



Stabilisation Globale de Systèmes Dynamiques Positifs Mal Connus. Applications en Biologie

Ludovic Mailleret

► To cite this version:

Ludovic Mailleret. Stabilisation Globale de Systèmes Dynamiques Positifs Mal Connus. Applications en Biologie. Ecologie, Environnement. Université Nice Sophia Antipolis, 2004. Français. NNT : . tel-00006700

HAL Id: tel-00006700

<https://theses.hal.science/tel-00006700>

Submitted on 18 Aug 2004

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.

UNIVERSITÉ DE NICE - SOPHIA ANTIPOLIS – UFR SCIENCES

École Doctorale

Sciences et Technologies de l'Information et de la Communication

THÈSE

pour obtenir le titre de

Docteur en Sciences

de l'UNIVERSITÉ DE NICE - SOPHIA ANTIPOLIS

Spécialité : Automatique

Présentée par

Ludovic MAILLERET

Stabilisation Globale de Systèmes Dynamiques Positifs Mal Connus

Applications en Biologie

Thèse préparée dans le projet COMORE, INRIA Sophia-Antipolis
Dirigée par Jean-Luc GOUZÉ et co-encadrée par Olivier BERNARD

Soutenue publiquement le 28 Mai 2004 devant le jury composé de :

Jean-Luc GOUZÉ	Directeur de Recherches. INRIA Sophia Antipolis.	Directeur
Alain RAPAPORT	Chargé de Recherches. INRA Montpellier.	Examineur
Jean-Pierre RICHARD	Professeur à l'École Centrale de Lille.	Président
Pierre ROUCHON	Professeur à l'École des Mines de Paris.	Rapporteur
Gauthier SALLET	Professeur à l'Université de Metz-Nancy.	Rapporteur
Jan H. VAN SCHUPPEN	Professeur CWI / Vrije Universiteit, Amsterdam.	Examineur

Remerciements

Mes premières pensées vont à ceux qui ont, il y a quelques temps, repéré la graine de chercheur qui dormait en moi. Merci de m'avoir transmis l'envie et la persévérance qui m'ont permis de mener à bien cette thèse.

J'aimerais remercier Jean-Luc Gouzé et Olivier Bernard (COMORE - INRIA Sophia Antipolis) pour m'avoir encadré sans trop m'enfermer. Merci aussi à Jean-Philippe Steyer (LBE - INRA Narbonne) pour ses tests et données et la couleur expérimentale qu'il a ainsi offerte à mon travail. Merci encore à tous les membres des projets COMORE et MIAOU, croisés au cours de ces années, pour nos échanges et nos discussions, qu'ils fussent scientifiques ou non.

Je voudrais témoigner de ma reconnaissance aux différents membres du jury. A Gauthier Sallet (Université de Metz-Nancy) et Pierre Rouchon (Ecole des Mines de Paris), rapporteurs, pour s'être plongés dans mon travail. A Jean-Pierre Richard (Ecole Centrale de Lille) pour avoir accepté de présider mon jury et à Alain Rapaport (INRA Montpellier) pour sa participation et ses conseils. Enfin merci à Jan H. van Schuppen (CWI, Pays Bas) pour sa lecture minutieuse de ce mémoire francophone, ainsi que pour ses précieuses suggestions.

Je n'oublie pas Stéphane Dalmas et José Grimm, Saint-Bernards de l'informatique, toujours disponibles et qui m'ont très souvent sorti de l'ornière. Merci aussi à Claude Lobry pour sa bonne humeur et ses conseils. Je suis aussi reconnaissant à France Limouzis, vraie fil d'Ariane des labyrinthes administratifs, pour son aide irremplaçable.

Merci à mes parents qui, s'ils n'ont pas toujours bien compris vers où pointait ma boussole, m'ont pour autant permis de suivre le chemin qui m'a conduit jusqu'ici.

Merci surtout à Sandra et Giovanni pour m'avoir accueilli à bras ouvert dans cette contrée azurée, pour moi alors sauvage et lointaine. Merci à Tiphaine pour avoir, même de loin, toujours pris soin de moi. Merci aux ex de Bossuet ainsi qu'aux ex Canards, pour nos péripéties parisiennes, lilloises et pour certains niçoises, pour notre amitié.

Enfin, par delà ces mondanités d'usage, je veux surtout remercier Valérie... Merci pour tout ce que tu me donnes, sans toi ce qui suit n'y serait pas.

Table des matières

Introduction	9
I Stabilisation d'une Classe de Systèmes Positifs Mal Connus	15
1 Les Systèmes Positifs	17
Introduction	18
1.1 Notations, Théorèmes et Définitions	18
1.2 Les Systèmes Linéaires Positifs	22
1.3 Les Systèmes Non-Linéaires Positifs	24
1.4 Remarques sur la Commande des Systèmes Positifs	38
1.5 Des Systèmes Non Linéaires Positifs Mal Connus...	43
Conclusion	48
2 Stabilisation Globale de Systèmes Positifs Mal Connus	51
Introduction	52
2.1 Quelques Hypothèses pour le Contrôle	52
2.2 Loi de Commande Statique	58
2.3 Loi de Commande Adaptative	72
2.4 Simulations et Extensions Possibles	82
Conclusion	89
II Applications à la Conduite de Bioprocédés	91
3 Les Bioréacteurs Mono-Espèce	93
Introduction	94
3.1 Modélisation des Bioréacteurs Continus	95
3.2 Étude du Modèle: Influence de la Vitesse de Réaction $r(\cdot)$	100
3.3 Contrôle des Bioréacteurs Mono-Espèce	104
3.4 Comparaison avec les Commandes "Linéarisantes"	112
Conclusion	121
4 Premières Extensions: Applications à des Modèles plus Réalistes	123
Introduction	124

4.1	La Croissance d'Algues Phytoplanctoniques	124
4.2	La Fermentation Anaérobie	132
	Conclusion	137
5	Extension des Résultats: Cas des Bioréactions en Cascade	139
	Introduction	140
5.1	Modélisation des Bioréactions en Cascade	140
5.2	Contrôle des Bioréactions en Cascade	144
5.3	Réduction Asymptotique du Système Contrôlé	149
5.4	Étude du Système Réduit: Fin de la Preuve	152
5.5	Remarques sur le Résultat Obtenu	162
5.6	Perspectives	163
	Conclusion	165
	Conclusion	169
	Bibliographie	173
	Annexes	181
A	Calculs sur les Exemples de Systèmes Positifs “Quasi-Linéaires”	183
A.1	Exemple (1.18)	183
A.2	Exemple (1.19)	185
B	État de l'Art sur les Taux de Croissance	187
B.1	Taux de Croissance Monotones	187
B.2	Taux de Croissance Non-Monotones	188
B.3	Taux de Croissance Multi-dépendants	189
C	Étude de l'Équation $\dot{x} = f(t)(x^* - x)$	191
C.1	Solution $x(t)$	191
C.2	Bornitude de $x(t)$	191
C.3	Implications de $\int_{\tau=t_0}^{+\infty} f(\tau)d\tau = +\infty$	192
D	Systèmes Asymptotiquement Autonomes	193
	Principales Publications	195
	Liste des Publications	195
	Reproduction des Principales Publications	196

Introduction

*“La Nature n’est pas plus étrange que nous le supposons,
elle est plus étrange que nous ne pouvons l’imaginer.”*

John B. S. Haldane. Biologiste et Essayiste. 1892 - 1964.

La modélisation mathématique des phénomènes naturels connaît un grand essor depuis ses débuts à la fin du XVII^e avec l’invention, par I. Newton, du calcul infinitésimal et son application en mécanique dans la “loi fondamentale de la dynamique”. Cette théorie, fort élégante, rend compte de manière très précise des phénomènes observés empiriquement tant dans la mécanique de tous les jours, dans la balistique que dans la prévision des mouvements des corps célestes. C’est la fidélité même de la description de la réalité par le modèle mécanique qui conduit une bonne part de la communauté des scientifiques de l’époque à penser que tout phénomène naturel, convenablement isolé, est traduisible en langage mathématique par l’intermédiaire d’un modèle, prolongeant ainsi l’idée avancée par Galilée: *“La philosophie est écrite dans ce livre immense [qu’est] l’Univers, mais on ne peut le comprendre si l’on apprend pas d’abord [...] la langue dans laquelle il est écrit. Il est écrit en langue mathématique [...]”* cité dans [75]. La Méthode proposée par Descartes suggère que l’étude globale d’un phénomène est facilitée en considérant de manière isolée les sous phénomènes qui le constituent, pour revenir par la suite au phénomène dans sa globalité. En accord avec cette démarche, l’idée de pouvoir découvrir les équations mathématiques qui régiraient les phénomènes naturels dans leur ensemble, le “livre” de Galilée, se répand implicitement dans la communauté scientifique.

Cette idée que le Monde est sous-tendu par des équations mathématiques qui sont à découvrir entraîne alors la science vers une confusion risquée entre la réalité observée et sa description par des modèles mathématiques à base d’équations différentielles. Cette confusion s’enracine profondément dans la pensée scientifique. La théorie de Newton n’est néanmoins pas la première à décrire fidèlement les mouvements astraux. Les scientifiques arabes avaient développé précédemment, entre le IX^e et le XIV^e siècle, des modèles, certes assez complexes, mais qui rendaient tout aussi précisément compte des mouvements astraux, tout en ne proposant pas d’explication sous-jacente aux phénomènes observés. L’existence de deux représentations aussi fidèles de la réalité remet déjà en cause l’idée de pouvoir découvrir une transcription mathématique unique, présumée sous-jacente, de la réalité observée. La recherche des équations mathématiques censées être constitutives de la Nature reste néanmoins la norme et imprègne les développements scientifiques jusqu’au début du XX^e siècle. Deux nouvelles théories apparaissent alors, portant un coup fatal à cette philosophie. La théorie des quantas puis la relativité générale, validées par la suite, remettent brutalement en cause respectivement le caractère continu des

phénomènes naturels (et donc leur description par des modèles à base d'équations différentielles) et la théorie de Newton sur la mécanique.

L'idée que le modèle mathématique est la transcription exacte de la réalité s'érode dès lors progressivement. Reconnaissons cependant que la tentation de ne jamais remettre en cause le modèle est encore grande aujourd'hui, notamment en Physique où les théories classiques restent, à l'échelle humaine, d'une indéniable précision.

Gardons nous cependant de tomber dans ce piège et conservons à l'esprit qu'un modèle n'est qu'une représentation, nécessairement inexacte et parfois trompeuse, de la réalité. Le cas particulier de la Biologie, qui nous intéresse dans ce mémoire, est assez symptomatique de la difficulté de proposer un modèle mathématique décrivant la réalité d'un phénomène de façon fidèle. La complexité intrinsèque des organismes étudiés et la difficulté de mesurer précisément les grandeurs mises en jeu posent respectivement d'énormes problèmes de conceptualisation et de validation expérimentale des modèles proposés. Les modèles biologiques existants sont ainsi peu fiables et leur éventuelle utilisation réclame une certaine prudence. Par ailleurs, la modélisation mathématique en Biologie n'en est encore qu'à ses débuts, comme nous allons le voir.

Biologie et Modélisation Mathématique

*“Vous arrivez devant la nature avec des théories,
la nature flanque tout par terre.”*

Auguste Renoir. Peintre. 1841 - 1919.

Si notre propos n'est bien sûr pas la peinture, cette citation, prêtée à A. Renoir, illustre bien la problématique liée à la modélisation mathématique en Biologie. En dehors du caractère souvent imprévisible des phénomènes biologiques, expliquant entre autres la difficulté d'en proposer une théorie, cette problématique trouve aussi ses racines dans l'évolution historique de la Biologie en tant que science.

Ainsi, et contrairement à la Physique, la Biologie a pendant longtemps souffert d'un manque d'abstraction mathématique. C'est même parfois d'autres disciplines scientifiques que proviennent une bonne partie des concepts utilisés. C'est ce que nous illustrons avec l'exemple de l'écologie théorique qui a vécu ses heures de gloire durant la première moitié du XX^e siècle.

L'écologie au sens large vise à décrire les évolutions dynamiques conjointes de populations d'êtres vivants en interaction entre eux et avec leur environnement. Les premiers essais scientifiques visant à décrire l'évolution temporelle d'une population d'individus restent cantonnés aux sciences politico-sociales, particulièrement à l'étude de l'accroissement de la population humaine et des problèmes de ressources que cet accroissement induit. C'est ainsi que le premier modèle de l'évolution temporelle d'une population est à mettre au crédit de T.R. Malthus, dont les travaux [90] parus en 1798 avancent le concept de croissance exponentielle du nombre d'individus, tant que les ressources du milieu sont suffisamment abondantes pour soutenir les besoins de la population. Malthus en déduit qu'une population a toujours tendance à s'accroître jusqu'au seuil où les ressources du milieu deviennent insuffisantes, mais ne le traduit pas sous forme mathématique. Il suggère alors que toutes les politiques visant à réduire les famines sont vouées à l'échec, la population s'accroissant jusqu'au niveau où le manque de

nourriture redevient inévitable. Reprenant l'idée de Malthus quelques dizaines d'années plus tard, le mathématicien P.F. Verhulst propose en 1838 [137] le modèle logistique. Ce modèle prend lui explicitement en compte l'épuisement des ressources du milieu lorsque la population est trop importante. Ce phénomène est modélisé par l'intermédiaire d'une décroissance, linéairement dépendante de la taille de la population, de la vitesse de croissance exponentielle proposée par Malthus. Ces travaux restent cependant très longtemps coupées des recherches menées en Sciences de la Vie.

C'est C. Darwin qui, non sans bousculer ses contemporains, place la problématique écologique au centre de la Biologie. En publiant en 1859 "L'Origine des Espèces" [25], il propose le concept de "sélection naturelle", décrivant ainsi le rôle déterminant des interactions entre différentes populations dans l'évolution transgénérationnelle des espèces. L'importance de l'écologie (terme créé en 1866 par le biologiste E. Haeckel) apparaît de façon flagrante et le besoin d'une théorisation se fait rapidement sentir. C'est la porte ouverte aux mathématiciens et autres modélisateurs qui, dès le début du XX^e siècle, se saisissent de problématiques écologiques.

Ainsi certains scientifiques comme A.J. Lotka, V. Volterra et d'autres, commencent à s'intéresser à la modélisation quantitative en écologie sous l'aspect dynamique de populations. Ils renouent avec l'approche initiée par Malthus et Verhulst, notamment avec le concept de croissance exponentielle, mais à vitesse variable, d'une population. Ces travaux rejoignent ceux des écologues de l'époque qui se contentaient alors d'études empiriques sur le sujet. Ce sont ainsi des observations *in situ* effectuées par U. d'Ancona sur les populations de poissons pêchées en mer adriatique, pendant et peu après la première guerre mondiale, qui suggèrent à Volterra (son beau-frère) la problématique proies - prédateurs qui mena au développement de sa "théorie mathématique de la lutte pour la vie" [141]. Volterra retrouve en cela, et apparemment par hasard *cf.* [141], le modèle proies-prédateurs proposé par Lotka quelques années plus tôt [79] par analogie avec son modèle de réactions chimiques enzymatiques [78]. L'écologie théorique est alors née et nombre de mathématiciens s'en emparent.

Le problème de confronter modèles mathématiques et observations empiriques des phénomènes biologiques se pose alors. Il apparaît bien vite que les écosystèmes sont très complexes et peu connus. Trancher entre différents modèles mathématiques s'avère impossible, entre autres à cause du manque de données quantitatives disponibles et de la difficulté d'isoler certains phénomènes dans la nature. Cela donne lieu à de vives controverses entre modélisateurs comme l'illustre le débat entre Volterra et Kolmogoroff sur la théorie de Volterra de la lutte pour la vie [65] (*cf.* page 35). Même d'Ancona, pourtant à l'origine des recherches de Volterra, est assez critique: "*mes observations peuvent être interprétées dans le sens de votre théorie, mais cela n'est pas un fait absolu, [juste] une interprétation*" (cité dans [56]).

Les biologistes ne restent cependant pas insensibles à cette volonté de décrire quantitativement, par l'intermédiaire de l'outil mathématique, les processus biologiques. C'est le cas notamment en microbiologie, où, suivant les pas de quelques précurseurs (Blackman [16], Teissier [134]), le microbiologiste J. Monod entreprend, au début des années 40, de décrire quantitativement la croissance de bactéries à partir de résultats d'expériences conduites en chemostat (*cf.* chapitre 3). Il dérive ainsi de ses expériences un modèle mathématique de la croissance bactérienne. À la suite de Monod, de nombreux biologistes suivent cette démarche de modélisation mathématique de phénomènes biologiques sur la base d'expériences. Ceci conduit à une prolifération impressionnante du nombre de modèles, plus ou

moins différents et plus ou moins validés, mais sans qu'une démarche unificatrice n'émerge vraiment.

Notons que s'il n'y a pas, jusqu'à aujourd'hui, de théorie unificatrice, les modèles écologiques ont cependant des caractéristiques structurelles communes. Tout d'abord, la quasi-totalité des modèles en dynamique de populations sont fortement non-linéaires, du fait de l'existence de plusieurs points d'équilibre et du concept de taux de croissance exponentiel variable. De plus ces modèles, décrivant l'évolution de concentrations, de nombre d'individus *etc...*(grandeurs nécessairement positives), sont des "systèmes positifs" (nous y revenons en détails au chapitre 1).

Enfin, pour finir sur cette problématique du modèle mathématique en Biologie, rappelons cette phrase de N. Bouleau dans [18] qui, après un copieux recensement de modèles mathématiques apparaissant en Biologie, illustre le manque de maturité de la modélisation en Biologie en ces termes: "*L'impression générale que donnent ces travaux est un ensemble assez hétéroclite. Parfois des schématisations très sommaires sont appliquées à des situations complexes [...], parfois au contraire sont employées des méthodes très sophistiquées sur des données très vagues. Des ébauches maladroites avoisinent les effets de style qui évoquent les Précieuses Ridicules*".

Notre Approche

" Il faut savoir douter où il faut, assurer où il faut et se soumettre où il faut. Qui ne fait ainsi n'entend pas la force de la raison."

Blaise Pascal. Mathématicien et Philosophe. 1623 - 1662.

Les difficiles rapports entre modèles mathématiques et Biologie n'ont pas empêché l'Homme d'exploiter depuis fort longtemps les processus biologiques dans des conditions plus ou moins bien maîtrisées. C'est le cas avec l'agriculture qui a remplacé la cueillette et la chasse. Mais l'Homme exploite aussi pour son profit de petits écosystèmes microbiens confinés pour élaborer des produits dont il est friand. Le fromage, le vin ou la bière sont ainsi fabriqués depuis très longtemps par la fermentation domestiquée de microorganismes sur des composés organiques.

L'idée d'exploiter les microbes dans d'autres domaines pour, par exemple, la production de molécules médicamenteuses ou la dépollution de l'eau, a fait son chemin et beaucoup de ces "bioréacteurs" sont aujourd'hui utilisés dans des secteurs très variés de l'industrie (*cf.* partie II). Ces procédés ont des comportements dynamiques observés empiriquement souvent plus complexes que leurs ancêtres. Notamment, ils s'avèrent parfois très sensibles à certaines perturbations qui peuvent les rendre inutilisables. Afin de garantir leur efficacité il convient alors de développer des procédures de contrôle leur assurant un comportement dynamique simple et permettant leur utilisation pérenne. C'est le sujet principal qui nous occupe dans cette thèse.

L'Automatique fournit de nombreux outils permettant le contrôle de phénomènes variant dans le temps, afin de leur faire effectuer une certaine tâche. L'efficacité de ces méthodes n'est plus à prouver tant elles sont aujourd'hui banales et font fonctionner la quasi-totalité des objets technologiques qui nous entourent (radiateur à thermostat, maintien à poste de satellites, positionnement de tête de lecture CD *etc...*). Mais il convient de remarquer que l'immense majorité des procédures de contrôle

proposées sont *basées* sur un *modèle bien connu et précis* d'un phénomène physique, modèle souvent linéaire. Le rôle majeur tenu par les écosystèmes exploités dans les bioprocédés pose alors le problème de la modélisation avant même de penser au contrôle. Comme nous l'avons détaillé précédemment, les modèles en écologie sont peu fiables. Ceci entraîne donc une incertitude forte sur la formulation analytique du modèle censé représenter fidèlement le comportement dynamique du procédé. Il paraît alors assez audacieux de concevoir une procédure de contrôle basée sur un modèle peu ou pas fiable.

Les divers modèles de bioréacteurs proposés dans la littérature ont cependant de nombreux points communs. Classe particulière de modèles écologiques, ils sont fortement non-linéaires. Ce sont aussi des systèmes positifs, les grandeurs décrites par le modèle l'étant par nature. Enfin les commandes disponibles sont, pour des arguments physiques sur lesquels nous reviendrons, elles aussi souvent contraintes à la positivité. Tous ces éléments nous éloignent inexorablement des conditions d'application des théories classiques du contrôle en Automatique (modèle bien connu, commandabilité, commandes non-contraintes. . .) et forcent à concevoir des méthodes nouvelles.

Nous proposons dans ce mémoire de contourner le problème posé par la modélisation des bioprocédés en considérant, en lieu et place d'un modèle précis, une classe de modèles semi-qualitatifs recouvrant entre autres le modèle précis. À des descriptions analytiques précises des interactions biologiques, nous substituons une description qualitative (*e.g.* en terme de signe voire de sens de variation d'une fonction). Étant ainsi basés sur très peu d'hypothèses, ces modèles ont ainsi toutes les chances de ne pas être faux, point primordial. Nous parlerons alors de modèles ou de systèmes dynamiques "mal connus". L'incertitude intrinsèque à cette classe de modèles les rend bien sûr parfaitement inadaptés à des tâches de simulation ou de prédiction. Nous allons néanmoins montrer qu'ils peuvent, par l'intermédiaire du contrôle, nous permettre d'imposer un comportement structurellement simple à la classe des modèles semi-qualitatifs, et par là même, nous l'espérons, aux phénomènes réels. Ainsi, en tenant explicitement compte du caractère mal connu des modèles de bioprocédés, nous proposons une stratégie de commande qui garantit la stabilisation globale de ces modèles vers un unique équilibre, réglable et assurant le fonctionnement durable des procédés.

Ce manuscrit est composé de deux grandes parties; la première est théorique et pose le cadre formel dans lequel nous nous situons, tandis que la seconde traite de l'application des méthodes proposées au cas particulier des bioprocédés. Dans la première partie, nous rappelons tout d'abord les concepts de base des systèmes d'équations différentielles ordinaires positifs. Nous rappelons ou démontrons quelques théorèmes que nous utiliserons par la suite et introduisons les classes générales de systèmes dynamiques positifs semi-qualitatifs, ou "mal connus", qui nous occuperont au second chapitre. Celui-ci est dédié à la démonstration mathématique de l'efficacité des stratégies de commande que nous proposons.

Dans la seconde partie, nous présentons tout d'abord, au chapitre 3, l'application directe des méthodes proposées dans la première partie sur une classe simple de modèles mal connus de bioprocédé. Puis, en suivant une démarche ascendante, nous montrons que les stratégies de commande, conçues pour la classe de modèles mal connus, restent valables sur des modèles de bioréacteurs issus de la littérature, de structure plus complexe (modèle de croissance de phytoplancton [19], modèle de fermenteur anaérobie [14]). À la différence des publications dont ils sont issus, nous prenons soin de rester le plus qualitatif possible sur les termes biologiques de ces modèles. Nous montrons des expériences réalisées sur un fermenteur anaérobie pilote qui valident notre stratégie. Enfin, dans le cinquième et

dernier chapitre, à nouveau plus théorique, nous étudions le cas général des bioréactions en cascade, suggéré par le modèle de fermenteur anaérobie. En conservant notre choix de description qualitative des interactions biologiques, nous montrons que, sous certaines conditions, notre démarche reste valable. Nous illustrons aussi la relation très forte liant certaines structures génériques de réseaux trophiques microbiens complexes et la classe de modèles mal connus étudiée au chapitre 3.

Première partie

Stabilisation d'une Classe de Systèmes Positifs Mal Connus

Chapitre 1

Les Systèmes Positifs

Contenu du chapitre

Introduction	18
1.1 Notations, Théorèmes et Définitions	18
1.1.1 Notations	18
1.1.2 Opérations	20
1.1.3 Théorèmes	20
1.1.4 Les Systèmes Positifs	21
1.2 Les Systèmes Linéaires Positifs	22
1.2.1 Caractérisation	22
1.2.2 Propriétés	23
1.3 Les Systèmes Non-Linéaires Positifs	24
1.3.1 Les Systèmes Coopératifs Positifs	24
1.3.2 Les Systèmes de type “Kolmogoroff”	31
1.4 Remarques sur la Commande des Systèmes Positifs	38
1.4.1 La Notion de “Commande”	38
1.4.2 La Notion de “Commandabilité”	40
1.4.3 La Commandabilité des Systèmes Positifs	42
1.5 Des Systèmes Non Linéaires Positifs Mal Connus...	43
1.5.1 Les Systèmes Positifs “Quasi-Linéaires”	44
1.5.2 Les Systèmes Positifs “Quasi-Coopératifs”	47
Conclusion	48

Introduction

Nombre de phénomènes naturels présentent la caractéristique remarquable d'être entièrement représentés par des grandeurs qui n'ont de sens que lorsqu'elles sont *positives*. Dans la tâche ardue de mise en équation du réel, *i.e.* la *modélisation*, il convient de prendre en compte cette forte contrainte. Des exemples de tels phénomènes peuvent être issus de disciplines aussi différentes que l'économie (les variables descriptives peuvent être *e.g.* des prix de marchandises, des quantités de stocks [74, 132]...), les sciences sociales (*e.g.* nombres d'individus, des taux de satisfaction, de consommation [113]...), la physique (*e.g.* problèmes de réservoirs d'eau, systèmes d'irrigation [48]...), la chimie (*e.g.* réacteurs chimiques, colonnes à distiller [23]...), les télécommunications (*e.g.* quantité d'informations à faire transiter par un réseau [121]), la biologie (dynamique de populations, épidémiologie [28], bioréacteurs [99, 10]).

Nous nous intéressons dans cette partie à des systèmes dynamiques en temps continu (équations différentielles ordinaires) chargés de décrire le comportement temporel de processus n'impliquant que des variables positives. Nous parlerons alors de *modèle* ou de *système positif*. Pour qu'un système soit qualifié de positif, il doit vérifier une contrainte structurelle très forte, la *positivité*: les variables d'état du système doivent demeurer positives si elles sont initialisées en des valeurs positives. Ce chapitre présente des résultats sur les systèmes linéaires positifs développés notamment par Luenberger dans [80] et repris et détaillés par Farina et Rinaldi dans [32]. Nous donnerons aussi quelques résultats sur les systèmes non-linéaires positifs, qu'ils soient des systèmes de Lotka-Volterra [133], ou des systèmes "coopératifs", classe de systèmes notamment étudiée par Smith [126].

Après la définition de quelques notations et le rappel de théorèmes très utiles pour la suite, nous décrirons la façon communément admise de caractériser les systèmes dynamiques positifs. Nous étudierons ensuite le cas particulier des systèmes positifs linéaires. Puis nous évoquerons le cas des systèmes non-linéaires en nous attachant d'abord au cas particulier des systèmes coopératifs. Nous donnerons ensuite quelques résultats sur les systèmes de Kolmogoroff, archétypes des systèmes positifs. Enfin, après avoir brièvement introduit les notions de commande et de commandabilité dans le cas des systèmes positifs, nous donnerons la classe particulière de systèmes non-linéaires positifs mal connus sur laquelle nous nous concentrerons dans le chapitre 2.

1.1 Notations, Théorèmes et Définitions

1.1.1 Notations

Nous définissons ici différentes notations concernant les vecteurs et les opérateurs "positifs". Ces notations sont conformes à celles classiquement introduites dans la littérature *e.g.* [80, 32]. Nous introduisons tout d'abord trois relations d'ordre partiel dans $\mathbb{R}^n$: " $\gg$ ", ">" et " $\geq$ ".

Considérons deux vecteurs x et y de $\mathbb{R}^n$; alors:

$$x \gg y \Leftrightarrow \forall i \in [1..n], x_i > y_i$$

$$x > y \Leftrightarrow \begin{cases} \forall i \in [1..n], x_i \geq y_i \\ \text{Et:} \\ \exists j \in [1..n], x_j > y_j \end{cases}$$

$$x \geq y \Leftrightarrow \forall i \in [1..n], x_i \geq y_i$$

Il est clair que: $x \gg y \Rightarrow x > y \Rightarrow x \geq y$.

Il convient aussi de noter que deux vecteurs de $\mathbb{R}^n$ ne sont pas forcément liés l'un à l'autre par une des relations définies ci-dessus.

Ces relations d'ordre partiel nous permettent de définir les vecteurs positifs de $\mathbb{R}^n$:

- x est *positif* i.e. $x \geq 0$
- x est *strictement positif* i.e. $x > 0$
- x est *fortement positif* i.e. $x \gg 0$

Définissons les *orthants positif* et *fortement positif*, que nous noterons respectivement $\mathbb{R}_+^n$ et $\mathbb{R}_{+*}^n$:

$$\mathbb{R}_+^n = \{x \in \mathbb{R}^n, x \geq 0\}$$

$$\mathbb{R}_{+*}^n = \{x \in \mathbb{R}^n, x \gg 0\}$$

De la même façon nous définissons les relations “ $\gg$ ”, “ $>$ ” et “ $\geq$ ” pour les matrices $(n \times n)$ de $\mathbb{R}^n$:

$$A \gg B \Leftrightarrow \forall (i,j), a_{i,j} > b_{i,j}$$

$$A > B \Leftrightarrow \begin{cases} \forall (i,j), a_{i,j} \geq b_{i,j} \\ \text{Et:} \\ \exists (i,j), a_{i,j} > b_{i,j} \end{cases}$$

$$A \geq B \Leftrightarrow \forall (i,j), a_{i,j} \geq b_{i,j}$$

Nous définissons donc les matrices positives:

- A est *positive* i.e. $A \geq 0$
- A est *strictement positive* i.e. $A > 0$
- A est *fortement positive* i.e. $A \gg 0$

Clairement: $A \gg 0 \Rightarrow A > 0 \Rightarrow A \geq 0$

Nous introduisons aussi les *matrices de Metzler* (proposées par Metzler dans [92] en économie mathématique dans le contexte des interactions entre marchés), qui nous serviront beaucoup par la suite:

$$A \text{ est une matrice de Metzler} \Leftrightarrow \forall i \neq j, a_{i,j} \geq 0$$

Clairement les matrices positives sont des matrices de Metzler. De plus un lien très fort existe entre les matrices positives et les matrices de Metzler. En effet, si M est une matrice de Metzler, alors:

$$\exists c \in \mathbb{R}^+ \text{ et } \exists P \geq 0, P = M + c\text{Id}$$

1.1.2 Opérations

Nous présentons dans cette section quelques résultats (simples) sur les opérations entre opérateurs (matrice A) et vecteurs positifs (vecteur x). Pour plus de clarté nous avons récapitulé ces résultats dans le tableau suivant.

	$A \geq 0$	$A > 0$	$A \gg 0$
$x \geq 0$	$Ax \geq 0$	$Ax \geq 0$	$Ax \geq 0$
$x > 0$	$Ax \geq 0$	$Ax \geq 0$	$Ax \gg 0$
$x \gg 0$	$Ax \geq 0$	$Ax > 0$	$Ax \gg 0$

1.1.3 Théorèmes

De nombreux résultats sur les matrices positives existent dans la littérature, ils ont principalement été développés pour les systèmes positifs en temps discret et les chaînes de Markov (*e.g.* [9, 117, 80, 32]). Le résultat le plus important sur les matrices positives est probablement le théorème de Perron-Frobenius [106, 35] que nous reproduisons ici:

Théorème 1.1 (Perron-Frobenius)

Soit une matrice $A \gg 0$. Alors il existe un réel $\lambda_0 > 0$ et un vecteur $x_0 \gg 0$ tels que:

- $Ax_0 = \lambda_0 x_0$ (λ_0 est une valeur propre de A , x_0 un vecteur propre associé)
- Si $\lambda \neq \lambda_0$ est valeur propre de A , alors $|\lambda| < \lambda_0$
- λ_0 est de multiplicité 1; l'espace propre associé est: $\text{vect}\{x_0\}$

Luenberger a étendu plusieurs résultats issus du théorème 1.1 de Perron-Frobenius aux matrices de Metzler (par la translation $P = A + c\text{Id} \geq 0$ citée plus haut, voir [80]). Il donne notamment les deux résultats suivants, qui nous seront fort utiles, notamment pour l'étude des systèmes linéaires positifs:

Théorème 1.2 (Luenberger [80])

Soit A une matrice de Metzler et un vecteur $b \gg 0$. Les valeurs propres de A sont à parties réelles strictement négatives si et seulement si il existe un vecteur $x > 0$ tel que:

$$Ax + b = 0$$

Théorème 1.3 (Luenberger [80])

Soit A une matrice de Metzler. Alors $-A^{-1}$ existe et $-A^{-1} > 0$ si et seulement si toutes les valeurs propres de A sont à parties réelles strictement négatives (*i.e.* A est stable).

Citons aussi un théorème sur les matrices de Metzler prouvé par Smith dans [125], qui est aussi une conséquence du théorème 1.1 de Perron-Frobenius. Il nous sera particulièrement utile, notamment dans l'étude de certains systèmes non-linéaires positifs.

Théorème 1.4 (Smith [125])

Soit A une matrice de Metzler. Alors:

- la valeur propre dominante de A (i.e. de plus grande partie réelle) est réelle; le vecteur propre associé étant positif.
- considérons une matrice $B \geq A$. Alors, la valeur propre dominante de B est supérieure ou égale à la valeur propre dominante de A .

1.1.4 Les Systèmes Positifs

Considérons le système dynamique de $\mathbb{R}^n$, en temps continu, suivant:

$$(\Sigma) \quad \begin{cases} \dot{x} = f(x_1, x_2, \dots, x_n) \\ x(t=0) = x_0 \end{cases}$$

$f(\cdot)$ étant une fonction $\mathcal{C}^1$. Ceci permet d'assurer l'existence et l'unicité des trajectoires $x(t, x_0)$. Par la suite tous les systèmes considérés vérifieront cette propriété.

Comme évoqué dans l'introduction, le système (Σ) est positif si et seulement si toutes les trajectoires $x(t, x_0)$ engendrées par (Σ) , initialisées en $x_0 \geq 0$, restent positives pour tout temps t positif.

Une condition équivalente à la positivité d'un système dynamique est donc de garantir l'invariance par (Σ) de l'orthant positif $\mathbb{R}_+^n$ de l'espace d'état. Pour garantir l'invariance de l'orthant positif $\mathbb{R}_+^n$, il faut et il suffit de vérifier que les frontières de $\mathbb{R}_+^n$ (i.e. les hyperplans $x_i = 0$) sont infranchissables par les trajectoires du système initialisées dans $\mathbb{R}_+^n$. Il faut donc garantir que, pour tout i , si la variable d'état x_i est nulle au temps t (avec $x(t) \geq 0$), $\dot{x}_i$ est positive, ce qui garantira que pour tout $T > t$, $x_i(T) \geq 0$ et assurera donc la positivité du système. La définition de la positivité d'un système dynamique est donc équivalente à la propriété suivante (cf. e.g. [80, 32]).

Propriété 1.5 ([80, 32])

Le système dynamique (Σ) est un système positif si et seulement si:

$$\forall i \in [1..n], \dot{x}_i = f_i(x_1 \geq 0, \dots, x_i = 0, \dots, x_n \geq 0) \geq 0$$

Nous définissons aussi une nouvelle classe, plus restrictive, de systèmes dynamiques positifs: les systèmes *fortement positifs*. Nous les définissons comme les systèmes dont les trajectoires initialisées en $x_0 \geq 0$, sont fortement positives pour tout temps strictement positif (i.e. $\forall t > 0, x(t, x_0) \gg 0$). Il est clair que garantir la stricte positivité de $\dot{x}_i$ en $x_i = 0$ (avec $x(t) \geq 0$) est nécessaire et suffisant pour que le système soit *fortement positif*.

Propriété 1.6

Le système dynamique (Σ) est un système fortement positif si et seulement si:

$$\forall i \in [1..n], \dot{x}_i = f_i(x_1 \geq 0, \dots, x_i = 0, \dots, x_n \geq 0) > 0$$

Il est clair qu'un système fortement positif est aussi un système positif.

Remarque — Notons que si la positivité d'un système s'exprime très facilement dans les coordonnées initiales (qui ont un sens "physique"), effectuer un changement de variable peut facilement transformer un système positif en un système qui ne l'est pas. Il est ainsi souvent plus judicieux de conserver les variables originelles afin de pouvoir exploiter la positivité du système.

1.2 Les Systèmes Linéaires Positifs

La théorie des systèmes linéaires positifs a été étudiée par Luenberger dans [80], et plus récemment par Farina et Rinaldi [32] qui ont traité notamment les problèmes de contrôlabilité et d'observabilité. Sur le même sujet on pourra aussi consulter [26]. Nous reprenons dans cette section certains des résultats (ainsi que les preuves) développés par les auteurs précités. Notamment, nous verrons qu'il existe, pour les systèmes linéaires positifs, un lien structurel très fort entre l'existence d'un équilibre positif et sa stabilité globale.

1.2.1 Caractérisation

Considérons le système linéaire (dans $\mathbb{R}^n$) suivant:

$$\{ \dot{x} = Ax + b \tag{1.1}$$

Nous exploitons dans le théorème qui suit les définitions de positivité 1.5 et de forte positivité 1.6, afin de caractériser la structure des systèmes linéaires positifs et fortement positifs.

Théorème 1.7

Le système linéaire (1.1) est un système linéaire positif (resp. fortement positif) si et seulement si A est une matrice de Metzler et $b \geq 0$ (resp. $b \gg 0$)

Preuve :

Pour que la définition de positivité 1.5 (resp. de forte positivité 1.6) s'applique au système (1.1) en $x = 0$, il est nécessaire que:

$$b \geq 0 \quad (\text{resp. } b \gg 0)$$

Considérons maintenant la définition 1.5 (resp. définition 1.6) pour le système (1.1) en $x_i = 0$ (avec $x \geq 0$), on a:

$$\dot{x}_i = \underbrace{b_i}_{\geq 0 \text{ (resp. } > 0)} + \sum_{j \neq i} a_{i,j} \underbrace{x_j}_{\geq 0}$$

Afin de garantir que pour toutes valeurs positives des x_j , $\dot{x}_i$ soit positive (resp. strictement positive), il est nécessaire que:

$$\forall i, \forall j \neq i, a_{i,j} \geq 0$$

A est donc une matrice de Metzler. Une condition nécessaire pour que le système linéaire (1.1) soit un système positif (resp. fortement positif) est donc que A soit une matrice de Metzler et que $b \geq 0$ (resp. A Metzler et $b \gg 0$).

La réciproque est claire. $\square$

1.2.2 Propriétés

Nous ne considérons les systèmes positifs que sur l'orthant positif de l'espace d'état $\mathbb{R}_+^n$, et ne nous intéressons donc qu'aux équilibres positifs de ces systèmes. Ainsi, contrairement à l'automatique classique où l'on s'intéresse surtout à l'équilibre nul (quitte à traiter d'autres cas par translation de l'état), dans le cadre des systèmes positifs, les changements de variables étant proscrits, on ne cherchera pas à se ramener au problème de l'équilibre en zéro.

Nous commençons par donner un théorème pour les systèmes linéaires positifs assurant que si la matrice A est stable (*i.e.* toutes les valeurs propres sont à parties réelles *strictement négatives*), alors le système admet un équilibre positif.

Théorème 1.8

Considérons le système linéaire positif (1.1). Supposons que la matrice A soit stable. Alors le système linéaire positif (1.1) admet un équilibre x^ positif.*

Preuve :

Le système considéré étant un système linéaire positif, par le théorème 1.7, A est une matrice de Metzler et $b \geq 0$.

Puisque la matrice A est stable, ses valeurs propres sont toutes à parties réelles strictement négatives. A est donc inversible et le système considéré admet pour (unique) équilibre le point x^* tel que:

$$x^* = -A^{-1}b$$

D'après le théorème 1.3, la matrice $-A^{-1}$ est une matrice strictement positive:

$$-A^{-1} > 0$$

Par les résultats de la section 1.1.2, puisque $b \geq 0$, il est clair que: $x^* \geq 0$. $\square$

Nous donnons maintenant un théorème de [120] pour les systèmes fortement positifs, prouvé en fait grâce à des résultats donnés dans [80], liant l'existence d'un équilibre fortement positif à sa stabilité.

Théorème 1.9

Considérons un système linéaire fortement positif (1.1). Alors il existe x^ , point d'équilibre fortement positif du système (1.1), si et seulement si la matrice A est stable.*

Preuve :

Le système considéré étant fortement positif, A est une matrice de Metzler et $b \gg 0$ (Théorème 1.7).

- Supposons que A soit une matrice stable, alors, elle est inversible et d'après le théorème 1.3, la matrice $-A^{-1}$ est une matrice strictement positive. Le système considéré admet donc un équilibre x^* tel que:

$$x^* = -A^{-1}b$$

D'après les résultats de la section 1.1.2, puisque $b \gg 0$, x^* est strictement positif ($x^* > 0$). Or le système est fortement positif, donc $x^* \gg 0$.

- Supposons qu'il existe un point d'équilibre x^* du système considéré et que celui-ci soit fortement positif: $x^* \gg 0$. Alors x^* vérifie l'équation:

$$Ax^* + b = 0$$

En appliquant le théorème 1.2, nous pouvons conclure que toutes les valeurs propres de A sont à parties réelles strictement négatives *i.e.* la matrice A est stable. $\square$

Remarque – En exploitant les définitions de positivité dans le cas des systèmes linéaires, nous avons montré que les structures des systèmes linéaires positifs étaient très contraintes. Ces contraintes imposent elles-mêmes des résultats étonnants sur l'équivalence, dans le cas des systèmes linéaires fortement positifs, entre l'existence d'un équilibre positif et sa stabilité exponentielle. Le résultat est plus faible (la stabilité implique l'existence) dans le cas des systèmes linéaires positifs mais reste intéressant.

1.3 Les Systèmes Non-Linéaires Positifs

Nous nous intéressons ici aux systèmes non-linéaires positifs. Contrairement au cas des systèmes linéaires, il est très difficile d'associer une structure particulière à la positivité d'un système non-linéaire. En effet si la théorie des systèmes linéaires positifs est bien documentée dans la littérature, les systèmes non-linéaires positifs, pourtant très présents par exemple en biologie ou en (bio)chimie, sont, eux, peu documentés en tant que classe particulière de systèmes.

Il est par contre possible d'isoler certaines classes de systèmes non-linéaires, de montrer que ceux-ci sont des systèmes non-linéaires positifs, et d'en déduire certaines propriétés particulières dues, entre autres, à la positivité. C'est ce que nous nous proposons de faire dans cette section, en montrant quelques résultats issus de la théorie des systèmes quasi-monotones [120] ou coopératifs [126]. Nous donnerons ensuite quelques résultats sur les systèmes de type Lotka-Volterra, systèmes positifs par construction, présentés notamment dans [38, 125].

1.3.1 Les Systèmes Coopératifs Positifs

Une classe de systèmes se rapprochant beaucoup des systèmes linéaires positifs étudiés précédemment est la classe des systèmes "coopératifs": la vitesse de variation d'une variable d'état est une fonction croissante (en tout point) des autres variables d'état.

Nous verrons tout d'abord dans le cas général les propriétés structurelles des systèmes coopératifs, en reprenant principalement des résultats donnés par Smith dans [126]. Puis nous verrons que sous certaines conditions, assez peu restrictives, nous pouvons caractériser le comportement global des systèmes dynamiques coopératifs fortement positifs d'une façon relativement similaire à celle des systèmes linéaires positifs.

Généralités sur les Systèmes Coopératifs

La classe des systèmes dynamiques “coopératifs” a initialement été mise en valeur par Kamke [62], reprise ensuite par Hale [43] puis par Hirsch [50, 49, 51] qui leur donna le nom de “systèmes coopératifs” et exploita leurs caractéristiques. Ces résultats ont ensuite été repris et étendus par Smith dans une monographie sur cette structure de systèmes [126]. Nous donnons ici les principaux résultats sur les systèmes coopératifs sans se préoccuper de la positivité dans un premier temps.

Définissons tout d’abord les systèmes dynamiques coopératifs. Considérons le système dynamique (non-autonome, $t \in \mathbb{R}$) dans un domaine ouvert convexe $D \subset \mathbb{R}^n$:

$$\{ \dot{x} = f(t, x) \} \quad (1.2)$$

Par la suite nous noterons la trajectoire du système (1.2) issue de la condition initiale x_0 , $x(t, x_0)$ ou $\phi_f(t, x_0)$ si il y a ambiguïté.

Définition 1.10

Le système dynamique (1.2) est coopératif si et seulement si la fonction $f(t, x)$ est telle que:

$$\forall i \neq j, \forall t \geq 0, \forall x \in D, \frac{\partial f_i}{\partial x_j}(t, x) \geq 0$$

i.e. $Df(\cdot)$, la Jacobienne du système (1.2) est pour tout temps et en tout point une matrice de Metzler.

Remarque – Une classe importante de systèmes coopératifs est donc la classe des systèmes linéaires positifs vue dans la section précédente (la Jacobienne est la matrice A , celle-ci étant Metzler par le théorème 1.7). Tous les résultats que nous allons évoquer ici sont donc applicables en premier lieu aux systèmes linéaires positifs.

Le résultat le plus important sur les systèmes coopératifs est sûrement celui assurant que deux trajectoires d’un système coopératif initialisées en $x_0 \geq y_0$ (resp. $>$, $\gg$) conservent cette relation au cours du temps. On trouvera une preuve de ce résultat, repris dans le théorème suivant, dans [126].

