2(0)$

$$\Rightarrow \frac{\mu_{\max}.x_2(0).(x_1(0) - x'_1(0))}{k_s + x_2(0)} - u.(x_1(0) - x'_1(0)) = 0$$

$$\Rightarrow (\frac{\mu_{\max}.x_2(0)}{k_s + x_2(0)} - u).(x_1(0) - x'_1(0)) = 0$$

$\Rightarrow x_1(0) - x'_1(0)$ ou bien $u = \frac{\mu_{\max}.x_2(0)}{k_s + x_2(0)}$ et comme on a $0 < u < \frac{\mu_{\max}.x_2}{k_s + x_2}$, donc on aura $x_1(0) = x'_1(0)$.

- Si $x_1(0) = x'_1(0)$

$$\Rightarrow \frac{\mu_{\max}.x_2(0)}{k_s + x_2(0)} = \frac{\mu_{\max}.x'_2(0)}{k_s + x'_2(0)}$$

$$\Rightarrow (\mu_{\max}.x_2(0)).(k_s + x'_2(0)) = (\mu_{\max}.x'_2(0)).(k_s + x_2(0))$$

$$\Rightarrow \mu_{\max}.x_2(0).k_s + \mu_{\max}.x_2(0).x'_2(0) = \mu_{\max}.x'_2(0).k_s + \mu_{\max}.x'_2(0).x_2(0)$$

$$\Rightarrow \mu_{\max}.x_2(0).k_s = \mu_{\max}.x'_2(0).k_s$$

$$\Rightarrow x_2(0) = x'_2(0)$$

Notre système s'écrit sous la forme $\begin{cases} \dot{x} = f_0(x) + \sum_{i=1}^{m} u_i f_i(x) \\ y = h(x) \end{cases}$, avec $f_0 = \begin{pmatrix} \frac{\mu_{\max}.x_2.x_1}{k_s + x_2} \\ -a_1.\frac{\mu_{\max}.x_2.x_1}{k_s + x_2} \end{pmatrix}$ on peut donc dire que le système est observable si rang $\begin{bmatrix} h \\ L_{f_0}(h) \end{bmatrix} = 2$ avec $L_{f_0}(h) = \sum_{i=1}^{n} f_{0i} \frac{\partial h}{\partial x_i}$

On aura donc $L_{f_0}(h) = \sum_{i=1}^{2} f_{0i} \frac{\partial h}{\partial x_i} = f_{01}.\frac{\partial h}{\partial x_1} + f_{02}.\frac{\partial h}{\partial x_2}$

$$L_{f_0}(h) = f_{01} = \frac{\mu_{\max}.x_2.x_1}{k_s + x_2} - u.x_1$$

D'où $\begin{bmatrix} h \\ L_{f_0}(h) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ \dfrac{\mu_{\max}.x_2}{k_s + x_2} - u & \dfrac{\mu_{\max}.k_s.x_1}{(k_s + x_2)^2} \end{bmatrix}$

Comme $\dfrac{\mu_{\max}.x_2}{k_s + x_2} - u \neq 0$ et $\dfrac{\mu_{\max}.k_s.x_1}{(k_s + x_2)^2} \neq 0$ donc rang$\left(\begin{bmatrix} h \\ L_{f_0}(h) \end{bmatrix}\right)$=2,

D'où l'observabilité du système (3.4).

4.4. Observation du bioréacteur

On vient de voir que ce modèle est observable, donc on peut construire un observateur. Pour l'observation de notre procédé on utilise l'observateur suivant :

$$\begin{cases} \dot{\hat{x}}_1 = \dfrac{\lambda_{\max}.\hat{x}_2.\hat{x}_1}{k_s + \hat{x}_2} - D.\hat{x}_1 - \rho.\theta.\dfrac{R_{22}}{R_{11}.R_{22} - R_{12}^2}(\hat{x}_1 - x_1) \\ \dot{\hat{x}}_2 = -a_1.\dfrac{\lambda_{\max}.\hat{x}_2.\hat{x}_1}{k_s + \hat{x}_2} - D.(\hat{x}_2 - x_{2in}) - \rho.\theta^2.\dfrac{R_{12}}{R_{11}.R_{22} - R_{12}^2}(\hat{x}_1 - x_1) \end{cases} \qquad \hat{x}(0) = \hat{x}^0 \qquad (4.3)$$

Où x_1 est mesuré et x_2 est la variable d'état à estimer.

Avec $R = \begin{pmatrix} 250 & -0.35 \\ -0.35 & 5.10^{-4} \end{pmatrix}$, θ>0 et $\rho \geq 1$ (M. Nadri, 2004)

4.5. Tests en boucles ouvertes

Afin de déterminer le meilleur fonctionnement de l'observateur, on a fait des tests pour différentes valeurs de ρ et θ et on a pu récupérer les meilleurs valeurs qui nous permettait de faire la meilleure observation.

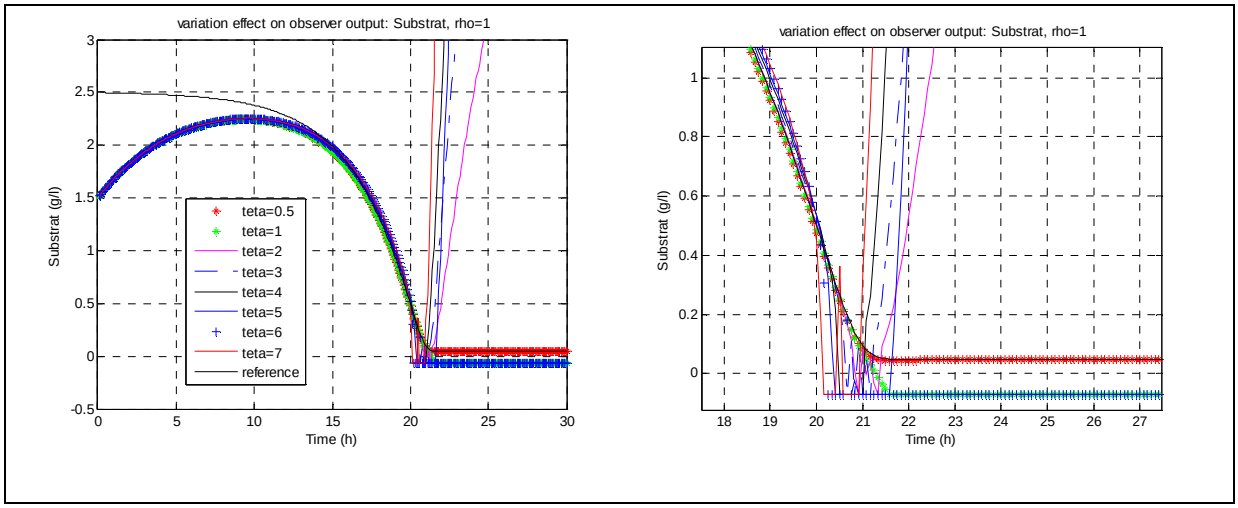

Figure 4.1. Observateur en boucle ouverte: effet de la variation de θ

on peut voir que l'observateur diverge pour certaines valeurs de θ, surtout pour θ≥2 sauf pour θ=6 mais avec une grande erreur d'estimation pour ce cas. La meilleure estimation est pour θ=0.5, on fixe donc θ à cette valeur et on essaie de voir la valeur de ρ qui donne une meilleure estimation.

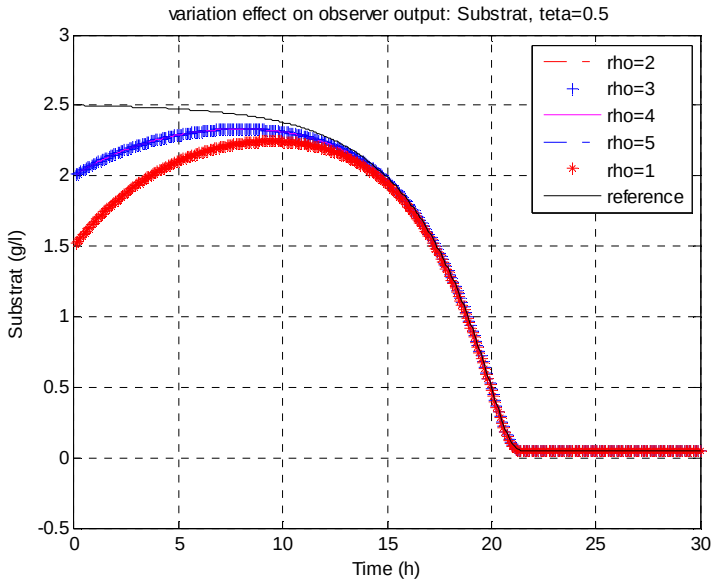

Figure 4.2. Observateur en boucle ouverte: effet de la variation de ρ

Comme on peut le voir sur la figure 4.2 la meilleure estimation est obtenue pour ρ=1, ainsi les meilleurs valeurs pour les paramètres de l'observateur s'avèrent ρ=1 et θ=0.5. ces valeurs seront retenu dans la suite du travail pour l'observateur utilisé.