Théorème 1.11

Considérons le système coopératif (1.2). Soient x_0 et y_0 appartenant à $\mathbb{R}^n$ tels que: $x_0 \geq y_0$ (resp. $>$, $\gg$). Alors:

$$\forall t \geq 0, x(t, x_0) \geq y(t, y_0) \quad (\text{resp. } >, \gg)$$

Un autre résultat d’importance concerne cette propriété de conservation des relations d’ordre pour deux systèmes encadrant un système coopératif par la relation “ $\geq$ ”. Nous rappelons ce résultat dans le théorème suivant dont on trouvera une preuve dans [127].

Théorème 1.12

Considérons les systèmes dynamiques définis sur un ouvert convexe invariant $D \subset \mathbb{R}^n$ initialisés respectivement en y_0 , x_0 , z_0 appartenant à D :

$$\dot{y} = g(t, y) \quad (1.3)$$

$$\dot{x} = f(t, x) \quad (1.4)$$

$$\dot{z} = h(t, z) \quad (1.5)$$

Supposons que:

- le système (1.4) est coopératif (i.e. $\forall i \neq j, \forall x \in D, \left(\frac{\partial f_i}{\partial x_j} \right)(t, x) \geq 0$)
- pour tout $a \in D$ et pour tout $t \geq 0$, $g(t, a) \leq f(t, a) \leq h(t, a)$
- $y_0 \leq x_0 \leq z_0$

Alors, pour tout $t \geq 0$: $\phi_g(t, y_0) \leq \phi_f(t, x_0) \leq \phi_h(t, z_0)$

Propriétés des Systèmes Coopératifs Positifs

Nous nous intéressons ici aux systèmes dynamiques coopératifs positifs *autonomes*. Nous commençons par caractériser ces systèmes.

Théorème 1.13

Considérons le système dynamique coopératif autonome:

$$\{ \dot{x} = f(x) \} \quad (1.6)$$

Celui-ci est un système positif (resp. fortement positif) si et seulement si:

$$f(0) \geq 0 \quad (\text{resp. } f(0) \gg 0)$$

Preuve :

Considérons le système coopératif (1.6).

- Supposons que $f(0) \geq 0$ (resp. $f(0) \gg 0$)

Exprimons la dérivée de la variable x_i en un point positif $x|_{x_i=0}$ (i.e. tel que $x_i = 0$); on a:

$$\dot{x}_i|_{x_i=0} = f_i(x_1 \geq 0, \dots, x_i = 0, \dots, x_n \geq 0) = f_i(x|_{x_i=0})$$

Or, $Df_i(\cdot)$ dénotant la i -ème ligne de la Jacobienne $Df(\cdot)$, on a aisément:

$$f_i(x|_{x_i=0}) = f_i(0) + \left[\int_0^{x|_{x_i=0}} Df_i(\varkappa).d\varkappa \right]$$

Posons le changement de variable $\varkappa = sx|_{x_i=0}$, on obtient alors:

$$f_i(x|_{x_i=0}) = f_i(0) + \left[\int_0^1 Df_i(sx|_{x_i=0}).d(sx|_{x_i=0}) \right]$$

D'où le théorème fondamental du calcul, qui nous sera très utile par la suite:

$$f_i(x|_{x_i=0}) = f_i(0) + \left[\int_0^1 Df_i(sx|_{x_i=0})ds \right].x|_{x_i=0} \quad (1.7)$$

Rappelons que, par la définition 1.10 d'un système coopératif, la Jacobienne $Df(\cdot)$ est Metzler en tout point. Le seul élément du vecteur (ligne) $Df_i(\cdot)$ pouvant être strictement négatif est donc le i -ème terme (terme diagonal de $Df(\cdot)$). Donc le seul élément du vecteur ligne:

$$\left[\int_0^1 Df_i(sx|_{x_i=0})ds \right]$$

pouvant être strictement négatif est aussi le i -ème terme. Or ce terme (dans le produit scalaire de l'équation (1.7)) est multiplié par le i -ème terme de $x|_{x_i=0}$ qui est nul. Donc le produit scalaire:

$$\left[\int_0^1 Df_i(sx|_{x_i=0})ds \right] \cdot x|_{x_i=0}$$

est une somme de termes positifs et est donc positif. D'autre part puisque $f(0) \geq 0$ (*resp.* $\gg 0$), on a $f_i(0) \geq 0$ (*resp.* > 0). D'où:

$$f_i(x|_{x_i=0}) \geq 0 \quad (\text{resp. } > 0)$$

Et donc, selon la définition 1.5 (*resp.* 1.6) le système coopératif autonome (1.6) est positif (*resp.* fortement positif).

• La réciproque est claire. $\square$

Nous développons maintenant un résultat sur une classe particulière de systèmes dynamiques coopératifs fortement positifs. Ce résultat est relativement proche des théorèmes 1.8 ou 1.9 obtenus dans le cas des systèmes linéaires positifs. Il est aussi assez similaire à celui obtenu par Smith dans [125] mais pour une classe de systèmes sensiblement différente (de type Kolmogoroff, classe sur laquelle nous reviendrons plus loin). Cependant la preuve de notre résultat reste relativement semblable à celle de Smith. Sur le même sujet on pourra aussi consulter [124]. Enfin, on remarquera que ce résultat se rapproche aussi du théorème 6.1 donné par Hirsch dans [50].

Théorème 1.14

Considérons le système dynamique coopératif autonome et fortement positif (1.6), et supposons que:

$$0 \leq x \leq y \implies Df(x) \geq Df(y)$$

Si le système (1.6) admet un équilibre positif x^* , alors cet équilibre est unique, fortement positif et globalement asymptotiquement stable sur l'orthant positif $\mathbb{R}_+^n$.

Remarque – Il est important de noter que si la fonction $f(\cdot)$ est $\mathcal{C}^2$, l'hypothèse du théorème 1.14: $0 \leq x \leq y \implies Df(x) \geq Df(y)$ est équivalente à la *concavité* (par rapport à la relation “ $\geq$ ”) de la fonction $f(\cdot)$: $Df(\cdot)$ est une fonction décroissante (par rapport à “ $\geq$ ”) de l'état x .

Preuve :

• Nous montrons d'abord la stabilité (exponentielle) locale d'un point d'équilibre x^* .

Soit x^* un point d'équilibre fortement positif du système coopératif fortement positif (1.6) (si x^* est positif, x^* est fortement positif par la forte positivité du système), alors:

$$f(x^*) = 0$$

D'autre part, on a:

$$f(x^*) - f(0) = \left[\int_0^1 Df(sx^*)ds \right] x^*$$

Comme on l'a vu plus haut, la Jacobienne étant une matrice de Metzler en tout point, il est clair que la matrice entre crochets dans l'équation précédente (que l'on notera A) est une matrice de Metzler.

D'autre part puisque (1.6) est coopératif fortement positif, $f(0) \gg 0$, on a donc:

$$\underbrace{A}_{\text{Metzler}} \underbrace{x^*}_{\gg 0} + \underbrace{f(0)}_{\gg 0} = 0$$

Nous sommes dans les conditions d'applications du théorème 1.2, la matrice A est donc une matrice stable (*i.e.* toutes ses valeurs propres sont à parties réelles strictement négatives). D'autre part, on a:

$$0 \leq x \leq y \implies Df(x) \geq Df(y)$$

D'où:

$$\forall s \in [0, 1], Df(sx^*) \geq Df(x^*)$$

Ce qui implique que:

$$A = \int_0^1 Df(sx^*) ds \geq Df(x^*)$$

A étant une matrice de Metzler stable, par le théorème 1.4, sa valeur propre de plus grande partie réelle λ_M^a est réelle et strictement négative. De plus, $Df(x^*)$ est aussi une matrice de Metzler, sa valeur propre de plus grande partie réelle λ_M^* est donc réelle et puisque $A \geq Df(x^*)$, par le théorème 1.4, on a:

$$0 > \lambda_M^a = \max(\text{Re}(\lambda_i^a)) \geq \max(\text{Re}(\lambda_i^*)) = \lambda_M^*$$

Toutes les valeurs propres de $Df(x^*)$ sont donc à parties réelles strictement négatives, le point x^* est donc (localement) exponentiellement stable.

- Nous montrons maintenant l'unicité d'un point d'équilibre x^* .

Supposons qu'il existe deux points d'équilibre fortement positifs x_1^* et x_2^* du système (1.6), tels que: $x_1^* \geq x_2^*$. On a:

$$0 = f(x_1^*) - f(x_2^*) = \left[\int_0^1 Df(sx_1^* + (1-s)x_2^*) ds \right] (x_1^* - x_2^*) \quad (1.8)$$

Notons A' la matrice entre crochets. On a clairement:

$$\forall s \in [0, 1], sx_1^* + (1-s)x_2^* \geq x_2^*$$

D'où, de la même façon que précédemment:

$$A' = \left[\int_0^1 Df(sx_1^* + (1-s)x_2^*) ds \right] \leq Df(x_2^*)$$

Or, par la partie de la preuve précédente, $Df(x_2^*)$ est stable, donc par le théorème 1.4, toutes les valeurs propres de la matrice A' sont à parties réelles strictement négatives (*cf.* raisonnement effectué précédemment). A' est donc inversible et d'après l'équation (1.8), on conclut que: $x_1^* = x_2^*$.

Supposons maintenant qu'il existe deux points d'équilibres fortement positifs x_1^* et x_2^* mais non reliés par la relation " $\geq$ " (on a notamment $x_1^* \neq x_2^*$).

Définissons les ensembles (les “boîtes” ou parallélépipèdes en dimension n) $\mathcal{B}_z$ de $\mathbb{R}^n$ tels que:

$$\forall z \gg 0, \mathcal{B}_z = \{x, 0 \leq x \leq z\}$$

Considérons les deux ensembles $\mathcal{B}_{x_1^*}$ et $\mathcal{B}_{x_2^*}$. Montrons que l'ensemble $\mathcal{B}_{x_1^*}$ est invariant par le système (1.6). On a:

$$\forall x_0 \in \mathcal{B}_{x_1^*}, x_0 \leq x_1^*$$

D'où, comme le système (1.6) est coopératif, la trajectoire issue de x_0 reste plus petite que celle issue de x_1^* . D'autre part, le système (1.6) étant fortement positif cette trajectoire reste positive:

$$0 \leq x(t, x_0) \leq x(t, x_1^*) = x_1^* \implies x(t, x_0) \in \mathcal{B}_{x_1^*}$$

$\mathcal{B}_{x_1^*}$ est donc invariant par le système (1.6). La démonstration est la même pour $\mathcal{B}_{x_2^*}$, qui est donc invariant par le système (1.6).

Définissons le point x_3 tel que:

$$x_{3,i} = \min(x_{1,i}^*, x_{2,i}^*)$$

Considérons l'ensemble $\mathcal{B}_{x_3}$. Clairement $\mathcal{B}_{x_3} = \mathcal{B}_{x_1^*} \cap \mathcal{B}_{x_2^*}$. Donc $\mathcal{B}_{x_3}$ est invariant par le système (1.6) puisqu'il est l'intersection de deux ensembles invariants. Par le théorème du point fixe de Brouwer [143] on peut alors assurer qu'il existe au moins un équilibre x_3^* de (1.6) appartenant à $\mathcal{B}_{x_3}$ puisque l'ensemble est invariant par (1.6). D'après la définition de $\mathcal{B}_{x_3}$, il est clair que:

$$x_3^* \leq x_1^* \text{ et } x_3^* \leq x_2^*$$

Et donc, comme montré plus haut:

$$x_3^* = x_1^* \text{ et } x_3^* = x_2^*$$

Donc: $x_1^* = x_2^*$ ce qui est absurde étant donné nos hypothèses.

Donc si le système (1.6) admet un équilibre fortement positif, celui-ci est unique.

- Reste à démontrer la stabilité globale de l'équilibre fortement positif x^* (s'il existe).

Considérons le point kx^* de $\mathbb{R}_{+*}^n$ avec $k > 1$ réel. Nous cherchons à montrer tout d'abord que: $f(kx^*) \ll 0$. Considérons la fonction ($\mathcal{C}^1$) suivante (pour un $i \in [1..n]$):

$$\begin{aligned} g_i : \mathbb{R}^+ &\rightarrow \mathbb{R} \\ k &\mapsto f_i(kx^*) \end{aligned}$$

Comme $f(0) \gg 0$ et $f(x^*) = 0$, on a $g_i(0) > 0$ et $g_i(1) = 0$. Le théorème des accroissements finis (e.g. [72]) nous permet d'assurer qu'il existe un point $k_0 \in]0, 1[$ tel que:

$$\frac{dg_i}{dk}(k_0) = g_i(1) - g_i(0) < 0$$

D'autre part, on sait que la fonction $f(\cdot)$ est telle que:

$$0 \leq x \leq y \implies Df(x) \geq Df(y)$$

On a donc facilement:

$$0 \leq k_0 \leq k \implies 0 > \frac{dg_i}{dk}(k_0) \geq \frac{dg_i}{dk}(k)$$

Donc la fonction g_i est strictement décroissante pour tout $k \geq k_0$. Comme $g_i(1) = 0$, on a clairement:

$$\forall k > 1, g_i(k) < 0$$

Ce raisonnement étant valable pour tout $i \in [1..n]$, on peut donc conclure que:

$$\forall k > 1, f(kx^*) \ll 0$$

Nous montrons maintenant la stabilité globale de l'équilibre x^* sur l'ensemble $\mathcal{B}_{kx^*}$ avec $k > 1$. Notons que $\mathcal{B}_{kx^*}$ est invariant par le système (1.6). Considérons les trajectoires du système (1.6) initialisées en $x = 0$ et en $x = kx^*$. Nous avons:

$$\dot{x}(x = 0) \gg 0 \quad \text{et} \quad \dot{x}(x = kx^*) \ll 0$$

Considérons la variable $y = \dot{x}$. On a:

$$\dot{y} = Df(x)\dot{x} = Df(x)y$$

Le système (1.6) étant coopératif, la matrice $Df(x)$ est une matrice de Metzler (pour tout x), ce qui suffit à garantir que:

$$y(t = 0) \geq 0 \text{ (resp. } y(t = 0) \leq 0) \implies \forall t \geq 0, y(t) \geq 0 \text{ (resp. } y(t) \leq 0)$$

Donc la trajectoire du système (1.6) initialisée en $x = 0$ (resp. en $x = kx^*$), est une fonction croissante (resp. décroissante) du temps. De plus cette trajectoire est majorée par kx^* (resp. minorée par 0), donc elle converge, nécessairement vers un équilibre.

Donc les trajectoires initialisées en $x = 0$ et $x = kx^*$ convergent vers l'unique équilibre x^* . De plus le système (1.6) étant coopératif, en appliquant le théorème 1.11, on conclut que toutes les trajectoires initialisées dans $\mathcal{B}_{kx^*}$ convergent forcément vers l'équilibre x^* . x^* est donc globalement asymptotiquement stable sur $\mathcal{B}_{kx^*}$. Ce raisonnement est valable pour tout $k > 1$. Comme $x^* \gg 0$, il est clair que pour toute condition initiale x_0 de $\mathbb{R}_+^n$, il existe un $k > 1$ tel que: $x_0 \in \mathcal{B}_{kx^*}$.

Nous concluons donc à la stabilité globale de x^* sur l'orthant positif $\mathbb{R}_+^n$. $\square$

Remarque – Une condition suffisante pour assurer que le système (1.6) admet un équilibre positif est l'existence d'un point $\bar{x}$ tel que $f(\bar{x}) \ll 0$. La preuve est immédiate en considérant l'ensemble $\mathcal{B}_{\bar{x}}$ qui est invariant (cf. preuve précédente); donc par le théorème du point fixe de Brouwer [143], $\mathcal{B}_{\bar{x}}$ contient au moins un équilibre (a fortiori positif).

A partir de la remarque précédente et du théorème 1.14, on peut donner le résultat suivant, qui nous sera très utile notamment dans le chapitre 2.

Théorème 1.15

Considérons le système dynamique coopératif autonome et fortement positif (1.6), et supposons que:

$$\begin{aligned} \exists \bar{x} \gg 0 \quad \text{tel que} \quad f(\bar{x}) \ll 0 \\ 0 \leq x \leq y \implies Df(x) \geq Df(y) \end{aligned}$$

Alors le système (1.6) admet un unique équilibre positif x^* . De plus $x^* \ll \bar{x}$, est fortement positif et globalement asymptotiquement stable sur l'orthant positif $\mathbb{R}_+^n$.

Au cours de cette section sur les systèmes coopératifs positifs, on a vu que ces systèmes, bien que non-linéaires, ont, sous relativement peu d'hypothèses (*i.e.* la “concavité”), un comportement très semblable aux systèmes linéaires positifs. Pour mémoire, on notera la grande similitude entre le théorème 1.9 pour les systèmes linéaires fortement positifs et le théorème 1.15 pour les systèmes coopératifs fortement positifs. Ces deux théorèmes seront centraux pour les démonstrations des résultats que nous développerons dans le chapitre 2.

1.3.2 Les Systèmes de type “Kolmogoroff”

Une autre classe de systèmes dynamiques positifs très courante dans la littérature est la classe des systèmes proposée par Kolmogoroff [65]. En effet, nombre de modèles (en dynamique de population [141, 125, 123], chimie [78], en économie [133]) sont constitués d'équations telles que la vitesse de variation de chaque variable x_i est proportionnelle à la variable x_i :

$$\forall i \in [1..n], \quad \dot{x}_i = x_i f_i(x_1, x_2, \dots, x_n) \quad (1.9)$$

Cette classe générale de modèles, que nous désignerons par la suite comme des *systèmes de type Kolmogoroff*, a été introduite en 1936 par Kolmogoroff en réponse critique aux travaux de Volterra [141] sur la lutte pour la vie. Notons qu'une sous classe de ces systèmes est la classe bien connue des systèmes de Lotka-Volterra.

Notons qu'une des façons les plus simples pour le modélisateur de garantir structurellement la positivité d'un modèle est de le choisir parmi la classe des systèmes de type Kolmogoroff: les frontières de l'orthant positif $\mathbb{R}_+^n$ (*i.e.* $x_i = 0$) sont structurellement infranchissables par une trajectoire initialisée dans $\mathbb{R}_+^n$, ce sans préjuger d'une forme particulière pour la fonction $f(x)$.

Nous commençons par caractériser la positivité de ces systèmes, puis nous donnerons quelques résultats issus de la littérature pour certains cas particuliers de ces systèmes.

Théorème 1.16

Les systèmes de type Kolmogoroff (*i.e.* les systèmes (1.9)) sont des systèmes positifs.

Preuve :

Il est clair que les systèmes du type (1.9) vérifient la définition 1.5 et sont donc des systèmes dynamiques positifs. $\square$

Cependant, structurellement, les systèmes (1.9) ne peuvent pas vérifier la définition 1.6. Les systèmes de type Kolmogoroff ne sont donc jamais des systèmes fortement positifs.

Notons que tous les systèmes de type (1.9) admettent au moins un équilibre: l'équilibre nul. Son existence est due à la structure même de ces systèmes. Le point d'équilibre nul est cependant rarement intéressant du point de vue du modèle: par exemple dans le cas particulier des modèles de dynamique de populations, l'équilibre nul correspond à la disparition de toutes les espèces en interaction dans l'écosystème. Si ce cas est effectivement susceptible de se produire dans un écosystème, il faut noter que pour beaucoup de modèles du type (1.9) (à commencer par le(s) modèle(s) historique(s) proie / prédateur de Lotka-Volterra [78, 141]), l'équilibre nul est structurellement instable: aucune trajectoire initialisée dans $\mathbb{R}_{+*}^n$ ne peut converger vers l'équilibre nul.

Il s'avère difficile de caractériser totalement l'instabilité de l'équilibre nul pour toute la classe de système (1.9). En effet, la jacobienne du système (1.9) en l'équilibre 0 s'écrit:

$$\mathcal{J}(0) = \begin{pmatrix} f_1(0) & 0 & \dots & \dots & 0 \\ 0 & \ddots & 0 & \ddots & \vdots \\ \vdots & 0 & f_i(0) & 0 & \vdots \\ \vdots & \ddots & 0 & \ddots & 0 \\ 0 & \dots & \dots & 0 & f_n(0) \end{pmatrix}$$

Une condition nécessaire et suffisante pour que l'équilibre nul soit localement (exponentiellement) stable est donc:

$$f(0) \ll 0$$

Cependant si $f(0) \leq 0$, dans certains cas, le point peut être localement stable (*cf.* théorème de la variété centre, voir *e.g.* [104]). Il peut tout aussi bien être localement instable. Si on peut caractériser la locale exponentielle stabilité du point d'équilibre 0, il n'est pas possible de donner une condition nécessaire et suffisante pour que le point 0 soit (faiblement) localement stable.

On peut cependant donner une condition suffisante pour que l'équilibre nul ne soit pas localement stable. En effet, si:

$$f(0) \not\leq 0$$

il est clair que 0 ne peut être stable. Cependant la relation d'ordre " $\leq$ " n'étant pas totale sur $\mathbb{R}^n$, il n'est pas possible de caractériser de façon plus précise la condition $f(0) \not\leq 0$.

Nous présentons maintenant deux résultats (issus de [38] et [125]) sur des classes de systèmes de type Kolmogoroff. Leur point commun est justement l'impossibilité d'atteindre l'équilibre nul par les trajectoires considérées et mène à un résultat générique semblable: les trajectoires étudiées convergent vers un unique équilibre fortement positif.

Propriétés des Systèmes de Lotka-Volterra

Dans [38], Gouzé considère la classe des systèmes Kolmogoroff affines (on pourra aussi consulter [53, 133]). Il s'agit en fait de la classe de systèmes communément référencée comme systèmes de Lotka-

Volterra. Ces systèmes s'écrivent:

$$\dot{x}_i = x_i \left(\sum_{j=1}^n a_{i,j} x_j + b_i \right) \quad (1.10)$$

Afin de s'affranchir du problème de la stabilité ou de l'instabilité de l'équilibre 0 évoqué plus haut, l'auteur définit une classe de systèmes, en rapport avec la positivité, qu'on nommera ici "*seuil-positif*": les variables initialisées au dessus d'un certain seuil restent au dessus de ce seuil. L'introduction de ce type de systèmes est justifiée par le fait que les systèmes de Lotka Volterra sont des modèles peu réalistes près des frontières de l'orthant positif. Ceci est clair, notamment en dynamique des populations où se pose le problème qu'une population est a priori un nombre entier et ne peut donc se rapprocher très près des hyperplans $x_i = 0$ sans les atteindre. C'est pourtant ce que prédit par exemple le système historique proie / prédateur de Lotka-Volterra.

Un système est *seuil-positif* si et seulement si il existe un vecteur seuil $S \gg 0$ tel que l'ensemble $\{x, x \geq S\}$ soit invariant par le système considéré. Ainsi, toute trajectoire $x(t, x_0)$, telle que $x_0 \geq S$ vérifie $x(t, x_0) \geq S \gg 0$ et reste donc strictement positive. Nous définissons donc les systèmes *seuils-positifs*, tels que:

Définition 1.17

Un système dynamique est un système seuil-positif si et seulement si il existe un vecteur seuil $S \gg 0$ tel que:

$$\forall i \in [1..n], \dot{x}_i = f(x_1 \geq s_1, x_2 \geq s_2, \dots, x_n \geq s_n) \geq 0$$

Remarque – Il convient ici de noter que, dans le cadre général des systèmes dynamiques (*i.e.* au delà du cas particulier des systèmes de Lotka-Volterra), un système seuil-positif n'est pas forcément un système positif et vice-versa. Par contre, un système fortement positif est un système seuil-positif.

Pour les systèmes seuil-positifs, le problème de la stabilité ou de l'instabilité de l'équilibre 0 est contournée: le point d'équilibre 0 est dans tous les cas inatteignable depuis les conditions initiales considérées, c'est à dire situées au dessus du seuil S (*i.e.* $x_0 \geq S \gg 0$).

Caractérisons maintenant les systèmes de Lotka-Volterra seuil-positifs, selon la définition 1.17.

Théorème 1.18

Considérons le système (1.10). Le système est seuil-positif avec pour seuil S si et seulement si la matrice $A = (a_{i,j})$ est une matrice de Metzler et le vecteur $b \geq -AS$.

Preuve :

- Supposons que le système (1.10) soit seuil-positif. D'après la définition 1.17, on a:

$$\forall i, \forall x_j \geq s_j, \quad s_i \left(a_{i,i} s_i + \sum_{j \neq i} a_{i,j} x_j + b_i \right) \geq 0$$

s_i étant strictement positif, pour garantir cette inégalité pour tout i et pour toutes valeurs des x_j plus grandes que s_j il est nécessaire que les termes $a_{i,j}$ ($j \neq i$) soient positifs, *i.e.* la matrice A est une matrice de Metzler.

Cette inégalité doit être vérifiée y compris en $x = s$, soit:

$$\forall i, \quad s_i \left(\sum_{j=1}^n a_{i,j} s_j + b_i \right) \geq 0 \implies \forall i, \quad \sum_{j=1}^n a_{i,j} s_j + b_i \geq 0$$

Il faut donc que: $b \geq -AS$.

- La réciproque est claire. $\square$

Considérer que le système (1.10) est seuil-positif impose donc que les interactions entre variables soient positives (*i.e.* la vitesse de variation d'une variable est une fonction croissante, strictement ou non, des autres variables d'état). En dynamique des populations on parle d'interactions mutualistes entre les populations [125]: il n'y a pas de prédation inter-espèces, et les interactions entre espèces favorisent la croissance de chaque espèce. Ainsi, par exemple, le modèle historique proie / prédateur de Lotka-Volterra ne rentre pas dans cette catégorie de systèmes. Notons aussi que le taux de natalité d'une espèce (*i.e.* le terme b_i) doit être supérieur à une certaine constante pour garantir la seuil-positivité. Cette constante est égale à $-A_i.S$ et son signe est impossible à déterminer de façon générique: ainsi dans certains cas, la mortalité d'une espèce (taux de natalité négatif) peut être proscrite.

Nous reproduisons maintenant un résultat de [38], qui ressemble beaucoup aux résultats obtenus pour les systèmes linéaires positifs (théorèmes 1.8 et 1.9) ou à celui obtenu pour les systèmes coopératifs positifs (théorème 1.14).

Théorème 1.19

Considérons le système (1.10). Supposons que ce système est seuil-positif avec pour seuil S et que A est inversible. Si il existe $x^ \gg S$, équilibre de (1.10), alors x^* est globalement stable sur $\{x, x \gg S\}$.*

Remarque – Si l'on trouve un ensemble invariant par le système (1.10) dans $\mathbb{R}_{+*}^n$, alors (en utilisant le théorème du point fixe de Brouwer [143]) on conclut à l'existence d'un équilibre. Celui-ci sera donc unique et globalement asymptotiquement stable sur $\{x, x \geq S\}$. Ce résultat est très semblable au théorème 1.9 sur les systèmes linéaires fortement positifs ou au théorème 1.15 sur les systèmes coopératifs fortement positifs.

Propriétés des Systèmes de type Kolmogoroff “Coopératifs”

Dans [125], l'auteur considère les systèmes de type Kolmogoroff de forme générale:

$$\dot{x}_i = x_i f_i(x) \tag{1.11}$$

tels que:

- $\forall x \geq 0, \forall i \neq j, \frac{\partial f_i}{\partial x_j}(x) \geq 0$ (interactions coopératives ou mutualistes)
- $f(0) \gg 0$ (l'équilibre nul est totalement instable)
- $\forall x \geq y \geq 0, Df(x) \leq Df(y)$ (sorte de concavité de $f(\cdot)$)

Cette classe de systèmes suppose ici l'instabilité totale de l'équilibre nul: toutes les valeurs propres du linéarisé sont à parties réelles strictement positives, ce qui est plus fort que pour les systèmes seuils-positifs de la section précédente.

Remarque – Il est à noter que les systèmes de Lotka-Volterra seuil-positifs vérifient ces trois hypothèses si et seulement si $b \gg 0$. Il est en effet clair que si $f(x) = Ax + b$, A étant une matrice de Metzler et $b \gg 0$, alors les hypothèses sont vérifiées. Le résultat que nous allons présenter ici s'applique donc aussi aux systèmes de type (1.10) seuils-positifs si $b \gg 0$.

Nous reproduisons ici le principal résultat de [125]. Celui-ci est assez proche des résultats obtenus pour les systèmes linéaires positifs (théorèmes 1.8 et 1.9), les systèmes coopératifs positifs (théorème 1.14) ainsi que sur les systèmes Lotka-Volterra seuil-positifs (théorème 1.19), puisqu'il assure que si il existe un équilibre fortement positif, toutes les trajectoires (issues de $\mathbb{R}_{+*}^n$) convergent vers celui-ci.

Théorème 1.20

Considérons le système (1.11) et les hypothèses associées.

- *Si il existe $x^* \gg 0$ équilibre de (1.11), alors $x^* \gg 0$ est globalement stable sur $\mathbb{R}_{+*}^n$.*
- *Si (1.11) n'admet pas d'équilibre fortement positif, les trajectoires du système divergent vers $+\infty$.*

C'est la preuve de ce théorème, donnée par Smith dans [125], qui nous a inspiré pour la démonstration du résultat principal de ce chapitre, le théorème 1.14.

Remarque – Considérons un système de Lotka-Volterra seuil-positif de type (1.10). Supposons que $b \gg 0$. Alors on peut remarquer que le théorème 1.19 pour ce système est une conséquence directe du théorème 1.20.

Généralités sur les Systèmes de type Kolmogoroff

Si la plupart des résultats développés dans ce chapitre montrent que, sous certaines hypothèses relativement générales, les systèmes positifs ont un comportement dynamique simple (*i.e.* un équilibre positif globalement stable), tel n'est pas toujours le cas. Par exemple, il est très difficile de caractériser le comportement dynamique des systèmes de Kolmogoroff (1.9) dans le cas général: il est bien connu que même dans le cas où la fonction $f(x)$ est affine (*i.e.* pour un système de Lotka-Volterra) plusieurs comportements dynamiques radicalement différents sont susceptibles de se produire. C'est ce que nous nous proposons d'illustrer ici sur quelques exemples en petites dimensions de systèmes de Kolmogoroff.

Nous rappellerons et étudierons tout d'abord le modèle proies / prédateurs proposé par Volterra [141] qui génère des trajectoires périodiques. Nous donnerons ensuite un exemple de modèle proie / prédateur plus réaliste proposé par Murray [99], qui admet un cycle limite attractif. Enfin, nous prendrons pour exemple de comportement chaotique le modèle deux proies / un prédateur proposé par Gilpin [36].

Considérons tout d'abord le système proies / prédateurs de Volterra [141] introduit pour modéliser (et expliquer) les variations importantes des stocks de poissons proies et de poissons prédateurs dans la mer adriatique au lendemain de la première guerre mondiale. Ce système est bien connu et génère un *comportement périodique dépendant de la condition initiale* (qui ne correspond pas à un cycle limite). Rappelons rapidement ce système et ses propriétés:

$$\begin{cases} \dot{x} = x - xy \\ \dot{y} = xy - y \end{cases} \quad (1.12)$$

Où x désigne le nombre de proies, y le nombre de prédateurs et le terme xy la prédation. Le taux de natalité des proies ainsi que le taux de mortalité des prédateurs sont constants et ici égaux à 1.

Posons pour tout $(x, y)^T \gg 0$:

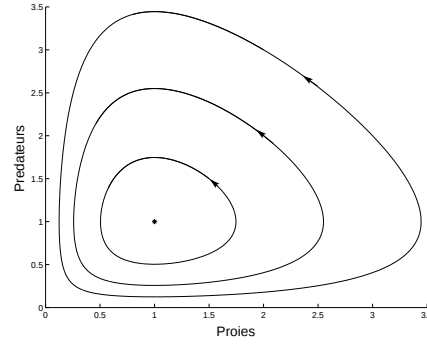
$$V(x, y) = x - \ln(x) + y - \ln(y) \geq 0$$

En dérivant V par rapport au temps, on obtient facilement:

$$\dot{V}(x, y) = 0 \implies \forall t \geq 0, V(x(t), y(t)) = V(x_0, y_0)$$

Le minimum de la fonction V est atteint en l'équilibre $x = y = 1$. Alors, si la condition initiale est différente de l'équilibre, les ensembles $V(x, y) = V(x_0, y_0) > 0$ définissent des courbes fermées autour du point d'équilibre (pour une preuve on pourra consulter [52]).

Le comportement dynamique du système est illustré sur la figure ci-contre.



Plan de phase du système
Proie / Prédateur de Volterra [141]

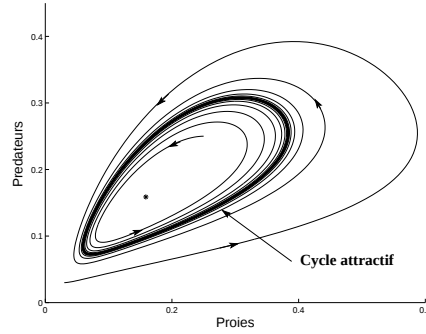
D'autres systèmes de type Kolmogoroff sont susceptibles d'admettre un *cycle limite attractif* (suivant la valeur des paramètres). C'est le cas par exemple du modèle Proie / Prédateur plus réaliste proposé par Murray dans [99] et rapporté ci-dessous. Celui-ci a repris, sur un cas particulier, les critiques déjà soulevées par Kolmogoroff [65] sur la formulation peu réaliste des équations (notamment les termes de prédation) proposées par Volterra.

$$\begin{cases} \dot{x} = x \left((1 - x) - \frac{y}{x+a} \right) \\ \dot{y} = y \left(b - \frac{by}{x} \right) \end{cases}$$

Les proies ont une natalité de type logistique (terme $x(1-x)$): au-dessus d'un certain nombre de proies (la "capacité de charge", ici une unité), le milieu n'est plus assez riche pour que les proies continuent à se multiplier. Le taux de prédation par unité de prédateurs (terme $x/(x+a)$) est une fonction croissante du nombre de proie mais tend vers une limite finie (un prédateur ne peut pas manger de proies infiniment vite). Enfin la croissance des prédateurs est régie par une fonction assez semblable à une loi logistique (terme $y(1 - y/x)$), mais la "capacité de charge" est ici variable et égale au nombre de proies x . Le paramètre b représente l'efficacité de la prédation.

Nous ne donnons ici pas de preuve de l'existence et de l'attractivité d'un cycle limite (fastidieuse, cette preuve est bien détaillée dans [99]). Pour la simulation, nous prenons des paramètres vérifiant les conditions données par Murray [99] pour l'existence d'un cycle attractif: $a = 0.03$, $b = 0.5$.

Nous illustrons juste le comportement par des simulations numériques sur la figure ci-contre.



Plan de phase du système
Proie / Prédateur "réaliste" de Murray [99]

Enfin nous ne pouvions pas évoquer les systèmes de Kolmogoroff sans montrer un exemple de *comportement chaotique*. Pour les systèmes de Lotka-Volterra, un comportement chaotique est susceptible de se produire lorsque la taille de l'état est supérieure ou égale à 3 (voir *e.g.* [133]).

Nous prenons ici l'exemple introduit par Vance dans [136] et dont le comportement chaotique a ensuite été caractérisé par Gilpin [36] comme une "spirale chaotique". Cette catégorie de comportement a été introduite par Rössler [114]: il s'agit d'un type de chaos correspondant (dans la bonne section) à une application de Poincaré de type fer à cheval de Smale (*cf.* [122]).

Le système de Lotka-Volterra proposé par Gilpin décrit les dynamiques de deux populations de proies (x et y) en compétition, soumises à la prédation d'une population de prédateurs (z):

$$\begin{cases} \dot{x} = x((r_x - a_{x,x}x) - a_{x,y}y - a_{x,z}z) \\ \dot{y} = y((r_y - a_{y,y}y) - a_{y,x}x - a_{y,z}z) \\ \dot{z} = z(-r_z + a_{z,x}x + a_{z,y}y) \end{cases}$$

Tous les paramètres du modèle sont positifs. Les proies ont une croissance modélisée par une loi logistique. La compétition entre les deux proies est modélisée par les termes $(-a_{x,y}xy)$ et $(-a_{y,x}xy)$. La prédation de z sur x et y est modélisée par les termes $(-a_{x,z}xz)$ et $(-a_{y,z}yz)$. Enfin le taux de mortalité du prédateur est r_z , l'avantage tiré de la prédation par z sur x et y étant modélisée par $(a_{z,x}xz + a_{z,y}yz)$.

Les valeurs des paramètres choisies pour la simulation présentée sur la figure 1.1 sont les mêmes que ceux proposés par Gilpin [36], à savoir: $r_x = r_y = r_z = 1$, $a_{x,x} = a_{x,y} = a_{y,y} = a_{y,z} = 0.001$, $a_{x,z} = 0.01$, $a_{y,x} = 0.0015$, $a_{z,x} = 0.005$ et $a_{z,y} = 0.0005$.

Au cours de cette section nous avons donné un bref aperçu des systèmes de type Kolmogoroff, qui sont parmi les modèles (non-linéaires) positifs les plus répandus dans la littérature, notamment en biologie, chimie ou économie (*cf.* [133]). Nous avons développé quelques résultats donnant des conditions suffisantes garantissant la convergence globale des trajectoires vers un unique équilibre fortement positif. Enfin, pour ne pas laisser à penser que les systèmes positifs ont toujours un comportement dynamique simple, nous avons rappelé quelques exemples de systèmes de type Kolmogoroff en petites dimensions, générant des comportements dynamiques nettement plus complexes.

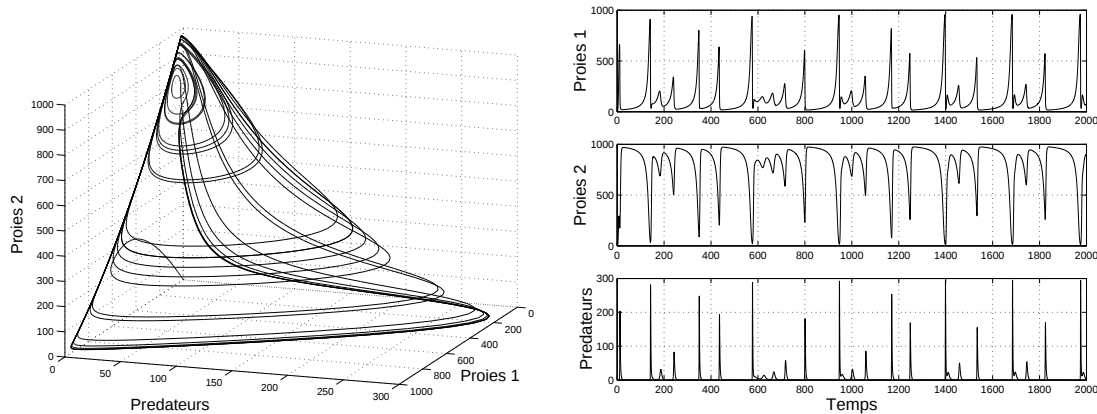


FIG. 1.1 Simulation du système chaotique deux Proies / un Prédateur de Gilpin [36]. Trajectoire dans l'espace d'état (à gauche) et par rapport au temps (à droite)

1.4 Remarques sur la Commande des Systèmes Positifs

1.4.1 La Notion de “Commande”

Au cours du prochain chapitre, nous développerons des résultats sur le contrôle de certaines classes de systèmes non-linéaires positifs. Il convient d'abord d'expliquer dans le cas général la notion de “commande”. Nous reviendrons ensuite sur le cas particulier de la commande des systèmes positifs.

Dans le cas général, il est possible de classer les grandeurs (autres que l'état et le temps) intervenant dans la formulation d'un modèle de processus dynamique selon deux catégories:

- Les *grandeurs internes* au processus modélisé, dont les valeurs sont totalement déterminées par le phénomène à mettre en équation. On appelle ces grandeurs des *paramètres* du modèle.
- Les *grandeurs externes* au processus modélisé, dont les valeurs sont déterminées par des phénomènes extérieurs au système considéré. On appelle ces grandeurs des *entrées du modèle*. Si la valeur d'une entrée peut être choisie et imposée par un opérateur, on parlera alors d'une *commande*.

En donnant aux commandes des profils temporels spécifiques, il est possible de modifier le système original (*i.e.* pour des valeurs fixées des commandes) afin d'obtenir un comportement dynamique nouveau et conforme aux attentes de l'utilisateur. On dira alors que l'on *contrôle le système*. On peut distinguer deux types de contrôle:

- Si le profil temporel de la commande est calculé *a priori*, sans tenir compte d'informations sur l'état du système au temps présent (*i.e.* des *mesures*), on parle de *commande ou de contrôle en boucle ouverte*. Ce type de contrôle produit parfois des résultats très éloignés du but recherché.
- Si par contre on modifie au cours du temps la valeur de la commande en fonction d'informations sur l'état du système au même instant (*i.e.* en fonction de *mesures*), on parle de *commande ou de contrôle en boucle fermée*. Ce type de commande permet entre autre de tenir compte d'événements n'ayant pas été prévus *a priori*.

Considérons l'exemple analytique suivant, issu de problématiques de gestion de la pêche. Celui-ci nous permettra aussi, au chapitre suivant, d'introduire de façon simple nos résultats, développés ensuite pour des systèmes plus complexes.

Exemple – Considérons un modèle classique en halieutique, régissant la dynamique d'une population de poissons subissant la prédation humaine (*i.e.* la pêche). Supposons que le milieu où vivent les poissons est suffisamment riche (ou vaste) pour nourrir une quantité infinie de poissons (*i.e.* le taux de natalité est strictement positif sauf éventuellement si il n'y a pas de poissons). On obtient alors le modèle positif mono-dimensionnel suivant (x représentant le nombre de poissons), assez proche du modèle classique de Schaefer [118, 41]:

$$\dot{x} = \underbrace{\varphi(x)}_{\text{"natalité"} \geq 0} - \underbrace{u}_{\text{"effort de pêche"} \geq 0} x \quad (1.13)$$

Il est assez clair que la grandeur u (l'effort de pêche) est, comme défini plus haut, une entrée du système; de plus sa valeur est imposée par les "opérateurs": il dépend entièrement de la décision des pêcheurs de pêcher de façon plus ou moins intense. u est donc une commande du système (1.13). Remarquons un point important, ici l'effort de pêche u est forcément positif.

Dans le cadre général de l'automatique classique (notamment en linéaire) les commandes ne sont pas considérées comme contraintes (même si elles le sont sur les cas réels). Remarquons que pour le modèle (1.13), la commande u peut seulement prendre des valeurs positives. Au niveau des problématiques de contrôle des systèmes positifs, la commande est le plus souvent contrainte à la positivité.

En fait, pour les systèmes positifs, la commande doit généralement respecter une double contrainte:

- La première, qui n'est pas spécifique aux systèmes positifs, est celle imposée par le sens "*physique*" de la commande. C'est souvent ce sens physique qui induit la positivité des commandes des systèmes positifs.

Exemple – Pour le modèle (1.13), le pêcheur ne peut pas mettre de poissons dans la mer, on a donc: $u \geq 0$

- La seconde contrainte est, elle, liée à la positivité des systèmes: le système contrôlé doit rester un système positif, ce indépendamment de la loi choisie pour la commande.

Exemple – Revenons au modèle (1.13). On peut raisonnablement supposer que la natalité est bornée: $\forall x \geq 0, \varphi(x) \in [0, M]$. Supposons que les pêcheurs choisissent comme stratégie de pêche la commande: $u = k \frac{1}{x}$ avec $k > M$: moins il y a de poissons dans la mer, plus l'effort de pêche, c'est à dire le taux de capture des poissons, est important. C'est souvent le cas dans la réalité où le but du pêcheur est de maintenir son niveau de revenus, donc de captures (dans ce cas égal à k) et non l'effort de pêche u . Une telle stratégie s'avère cependant dangereuse: constatons que le système (1.13) ainsi commandé produira, pour toute condition initiale x_0 positive, des trajectoires négatives au bout d'un temps fini, ce qui n'a pas de sens. Ceci est dû au fait que la commande serait alors non bornée, spécialement en $x = 0$. La contrainte de bornitude de la commande permet ici, en plus du sens physique, de respecter la positivité du système.

En pratique pour les systèmes positifs, on se ramènera souvent à une contrainte de positivité et de bornitude des commandes.

1.4.2 La Notion de “Commandabilité”

La notion générique de “Commandabilité” (ou controllabilité) d’un système dynamique fait aujourd’hui consensus et est définie comme suit dans la littérature (voir *e.g.* [68, 138, 130]):

Définition 1.21

Considérons un système dynamique:

$$\dot{x} = f(x, u(t)) \quad x \in \mathbb{R}^n, u(t) \in \mathbb{R}^p$$

où $t \mapsto u(t)$ est la commande (choisie dans une classe de fonctions donnée).

On dit que le système est “commandable” si et seulement si pour toute condition initiale x_I , et pour toute condition finale x_F de l’espace d’état $\mathbb{R}^n$, il existe une commande admissible (i.e. appartenant à la classe donnée): $t \mapsto u_{I,F}(t)$ définie sur un intervalle $[0, T]$ telle que la trajectoire issue de x_I soumise à la commande $u_{I,F}(t)$ rejoigne l’état x_F à l’instant T .

Nous nous attachons maintenant au cas particulier de la commandabilité des systèmes linéaires:

$$\dot{x} = Ax + bu(t) \quad x \in \mathbb{R}^n, u(t) \in \mathbb{R}^p$$

A étant une matrice réelle $(n \times n)$, b une matrice réelle $(n \times p)$, $u(t)$ étant continue.

Cette classe de système a motivé un grand nombre de travaux depuis ceux, précurseurs, conduits par Kalman [61]. Ces contributions tirent, pour la plupart, avantage de la formulation mathématique simple des systèmes linéaires, formulation qui induit le principe dit de “*superposition des états linéaires*”: soient deux conditions initiales x_1 et x_2 et deux commandes $u_1(t)$ et $u_2(t)$ définies sur $[0, T]$. Alors pour tous réels α et β :

$$\phi(\alpha x_1 + \beta x_2, \alpha u_1(\cdot) + \beta u_2(\cdot), T) = \alpha \phi(x_1, u_1(\cdot), T) + \beta \phi(x_2, u_2(\cdot), T)$$

Ce principe permet notamment de transposer pour les systèmes linéaires le problème de la commandabilité (*cf.* définition 1.21), à la propriété suivante (on trouvera une preuve de l’équivalence par exemple dans [130]):

Théorème 1.22

Un système dynamique linéaire est “commandable” si et seulement si pour toute condition finale x_F il existe une commande: $t \mapsto u_F(t)$ définie sur un intervalle $[0, T]$, telle que la trajectoire issue de la condition initiale $x(t=0) = 0$ et soumise à la commande $u_F(t)$ rejoigne l’état x_F à l’instant T .

Cette propriété fait apparaître l’ensemble des états atteignables depuis l’origine $x = 0$ par l’intermédiaire du contrôle du système. Cet ensemble, non spécifique aux systèmes linéaires, est référencé dans la littérature comme “l’espace d’atteignabilité”. Cet espace, noté $\mathcal{R}$, est très utilisé pour caractériser le type de commandabilité d’un système. Dans le cas d’un système linéaire il est défini comme suit [116]:

$$\mathcal{R} = \bigcup_{t \geq 0} \left\{ \int_0^t e^{A(t-\tau)} bu(\tau) d\tau, u(t) \in \mathbb{R}^p \right\}$$

Pour les systèmes linéaires, on obtient, à partir de l'espace d'atteignabilité $\mathcal{R}$ la propriété suivante caractérisant leur commandabilité (cf. [130]):

Théorème 1.23

Un système dynamique linéaire est “commandable” si et seulement si l'espace d'atteignabilité $\mathcal{R}$, associé à ce système, recouvre tout l'espace d'état.

En utilisant cette propriété, l'expression d'une exponentielle de matrice ainsi que le théorème de Cayley-Hamilton (A^n est déterminé par les $n - 1$ premières puissances de A [71]), on obtient la caractérisation suivante de l'espace d'atteignabilité $\mathcal{R}$ pour un système linéaire (cf. [130]):

$$\mathcal{R} = \text{vect} \{b, Ab, \dots, A^{n-1}b\}$$

Cette caractérisation précise permet d'obtenir, en utilisant le théorème 1.23, la “condition du rang” de Kalman [61] caractérisant la commandabilité d'un système linéaire:

Théorème 1.24 (Kalman)

Un système dynamique linéaire est “commandable” si et seulement si:

$$\text{rang} \{b, Ab, \dots, A^{n-1}b\} = n$$

Nous donnons maintenant deux exemples de systèmes linéaires commandables, sur lesquels nous reviendrons dans la section suivante.

Exemple – Considérons le système linéaire:

$$\dot{x} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 2 \end{pmatrix} x + \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix} u \quad (1.14)$$

avec $x \in \mathbb{R}^2$ et $u \in \mathbb{R}$.

Ce système est commandable; en effet la condition du rang est vérifiée:

$$\text{rang} \{b, Ab\} = \text{rang} \left\{ \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 1 \\ 2 \end{pmatrix} \right\} = 2$$

Exemple – Considérons le système linéaire:

$$\dot{x} = \text{Id}(\mathbb{R}^n)u \quad (1.15)$$

avec $x \in \mathbb{R}^n$ et $u \in \mathbb{R}^n$.

Ce système est trivialement commandable: une commande agit sur chacune des variables d'état.

Il s'agit de l'archétype du système commandable.

Remarque – Des travaux ultérieurs ont exploité les différentes propriétés de commandabilité des systèmes linéaires dans le but de généraliser ces concepts aux systèmes non-linéaires en utilisant notamment des résultats mathématiques sur les algèbres de Lie [76, 47]. D'autres travaux prenant explicitement en compte la bornitude des commandes ont aussi été développés [68].

1.4.3 La Commandabilité des Systèmes Positifs

La commandabilité des systèmes positifs est peu étudiée dans le cas général. Des travaux sur le contrôle de systèmes positifs spécifiques ont cependant été développés [27, 115, 64].

Le cas de la commandabilité des systèmes positifs *linéaires* est lui nettement plus documenté: elle est très bien étudiée par Schanbacher dans [116] et plus modestement par d'autres auteurs *e.g.* [32, 26]. Nous rappelons ici quelques résultats d'importance sur la commandabilité des systèmes linéaires positifs.

Considérons le système linéaire positif:

$$\dot{x} = Ax + bu$$

A étant une matrice de Metzler ($n \times n$), b une matrice positive ($n \times p$), $x(t=0) \geq 0$, $u \geq 0$. Il est aisé de vérifier que seuls les systèmes linéaires ainsi définis sont positifs pour tout contrôle admissible (cf. théorème 1.7).

Dans [116, 32] les auteurs définissent la “positive-commandabilité” à partir de “l'espace” d'atteignabilité depuis l'origine $\mathcal{R}$ d'une façon très similaire au théorème 1.23 dans le cas général des systèmes linéaires. Il est à noter que “espace” est ici abusif. Les commandes étant positives, dans le cas des systèmes linéaires positifs, $\mathcal{R}$ est en fait le *cône d'atteignabilité* [32] que l'on notera $\mathcal{R}^+$:

$$\mathcal{R}^+ = \bigcup_{t \geq 0} \left\{ \int_0^t e^{A(t-\tau)} bu(\tau) d\tau, \mathbf{u} \geq \mathbf{0} \right\}$$

Définition 1.25 (Schanbacher [116])

Un système linéaire positif est “positivement-commandable” si et seulement si son cône d'atteignabilité $\mathcal{R}^+$ recouvre tout l'espace d'état $\mathbb{R}_+^n$.

Revenons maintenant sur les exemples de la section précédente. Nous montrons dans un premier temps, sur l'exemple (1.14), que la commandabilité d'un système n'implique pas sa positive commandabilité.

Exemple – Considérons le système (1.14), qui est commandable au sens classique si u n'est pas contrainte.

Supposons maintenant que la commande u soit positive, alors ce système est clairement un système linéaire positif. Considérons le cône d'atteignabilité de ce système:

$$\mathcal{R}^+ = \bigcup_{t \geq 0} \left\{ \int_0^t \begin{pmatrix} e^{(t-\tau)} \\ e^{2(t-\tau)} \end{pmatrix} u(\tau) d\tau, u \geq 0 \right\}$$

D'après l'expression de $\mathcal{R}^+$, il est clair que (avec $x = (x_1, x_2)^T$):

$$\forall x \in \mathcal{R}^+, x_2 \geq x_1$$

Donc le cône d'atteignabilité du système (1.14) ne recouvre pas l'orthant positif $\mathbb{R}_+^2$; le système (1.14) n'est pas positivement commandable.

Nous revenons maintenant sur l'exemple (1.15) et montrons que la notion de “positive-commandabilité” 1.25 reste très éloignée du concept initial de commandabilité 1.21.

Exemple – Considérons le système (1.15), qui est commandable au sens classique si les commandes sont non-contraintes.

Supposons que la commande (vectorielle) vérifie $u \geq 0$, alors ce système est clairement un système linéaire positif. Considérons son cône d'atteignabilité:

$$\mathcal{R}^+ = \bigcup_{t \geq 0} \left\{ \int_0^t \begin{pmatrix} e^{(t-\tau)} u_1(\tau) \\ \vdots \\ e^{(t-\tau)} u_n(\tau) \end{pmatrix} d\tau, u \geq 0 \right\}$$

Il est clair que le cône d'atteignabilité recouvre dans ce cas l'orthant positif $\mathbb{R}_+^n$, le système (1.15) est donc positivement commandable.

Posons nous maintenant un problème typique de commandabilité selon la définition 1.21. Soit $x_I \geq 0$ une condition initiale et $x_F \geq 0$ une condition finale, telles que $x_I \gg x_F$. Étant donnée l'expression du système (1.15), il est clair que seule une commande $u \ll 0$, (donc non-admissible) permettrait de ramener l'état de x_I à x_F .

Bien que le système (1.15) vérifie la définition de “positive commandabilité” 1.25, cette définition ne permet pas d'affirmer qu'une commande admissible permet de relier deux états positifs quelconques: la définition est, de fait, assez loin du concept initial de commandabilité 1.21.

Un résultat de Farina et Rinaldi [32] permet cependant de retrouver, pour les *systèmes linéaires positifs*, des résultats assez analogues à la notion 1.21 de commandabilité.

Théorème 1.26 ([32])

Considérons un système linéaire positif. Si le système est “positivement commandable”, si il vérifie la condition du rang et si la matrice A est stable, alors il existe toujours une commande admissible permettant de ramener l'état d'une condition initiale quelconque de $\mathbb{R}_+^n$ à une condition finale quelconque de $\mathbb{R}_+^n$.

Dans tous les cas, les systèmes que nous considérerons par la suite sont fortement non-linéaires (cf. section suivante). Ils ne remplissent donc en aucun cas les conditions du théorème 1.26 pas plus que celles de la définition de positive commandabilité 1.25. Il est cependant possible d'obtenir sur cette classe de systèmes des lois de commande qui s'avèrent intéressantes pour les cas pratiques sur lesquels nous reviendrons en détails dans la partie II.

1.5 Des Systèmes Non Linéaires Positifs Mal Connus...

Le modèle mathématique de pêche (1.13), introduit page 39, nous a mis sur la piste des phénomènes biologiques commandés, où l'action d'un opérateur externe (ici les pêcheurs) permet de modifier le comportement dynamique du processus considéré. Ce modèle est aussi caractéristique de la difficulté à exprimer analytiquement un phénomène biologique: il est très difficile de proposer une formulation analytique réaliste du taux de natalité de la population de poissons. Le taux de capture est par contre mieux maîtrisé et donc plus facile à exprimer mathématiquement.

Le modèle (1.13), appartient ainsi à une classe particulière de systèmes que nous désignerons par la suite comme des *systèmes positifs mal connus*. L'incertitude sur les systèmes est ici intrinsèque à la

tâche de modélisation et traduit la difficulté qu'éprouve le modélisateur à traduire une connaissance phénoménologique d'un processus biologique en équations mathématiques réalistes. On préférera donc ici des hypothèses qualitatives sur le phénomène considéré plutôt qu'une formulation analytique précise. Ces systèmes sont ainsi formés par l'addition de deux parties distinctes:

- Une partie “*Fiable*”, décrivant un phénomène facilement modélisable et pourvue de commandes.
- Une partie “*Mal Connue*” (*i.e.* incertaine ou qualitative) représentant les phénomènes biologiques difficiles à mettre en équations.

On peut décrire ces systèmes par la structure générique suivante, à rapprocher des systèmes dynamiques “incertains” [142, 37, 54] :

$$\dot{x} = \underbrace{f(x,u)}_{\text{partie “Fiable”}} + \underbrace{\phi(x)}_{\text{partie “Mal Connue”}} \quad (1.16)$$

Ce type de modèle est très fréquent en biologie: on pourra consulter *e.g.* la deuxième partie de ce mémoire concernant les applications de nos résultats à certains bioréacteurs, ou le cas général des bioréacteurs dans [10]. Les modèles épidémiologiques prenant en compte la vaccination appartiennent aussi à cette classe de systèmes [28].

Ces systèmes posent une problématique de contrôle intéressante: est-il possible de garantir un comportement dynamique par l'intermédiaire du contrôle en dépit d'incertitudes fortes sur le modèle du phénomène? Il s'agira alors d'utiliser des informations qualitatives sur les parties mal connues du modèle, et non des formulations analytiques précises, pour élaborer des *lois de commande* en boucle fermée *robustes au modèle*. Cette problématique sera le sujet central du chapitre 2.

La classe de système (1.16) est cependant trop générale. Notre approche ne s'appliquera qu'à une sous classe de ces systèmes que nous proposons d'introduire ici. Ces systèmes sont relativement proches des systèmes positifs linéaires ou des systèmes positifs coopératifs, mais l'addition d'une non-linéarité modifie fortement leur comportement dynamique, le rendant nettement plus complexe. La première classe de systèmes que nous décrivons (section 1.5.1) est un cas particulier de celle de la section 1.5.2. Elle nous sera cependant très utile au chapitre 2 afin d'expliquer notre approche clairement; elle nous permettra également de développer des résultats plus intéressants que dans le cas général.

1.5.1 Les Systèmes Positifs “Quasi-Linéaires”

Nous introduisons la classe des systèmes positifs “quasi-linéaires” de $\mathbb{R}^n$ de la forme:

$$\begin{cases} \dot{x} = u[Ax + b] + c\psi(x) \\ x_0 \gg 0 \end{cases} \quad (1.17)$$

vérifiant les conditions suivantes:

Hypothèse 1 (H1):

- (i) A est une matrice $(n \times n)$, de Metzler et stable
- (ii) b et c sont des vecteurs de $\mathbb{R}^n$ tels que: $b \geq 0$ et $\exists \beta_m \in \mathbb{R}^+, \forall \beta > \beta_m, \beta b + c \gg 0$
- (iii) $\psi(\cdot)$ est $\mathcal{C}^1$ de $\mathbb{R}_+^n$ dans $\mathbb{R}_+$ telle que: $\forall i \in [1..n], c_i \psi(x_{|x_i=0}) \geq 0$ et $\forall x \gg 0, \psi(x) > 0$
- (iv) La commande u est scalaire et positive

Le point $x_{|x_i=0}$ de l'hypothèse (H1,iii) est bien sûr supposé positif.

Notons ici un point important: la partie $c\psi(x)$ du système (1.17) est ici connue uniquement de façon qualitative. C'est cette fonction qui tiendra lieu de modèle qualitatif du processus biologique difficilement modélisable.

Nous vérifions dans un premier temps que ces systèmes sont bien des systèmes positifs.

Théorème 1.27

Sous les hypothèses (H1), le système (1.17) est un système positif.

Preuve :

La preuve est relativement immédiate si l'on considère l'expression du champ sur les frontières de l'orthant positif ($x \geq 0$ avec $x_i = 0$):

$$\dot{x}_{i|_{x_i=0}} = u \left(b_i + \sum_{j \neq i} A_{i,j} x_j \right) + c_i \psi(x_{|x_i=0})$$

Cette quantité est positive puisque A est une matrice de Metzler (H1,i), b_i et u sont positifs (H1,ii,iv) et $c_i \psi(x_{|x_i=0}) \geq 0$ (H1,iii). Donc:

$$\forall i \in [1..n], \dot{x}_{i|_{x_i=0}} \geq 0$$

Le système (1.17) sous les hypothèses (H1) vérifie la définition 1.5 et est donc un système positif. $\square$

Remarque – Notons que si le vecteur c est nul (*i.e.* la non-linéarité $\psi(x)$ n'intervient pas dans la dynamique) et si u est une constante strictement positive, alors le système (1.17) est un système linéaire positif comparable à ceux étudiés au début de ce chapitre.

Nous illustrons maintenant sur deux petits exemples que les systèmes appartenant à la classe des systèmes positifs “quasi-linéaires” n'engendrent pas obligatoirement un comportement dynamique simple *en boucle ouverte*. Les détails des calculs sont présentés dans l'annexe A.1 (page 183).

Exemple – Considérons l'équation différentielle scalaire suivante, avec $u > 0$ (constante):

$$\begin{cases} \dot{x} = -ux + x(\sin(x) + 2) \\ x_0 > 0 \end{cases} \quad (1.18)$$

Bien que cette équation soit fortement non-linéaire, il est facile de montrer qu'elle appartient à la classe des systèmes positifs “quasi-linéaires” (*cf.* (1.17)): Dans ce cas particulier, on a:

- $A = -Id(\mathbb{R})(= -1)$ est bien une “matrice de Metzler stable”
- $b = 0$ est bien un “vecteur positif”.

- $c = 1$ est bien tel que: $\forall \beta > 0, \beta b + c > 0$
- $\psi(x) = x(\sin(x) + 2)$ est bien strictement positif pour tout $x > 0$; $c.\psi(0) = 0$ est bien positif.

- Si $u \in]0, 1[$

L'équation n'admet qu'un seul équilibre $x = 0$ qui est instable.

- Si $u = 1$

L'équation admet toujours l'équilibre instable $x = 0$. Elle admet aussi une infinité d'autres équilibres $x_k^* = \frac{3\pi}{2} + 2k\pi, k \in \mathbb{N}$ instables, mais "attractifs par dessous".

- Si $u \in]1, 2[$

L'équation admet toujours l'équilibre instable $x = 0$. Elle admet aussi une infinité d'autres équilibres x_k^* tels que: $x_{2k+1}^* \in](2k+1)\pi, \frac{\pi}{2} + (2k+1)\pi[$ et $x_{2k}^* \in]\frac{\pi}{2} + (2k+1)\pi, (2k+2)\pi[$. Les x_{2k+1}^* sont localement stables sur les ensembles $]x_{2k}^*, x_{2k+2}^*[$, les autres étant instables.

- Si $u = 2$

L'équilibre $x = 0$ est localement répulsif vers les $x > 0$. L'équation admet aussi une infinité d'autres équilibres $x_k^* = k\pi, k \in \mathbb{N}$. Les équilibres $x_{2k+1}^*, k \in \mathbb{N}$ sont localement stables sur les ensembles $]x_{2k}^*, x_{2k+2}^*[$, les autres étant instables.

- Si $u \in]2, 3[$

L'équation admet l'équilibre stable $x = 0$. Elle admet aussi une infinité d'autres équilibres x_k^* tels que: $x_{2k+1}^* \in]2k\pi, \frac{\pi}{2} + 2k\pi[$ et $x_{2k}^* \in]\frac{\pi}{2} + 2k\pi, (2k+1)\pi[$. Les x_{2k+2}^* sont stables sur les ensembles $]x_{2k+1}^*, x_{2k+3}^*[$, les autres étant instables.

- Si $u = 3$

L'équation admet l'équilibre stable $x = 0$. Elle admet aussi une infinité d'autres équilibres $x_k^* = \frac{\pi}{2} + 2k\pi, k \in \mathbb{N}$ instables, mais "attractifs par dessus".

- Si $u > 3$

L'équation n'admet qu'un seul équilibre $x = 0$ qui est globalement asymptotiquement stable.

Si ce type de comportement, où coexistent de multiples équilibres stables sur leurs bassins d'attraction respectifs, est déjà complexe, d'autres types de comportements (*e.g.* cycles limites attractifs) sont aussi susceptibles de se produire. C'est ce que nous illustrons sur l'exemple suivant, les calculs correspondants étant retranscrits dans l'annexe A.2.

Exemple – Considérons le système dynamique de $\mathbb{R}^3$ suivant, avec $u > 0$ (constante):

$$\dot{x} = \begin{pmatrix} \dot{x}_1 \\ \dot{x}_2 \\ \dot{x}_3 \end{pmatrix} = u \left[\begin{pmatrix} -0.625 & 0 & 0 \\ 1 & -1 & 0 \\ 0 & 1 & -1 \end{pmatrix} x + \begin{pmatrix} 0 \\ 0.1 \\ 0.1 \end{pmatrix} \right] + \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \frac{1}{1 + x_3^{30}} \quad (1.19)$$

Il est assez facile de montrer que ce système est bien un système positif quasi-linéaire vérifiant les hypothèses (H1), en effet:

- la matrice A est clairement Metzler stable.
- b est bien un vecteur positif
- $\forall \beta > 0, \beta b + c \gg 0$
- $\psi(x) = 1/(1 + x_3^{30})$ est bien strictement positif pour tout $x \gg 0$
- $\forall i, c_i \psi(x|_{x_i=0}) \geq 0$

Considérons le cas $u = 1$.

Nous montrons dans l'annexe A, en utilisant un théorème de Smith issu de [126], que ce système admet un unique équilibre (fortement positif) $x^* = (0.8, 0.9, 1)^T$ instable entouré par un cycle limite. C'est ce que nous illustrons sur la figure 1.2 qui suggère que le cycle est attractif.

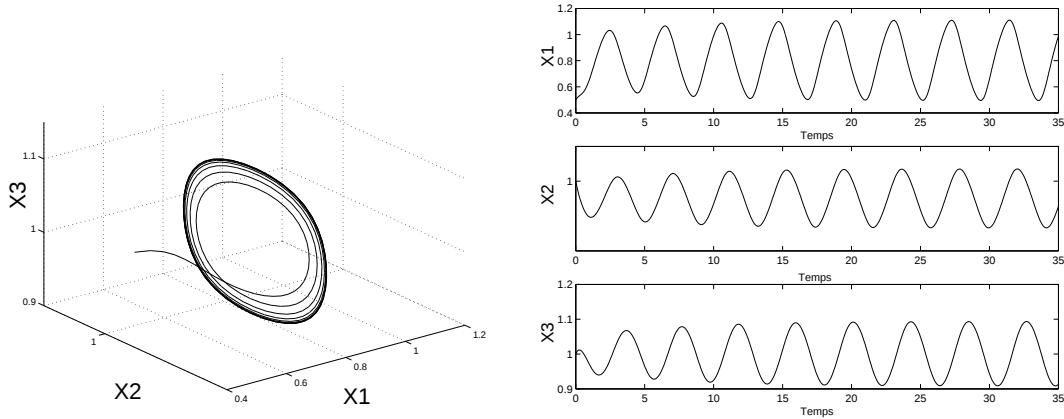


FIG. 1.2 Simulation du système positif quasi-linéaire (1.19). Trajectoire dans l'espace d'état (à gauche) et par rapport au temps (à droite). Existence d'un cycle limite, apparemment attractif.

La classe des systèmes positifs quasi-linéaires est donc susceptible de produire des comportements dynamiques fortement complexes (*cf.* les deux exemples précédents). Classifier dans le cas général de la classe (1.17), tous les types de trajectoires pouvant être générés en *boucle ouverte* par cette classe de systèmes reste cependant très difficile. Ceci n'est de toutes façons pas le sujet de cette thèse; nous cherchons en effet à stabiliser globalement vers un unique équilibre toute la classe des systèmes positifs quasi-linéaires (et quasi-coopératifs), sans nous préoccuper de la complexité des comportements dynamiques produits en boucle ouverte. Il convient juste de garder en mémoire que ces comportements vont du très simple (un seul équilibre globalement stable) au très compliqué.

Notons ici que le modèle de pêche (1.13) appartient très clairement à la classe des systèmes positifs quasi-linéaires. Tel sera aussi le cas du modèle de bioréacteur mono-espèce (*cf.* modèle (3.2) page 97), application principale de nos travaux et sur lequel nous reviendrons en détails au chapitre 3 du présent mémoire.

1.5.2 Les Systèmes Positifs “Quasi-Coopératifs”

D'une manière très semblable à la section précédente, nous introduisons maintenant la classe plus générale des systèmes positifs “quasi-coopératifs” de $\mathbb{R}^n$. Ces systèmes sont de la forme:

$$\begin{cases} \dot{x} = uf(x) + c\psi(x) \\ x_0 \gg 0 \end{cases} \quad (1.20)$$

vérifiant les conditions suivantes:

Hypothèse 2 (H2):

- (i) $f(\cdot)$ est une fonction $\mathcal{C}^1$ telle que $Df(x) = \left(\frac{\partial f_i}{\partial x_j} \right)_{\forall i,j}$ soit Metzler pour tout x .
- (ii) si $0 \leq x_1 \leq x_2$ alors, $Df(x_1) \geq Df(x_2)$
- (iii) c est un vecteur de $\mathbb{R}^n$. $f(0) \geq 0$ et $\exists \beta_m \in \mathbb{R}^+$, $\forall \beta > \beta_m$, $\beta f(0) + c \gg 0$
- (iv) $\exists \bar{x} \gg 0$ tel que $\forall \beta \geq \beta_m$, $\beta f(\bar{x}) + c \ll 0$

(v) $\psi(\cdot)$ est $\mathcal{C}^1$ de $\mathbb{R}_+^n$ dans $\mathbb{R}_+$ telle que: $\forall i \in [1..n], c_i \psi(x_{|x_i=0}) \geq 0$ et $\forall x \gg 0, \psi(x) > 0$

(vi) La commande u est scalaire et positive

Remarque – Il convient de noter que les systèmes du type (1.17) sous les hypothèses (H1) sont décrits par la classe plus générale des systèmes de type (1.20) vérifiant les hypothèses (H2).

Remarquons à nouveau que c'est la partie $c\psi(x)$ du système (1.20) qui est chargée de modéliser qualitativement le processus biologique considéré.

Nous vérifions maintenant que les systèmes (1.20) sous les hypothèses (H2) sont bien des systèmes positifs.

Théorème 1.28

Sous les hypothèses (H2), le système (1.20) est un système positif.

Preuve :

Considérons l'expression du champ sur les frontières de l'orthant positif ($x \geq 0$ avec $x_i = 0$):

$$\dot{x}_i|_{x_i=0} = u f_i(x_{|x_i=0}) + c_i \psi(x_{|x_i=0})$$

Considérons $Df_i(\cdot)$ la $i^{\text{ème}}$ ligne de la matrice $Df(\cdot)$, on a de la même manière que dans la preuve du théorème 1.14, grâce aux hypothèses (H2,i,iii):

$$f_i(x_{|x_i=0}) = f_i(0) + \left[\int_0^1 Df_i(\sigma \cdot x_{|x_i=0}) d\sigma \right] \cdot x_{|x_i=0} \geq 0$$

Puisque u est positif (H2,vi) et que $c_i \psi(x_{|x_i=0})$ est positif (H2,v), on a donc

$$\forall i \in [1..n], \dot{x}_i|_{x_i=0} \geq 0$$

Donc le système (1.20) sous les hypothèses (H2) vérifie la définition 1.5 et est donc un système positif. $\square$

Remarque – Remarquons que si le vecteur c est nul (*i.e.* la non-linéarité $\psi(x)$ n'intervient pas dans la dynamique du modèle) et si u est une constante strictement positive, alors le système (1.20) est un système positif "coopératif" comparable à ceux étudiés à la section 1.3.1 page 26.

La conclusion de la section précédente sur la complexité possible des comportements dynamiques produits par les systèmes positifs quasi-linéaires est tout aussi valable pour les systèmes positifs quasi-coopératifs en boucle ouverte.

Conclusion

Au cours de ce chapitre, nous avons présenté les systèmes dynamiques positifs (en temps continu), classe de systèmes dont font partie, entre autres, les modèles de phénomènes biologiques.

Après avoir introduit les définitions classiques de positivité, nous avons précisément caractérisé les systèmes linéaires positifs. Nous avons notamment (re)démontré un résultat très fort liant l'existence d'un équilibre positif à la stabilité de la matrice A .

Nous nous sommes par la suite intéressés au cas des systèmes non-linéaires positifs en nous concentrant sur deux classes assez générales: les systèmes coopératifs positifs, qui présentent de fortes similitudes avec les systèmes linéaires positifs, et les systèmes de Kolmogoroff, systèmes positifs par construction et qui sont très utilisés par les modélisateurs. Sous relativement peu d'hypothèses, nous avons obtenu pour ces systèmes des résultats très proches de ceux obtenus pour les systèmes linéaires positifs.

Enfin, après avoir introduit la notion de commande d'un système et discuté de la commandabilité des systèmes positifs, nous avons introduit une classe particulière de systèmes non-linéaires positifs mal connus munis d'une commande. Cette classe de systèmes caractérise un nombre substantiel de modèles de phénomènes biologiques et tient compte explicitement de la difficulté rencontrée par les modélisateurs pour décrire quantitativement certains processus biologiques. L'incertitude est ici prise en compte de façon explicite et une description qualitative est substituée à la description quantitative usuelle. Cette incertitude analytique se traduit par une multitude de comportements dynamiques possibles, du très simple (un équilibre globalement stable) au très complexe. Se pose alors le problème de garantir, par l'intermédiaire du contrôle et sur la base d'informations qualitatives, le comportement dynamique de ce type de systèmes. C'est cette problématique qui nous occupe à partir de maintenant.

Chapitre 2

Stabilisation Globale de Systèmes Positifs Mal Connus

Contenu du chapitre

Introduction	52
2.1 Quelques Hypothèses pour le Contrôle	52
2.1.1 Les Systèmes Considérés	52
2.1.2 Hypothèses Supplémentaires	53
2.1.3 Objectifs du Contrôle	54
2.1.4 Commentaires sur les hypothèses (H1) - (H2)	54
2.1.5 Remarques sur la Commandabilité des Systèmes Considérés	56
2.2 Loi de Commande Statique	58
2.2.1 Un Cas Simple: le Modèle de Pêche	58
2.2.2 Cas des Systèmes Positifs “Quasi-Linéaires”	60
2.2.3 Cas des Systèmes Positifs “Quasi-Coopératifs”	64
2.2.4 Robustesse de la Commande	67
2.3 Loi de Commande Adaptative	72
2.3.1 Un Cas Simple: le Modèle de Pêche	72
2.3.2 Cas des Systèmes Positifs “Quasi-Linéaires”	75
2.4 Simulations et Extensions Possibles	82
2.4.1 Retour sur l’Exemple (1.19)	82
2.4.2 Cas de $\psi(\cdot)$ Dépendant du Temps: Exemple du Modèle de Pêche	82
2.4.3 Extension des Résultats	85
2.4.4 Perspectives et Problèmes Ouverts	86
Conclusion	89

Introduction

Au cours de ce chapitre, nous nous intéresserons au problème du contrôle pour les classes de systèmes positifs mal connus introduits à la section 1.5 du premier chapitre. Ces systèmes apparaissent assez fréquemment dans les modèles de phénomènes biologiques (modèle de pêche (1.13), de bioréacteurs *cf.* partie II, *etc...*). Le cadre classique du contrôle en automatique suppose souvent une parfaite formulation analytique des modèles, même si un terme stochastique peut rendre compte d'un certain degré d'incertitude de modélisation [17, 130, 55].

Tel n'est pas le cas des systèmes qui nous occupent ici. Comme nous l'avons relevé précédemment les systèmes quasi-linéaires (1.17) ou quasi-coopératifs (1.20) sont semi-qualitatifs: une partie du système est bien connue, l'autre ne l'est que qualitativement (en l'occurrence en terme de positivité). Des comportements dynamiques plus ou moins complexes sont susceptibles de se produire, suivant les multiples formulations analytiques possibles de la partie mal connue. Mais ces comportements se produisent de façon forcément imprévisible. En effet, l'indétermination analytique de ce type de modèles les rend totalement inadaptés à la tâche de simulation et donc de prévision du comportement futur du processus réel considéré.

Il s'agit ici pour nous de tirer parti de la forme particulière des systèmes (1.17) et (1.20) et d'exploiter des informations disponibles (mesures) sur la partie qualitative, afin de garantir structurellement au système contrôlé (donc au processus considéré) un comportement dynamique simple: un unique équilibre globalement stable.

Dans un premier temps, nous ferons quelques hypothèses sur les sorties disponibles (grandeurs dynamiques mesurées sur le phénomène réel) ainsi que quelques remarques sur la commande. Nous proposerons ensuite une *loi de commande statique* permettant de stabiliser les systèmes vers un équilibre choisi, indépendamment de la forme analytique de la partie qualitative du système. Nous illustrerons d'abord les idées principales sur l'exemple du modèle de pêche (1.13) introduit au premier chapitre, puis développerons notre résultat pour les classes de systèmes (1.17) et (1.20) et étudions la robustesse de la démarche proposée. Nous proposerons ensuite une *loi de commande dynamique*, ou *adaptive*, qui permet de réaliser la même stabilisation que la loi de commande statique en dépit d'incertitudes paramétriques sur la partie supposée bien connue du modèle. Nous illustrerons à nouveau les idées principales sur le modèle de pêche (1.13), et développerons ensuite notre résultat pour une sous classe des systèmes quasi-linéaires (1.17). Enfin, nous ferons quelques remarques sur les possibles extensions de nos résultats, extensions qui nous occuperont notamment au cours de la deuxième partie de ce mémoire.

2.1 Quelques Hypothèses pour le Contrôle

2.1.1 Les Systèmes Considérés

Nous considérons au cours de ce chapitre les classes des systèmes “quasi-linéaires” (1.17) et “quasi-coopératifs” (1.20) introduites à la section 1.5. Ces deux classes de systèmes sont soumises respectivement aux hypothèses (H1) et (H2).

La classe de système (1.17) appartient à la classe plus générale de systèmes (1.20) de $\mathbb{R}^n$:

$$\{ \dot{x} = uf(x) + c\psi(x) \}$$

Considérons le vecteur c de $\mathbb{R}^n$. Celui-ci doit respecter les hypothèses (H2,iii), (H2,iv) et (H2,v) (cf. page 47). Notons qu'aucun présupposé de signe n'est imposé par ces hypothèses aux coordonnées du vecteur c : les coordonnées c_i sont ainsi soit nulles, soit strictement positives soit strictement négatives. Dans le cas d'un c_i strictement négatif le reste du système doit cependant remplir certaines contraintes (cf. (H2,iii) et (H2,iv)).

Le cas où c_i est nul est cependant très particulier: en effet la partie mal connue du système $\psi(x)$ n'intervient alors pas directement dans $\dot{x}_i$, mais seulement (éventuellement) par son action intégrée sur les variables x_j ($j \neq i$) qui agissent alors sur $\dot{x}_i$ par l'intermédiaire de $f_i(x)$. Notamment, si $f_i(x)$ ne dépend que de x_i , $\psi(x)$ n'aura alors aucune influence sur la dynamique de x_i .

Supposons que $p < n$ coordonnées du vecteur c sont nulles (nous ne considérons pas le cas plus classique où c est nul, $\psi(x)$ n'intervenant plus). Sans perte de généralité aucune par rapport aux définitions des classes de systèmes (1.17) et (1.20), nous choisissons d'ordonner les variables d'état de telle façon que les p premières coordonnées du vecteur c soient nulles, les autres étant non-nulles. Le vecteur c est donc pour la suite de ce chapitre de la forme:

$$c = (c_1 = 0, \dots, c_p = 0, c_{p+1} \neq 0, \dots, c_n \neq 0)^T$$

2.1.2 Hypothèses Supplémentaires

Nous allons développer au cours de ce chapitre des lois de commande sur la base d'informations de deux types sur le système considéré.

En premier lieu, nous utiliserons la structure interne des systèmes considérés, notamment la structure particulière (coopérative) de la partie bien connue du système ainsi que les propriétés qualitatives de la partie mal connue (positivité). En effet, bien que les systèmes considérés soient mal connus, les lois de commande proposées sont "basées modèles": elles utilisent explicitement la structure mathématique du système pour réaliser la stabilisation.

Nous nous servons aussi d'un second type d'informations commun à toutes les méthodes de contrôle en *boucle fermée*. Ce sont des informations recueillies à chaque instant sur l'état (ou une fonction de l'état) du système, ce qu'on désigne en automatique comme *les sorties du système*. C'est à partir de ces sorties que l'on formule une loi de commande (en boucle fermée) permettant le contrôle du système: l'entrée du système est alors fonction de la sortie.

La première commande que nous proposons (cf. section 2.2) n'utilise qu'une seule sortie. Il s'agit de la mesure (à chaque instant) de la partie mal-connue du système: la fonction $\psi(x)$. *Nous ne connaissons pas l'expression analytique de $\psi(\cdot)$, mais nous mesurons $\psi(\cdot)$ tout au long de la trajectoire $x(t, x_0)$.* C'est ce que nous résumons dans l'hypothèse suivante:

Hypothèse 3 (H3):

Nous supposons disponible à chaque instant t , la sortie (scalaire) suivante:

$$y = \psi(x(t, x_0))$$

La deuxième loi de commande, adaptative, permet de contourner le problème d'une éventuelle incertitude paramétrique sur la partie supposée bien connue du système ou sur le vecteur c . Cette loi de commande a pour but de ramener une des variables d'état (x_k) à une consigne explicite (x_k^*) indépendamment des paramètres. Ce type de contrôle nécessite cependant une sortie supplémentaire, en l'occurrence la mesure de la variable x_k à réguler. Nous résumons les mesures utilisées pour la construction de la commande adaptative (cf. section 2.3) dans l'hypothèse suivante.

Hypothèse 4 (H4):

Nous supposons disponibles à chaque instant t , les deux sorties (scalaires) suivantes:

$$\begin{cases} y_1 = \psi(x(t, x_0)) \\ y_2 = x_k(t, x_0) \end{cases}$$

2.1.3 Objectifs du Contrôle

Les systèmes considérés étant positifs, le contrôle a pour objectif de les stabiliser globalement vers un unique équilibre positif, déterminé par la loi de commande, et éventuellement par certains paramètres du système. D'autre part, les principales applications de nos résultats concernent la conduite de bio-réacteurs. Pour ces procédés biotechnologiques, seuls les équilibres fortement positifs sont intéressants (cf. partie II et [82, 10]). Nous nous concentrons donc ici sur la *stabilisation* des systèmes vers un *équilibre fortement positif*.

D'autre part un point important à ne pas négliger est la double contrainte de positivité et de bornitude de la commande. On se reportera à la section 3.4 du chapitre 3 qui donne des exemples concrets des problèmes rencontrés si cette double contrainte n'est pas vérifiée. Nous proposons donc ici des *commandes* naturellement *strictement positives et bornées*.

2.1.4 Commentaires sur les hypothèses (H1) - (H2)

La classe de systèmes (1.20) (*resp.* (1.17)) que nous considérons ici peut paraître relativement contraintes par les hypothèses (H2) (*resp.* (H1)). Nous explicitons ici le rôle joué par ces hypothèses et rapprochons la classe de système (1.20) (*resp.* (1.17)) d'une structure de contrôle répandue en automatique : les systèmes à "minimum de phase".

Nous ne considérons ici que la classe de système la plus générale (1.20) sous les hypothèses (H2), la même approche s'appliquant facilement à la classe (1.17) sous les hypothèses (H1). Rappelons la forme des systèmes (1.20) :

$$\dot{x} = uf(x) + c\psi(x)$$

D'après l'hypothèse (H2,v), la fonction mal connue $\psi(\cdot)$ doit rester strictement positive pour tout état x fortement positif. Il convient de rapprocher cette hypothèse des "conditions de secteurs" ("sector conditions" cf. e.g. [138]) impliquées dans le critère du cercle ou le critère de Popov pour le contrôle de certains systèmes non-linéaires à partie non-linéaire séparable. Il faut cependant noter ici que le "secteur" recouvre ici tout un orthant et n'est pas, comme il est plus souvent rencontré, un cône strictement inclus dans un orthant. De plus notre système ne possède pas a priori de structure à non-linéarité séparable.

On peut aussi voir dans l'hypothèse (H2,v) une condition de type “intervalle” [39, 112] consistant à encadrer la non-linéarité $\psi(x)$ par deux fonctions connues. Ce type d'approche utilise des techniques de coopérativité, et propose un contrôle de type linéarisant (*cf.* [10] et chapitre 3 du mémoire) basé sur les systèmes encadrants, choisissant selon les cas de contrôler le système majorant ou minorant (*cf.* tout spécialement [112]).

La deuxième partie de l'hypothèse (H2,v) assure simplement la positivité d'un système de type (1.20), pour toute entrée admissible $u \geq 0$ constante (*cf.* hypothèse (H2,vi)).

L'autre partie des hypothèses (*i.e.* de (H2,i) à (H2, iv)) a un double objectif: d'une part assurer la positivité du système $\dot{z} = f(z)$ ainsi que l'existence d'un équilibre positif GAS, et, d'autre part, assurer l'existence d'une entrée admissible minimale au-dessus de laquelle le système (1.20) est fortement positif.

Ces hypothèses impliquent notamment que si la sortie $y = \psi(x)$ est constante, alors il existe une entrée minimale au-dessus de laquelle le système (1.20) admet un équilibre fortement positif GAS. Cette propriété rappelle fortement les hypothèses de type “minimum de phase” fréquemment utilisées en contrôle, particulièrement pour les systèmes mal-modélisés comme les procédés chimiques ou les bioprocédés [6, 3, 58, 140]. Une hypothèse de minimum de phase assure la stabilité asymptotique globale du système considéré lorsque la (ou les) sortie(s) sont constantes.

À la différence de l'approche que nous allons mener dans ce chapitre, les techniques mises en œuvre pour la stabilisation de systèmes à minimum de phase consistent en :

- stabiliser la sortie, sur la base de sa dynamique, vers une valeur constante.
- puis conclure sur l'état du système lorsque la sortie est constante en utilisant des arguments sur des systèmes en cascade *via* des résultats de séparation non-linéaires (*cf.* théorèmes 2.4 page 64, et D.2 *cf.* annexe D, voire aussi [138]).

Ce genre de méthode présuppose donc un modèle relativement fiable de la dynamique suivie par la sortie. Dans notre cas, la sortie elle-même étant très peu connue (en dehors de sa positivité et de sa régularité), il faudrait stabiliser globalement, pour toute fonction $\psi(\cdot)$ admissible et uniquement sur la base de la mesure $y(t) = \psi(x(t, x_0))$, l'équation scalaire suivante :

$$\begin{aligned} \frac{dy}{dt} = \frac{d(\psi(x))}{dt} &= \langle \nabla \psi(x), \dot{x} \rangle \\ &= u \langle \nabla \psi(x), f(x) \rangle + \psi(x) \langle \nabla \psi(x), c \rangle \end{aligned}$$

le vecteur $\nabla \psi(x)$ étant parfaitement inconnu, rendant par là même très incertaine la dynamique de la sortie et difficiles les tentatives de la stabiliser.

Ainsi, la méthode que nous proposons dans ce chapitre se différencie nettement des méthodes plus classiques de minimum de phase. Nos preuves sont en effet basées sur la démonstration de la stabilisation de l'état x entier au moyen d'un feedback de sortie et non sur la stabilisation de la sortie elle-même.

Enfin si les méthodes basées minimum de phase permettent elles aussi de stabiliser des modèles mal connus ou incertains, les parties incertaines sont la plupart du temps englobées dans la partie du système supposée être à minimum de phase (*cf.* [6, 3, 58]), transformant ainsi les parties incertaines des systèmes en parties, certes mal connues, mais intrinsèquement stables, ce qui n'est pas notre cas.

2.1.5 Remarques sur la Commandabilité des Systèmes Considérés

Nous considérons dans cette section le problème de la commandabilité des systèmes (1.17) et (1.20). Ces systèmes étant non-linéaires il est difficile de précisément caractériser la commandabilité selon la définition 1.21 page 40. Il est cependant possible, en considérant la commande u non contrainte à la positivité, de calculer la dimension de leur “espace local d’atteignabilité en temps T ” (noté $\mathcal{R}_T(x)$, qui contient l’espace local de commandabilité en temps T) depuis un certain état x selon les théories du contrôle des systèmes non-linéaires (*cf.* les travaux d’Isidori et de Nijmeijer et van der Schaft [55, 100]).

De part la forme assez générale des systèmes de type (1.20) le calcul pour toute la classe de système n’apporte aucune information intéressante : nous sommes en effet vite ramenés à devoir calculer la dimension de $\mathcal{R}_T(x)$ pour un système dynamique mono-entrée quelconque de $\mathbb{R}^n$, ce qui ne permet pas de conclure (*cf.* [55]).

Nous analysons donc dans cette section deux exemples de systèmes de type (1.17) : l’exemple (1.19) page 46 de dimension 3, et le modèle du bioréacteur mono-espèce de dimension n introduit au chapitre 3. Nous montrons dans le premier cas que $\mathcal{R}_T(x)$ est bien génériquement de dimension 3 (le système est donc presque commandable) alors que dans le deuxième cas traité $\mathcal{R}_T(x)$ n’est que de dimension 2 (le système n’est alors pas commandable). Dans chacun de ces cas, la méthode de stabilisation que nous proposons dans la suite du présent chapitre fonctionne pourtant.

Les propriétés de commandabilité des systèmes considérés semblent donc jouer un rôle très marginal par rapport au résultat que nous proposons.

Selon les théories géométrique du contrôle des systèmes non-linéaires [55, 100], les systèmes munis d’une commande scalaire peuvent s’écrire sous la forme :

$$\dot{x} = f(x) + ug(x) \quad (2.1)$$

et l’espace local d’atteignabilité en temps $T > 0$ (quelconque), $\mathcal{R}_T(x)$ du système est tel que :

$$\mathcal{R}_T(x) = \text{vect} \{g(x), [f, g](x), [f, [f, g]](x), [g, [f, g]](x), \dots\}$$

où $[f, g]$ désigne le crochet de Lie de f par g *i.e.* :

$$[f, g](x) = L_f g(x) - L_g f(x)$$

Cas de l’exemple (1.19)

Rappelons la forme du système (1.19) :

$$\dot{x} = \begin{pmatrix} \dot{x}_1 \\ \dot{x}_2 \\ \dot{x}_3 \end{pmatrix} = u \left[\begin{pmatrix} -\alpha & 0 & 0 \\ 1 & -1 & 0 \\ 0 & 1 & -1 \end{pmatrix} x + \begin{pmatrix} 0 \\ b \\ b \end{pmatrix} \right] + \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \psi(x_3)$$

En utilisant le formalisme (2.1), on a :

$$f(x) = \psi(x_3) \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad \text{et} \quad g(x) = \begin{pmatrix} -\alpha x_1 \\ x_1 - x_2 + b \\ x_2 - x_3 + b \end{pmatrix}$$

Le calcul de $[f, g]$ donne :

$$[f, g](x) = \begin{pmatrix} -\alpha\psi(x_3) - (x_2 - x_3 + b)\frac{\partial\psi(x_3)}{\partial x_3} \\ \psi(x_3) \\ 0 \end{pmatrix}$$

qui clairement est génériquement indépendant de g (*i.e.* excepté sur un ensemble d'intérieur vide, ici une intersection de deux hyperplans calculables à partir des déterminants des mineurs de $\{g, [f, g]\}$).

Le calcul de $[f, [f, g]]$ conduit au vecteur nul. Il nous faut alors calculer $[g, [f, g]]$ qui donne :

$$[g, [f, g]](x) = \begin{pmatrix} -\alpha^2\psi(x_3) + [-x_1 + (2 - 2\alpha)x_2 + (2\alpha - 1)x_3 - 2\alpha b]\frac{\partial\psi(x_3)}{\partial x_3} - (x_2 - x_3 + b)^2 \frac{\partial^2\psi(x_3)}{\partial x_3^2} \\ (\alpha + 1)\psi(x_3) + 2(x_2 - x_3 + b)\frac{\partial\psi(x_3)}{\partial x_3} \\ -\psi(x_3) \end{pmatrix}$$

$[g, [f, g]]$ est donc à son tour génériquement indépendant de g et $[f, g]$.