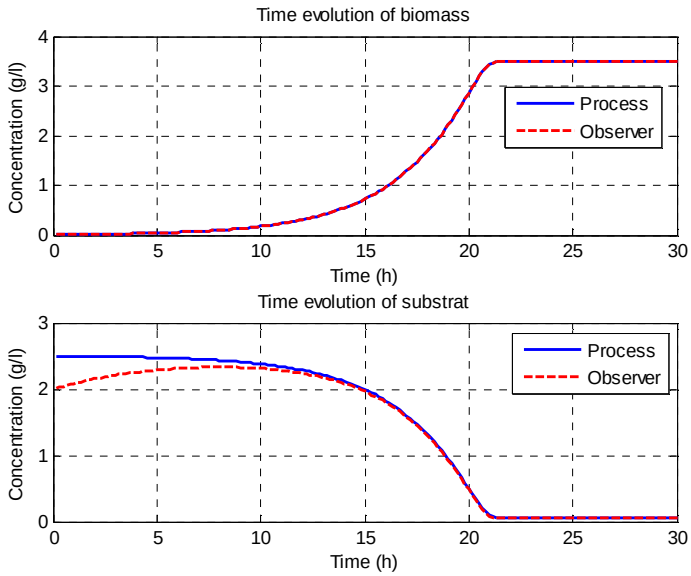

Figure 4.3. Observateur en boucle ouverte (erreur de CI de 40 % sur le substrat) : meilleure Observation obtenu avec ρ= 1 θ= 0.5

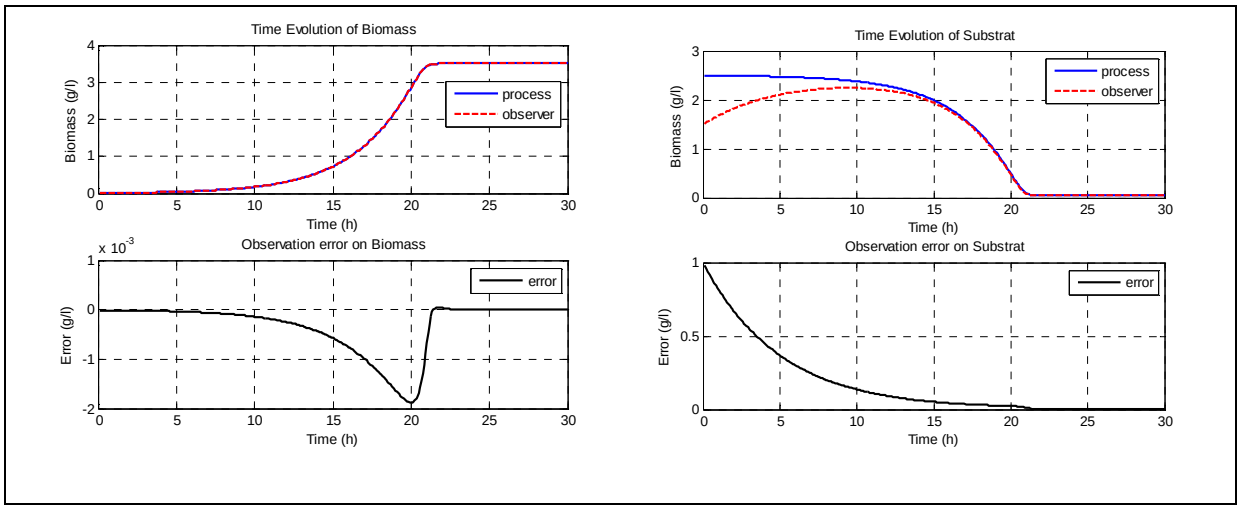

Figure.4.4. Observateur en boucle ouverte (erreur de CI de 40 % sur le substrat) : obtenu avec ρ= 1 θ= 0.5

Par ailleurs, la validation expérimentale de l'observateur a donné des résultats encourageants concernant l'estimation de la biomasse et du substrat. En effet, on obtient une estimée avec une erreur statique négligeable. Ainsi, cet observateur sera utilisé pour fournir la valeur du substrat nécessaire à la stratégie de commande qui sera proposée dans a suite.

5. Chapitre 3 : Commande en Boucle Fermée

5.1. Introduction

Les difficultés pour synthétiser une loi de commande sont d'autant plus importantes que les phénomènes observés dans ces procédés sont complexes et que leur dépendance vis-à-vis des conditions environnementales est grande. Ainsi, la possibilité de mesurer ou non, voire de reconstruire les indices de performance, qu'il s'agisse de commander ou de surveiller un procédé, conditionnent le type d'algorithme à développer.

La première étape de la synthèse d'un régulateur est de bien définir le problème à résoudre. Ainsi, il n'existe pas un objectif unique – et donc une stratégie de commande standard – mais bien une multitude d'objectifs et de stratégies.

Du point de vue de l'Automatique, le problème de commande d'un bioréacteur se pose en termes de stabilité du procédé et de performance au sens d'un critère qu'il faudra définir. Ainsi, deux facteurs sont à prendre en compte. Tout d'abord, le réacteur bio massique est instable par nature, notamment en terme de point d'équilibre. La stratégie de contrôle du réacteur devra donc intégrer des capacités de stabilisation. Il est probable qu'en plus de cette problématique, le procédé devra opérer dans des conditions telles que certaines performances (par exemple des conditions sur le rendement du gaz dégagé) devront être satisfaites. Par conséquent, il est probable que le choix d'une approche multi-variable de commande devra être envisagé afin de permettre à la fois une stabilisation de la réaction biologique et la satisfaction de performances en présence d'un certain nombre de contraintes (positivité des variables de commande, valeurs maximum des actionneurs, etc.).

Dans un second temps, une fois les objectifs définis, il va falloir trouver les algorithmes à mettre en œuvre pour résoudre le problème posé. L'automaticien va donc s'intéresser avant tout à la résolution de problèmes génériques en utilisant une représentation simplifiée des phénomènes sous la forme d'un modèle du procédé. L'un de ses soucis sera donc de trouver un compromis entre complexité du modèle et applicabilité des différentes stratégies de commande dont il dispose.

Les algorithmes de commande vont donc dépendre à la fois des objectifs fixés mais également de la représentation du système qui est disponible. La troisième phase, la synthèse d'une loi de commande à proprement parlée, sera généralement très rapide une fois les deux premières étapes réalisées (GONZALEZ, 2001).

5.2. Commande prédictive

Le principe de la commande prédictive consiste à créer pour le système asservi un effet anticipatif par rapport à une trajectoire à suivre connue à l'avance, en se basant sur la prédiction du comportement futur du système et en

minimisant l'écart de ces prédictions à la trajectoire au sens d'une certaine fonction coût, tout en respectant des contraintes de fonctionnement.

Les techniques de commande prédictive s'appuient sur un modèle de prédiction déterminé hors ligne. Cette particularité permet de classer la commande prédictive dans la grande famille des commandes à base de modèles, dite 'MBC' (Model Based Control). A partir d'une trajectoire de référence à suivre connue, elles réalisent en temps réel à chaque période d'échantillonnage les étapes suivantes :

- Calculer les prédictions des variables de sortie $\hat{y}$ sur un horizon de prédiction sur la sortie N_p ,
- Minimiser un critère quadratique à horizon fini portant sur les écarts entre la sortie prédite du système et la consigne future en réglant une séquence de commandes futures sur un horizon de commande N_c pouvant être différent de N_p ,
- Appliquer uniquement la première valeur de cette séquence sur le système,
- Répéter ces étapes à la période d'échantillonnage suivante, selon le principe de l'horizon fuyant.

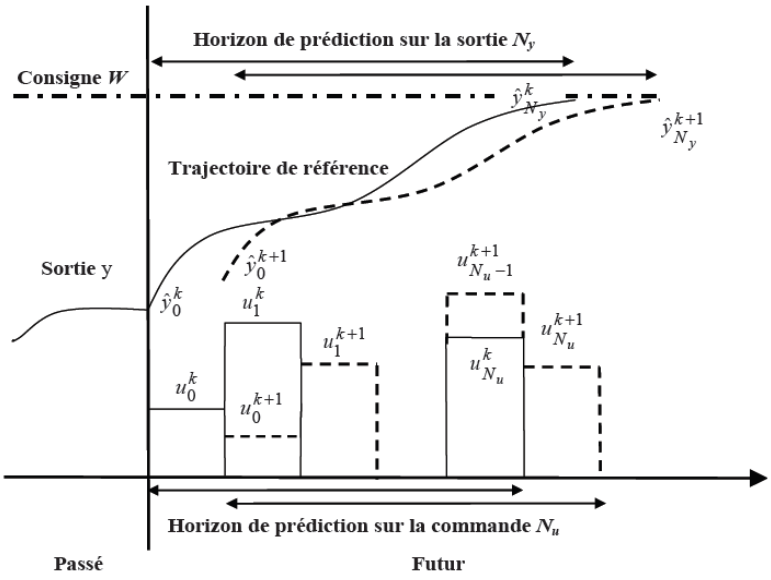

Figure 5.1. Principe de la commande prédictive (GONZALEZ, 2001)

Le problème simple issu de la minimisation du critère prédictif dans le cas d'un système linéaire invariant sans contrainte se complique singulièrement lorsque l'on envisage le cas de la commande prédictive d'un système non-linéaire sous contraintes. En ce qui concerne les contraintes en particulier, la meilleure solution consiste alors à considérer les contraintes depuis l'étape de synthèse, imposant ainsi leur présence au sein du problème d'optimisation.

Toute fois on peut considérer la tâche de minimisation, sous contraintes, la fonction coût *J*

$$\min_{\tilde{u}} \ J(\tilde{u}) = \sum_{j} g(y_{ref}(j), x_p(j), y_p(j), u(j-1))$$
$$\forall \ j \in \Im_1^{N_p} = \{k+1, \ldots . k+N_p\} \tag{5.1}$$

Où k est l'indice d'itération actuel, *j* est l'indice d'itération sur l'horizon de prédiction N_p et $\Im_1^{N_p}$ est l'ensemble du temps futur. y_{ref} contient la description du comportement référence, x_p et y_p sont l'état et la sortie du procédé, $\tilde{u}$ est une séquence de commandes dans le futur, elle prend généralement l'aspect suivant :

$$\tilde{u} = [\ldots u(j) \ldots]^T$$
$$\forall \ j \in \Im_0^{N_c-1} = \{k, \ \ldots, k+N_c-1\} \tag{5.2}$$

Où N_c est l'horizon de commande et

$$u(j) = u(k+N_c-1)$$
$$\forall j \in \Im_{N_c}^{N_p-1} = \{k+N_c, \ \ldots, k+N_p-1\} \tag{5.3}$$

Toute fois en optimisant il faut tenir compte des contraintes que peuvent subir certains paramètres,

- Contraintes sur l'amplitude te la vitesse de la commande :

$$\begin{cases} u_{\min} \le u(j) \le u_{\max} \\ \Delta u_{\min} \le u(j) - u(j-1) \le \Delta u_{\max} \end{cases} \quad \forall j \in \Im_0^{N_p-1} \tag{5.4}$$

- Contraintes sur la sortie :

$$c_i(y_{ref}(j), x_p(j), y_p(j), u(j-1)) \le 0 \quad \forall j \in \Im_1^{N_p}, \ \forall i \in I_1^n \tag{5.5}$$

5.3. Structure de commande

On remarque dans les fonctions coût (5.1) et dans les contraintes sur la sorties (5.5) qu'on aura besoin à l'instant k de la valeur de la sortie y_p et de l'état x_p dans le futur sur l'horizon N_P ce qui n'est pas possible. Pour cela on aura recours à la formulation IMC, où la commande sera appliqué en même temps sur le procédé et le modèle (Fig3.1) (dans le cas où on travaille avec le modèle) ou sur le procédé et l'observateur (Fig3.2) (dans le cas où on travaille avec l'observateur).

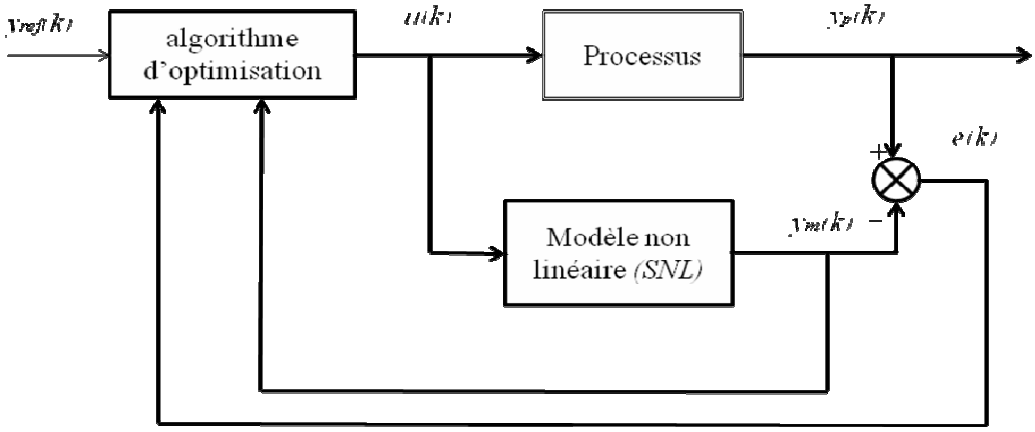

Figure.5.2. Structure générale de la commande IMC-MPC sans observateur

Dans la première structure où on utilise le modèle l'erreur va prendre la forme

$$e(j) = y_p(j) - y_m(j) \tag{5.6}$$

Alors que si on utilise l'observateur elle prendra la forme suivante

$$\begin{cases} e_x(j) = \hat{x}_p(j) - x_m(j) \\ e_y(j) = \hat{y}_p(j) - y_m(j) \end{cases} \tag{5.7}$$

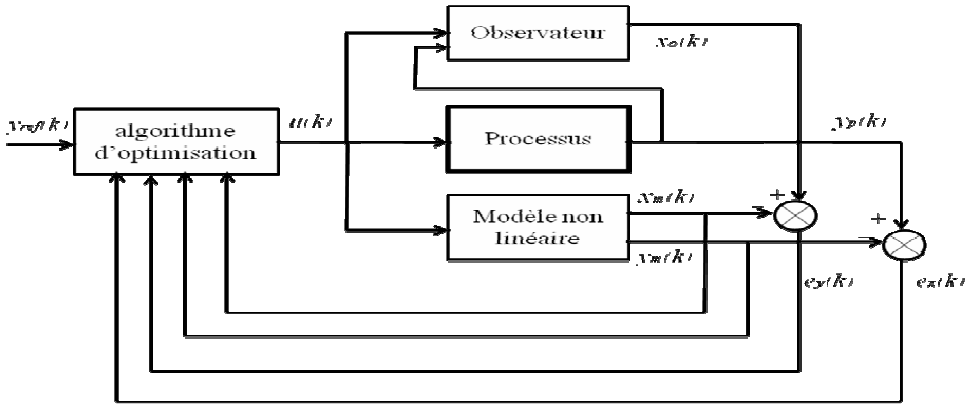

Figure.5.3. Structure de la commande IMC-MPC avec observateur

Dans cette approche, l'erreur entre la sortie du procédé et celle du modèle sera injecté dans le correcteur autant que celle entre l'état du modèle et celui de l'observateur. Ainsi, on aura deux retours de sortie et d'état qui seront utilisés dans cette structure d'IMC-MPC, au lieu de l'utilisation du retour simple de l'erreur, pour ajuster les performances du procédé.