$\mathcal{R}_T(x)$ est donc génériquement de dimension 3, la même dimension que l'espace d'état. En d'autres termes, il existe toujours (sauf sur un ensemble de l'espace d'état d'intérieur vide) une commande (si u n'est pas contrainte) permettant de rallier, depuis un état x_0 et en temps T , tout point situé dans un voisinage de x_0 .

Cas du modèle du bioréacteur mono-espèce

Nous introduirons ce modèle au chapitre 3 (*cf.* modèle (3.2) page 97, les α_i étant ici considérés comme égaux à 1); nous considérons ici le système dynamique de $\mathbb{R}^n$ suivant (u et $\psi(\cdot)$ étant scalaires, $\psi(\cdot)$ dépendant de l'état complet) :

$$\dot{x} = u(-x + b) + c \psi(x)$$

En utilisant le formalisme (2.1), on a :

$$f(x) = c \psi(x) \quad \text{et} \quad g(x) = -x + b$$

Le calcul de $[f, g]$ donne :

$$[f, g](x) = (-\psi(x) - L_g\psi(x)) c$$

qui est génériquement colinéaire à c , donc à f , et est ainsi génériquement indépendant de g .

Le calcul des autres crochets de Lie générant $\mathcal{R}_T(x)$ n'apportera pas de dimension supplémentaire. En effet :

$$\begin{aligned} [f, [f, g]](x) &= [f, (-\psi(x) - L_g\psi(x)) c] \\ &= \left[f, \frac{(-\psi(x) - L_g\psi(x))}{\psi(x)} f \right] \\ &= \left(L_f \left(\frac{-\psi(x) - L_g\psi(x)}{\psi(x)} \right) \right) f + \left(\frac{-\psi(x) - L_g\psi(x)}{\psi(x)} \right) L_f f - \left(\frac{-\psi(x) - L_g\psi(x)}{\psi(x)} \right) L_f f \\ &= \left(L_f \left(\frac{-\psi(x) - L_g\psi(x)}{\psi(x)} \right) \right) f \end{aligned}$$

$[f, [f, g]]$ est donc colinéaire à f .

D'autre part, on a :

$$\begin{aligned}
[g, [f, g]](x) &= [g, (\psi(x) - L_g \psi(x)) c] \\
&= \left[g, \frac{-\psi(x) - L_g \psi(x)}{\psi(x)} f \right] \\
&= \left(L_g \left(\frac{-\psi(x) - L_g \psi(x)}{\psi(x)} \right) \right) f + \left(\frac{-\psi(x) - L_g \psi(x)}{\psi(x)} \right) L_g f - \left(\frac{-\psi(x) - L_g \psi(x)}{\psi(x)} \right) L_f g \\
&= \left(L_g \left(\frac{-\psi(x) - L_g \psi(x)}{\psi(x)} \right) \right) f - \left(\frac{-\psi(x) - L_g \psi(x)}{\psi(x)} \right) [f, g] \\
&= \left(L_g \left(\frac{-\psi(x) - L_g \psi(x)}{\psi(x)} \right) - \left(\frac{-\psi(x) - L_g \psi(x)}{\psi(x)} \right)^2 \right) f
\end{aligned}$$

$[g, [f, g]]$ est donc aussi colinéaire à f . On montre facilement par récurrence que tous les crochets successifs restants seront, eux aussi, tous colinéaires à f .

$\mathcal{R}_T(x)$ est donc génériquement de dimension 2 sur $\mathbb{R}^n$. Le système considéré est donc très loin d'être commandable (une condition nécessaire à la commandabilité étant que $\mathcal{R}_T(x)$ soit de dimension n).

Remarquons cependant que si $(x - b)$ et c sont colinéaires, *i.e.* par exemple sur un équilibre correspondant à $\psi(x) \neq 0$ (ce qui correspond aux équilibres vers lesquels nos procédures stabilisent les systèmes considérés), la dimension de $\mathcal{R}_T(x)$ chute alors à 1 : la commande n'a plus d'action sur le système que selon la direction du vecteur c .

2.2 Loi de Commande Statique

Nous allons développer dans cette section une loi de commande statique (proportionnelle à la sortie) pour les systèmes positifs "quasi-linéaires" (1.17) et "quasi-coopératifs" (1.20). Nous supposons pour toute cette section que l'hypothèse (H3) est vérifiée. Si le principe proposé ici est relativement simple, les calculs sur les classes de systèmes (1.17) et (1.20) sont fastidieux. Nous commençons donc par exposer notre approche sur le cas particulier du modèle de pêche (1.13) en dimension 1.

2.2.1 Un Cas Simple: le Modèle de Pêche

Rappelons le modèle de pêche (1.13) donné au premier chapitre.

$$\text{Modèle (1.13) : } \begin{cases} \dot{x} = -ux + \varphi(x) \\ x_0 > 0 \end{cases}$$

Où x désigne le stock de poissons, $\varphi(x)$ la vitesse de croissance du stock, $(-ux)$ la vitesse de pêche (u , l'effort de pêche, étant la commande). Il est clair que la natalité des poissons $\varphi(x)$ est assez difficile à modéliser. Cependant sous l'hypothèse que le milieu est suffisamment riche en éléments nutritifs, on peut raisonnablement supposer que $\forall x > 0, \varphi(x) > 0$ et que $\varphi(0) = 0$.

Nous supposons aussi que $\varphi(\cdot)$ est suffisamment régulière ($\mathcal{C}^1$ de l'état) et que nous mesurons $y = \varphi(x)$ à chaque instant (*i.e.* hypothèse (H3)). Cette dernière hypothèse est peu réaliste mais nous

cherchons avant tout ici à expliquer notre démarche sur un exemple illustratif. Nous supposons que des campagnes régulières d'études en mer permettent de mesurer cette quantité.

Notons que sous ces hypothèses, le système (1.13) est quasi-linéaire et vérifie les hypothèses (H1) et (H3). Nous cherchons à ramener le stock de poissons depuis une condition initiale $x_0 > 0$ vers une valeur choisie: $x^* > 0$. Pour ce faire, nous proposons la méthode suivante:

Théorème 2.1

La loi de commande basée sur le retour de sortie statique :

$$u(.) = \frac{1}{x^*} \quad y = \frac{1}{x^*} \varphi(x)$$

Stabilise globalement (sur $\mathbb{R}_{+}$) exponentiellement le système (1.13) vers l'équilibre $x^* > 0$.*

Remarque – Pour la preuve nous noterons $u(.)$ pour signifier que l'effort de pêche suit la loi définie dans le théorème 2.1. Nous garderons aussi ce type de notation pour les preuves ultérieures.

Preuve :

Écrivons le modèle (1.13) en boucle fermée (*i.e.* lorsque $u(.)$ suit la loi du théorème 2.1):

$$\dot{x} = \frac{\varphi(x)}{x^*} (x^* - x) = u(.) (x^* - x) \quad (2.2)$$

Montrons tout d'abord que l'ensemble $\mathbb{R}_+$ est invariant: il suffit de remarquer que:

$$\dot{x}(x=0) = \varphi(0) = 0 \quad (\text{par hypothèse})$$

Donc, la frontière $x=0$ de $\mathbb{R}_+$ est infranchissable depuis $\mathbb{R}_{+*}$, l'espace d'état est bien invariant et les trajectoires issues de $x_0 > 0$ restent positives. D'où:

$$\forall x_0 > 0, \forall t \geq 0, \varphi(x(t, x_0)) \geq 0 \Rightarrow u(.) = u(x(t, x_0)) \geq 0$$

Montrons maintenant que les trajectoires du système (2.2) issues de $x_0 > 0$ évoluent dans un compact de $\mathbb{R}_{+*}$ (dépendant de x_0). Calculons explicitement ces trajectoires, on a:

$$\forall x_0 > 0, \forall t \geq 0, x(t, x_0) = x^* + (x_0 - x^*) e^{-\int_0^t u(x(\tau, x_0)) d\tau}$$

Puisque $u(.)$ reste positif, clairement: $\int_0^t u(x(\tau, x_0)) d\tau \geq 0$. D'où:

$$\forall x_0 > 0, \forall t \geq 0, \left(e^{-\int_0^t u(\tau) d\tau} \right) \in [0, 1]$$

En utilisant cette propriété dans l'expression des trajectoires $x(t, x_0)$, on obtient:

$$\forall x_0 > 0, \forall t \geq 0, x(t, x_0) \in (x_0, x^*) \subset \mathbb{R}_{+*}$$

Remarque – La notation (x_0, x^*) signifie $[\min(x_0, x^*), \max(x_0, x^*)]$

Donc quel que soit $x_0 > 0$, $x(t, x_0)$ reste strictement positif et dans un compact de $\mathbb{R}_{+*}$.

Puisque $\varphi(\cdot)$ est $\mathcal{C}^1$ et puisque $\forall x > 0$, $\varphi(x) > 0$ la fonction $\varphi(x(t, x_0))$ le long de la trajectoire issue de x_0 vérifie:

$$\forall x_0 > 0, \forall t \geq 0, \varphi(x(t, x_0)) \in \left[\min_{x \in (x_0, x^*)} (\varphi(x)), \max_{x \in (x_0, x^*)} (\varphi(x)) \right] \subset \mathbb{R}_{+*}$$

La commande $u(\cdot) = (\varphi(x(t, x_0))/x^*)$, est donc bornée le long de la trajectoire et vérifie bien (H1,iv). Elle est de plus minorée par une constante strictement positive (dépendante de $x_0 > 0$), ce qui suffit à assurer que:

$$\forall x_0 > 0, \lim_{t \rightarrow +\infty} \int_0^t u(x(\tau, x_0)) d\tau = +\infty$$

Nous pouvons donc calculer la limite (quand t tend vers l'infini) des trajectoires $x(t, x_0)$ (avec $x_0 > 0$):

$$\forall x_0 > 0, \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t, x_0) = x^*$$

Nous concluons donc que x^* est globalement attractif sur $\mathbb{R}_{+*}$.

La stabilité locale est assurée puisqu'en l'équilibre $x^* > 0$ le linéarisé du système (2.2) admet pour valeur propre $-u(x^*) = -(\varphi(x^*)/x^*)$ qui est strictement négative. x^* est donc globalement asymptotiquement stable (GAS) sur $\mathbb{R}_{+*}$.

La stabilité exponentielle *globale* de x^* est assurée par l'encadrement dynamique suivant:

$$\forall x_0 > 0, \forall t \geq 0, \min_{x \in (x_0, x^*)} (u(x)) (x^* - x) \leq \dot{x} \leq \max_{x \in (x_0, x^*)} (u(x)) (x^* - x)$$

Les deux systèmes encadrants étant linéaires avec pour équilibre exponentiellement stable x^* , nous pouvons conclure, pour toute condition initiale $x_0 > 0$ à la globale exponentielle stabilité de x^* pour le système en boucle fermée (2.2). $\square$

Remarque – La convergence du système contrôlé est bien exponentielle pour toute condition initiale $x_0 > 0$, mais la vitesse de convergence exponentielle dépend cependant de x_0 . Pour un compact de conditions initiales inclus dans l'ouvert $\mathbb{R}_{+*}$, chacune des trajectoires convergeant de façon exponentielle, la vitesse de convergence exponentielle dépendant de x_0 admet un minimum (> 0) sur le compact, ce qui est faux sur l'ouvert où elle n'admet qu'une borne inférieure qui est de surcroît nulle. La rigueur imposerait donc que le théorème 2.1 conclue plutôt: *x^* est globalement exponentiellement stable sur tout compact inclus dans l'ouvert $\mathbb{R}_{+*}$ contenant x^* et non sur tout l'ouvert $\mathbb{R}_{+*}$.*

Remarque – Supposons qu'un phénomène extérieur, comme par exemple la saison, modifie la vitesse de natalité tout en conservant la propriété: $x > 0 \Rightarrow \varphi(x, \dots) > 0$, alors la loi de commande régissant l'effort de pêche proposée dans le théorème 2.1 stabilise aussi globalement exponentiellement le système vers x^* . La preuve est similaire à celle du théorème 2.1; nous y reviendrons à la fin de ce chapitre.

2.2.2 Cas des Systèmes Positifs “Quasi-Linéaires”

En généralisant l'idée du théorème 2.1, nous proposons le résultat suivant permettant de stabiliser globalement les systèmes positifs “quasi-linéaires” vers un unique équilibre fortement positif.

Théorème 2.2

Considérons un système positif quasi-linéaire de type (1.17). Sous les hypothèses (H1) (page 45) et (H3) (page 53), la loi de commande basée sur le retour de sortie statique:

$$\forall \gamma > \beta_m, \quad u(\cdot) = \gamma y = \gamma \psi(x) \quad (2.3)$$

stabilise globalement asymptotiquement sur $\mathbb{R}_{+*}^n$ le système (1.17) vers le point d'équilibre (unique) $x^* \gg 0$, tel que:

$$x^* = -A^{-1} \left(b + \frac{1}{\gamma} c \right)$$

Remarque – Nous verrons au cours de la deuxième partie de ce document, que la condition sur le gain de retour de sortie $\gamma > \beta_m$, donc sur la valeur de l'équilibre x^* , n'est pas du tout contraignante étant donnés les objectifs à atteindre dans les applications (cf. e.g. chapitre 3).

Nous commençons par prouver le Lemme suivant:

Lemme 2.3

Sous les hypothèses (H1) et (H3), pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$, la trajectoire du système (1.17), issue de x_0 et soumise à la loi de commande (2.3) évolue dans un compact de $\mathbb{R}_{+*}^n$.

Preuve :

La loi de commande (2.3) appliquée au système (1.17) conduit au système en boucle fermée suivant:

$$\begin{cases} \dot{x} = \psi(x) \left(\gamma Ax + (\gamma b + c) \right) \\ x_0 \gg 0 \end{cases} \quad (2.4)$$

Montrons que le système (2.4) est un système seuil-positif (cf. définition 1.17 page 33). Soit un réel $\epsilon > 0$ suffisamment petit. Considérons la dynamique de la variable x_i en $x_i = \epsilon$, l'état complet vérifiant:

$$x = x|_{x_i=\epsilon} \gg 0$$

On obtient, selon (2.4):

$$\dot{x}_i(x|_{x_i=\epsilon}) = \underbrace{\psi(x|_{x_i=\epsilon})}_{>0} \left((\gamma b_i + c_i) + \gamma a_{i,i} \epsilon + \gamma \sum_{j \neq i} a_{i,j} x_j \right)$$

Puisque $\psi(x|_{x_i=\epsilon})$ est strictement positif (H1,iii), nous ne nous intéressons qu'au signe du terme entre parenthèses. Le seul terme susceptible d'y être négatif est $a_{i,i} \epsilon$ la somme des autres termes étant strictement positive: en effet, par (H1,ii), $(\gamma b_i + c_i)$ est strictement positif puisque $\gamma > \beta_m$; d'autre part, pour i différent de j les termes $a_{i,j} x_j$ sont positifs (H1,i). Il est donc clair qu'il existe une constante $\epsilon_{m,i} > 0$ telle que:

$$\gamma a_{i,i} \epsilon_{m,i} + (\gamma b_i + c_i) > 0$$

On a donc:

$$\forall \epsilon \in]0, \epsilon_{m,i}], \quad \dot{x}_i(x|_{x_i=\epsilon}) > 0$$

Ce raisonnement étant valable pour tout i , il est clair que tout vecteur s vérifiant:

$$0 \ll s \leq \epsilon_m = (\epsilon_{m,1}, \dots, \epsilon_{m,n})^T$$

est un vecteur seuil pour le système (2.4) (cf. définition 1.17). Le système (2.4) est donc seuil-positif avec pour seuil tout vecteur s vérifiant la condition mentionnée ci-dessus.

Considérons maintenant une condition initiale $x_0 \gg 0$.

- Si $x_0 \geq \epsilon_m$, alors, ϵ_m étant vecteur seuil du système (2.4), les trajectoires issues de x_0 vérifient:

$$\forall t \geq 0, x(t, x_0) \geq \epsilon_m \gg 0$$

- Si $x_0 \not\geq \epsilon_m$, il existe forcément un vecteur s tel que:

$$0 \ll s \leq \epsilon_m \quad \text{vérifiant: } s \leq x_0$$

Ce vecteur s est vecteur seuil du système (2.4), les trajectoires issues de x_0 vérifient donc:

$$\forall t \geq 0, x(t, x_0) \geq s \gg 0$$

- En exploitant les deux points précédents, on conclut que:

$$\forall x_0 \gg 0, \exists v \gg 0, \forall t \geq 0, x(t, x_0) \geq v \gg 0$$

Les trajectoires du système (2.4) issues de conditions initiales fortement positives sont donc minorées par un vecteur fortement positif.

Nous cherchons maintenant à montrer que les trajectoires du système (2.4) issues de conditions initiales fortement positives sont bornées.

Considérons le terme $(\gamma Ax + (\gamma b + c))$ du système (2.4). Par hypothèse A est une matrice de Metzler stable (H1,i), $\gamma > \beta_m \geq 0$ et $(\gamma b + c) \gg 0$ (H1,ii). Par les théorèmes 1.2 page 20 et 1.9 page 23, il existe donc un unique point $x^* \gg 0$ tel que:

$$\gamma Ax^* + (\gamma b + c) = 0 \tag{2.5}$$

Notons que x^* est aussi un équilibre du système (2.4).

Montrons que les ensembles $\{x, x \leq kx^*\}$ pour un réel $k \geq 1$ sont invariants par le système (2.4). Dans ce but, considérons l'orientation du champ de vecteur sur les frontières de cet ensemble, *i.e.* nous considérons $\dot{x}_i$ sur une frontière $x_i = kx_i^*$, l'état complet fortement positif vérifiant:

$$x = x_{|x_i=kx_i^*} \leq kx^*$$

On obtient selon (2.4):

$$\begin{aligned} \forall k \geq 1, \quad \dot{x}_i(x_{|x_i=kx_i^*}) &= \psi(x_{|x_i=kx_i^*}) \left((\gamma b_i + c_i) + \gamma k a_{i,i} x_i^* + \gamma \sum_{j \neq i} a_{i,j} x_j \right) \\ &\leq \psi(x_{|x_i=kx_i^*}) \left((\gamma b_i + c_i) + \gamma k a_{i,i} x_i^* + \gamma k \sum_{j \neq i} a_{i,j} x_j^* \right) \end{aligned}$$

D'où, en utilisant l'équation (2.5) dans l'inégalité ci-dessus:

$$\begin{aligned} \forall k \geq 1, \quad \dot{x}_i(x_{|x_i=kx_i^*}) &\leq \psi(x_{|x_i=kx_i^*}) (k-1) (-(\gamma b_i + c_i)) \\ &\leq 0 \end{aligned}$$

Ceci étant valable pour tout i . Il est donc clair que pour tout $k \geq 1$, les ensembles $\{x, x \leq kx^*\}$ sont invariants par le système (2.4).

Pour conclure, pour toute condition initiale $x_0 \in \mathbb{R}_{+*}^n$, il existe toujours un réel $k \geq 1$ et un vecteur $v \gg 0$ tels que la trajectoire du système contrôlé (2.4), issue de x_0 vérifie pour tout temps $t \geq 0$:

$$0 \ll v \leq x(t, x_0) \leq kx^*$$

Ce qui achève la preuve du lemme 2.3. $\square$

Remarque – Il est nécessaire de montrer que les trajectoires du système en boucle fermée (2.4) sont bornées notamment dans le cas où:

$$\exists i \in [1..n], \lim_{x_i \rightarrow \infty} \psi(x) = 0$$

En effet une telle propriété de la fonction $\psi(\cdot)$ n'est pas en contradiction avec les hypothèses (H1). La bornitude des trajectoires nous permet ici d'affirmer que pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$ et pour tout temps $t \geq 0$, la fonction $\psi(\cdot)$ le long de la trajectoire du système contrôlé et issue de x_0 est toujours supérieure à une constante strictement positive (dépendante de x_0). Nous y revenons dans la preuve qui suit. Notons que cette remarque sera aussi valable pour le lemme 2.5 de la section suivante.

Revenons maintenant à la preuve du théorème 2.2.

Preuve :

D'après le lemme 2.3, la trajectoire (issue d'un $x_0 \gg 0$) du système contrôlé évolue dans un compact inclus dans l'ouvert $\mathbb{R}_{+*}^n$. La fonction $\psi(\cdot)$ étant $\mathcal{C}^1$, l'image de ce compact est aussi un compact, et par (H1,iii) on a clairement:

$$\forall x_0 \gg 0, \exists m, M \text{ tels que: } \forall t \geq 0, 0 < m \leq \psi(x(t, x_0)) \leq M$$

Ce qui montre que la commande suivant la loi (2.3) le long de la trajectoire issue d'un $x_0 \gg 0$ vérifie bien l'hypothèse (H1,iv).

D'autre part, pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$ il existe une constante strictement positive minorant pour tout temps la fonction $\psi(x(t, x_0))$. Nous pouvons alors effectuer le changement d'échelle de temps suivant (voir *e.g.* [104, 53, 21]):

$$t' = \int_0^t \gamma \psi(x(\tau, x_0)) d\tau$$

Comme $\psi(\cdot)$ est minoré par une constante strictement positive, t' est bien difféomorphe à t . La trajectoire du système (2.4) issue de $x_0 \gg 0$ a donc le même comportement (à l'échelle de temps près) que la trajectoire issue de $x_0 \gg 0$ du système suivant:

$$\frac{dx}{dt'} = Ax + (b + \frac{1}{\gamma}c) \quad (2.6)$$

A étant Metzler stable et $b + \frac{1}{\gamma}c \gg 0$. Le système (2.6) est donc fortement positif. Par le théorème 1.9 page 23, le point $x^* = -A^{-1}(b + \frac{1}{\gamma}c)$ est l'équilibre unique, fortement positif et globalement asymptotiquement stable du système (2.6). La trajectoire du système (2.6) issue de $x_0 \gg 0$ converge donc asymptotiquement vers x^* .

Donc pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$, la trajectoire du système contrôlé (2.4) issue de x_0 converge asymptotiquement vers l'unique équilibre $x^* \gg 0$. x^* est donc globalement attractif sur $\mathbb{R}_{+*}^n$ pour le

système (2.4).

La stabilité locale de x^* est assurée puisque $\psi(x^*)$ est strictement positif et que la matrice A est stable. x^* est donc un équilibre GAS sur $\mathbb{R}_{+*}^n$ du système (2.4), ce qui achève la preuve du théorème 2.2. $\square$

Remarque – Notons que le choix d’une valeur du gain de retour de sortie γ permet de modifier la valeur de l’équilibre x^* puisque $x^* = -A^{-1} \left(b + \frac{1}{\gamma} c \right)$ vérifiant $\gamma > \beta_m$.

Remarque – La preuve précédente a été réalisée en considérant la trajectoire du système (2.4) issue d’une condition initiale quelconque $x_0 \in \mathbb{R}_{+*}^n$. Notons ici que nous aurions eu une preuve plus directe, mais un résultat plus faible, en considérant toutes les trajectoires issues de conditions initiales appartenant à un compact quelconque de l’ouvert $\mathbb{R}_{+*}^n$ contenant x^* . Nous aurions alors utilisé le fait que, sur ce compact, les systèmes (2.4) et (2.6) produisent les mêmes comportements dynamiques (à l’échelle de temps près) cf. [104, 53, 21]. Cette remarque sera aussi valable pour la preuve du théorème (2.4) qui suit le même raisonnement.

2.2.3 Cas des Systèmes Positifs “Quasi-Coopératifs”

En conservant la même approche que dans les deux théorèmes précédents, nous étendons les résultats du théorème 2.2 à la classe plus générale des systèmes positifs “quasi-coopératifs” (1.20).

Théorème 2.4

Considérons un système positif quasi-coopératif de type (1.20). Sous les hypothèses (H2) (page 47) et (H3) (page 53), la loi de commande basée sur le retour de sortie statique:

$$\forall \gamma > \beta_m, \quad u(\cdot) = \gamma y = \gamma \psi(x) \quad (2.7)$$

stabilise globalement asymptotiquement sur $\mathbb{R}_{+}^n$ le système (1.20) vers le point d’équilibre (unique) $x^* \gg 0$, unique solution de :*

$$f(x^*) = -\frac{1}{\gamma} c$$

Nous commençons par prouver le Lemme suivant:

Lemme 2.5

Sous les hypothèses (H2) et (H3), pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$, la trajectoire du système (1.20) issue de x_0 et soumise à la loi de commande (2.7) évolue dans un compact de $\mathbb{R}_{+}^n$.*

Preuve :

La loi de commande (2.7) appliquée au système (1.20) conduit au système en boucle fermée suivant:

$$\begin{cases} \dot{x} = \psi(x) \left(\gamma f(x) + c \right) \\ x_0 \gg 0 \end{cases} \quad (2.8)$$

Montrons que le système (2.8) est seuil-positif (cf. définition 1.17). Soit un réel $\epsilon > 0$ suffisamment petit. Considérons la dynamique de la variable x_i en $x_i = \epsilon$, l’état complet vérifiant:

$$x = x_{|x_i=\epsilon} \gg 0$$

On a selon le système (2.8):

$$\dot{x}_i(x_{|x_i=\epsilon}) = \underbrace{\psi(x_{|x_i=\epsilon})}_{>0} \left(\gamma f_i(x_{|x_i=\epsilon}) + c_i \right)$$

$\psi(x_{|x_i=\epsilon})$ étant strictement positif (H2,v), on cherche à déterminer le signe du terme entre parenthèses.

On a clairement:

$$f_i(x_{|x_i=\epsilon}) = f_i(0) + \left(\int_0^1 Df_{i,i}(sx_{|x_i=\epsilon})ds \right) \epsilon + \sum_{j \neq i} \left(\int_0^1 Df_{i,j}(sx_{|x_i=\epsilon})ds \right) x_j$$

Par l'hypothèse (H2,i), il est clair que dans l'expression précédente le terme somme est positif, donc:

$$f_i(x_{|x_i=\epsilon}) \geq f_i(0) + \left(\int_0^1 Df_{i,i}(sx_{|x_i=\epsilon})ds \right) \epsilon$$

D'où:

$$\dot{x}_i(x_{|x_i=\epsilon}) \geq \psi(x_{|x_i=\epsilon}) \left(\gamma f_i(0) + c_i + \gamma \epsilon \left(\int_0^1 Df_{i,i}(sx_{|x_i=\epsilon})ds \right) \right)$$

Par l'hypothèse (H2,iii), on a pour tout i : $\forall \gamma > \beta_m$, $\gamma f_i(0) + c_i > 0$. Il est donc clair qu'il existe une constante $\epsilon_{m,i} > 0$ telle que:

$$\forall \epsilon \in]0, \epsilon_{m,i}], \dot{x}_i(x_{|x_i=\epsilon}) \geq 0$$

Le raisonnement est valable pour tout i , donc tout vecteur s tel que:

$$0 \ll s \leq \epsilon_m = (\epsilon_{m,1}, \dots, \epsilon_{m,n})^T$$

est un vecteur seuil du système (2.8). Le système (2.8) est donc seuil-positif avec pour seuil tout vecteur s vérifiant la condition précédente. Ceci nous permet de conclure comme dans la preuve du théorème 2.2, que les trajectoires du système (2.8) vérifient:

$$\forall x_0 \gg 0, \exists v \gg 0, \forall t \geq 0, x(t, x_0) \geq v \gg 0$$

Montrons maintenant que les trajectoires du système (2.8) issues de conditions initiales fortement positives sont bornées. Nous cherchons à montrer que les ensembles $\{x, x \leq k\bar{x}\}$, avec $k \geq 1$ et $\bar{x}$ défini dans (H2,iv), sont invariants par le système (2.8). Nous considérons donc les dynamiques des x_i sur une frontière de cet ensemble, *i.e.* en $x_i = k\bar{x}_i$, l'état complet fortement positif vérifiant:

$$x = x_{|x_i=k\bar{x}_i} \leq k\bar{x}$$

On a d'après (2.8):

$$\dot{x}_i(x_{|x_i=k\bar{x}_i}) = \psi(x_{|x_i=k\bar{x}_i}) \left(\gamma f_i(x_{|x_i=k\bar{x}_i}) + c_i \right)$$

Considérons le terme $f_i(x_{|x_i=k\bar{x}_i})$; rappelons que $Df(\cdot)$ est Metzler en tout point (H2,i), on a alors:

$$\begin{aligned} f_i(x_{|x_i=k\bar{x}_i}) - f_i(k\bar{x}) &= \left(\int_0^1 Df_i(sx_{|x_i=k\bar{x}_i} + (1-s)k\bar{x})ds \right) \cdot (x_{|x_i=k\bar{x}_i} - k\bar{x}) \\ &= \sum_{j \neq i} \left[\left(\int_0^1 Df_{i,j}(sx_{|x_i=k\bar{x}_i} + (1-s)k\bar{x})ds \right) (x_{j|x_i=k\bar{x}_i} - k\bar{x}_j) \right] \\ &\leq \sum_{j \neq i} \left[\left(\int_0^1 Df_{i,j}(sx_{|x_i=k\bar{x}_i} + (1-s)k\bar{x})ds \right) (k\bar{x}_j - k\bar{x}_j) \right] \\ &\leq 0 \end{aligned}$$

D'où: $f_i(x_{|x_i=k\bar{x}_i}) \leq f_i(k\bar{x})$.

Considérons maintenant le terme $f_i(k\bar{x})$. Comme dans la preuve du théorème 1.14, nous introduisons la fonction ($\mathcal{C}^1$) suivante (i quelconque):

$$\begin{aligned} g_i : \mathbb{R} &\rightarrow \mathbb{R} \\ k &\mapsto f_i(k\bar{x}) + c_i \end{aligned}$$

Par (H2,iii) et (H2,iv), on a clairement $g_i(0) > 0$ et $g_i(1) < 0$. Le théorème des accroissements finis montre qu'il existe un point $k_0 \in]0, 1[$ tel que:

$$\frac{dg_i}{dk}(k_0) = g_i(1) - g_i(0) < 0$$

D'autre part, par (H2,ii), on sait que la fonction $f(\cdot)$ est telle que:

$$0 \leq x \leq y \implies Df(x) \geq Df(y)$$

D'où:

$$0 < k_0 \leq k \implies 0 > \frac{dg_i}{dk}(k_0) \geq \frac{dg_i}{dk}(k)$$

Donc g_i est strictement décroissante pour k supérieur à k_0 et on a:

$$\forall k \geq 1, g_i(k) \leq g_i(1)$$

C'est à dire:

$$\forall k \geq 1, f_i(k\bar{x}) + c_i \leq f_i(\bar{x}) + c_i$$

Donc, par les résultats obtenus ci-dessus, on a montré que: $f_i(x_{|x_i=k\bar{x}_i}) + c_i \leq f_i(\bar{x}) + c_i$. Comme par (H2,iv) $f_i(\bar{x}) + c_i < 0$, nous pouvons conclure pour tout i :

$$\forall k \geq 1, \dot{x}_i(x_{|x_i=k\bar{x}_i}) < 0$$

Les ensembles $\{x, x \leq k\bar{x}\}$, avec $k \geq 1$ sont donc invariants par le système (2.8).

Pour conclure, pour toute condition initiale $x_0 \in \mathbb{R}_{+*}^n$, il existe toujours un réel $k \geq 1$ et un vecteur $v \gg 0$ tels que la trajectoire du système contrôlé (2.8), issue de x_0 vérifie pour tout temps $t \geq 0$:

$$0 \ll v \leq x(t, x_0) \leq k\bar{x}$$

Ce qui achève la preuve du lemme 2.5. $\square$

Revenons maintenant à la preuve du théorème 2.4.

Preuve :

D'après le lemme 2.5, la trajectoire (issue d'un $x_0 \gg 0$) du système contrôlé évolue dans un compact inclus dans l'ouvert $\mathbb{R}_{+*}^n$. La fonction $\psi(\cdot)$ étant $\mathcal{C}^1$, l'image de ce compact est aussi un compact, et par (H2,v) on a:

$$\forall x_0 \gg 0, \exists m, M \text{ tels que: } \forall t \geq 0, 0 < m \leq \psi(x(t, x_0)) \leq M$$

Ce qui montre que la commande suivant la loi (2.7) vérifie bien l'hypothèse (H2,vi).

D'autre part, puisque pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$, il existe une constante strictement positive minorant pour tout temps la fonction $\psi(x(t, x_0))$, nous pouvons effectuer le changement d'échelle de temps:

$$t' = \int_0^t \gamma \psi(x(\tau, x_0)) d\tau$$

La trajectoire du système (2.8) issue de $x_0 \gg 0$ a alors le même comportement (à l'échelle de temps près) que la trajectoire issue de x_0 du système suivant:

$$\frac{dx}{dt'} = f(x) + \frac{1}{\gamma} c \quad (2.9)$$

Il faut maintenant remarquer que le système (2.9) est un système coopératif, par (H2,i), et fortement positif, par (H2,iii). Notons qu'il vérifie donc les hypothèses du théorème 1.15 page 30. Ce théorème assure que le système (2.9) admet un unique équilibre $x^* \gg 0$, globalement asymptotiquement stable sur $\mathbb{R}_{+*}^n$, tel que:

$$f(x^*) + \frac{1}{\gamma} c = 0$$

La trajectoire du système (2.9) issue de $x_0 \gg 0$ converge donc asymptotiquement vers x^* .

Donc pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$, la trajectoire du système contrôlé (2.8) issue de x_0 converge asymptotiquement vers l'unique équilibre $x^* \gg 0$. x^* est donc globalement attractif sur $\mathbb{R}_{+*}^n$ pour le système (2.8).

La stabilité locale de x^* est assurée: en effet le linéarisé du système (2.8) en x^* est: $\psi(x^*) Df(x^*)$; or $\psi(x^*)$ est strictement positif et la matrice $Df(x^*)$ est stable par le théorème 1.14.

x^* est donc un équilibre GAS sur $\mathbb{R}_{+*}^n$ du système (2.8), ce qui achève la preuve du théorème 2.4. $\square$

Remarque – Le choix du gain $\gamma > \beta_m$ permet de régler la valeur de l'équilibre x^* solution de $f(x^*) = -\frac{1}{\gamma} c$.

2.2.4 Robustesse de la Commande

Nous allons ici nous concentrer sur l'étude des propriétés de robustesse de la loi de commande statique face à une sortie dégradée par une perturbation. Nous ne nous intéresserons qu'au cas le plus général des systèmes dynamiques positifs "quasi-coopératifs". Nous considérons une perturbation relative (bornée) $\delta(t)$ sur la mesure de $\psi(x)$:

$$y = (1 + \delta(t)) \psi(x) \quad (2.10)$$

avec: $\forall t \geq 0, |\delta(t)| \leq \delta_M$

Remarque – L'étude que nous allons mener englobe aussi le cas d'une perturbation additive bornée $\eta(t)$ sur la mesure de $\psi(x)$. En effet, on a:

$$\psi(x) + \eta(t) = \psi(x) \left(1 + \frac{\eta(t)}{\psi(x)} \right)$$

Or $\psi(x)$ est minorée (pour un compact de conditions initiales inclus dans $\mathbb{R}_{+*}^n$) par une constante strictement positive, donc si $\eta(t)$ est bornée, alors la perturbation relative $(\eta(t)/\psi(x))$ est aussi bornée.

Revenons au cas d'une perturbation relative $\delta(t)$ bornée. Nous considérons les systèmes de type (1.20) sous les hypothèses (H2) (*cf.* page 47). Nous supposons que la perturbation reste petite devant 1. Nous avons donc notamment:

$$1 + \delta(t) \geq 1 - \delta_M > 0 \quad (2.11)$$

Nous cherchons ici à déterminer l'effet d'une loi de commande de type (2.7) (*i.e.* $u = \gamma y$) si la sortie perturbée est du type (2.10). Rappelons que sans perturbation cette loi de commande assure que le système contrôlé admet un unique équilibre GAS x^* tel que:

$$f(x^*) = \frac{-1}{\gamma} c \quad (2.12)$$

Théorème 2.6

Considérons un système positif quasi-coopératif de type (1.20). Sous les hypothèses (H2) (page 47) et avec la sortie bruitée (2.10) vérifiant (2.11), alors la loi de commande basée sur le retour de sortie statique:

$$u(\cdot) = \gamma y = \gamma(1 + \delta(t))\psi(x) \quad (2.13)$$

avec :

$$\gamma > \frac{\beta_m}{1 - \delta_M} \quad (2.14)$$

impose que l'état x pénètre asymptotiquement dans une boule de centre x^ solution de (2.12) et de rayon proportionnel à l'amplitude du bruit δ_M .*

Preuve :

En tenant compte explicitement du fait que la sortie est perturbée, on obtient le système en boucle fermée suivant:

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{x} = (1 + \delta(t))\psi(x) \left(\gamma f(x) + \frac{1}{1 + \delta(t)} c \right) \end{array} \right. \quad (2.15)$$

Nous cherchons maintenant à effectuer le (presque classique) changement de temps:

$$t' = \int_0^t (1 + \delta(\tau)) \psi(x(\tau, x_0)) d\tau$$

Rappelons que $(1 + \delta)$ est borné et minoré par une constante strictement positive. La rigueur imposerait de montrer que l'état issu d'une condition initiale $x_0 \gg 0$ reste en temps positif dans un compact de $\mathbb{R}_{+*}^n$. Ceci impliquerait que, pour la condition initiale considérée, le terme intégré dans le changement de temps est borné et minoré par une constante strictement positive. Nous avons à de multiples reprises effectué ce type de preuve au cours de ce chapitre, nous nous contentons ici de remarquer (sans donner de preuve) que la condition (2.14) est suffisante pour pouvoir effectuer le changement de temps.

Effectuons maintenant le changement de temps, la trajectoire du système (2.15) issue de la condition initiale $x_0 \gg 0$ a alors le même comportement (à l'échelle de temps près) que la trajectoire issue de x_0 du système suivant:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dx}{dt'} = \gamma f(x) + \frac{1}{1 + \delta(t)} c \end{array} \right. \quad (2.16)$$

Notons que, d'après l'hypothèse (H2,i), ce système est coopératif. D'autre part, on a facilement l'encadrement suivant:

$$1 - \delta_M \leq \frac{1}{1 + \delta} \leq 1 + \frac{\delta_M}{1 - \delta_M}$$

Il est donc possible d'encadrer, pour tout temps et pour tout $x \gg 0$, le système (2.16) comme suit:

$$\gamma f(x) + c + \min \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) \leq \frac{dx}{dt'} \leq \gamma f(x) + c + \max \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) \quad (2.17)$$

Le vecteur $\min \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right)$ (*resp.* $\max$) étant défini par:

$$\min \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) = \left(\min \left(-\delta_M c_1, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c_1 \right), \dots, \min \left(-\delta_M c_n, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c_n \right) \right)^T$$

Remarquons que:

$$\min \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) \leq 0 \quad \text{Et} \quad \max \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) \geq 0$$

Notons Σ_m et Σ_M les systèmes inférieurs et supérieurs dans (2.17). Remarquons que les hypothèses du théorème 1.12 page 25 sur les encadrements d'un système coopératif sont vérifiées. Nous pouvons donc appliquer ce résultat, qui assure que $\forall x_0 \gg 0, \forall t' \geq 0$, les trajectoires du système vérifient:

$$\phi_{\Sigma_m}(t', x_0) \leq x(t', x_0) \leq \phi_{\Sigma_M}(t', x_0)$$

Montrons que les systèmes Σ_m et Σ_M vérifient les hypothèses du théorème 1.15 page 30. La coopérativité ainsi que la "concavité" des systèmes est claire par (H2,i) et (H2,ii). Reste à montrer que la dérivée de l'état évaluée en $x = 0$ est fortement positive, et qu'il existe un point fortement positif tel que la dérivée de l'état en ce point soit fortement négative.

Considérons le système Σ_m en $x = 0$ (on cherche à montrer que $\dot{x}(x = 0) \gg 0$):

$$\Sigma_m \left\{ \dot{x}(x = 0) = \gamma f(0) + c + \min \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) \right.$$

En évaluant la i -ème ligne de $\dot{x}(x = 0)$, nous sommes confrontés à deux cas, suivant le signe de c_i :

– Supposons $c_i > 0$. On a:

$$\dot{x}_i(x = 0) = \gamma f_i(0) + (1 - \delta_M) c_i > 0$$

puisque $\delta_M < 1$ et $f_i(0) \geq 0$.

– Supposons $c_i \leq 0$. On a:

$$\begin{aligned} \dot{x}_i(x = 0) &= \gamma f_i(0) + \frac{1}{1 - \delta_M} c_i \\ &= \left(\frac{1}{1 - \delta_M} \right) (\gamma(1 - \delta_M) f_i(0) + c_i) \\ &> 0 \end{aligned}$$

Par (H2,iii) puisque $\gamma(1 - \delta_M) > \beta_m$.

Donc pour le système Σ_m , on a: $\dot{x}(x = 0) \gg 0$. D'après les encadrements dynamiques (2.17), il est clair que $\dot{x}(x = 0) \gg 0$ est aussi vrai pour le système Σ_M .

Reste à montrer que pour les systèmes Σ_m et Σ_M , il existe un point fortement positif tel que la dérivée de l'état soit fortement négative.

Considérons le système Σ_M en $x = \bar{x}$ (cf. (H2,iv)):

$$\Sigma_M \quad \left\{ \begin{array}{l} \dot{x}(x = \bar{x}) = \gamma f(\bar{x}) + c + \max \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) \end{array} \right.$$

Évaluons la i -ème ligne de $\dot{x}(x = \bar{x})$. Nous avons à nouveau deux cas, suivant le signe de c_i :

– Supposons $c_i \geq 0$. On a:

$$\begin{aligned} \dot{x}_i(x = \bar{x}) &= \gamma f_i(\bar{x}) + \frac{1}{1 - \delta_M} c_i \\ &= \left(\frac{1}{1 - \delta_M} \right) (\gamma(1 - \delta_M) f_i(\bar{x}) + c_i) \\ &< 0 \end{aligned}$$

Par (H2,iv) puisque $\gamma(1 - \delta_M) > \beta_m$.

– Supposons $c_i < 0$. On a:

$$\begin{aligned} \dot{x}_i(x = \bar{x}) &= \gamma f_i(\bar{x}) + (1 - \delta_M) c_i \\ &< \gamma f_i(\bar{x}) + c_i \\ &< 0 \end{aligned}$$

Par (H2,iv) puisque $\gamma > \frac{1}{1 - \delta_M} \beta_m > \beta_m$.

Donc pour le système Σ_M , on a $\dot{x}(x = \bar{x}) \ll 0$. D'après les encadrements dynamiques (2.17), il est clair que $\dot{x}(x = \bar{x}) \ll 0$ est aussi vrai pour le système Σ_m .

Les systèmes Σ_M et Σ_m vérifient donc tous deux les hypothèses du théorème 1.15. Ce résultat assure que chacun de ces systèmes admet un unique équilibre fortement positif GAS sur l'orthant positif $\mathbb{R}_+^n$. Notons x_m^* et x_M^* les équilibres GAS de Σ_m et Σ_M , respectivement. On a:

$$f(x_m^*) = \frac{-1}{\gamma} \left(c + \min \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) \right) \quad \text{et} \quad f(x_M^*) = \frac{-1}{\gamma} \left(c + \max \left(-\delta_M c, \frac{\delta_M}{1 - \delta_M} c \right) \right)$$

C'est à dire, x^* étant l'équilibre désiré si la sortie n'était pas perturbée:

$$f(x_m^*) = f(x^*) - \frac{\delta_M}{\gamma} \min \left(-c, \frac{1}{1 - \delta_M} c \right) \quad \text{et} \quad f(x_M^*) = f(x^*) - \frac{\delta_M}{\gamma} \max \left(-c, \frac{1}{1 - \delta_M} c \right)$$

Avec $x_m^* \leq x^* \leq x_M^*$. Le théorème 1.12 assure que la trajectoire du système (2.15) issue de la condition initiale considérée pénètre asymptotiquement dans l'ensemble $\{x, x_m^* \leq x \leq x_M^*\}$. Nous cherchons maintenant à évaluer la taille de cet ensemble.

Calculons la différence entre x^* et x_m^* (resp. x_M^*). On a par le théorème fondamental du calcul:

$$f(x^*) - f(x_m^*) = \left[\int_0^1 Df(sx^* + (1-s)x_m^*) ds \right] (x^* - x_m^*)$$

D'autre part, on a: $\forall s \in [0,1], sx^* + (1-s)x_m^* \geq x_m^*$. D'où, par (H2,ii):

$$M_m = \left[\int_0^1 Df(sx^* + (1-s)x_m^*) ds \right] \leq Df(x_m^*)$$

Par (H2,ii), ces deux matrices sont Metzler et puisque x_m^* est GAS, $Df(x_m^*)$ est stable. Par le théorème 1.4 page 21, la matrice M_m est Metzler stable, donc inversible et par le théorème 1.3 page 20, on a : $-M_m^{-1} > 0$, donc :

$$\begin{aligned} x^* - x_m^* &= -M_m^{-1}(f(x_m^*) - f(x^*)) \\ &= M_m^{-1} \left(\frac{\delta_M}{\gamma} \min \left(-c, \frac{1}{1-\delta_M} c \right) \right) \\ &= \delta_M \left[M_m^{-1} \left(\frac{1}{\gamma} \min \left(-c, \frac{1}{1-\delta_M} c \right) \right) \right] \end{aligned}$$

Notons : $M_M = \left[\int_0^1 Df(sx_M^* + (1-s)x^*)ds \right]$. En effectuant le même raisonnement que précédemment on obtient :

$$x_M^* - x^* = \delta_M \left[-M_M^{-1} \left(\frac{1}{\gamma} \max \left(-c, \frac{1}{1-\delta_M} c \right) \right) \right]$$

Il est possible d'effectuer le même raisonnement pour toutes les conditions initiales dans $\mathbb{R}_{+*}^n$.