Compte tenu de toutes les propositions citées précédemment, notre problème global d'optimisation prendra la forme suivante :

$$\begin{cases} \min\limits_{\tilde{u}} J(\tilde{u}) = \sum\limits_{j \in \Im_1^{N_p}} g(y_{ref}(j), x_m(j),\ y_m(j),\ u(j-1),\ e_x(k), e_y(k)) \\ \tilde{u} = [\ldots u(j) \ldots]^T \\ \forall\ j \in \Im_0^{N_c-1} = \{k,\ \ldots,\ k+N_c-1\} \\ u_{\min} \le u(j) \le u_{\max} \qquad \forall j \in \Im_0^{N_p-1} \\ \Delta u_{\min} \le u(j) - u(j-1) \le \Delta u_{\max} \qquad \forall j \in \Im_0^{N_p-1} \\ c_i(y_{ref}(j), x_m(j), y_m(j), u(j-1), e_x(k), e_y(k)) \le 0 \quad \forall j \in \Im_1^{N_p},\ \forall i \in I_1^n \end{cases} \tag{5.8}$$

5.4. Conditions de simulation

Le problème d'optimisation non linéaire contraint (5.8) est à résoudre numériquement. Nous allons par la suite évaluer 3 algorithmes (MPC@CB, fmincon et lsqnonlin), dans le cadre d'une poursuite de trajectoire pour x_2.

Avant de commencer les simulations certains paramètres doivent êtres fixées dans le logiciel :

- Etat initial du modèle : $\begin{pmatrix} x_1 = 0.01 \\ x_2 = 1.5 \end{pmatrix}$
- Etat initial du procédé : on fixe les mêmes paramètres soit $\begin{pmatrix} x_1 = 0.01 \\ x_2 = 2.5 \end{pmatrix}$
- Etat initial de l'observateur : $\begin{pmatrix} x_1 = 0.01 \\ x_2 = 1.5 \end{pmatrix}$
- Contraintes sur la commande : $\begin{cases} u_{\max} = 0.5(h^{-1}) \\ u_{\min} = 0.2(h^{-1}) \end{cases}$
- Horizon de prédiction : $N_p = 12$
- Période d'échantillonnage : $T_e = 10\,\text{min}$

5.5. Problème résolu avec fmincon

Fmincon est une fonction Matlab qui cherche le minimum d'une fonction coût qui présente des contraintes linéaires et non linéaires de la forme $\min_x f(x)$ sujet des contraintes :

$A.x \le B,\ A_{eq}.x = B_{eq}$ (contraintes linéaires)

$C(x) \le 0,\ C_{eq}(x) = 0$ (contraintes non linéaires)

$L_{\inf} \le x \le L_{\sup}$ (Limites)

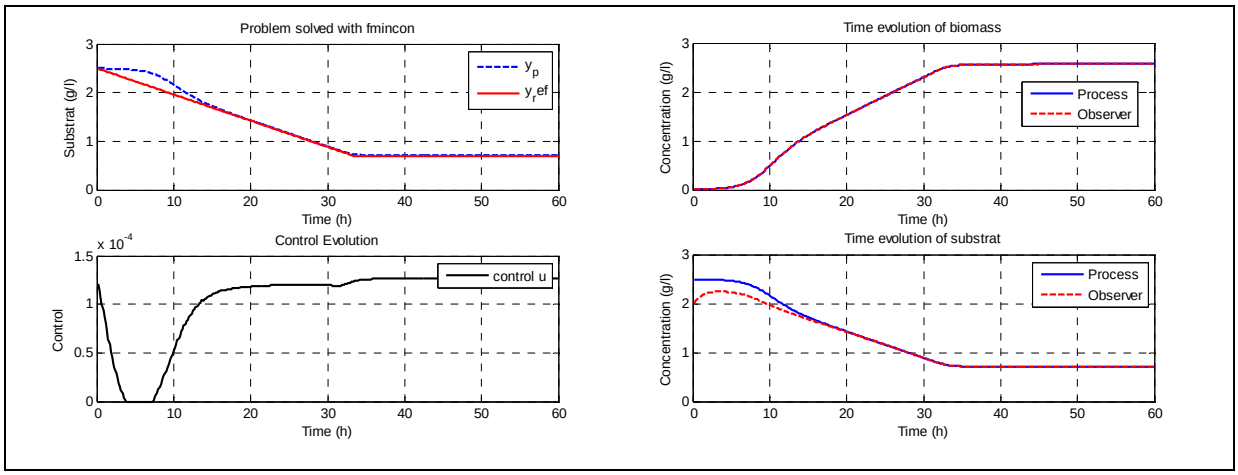

Figure.5.4. fmincon : suivi de trajectoire avec observateur

L'approche avec fmincon mène le système à atteindre la trajectoire référence après 20h

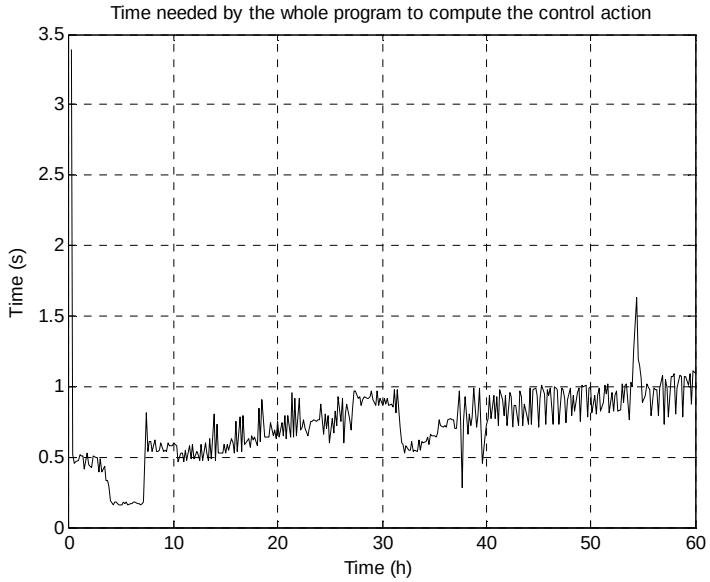

Figure.5.5. fmincon : Temps nécessaire pour le calcul de la commande

Le temps maximal pour calculer la commande est de 2.3 s alors que le temps minimal est de l'ordre de 0.2 s, avec une moyenne de 0.8s pour le calcul de la commande, cette approche est un peu lente.

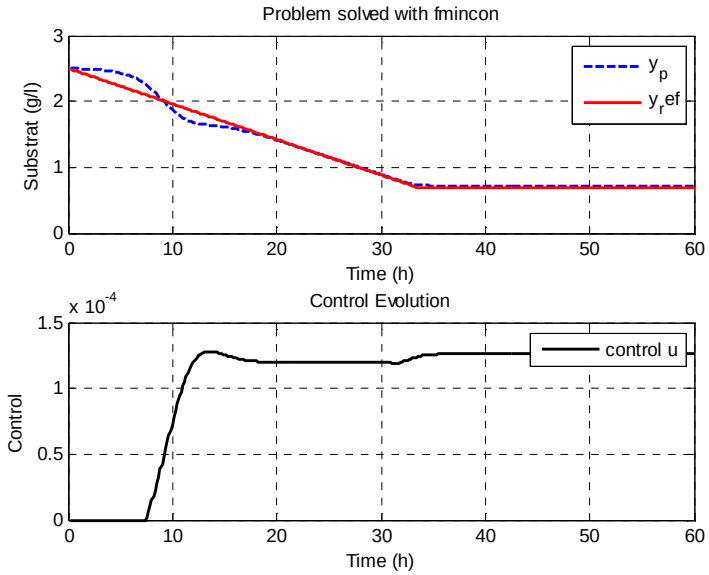

Figure.5.6. fmincon : suivi de trajectoire sans observateur

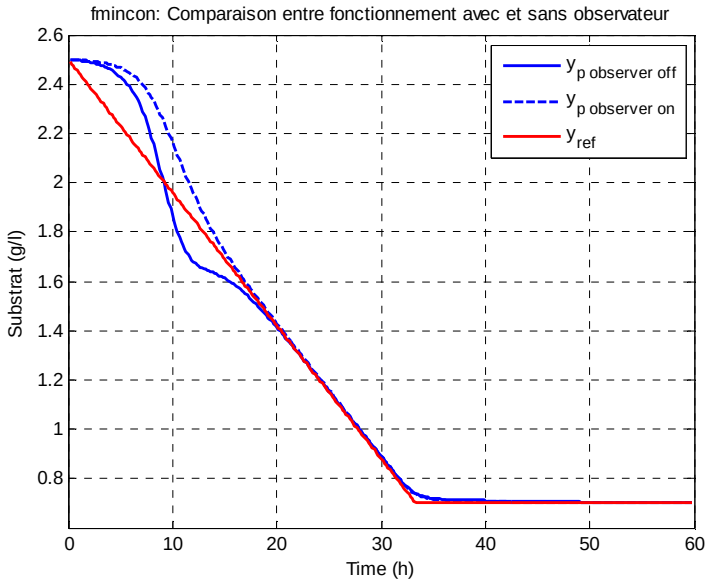

Figure.5.7. fmincon: Comparaison entre fonctionnement avec et sans observateur

La réponse du système en ayant recours au mesures directs prend moins de temps pour rejoindre la référence, ceci est du au temps que prend l'observateur pour l'estimation de l'état à chaque itération toutefois cette erreur d'observation ne perturbe pas le comportement puisqu'on arrive a retrouver le comportement désiré.

5.6. Problème résolu avec lsqnonlin

Lsqnonlin est une autre fonction Matlab résout un problème de moindres carrés non linéaires de la forme : $\min_x \sum f(x)^2$.

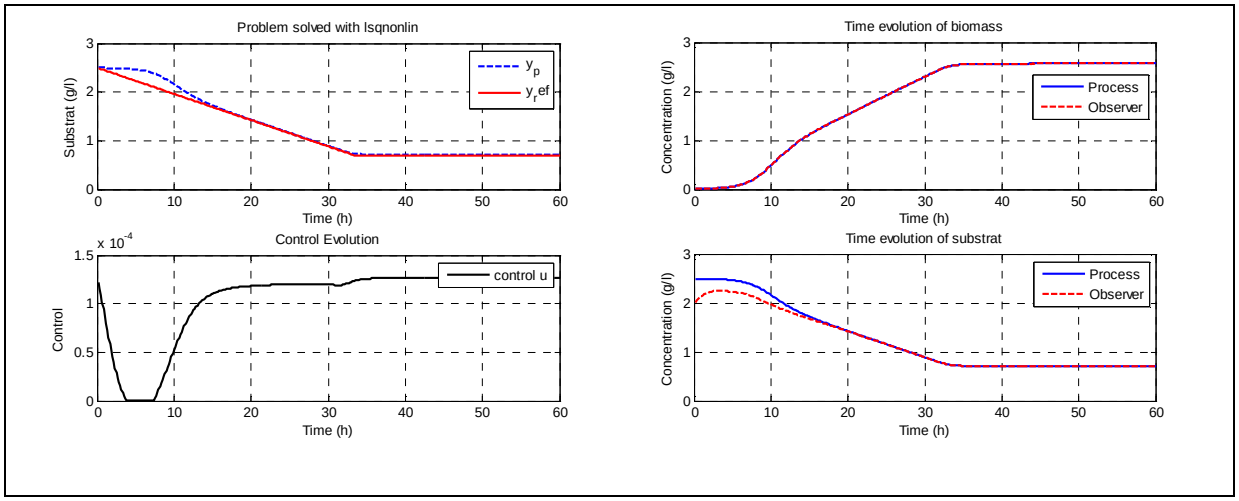

Figure.5.8. lsqnonlin: suivi de trajectoire avec observateur

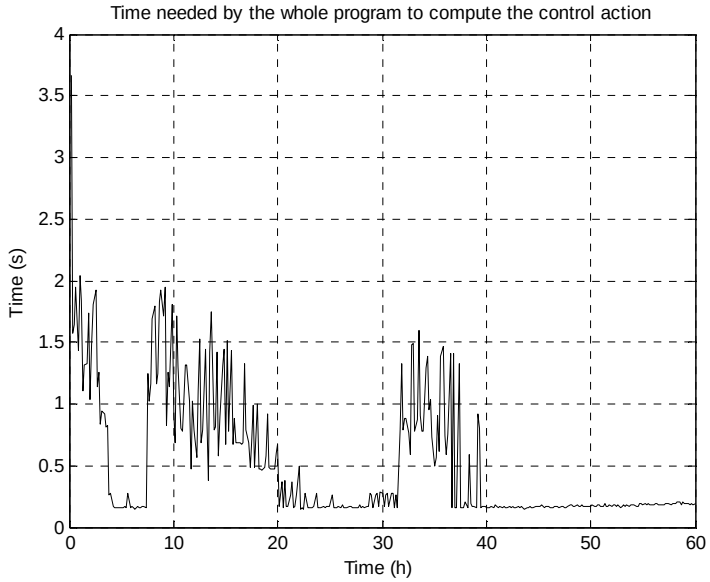

Figure.5.9. lsqnonlin: Temps nécessaire pour le calcul de la commande

Avec cette approche, on met maximum 1.6s pour calculer la commande et le temps minimal est de l'ordre de 0.1 s, avec une moyenne de 0.2s pour le calcul de la commande, cette approche est plus rapide que l'approche avec fmincon.

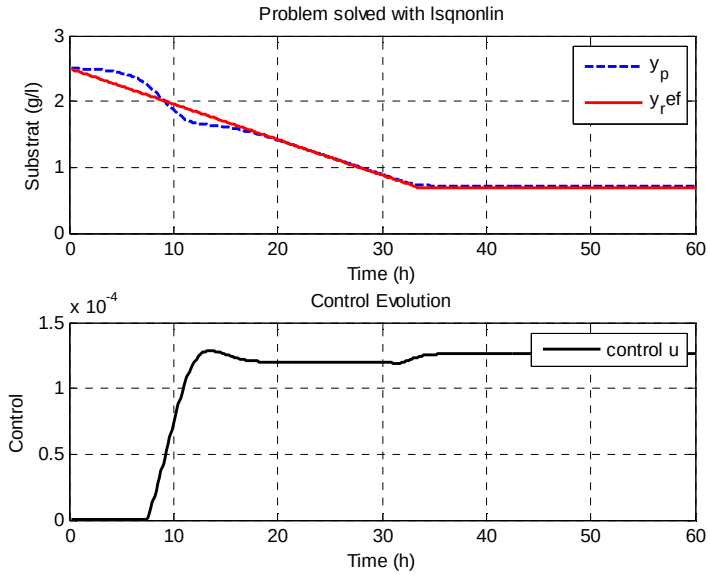

Figure.5.10. lsqnonlin: suivi de trajectoire sans observateur

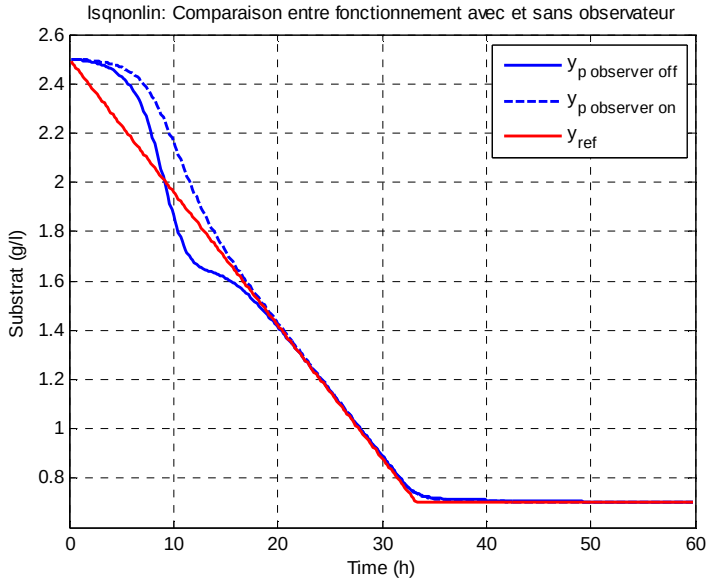

Figure.5.11. lsqnonlin: Comparaison entre fonctionnement avec et sans observateur

Comme pour fmincon, la réponse du système en ayant recours au mesures directs prend moins de temps pour rejoindre la référence, et l'erreur d'observation ne perturbe pas le comportement.