Nous pouvons donc conclure que toutes les trajectoires du système perturbé pénètrent asymptotiquement dans l'ensemble $\{x, x_m^* \leq x \leq x_M^*\}$, inclus dans une boule de centre l'équilibre x^* et de rayon R_{δ_M} tel que :

$$R_{\delta_M} = \delta_M \max \left(\left\| M_m^{-1} \left(\frac{1}{\gamma} \min \left(-c, \frac{1}{1-\delta_M} c \right) \right) \right\|_2, \left\| -M_M^{-1} \left(\frac{1}{\gamma} \max \left(-c, \frac{1}{1-\delta_M} c \right) \right) \right\|_2 \right)$$

En d'autres termes, les trajectoires du système perturbé (2.15) pénètrent asymptotiquement dans une boule de centre l'équilibre désiré x^* (*i.e.* sans perturbation), dont le rayon est proportionnel à l'amplitude maximale de la perturbation. $\square$

Comme noté par Khalil dans [63], le résultat garantissant la convergence dans une boule de centre l'équilibre désiré et de rayon proportionnel à l'amplitude du bruit doit être vu comme une propriété de robustesse. En effet, une petite perturbation sur la mesure utilisée pour le contrôle aura au pire pour résultat une petite variation (pour t grand) de l'état autour de l'équilibre que l'on cherche à atteindre.

Remarquons que la loi de commande proposée permet, en dépit de la perturbation sur la sortie, la "stabilisation robuste" (au sens de [34] définition 3.2) du système autour de x^* .

Notons enfin que cette propriété est aussi décrite par la notion de "Stabilité Entrée – État" introduite par Sontag ("Input to State Stability" ISS [129]), en considérant la perturbation δ sur la sortie comme "l'entrée" du système. En reprenant son argumentation et ses définitions, on pourrait parler ici de "Stabilité Perturbation de Sortie – État" : il s'agit d'une *robustesse qualitative*, il n'y a pas de différence qualitative de comportement dynamique (pas de bifurcation) entre le système contrôlé avec une sortie parfaite et une sortie dégradée, la différence quantitative entre les deux comportements restant proportionnelle à l'amplitude de la perturbation.

2.3 Loi de Commande Adaptative

Nous avons développé au cours de la section précédente une stratégie de commande permettant de garantir structurellement que les systèmes quasi-linéaires (1.17) et quasi-coopératifs (1.20) n'admettent qu'un unique équilibre globalement asymptotiquement stable (GAS). La loi de commande statique proposée, tirant partie de la mesure de la partie incertaine $\psi(x)$, modifie la structure interne du système considéré, empêchant ainsi de possibles comportements dynamiques complexes (*cf.* exemples (1.18) et (1.19)).

La valeur de l'équilibre globalement stable résultant de ce contrôle est déterminée par deux types de facteurs:

- les premiers, indépendants du choix de l'opérateur, concernent la structure du système à contrôler, *i.e.* la matrice A et les vecteurs b et c dans le cas de systèmes quasi-linéaires, la fonction $f(\cdot)$ et le vecteur c pour les systèmes quasi-coopératifs.
- le second facteur est la valeur du gain de retour de sortie $\gamma > \beta_m$ qui est lui choisi par l'opérateur.

Ainsi, si l'on connaît parfaitement la structure du système, il est théoriquement possible de choisir le gain γ pour assigner l'équilibre GAS x^* à une valeur choisie. Cependant, une incertitude sur la valeur des paramètres structurels du système induit alors une erreur sur le gain γ requis pour rejoindre une consigne donnée. Ceci entraîne donc une erreur asymptotique (statique) entre la consigne choisie et l'équilibre véritable du système contrôlé.

Nous cherchons ici à contourner ce problème par l'intermédiaire d'une loi de commande adaptative: la commande recalcule elle-même en ligne, à partir d'une mesure, la valeur du gain γ nécessaire pour que l'état rejoigne asymptotiquement la consigne choisie. Ainsi, sur la base des mesures décrites dans les hypothèses (H4), nous améliorons la stratégie de commande proposée dans la section précédente en ramenant asymptotiquement une des variables d'état x_k à une consigne explicitement donnée x_k^* de façon indépendante des paramètres du système.

L'adaptation en ligne proposée s'inspire de la méthode utilisée par Antonelli *et al.* dans [7]. Notons que de nombreuses autres méthodes d'adaptation en ligne du gain d'un feedback existent *e.g.* [2, 69, 67]. Nous nous concentrerons cependant ici sur cette seule méthode. Il convient de noter que les résultats obtenus semblent rester vrais tant que la méthode d'adaptation choisie permet d'imposer une borne inférieure choisie au gain calculé en ligne.

Notons cependant que toutes les valeurs x_k^* ne sont pas forcément atteignables, ce qui sera clairement explicité dans nos résultats. D'autre part, les preuves sont dans ce cas plus complexes que dans la section précédente et seul un résultat pour une sous classe des systèmes quasi-linéaires a pu jusqu'ici être développé. Nous commençons par expliquer notre approche sur l'exemple illustratif du modèle de pêche (1.13).

2.3.1 Un Cas Simple: le Modèle de Pêche

Nous basons ici notre raisonnement sur les mêmes hypothèses que dans la section 2.2.1. Nous supposons aussi qu'en plus de la mesure de la vitesse de croissance du stock de poissons, nous sommes à même

de mesurer le stock de poissons x . Notons que sous ces hypothèses, le système (1.13) est quasi-linéaire et vérifie les hypothèses (H1) et (H4). Nous cherchons à ramener le stock de poissons vers une valeur choisie: $x^* > 0$. Nous proposons la méthode suivante:

Théorème 2.7

La loi de commande basée sur le retour de sortie dynamique :

$$\begin{cases} u(.) &= \gamma y_1 = \gamma \varphi(x) \\ \dot{\gamma} &= K y_1 (y_2 - x^*) (\gamma - \gamma_m) (\gamma_M - \gamma) \\ &= K \varphi(x) (x - x^*) (\gamma - \gamma_m) (\gamma_M - \gamma) \end{cases} \quad (2.18)$$

Avec $K > 0$, $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$ et:

$$0 < \gamma_m < \frac{1}{x^*} < \gamma_M \quad (2.19)$$

Stabilise globalement (sur $\mathbb{R}_{+}$) asymptotiquement le système (1.13) vers l'équilibre $x^* > 0$.*

Remarque – La loi de commande (2.18) est construite pour une condition initiale $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$. Il est important de constater que cette loi ne nécessite que la valeur x^* et les termes γ_0 , γ_m et γ_M . La valeur de γ nécessaire pour rallier x^* est automatiquement calculée par la partie auto-réglable de la loi (2.18). Cette partie est purement illustrative puisque la “bonne” valeur du gain γ (i.e. $1/x^*$) est déjà connue indépendamment des paramètres du modèle.

Preuve :

La loi de commande (2.18) appliquée au système (1.13) conduit au système en boucle fermée suivant:

$$\begin{cases} \dot{x} = \varphi(x)(1 - \gamma x) \\ \dot{\gamma} = K \varphi(x)(x - x^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \end{cases} \quad (2.20)$$

Nous considérons une condition initiale $(x_0, \gamma_0)^T$ telle que: $x_0 > 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$. Comme $\dot{x}(x=0) = 0$ et $\dot{\gamma}(\gamma = \gamma_m) = \dot{\gamma}(\gamma = \gamma_M) = 0$ il est clair que pour tout temps $t \geq 0$, la trajectoire issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ vérifie:

$$x(t, x_0, \gamma_0) \geq 0 \quad \text{et} \quad \gamma(t, x_0, \gamma_0) \in [\gamma_m, \gamma_M]$$

Notons que cela implique que pour tout temps $t \geq 0$, $\varphi(x(t, x_0, \gamma_0)) \geq 0$.

Nous obtenons donc à partir du système (2.20) les encadrements dynamiques suivants:

$$\varphi(x)(1 - \gamma_m x) \geq \dot{x} \geq \varphi(x)(1 - \gamma_M x)$$

En intégrant ces inégalités (cf. preuve du théorème 2.1), on obtient:

$$\max\left(\frac{1}{\gamma_m}, x_0\right) \geq x(t, x_0) \geq \min\left(\frac{1}{\gamma_M}, x_0\right) > 0$$

Ce qui suffit à montrer que pour tout temps positif, $x(t, x_0)$ évolue dans un compact de $\mathbb{R}_+^+$. Donc $\varphi(x)$ est minorée par une constante strictement positive, ce qui permet d'effectuer le changement de temps $t' = \int_0^t \varphi(x(\tau, x_0)) d\tau$. La trajectoire du système (2.20) a donc le même comportement (à l'échelle de temps près) que la trajectoire issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ du système suivant:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt'} = 1 - \gamma x = \gamma^* x^* - \gamma x \\ \frac{d\gamma}{dt'} = K(x - x^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \end{cases} \quad (2.21)$$

Remarquons que nous avons introduit la notation $\gamma^* = 1/x^*$. Revenons au système (2.21). Nous considérons ce système sur l'ensemble des conditions initiales $\mathcal{E} = \{x > 0, \gamma \in]\gamma_m, \gamma_M[\}$. Introduisons la fonction de Lasalle suivante, utilisée par Harrison [45] dans le contexte de la stabilité de type Lyapounov pour les systèmes proies-prédateurs:

$$W(x, \gamma) = \int_{x^*}^x \frac{w - x^*}{w} dw + \int_{\gamma^*}^{\gamma} \frac{w - \gamma^*}{K(w - \gamma_m)(\gamma_M - w)} dw$$

Il est assez clair que la fonction $W(x, \gamma)$ est définie, positive sur l'ensemble $\mathcal{E}$ et s'annule uniquement pour $x = x^*$ et $\gamma = \gamma^*$. De plus, on a:

$$\frac{d}{dt'} W(x, \gamma) = W'(x, \gamma) = -\frac{\gamma^*}{x} (x^* - x)^2$$

Donc W' est définie et négative sur l'ensemble $\mathcal{E}$ et s'annule uniquement pour $x = x^*$.

Nous utilisons maintenant le théorème de Lasalle dont on trouvera une preuve *e.g.* dans [63]:

Théorème 2.8 (Lasalle)

Considérons un système dynamique de $\mathbb{R}^n$. Considérons l'ensemble Ω compact de $\mathbb{R}^n$, invariant par le système (pour $t \geq 0$). Soit $V : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction $\mathcal{C}^1$ telle que $\dot{V}(x) \leq 0$ sur Ω . Soit E l'ensemble des points tels que $\dot{V}(x) = 0$. Soit M le plus grand ensemble invariant de E . Alors, toutes les trajectoires initialisées dans Ω convergent vers M .

Remarque – Ici la fonction W est considérée sur l'ensemble $\mathcal{E}$ qui est un ouvert. Cependant toutes conditions initiales $(x_0, \gamma_0) \in \mathcal{E}$, définissent un ensemble $\Omega_0 = \{(x, \gamma), 0 \leq W(x, \gamma) \leq W(x_0, \gamma_0)\}$. L'ensemble Ω_0 est compact puisqu'il est l'image réciproque du compact $[0, W(x_0, \gamma_0)]$, par la fonction continue $W(x, \gamma)$. De plus Ω_0 est invariant par le système (2.21) puisque $W' \leq 0$ sur $\mathcal{E}$.

Pour toute condition initiale dans $\mathcal{E}$, l'ensemble tel que $W'(x, \gamma) = 0$ est inclus dans l'ensemble $M = \{x = x^*, \gamma \in]\gamma_m, \gamma_M[\}$. Considérons une trajectoire initialisée dans M en $x = x^*$ et $\gamma \neq \gamma^*$; en considérant le système (2.21), il est clair que cette trajectoire s'échappe de l'ensemble M . Le plus grand ensemble invariant de M est donc le point d'équilibre (x^*, γ^*) . Par le théorème 2.8, on conclut que (x^*, γ^*) est globalement attractif sur $\mathcal{E}$. La trajectoire du système (2.21) issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ converge donc asymptotiquement vers l'équilibre $(x^*, \gamma^*)^T$.

La trajectoire du système (2.20) issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ converge donc aussi vers l'équilibre $(x^*, \gamma^*)^T$. Ce raisonnement est valable pour toutes les conditions initiales considérées. Le point $(x^*, \gamma^*)^T$ est donc un équilibre globalement attractif du système contrôlé (2.20).

La stabilité locale de $(x^*, \gamma^*)^T$ est claire, puisque $\varphi(x^*) > 0$ et que la matrice jacobienne du système (2.20) au point (x^*, γ^*) s'écrit:

$$\mathcal{J}^* = \varphi(x^*) \begin{pmatrix} -\gamma^* & -x^* \\ K(\gamma^* - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma^*) & 0 \end{pmatrix}$$

La loi de commande (2.18) stabilise donc globalement asymptotiquement le système (1.13) vers l'équilibre x^* . $\square$

Remarque — Comme dans la section 2.2.1 nous pouvons noter que si un paramètre extérieur modifie la vitesse de croissance tout en conservant la propriété: $x > 0 \Rightarrow f(x, \dots) > 0$, alors la loi de commande régissant l'effort de pêche proposée dans le théorème 2.7 stabilisera globalement exponentiellement le système vers x^* . La preuve est similaire à celle du théorème 2.7. Nous reviendrons sur ce point avec des simulations dans la section 2.4.

2.3.2 Cas des Systèmes Positifs “Quasi-Linéaires”

Nous proposons dans cette section de généraliser le théorème obtenu précédemment pour le modèle de pêche. Nous considérons ici le cas des systèmes positifs mal connus quasi-linéaires sous les hypothèses (H1) et (H4); la preuve requise ici est cependant plus complexe que dans le cas d'une commande statique. Nous nous restreignons donc à une sous classe de systèmes positifs quasi-linéaires: nous cherchons à stabiliser l'état vers un unique équilibre GAS tel que la variable d'état x_k rejoigne la consigne x_k^* . Le résultat que nous proposons ici requiert que l'influence des autres variables d'état $x_{j \neq k}$ sur x_k soit réduite à $c_k \psi(x)$; en d'autres termes:

La k -ième ligne de la matrice A n'admet qu'un seul coefficient non-nul: $a_{k,k}$.

Nous commençons par établir le résultat, nous donnons ensuite une *remarque importante* sur les indices des variables d'état pouvant être contrôlées. La preuve du théorème suivra.

Théorème 2.9

Considérons un système positif quasi-linéaire mal connu (1.17) que nous cherchons à stabiliser globalement vers un unique équilibre $x^ \gg 0$ de k -ième coordonnée x_k^* (avec $k > p$).*

Si les hypothèses (H1) et (H4) sont vérifiées, si la matrice A est comme spécifiée ci-dessus et:

$$\text{Si } \exists \alpha > \beta_m, x_k^* = \frac{-(b_k + \frac{1}{\alpha} c_k)}{a_{k,k}} \quad (2.22)$$

alors, la loi de commande basée sur le retour de sortie dynamique:

$$\begin{cases} u(.) &= \gamma y_1 = \gamma \psi(x) \\ \dot{\gamma} &= \text{signe}(c_k) K y_1 (y_2 - x_k^*) (\gamma - \gamma_m) (\gamma_M - \gamma) \\ &= \text{signe}(c_k) K \psi(x) (x_k - x_k^*) (\gamma - \gamma_m) (\gamma_M - \gamma) \end{cases} \quad (2.23)$$

avec $K > 0$, $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$ et:

$$0 \leq \beta_m < \gamma_m < \gamma^* = \frac{-c_k}{a_{k,k} x_k^* + b_k} < \gamma_M \quad (2.24)$$

stabilise globalement asymptotiquement sur $\mathbb{R}_{+}^n$ le système (1.17) vers le point d'équilibre (unique) $x^* \gg 0$ de k -ième coordonnée x_k^* .*

Remarque — Notons que pour pouvoir, dans une certaine mesure, choisir la valeur de x_k^* il convient que l'indice k considéré soit strictement supérieur à p (cf. définition de p section 2.1.1). En effet si $k \leq p$, alors $c_k = 0$ et la seule valeur x_k^* vérifiant la condition (2.22) est $x_k^* = -b_k/a_{k,k}$. Il n'est donc plus possible de choisir la valeur de x_k^* . C'est pourquoi nous nous concentrons ici sur le cas $k > p$ pour lequel il est possible de choisir la valeur de x_k^* entre $-b_k/a_{k,k}$ et $-(b_k + \frac{1}{\beta_m} c_k)/a_{k,k}$.

Nous commençons par démontrer le Lemme suivant, dont la preuve est assez semblable à celle du Lemme 2.3.

Lemme 2.10

Sous les hypothèses du Théorème 2.9, pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$, la trajectoire du système (1.17), issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ et soumise à la loi de commande (2.23) évolue dans un compact de $\mathbb{R}_{+}^{n+1}$.*

Preuve :

La loi de commande (2.23) appliquée au système (1.17) conduit au système (de $\mathbb{R}^{n+1}$) en boucle fermée suivant:

$$\begin{cases} \dot{x} = \psi(x)(\gamma(Ax + b) + c) \\ \dot{\gamma} = \text{signe}(c_k)K\psi(x)(x_k - x_k^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \end{cases} \quad (2.25)$$

Notons tout d'abord que γ_m et γ_M sont des équilibres de l'équation $\dot{\gamma}$. On a donc:

$$\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[\Rightarrow \forall t \geq 0, \gamma(t) \in [\gamma_m, \gamma_M]$$

Nous montrons tout d'abord que le sous système $\dot{x}$ de (2.25) est un système seuil-positif. Soit un réel $\epsilon > 0$ suffisamment petit. Considérons la dynamique de la variable x_i en $x_i = \epsilon$, l'état complet vérifiant:

$$x = x_{|x_i=\epsilon} \gg 0 \quad \text{et} \quad \gamma \in [\gamma_m, \gamma_M]$$

On obtient, selon (2.25):

$$\dot{x}_i(x_{|x_i=\epsilon}) = \underbrace{\psi(x_{|x_i=\epsilon})}_{>0} \left((\gamma b_i + c_i) + \gamma a_{i,i}\epsilon + \gamma \sum_{j \neq i} a_{i,j}x_j \right)$$

Puisque $\psi(x_{|x_i=\epsilon})$ est strictement positif (H1,iii), nous ne nous intéressons qu'au signe du terme entre parenthèses. Le seul terme de cette somme susceptible d'être négatif est $a_{i,i}\epsilon$. Les autres termes sont strictement positifs: en effet, par (H1,ii), $(\gamma b_i + c_i)$ est strictement positif puisque $\gamma \geq \gamma_m > \beta_m$; d'autre part, pour i différent de j les termes $a_{i,j}x_j$ sont positifs (H1,i). Il est donc clair qu'il existe une constante $\epsilon_{m,i} > 0$ telle que:

$$\forall \gamma \in [\gamma_m, \gamma_M], \gamma a_{i,i}\epsilon_{m,i} + (\gamma b_i + c_i) > 0$$

On a donc:

$$\forall \epsilon \in]0, \epsilon_{m,i}], \forall \gamma \in [\gamma_m, \gamma_M], \dot{x}_i(x_{|x_i=\epsilon}) > 0$$

Ce raisonnement étant valable pour tout $i \in [1..n]$, tout vecteur s vérifiant:

$$0 \ll s \leq \epsilon_m = (\epsilon_{m,1}, \dots, \epsilon_{m,n})^T$$

est un vecteur seuil pour le sous système $\dot{x}$ de (2.25). Le sous système $\dot{x}$ est donc seuil-positif avec pour seuil tout vecteur s vérifiant la condition mentionnée ci-dessus.

Considérons maintenant une condition initiale: $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$.

Si $x_0 \geq \epsilon_m$, alors, ϵ_m étant vecteur seuil du sous système $\dot{x}$ de (2.25), la trajectoire issue de $(x_0, \gamma_0)^T$

vérifie: $\forall t \geq 0, x(t, x_0, \gamma_0) \geq \epsilon_m \gg 0$.

Si $x_0 \not\geq \epsilon_m$, il existe un vecteur s tel que:

$$0 \ll s \leq \epsilon_m \quad \text{vérifiant: } s \leq x_0$$

Comme s est vecteur seuil du sous système $\dot{x}$ de (2.25), la trajectoire issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ vérifie entre autres: $\forall t \geq 0, x(t, x_0, \gamma_0) \geq s \gg 0$.

Donc, pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$, il existe toujours un vecteur $v \in \mathbb{R}_{+*}^n$ tel que:

$$\forall x_0 \gg 0, \forall \gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[, \exists v \gg 0, \forall t \geq 0, x(t, x_0, \gamma_0) \geq v$$

La trajectoire du sous système $\dot{x}$ de (2.25) issue de la condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$ est donc minorée par un vecteur fortement positif, $\gamma(t, x_0, \gamma_0)$ restant dans l'intervalle $[\gamma_m, \gamma_M] \subset \mathbb{R}_{+*}$.

Reste à montrer que la trajectoire du sous système $\dot{x}$ de (2.25) issue d'une condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$ est bornée.

Considérons la partie $\dot{x}$ du système (2.25). On a:

$$\dot{x} = \gamma(t)\psi(x)(Ax + b + \frac{1}{\gamma(t)}c)$$

avec $\forall t \geq 0, \gamma(t) \in [\gamma_m, \gamma_M]$. Considérons la dynamique d'un x_i ; on a:

$$\begin{aligned} \dot{x}_i &= \gamma(t)\psi(x) \left(\sum_j a_{i,j}x_j + b_i + \frac{1}{\gamma(t)}c_i \right) \\ &\leq \gamma(t)\psi(x) \left(\sum_j a_{i,j}x_j + b_i + \max\left(\frac{1}{\gamma_m}c_i, \frac{1}{\gamma_M}c_i\right) \right) \end{aligned} \quad (2.26)$$

D'après l'hypothèse (H1,ii), comme $\gamma_M > \gamma_m > \beta_m$, il est clair que:

$$\forall i, b_i + \max\left(\frac{1}{\gamma_m}c_i, \frac{1}{\gamma_M}c_i\right) > 0$$

On a donc:

$$V = \begin{pmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \max\left(\frac{1}{\gamma_m}c_1, \frac{1}{\gamma_M}c_1\right) \\ \vdots \\ \max\left(\frac{1}{\gamma_m}c_n, \frac{1}{\gamma_M}c_n\right) \end{pmatrix} \gg 0$$

D'autre part la matrice A est une matrice de Metzler stable; d'après les théorèmes 1.2 page 20 et 1.9 page 23, il existe donc un (unique) point $x^\diamond \gg 0$ tel que:

$$Ax^\diamond + V = 0$$

Nous cherchons à montrer que les ensembles $\{x, 0 \ll x \leq kx^\diamond\}$ pour un réel $k \geq 1$ sont invariants par le système (2.4). Dans ce but, considérons l'orientation du champ de vecteur sur les frontières de cet ensemble, *i.e.* nous considérons $\dot{x}_i$ sur une frontière supérieure (*i.e.* en $x_i = kx_i^\diamond$), l'état complet fortement positif vérifiant:

$$x = x_{|x_i=kx_i^\diamond} \leq kx^\diamond$$

D'après (2.26) on a:

$$\begin{aligned}
\dot{x}_i(x_{|x_i=kx_i^\diamond}) &\leq \gamma(t)\psi(x) \left(a_{i,i}kx_i^\diamond + \sum_{j \neq i} a_{i,j}x_j + b_i + \max(\frac{1}{\gamma_m}c_i, \frac{1}{\gamma_M}c_i) \right) \\
&\leq \gamma(t)\psi(x) \left(a_{i,i}kx_i^\diamond + \sum_{j \neq i} a_{i,j}x_j + V_i \right) \\
&\leq \gamma(t)\psi(x) \left(ka_{i,i}x_i^\diamond + k \sum_{j \neq i} a_{i,j}x_j^\diamond + V_i \right) \\
&\leq \gamma(t)\psi(x)(k-1) \left(\sum_j a_{i,j}x_j^\diamond \right) \\
&\leq -\gamma(t)\psi(x)(k-1)V_i \\
&\leq 0
\end{aligned}$$

Ceci étant valable pour tout i . Il est donc clair que: $\forall k \geq 1$, les ensembles $\{x, x \leq kx^\diamond\}$ sont invariants par le système (2.25).

Donc, pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$, il existe toujours un réel $k \geq 1$ et un vecteur $v \gg 0$ tels que la trajectoire du système (2.25) issue de cette condition initiale vérifie pour tout temps $t \geq 0$:

$$0 \ll v \leq x(t, x_0, \gamma_0) \leq kx^\diamond \text{ et } \gamma(t, x_0, \gamma_0) \in [\gamma_m, \gamma_M]$$

La trajectoire du système (2.25) issue d'une condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$ évolue donc dans un compact de $\mathbb{R}_{+*}^{n+1}$ ce qui achève la preuve du lemme 2.10. $\square$

Revenons maintenant à la preuve du théorème 2.9.

Preuve :

Par le lemme 2.10, on sait que pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$, la trajectoire $x(t, x_0, \gamma_0)$ issue du sous système $\dot{x}$ (2.25) évolue dans un compact de $\mathbb{R}_{+*}^n$. La fonction $\psi(\cdot)$ étant une fonction $\mathcal{C}^1$ de x , l'image de ce compact est aussi un compact, et par (H1,iii) on a clairement:

$$\forall x_0 \gg 0, \forall \gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[, \exists m, M, \forall t \geq 0, 0 < m \leq \psi(x(t, x_0, \gamma_0)) \leq M$$

Ce qui montre que pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$ la commande suivant la loi (2.23) le long de la trajectoire issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ vérifie bien l'hypothèse (H1,iv).

D'autre part, pour toute condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$, il existe une constante strictement positive minorant pour tout temps la fonction $\psi(x(t, x_0, \gamma_0))$. Nous pouvons alors effectuer le changement d'échelle de temps:

$$t' = \int_0^t \psi(x(\tau, x_0, \gamma_0)) d\tau$$

La trajectoire du système (2.23) issue de la condition initiale $(x_0, \gamma_0)^T$ a alors le même comportement (à l'échelle de temps près) que la trajectoire issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ du système suivant:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt'} = \gamma Ax + (\gamma b + c) \\ \frac{d\gamma}{dt'} = \text{signe}(c_k) K(x_k - x_k^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \\ x_0 \gg 0, \gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[\end{cases} \quad (2.27)$$

Notons que le système (2.27) est un système triangulaire autonome (au sens de [139], cf. théorème 2.11 page 80): les dynamiques des variables x_k et γ ne dépendent pas des autres variables d'état; en effet la k -ième ligne de la matrice A est nulle, sauf le terme diagonal $a_{k,k}$.

Nous montrons maintenant que la trajectoire issue de la condition initiale $(x_0, \gamma_0)^T$ du système (2.27) converge asymptotiquement vers l'équilibre (x^*, γ^*) , x^* étant de k -ième coordonnée x_k^* , ce qui permettra alors de conclure sur la trajectoire issue de $(x_0, \gamma_0)^T$ du système (2.23).

Considérons tout d'abord le sous-système autonome régissant les dynamiques de x_k et γ . Remarquons que $a_{k,k}$ est valeur propre de A , donc strictement négatif (H1,i); en notant avec un "prime" la dérivée par rapport à t' , on obtient:

$$\begin{cases} x'_k = \gamma(a_{k,k}x_k + b_k) + c_k \\ \gamma' = \text{signe}(c_k)K(x_k - x_k^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \\ x_{k,0} > 0, \gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[\end{cases} \quad (2.28)$$

Pour faciliter l'étude, considérons le changement de variable $z = -\text{signe}(c_k)(a_{k,k}x_k + b_k)$. On obtient:

$$z' = a_{k,k}(\gamma z - \text{signe}(c_k)c_k)$$

En notant $z^* = -\text{signe}(c_k)(a_{k,k}x_k^* + b_k)$, on a: $\gamma^* z^* = \text{signe}(c_k)c_k$, d'où:

$$z' = a_{k,k}(\gamma z - \gamma^* z^*)$$

Le système (2.28) devient alors avec la nouvelle variable z :

$$\begin{cases} z' = a_{k,k}(\gamma z - \gamma^* z^*) \\ \gamma' = \frac{K}{a_{k,k}}(z^* - z)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \end{cases} \quad (2.29)$$

Nous montrons tout d'abord que toutes les trajectoires du système (2.29) pénètrent en temps fini dans l'ensemble $\{z, z > 0\}$. Considérons la dynamique de la variable $z(t)$ dans l'ensemble $\{z, z \leq 0\}$, avec $\gamma(t) \in [\gamma_m, \gamma_M]$; on a selon (2.29), comme $a_{k,k} < 0$:

$$z' = a_{k,k}(\gamma z - \gamma^* z^*) \geq -a_{k,k}\gamma^* z^* > 0$$

Ce qui suffit à prouver que les trajectoires du système (2.29) pénètrent en temps fini dans l'ensemble $\{z, z > 0\}$. Par la suite nous ne considérons (éventuellement par une translation du temps) que les conditions initiales $(z_0, \gamma_0)^T$ appartiennent à l'ensemble (invariant) $\mathcal{E} = \{z > 0, \gamma \in]\gamma_m, \gamma_M[\}$.

Nous introduisons maintenant la fonction de Lasalle suivante, qui est assez semblable à celle utilisée pour la preuve du théorème 2.7.

$$W(z, \gamma) = \int_{z^*}^z \frac{w - z^*}{-a_{k,k}w} dw + \int_{\gamma^*}^{\gamma} \frac{-a_{k,k}(w - \gamma^*)}{K(w - \gamma_m)(\gamma_M - w)} dw$$

Il est clair que la fonction $W(\cdot)$ est définie sur $\mathcal{E}$, positive (les fonctions intégrées étant croissantes, nulles en z^* ou γ^*) et nulle uniquement au point $(z^*, \gamma^*)^T$. Calculons la dérivée de $W(\cdot)$ par rapport à t' , on a:

$$\begin{aligned} W'(z, \gamma) &= z' \left(\frac{z - z^*}{-a_{k,k}z} \right) + \gamma' \left(\frac{-a_{k,k}(\gamma - \gamma^*)}{K(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma)} \right) \\ &= - \left[(\gamma z - \gamma^* z^*) \left(\frac{z - z^*}{z} \right) - (z - z^*)(\gamma - \gamma^*) \right] \\ &= - \frac{\gamma^*}{z} (z - z^*)^2 \end{aligned}$$

Donc W' est définie et négative sur $\mathcal{E}$ et s'annule uniquement en $z = z^*$. En argumentant comme dans la preuve du théorème 2.7 en utilisant le théorème de Lasalle 2.8, nous concluons que le point d'équilibre $(z^*, \gamma^*)^T$ du système (2.29) est globalement attractif sur $\mathcal{E}$. La stabilité locale de $(z^*, \gamma^*)^T$ est triviale, nous concluons donc que celui-ci est globalement asymptotiquement stable.

En repassant dans les coordonnées originelles $(x_k, \gamma)^T$ nous concluons donc que le point d'équilibre $(x_k^*, \gamma^*)^T$ du système (2.28) est GAS sur l'ensemble $\{x_k > 0, \gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[\}$.

Étudions maintenant le comportement des $(n - 1)$ variables restantes $x_{j \neq k}$ du système (2.27), sur l'ensemble défini par $x_k = x_k^*$ et $\gamma = \gamma^*$, on obtient le système (2.30) page 81. Ce système est un système linéaire fortement positif et stable. Par le théorème 1.9, il admet donc un (unique) équilibre GAS sur $\mathbb{R}_{+*}^{n-1}$ tel que:

$$(x_1^*, \dots, x_{k-1}^*, x_{k+1}^*, \dots, x_n^*)^T \gg 0$$

Nous utilisons maintenant un résultat sur les systèmes non-linéaires triangulaires (autonomes), dit “principe de séparation non-linéaire”, dont on trouvera une preuve dans [139]. Ce résultat est assez semblable à celui proposé par Vidyasagar dans [138] mais pour les systèmes triangulaires exponentiellement stables et non asymptotiquement stables.

Théorème 2.11

$$\text{Considérons le système non-linéaire triangulaire autonome:} \quad \begin{cases} \dot{x}_1 = f(x_1, x_2) \\ \dot{x}_2 = g(x_2) \end{cases} \quad (2.31)$$

avec $x_2 \in \mathbb{R}^h$ et $x_1 \in \mathbb{R}^{n-h}$. Supposons que:

(Ha): $0 \in \mathbb{R}^h$ est un équilibre GAS pour $\dot{x}_2 = g(x_2)$

(Hb): $0 \in \mathbb{R}^{n-h}$ est un équilibre GAS pour $\dot{x}_1 = f(x_1, 0)$

(Hc): toutes les trajectoires du système (2.31) sont bornées.

Alors $0 \in \mathbb{R}^n$ est un équilibre Globalement Asymptotiquement Stable pour le système (2.31)

Rappelons que le système (2.27) est un système non-linéaire triangulaire et autonome. Notons aussi que ce système (à une translation de l'équilibre près) remplit les conditions (Ha), (Hb) et (Hc) du théorème 2.11. Donc, en appliquant ce théorème, on peut conclure que le point d'équilibre $(x^*, \gamma^*)^T$ du système (2.27), avec x^* de k -ième coordonnée x_k^* , est GAS sur l'ensemble $\mathbb{R}_{+*}^n \times]\gamma_m, \gamma_M[$.

Donc, la trajectoire du système (2.27) issue de la condition initiale $x \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$ converge asymptotiquement vers $(x^*, \gamma^*)^T$.

La trajectoire du système (2.25), issue de la condition initiale $x_0 \gg 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$, converge donc elle aussi asymptotiquement vers le point d'équilibre $(x^*, \gamma^*)^T$. Le même raisonnement étant valable pour toutes les conditions initiales considérées, on conclut que l'équilibre $(x^*, \gamma^*)^T$ du système (2.25) est globalement attractif sur $\mathbb{R}_{+*}^n \times]\gamma_m, \gamma_M[$. La stabilité locale de l'équilibre $(x^*, \gamma^*)^T$ du système (2.25) se déduit facilement puisque $\psi(x^*) > 0$.

$$\begin{aligned}
 & \begin{pmatrix} x'_1 \\ \vdots \\ x'_{k-1} \\ x'_{k+1} \\ \vdots \\ x'_n \end{pmatrix} = \gamma^* \underbrace{\begin{pmatrix} a_{1,1} & \dots & a_{1,k-1} & a_{1,k+1} & \dots & a_{1,n} \\ \vdots & & \vdots & \vdots & & \vdots \\ a_{k-1,1} & \dots & a_{k-1,k-1} & a_{k-1,k+1} & \dots & a_{k-1,n} \\ a_{k+1,1} & \dots & a_{k+1,k-1} & a_{k+1,k+1} & \dots & a_{k+1,n} \\ \vdots & & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n,1} & \dots & a_{n,k-1} & a_{n,k+1} & \dots & a_{n,n} \end{pmatrix}}_{\text{Matrice de Metzler Stable}} \underbrace{\begin{pmatrix} x_1 \\ \vdots \\ x_{k-1} \\ x_{k+1} \\ \vdots \\ x_n \end{pmatrix} + \gamma^* x_k^*}_{\text{Vecteur Fortement Positif}} + \underbrace{\begin{pmatrix} a_{1,k} \\ \vdots \\ a_{k-1,k} \\ a_{k+1,k} \\ \vdots \\ a_{n,k} \end{pmatrix} + \gamma^*}_{\text{Vecteur Fortement Positif}} \underbrace{\begin{pmatrix} b_1 \\ \vdots \\ b_{k-1} \\ b_{k+1} \\ \vdots \\ b_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} c_1 \\ \vdots \\ c_{k-1} \\ c_{k+1} \\ \vdots \\ c_n \end{pmatrix}}_{\text{Vecteur Fortement Positif}} \\
 & \hspace{15cm} (2.30)
 \end{aligned}$$

On peut donc conclure que le point d'équilibre $(x^*, \gamma^*)^T$ du système contrôlé (2.25), avec x^* de k -ième coordonnée x_k^* , est GAS sur $\mathbb{R}_{+*}^n \times]\gamma_m, \gamma_M[$, ce qui achève la preuve du théorème 2.9. $\square$

2.4 Simulations et Extensions Possibles

2.4.1 Retour sur l'Exemple (1.19)

Nous revenons ici sur l'exemple (1.19) page 46. Rappelons qu'en boucle ouverte, pour $u = 1$, ce système admet un unique équilibre positif $x^* = (0.8, 0.9, 1)^T$ instable et entouré par un cycle limite attractif.

Nous illustrons sur la simulation suivante l'efficacité des stratégies de commande proposées au cours de ce chapitre: à l'aide des commandes statique et adaptative nous stabilisons le système (1.19) vers le point d'équilibre $x^* = (0.8, 0.9, 1)^T$. Les simulations sont initialisées en la même condition initiale que sur la figure 1.2 page 47: $x_0 = (0.5, 1, 1)^T$.

Pour la loi de commande statique, on applique au système (1.19):

$$u = 2\psi(x)$$

Pour la commande adaptative, on applique:

$$\begin{cases} u = \gamma(t)\psi(x) \\ \dot{\gamma} = 80 \psi(x)(x_1 - 0.8)(\gamma - 1.5)(2.5 - \gamma) \\ \gamma_0 = 1.7 \end{cases}$$

Il est aisé de vérifier que ces deux lois respectent les hypothèses des théorèmes 2.2 et 2.9, respectivement.

Notons que la commande adaptative stabilise moins rapidement le système que la commande statique, mais ne requiert pas la connaissance préalable des valeurs numériques des paramètres du système (1.19).

2.4.2 Cas de $\psi(\cdot)$ Dépendant du Temps: Exemple du Modèle de Pêche

Au cours du chapitre, nous avons remarqué que si la fonction $\psi(\cdot)$ était influencée par le temps mais conservait la propriété qualitative:

$$\forall x \gg 0, \forall t \geq 0, \psi(x, t) > 0$$

alors, les théorèmes que nous avons démontrés au cours du chapitre restaient valides. Notre propos n'est pas ici de (re)démontrer en détails ces résultats (les preuves sont très semblables à celles effectuées, sauf au niveau des changements de temps t en t'). Nous illustrons juste ceci sur des simulations du modèle de pêche (1.13).

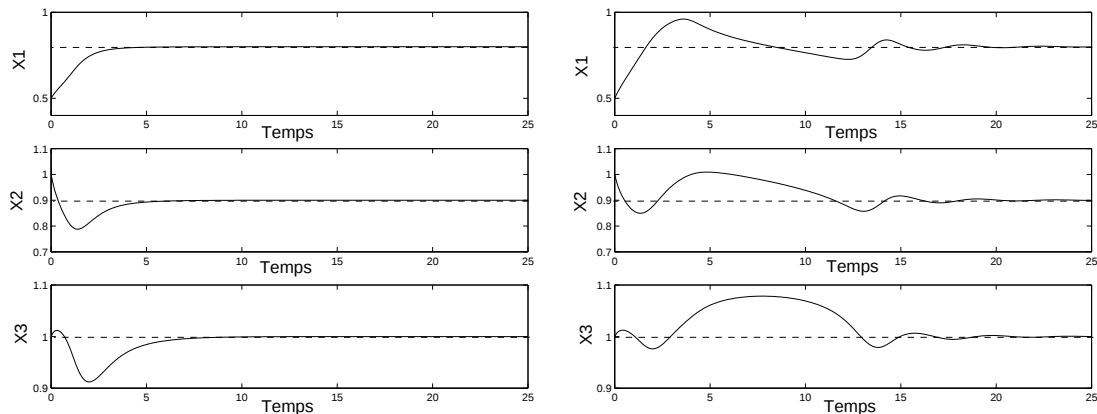


FIG. 2.1 Simulation du système (1.19) contrôlé. Cas de la commande statique (à gauche) et de la commande adaptative (à droite).

Le terme incertain dans le modèle (1.13) est la vitesse de croissance du stock de poissons (reproduction des poissons ajoutée à la croissance spécifique de chacun des poissons du stock). Une modélisation réaliste de ce terme nécessite de prendre en compte des variations induites par les saisons: les périodes de reproduction des poissons ne sont pas étalées tout au long de l'année mais se produisent à certains moments de l'année. Nous proposons donc le modèle suivant décrivant ce phénomène:

$$\varphi(x,t) = \left(1 + 0.9 \cos\left(\frac{\pi}{6} t\right)\right) \phi(x)$$

Le terme $\left(1 + 0.9 \cos\left(\frac{\pi}{6} t\right)\right)$ est chargé de représenter la variabilité due au caractère saisonnier de la reproduction: $t = 0 \bmod 12$ correspond ici à la période (le temps est en mois) où la reproduction est maximale; $t = 6 \bmod 12$ correspond à la période de plus faible reproduction. Le terme de croissance $\phi(x)$ donne l'amplitude de la vitesse de croissance du stock de poissons.

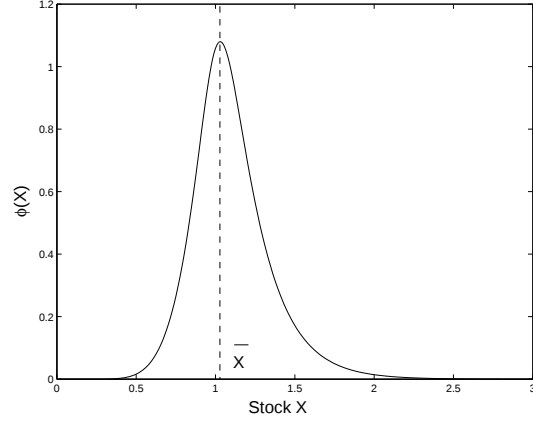
Nous prenons en compte plusieurs phénomènes dans la modélisation du terme $\phi(x)$:

- En dessous d'un seuil de stock de poissons $\bar{x}$, $\phi(\cdot)$ est croissante: plus il y a de poissons plus le stock grandit.
- Pour prendre en compte la compétition avec d'autres espèces non pêchées, si x est faible alors $\phi(x)$ est faible (les autres espèces, en nombre plus important, tirent parti de la faiblesse du stock de poissons x et consomment les ressources à sa place, ralentissant fortement sa croissance).
- Dans une zone "optimale" (autour de $\bar{x}$) le stock est en nombre suffisant et s'accroît à pleine vitesse.
- Au dessus du seuil $\bar{x}$, le stock de poissons commence à être trop important et épuise les ressources du milieu; le stock s'accroît de moins en moins rapidement.
- La croissance est très faible pour un stock de poissons important (les ressources du milieu sont trop faibles pour soutenir la croissance du stock).

Nous proposons donc le modèle suivant pour $\phi(\cdot)$ qui respecte les points mentionnés ci-dessus (l'unité

de x est telle que $\bar{x} \sim 1$) ainsi que la positivité requise de $\varphi(x,t)$:

$$\phi(x) = 200 \arctan(x) e^{-5x}$$



Commençons par deux simulations sur 10 ans, en boucle ouverte, l'effort de pêche u étant constant égal à 0.1. La simulation de gauche est initialisée en $x_0 = 0.6$, celle de droite en $x_0 = 0.56027$. Ces conditions initiales, bien que très voisines engendrent des comportements radicalement différents:

- Sur la simulation de gauche, le stock de poissons est pérennisé mais subi des variations saisonnières
- Sur la simulation de droite, l'effort de pêche est trop important et le stock initial trop faible pour survivre plus de deux années.

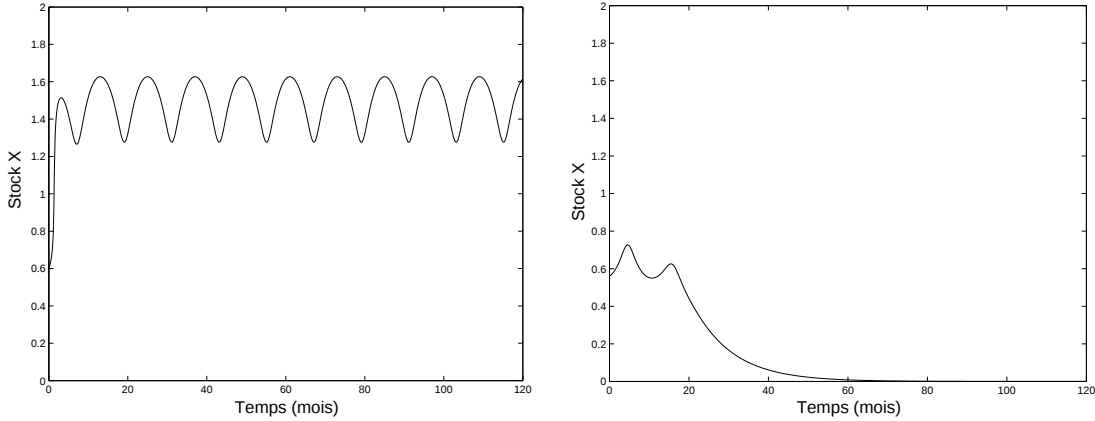


FIG. 2.2 *Simulation du modèle de pêche (1.13), la vitesse de croissance du stock prenant en compte une reproduction saisonnière avec $u = 0.1$. Pérennisation du stock (à gauche) ou disparition du stock (à droite) selon l'état initial du stock x_0 .*

Une stratégie de pêche basée sur un effort de pêche constant est donc très dangereuse et n'assure en aucun cas la survie à long terme du stock de poissons. La situation de droite sur la figure 2.2 où le stock disparaît doit être à tous prix évitée.

En utilisant les commandes statique et adaptative proposées dans ce chapitre, nous proposons deux stratégies de pêche permettant de stabiliser (globalement) le stock de poissons vers un niveau constant $x^* = 1$ (croissance quasi optimale du stock), malgré le phénomène de reproduction saisonnière.

Nous proposons comme stratégie de pêche “statique” l'effort suivant:

$$u = \phi(x,t)$$

Nous proposons comme stratégie de pêche “adaptative” l’effort suivant:

$$\begin{cases} u = \gamma(t)\phi(x,t) \\ \dot{\gamma} = 10 \phi(x,t)(x-1)(\gamma-0.5)(1.5-\gamma) \\ \gamma_0 = 0.7 \end{cases}$$

Nous effectuons sur la figure 2.3 les simulations sur trois ans du modèle contrôlé avec la commande statique (à gauche) et avec la commande adaptative (à droite) pour la condition initiale $x_0 = 0.56027$ conduisant en boucle ouverte à la disparition du stock (en haut), et pour $x_0 = 1.4$ (en bas).

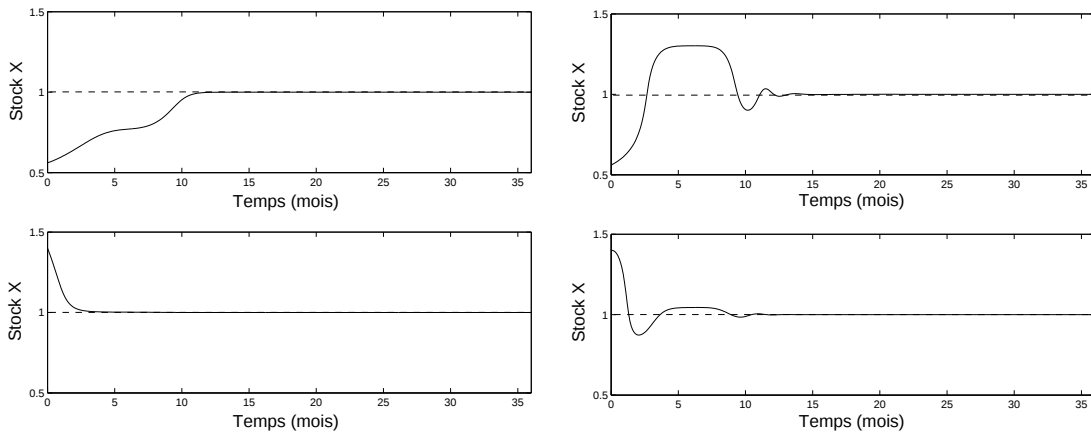


FIG. 2.3 *Simulation du modèle de pêche (1.13) contrôlé, la vitesse de croissance du stock prenant en compte une reproduction saisonnière. Cas d’une stratégie de pêche de type “statique” (à gauche) et “adaptative” (à droite).*

Dans chacun des cas le stock est stabilisé autour de sa valeur d’équilibre, qui est atteinte en moins d’un an, ce malgré la reproduction saisonnière des poissons. Les stratégies de pêche proposées sont donc durables au sens où le stock de poisson subsiste.

2.4.3 Extension des Résultats

Les résultats que nous avons développés au cours de ce chapitre peuvent aussi être étendus à des systèmes plus complexes, dont seule une sous partie du système admet une structure “quasi-linéaire” ou “quasi-coopérative”. On parlera alors d’une “structure en cascade” pour décrire les systèmes de $\mathbb{R}_{+*}^n$ suivants:

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = g(x_1, x_2, u) \\ \dot{x}_2 = uf(x_2) + c\psi(x_1, x_2) \end{cases} \quad (2.32)$$

Avec $x_1 \in \mathbb{R}_+^h$, $x_2 \in \mathbb{R}_+^{n-h}$ et sous réserve que les hypothèses associées (*i.e.* (H2), (H3) ...) soient vérifiées par le sous système $\dot{x}_2$ et que le sous système $\dot{x}_1$ soit positif.

Nous supposons de plus que :

Hypothèse 5 (H5):

- (i) $\exists \gamma \geq \beta_m$ tel que la commande $u(.) = \gamma\psi(x_1, x_2)$ stabilise (indépendamment de x_1) globalement asymptotiquement x_2 vers $x_2^* \gg 0$ solution de $f(x_2^*) = \frac{-1}{\gamma}c$.
- (ii) $\forall \gamma$ vérifiant (H5,i), le système :

$$\dot{x}_1 = g(x_1, x_2^*, \gamma\psi(x_1, x_2^*))$$

admet un équilibre $x_1^* \gg 0$ GAS sur $\mathbb{R}_{+*}^h$.

Il nous est alors possible d'établir le résultat suivant, qui s'avère très utile pour certains cas pratiques (cf. chapitres 4 et 5) :

Théorème 2.12 *Considérons un système non-linéaire positif (2.32) sous les hypothèses explicitées ci-dessus. Alors pour tout γ vérifiant (H5), le retour de sortie statique :*

$$u(.) = \gamma y = \gamma\psi(x)$$

stabilise globalement asymptotiquement sur $\mathbb{R}_{+}^n$ le système (2.32) vers l'équilibre (unique) $(x_1^*, x_2^*)^T \gg 0$. Celui-ci est réglable par le choix de γ .*

Preuve :

La preuve est immédiate en appliquant le théorème 2.4 et des résultats de séparation comme le théorème 2.11 ou un résultat relativement semblable de Markus [91, 135], cf. annexe D. $\square$

Remarque – Remarquons que les hypothèses (H5) jouent ici un rôle comparable aux hypothèses de type “minimum de phase” (cf. e.g. [139, 140, 58, 3, 6]) très fréquemment invoquées en contrôle pour étendre les résultats obtenus en petites dimensions. Si ce type d'extensions peut paraître un peu artificiel, nous verrons dans la seconde partie de ce mémoire, notamment dans les chapitres 4 et 5, que cette approche permet de régler le cas de nombre d'applications réelles dont le modèle diffère de la classe (1.20).

Il nous faudra dans chaque cas démontrer que les hypothèses (H5) sont valides, ce qui demandera parfois beaucoup de travail (cf. chapitre 5).

Notons enfin qu'un raisonnement similaire pourrait être tenu dans le cas où l'on cherche à développer une commande de type adaptatif sur des systèmes de type (2.32).

2.4.4 Perspectives et Problèmes Ouverts

Cas Général pour la Commande Adaptative

Le cas d'une commande adaptative n'a été étudié que pour une sous classe assez particulière des systèmes positifs quasi-linéaires. Ceci est essentiellement dû à la démonstration proposée qui s'inspire fortement du cas unidimensionnel (cf. modèle de pêche) traité dans le théorème 2.7.

Si le théorème 2.9 est amplement suffisant pour traiter les différents cas pratiques que nous présenterons dans la seconde partie, il aurait néanmoins été intéressant de pouvoir élargir notre résultat

adaptatif à toute la classe des systèmes positifs quasi linéaires, voire à la classe des systèmes quasi coopératifs.

Ce problème reste pour l'instant à l'étude. Aux vues des arguments développés au cours de ce chapitre, il nous semble cependant vraisemblable qu'un résultat similaire s'applique aussi aux classes de systèmes plus générales, sentiment confirmé sur plusieurs études simulatoires.

Il convient cependant de modifier la partie adaptative de la loi de commande pour assurer la stabilisation globale de l'état vers un équilibre correspondant à une consigne x_k^* . Nous proposons de modifier la commande du théorème 2.9 de la façon suivante:

$$\begin{cases} u(.) = \gamma\psi(x) \\ \dot{\gamma} = \delta K\psi(x)(x_k - x_k^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \end{cases} \quad (2.33)$$

Avec : $K > 0$, $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$, $0 \leq \beta_m < \gamma_m < \gamma^* < \gamma_M$ et :

$$\delta = -\text{signe} \left(\frac{\partial x_k^*(\text{statique})}{\partial \gamma} \right)$$

La notation: $\text{signe} \left(\frac{\partial x_k^*(\text{statique})}{\partial \gamma} \right)$, au demeurant peu heureuse, donne le sens de variation, pour une *commande de type statique* de x_k^* par rapport à γ . Ce sens de variation est le même pour tous les $\gamma > \beta_m$, il peut ainsi se calculer aisément, si l'on connaît mal le système, à partir de deux expériences avec une commande de type statique pour deux γ différents.

Notons que pour un système quasi-linéaire, si la k -ième ligne de la matrice A n'admet que $a_{k,k}$ pour seul terme non-nul, on retrouve bien la partie adaptative proposée dans le théorème 2.9.

Nous montrons ci-dessous deux exemples simulatoires en petite dimension de systèmes positifs quasi-linéaires, qui suggèrent que le résultat 2.9 s'applique à toute la classe de systèmes et non uniquement à la sous classe pour laquelle le résultat est effectivement prouvé.

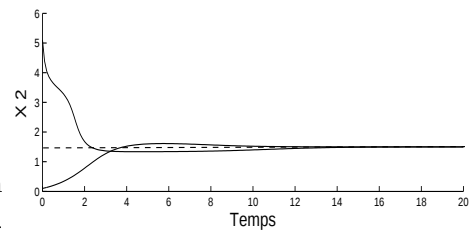
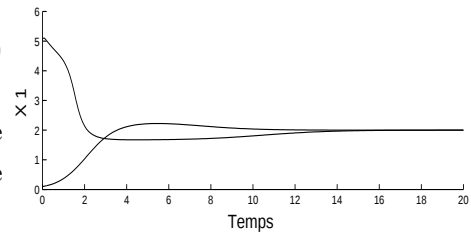
On considère le système positif quasi-linéaire suivant:

$$\dot{x} = u \left[\begin{pmatrix} -1 & 1 \\ 2 & -3 \end{pmatrix} x + \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} \right] + \begin{pmatrix} 1 \\ -1 \end{pmatrix} x_1 (\sin(x_2) + 1.1)$$

On veut stabiliser par une commande adaptative le système vers l'équilibre correspondant à $x_2^* = 1.5$. On applique une commande de type (2.33) proposée plus haut:

$$\begin{cases} u(.) = \gamma(t)(x_1(\sin(x_2) + 1.1)) \\ \dot{\gamma} = x_1(\sin(x_2) + 1.1)(x_2 - 1.5)(\gamma - 1.5)(3 - \gamma) \\ \gamma_0 = 2.5 \end{cases}$$

Les simulations montrent que la commande est efficace, bien que le système soit plus complexe que ceux considérés auparavant.



Remarquons que sur l'exemple précédent, le signe de c_2 ne suffit pas à déterminer le signe de $\left(\frac{\partial x_2^*}{\partial \gamma} \right)$.

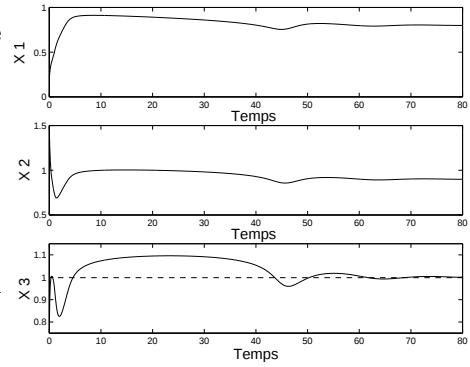
Il faut calculer l'expression de l'équilibre résultant d'une commande de type statique et ensuite analyser le sens de variation de x_2^* par rapport à γ . Appliquer directement le résultat du théorème 2.9 ne stabilise absolument pas le système: la partie adaptative requise par la loi (2.33) proposée pour le cas général est l'exacte contraire de celle du théorème 2.9.

Nous revenons maintenant sur l'exemple (1.19) page 46. Remarquons que si la première ligne de la matrice A n'admet que le terme diagonal comme terme non-nul, ce n'est pas le cas pour les deuxième et troisième lignes. Vouloir stabiliser l'état à l'aide d'une commande adaptative vers un équilibre correspondant à $x_3^* = 1$ n'est donc pas un cas décrit par le théorème 2.9.

Pour la simulation nous appliquons la loi de commande de type (2.33) suivante:

$$\begin{cases} u(\cdot) = \gamma(t)\psi(x) \\ \dot{\gamma} = 7\psi(x)(x_3 - 1)(\gamma - 1.5)(2.5 - \gamma) \\ \gamma_0 = 2.3 \end{cases}$$

La simulation montre que la commande reste efficace, bien que le système soit plus complexe.



Dans l'exemple précédent, même si la 3-ème ligne de matrice A a plusieurs coefficients non-nuls, le théorème 2.9 et la commande pour le cas général (2.33) donnent la même commande.

Ces deux exemples nous confortent donc dans l'idée que la stratégie proposée dans le théorème 2.9, mais avec une partie adaptative de type (2.33), reste valable pour les classes plus générales que sont les systèmes quasi-linéaires et quasi-positifs.

La preuve du cas général serait cependant fort différente de la preuve proposée pour le théorème 2.9: il conviendrait sûrement de considérer le système global (et non l'étudier en deux parties). On utiliserait alors le théorème (2.2) (*resp.* (2.4)) qui assure que pour chaque γ fixé dans $]\gamma_m, \gamma_M[$ il existe une fonction de Lyapunov $V(x, \gamma)$ assurant la convergence de x vers l'équilibre $x^*(\gamma)$ correspondant. Cette famille de fonctions de Lyapunov, re-considérées à γ non constant (et suivant la dynamique (2.33)), devrait nous permettre de conclure sur le cas général.

Cas d'une Mesure Retardée de $\psi(x)$

Une autre problématique intéressante serait, tout en gardant la même philosophie que celle développée ici, de baser nos commandes sur une mesure retardée:

$$y = \psi(x(t - \tau))$$

En effet, notamment dans le cas de modèles de processus biologiques, les mesures sont parfois effectuées "hors-ligne", c'est à dire qu'entre l'instant où l'on choisit de faire une mesure et celui où l'on dispose de la valeur de la mesure, il s'est écoulé une durée sensible par rapport aux échelles de temps

du phénomène considéré. C'est le cas notamment pour les bioréacteurs (sur lesquels nous reviendrons) où certaines mesures s'effectuent à partir de l'analyse biochimique (qui prend du temps) d'un échantillon prélevé à un certain instant. Il convient alors de prendre en compte ce délai pour assurer que les contrôleurs restent efficaces.

Ce problème reste ouvert, l'étude des systèmes dynamiques à retard restant nettement plus complexe que celle des systèmes sans retard.

Conclusion

Nous avons démontré au cours de ce chapitre les principaux résultats théoriques de ce mémoire sur le contrôle de systèmes positifs mal connus. Les lois de commande proposées tirent profit d'une mesure de la partie incertaine du système, de sa positivité (propriété qualitative) ainsi que de la structure stable de la partie connue du système. Les résultats proposés permettent alors, en dépit de l'absence d'expression analytique (*i.e.* de modèle) de la partie mal modélisée, de stabiliser globalement asymptotiquement les systèmes considérés.

Ces résultats s'avèrent particulièrement intéressants pour les problématiques de contrôle de phénomènes biologiques: la difficulté de proposer une expression analytique représentative de certains processus (natalité, croissance, prédation ...) est inhérente à la tâche de modélisation dans les sciences du vivant. C'est ce que nous avons illustré sur l'exemple du modèle de pêche qui, bien que caricatural, nous a permis de poser clairement notre problématique.

Les procédés biotechnologiques, ou bioréacteurs, permettent la culture d'une ou plusieurs espèces de microorganismes à des fins variées: production de biomasse intéressante, consommation de polluants, production de composés (bio)chimiques... Ces procédés sont eux aussi soumis aux difficultés liées à la modélisation du vivant. Sans modèle fiable, il est alors délicat de prévoir le devenir du procédé: va-t-il ou non réaliser ce que l'on attend de lui?

Nous proposons à partir de maintenant d'appliquer les résultats théoriques développés au cours de ce chapitre à différents types de bioréacteurs. Ceci permettra entre autres de répondre par l'affirmative à la question précédente: les stratégies de commande proposées permettront de garantir le bon fonctionnement du procédé en dépit des incertitudes fortes des modèles.

Deuxième partie

Applications à la Conduite de Bioprocédés

Chapitre 3

Les Bioréacteurs Mono-Espèce

Contenu du chapitre

Introduction	94
3.1 Modélisation des Bioréacteurs Continus	95
3.1.1 Le Modèle du Bioréacteur Mono-Espèce	96
3.1.2 Modélisation de la Vitesse de Réaction $r(\cdot)$	98
3.2 Étude du Modèle: Influence de la Vitesse de Réaction $r(\cdot)$	100
3.2.1 Cas du Taux de Croissance de Monod	100
3.2.2 Cas du taux de croissance de Haldane	101
3.2.3 Remarques	102
3.3 Contrôle des Bioréacteurs Mono-Espèce	104
3.3.1 Hypothèses	104
3.3.2 Le Modèle (3.2): un Système Positif Quasi-Linéaire	105
3.3.3 Lois de Commande	105
3.3.4 Exemple en Traitement de l'Eau: Cas de la Fermentation Anaérobie	108
3.4 Comparaison avec les Commandes "Linéarisantes"	112
3.4.1 Analyse Mathématique	113
3.4.2 Simulations Comparatives	117
3.4.3 Remarques	120
Conclusion	121

Introduction

Les bioréacteurs sont des dispositifs de culture de micro-organismes formés d'un récipient renfermant un milieu liquide contenant les éléments nutritifs nécessaires à la croissance de la biomasse microbienne, croissance donnant parfois lieu à l'apparition de nouveaux composés biochimiques. Ces procédés sont utilisés depuis fort longtemps par l'Homme, notamment pour la fabrication de boissons alcoolisées par la fermentation de levures sur des sucres d'origines végétales.

C'est sur un mode de fonctionnement particulier, dit "continu", des bioréacteurs (alors aussi appelés chemostats) que nous nous concentrons dans la suite de ce mémoire. Le chemostat a été introduit presque simultanément dans les années 1940 par plusieurs auteurs. Citons notamment J. Monod [95, 96] dont les études sur la croissance de bactéries (en dispositif de culture continu) ont, entre autres, permis de conceptualiser le procédé expérimental, et A. Novick et S. Szilard [102] qui ont appelé ce dispositif "chemostat". Un chemostat est une enceinte contenant le milieu de culture et les micro-organismes qui est traversée par un flux de matière. Le flux entrant est chargé des éléments nutritifs nécessaires à la croissance des micro-organismes, le milieu est bien mélangé et le flux sortant est donc composé des mêmes éléments que ceux présents au sein du réacteur.

Ces bioréacteurs continus, ou chemostats, sont très utilisés, tant par les biologistes, par les mathématiciens que par les ingénieurs en procédés. Du point de vue de la biologie, ils permettent, de part leur simplicité, une étude approfondie de la croissance de micro-organismes dans des conditions environnementales connues et bien maîtrisées. Les chemostats offrent aux mathématiciens / écologues la possibilité de développer des modèles de dynamique de populations (coopération entre espèces, compétition pour une même ressource, prédation...) et, point essentiel, de confronter les résultats théoriques de leurs études à ceux obtenus grâce au dispositif expérimental. Il faut noter qu'un tel retour à l'expérience est très rare en écologie. Enfin, des bioréacteurs continus sont couramment utilisés dans l'industrie pour la production de différents composés extraits (ou produits par) des micro-organismes (*e.g.* production d'insuline, de carotène, fermentation alcoolique...), la production de biomasse d'intérêt industriel (*e.g.* levure de boulanger, certains champignons microscopiques...) ou encore la dégradation biologique de polluants présents dans les eaux usées (*e.g.* procédé à boues activées, fermenteur anaérobie...). Pour une étude mathématique approfondie et documentée du chemostat on pourra par exemple consulter [127].

Dans ce chapitre nous nous intéressons à un bioréacteur exploitant une unique espèce de micro-organismes (notée X par la suite). Cette espèce grandit en consommant différents nutriments (S_h), présents dans le flux entrant, et produit différents composés biochimiques (P_j). De plus, la croissance de l'espèce est accélérée ou inhibée par différents composés chimiques non consommés (C_i).

Nous commencerons par modéliser le comportement dynamique des éléments au sein du bioréacteur sur la base de bilans de masse. Il en résulte un modèle comportant une partie physique (liée au flux traversant) et une partie biologique (liée à la croissance de la biomasse) difficile à mettre en équation. Devant la diversité des comportements dynamiques produits selon l'expression retenue pour décrire ce terme, nous proposerons une méthode permettant, grâce au contrôle, de garantir le comportement du dispositif. Une comparaison entre notre approche et d'autres démarches issues de la littérature conclura ce chapitre.

3.1 Modélisation des Bioréacteurs Continus

Un bioréacteur continu est une enceinte remplie d'un milieu liquide de volume constant V à l'intérieur de laquelle sont cultivés des micro-organismes. Il pénètre dans le réacteur un flux de liquide entrant (noté F_{in}) et s'en échappe un flux sortant (noté F_{out}). Le flux entrant est composé des nutriments permettant de nourrir la culture et éventuellement de composés chimiques qui ne sont pas consommés par la biomasse mais accélèrent ou inhibent sa croissance. Le flux sortant est composé des mêmes constituants que ceux présents à l'intérieur du chemostat à savoir les nutriments, les micro-organismes, les produits de la croissance ainsi que les accélérateurs ou inhibiteurs chimiques.

L'enceinte est parfaitement mélangée de façon à ce que les concentrations des différents constituants présents à l'intérieur de l'enceinte puissent être considérées comme homogènes. Par la suite, nous notons en lettres minuscules les concentrations des différents constituants dans le réacteur (S_h à la concentration $s_h \dots$). Nous considérons aussi le cas des bioréacteurs à "lit" où une proportion de certains constituants "s'accroche" sur un support, fixé ou non, dans le réacteur [14, 127]. Nous présentons un schéma de principe des bioréacteurs continus sur la figure 3.1.

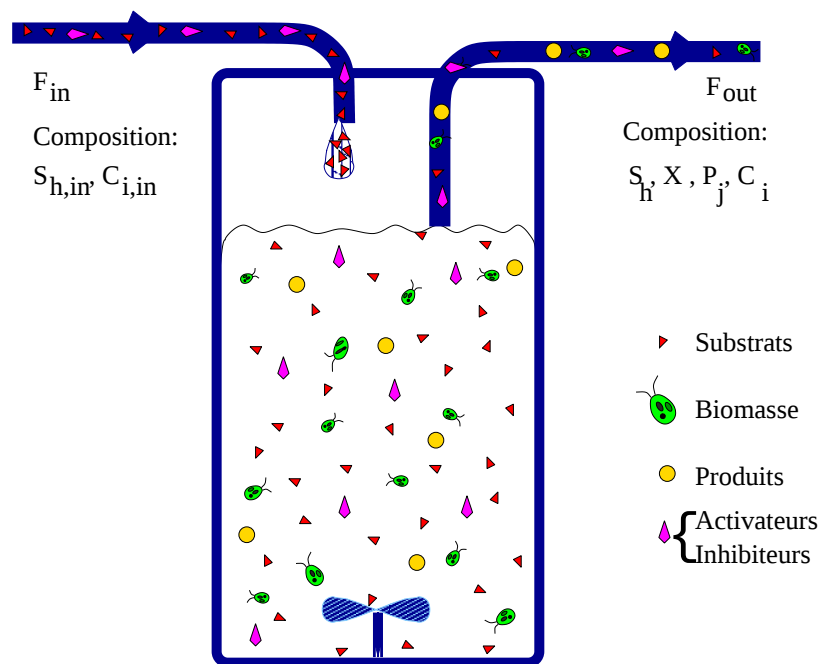


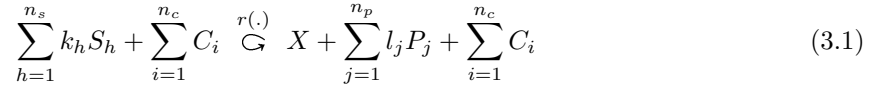
FIG. 3.1 Schéma de principe du Chemostat

À la différence d'autres modes de fonctionnement des bioréacteurs, le volume d'un bioréacteur continu est constant, ce qui implique clairement que :

$$F_{in} = F_{out} = F$$

3.1.1 Le Modèle du Bioréacteur Mono-Espèce

Nous considérons pour ce chapitre le cas d'un bioréacteur ne contenant qu'une seule espèce de micro-organismes. Nous pouvons résumer par le schéma réactionnel (3.1) la bioréaction telle que la biomasse X consomme les n_s substrats S_h pour grandir, produit les n_p composés P_j en présence des n_c activateurs ou inhibiteurs C_i . Ce type de bioréactions ne mettant en jeu qu'une seule espèce X sera par la suite référencé comme une *bioréaction simple*. La bioréaction est auto-catalysée par la biomasse X (*i.e.* la réaction ne s'effectue que pour $X > 0$):



La vitesse (volumique) de la bioréaction est représentée par le terme $r(.)$: il s'agit de la quantité de biomasse X produite, par unité de temps et par unité de volume. La notation $r(.)$ signifie que nous ne précisons pas les variables qui influencent cette vitesse de réaction: *a priori* tous les constituants impliqués dans la réaction (X et les S_h , C_i , P_j) sont susceptibles de l'influencer. Les n_s paramètres k_h et les n_p paramètres l_j sont des coefficients de rendement (ou stoechiométriques): k_h unités de chacun des n_s substrat S_h sont nécessaires pour former une unité de biomasse X et l_j unités de chacun des n_p produits P_j . Rappelons que les constituants C_i sont uniquement des catalyseurs ou des inhibiteurs de la bioréaction (3.1) et ne sont donc ni consommés ni produits.

Nous décrivons dans un premier temps le bilan de matière pour un constituant quelconque de la phase liquide du bioréacteur [10]. Les échanges de masse sont de trois types: les échanges physiques liés au flux traversant l'enceinte, les échanges physiques de constituants entre les phases liquides et gazeuses et les échanges biochimiques liés aux bioréactions se produisant dans le réacteur. Le bilan de matière s'écrit donc pour un constituant (M désignant sa masse totale au sein du réacteur):

$$\frac{dM}{dt} = \underbrace{M_{\text{Entrée}} - M_{\text{Sortie}}}_{\text{Bilan Physique: Flux}} + \underbrace{M_{\text{Gaz} \rightarrow \text{Liqu.}} - M_{\text{Liqu.} \rightarrow \text{Gaz}}}_{\text{Bilan Physique: échanges gaz / liquide}} + \underbrace{M_{\text{Produite}} - M_{\text{Consommée}}}_{\text{Bilan Biochimique: Bioréaction}}$$

Nous supposons pour l'instant que les différents constituants ne sont pas volatiles. Il n'y a alors pas d'échanges entre les phases liquides et gazeuses. On obtient donc:

$$\frac{dM}{dt} = \underbrace{M_{\text{Entrée}} - M_{\text{Sortie}}}_{\text{Bilan Physique: Flux}} + \underbrace{M_{\text{Produite}} - M_{\text{Consommée}}}_{\text{Bilan Biochimique: Bioréaction}}$$

Deux parties distinctes sont ainsi prises en compte dans le bilan de matière: la partie entrée / sortie physique (flux entrant et sortant) et la partie consommation / production biologique (consommation des substrats, production de biomasse et de produits). On obtient alors le modèle suivant décrivant l'évolution temporelle des masses totales (notées en majuscules) des constituants dans la phase liquide

du bioréacteur:

$$\left\{ \begin{array}{ll} \forall i \in [1..n_c], & \frac{dC_i}{dt} = \underbrace{Fc_{i,in} - \alpha_{c_i}Fc_i}_{\text{bilan physique}} \quad \underbrace{+ 0}_{\text{bilan biochimique}} \\ \forall h \in [1..n_s], & \frac{dS_h}{dt} = \underbrace{Fs_{h,in} - \alpha_{s_h}Fs_h}_{\text{bilan physique}} \quad \underbrace{-k_h r(.)V}_{\text{bilan biochimique}} \\ \forall j \in [1..n_p], & \frac{dP_j}{dt} = \underbrace{-\alpha_{p_j}Fp_j}_{\text{bilan physique}} \quad \underbrace{+l_j r(.)V}_{\text{bilan biochimique}} \\ & \frac{dX}{dt} = \underbrace{-\alpha_x Fx}_{\text{bilan physique}} \quad \underbrace{+r(.)V}_{\text{bilan biochimique}} \end{array} \right.$$

Nous avons supposé, en suivant la même approche que [14], que seule une proportion $\alpha_M \in]0,1]$ de chacun des constituants M , présente dans le réacteur n'est pas fixée et est donc entraînée hors de l'enceinte par le flux sortant. Ainsi si tous les α_M sont égaux à 1, nous sommes dans le cas d'un bioréacteur continu classique, c'est à dire sans "lit".

Les concentrations dans la phase liquide étant homogènes, nous avons:

$$\forall h, i, j, S_h = s_h V, C_i = c_i V, P_j = p_j V \text{ et } X = x V$$

Nous obtenons donc, en notant $d = F/V$ le "taux de dilution" (cf. [10]) le modèle suivant, qui régit les évolutions des concentrations de chacun des constituants au sein du chemostat:

$$\left\{ \begin{array}{ll} \dot{c}_1 = & d(c_{1,in} - \alpha_{c_1}c_1) \\ \vdots & \vdots \\ \dot{c}_{n_c} = & d(c_{n_c,in} - \alpha_{c_{n_c}}c_{n_c}) \\ \dot{s}_1 = & d(s_{1,in} - \alpha_{s_1}s_1) \quad -k_1 r(.) \\ \vdots & \vdots \\ \dot{s}_{n_s} = & d(s_{n_s,in} - \alpha_{s_{n_s}}s_{n_s}) \quad -k_{n_s} r(.) \\ \dot{p}_1 = & -\alpha_{p_1}dp_1 \quad +l_1 r(.) \\ \vdots & \vdots \\ \dot{p}_{n_p} = & -\alpha_{p_{n_p}}dp_{n_p} \quad +l_{n_p} r(.) \\ \dot{x} = & -\alpha_x dx \quad +r(.) \end{array} \right.$$

Par la suite nous noterons ξ le vecteur état $(c_1, \dots, c_{n_c}, s_1, \dots, s_{n_s}, p_1, \dots, p_{n_p}, x)^T$. Sous forme matricielle, on obtient:

$$\dot{\xi} = d \left[- \begin{pmatrix} \alpha_{c_1} & 0 & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & 0 \\ 0 & \ddots & \ddots & & & & & & & \vdots \\ \vdots & 0 & \alpha_{c_{n_c}} & 0 & & & & & & \vdots \\ \vdots & & 0 & \alpha_{s_1} & 0 & & & & & \vdots \\ \vdots & & & \ddots & \ddots & \ddots & & & & \vdots \\ \vdots & & & & 0 & \alpha_{s_{n_s}} & 0 & & & \vdots \\ \vdots & & & & & 0 & \alpha_{p_1} & 0 & & \vdots \\ \vdots & & & & & & \ddots & \ddots & \ddots & \vdots \\ \vdots & & & & & & & 0 & \alpha_{p_{n_p}} & 0 \\ 0 & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & 0 & 0 & \alpha_x \end{pmatrix} \xi + \xi_{in} \right] + \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \\ -k_1 \\ \vdots \\ -k_{n_s} \\ l_1 \\ \vdots \\ l_{n_p} \\ 1 \end{pmatrix} r(\xi) \quad (3.2)$$

Avec $\xi_{in} = (c_{1,in}, \dots, c_{n_c,in}, s_{1,in}, \dots, s_{n_s,in}, 0, \dots, 0, 0)^T$. Soit en résumé:

$$\dot{\xi} = d(A\xi + \xi_{in}) + Kr(\cdot)$$

A étant diagonale (donc Metzler) et stable, $\xi_{in} \geq 0$ et:

$$\forall \beta > \max_{h \in [1..n_s]} \left(\frac{k_h}{s_{h,in}} \right), \quad \beta \xi_{in} + K \gg 0$$

D'autre part, d'après la définition du taux de dilution d , celui-ci est toujours *positif*. Un taux de dilution strictement négatif n'a aucun sens dans le modèle que nous venons de développer. Un d nul pour tout temps correspondrait lui au mode dit "batch" que nous ne considérons pas ici. D'autre part, le taux de dilution (en réalité le débit de matière traversant) est aisément manipulable; nous considérons pour la suite qu'il s'agit de la *commande* du modèle (3.2).

3.1.2 Modélisation de la Vitesse de Réaction $r(\cdot)$

Remarques sur la Bioréaction (3.1)

Le modèle (3.2) est chargé de décrire l'évolution des différents constituants au sein du bioréacteur lorsque la bioréaction (3.1) s'y produit.

Remarquons tout d'abord que la vitesse de la bioréaction $r(\cdot)$ reste nécessairement *positive*. En effet, un $r(\cdot)$ strictement négatif correspondrait à l'inversion de la bioréaction: la biomasse et les produits seraient alors consommés par la réaction et transformés en éléments nutritifs, ce qui est absurde. Ce type de phénomène est bien connu en chimie où on parle d'une réaction réversible, mais nous considérons ici une réaction biologique et non chimique, en dépit du formalisme utilisé qui est très proche de la chimie.

La bioréaction (3.1) ne se produit donc par définition que dans le sens d'une *production de biomasse*, le pire des cas étant celui où la bioréaction est stoppée (*cf. e.g.* [8, 127, 10]). On a donc clairement:

$$\forall \xi \geq 0, \quad r(\xi) \geq 0$$

D'autre part, comme nous l'avons déjà noté précédemment, la bioréaction (3.1) est auto-catalysée par la biomasse X présente dans le réacteur. Notamment, en cas d'absence de la biomasse, la bioréaction ne peut se produire puisque c'est la biomasse elle-même qui la réalise. Ceci implique que:

$$x = 0 \implies r(\xi|_{x=0}) = 0$$

Enfin, la biomasse ne peut croître et rejeter les produits P_j , que si *tous* les éléments nutritifs S_h nécessaires à sa croissance sont présents dans le milieu. Si l'un de ces éléments est absent, la bioréaction est bloquée, d'où:

$$\forall h \in [1..n_s], \quad s_h = 0 \implies r(\xi|_{s_h=0}) = 0$$

Positivité du Modèle (3.2)

Le modèle (3.2) décrit des concentrations donc des quantités qui n'ont de sens que si elles sont positives. Il faut donc que le modèle soit un modèle positif. Selon la définition 1.5 page 21, nous devons

donc nous assurer que:

$$\forall i \in [1 \dots (n_c + n_s + n_p + 1)], \quad \dot{\xi}_{|\xi_i=0} \geq 0$$

Ceci devant être assuré pour toutes les valeurs admissibles de $d \geq 0$.

Il est clair que cette propriété est vérifiée par toutes les variables d'état c_i ($i \in [1..n_c]$) pour tout d positif et sans condition sur $r(\cdot)$ puisque ces constituants ne sont ni consommés ni produits par la réaction (3.1).

Pour les variables s_h ($h \in [1..n_s]$), la positivité est assurée par le fait que la bioréaction ne se produit que si tous les substrats sont présents. On a donc:

$$\dot{s}_h(s_h = 0) = d(s_{h,in}) \geq 0$$

Les variables p_j ($j \in [1..n_p]$) restent elles aussi positives, $r(\cdot)$ étant positif si l'état est positif.

Enfin, d'après la remarque précédente sur le caractère auto-catalytique de la bioréaction, la concentration en biomasse reste positive puisque:

$$\dot{x}(x = 0) = 0$$

Nous avons donc vérifié que le modèle (3.2) est bien, sous ces hypothèses générales, un système positif.

Du Choix Difficile d'une Expression Analytique pour $r(\cdot)$

Comme nous l'avons rappelé dans l'introduction, c'est entre autres à J. Monod que l'on doit les premières recherches utilisant des "dipositifs de culture continu" ou chemostats. Sa thèse et quelques travaux ultérieurs [95, 96] ont permis la description quantitative, à partir de ses expériences, du taux de croissance de certaines bactéries soumises à différentes concentrations en glucose. Il en déduit le bien connu "taux de croissance de Monod", sur lequel nous revenons dans la section suivante.

À la suite de Monod, nombre de biologistes s'emparent du même type de problématique pour diverses espèces de micro-organismes. Ceci conduit inmanquablement à une prolifération impressionnante de modèles, plus ou moins différents, chargés de décrire la croissance de micro-organismes spécifiques sans chercher une possible démarche unificatrice. On pourra par exemple consulter [10, 77] qui référencent plusieurs dizaines de modèles de vitesses de croissance de micro-organismes parus dans la littérature. On pourra aussi se reporter à l'annexe B. Cette profusion d'expressions analytiques différentes modélisant la vitesse de croissance de micro-organismes rend très délicat le choix parmi tous ces modèles. Les résultats obtenus suivant l'expression analytique retenue pour $r(\cdot)$ peuvent pourtant varier sensiblement, point que nous illustrons sur deux exemples dans la section suivante.

Pour la suite, nous supposons que la vitesse $r(\cdot)$ de la bioréaction (3.1) vérifie *seulement* les hypothèses suivantes. Il est à noter que la quasi-totalité des expressions proposées dans la littérature remplissent ces conditions (*cf.* annexe B et *e.g.* [8, 10, 77]).

Hypothèses I (HI): *Nous supposons que:*

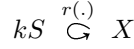
a: $r(\cdot)$ est positif et fonction $\mathcal{C}^1$ de l'état ξ

b: $r(\xi)$ est strictement positif si $\xi \gg 0$

c: $\forall h, s_h = 0 \implies r(\xi_{|s_h=0}) = 0$

3.2 Étude du Modèle: Influence de la Vitesse de Réaction $r(\cdot)$

Nous illustrons ici la diversité des comportements dynamiques produits par le modèle (3.2), en s'attachant à deux cas particuliers de vitesses de réaction $r(\cdot)$ issues de la littérature: les lois dites de Monod et de Haldane. Nous nous contentons ici de décrire une bioréaction très simple, cas particulier de (3.1):



Nous supposons aussi que les constituants ne peuvent s'accrocher dans le réacteur, d'où: $\alpha_x = \alpha_s = 1$.

D'autre part, puisque $r(\cdot)$ est nul pour x nul, beaucoup d'auteurs (*e.g.* [127, 10]), proposent de découpler la vitesse de réaction $r(\cdot)$ en un taux de croissance par unité de biomasse (noté $\mu(\cdot)$) multiplié par la concentration en biomasse:

$$r(s, x) = \mu(s)x$$

C'est cette approche qui est retenue dans les cas étudiés ici.

D'après (3.2), nous sommes donc confrontés à l'étude du modèle suivant, $\mu(\cdot)$ étant explicité plus loin selon les cas Monod et Haldane.

$$\begin{cases} \dot{s} = d(s_{in} - s) - k\mu(s)x \\ \dot{x} = \mu(s)x - dx \end{cases} \quad (3.3)$$

Les équilibres du modèle sont donc les solutions du système:

$$\begin{cases} d(s_{in} - s) = k\mu(s)x \\ \mu(s)x = dx \end{cases}$$

Il y a donc deux cas distincts, sans préjuger si ces équations admettent ou pas des solutions:

$$\begin{cases} \mu(s) = d \\ x = \frac{1}{k}(s_{in} - s) \end{cases} \quad \text{ou} \quad \begin{cases} s = s_{in} \\ x = 0 \end{cases} \quad (3.4)$$

Le cas $x = 0, s = s_{in}$ est souvent appelé équilibre trivial ou point de lessivage (toute la biomasse est *lessivée* du chemostat: la bioréaction ne se produit plus). Le ou les autres équilibres (s'ils existent, ils doivent vérifier $0 < s < s_{in}$ et $x > 0$) sont les points d'équilibre "intéressants" ou "points de fonctionnement": la bioréaction a encore lieu (à l'équilibre) au sein du bioréacteur.

La stabilité (locale) de chacun des équilibres est calculée à partir de la Jacobienne suivante, évaluée à l'équilibre considéré:

$$\mathcal{J}(x, s) = \begin{pmatrix} -d - kx \frac{\partial \mu}{\partial s}(s) & -k\mu(s)x \\ x \frac{\partial \mu}{\partial s}(s) & \mu(s) - d \end{pmatrix}$$

3.2.1 Cas du Taux de Croissance de Monod

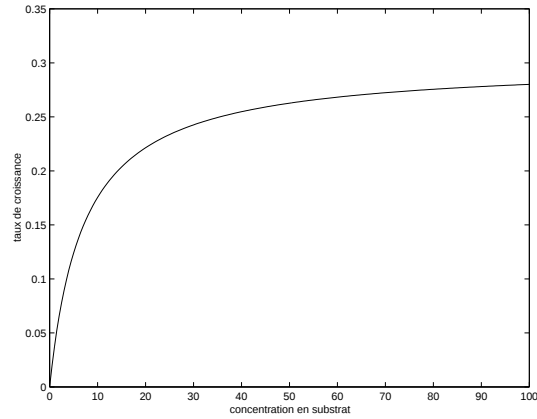
Ce modèle de croissance de micro-organismes en chemostat est de loin le plus classique. Il a été introduit en biologie par Monod en 1942 [96, 95] qui proposa la forme analytique suivante pour décrire

le taux de croissance $\mu(s)$:

Loi de Monod

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s}{\kappa + s}$$

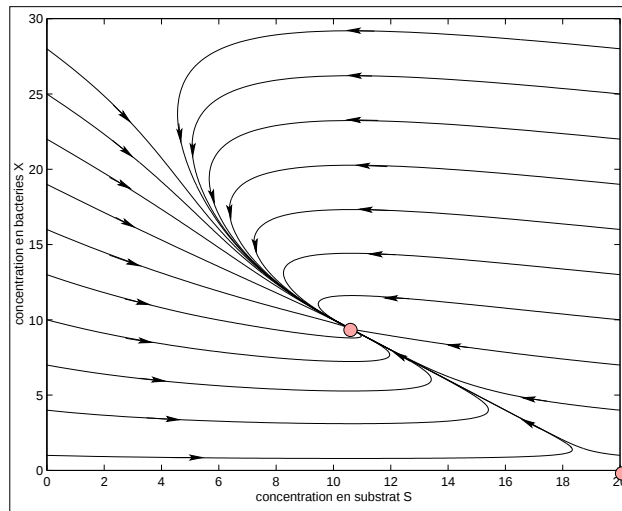
avec $\mu_m > 0$ et $\kappa > 0$



Notons qu'avec cette expression, la vitesse de réaction $r(\cdot)$ vérifie bien les hypothèses (HI).

Nous nous plaçons dans le cas où d est constant appartenant à l'intervalle $]0, \mu(s_{in})[$. Ceci assure l'existence d'un équilibre intéressant $\xi^* = (s^*, x^*)^T \gg 0$, différent de l'équilibre de lessivage. Le comportement de ce modèle a été de nombreuses fois étudié dans la littérature (*e.g.* [127, 10, 81]), nous en rappelons juste les conclusions qui sont illustrées sur la figure 3.2.

Le point d'équilibre ξ^ est GAS sur l'orthant fortement positif de l'espace d'état.*



Portrait de phase du modèle de Monod BO

FIG. 3.2 Comportement du modèle de Monod dans l'espace d'état: un équilibre GAS sur l'orthant fortement positif. Les équilibres sont les points rouges.

3.2.2 Cas du taux de croissance de Haldane

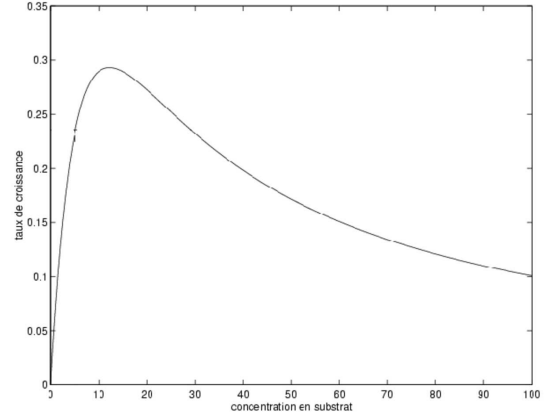
Ce modèle est moins classique que le modèle de Monod. Il a été introduit en biologie de la croissance cellulaire par Andrews en 1968 [4] pour rendre compte des phénomènes d'inhibition (baisse du taux de croissance) induits par des excès de substrat, notamment dans le cas de certaines fermentations.

Pour décrire ce phénomène, Andrews proposa comme forme analytique du taux de croissance $\mu(\cdot)$, une fonction introduite initialement en biochimie par Haldane en 1930 pour décrire certaines réactions enzymatiques [42].

Loi de Haldane

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s}{\kappa_1 + s + \kappa_2 s^2}$$

avec $\mu_m > 0$, $\kappa_1 > 0$ et $\kappa_2 > 0$



Notons qu'avec cette expression, la vitesse de réaction $r(\cdot)$ vérifie bien les hypothèses (HI).

Nous nous plaçons ici dans le cas le plus compliqué du modèle de Haldane où s_{in} est plus grand que $\arg\max(\mu(s))$ et où d est constant appartenant à l'intervalle $]\mu(s_{in}), \max(\mu(s))]$.

L'équation:

$$\mu(s) = d$$

admet alors deux solutions strictement positives. Notons les $\underline{s}$ et $\bar{s}$ telles que: $s_{in} > \bar{s} > \underline{s} > 0$. Le modèle de Haldane admet donc trois équilibres dont deux sont fortement positifs. L'analyse de leur stabilité montre que l'équilibre $\underline{\xi} = (\underline{s}, \underline{x})^T$ ainsi que l'équilibre de lessivage sont tous les deux localement stables; l'équilibre $\bar{\xi} = (\bar{s}, \bar{x})^T$ est lui un point col (ou selle): il admet une valeur propre stable et une instable. La variété stable de $\bar{\xi}$ partage ainsi l'orthant positif en deux ensembles, bassins d'attraction respectifs de $\underline{\xi}$ et de l'équilibre de lessivage (cf. [127, 10, 81]). On appelle cette variété "séparatrice". Nous illustrons ce comportement dans l'espace d'état sur la figure 3.3.

3.2.3 Remarques

Les deux exemples de la section précédente nous ont permis de mettre en évidence les différents comportements dynamiques possibles pour les trajectoires du modèle (3.3) suivant différentes formes du taux de croissance $\mu(\cdot)$. Ceci est a fortiori vrai pour le modèle général (3.2).

Nous avons constaté d'importantes différences qualitatives au niveau des comportements générés: si pour le modèle de Monod, l'équilibre intérieur est unique et globalement stable pourvu que de la biomasse soit initialement présente dans le chemostat, ce n'est pas le cas pour le modèle de Haldane.