5.7. Problème résolu avec MPC@CB

L'architecture de la commande MPC@CB est illustrée dans la figure 5.12

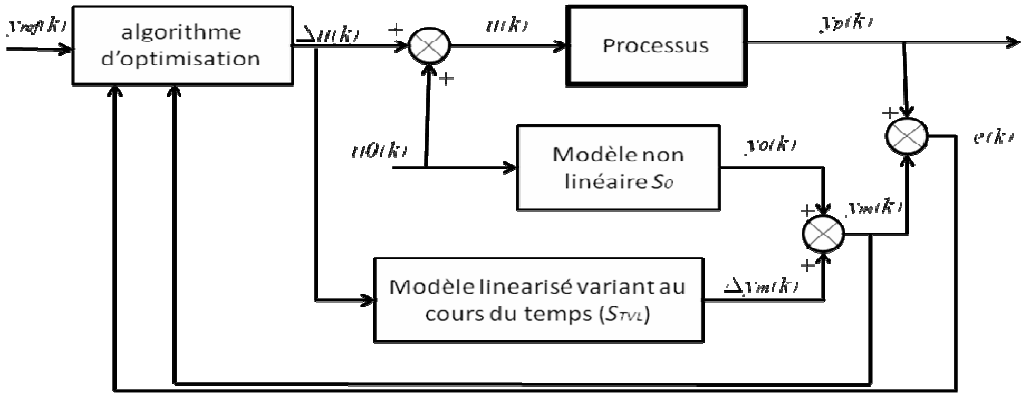

Figure.5.12. structure générale de la commande MPC@CB (Dufour, 2003)

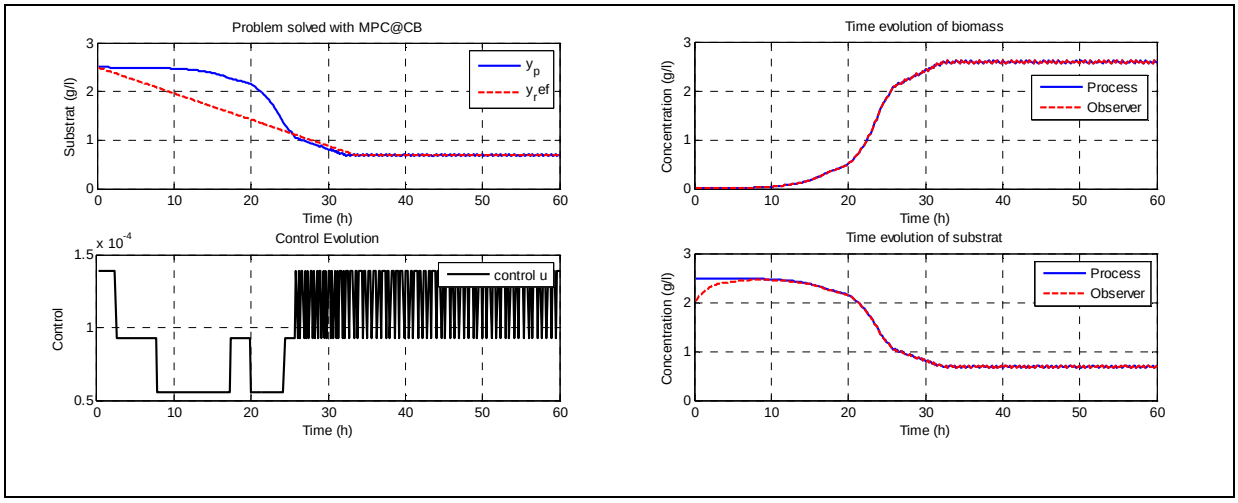

Figure.5.13. MPC@CB: suivi de trajectoire avec observateur

Contrairement aux deux approches précédentes, l'approche MPC@CB met plus de temps pour rejoindre la référence (25 h contre 20 h pour fmincon et lsqnonlin), d'autre part on peut voir une commande oscillante ce qui n'est pas le cas pour l'approche non linéaire.

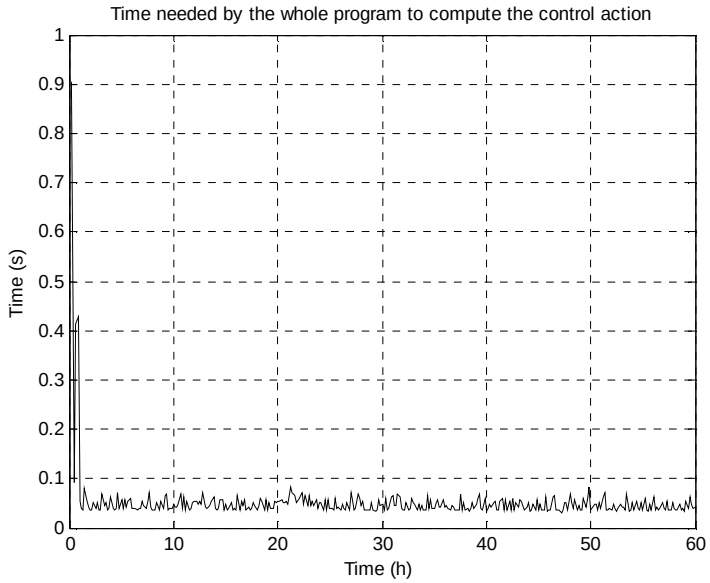

Figure.5.14. MPC@CB : Temps nécessaire pour le calcul de la commande

Avec un maximum de 0.9s et une moyenne de 0.05s l'approche par linéarisation reste la plus rapide parmi les trois approches utilisées.

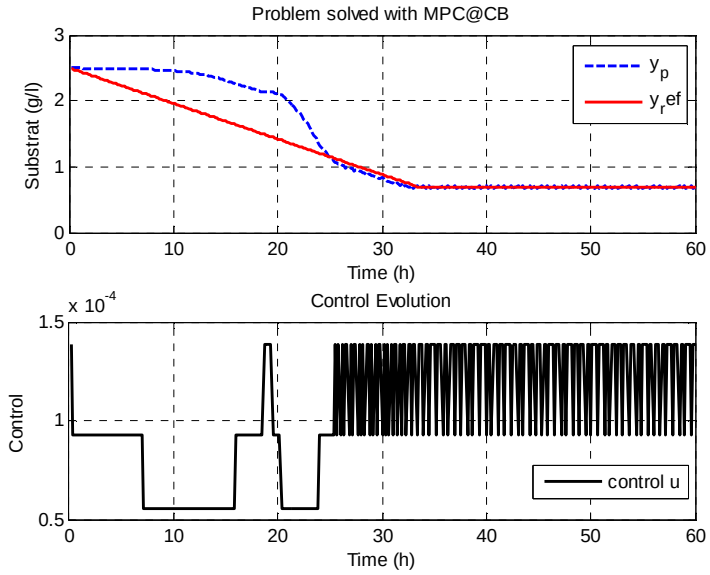

Figure.5.15. MPC@CB: suivi de trajectoire sans observateur

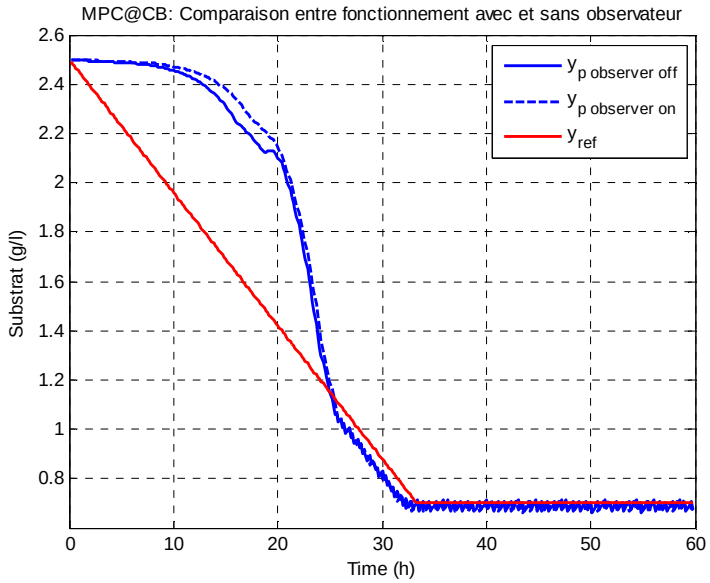

Figure.5.16. MPC@CB: Comparaison entre fonctionnement avec et sans observateur

5.8. Comparaison enter les 3 approches

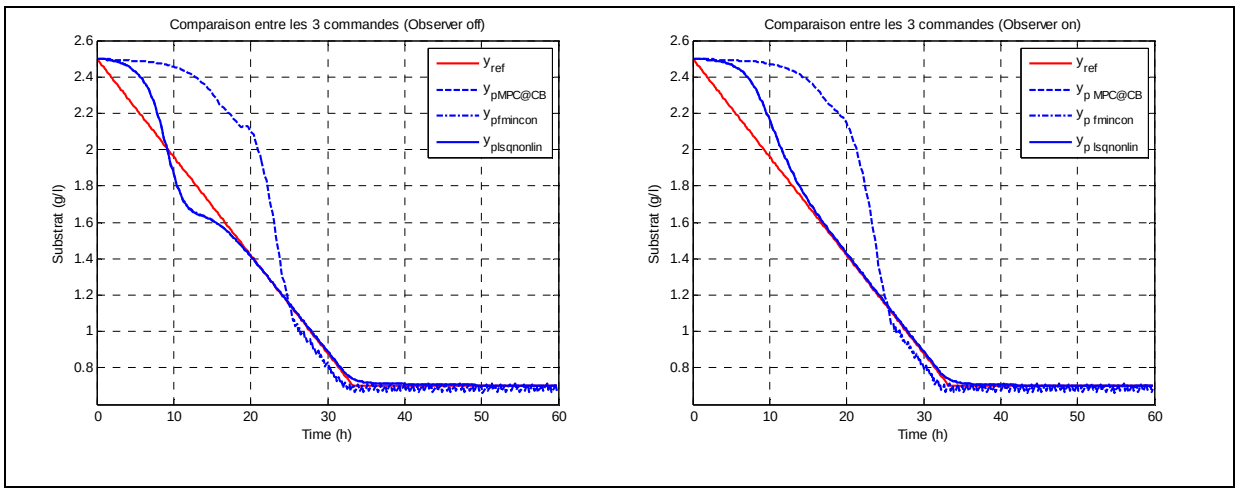

Figure.5.17. Comparaison entre les 3 commandes

On peut remarquer que la commande par fmincon et lsqnonlin donnent pratiquement un comportement similaire, comme un peu le voir sur la figure 5.18, l'écart est très négligeable en unité de temps.

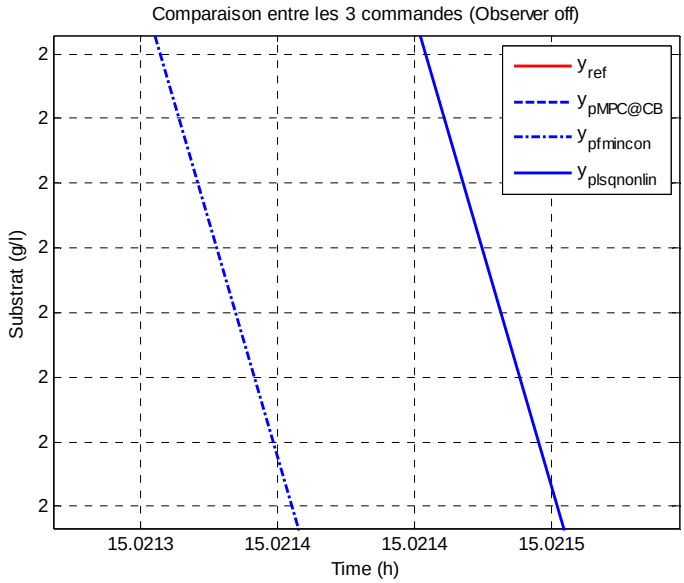

Figure5.18. Ecart entre réponse pour fmincon et lsqnonlin

5.9. Etude de la robustesse de la loi de commande prédictive non-linéaire

Les lois de commande proposées ont donc jusqu'ici été validée en simulation dans une configuration nominale, en supposant qu'il n'y avait pas d'erreur de modèle entre le système – le bioréacteur réel – et le modèle utilisé pour la synthèse de la commande. Or, dès lors que l'objectif final est l'implantation de la structure de commande sur un bioréacteur réel, de nombreuses sources d'incertitudes et de perturbations vont se manifester, en particulier une mauvaise connaissance des paramètres du système et l'influence de bruits de mesures. En effet, en pratique, le modèle ne reflète jamais parfaitement le système, surtout dans le domaine des bioprocédés. La modélisation des bioprocédés en général reste une tâche difficile, et les modèles de commande utilisés sont toujours simplifiés.

Le but de cette partie est de montrer le comportement de la loi de commande prédictive nonlinéaire proposée en présence d'une désadaptation importante entre le modèle et le système, pour cela une incertitude sur μ_{max} et k_s a été ajoutée.

Les résultats obtenus doivent permettre d'analyser la robustesse de la structure de commande.

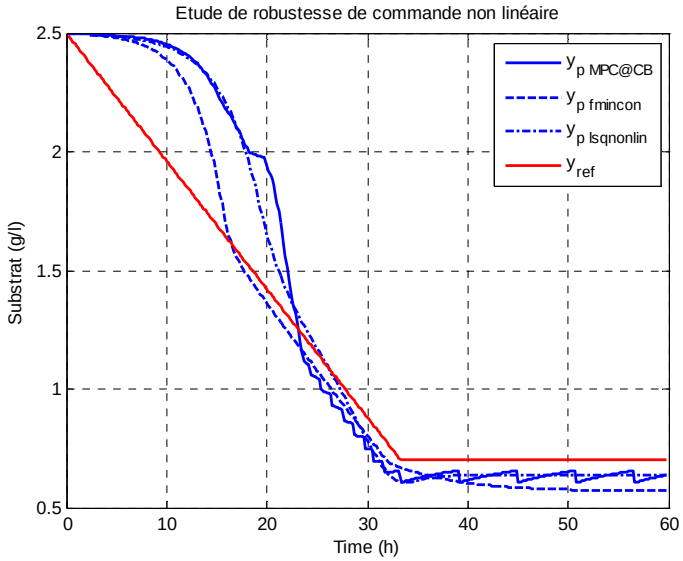

Figure.5.19. Robustesse de la commande avec 10% d'erreur sur μ_{max}

Ici on a pris $\mu_{max_procédé}=1.1\ \mu_{max_modèle}$

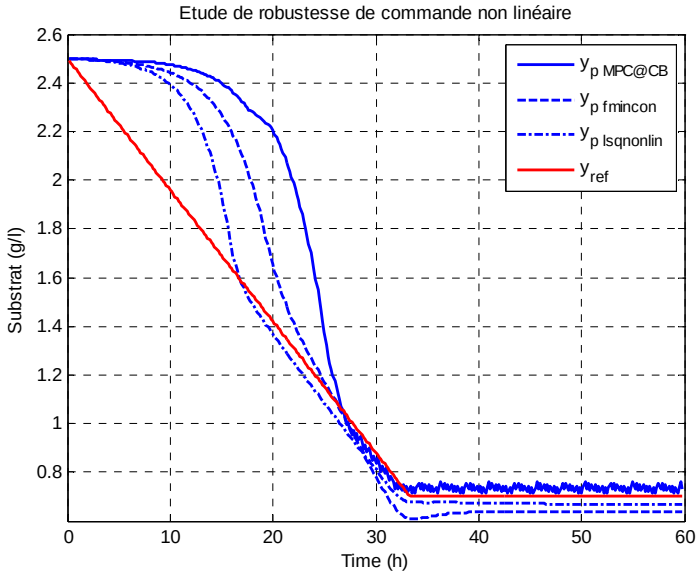

Figure.5.20. Robustesse de la commande avec plus que 50% d'erreur sur k_s

Ici on a pris $k_{s_procédé}=1.5\ k_{s_modèle}$

Le système peut supporter jusqu'à 10% d'erreur sur μ_{max} et jusqu'à 50% d'erreur sur k_s d'où la robustesse de la commande utilisée.

6. Conclusion générale

La commande à modèle prédictif, ou commande à horizon fini, fait référence à des classes de commandes dans laquelle un modèle dynamique du procédé est utilisé pour prédire et optimiser les performances de ce dernier.