Pour le cas Haldane, selon la position de la condition initiale par rapport à la séparatrice (notons qu'une initialisation exactement sur la variété stable de $\bar{\xi}$ est très improbable), le bioréacteur mono-espèce aura un comportement futur radicalement différent: la trajectoire peut converger soit vers un équilibre intéressant, soit vers le point de lessivage. Quelle que soit l'utilisation à laquelle est vouée le bioréacteur, cette deuxième situation est toujours à éviter. La biomasse n'est plus présente dans l'enceinte, la bioréaction ne s'y produit plus et on récupère finalement en sortie du dispositif exactement

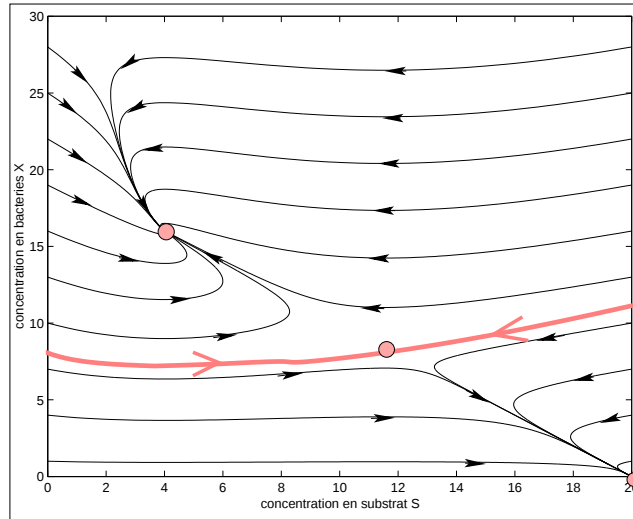


FIG. 3.3 Comportement du modèle de Haldane dans l'espace d'état: coexistence de trois équilibres. Deux équilibres ($\xi \gg 0$ et le point de lessivage) sont globalement stables sur leurs bassins d'attractions définis par la variété stable de $\bar{\xi}$. Les équilibres sont les points rouges, la "séparatrice" la courbe rouge.

ce qui pénètre dans l'entrée. Il est clair que les différentes utilisations des bioréacteurs (traitement de l'eau, production de composés biochimiques, culture de cellules...) ne peuvent se satisfaire d'une telle situation. D'autre part, comme nous l'illustrons sur la simulation de la figure 3.4, il est parfois très difficile de prévoir le futur à long terme du procédé uniquement à la vue de son comportement au début de l'expérience: ce n'est que très (parfois trop) tard que l'on se rend compte du lessivage vraisemblable du réacteur. Ceci est spécialement vrai pour les trajectoires qui sont proches de la séparatrice.

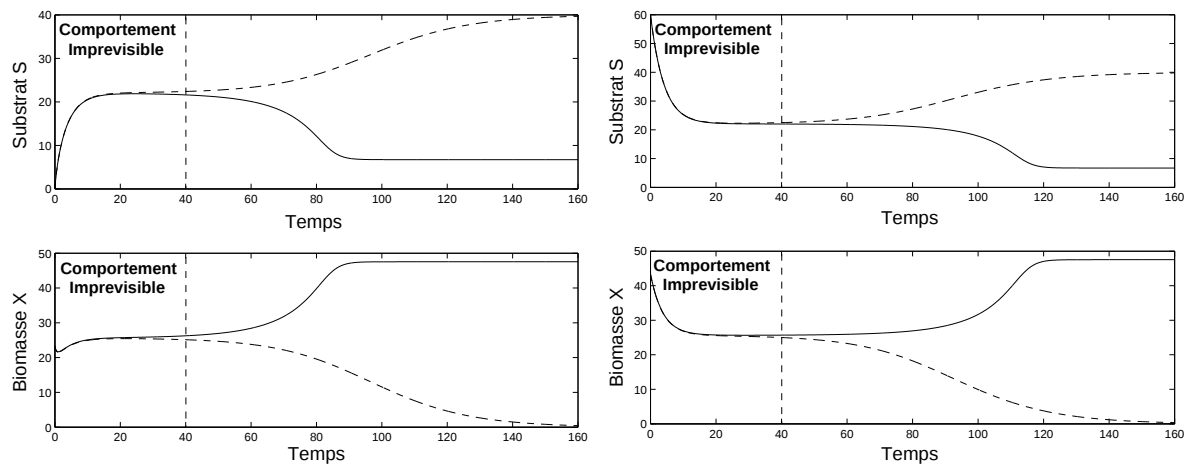


FIG. 3.4 Sur la difficulté de prévoir le comportement du modèle de Haldane à long terme: comparaison entre une trajectoire convergeant vers l'équilibre intéressant et une trajectoire convergeant vers l'équilibre de lessivage sur deux simulations pour deux jeux de conditions initiales différentes (droite et gauche). Prévisions impossibles avant $t = 40$.

Devant la variété des comportements possibles suivant les expressions de $r(\cdot)$ et devant la difficulté de prévoir le comportement à long terme du procédé sur la base de son comportement initial, il apparaît nécessaire de développer une stratégie de commande. Cette stratégie doit permettre de stabiliser globalement le système vers un équilibre fortement positif, donc de garder la biomasse au sein du réacteur et ainsi pérenniser la bioréaction. D'autre part, la procédure se doit d'être indépendante de la formulation analytique de $r(\cdot)$ qui est particulièrement difficile à modéliser.

3.3 Contrôle des Bioréacteurs Mono-Espèce

Selon l'utilisation à laquelle est destiné le bioprocédé considéré, nous cherchons à stabiliser globalement le système vers une consigne donnée: cette consigne peut correspondre à une concentration en un des substrats s_h (traitement de l'eau), en biomasse x (production de biomasse), ou en un des produits p_j (synthèse d'un composé biochimique). Notons que tant que les réacteurs sont en mode continu (*i.e.* d strictement positif), on ne peut influer, en utilisant le taux de dilution, sur les concentrations des composés c_i qui atteignent asymptotiquement les concentrations entrantes $c_{i,in}$ (*cf.* remarque après le théorème 2.9 page 75).

Après avoir remarqué que le modèle d'un bioréacteur mono-espèce (3.2) appartient à la classe des systèmes positifs quasi-linéaires, nous proposons d'appliquer à ce modèle les théorèmes 2.2 et 2.9 développés au chapitre précédent, *sans présupposer de forme analytique pour la vitesse de réaction* $r(\cdot)$; nous supposons juste que $r(\cdot)$ vérifie les hypothèses (HI).

Nous commençons par donner quelques hypothèses (équivalentes aux hypothèses (H3) et (H4) du chapitre 2) avant d'appliquer nos résultats. Nous ferons ensuite une remarque importante sur le système sous la loi de commande du théorème 2.2. Puis, sur l'exemple d'un modèle très simple de procédé de traitement de l'eau issu de la littérature [8, 40] (la fermentation anaérobie, modèle de type Haldane *cf.* section 3.2.2), nous effectuerons quelques simulations illustrant l'action des commandes proposées.

Nous reviendrons sur les procédés de fermentation anaérobie dans le chapitre 4 en appliquant notre démarche à un modèle plus complexe, mais plus réaliste que le cas étudié ici.

3.3.1 Hypothèses

Avant de s'engager dans le contrôle proprement dit, nous faisons ici les hypothèses nécessaires à l'application de nos résultats. Rappelons que le taux de dilution d est proportionnel au flux de matière traversant le réacteur, flux que l'on peut facilement régler par l'intermédiaire de pompes. Nous considérons donc le taux de dilution d comme la *commande* du système.

Nous supposons d'autre part que nous sommes à même de mesurer sur le procédé l'activité de la biomasse, c'est à dire sa vitesse de croissance $r(\cdot)$. Si dans certains cas (*e.g.* la fermentation anaérobie où $r(\cdot)$ est proportionnel à un flux gazeux s'échappant du réacteur *cf.* section 3.3.4) cette hypothèse est très peu restrictive, il s'agit cependant de l'*hypothèse clef* dictant la possibilité ou non d'appliquer notre méthode. Des travaux récents sur des capteurs "respirométriques" [107] permettent ainsi d'obtenir une mesure en ligne de l'activité microbienne $r(\cdot)$. Une autre approche concerne certaines bioréactions à

caractère exothermique ou endothermique. Les échanges de chaleur avec l'extérieur de l'enceinte, dont la mesure est technologiquement aisée, sont fortement liés à l'activité de la biomasse ce qui présente un moyen alternatif pour obtenir en ligne une mesure de la quantité $r(\cdot)$ cf. e.g. [3, 58].

Si l'activité de la biomasse n'est malgré tout pas mesurée on pourra toujours utiliser d'autres sorties pour la reconstruire au moyen d'observateurs ou de dérivateurs numériques cf. e.g. [33].

Nous résumons ces points dans l'hypothèse suivante:

Hypothèses II (HII): *Nous supposons que:*

a: la quantité $y_1 = r(\cdot)$, est une sortie du modèle (3.2).

b: d est la commande du modèle (3.2).

Enfin pour la version adaptative de la loi de commande, puisque nous cherchons à atteindre une consigne correspondant à s_h^* , p_j^* ou x^* , nous avons besoin d'une mesure de la variable correspondante, respectivement s_h , p_j , ou x . Ces variables correspondent aux ξ_i avec $i > n_c$, les c_i ne pouvant être contrôlés.

Hypothèses III (HIII): *Nous supposons que:*

la quantité $y_2 = \xi_i$, $i > n_c$, est une sortie du modèle (3.2).

Nous supposons aussi que la condition initiale du système (3.2) vérifie $\xi(0) \gg 0$.

Nous commençons par mettre en évidence que le système (3.2) appartient à la classe des systèmes positifs quasi-linéaires (1.17).

3.3.2 Le Modèle (3.2): un Système Positif Quasi-Linéaire

Rappelons le modèle (3.2) dans sa forme condensée:

$$\dot{\xi} = d(A\xi + \xi_{in}) + Kr(\cdot)$$

Avec:

- d est positif et est la commande du système ($\Rightarrow$ H1,iv).
- A est stable et diagonale, donc Metzler ($\Rightarrow$ H1,i).
- $\xi_{in} \geq 0$ et $\forall \beta > \max\left(\frac{k_h}{s_{h,in}}\right)$, $\beta\xi_{in} + K \gg 0$ ($\Rightarrow$ H1,ii).
- $r(\cdot)$ vérifie les hypothèses (HI) ($\Rightarrow$ H1,iii).

Il est donc clair que le système (3.2) a la structure d'un système positif quasi-linéaire et qu'il vérifie les hypothèses (H1) page 45. D'autre part, les hypothèses (HII) et (HIII) sont vérifiées, nous pouvons donc appliquer au modèle (3.2) les résultats développés au chapitre 2.

3.3.3 Lois de Commande

Loi de Commande Statique

Nous cherchons ici à stabiliser le système (3.2), vers un unique équilibre fortement positif et globalement stable sur l'orthant fortement positif.

Proposition 3.1

Sous les hypothèses (HI) et (HII), $\forall \gamma > \max \left(\frac{k_h}{s_{h,in}} \right)$, la loi de commande:

$$d(.) = \gamma y_1 = \gamma r(\xi) \quad (3.5)$$

Stabilise globalement asymptotiquement le système (3.2) sur l'orthant fortement positif vers l'équilibre fortement positif $\xi^* = -A^{-1} \left(\xi_{in} + \frac{1}{\gamma} K \right)$.

Preuve :

La preuve est immédiate, en appliquant au système (3.2) le théorème 2.2. $\square$

Remarque – La valeur de l'équilibre ξ^* est réglable par un choix judicieux de γ . On a en effet pour tout i :

$$\xi_i^* = \frac{1}{\alpha_{\xi_i}} \left(\xi_{i,in} + \frac{1}{\gamma} K_i \right) \quad \text{avec} \quad \gamma > \max_{h \in [1..n_s]} \left(\frac{k_h}{s_{h,in}} \right)$$

Ainsi, si l'on cherche à rejoindre un équilibre correspondant à une consigne s_k^* pour un certain k fixé dans $[1..n_s]$, on peut choisir cette valeur dans l'intervalle suivant:

$$s_k^* \in \left[\left(\frac{s_{k,in} - k_k \min_h \left(\frac{s_{h,in}}{k_h} \right)}{\alpha_{s_k}} \right), \left(\frac{s_{k,in}}{\alpha_{s_k}} \right) \right[$$

Ainsi, contrairement à ce que l'on aurait pu penser de prime abord, on ne peut pas choisir s_k^* aussi petit que l'on veut (sauf s'il s'agit de l'indice k correspondant au minimum des $(s_{h,in}/k_h)$).

Ceci s'explique par le fait que choisir un s_k^* aussi petit que l'on veut revient à imposer un γ inférieur à $\max(k_h/s_{h,in})$. La dilution appliquée serait alors assez faible, la biomasse pourrait alors se développer de façon excessive entraînant la consommation totale du substrat le plus consommé par la réaction et le moins apporté dans l'entrée. Ce substrat correspond au plus faible rapport de la concentration entrante sur la quantité consommée par la réaction (*i.e.* l'indice pour lequel $(s_{h,in}/k_h)$ est le plus faible). Ce substrat requis serait alors absent du réacteur, ce qui bloque la réaction (3.1) et doit donc être évité étant donné notre objectif de pérenniser la bioréaction.

Le même type de raisonnement explique pourquoi on ne peut rejoindre à l'équilibre une quantité trop importante de biomasse ou de l'un des produits: un des substrats n'est pas disponible en quantité suffisante pour permettre un développement trop important de la biomasse, par là même des produits.

Ainsi on peut choisir une consigne en biomasse x^* dans l'intervalle:

$$x^* \in \left] 0, \frac{1}{\alpha_x} \min_h \left(\frac{s_{h,in}}{k_h} \right) \right[$$

On peut choisir une consigne en un des produits p_j^* pour un j fixé de $[1..n_p]$ dans l'intervalle:

$$p_j^* \in \left] 0, \frac{l_j}{\alpha_{p_j}} \min_h \left(\frac{s_{h,in}}{k_h} \right) \right[$$

Cette remarque est tout aussi valable pour la commande adaptative et explique pourquoi on ne peut pas choisir une consigne quelconque ξ_i^* avec $i > n_c$.

Remarque – Considérons les équations du modèle (3.2) sous la loi de commande (3.5). On obtient pour tout $i > n_c$:

$$\dot{\xi}_i = \alpha_{\xi_i} d(\cdot)(\xi_i^* - \xi_i)$$

Puisque $d(\cdot)$ est positif, on peut remarquer qu’une propriété très intéressante de cette loi de commande est que:

$$\forall T \geq 0, \forall t \geq T, \xi_i(t) \in (\xi_i(T), \xi_i^*)$$

En d’autres termes, pour tout temps:

*La seule évolution possible de chacune des variables ξ_i est de se rapprocher de son équilibre ξ_i^**

La commande (3.5) impose donc que chacune des variables suit un comportement comparable à un premier ordre, mais avec une vitesse de convergence variant dans le temps.

Notons que la proposition 3.1 permet de retrouver, sur un modèle plus général, les résultats proposés par Pullammanappallil *et al.* dans [44, 110]. Ces développements ont ensuite été repris par la même équipe dans le cadre du contrôle de bioprocédés à l’aide de systèmes experts [108, 109]. Ces références mériteraient sans doute une étude approfondie, certaines assertions étant justifiées d’une façon pour le moins succincte et peu mathématique. C’est notamment le cas dans [110], qui certifie, sans preuve convaincante, qu’une commande de type (3.5) permet, pour un γ bien choisi, de maintenir une activité optimale de la biomasse sur un horizon fini (*i.e.* $\int_0^T r(\xi(\tau))d\tau$ maximal). Ce résultat, au demeurant fort intéressant, n’a cependant pas grand chose à voir avec la stabilisation globale d’un bioréacteur, point qui nous occupe ici. Nous ne reviendrons donc pas ultérieurement sur ce sujet. Les résultats expérimentaux présentés dans [108, 109] confirment cependant l’effet stabilisateur d’une commande de type (3.5) en présence d’inhibiteurs dans l’entrée.

Loi de Commande Adaptative

Afin de stabiliser le système (3.2) exactement vers un point d’équilibre ξ^* , correspondant à une consigne ξ_i^* , sans erreur statique, il faut connaître parfaitement la valeur du triplet de paramètres α_{ξ_i} , $\xi_{i,in}$ et K_i . Une erreur sur l’un de ces paramètres entraîne une erreur sur la valeur du gain γ calculé, et donc au final une erreur sur l’équilibre effectivement atteint asymptotiquement.

L’identification précise de paramètres sur des phénomènes biologiques est assez difficile du fait notamment du manque de reproductibilité des expériences et du caractère très bruité des sorties. Par exemple, sur un modèle de procédé de fermentation anaérobie (présenté au chapitre 4), Bernard *et al.* [14] identifient les paramètres de leur modèle sur un jeu conséquent de mesures effectuées sur une installation réelle. L’identification des coefficients de rendement (correspondant dans notre modèle aux K_i) donne des distributions dont les écarts type varient (suivant le paramètre) entre 20 % et 285 % de la valeur nominale du paramètre.

Une loi de commande permettant de s’affranchir de la phase d’identification des paramètres du modèle représente donc un net progrès par rapport à la loi (3.5). C’est ce que nous énonçons dans la proposition suivante, où une mesure de la variable ξ_i à réguler permet à la commande de s’auto-régler et ainsi calculer la valeur du gain requise.

Remarque – Par analogie avec (a,b) , nous posons la notation: $]a,b[$ signifiant: $] \min(a,b), \max(a,b)[$.

Proposition 3.2

Considérons le modèle (3.2) et une consigne ξ_i^* (avec $i > n_c$) telle que:

$$\xi_i^* \in \left(\xi_{i,in} , \left(\xi_{i,in} + \min_h \left(\frac{s_{h,in}}{k_h} \right) K_i \right) \right)$$

Alors, sous les hypothèses (HI), (HII) et (HIII), la loi de commande:

$$\begin{cases} d(.) &= \gamma(t)y_1 = \gamma(t)r(\xi) \\ \dot{\gamma} &= \Gamma \text{ signe}(K_i) y_2 (\xi_i - \xi_i^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \\ &= \Gamma \text{ signe}(K_i) r(\xi) (\xi_i - \xi_i^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \end{cases} \quad (3.6)$$

Avec $\Gamma > 0$ et $\gamma_0 \in]\gamma_m, \gamma_M[$:

$$0 < \max_h \left(\frac{k_h}{s_{h,in}} \right) < \gamma_m < \gamma^* < \gamma_M \quad (3.7)$$

Stabilise globalement asymptotiquement le système (3.2), sur l'orthant fortement positif, vers le point d'équilibre (fortement positif) ξ^* de i -ème coordonnée ξ_i^* .

Preuve :

Ce résultat est une application directe du théorème 2.9. $\square$

Remarque — Notons que si la loi de commande (3.6) permet de contourner les problèmes posés par les incertitudes sur les paramètres, nous perdons une propriété intéressante de la loi statique (3.5). Le calcul en ligne du gain γ implique que la propriété: “chacune des variables ne peut que se rapprocher de son équilibre” n’est plus valable. Des oscillations amorties des variables autour de leur équilibre sont susceptibles de se produire avec la commande adaptative.

Remarque: Cas d'un $r(.)$ Fonction de Variables Externes

Comme nous l'avons déjà remarqué au chapitre 2 (cf. section 2.4.2), si un ou plusieurs phénomènes externes influencent la vitesse de réaction $r(.)$ tout en conservant ses propriétés (HI), alors les propositions 3.1 et 3.2 restent valables.

Les vitesses de réaction modifiées par des phénomènes externes sont légions dans les bioréacteurs. Pour mémoire, on citera le cas de la température, de l'intensité lumineuse baignant un chemostat cultivant des algues phytoplanctoniques (effectuant donc la photosynthèse), ou encore le cas de l'acidité du milieu (le pH) pour certaines fermentations...

3.3.4 Exemple en Traitement de l'Eau: Cas de la Fermentation Anaérobie

Nous présentons ici brièvement un procédé anaérobie de traitement biologique des eaux usées comme illustration de nos résultats. Nous y reviendrons plus en détails dans le chapitre 4.

Du point de vue micro-biologique, ce procédé met en œuvre une succession complexe de dégradations biologiques, s'effectuant en l'absence d'oxygène (d'où le nom), par laquelle la matière organique (en d'autres termes: la pollution organique) est convertie en biogaz (*i.e.* un mélange de dioxyde de carbone CO_2 et de méthane CH_4) et en biomasse bactérienne.

Les procédés de fermentation anaérobie sont bien connus pour avoir un très bon rendement épuratoire et une grande capacité à dégrader des substrats très polluants, fort peu biodégradables (*e.g.* résidus de production d'alcools) même à des concentrations importantes. Ils ne nécessitent d'autre part que très peu d'énergie pour fonctionner, celle-ci pouvant aisément être récupérée grâce à la combustion du méthane émis.

Malgré ces caractéristiques avantageuses, beaucoup d'industriels sont encore réticents à l'utilisation de ce type de procédés. En effet, le prix à payer pour leur efficacité est leur "instabilité" naturelle: sous de trop fortes charges polluantes, un phénomène d'inhibition de l'activité bactérienne apparaît, conduisant au possible lessivage de la biomasse, donc à l'interruption de l'activité épuratoire [14]. Le système de type Haldane (*cf.* section 3.2.2) représente bien ce type de phénomène et a été l'un des premiers modèles proposés pour décrire les procédés de fermentation anaérobie [4, 40, 8]. Des modèles de plus grande dimension ont par la suite été développés afin de rendre compte plus précisément de la complexité du procédé.

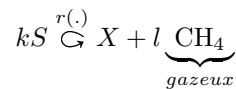
Nous nous attachons pour l'instant au cas du modèle proposé dans [8] qui est de type Haldane. Dans un premier temps nous décrivons le modèle retenu ainsi que certaines hypothèses sur le procédé. Puis nous illustrons l'utilité et l'efficacité de la stratégie de commande (3.6) au travers d'une simulation comparative entre un procédé contrôlé et un procédé en boucle ouverte.

Un Modèle Simple de Procédé de Fermentation Anaérobie

Nous reprenons l'un des premiers modèles proposés, basé sur les travaux d'Andrews sur les fermentations [4], et introduit sur le cas particulier de la fermentation anaérobie par Graef et Andrews [40], puis repris dans [8].

Ce modèle se concentre sur une bioréaction "macroscopique" supposée principale: une unique population bactérienne "moyenne" ou "limitante" X consomme la matière organique dissoute S en produisant du méthane. Notons que c'est en fait plus d'une centaine d'espèces bactériennes qui réalisent de conserve la biodégradation de la matière organique (elle-même sous plusieurs formes chimiques) en méthane. La description que nous retenons ici est donc une toute première approximation de la bioréaction réelle; nous reviendrons au chapitre 4 sur un modèle plus détaillé et sur le lien fort existant entre le modèle simple et le modèle plus complexe.

Il est à noter que la très faible solubilité du méthane permet de supposer que celui-ci est essentiellement gazeux. On peut résumer la bioréaction du point de vue macroscopique par le schéma réactionnel suivant:



Où la vitesse de réaction $r(.) = \mu(s)x$, le taux de croissance $\mu(s)$ suivant une loi de Haldane. Il faut noter ici que contrairement aux produits considérés dans le modèle (3.2), la très faible solubilité du méthane implique qu'il s'échappe totalement sous forme gazeuse et n'intervient donc pas dans les équations du modèle de procédé de fermentation anaérobie, à la différence des produits considérés dans le modèle (3.2). Cette propriété nous sera aussi très utile pour mesurer l'activité de la biomasse $r(.)$.

Le schéma réactionnel précédent conduit au modèle suivant (pour les concentrations s de S et x de

X , le méthane restant à une concentration nulle).

$$\begin{cases} \dot{s} = d(s_{in} - s) - k\mu(s)x \\ \dot{x} = \mu(s)x - \alpha dx \end{cases} \quad (3.8)$$

De plus, tout le méthane gazeux s'échappant du réacteur étant produit par la bioréaction, le flux de méthane gazeux est donc:

$$Q_{CH_4} = l\mu(s)x$$

Le modèle (3.8) est donc un cas particulier du modèle général (3.2). D'autre part les hypothèses (HI) sont vérifiées. Nous supposons pour la simulation qu'une mesure du débit de méthane sortant est effectuée en ligne et que le taux de dilution d est une commande du procédé ($\Rightarrow$ (HII)). D'autre part, comme nous cherchons à réguler la concentration en polluants s à la sortie du réacteur, nous supposons qu'une mesure de s est disponible en ligne ($\Rightarrow$ (HIII)). Ces hypothèses sont souvent validées sur les installations réelles. C'est notamment le cas du fermenteur anaérobie du Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement de l'INRA (Narbonne) que nous décrirons plus précisément dans le chapitre 4.

Simulations

Afin d'évaluer les avantages de la loi de commande adaptative (3.6), nous effectuons une simulation comparative entre le modèle en boucle ouverte (*i.e.* non-contrôlé: $d = \text{constante}$) et le modèle contrôlé, la dilution suivant la loi (3.6). Nous reviendrons dans la section suivante sur le cas de la commande statique (3.5) dans la comparaison avec une stratégie de commande très prisée: la commande linéarisante.

Pour les simulations, nous choisissons des paramètres réalistes (*cf.* [88]) résumés dans la table 3.1 et adoptons, pour les deux systèmes, une consigne de concentration en pollution $s^* = 4\text{g DCO/L}$. La DCO, Demande Chimique en Oxygène, est l'unité classique de mesure d'une quantité de matière organique polluante (quantité d'oxygène nécessaire à la combustion totale de la matière organique).

Paramètre	Valeur	Unité
α	0.8	-
μ_m	0.9	1/jours
κ_1	9	g DCO/L
κ_2	1/3	L/g DCO
k	2	g DCO/g cell.
s^*	4	g DCO/L
d^* (boucle ouverte)	0.2455	1/jours
γ_m (boucle fermée)	0.1334	L/g cell.
γ_M (boucle fermée)	0.4	L/g cell.
Γ (boucle fermée)	0.8	-

TAB. 3.1 Valeurs des paramètres pour les simulations du modèle (3.8) (*cf.* figure 3.5)

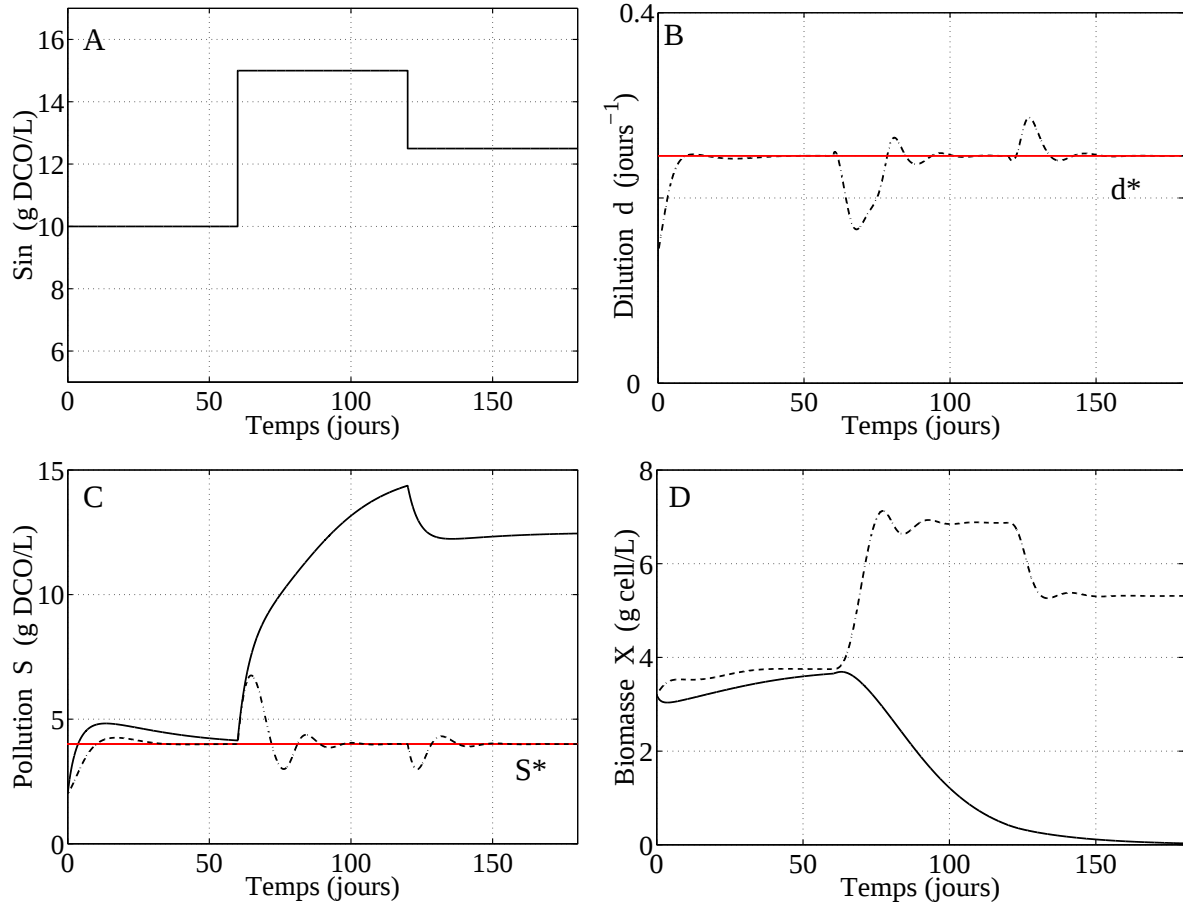


FIG. 3.5 Simulations du modèle en boucle ouverte (ligne continue) et du système en boucle fermée (pointillés) avec la commande (3.6) (figures B, C, D). La figure A représente la concentration en pollution de l'influent. Remarquons que l'échelon en s_{in} est fatal au procédé en boucle ouverte: la biomasse disparaît du fermenteur.

Les résultats de ces simulations sont présentés sur la figure 3.5. Pour le modèle en boucle ouverte, nous appliquons une dilution correspondant à un équilibre $s^* = 4$ g DCO/L (*i.e.* on a $d^* = \mu(s^*)/\alpha$). Il faut noter que le calcul de d^* nécessite de connaître parfaitement les paramètres du modèle (3.8).

Par contre, pour le modèle en boucle fermée, la dilution est calculée (en ligne) à partir de l'expression (3.6) et des mesures de débit de méthane $y_1 = Q_{CH_4}$ et de la concentration en substrat $y_2 = s$. La loi (3.6) ne requiert pas les valeurs exactes des différents paramètres, mais juste d'assurer les propriétés "qualitatives" (3.7) sur γ_m et γ_M .

Pour mettre en évidence l'intérêt d'une loi de commande adaptative, nous modifions au cours de la simulation l'un des paramètres: nous optons pour une concentration de l'influent en pollution s_{in} constante par morceaux. Ces variations sont bien entendu supposées inconnues du point de vue de la commande.

Il faut garder à l'esprit que, malgré ces variations de s_{in} , il faut absolument éviter que la biomasse soit lessivée du bioréacteur. En effet, si cette déstabilisation se produit, il faudrait alors vider totalement

le réacteur avant de le réensemencer; ces opérations peuvent durer jusqu'à plusieurs mois. Pendant ce temps, la "solution" (qui n'en est pas une) consiste à rejeter les eaux usées dans les rivières...

Commentons maintenant ces simulations. De $t = 0$ à $t = 60$ les deux systèmes (contrôlé et en boucle ouverte) convergent vers l'équilibre correspondant à la consigne en substrat s^* , le modèle contrôlé convergeant plus rapidement que celui en boucle ouverte.

À l'instant $t = 60$, la concentration en matière organique augmente de 10 à 15g DCO/L. D'un côté, il en découle le début de la déstabilisation du procédé en boucle ouverte vers le point de lessivage. De l'autre, le modèle contrôlé commence par s'éloigner un peu de la consigne s^* , avant d'être ramené par la commande vers l'équilibre correspondant à la consigne s^* : le changement de concentration de l'influent a été efficacement rejeté. La valeur de la biomasse à l'équilibre est par contre modifiée: il y a plus de matière organique en entrée du réacteur, il faut donc plus de bactéries pour en consommer l'excès.

Enfin à l'instant $t = 120$, s_{in} décroît de 15 à 12.5g DCO/L. Bien que cette décroissance soit *a priori* "stabilisante" pour le procédé en boucle ouverte (l'inhibition par le substrat est plus faible), la déstabilisation vers le lessivage est déjà trop avancée, la biomasse ne peut plus se multiplier suffisamment pour subsister dans l'enceinte et en est irrémédiablement chassée. Au contraire, la loi de commande (3.6) demeure efficace et le procédé rejette à nouveau la variation de s_{in} .

Notons que sur toute la durée de la simulation, la différence entre la dilution d^* et la dilution calculée à partir de la loi de commande (3.6) reste relativement faible. Ceci est assez étonnant puisque les deux systèmes ont des comportements radicalement différents. Une bonne action au moment adéquat (réalisée automatiquement par la loi (3.6)) suffit ainsi à maintenir le procédé en état de fonctionnement, en dépit des variations de s_{in} .

3.4 Comparaison avec les Commandes "Linéarisantes"

Les commandes des bioprocédés sont très souvent basées sur des approches locales (linéarisation du système autour d'un point de fonctionnement) utilisant des techniques classiques de l'automatique linéaire (placement de pôles, PID, contrôleurs H_2 *e.g.* [46, 111]). Ce type de stratégie peut s'avérer assez efficace si l'état est proche de l'équilibre consigne mais ne résout en aucun cas le problème si l'on est loin de l'équilibre. Certains auteurs notent même que des stratégies issues d'approches locales sont parfois dangereuses pour le procédé, le risque de lessiver la biomasse étant grand (*cf.* [108, 109]).

Les approches dites "globales", tenant compte du caractère non-linéaire des modèles de bioprocédés, sont principalement basées sur les travaux d'Isidori [55] sur le contrôle linéarisant. Elles sont parfois agrémentées de parties adaptatives pour contourner les problèmes d'identification de paramètres ou leurs possibles évolutions temporelles (*cf.* [10, 29, 105, 15]). Le problème principal de ce type de démarche tient dans le fait que les résultats de contrôle linéarisant sont donnés pour des commandes non-contraintes, alors que les commandes des bioprocédés sont contraintes (notamment $d \geq 0$). Nous proposons de discuter ici de ce type de commande, en reprenant un cas développé dans [10] et de le comparer à nos résultats.

3.4.1 Analyse Mathématique

Dans [10], les auteurs considèrent un système similaire au modèle (3.3) page 100. Ils proposent une commande linéarisante permettant à une variable de rejoindre un équilibre choisi correspondant à une consigne (s^* ou x^*), selon une dynamique linéaire de premier ordre à une vitesse $\lambda > 0$ choisie. Ainsi, contrairement à notre approche qui se contente de chercher à ramener une variable vers une consigne, ici on cherche aussi à imposer une dynamique précise permettant à la variable de rejoindre cette consigne.

Nous supposons ici que le modèle et ses paramètres sont parfaitement connus, rendant inutile de considérer une partie adaptative. De même nous supposons que nous mesurons tout ce qui sera nécessaire par la suite. Devant la disparité des résultats obtenus pour la régulation du substrat et pour celle de la biomasse, nous séparons l’analyse en deux cas.

Régulation du substrat

L’objectif est de contrôler la dynamique de la variable s , par l’intermédiaire de la commande d , de façon à ce que s suive une dynamique linéaire, ramenant s à $s^* < s_{in}$ selon un premier ordre à la vitesse choisie $\lambda > 0$. On cherche donc à imposer à s la dynamique suivante:

$$\dot{s} = \lambda(s^* - s)$$

Un rapide calcul sur le système (3.3) montre que la commande d doit alors suivre la loi suivante:

$$d(.) = \frac{\lambda(s^* - s) + k\mu(s)x}{s_{in} - s}$$

Mais ceci n’est pas totalement rigoureux puisque la dilution d est une quantité forcément *positive*. La *vraie* commande obtenue est donc:

$$d(.) = \max\left(0, \frac{\lambda(s^* - s) + k\mu(s)x}{s_{in} - s}\right) \quad (3.9)$$

Ce qui impose que le système contrôlé est alors le *système hybride* suivant (cf. [12]), à deux états discrets (Σ_1) et (Σ_2):

$$\begin{aligned} \text{Si } \left(\frac{\lambda(s^* - s) + k\mu(s)x}{s_{in} - s}\right) \geq 0 \text{ alors } (\Sigma_1) : & \begin{cases} \dot{s} = \lambda(s^* - s) \\ \dot{x} = \mu(s)x - \alpha \left(\frac{\lambda(s^* - s) + k\mu(s)x}{s_{in} - s}\right) x \end{cases} \\ \text{Si } \left(\frac{\lambda(s^* - s) + k\mu(s)x}{s_{in} - s}\right) \leq 0 \text{ alors } (\Sigma_2) : & \begin{cases} \dot{s} = -k\mu(s)x \\ \dot{x} = \mu(s)x \end{cases} \end{aligned} \quad (3.10)$$

La commande *ne linéarise donc pas la dynamique de la variable s sur tout l’espace d’état*, mais uniquement dans les zones définies par:

$$\left(\frac{\lambda(s^* - s) + k\mu(s)x}{s_{in} - s}\right) \geq 0$$

Malgré cela, le fait que la commande ne soit linéarisante que sur une certaine zone, n’implique pas que la variable s ne converge pas asymptotiquement vers la consigne s^* . En effet, si les zones où la

commande d est nulle sont *sources* (i.e. les trajectoires initialisées dans ces zones s'en échappent en temps fini), alors la variable s pénètre en temps fini dans une zone où la commande est linéarisante, et converge alors vers l'équilibre correspondant à la consigne s^* . Nous montrons maintenant, que, dans le cas de la régulation de la variable s , celle-ci converge vers s^* .

Remarquons que la commande d n'est pas définie pour $s = s_{in}$. Pour l'analyse, nous considérerons donc uniquement la zone de l'espace d'état $s < s_{in}$. Dans cette zone, la courbe de commutation possible entre (Σ_1) et (Σ_2) est la partie $x > 0$ de la courbe:

$$x = \frac{\lambda(s - s^*)}{k\mu(s)} \quad (3.11)$$

Cette courbe correspond à un $x > 0$ si et seulement si $s > s^*$. La courbe de commutation peut, selon l'expression de μ , avoir plusieurs formes (strictement croissante, croissante puis décroissante etc...) mais elle reste positive pour $s > s^*$ (puisque $\mu(\cdot)$ est positif) et strictement croissante en $s = s^*$.

Le raisonnement que nous effectuons ici est illustré sur la figure 3.6. Remarquons que si $s > s^*$ alors, que le système suive la dynamique (Σ_1) ou (Σ_2) , on a $\dot{s} < 0$. D'autre part, il existe forcément un $\bar{s} > s^*$ tel que sur $[s^*, \bar{s}]$ la courbe de commutation soit strictement croissante.

En utilisant ces deux propriétés, on peut garantir que $s(t)$ pénètre toujours en temps fini dans une zone vérifiant $s < \bar{s}$, que le système suive (Σ_1) ou (Σ_2) . Une fois dans cette zone on se ramène facilement au cas où la courbe de commutation est strictement croissante et que nous traitons maintenant.

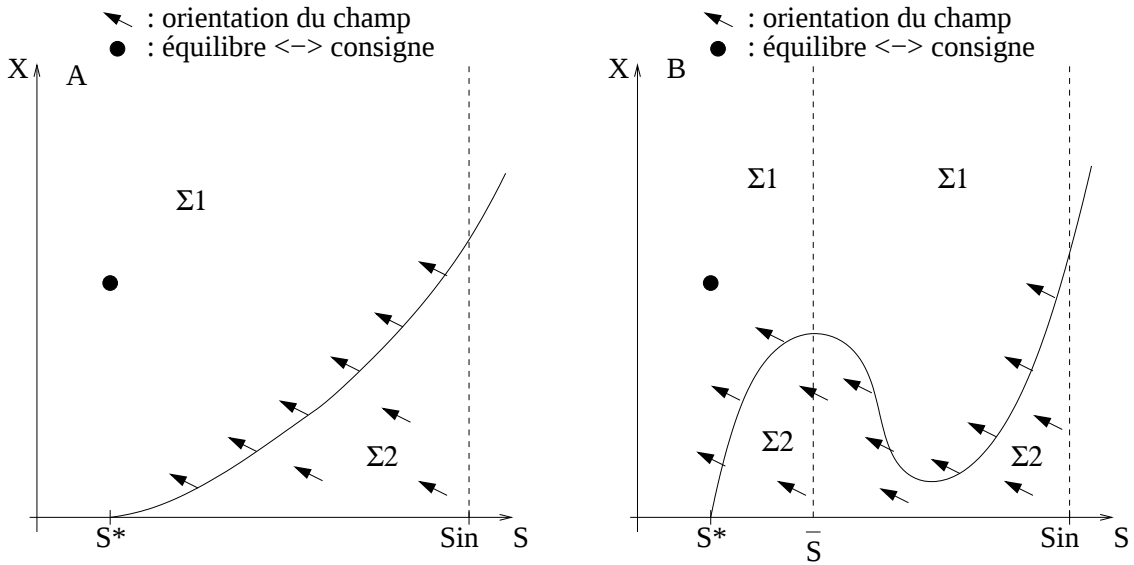


FIG. 3.6 Courbe de commutation entre (Σ_1) et (Σ_2) pour la régulation du substrat, et orientation du champ: cas A (courbe strictement croissante) et B (courbe non monotone)

Considérons le cas où la courbe de commutation (3.11) est strictement croissante. D'après (3.10), le système suit la dynamique (Σ_2) dans la zone située sous la courbe de commutation. Dans cette zone et sur la courbe de commutation, on a clairement d'après (Σ_2) : $\dot{s} < 0$ et $\dot{x} > 0$.

La courbe de commutation étant nulle en s^* et croissante pour $s > s^*$ il est clair (cf. figure 3.6)

que les trajectoires la franchissent et pénètrent ainsi en temps fini dans la zone située au dessus de la courbe de commutation (3.11). Dans cette zone, le système suit la dynamique (Σ_1) , les trajectoires convergent donc vers le point d'équilibre correspondant à la consigne s^* .

La commande “linéarisante” (pour la régulation de s) permet donc de ramener asymptotiquement la variable s vers la consigne s^* pour les conditions initiales vérifiant $s(0) < s_{in}$.

Cependant, il n'est pas possible d'affirmer que la dynamique de s est linéaire à vitesse λ choisie; ce résultat est uniquement *local* sur la zone où Σ_1 est valide.

Régulation de la Biomasse

Les résultats satisfaisants obtenus plus haut pour la régulation du substrat peuvent laisser à penser que des résultats similaires restent valides si l'objectif est de linéariser la dynamique de la concentration en biomasse x . Nous allons cependant démontrer ici que les résultats sont, dans ce cas, plus faibles que pour la régulation du substrat: la convergence n'est pas toujours assurée.

L'objectif est de ramener x à une consigne $x^* > 0$ en lui faisant suivre la dynamique linéaire suivante (avec $\lambda > 0$ choisi):

$$\dot{x} = \lambda(x^* - x)$$

Un rapide calcul montre que la commande d doit vérifier:

$$d = \left(\mu(s) + \frac{\lambda(x - x^*)}{x} \right)$$

Comme d est contraint à la positivité, on a en réalité:

$$d = \max \left(0, \left(\mu(s) + \frac{\lambda(x - x^*)}{x} \right) \right) \quad (3.12)$$

Le système contrôlé est alors le système hybride suivant à deux états discrets (Σ'_1) et (Σ'_2) :

$$\begin{aligned} \text{Si } \left(\mu(s) + \frac{\lambda(x - x^*)}{x} \right) \geq 0 \text{ alors } (\Sigma'_1) : & \begin{cases} \dot{s} = \left(\mu(s) + \frac{\lambda(x - x^*)}{x} \right) (s_{in} - s) - k\mu(s)x \\ \dot{x} = \lambda(x^* - x) \end{cases} \\ \text{Si } \left(\mu(s) + \frac{\lambda(x - x^*)}{x} \right) \leq 0 \text{ alors } (\Sigma'_2) : & \begin{cases} \dot{s} = -k\mu(s)x \\ \dot{x} = \mu(s)x \end{cases} \end{aligned} \quad (3.13)$$

Comme précédemment, la commande (3.12) ne linéarise la dynamique de x que sur une partie de l'espace d'état $\mathbb{R}_{+*}^2$ définie par:

$$\mu(s) + \frac{\lambda(x - x^*)}{x} \geq 0$$

La commande ramène-t-elle malgré tout asymptotiquement la variable x vers la consigne $x^* > 0$?

Nous montrons ici que la régulation de x vers x^* n'est pas globale et ce de façon structurelle: il existe toujours un ensemble de conditions initiales tel que les trajectoires en étant issues ne convergent pas vers l'équilibre correspondant à la consigne x^* .

La courbe de commutation entre les dynamiques (Σ'_1) et (Σ'_2) admet pour équation:

$$x = \frac{\lambda x^*}{\mu(s) + \lambda}$$

Le raisonnement que nous effectuons ici est illustré par la figure 3.7. Il est à noter que contrairement au cas précédent, cette courbe de commutation correspond toujours à un x strictement positif. D'autre part, son sens de variation en fonction de s est l'exact contraire de celui de $\mu(s)$. Notons aussi que le point $(s = 0, x = x^*)$ appartient à cette courbe qui est donc décroissante en ce point.