Parmi les avantages de la formulation MPC comme méthodes d'optimisation c'est qu'un grand nombre de problèmes de commande peut être entamé, il couvre la poursuite de trajectoire, la minimisation d'une fonction coût, la minimisation de consommation d'énergie sous contraintes techniques.

Dans ce travail, on a intégrer une approche de commande non linéaire en ligne en utilisant deux méthodes différentes d'optimisation, soit fmincon et lsqnonlin, en les appliquant sur un procédé biologique on a eu des résultats satisfaisants pour la poursuite de trajectoire.

Comparés à l'approche par linéarisation on a pu remarquer la souplesse de la commande fournie par les deux approches non linéaires, et leurs capacités à mener le système à retrouver la référence en un temps plus cours.

L'approche par fmincon permet de donner un résultat satisfaisant sauf qu'elle est coûteuse point de vue temps, par contre lsqnonlin est avantageuse sur le temps de calcul de commande et point de vue robustesse. L'approche par linéarisation est l'approche qui met le moins de temps pour le calcul de la commande, sauf que son inconvénient est que la commande est très oscillante qu'elle n'est pas autant robuste. On peut donc conclure que l'approche par lsqnonlin est l'approche la plus adapté pour ce genre de problèmes.

Le faite de rajouter l'observateur permet d'une part de réaliser la commande souhaitée en absence de mesures, et de fournir une estimée sur l'état à tout un instant de la simulation. La présence des erreurs d'observation n'influence pas le calcul de la commande, en effet en comparant le résultat avec et sans observateur, on peut voir que les sorties sont très proches.

7. Bibliographie

Alvarez J. Non-linear state estimation with robust convergence [Revue] // Journal of Process Control. - 2000. - Vol. 10. - pp. 59-71.

Brookner E. Tracking and Kalman Filtering Made Easy [Livre]. - [s.l.] : John Wiley & Sons, 1998.

Dufour P [Revue] // Copmuters and chemical Engeneering. - 2003. - Vol. 27. - pp. 1533-1542.

G Dochain D et Bastin On-line Estimation and Adaptive Control of Bioreactors [Revue] // Elsevier. - 1990. - p. 379.

GONZALEZ VICTOR ALCARAZ Estimation et Commande Robuste Non Linéaire des Procédés Biologiques de Dépollution des Eaux Usées : Application à la Digestion Anaerobie [Rapport] : Thèse de doctorat. - Perpignan : [s.n.], 2001.

Grewal A. Andrews et M. Kalman Filtering : Theory and Practice [Livre]. - [s.l.] : Prentice Hall, 1993.

Grizzle Y. Song et J. W. The Extended Kalman Filter as a Local Asymptotic Observer for Discrete-Time Nonlinear Systems, [Revue]. - [s.l.] : IEEE Trans. on Automatic Control, 1995. - 395-404 : Vol. 40.

Harmand Jérôme Contribution à l'analyse et au contrôle des systèmes biologiques : application des Dysfonctionnements sur des Bioprocédés [Rapport] : HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES. - 2004.

HERNANDEZ Salvador CARLOS Stratégie de Commande Intégrée Intélligente de Procédé de Traitement des Eaux Usées par la Digestion Anaerobie [Rapport] : Thèse Doctorat. - Grenoble : [s.n.], 2005.

Hwang R. Brown et P. Introduction to Random Signals and Applied Kalman Filtering : With Matlab Exercises and Solutions [Livre] / éd. Wiley&Sons John. - 1997. - Third Edition.

J. P. Gauthier H. Hammouri et S. Othmann A Simple Observer for Nonlinear Systems: Application to Bioreactors [Revue] // IEEE Trans. On Automatic Control. - 1992. - 6 : Vol. 36. - pp. 875-880.

K. Reif S. Günther, E. Yaz et R. Unbehauen, Stochastic Stability of the Discrete-Time Extended Kalman Filter [Revue] // IEEE Trans. On Automatic Control. - [s.l.] : IEEE Trans. On Automatic Control,, 1999. - 4 : Vol. 44. - pp. 714-728.

Lakrori M. Commande L/A applications [Rapport] = Thèse de doctorat / Institut National Polytechnique de Grenoble. - 1999.

M. Nadri H. Hammouri, C. Astorga Observer Design for Continious-Discrete Time State Affine Systems up to Output injection. [Revue] // European Journal of Control. - 2004. - pp. 252-263.

VALDES-GONZALEZ Contribution à l'Estimation d'Etat à Horizon Glissant par Méthodes Ensemblistes : Applications à la Surveillance et Détection des Dysfonctionnements sur des Bioprocédés [Rapport] : Thèse de Doctorat. - 2002.

Vanrolleghem P.A. Advanced control of anaerobic digestion processes through disturbances monitoring [Revue] // Water Research. - 1999. - 9 : Vol. 33.

Annexe A

Calcul des points d'équilibre:

$$\dot{x}_1 = 0 \Rightarrow \mu_{\max}.\frac{x_2.x_1}{k_s + x_2} - u.x_1 = 0 \Rightarrow \mu_{\max}.x_2.x_1 = u.x_1.(k_s + x_2)$$

$$\Rightarrow \mu_{\max}.x_2.x_1 - u.x_1.(k_s + x_2) = 0$$

$$\Rightarrow x_1.(\mu_{\max}.x_2 - u.(k_s + x_2)) = 0$$

$$\Rightarrow \begin{cases} x_1 = 0 \ \forall \ x_2 \ \ u = 0 \\ x_1 \neq 0 \text{ et } \begin{cases} x_2 = 0 \text{ et } u=0 \\ x_2 = \dfrac{u.k_s}{\mu_{\max} - u} \end{cases} \end{cases}$$

$$\dot{x}_2 = 0 \Rightarrow -a_1.\frac{\mu_{\max}.x_2.x_1}{k_s + x_2} - u.(x_2 - x_{2in}) = 0$$

$$\Rightarrow -a_1.\mu_{\max}.x_2.x_1 = u.(x_2 - x_{2in}).(k_s + x_2)$$

$$\Rightarrow -a_1.\mu_{\max}.x_2.x_1 - u.(x_2 - x_{2in}).(k_s + x_2) = 0$$

$$\Rightarrow \begin{cases} x_1 = 0 \text{ et } u = 0 \ \forall \ x_2 \\ x_1 = 0 \text{ et } x_2 = x_{2in} \ \forall \ u \\ x_2 = 0 \text{ et } u = 0 \ \forall \ x_1 \\ x_1 = \dfrac{1}{a_1}.(x_{2in} - \dfrac{u.k_s}{\mu_{\max} - u_0}) \ \text{ et } \ x_2 = \dfrac{u.k_s}{\mu_{\max} - u_0} \end{cases}$$

Modèle linéarisé:

Notre modèle peut s'écrire sous la forme : $\begin{cases} \dot{x}_1 = f_1(x,u) \\ \dot{x}_2 = f_2(x,u) \end{cases}$

ainsi on peut calculer

$$\frac{\partial f_1}{\partial x_1} = \frac{\mu_{\max}.x_2}{k_s + x_2} - u \qquad \frac{\partial f_2}{\partial x_1} = -a_1.\frac{\mu_{\max}.x_2}{k_s + x_2}$$

$$\frac{\partial f_1}{\partial x_2} = \frac{\mu_{\max}.x_1}{(k_s + x_2)^2} \qquad \frac{\partial f_2}{\partial x_2} = -a_1.\frac{\mu_{\max}.x_1}{(k_s + x_2)^2} - u$$

Annexe B

Pour visualiser toutes les courbes utilisées dans ce rapport on peut utiliser les scripts .m suivants:

analyse_bioreacteur_BO.m pour : Figures 3.2 et 3.3

analyse_effet_samlping_time_comprtement_procede_observateur.m : Figure 3.4

analyse_non_linearite_bioreateur.M : Figures 3.5, 3.6 et 3.7

analyse_observateur_bioreacteur_BO.m : Figures 4.1, 4.2, 4.3 et 4.4

analyse_resultat_bioreacteur_BF.m : Figures de 5.4 jusqu'à 5.15

analyse_resultat_bioreacteur_BF_comparaison_3_commandes.m : Figures 5.16, 5.17 et 5.18

analyse_robustesse_bioreacteur_BF.m : Figures 5.19 et 5.20.