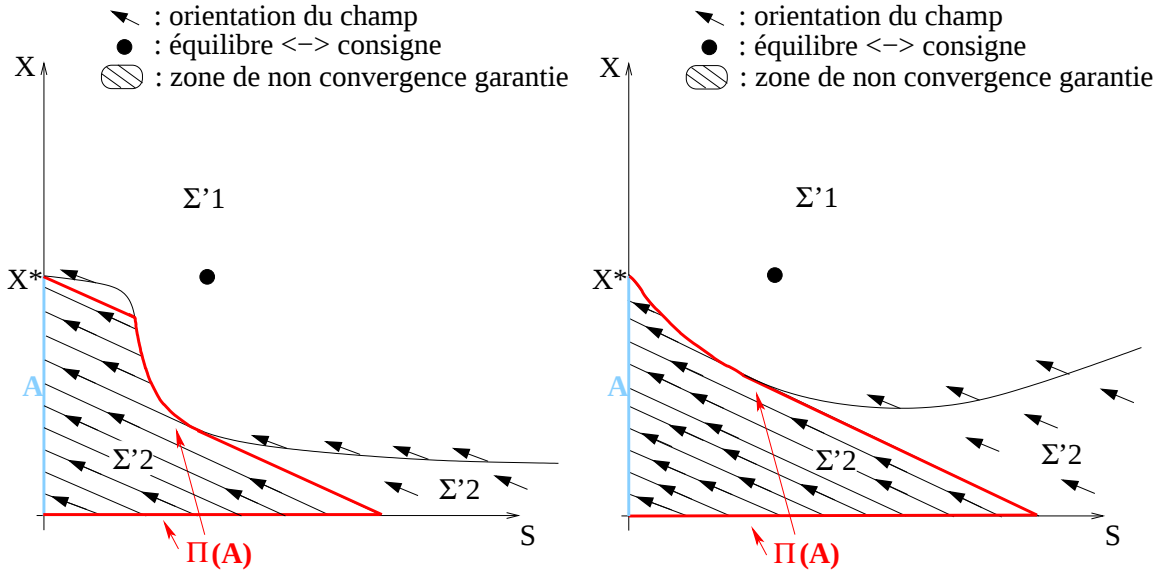


FIG. 3.7 Courbe de commutation entre (Σ'_1) et (Σ'_2) pour la régulation de la biomasse, orientation du champ et zone de non fonctionnement de la commande garantie: cas typique de Monod (à gauche) et de Haldane (à droite)

Considérons le champ lorsque le système suit la dynamique (Σ'_2) (*i.e.* dans la zone de l'espace d'état située sous la courbe de commutation). Selon (3.13), il est clair que le champ est, dans cette zone, toujours orienté selon le vecteur $(s = -1, x = k)$. Cela permet notamment d'en déduire un ensemble de conditions initiales pour lesquelles le système suit la dynamique (Σ'_2) pour tous temps.

En effet, considérons le segment $A = \{s = 0, x \in [0, x^*]\}$. Soit Π la projection sur la courbe de commutation, selon le vecteur $(s = 1, x = -k)$. Cette projection Π n'est pas forcément bijective: plusieurs images d'un point sont possibles ou aucune. Nous définissons plus précisément Π de façon à obtenir une bijection. Considérons un point p de A :

- si la projection de p sur la courbe de commutation selon $(s = 1, x = -k)$ admet au moins une solution, alors $\Pi(p)$ est défini comme le projeté de p de plus petite coordonnée en substrat.
- si la projection de p sur la courbe de commutation selon $(s = 1, x = -k)$ n'admet pas de solution, alors $\Pi(p)$ est la projection de p sur la droite $s = 0$.

Une étude géométrique simple du champ dans la zone balayée par la projection du segment A par Π , zone notée $\sigma(A)$ (*cf.* zone hachurée sur la figure 3.7), montre que toute trajectoire initialisée dans

$\sigma(A)$ ne peut en sortir.

Les trajectoires initialisées dans $\sigma(A)$ (i.e. la “zone de non convergence garantie”) ne convergent donc pas vers l’équilibre correspondant à la consigne x^ .*

Ce raisonnement est très clair si l’on considère la figure 3.7, présentant deux cas particuliers.

Il est cependant à noter que l’ensemble de conditions initiales $\sigma(A)$ *sous-estime* l’ensemble des conditions initiales pour lesquelles la loi de commande (3.12) ne ramène pas les trajectoires vers l’équilibre correspondant à la consigne x^* . En effet, cet ensemble ne tient pas compte des trajectoires pouvant pénétrer dans cet ensemble en temps fini en provenance de la zone où (Σ'_1) est active. Par exemple un point très proche d’une “zone de non convergence garantie” peut, si le champ pointe vers cette zone, être une condition initiale pour laquelle la commande (3.12) ne fonctionne pas. Le caractère non-linéaire de (Σ'_1) empêche cependant de donner une estimation plus précise de cet ensemble de conditions initiales.

Pour conclure, l’approche linéarisante pour la régulation de la biomasse n’impose qu’une *convergence locale* (sur la zone où Σ'_1 est valide) des trajectoires vers l’équilibre consigne; d’autre part la dynamique de x n’est linéaire que *localement* sur cette même zone.

3.4.2 Simulations Comparatives

Cette partie simulatoire a pour but de comparer les trajectoires d’un système contrôlé par une commande linéarisante (régulation de s ou de x) avec celles du même système contrôlé selon notre approche non-adaptative (cf. proposition 3.1).

Pour les simulations, nous utiliserons le modèle de la digestion anaérobie (3.8), le taux de croissance étant de type Haldane. Les paramètres utilisés sont ceux de la table 3.1 et $s_{in} = 10$ g DCO/L.

Cas de la Régulation du Substrat

Nous présentons ici la comparaison entre la commande linéarisante dans le cas de la régulation du substrat s et la commande de la proposition (3.1).

D’après la discussion précédente, il est clair que localement autour de l’équilibre correspondant à la consigne s^* (i.e. dans une zone où la dynamique (Σ_1) est suivie pour tous temps) les résultats de la commande linéarisante seront meilleurs que ceux de notre commande: en effet, il est possible de choisir la vitesse de convergence exponentielle λ , ce qui n’est pas le cas de notre commande (3.5). Si on choisit λ plus grand que d^* (cf. tableau 3.1), on peut assurer que la convergence sera plus rapide avec la commande linéarisante qu’avec notre commande (3.5).

C’est ce que nous illustrons, pour deux conditions initiales différentes, sur la figure 3.8 en choisissant $\lambda = 1$ jour⁻¹ (supérieur à d^*). Pour chacune des deux conditions initiales, la commande linéarisante est efficace: la dynamique de s est linéaire et converge effectivement plus vite qu’avec la commande (3.5). Cependant, suivant les cas, la biomasse x ne converge pas plus vite avec la commande linéarisante (cf. cas bleu). En effet, la variable $z = s + kx$ (masse totale dans le réacteur) suit la dynamique:

$$\dot{z} = d(.) (s_{in} - z)$$

Donc une grande rapidité de convergence de s se paye sur une moindre rapidité de convergence de x .

Notons qu'avec notre commande (3.5), la vitesse de convergence de s et celle de x sont non réglables mais égales à $\alpha_M d(\cdot)$ ($M = s$ ou x).

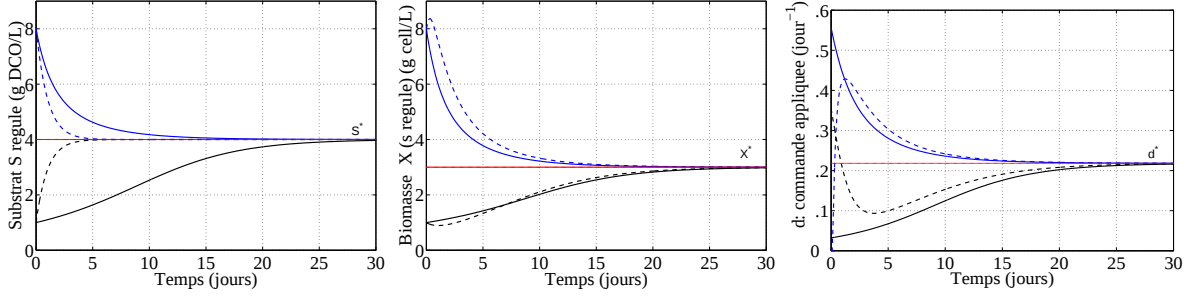


FIG. 3.8 Simulation comparative "locale" entre la commande linéarisante (3.9) (pointillés) et la commande (3.5) (ligne continue) pour deux conditions initiales (bleu et noir).

Le cas présenté sur la figure 3.8 où s est linéarisé pour tous temps n'est pas toujours valable (cf. figure 3.6). Nous illustrons ce cas sur la figure 3.9, pour deux conditions initiales différentes.

Ici la commande "linéarisante" ne garantit plus que s suit une dynamique de premier ordre du fait de la nécessaire positivité de la commande. En effet sur chacun des deux cas, la commande est saturée à 0 pour les temps petits. Malgré cette saturation, dans les deux cas la convergence de s vers s^* reste plus rapide sous commande "linéarisante" que sous la commande (3.5). Ce résultat semble vrai pour toutes conditions initiales $s(0) < s_{in}$. On ne peut toujours pas conclure sur la convergence de x .

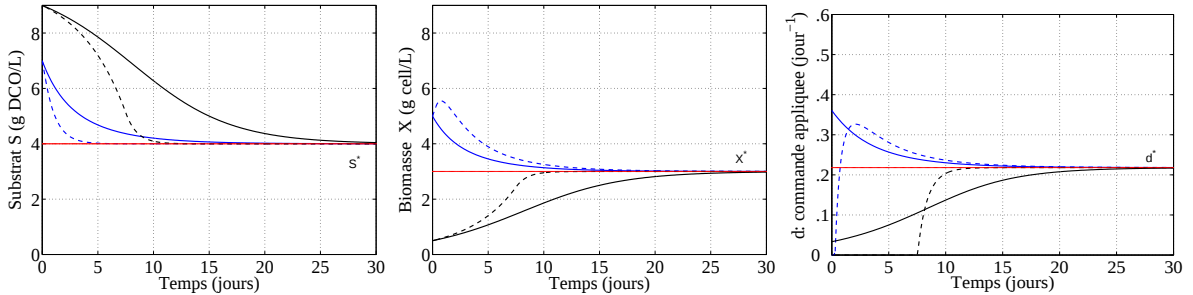


FIG. 3.9 Simulation comparative entre la commande linéarisante (3.9) saturant à zéro (pointillés) et la commande (3.5) (ligne continue) pour deux conditions initiales.

Nous simulons sur la figure 3.10 un cas où la condition initiale en substrat $s(0)$ est supérieure à s_{in} . Pour rejoindre la consigne $s^* < s_{in}$, les trajectoires passent obligatoirement par une singularité de la commande linéarisante (3.9) en s_{in} . Nous proposons de nous affranchir de ce problème en saturant la valeur de la commande à $d_{max} > 0$. Nous présentons sur la figure 3.10 deux cas pour la même condition initiale avec $d_{max} = 1$ en bleu et $d_{max} = 2$ en noir.

Notons que de façon assez paradoxale, plus on s'éloigne de la valeur théorique donnée par la loi de commande linéarisante (*i.e.* plus d_{max} est petit) plus s converge rapidement vers la consigne. On peut l'expliquer par le fait qu'un fort d entraîne un lessivage important de la biomasse, déstabilisant le système (la biomasse met beaucoup de temps à se reconstituer). Ceci est aussi confirmé par une analyse lent-rapide du système en $s = s_{in}$ avec $d = +\infty$: la vitesse $\dot{s}$ reste finie alors que la vitesse $\dot{x}$

vaut moins l’infini, entraînant la convergence de x vers 0 avant que s devienne inférieur à s_{in} .

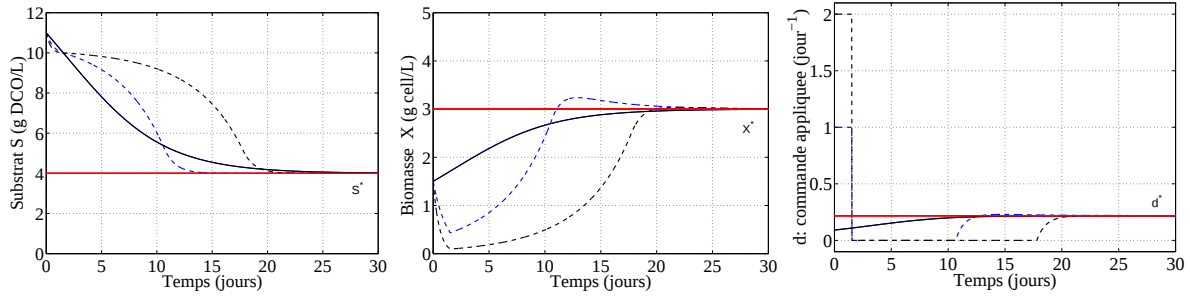


FIG. 3.10 Simulation comparative entre la commande linéarisante saturant à 0 et d_{max} (pointillés) et la commande (3.5) (continue) pour $d_{max} = 1$ (bleu) et $d_{max} = 2$ (noir).

Nous pouvons aussi remarquer que, pour ce type de conditions initiales, la convergence de s vers la consigne est bien meilleure avec la loi (3.5) qu’avec la commande linéarisante saturée. Enfin la dynamique de s est très loin du premier ordre *a priori* prévu par la commande linéarisante.

Cas de la Régulation de la Biomasse

La comparaison entre la loi de commande (3.5) et la commande linéarisante pour la régulation de la biomasse (3.12), est plus flatteuse pour notre approche que le cas de la régulation du substrat. En effet, la commande (3.5) ramène l’état à une consigne choisie de façon globale, ce qui n’est pas le cas de la commande linéarisante (3.12). Ceci est toujours dû à la nécessaire positivité de la commande (*cf.* figure 3.7).

Cependant, *localement* autour de la consigne à atteindre, la commande linéarisante assure la convergence de x vers la consigne x^* , à la vitesse λ choisie. Localement, la convergence sera donc (si $\lambda > d^*$) meilleure sous commande linéarisante (3.12) que sous la commande (3.5). Nous illustrons ce phénomène sur la figure 3.11 avec $x^* = 3$ et $\lambda = 1$.

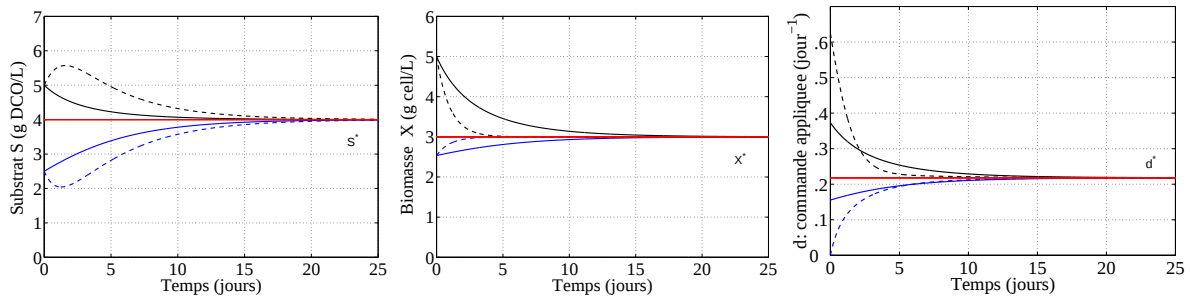


FIG. 3.11 Simulation comparative “locale” entre la commande linéarisante (pointillés) et la commande (3.5) (ligne continue) pour deux conditions initiales (bleu et noir)

Notons que pour les mêmes raisons que pour la régulation du substrat, la rapidité de la convergence de x sur la figure 3.11 avec la commande linéarisante se paye directement sur la convergence de s qui est nettement moins rapide qu’avec notre commande (3.5).

Cependant, la saturation de la commande linéarisante à zéro est susceptible d'altérer la dynamique de x et, suivant les cas, ramène ou non l'état vers l'équilibre correspondant à x^* . C'est ce que nous illustrons sur la figure 3.12. Nous y montrons deux cas différents, l'un, en bleu, où la commande (3.12) ramène l'état à la consigne x^* , mais sans garantir une dynamique linéaire de x , et l'autre, en noir, où la commande "linéarisante" reste saturée à zéro, pour tous temps, ne permettant donc pas à x de rejoindre sa consigne.

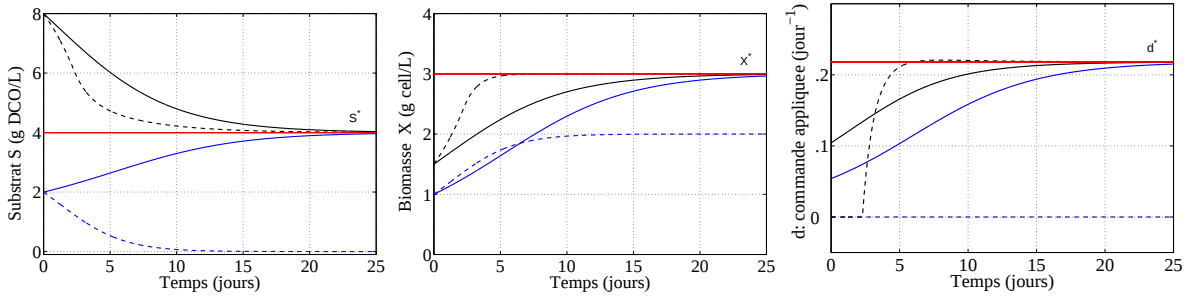


FIG. 3.12 Simulation comparative entre la commande linéarisante saturant à 0 (pointillés) et la commande (3.5) (ligne continue) pour deux conditions initiales. La régulation fonctionne (en noir) ou ne fonctionne pas (en bleu).

Devant ces incertitudes concernant la convergence ou non de l'état vers l'équilibre consigne suivant les conditions initiales, il semble, dans le cas de la régulation de la biomasse, préférable de choisir une commande de type (3.5) plutôt qu'une commande de type linéarisante.

3.4.3 Remarques

Au cours de cette section nous avons effectué une comparaison, au niveau analytique et simulateur, entre une loi de commande de type linéarisant et notre approche en vue du contrôle d'un bioréacteur mono-espèce.

Au delà des problèmes induits par la formulation analytique complexe des commandes linéarisantes, nécessitant notamment une *connaissance très précise de la formulation analytique du modèle*, il s'avère que les commandes linéarisantes ne sont que *localement linéarisantes*. Ce caractère local provient de la nature contrainte de la commande qui dans le cas étudié, comme souvent dans les systèmes biologiques, est nécessairement positive.

Suivant la variable à réguler (ici s ou x), cette positivité de la commande permet ou non d'assurer une convergence globale de l'état vers l'équilibre fortement positif correspondant à la consigne. Ainsi, dans le cas de la régulation du substrat, la convergence asymptotique de l'état vers la consigne est assurée dans la zone $s < s_{in}$, mais pas la dynamique linéaire. Dans la zone $s \geq s_{in}$, la singularité $d = +\infty$ en $s = s_{in}$ est contournée en saturant la commande à d_{max} , ce qui ne modifie pas la convergence asymptotique, mais ralentit beaucoup la vitesse de convergence. La commande linéarisante s'avère beaucoup moins efficace dans le cas de la régulation de la biomasse: pour un ensemble de mesure non-nulle de conditions initiales (donc probable), la commande linéarisante ne fonctionne pas: les trajectoires initialisées dans cet ensemble ne convergent pas vers l'équilibre fortement positif correspondant à la consigne x^* .

Par rapport à ces inconvénients, la commande (3.5) de proposition 3.1, en dépit d’une convergence locale moins rapide et non réglable, a plusieurs avantages intéressants:

- la convergence du système est *véritablement globale* sur tout l’orthant $\mathbb{R}_{+*}^2$.
- la commande n’est jamais contrainte à zéro, ce qui évite les cas imprévus.
- la connaissance précise de la forme analytique du modèle, notamment de la cinétique $r(\cdot)$ n’est pas requise.
- la convergence des trajectoires est exponentielle (pour un compact de conditions initiales) et ces trajectoires vérifient l’encadrement suivant:

$$\forall T \geq 0, \forall t \geq T, s(t) \in (s^*, s(T)) \text{ et } x(t) \in (x^*, x(T))$$

i.e. les trajectoires ne peuvent que se rapprocher de l’équilibre consigne

La convergence globale assurée et la robustesse structurelle de la loi de commande (3.5) compensent à notre sens largement la vitesse de convergence moindre du système contrôlé. Il s’agit dans tous les cas d’un choix à faire entre rapidité de convergence (commande linéarisante) et sûreté de fonctionnement (commande (3.5)).

Conclusion

Au cours de ce chapitre nous avons proposé un modèle relativement classique d’un bioréacteur en mode continu dans lequel se développe une espèce de micro-organismes consommant des nutriments et synthétisant des produits. Ce modèle tient aussi compte des éventuels effets catalyseurs ou inhibiteurs induits par la présence de composés chimiques non-consommés par la biomasse.

Nous avons mis en évidence, sur deux cas particuliers issus de la littérature, la très forte influence de l’expression analytique de la vitesse de la bioréaction sur le comportement dynamique du procédé.

Afin de stabiliser globalement le modèle de bioréacteur mono-espèce, indépendamment de l’expression analytique de la vitesse de la bioréaction, nous avons appliqué les résultats préalablement développés au chapitre 2. Un exemple simulateur sur un modèle très simple d’un procédé anaérobie de traitement des eaux justifie la pertinence de notre approche au travers d’une comparaison entre le procédé en boucle ouverte et avec notre stratégie de commande. Ces travaux font pour partie l’objet d’une publication [88], reproduite dans l’annexe page 195 et suivantes.

Enfin, nous avons conclu ce chapitre par une comparaison entre notre approche et l’une des méthodes théoriques les plus proposées dans la littérature pour le contrôle des bioprocédés continus: les commandes linéarisantes. La confrontation entre les deux approches s’avère difficile, chacune ayant ses avantages. Cependant, si la performance en vitesse de convergence est à mettre au profit de la commande linéarisante, la commande (3.5) a l’intérêt d’assurer une convergence véritablement globale, de requérir nettement moins d’informations sur le modèle et d’éviter les problèmes posés par les singularités de la commande (en $d = 0$ et $d = +\infty$).

La loi de commande (3.5) présente aussi d’autres avantages. En effet, comme nous l’avons déjà noté, le modèle (3.2) proposé ici n’est qu’une première approximation d’une bioréaction bien plus complexe (pouvant *e.g.* mettre en jeu plusieurs espèces) accomplie par la biomasse totale pour s’accroître.

C'est notamment le cas de la culture du phytoplancton en chemostat ou des procédés de fermentation anaérobie pour lesquels des modèles plus complexes, mais plus proches de la réalité des processus biologiques, ont été développés [30, 14]. Nous nous attelons maintenant à l'analyse des conséquences de notre approche sur ces modèles plus réalistes et nous montrons que les résultats de convergence globale persistent.

Chapitre 4

Premières Extensions: Applications à des Modèles plus Réalistes

Contenu du chapitre

Introduction	124
4.1 La Croissance d'Algues Phytoplanktoniques	124
4.1.1 Le Modèle de Droop	125
4.1.2 Motivation	127
4.1.3 Contrôle des Cultures Phytoplanktoniques en Chemostat	128
4.1.4 Simulations	129
4.2 La Fermentation Anaérobie	132
4.2.1 Description de la Biologie de la Fermentation Anaérobie	132
4.2.2 Le Modèle du Fermenteur Anaérobie	133
4.2.3 Lien Modèle Simple (3.8) / Modèle plus Complexe (4.5)	134
4.2.4 Contrôle du Fermenteur Anaérobie	135
4.2.5 Résultats Expérimentaux	135
Conclusion	137

Introduction

Nous avons proposé au chapitre précédent un modèle très général de croissance d'une espèce de micro-organismes en bioréacteur continu. Si ce modèle a été validé pour un nombre conséquent d'espèces [10, 127] et reste souvent une bonne approximation de la réalité biologique, certains auteurs comme M. R. Droop l'ont mis en défaut lors d'expériences sur certaines algues phytoplanctoniques, notamment *Monochrysis lutheri* confrontée à une limitation en vitamine B12. Droop identifie ainsi un processus de stockage de substrat dans ces algues phytoplanctoniques et développe un modèle empirique du taux de croissance de cette espèce d'algue [30]. D'autres auteurs s'emparent de cette thématique et proposent le même type de modèles pour d'autres espèces *cf.* [101]. Citons par exemple les travaux de O. Bernard qui, suivant aussi une approche basée sur des résultats expérimentaux, met en évidence le même type de phénomène sur l'algue phytoplanctonique *Dunaliella tertiolecta* soumise à une limitation en nitrate [13]. Dans des travaux plus récents, V. Lemesle justifie, cette fois ci par une approche mécaniste, les équations proposées par Droop [73], travaux à rapprocher de ceux de Kooijman [66].

Cette inadéquation entre réalité expérimentale et description d'un processus biologique par un modèle simple de type (3.2) n'est pas uniquement le propre des algues phytoplanctoniques. La fermentation anaérobie, dont le modèle "historique" proposé et validé par S.P. Graef et J.F. Andrews [40] (reproduit page 110) est du type (3.2), a ainsi donné lieu à de nombreux modèles plus détaillés, censés représenter plus fidèlement la réalité du processus biologique [98, 46, 11, 57]. Ces modèles, de complexité croissante, posent rapidement d'évidents problèmes de validation dûs au nombre impressionnant de degrés de liberté dont ils disposent (pour mémoire le modèle de [57] comporte 26 variables d'état et plus de 80 paramètres). Pour contourner ce problème certains auteurs développent des modèles de complexité intermédiaire, plus faciles à valider ou invalider que les modèles très complexes, mais plus descriptifs de la réalité biologique que les modèles trop simples du type (3.2). C'est notamment le cas des travaux de O. Bernard *et al.* qui proposent un modèle de dimension réduite (6 variables d'état) et le valident sur un large ensemble de données [14].

Notre problématique dans ce chapitre est de vérifier théoriquement la *robustesse au modèle* des stratégies de commande proposées au chapitre 2 en utilisant l'approche suggérée par le théorème 2.12, section 2.4.3 page 85. Plus précisément nous analysons les effets d'une commande du type (3.5) page 106, sur le modèle de Droop et sur le modèle de fermentation anaérobie proposé dans [14] et nous montrons que, théoriquement, la démarche reste valable pour ces modèles. La validité de nos résultats qui persiste sur des modèles plus représentatifs de la réalité nous conforte dans l'idée que notre démarche fournit une stratégie intéressante pour le contrôle d'installations réelles. Ceci est aussi confirmé par des expériences réalisées sur un procédé de fermentation anaérobie, mis à notre disposition par J.P. Steyer du Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE) de l'INRA (Narbonne), expériences qui valident notre approche sur un bioprocédé réel.

4.1 La Croissance d'Algues Phytoplanctoniques

Dans cette section, nous rappelons tout d'abord les expériences qui ont conduit Droop à formuler un modèle plus complexe que le modèle de type Monod (*i.e.* modèle de type (3.2)). Nous donnons

ensuite les équations de ce modèle ainsi que les résultats mathématiques existants sur le comportement dynamique généré par celui-ci.

Après avoir justifié sur des résultats expérimentaux la nécessité de mettre en œuvre des procédures de contrôle, nous montrons que les stratégies proposées au chapitre 2 restent valables. Nous illustrons cette section sur une comparaison en simulations entre le chemostat contrôlé et en boucle ouverte.

Les travaux introduits dans cette section ont été publiés dans [89], article reproduit dans l'annexe page 195 et suivantes. Les résultats ne seront donc pas redémontrés ici.

4.1.1 Le Modèle de Droop

Dans le courant des années soixante, M.R. Droop, étudiant la croissance d'algues phytoplanctoniques au laboratoire, notamment *Monochrysis lutheri*, propose une description de sa croissance [30] qui s'avère en contradiction avec les résultats prédits par le modèle de Monod, différence qu'il analysera par la suite [31].

La figure 4.1 est bien représentative de cette différence. Il s'agit d'une expérience menée en chemostat en mode batch (*i.e.* $d = 0$), sur *Chlamydomonas reinhardtii* soumise à une limitation en azote, par Cunningham [24]. La différence avec le modèle de Monod est claire: celui-ci prédit en effet que, pour $d = 0$, et lorsque tout le substrat limitant est consommé, la biomasse s'arrête de grandir. On peut constater qu'ici la biomasse continue de croître alors que le substrat est déjà totalement consommé.

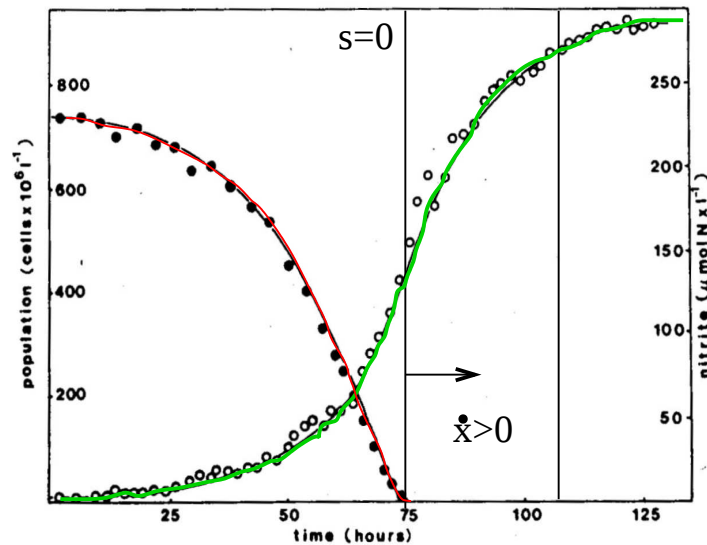


FIG. 4.1 *Expérience en chemostat batch: mise en évidence d'un phénomène de stockage intracellulaire du substrat dans Chlamydomonas reinhardtii. Substrat limitant (en rouge), biomasse phytoplanctonique (en vert). Figure reproduite depuis [101].*

Pour tenir compte de ce délai entre disparition du substrat et arrêt de la croissance de la biomasse dans un modèle, deux approches sont possibles: soit le substrat est ingéré puis utilisé pour la croissance après un certain temps (modèle avec retard [20, 127]) soit il est ingéré puis stocké pour être réutilisé

pour la croissance (le phénomène de “retard” est alors modélisé par un intégrateur non-linéaire [30, 19]).

La démarche proposée par Droop suit la deuxième approche: il propose de tenir compte des phénomènes de stockage des éléments nutritifs dans les cellules phytoplanctoniques en introduisant une nouvelle variable, le quota interne q en élément limitant: la quantité de nutriment intracellulaire par unité de biomasse (*i.e.* par cellule). Il formule ainsi sur la base de ses expériences un taux de croissance par unité de biomasse dépendant uniquement de ce quota limitant. Cette fonction est de type Monod, mais décalée: la biomasse ne croît que pour un quota interne supérieur à un quota minimum $q_m > 0$.

Ces travaux donnent lieu au “modèle de Droop”, en réalité formulé par Burmaster [19], pour rendre compte de la croissance d’algues phytoplanctoniques en chemostat. Les équations du modèle sont les suivantes, avec s la concentration en substrat limitant, (qx) la concentration totale en élément limitant intracellulaire et x la concentration en biomasse:

$$\begin{cases} \dot{s} = d(s_{in} - s) - r_1(.) \\ \dot{(qx)} = r_1(.) - d(qx) \\ \dot{x} = r_2(.) - dx \end{cases} \quad (4.1)$$

Avec $r_1(.) = \rho(s)x$ la vitesse d’absorption du substrat $\rho(.)$ étant de type Monod et, $r_2(.) = \mu(q)x$ la vitesse de croissance de la biomasse $\mu(.)$ étant la fonction proposée par Droop, représentée sur la figure 4.2.

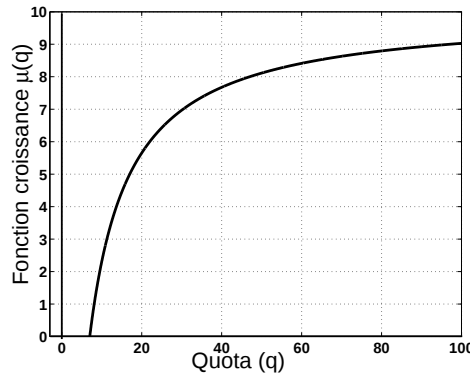


FIG. 4.2 Taux de croissance dépendant du quota interne q proposé par Droop [30].

Ce modèle peut se réécrire sous une forme légèrement différente en utilisant la première intégrale de Burmaster [19]: $z = s + qx$ qui représente la quantité totale de substrat (extra et intracellulaire) par unité de volume. C’est cette forme que l’on utilisera pour la suite:

$$\begin{cases} \dot{s} = d(s_{in} - s) - \rho(s)x \\ \dot{z} = d(s_{in} - z) \\ \dot{x} = \mu(q)x - dx \end{cases} \quad (4.2)$$

Le modèle de Droop a été bien étudié par Lange et Oyarzun [70, 103] avec les expressions analytiques des taux $\rho(.)$ et $\mu(.)$ proposées dans [19], mais aussi avec des expressions “qualitatives”: $\rho(.)$ fonction croissante majorée de s nulle en 0 et $\mu(.)$ fonction croissante majorée de q nulle en $q_m > 0$. Leurs

conclusions sont similaires dans les deux cas: si d n'est pas trop important, il existe un unique équilibre fortement positif globalement asymptotiquement stable sur l'ensemble $x > 0$ et $q > q_m$.

Nous supposons pour la suite uniquement que $\rho(\cdot)$ est une fonction croissante majorée de s nulle en 0 et que la vitesse de croissance de la biomasse $r_2(\cdot)$ est strictement positive si $q > q_m$ et $x > 0$.

4.1.2 Motivation

Si le chemostat est très utilisé par les biologistes pour l'étude au laboratoire des algues phytoplanctoniques, les expériences menées ne couvrent généralement pas toute la plage d'utilisation théorique du chemostat. En effet il y a théoriquement, à l'équilibre, une coexistence possible entre biomasse et nutriment limitant sur une plage assez large: élément très limitant à peu limitant. Le choix de la concentration en élément limitant s'effectuant par un choix judicieux du taux de dilution.

Dans la pratique, afin d'éviter à tout prix le lessivage de la biomasse (qui conduirait à recommencer l'expérience depuis le début, ce qui est fort coûteux tant en temps qu'en matériel), les biologistes se cantonnent à des expériences menées avec des taux de dilution assez faibles ce qui impose qu'à l'équilibre le substrat est toujours très limitant, allant en dessous du seuil de détection des capteurs utilisés. C'est ce que nous illustrons sur la figure 4.3 qui reproduit une expérience typique menée par L. Pawlowski à l'Observatoire Océanologique de Villefranche sur Mer (CNRS).

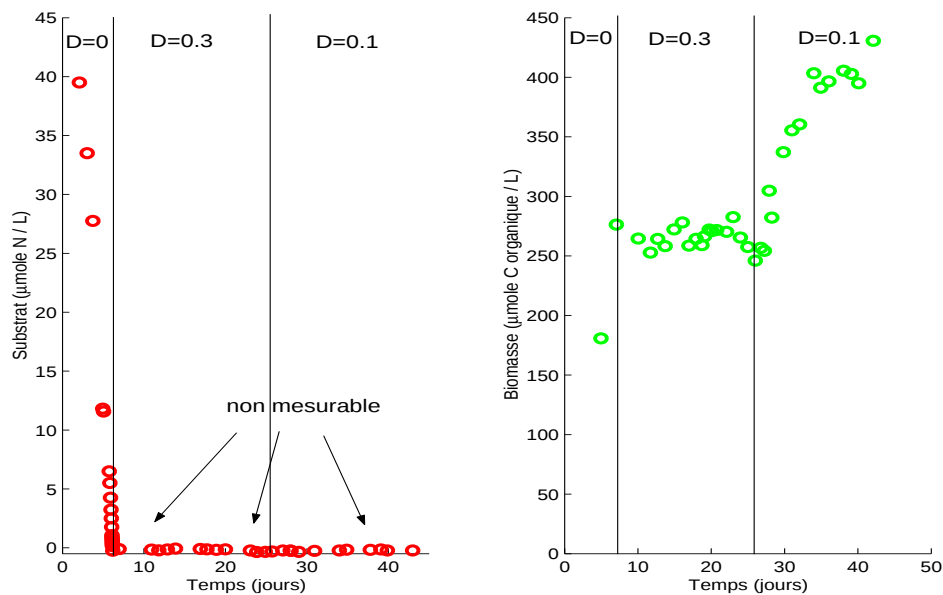


FIG. 4.3 *Expérience typique sur la croissance d'algues phytoplanctoniques en chemostat.*

La concentration en éléments nutritifs, et spécialement en nitrates, est faible dans une grande partie des océans, notamment dans la partie haute de la colonne d'eau où se développe le phytoplancton. Les expériences menées en chemostat sont donc bien représentatives de la croissance phytoplanctonique pour une bonne part des conditions rencontrées dans les océans.

Certaines zones (upwellings provoquant une remontée des eaux profondes, estuaires, zones côtières

...) présentent cependant des concentrations bien supérieures à celles habituellement reproduites en chemostat. Ces zones riches en nitrates sont propices aux “blooms” algaux (marées vertes, rouges ou blanches: développement rapide d’une espèce planctonique cf. figure 4.4). Ces blooms sont souvent néfastes au reste de l’écosystème local et restent encore relativement mal expliqués aujourd’hui. Ainsi, si ces conditions environnementales sont très difficiles à reproduire à l’aide du chemostat dans des conditions opératoires classiques, elles n’en sont pas moins intéressantes.



FIG. 4.4 Photographies (sans trucage, dans le domaine visible) de blooms algaux. À gauche une “marée verte” (Bretagne) due à un bloom de plancton chlorophyllien. Au milieu une “marée rouge” due à un bloom de dinoflagellés. À droite une “marée blanche”, vue depuis l’espace, due à un bloom d’haptophytes.

Nous proposons ici un protocole (contrôle du chemostat) permettant de maintenir tous les types de concentration du milieu en substrat tout en garantissant la pérennité de la culture (pas de lessivage).

4.1.3 Contrôle des Cultures Phytoplanctoniques en Chemostat

Le contrôle, suivant la même approche que celle présentée dans les chapitres précédents, nécessite au préalable la définition des sorties utilisées ainsi que la variable de commande. Comme précédemment nous supposons que nous mesurons l’activité de la biomasse $r_2(\cdot)$ ainsi que pour la commande adaptative la biomasse x elle-même. D’autre part, nous supposons que nous pouvons manipuler la dilution d .

Proposition 4.1

La loi de commande:

$$d(\cdot) = \gamma r_2(\cdot) = \gamma \mu(q)x \quad \text{avec} \quad \gamma > \frac{q_m}{s_{in}}$$

stabilise globalement asymptotiquement le modèle de Droop (4.1) vers un unique équilibre tel que: $s^* > 0$, $q^* > q_m$ et $x^* > 0$. Cet équilibre est réglable par un choix judicieux de γ .

Preuve :

La preuve est effectuée selon le principe proposé dans la section 2.4.3 du chapitre 2. Elle est écrite dans [89] reproduit dans l’annexe page 195 et suivantes. Notons que cette preuve ne requiert pas les formes analytiques des fonctions de croissance. $\square$

Proposition 4.2

La loi de commande:

$$\begin{cases} d(.) = \gamma(t)r_2(.) \\ \dot{\gamma} = Kr_2.(x - x^*)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma) \end{cases}$$

Avec: $K > 0$, $\gamma(0) \in]\gamma_m, \gamma_M[$ et:

$$0 < \frac{q_m}{s_{in}} < \gamma_m < \frac{1}{x^*} < \gamma_M$$

stabilise globalement asymptotiquement le modèle de Droop (4.1) vers un unique équilibre correspondant à la consigne x^* .

Preuve :

La preuve se déduit facilement de la proposition 4.1, en suivant une argumentation maintenant classique du type de celle présentée dans la section 2.3 du chapitre 2. $\square$

Bien que le modèle de Droop soit plus complexe que le modèle (3.2) et qu'il ne rentre pas dans le cadre des systèmes étudiés au chapitre 2, les stratégies de commande que nous avons proposées restent malgré tout valables.

4.1.4 Simulations

Dans un premier temps nous illustrons les problèmes posés par le chemostat pour de forts taux de dilution, c'est à dire dans des conditions représentatives d'un milieu riche en substrat. Ces simulations nous permettent de comprendre la réticence des biologistes à faire fonctionner le chemostat dans de telles conditions.

Dans ce but nous choisissons un scenario de protocole expérimental des plus réalistes que nous explicitons ci-dessous. Dans un second temps nous montrons, sur ce même scénario, l'intérêt de contrôler le chemostat si l'on cherche à obtenir, à l'équilibre, un milieu riche en nutriments.

L'un des principaux problèmes rencontrés dans la conduite d'expériences en chemostat est le "stress" des algues lorsqu'elles sont confrontées à des conditions environnementales fluctuantes. Ce stress se caractérise par une baisse de la vitesse de croissance de la biomasse ce qui peut entraîner le lessivage de la biomasse.

Le milieu entrant dans le chemostat est régulièrement renouvelé pour des raisons évidentes: le flux entrant provient d'un récipient dans lequel on puise le liquide; ce récipient a un volume important mais la durée des expériences (*cf.* figure 4.3) nécessite de le renouveler régulièrement (en pratique celui-ci est remplacé chaque semaine). Les différents milieux entrant dans le chemostat sont majoritairement identiques à de petites variations près. Ces petites variations entraînent un stress des algues confrontées à des conditions environnementales différentes, qui se produira alors cycliquement chaque semaine.

Remarque — Notons ici que ce n'est pas le seul type de stress possible: les variations de température ou de lumière ont le même impact. Ces conditions sont cependant bien mieux contrôlées et ces types de stress moins fréquents *cf.* [13].

Nous proposons de modéliser, de manière artificielle et assez grossière, ce stress cyclique par une modulation de vitesse de croissance algale par une fonction $\kappa(t)$ définie pour $t \in [0,7]$ modulo 7 jours. Nous choisissons la forme présentée sur la figure 4.5 pour $\kappa(t)$. Ce choix a juste une valeur d'exemple et est très caricatural.

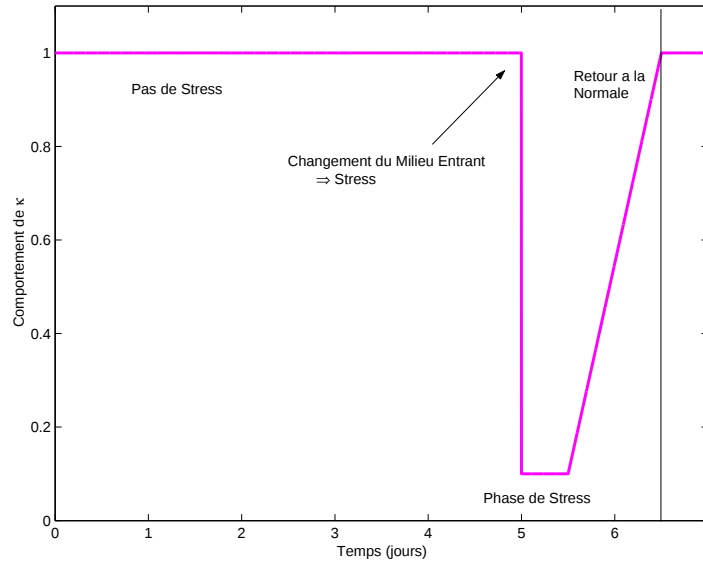


FIG. 4.5 *Fonction $\kappa(t)$ modulant la vitesse de croissance $r_2(\cdot)$ modélisant le stress des algues dû au renouvellement hebdomadaire du milieu entrant. Fort stress pendant la demi-journée consécutive au renouvellement du milieu entrant, retour progressif à la normale pendant la demi-journée suivante.*

Des expériences effectuées pour un d constant (*i.e.* chemostat non contrôlé) donneraient alors des résultats du type de ceux présentés sur la figure 4.6. Les paramètres choisis pour les simulations du modèle de Droop sont ceux identifiés par O. Bernard pour *Dunaliella tertiolecta* [13]. Nous avons choisis ici un taux de dilution relativement important ($d = 1,25 \text{ jour}^{-1}$) mais garantissant cependant l'existence d'un équilibre de fonctionnement si les algues n'étaient pas stressées.

Notre stratégie de commande prouve tout son intérêt dans cette situation, ce que nous présentons sur la figure 4.7. En dépit du stress algal, la population d'algues phytoplanctoniques est maintenue à une concentration constante strictement positive, et empêche donc le lessivage de la biomasse.

Ces simulations paraissent ainsi valider l'approche proposée sur un cas très proche de la réalité d'une expérience de laboratoire. Cette approche n'a cependant pas pour l'instant pu être testée expérimentalement sur un chemostat.

Le Laboratoire Océanologique de Villefranche sur Mer (LOV) dispose d'un chemostat très instrumenté disposant de nombreux capteurs et actionneurs. Ces équipements permettent notamment d'obtenir des mesures régulières de la concentration en biomasse et de son activité ainsi que la maîtrise de la dilution appliquée. Cette installation expérimentale est ainsi pourvue de toute la technologie requise pour tester la validité des stratégies proposées et des tests expérimentaux devraient être prochainement effectués au LOV.

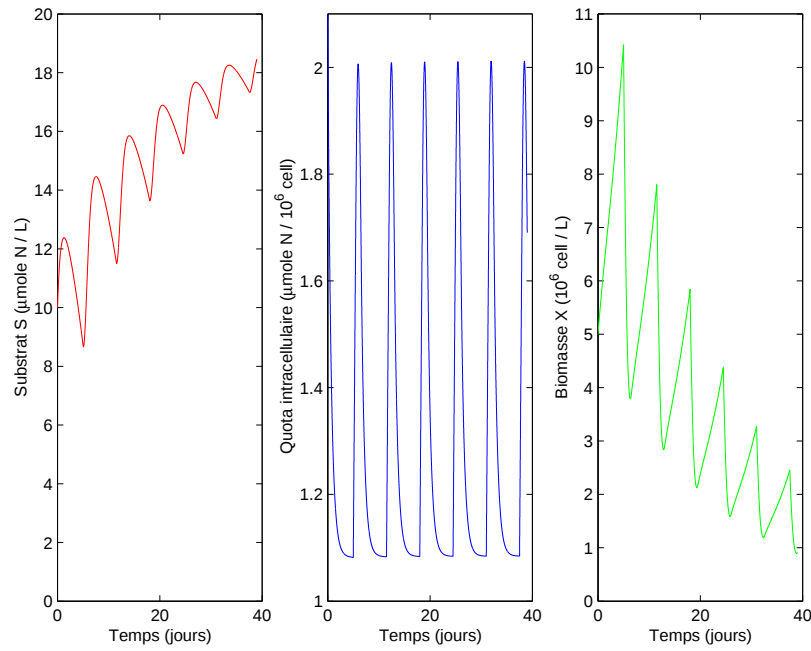


FIG. 4.6 *Expérience simulée avec des algues stressées à cause du renouvellement hebdomadaire du milieu entrant pour une dilution constante $d = 1.25 \text{ j}^{-1}$: lessivage de la biomasse phytoplanctonique.*

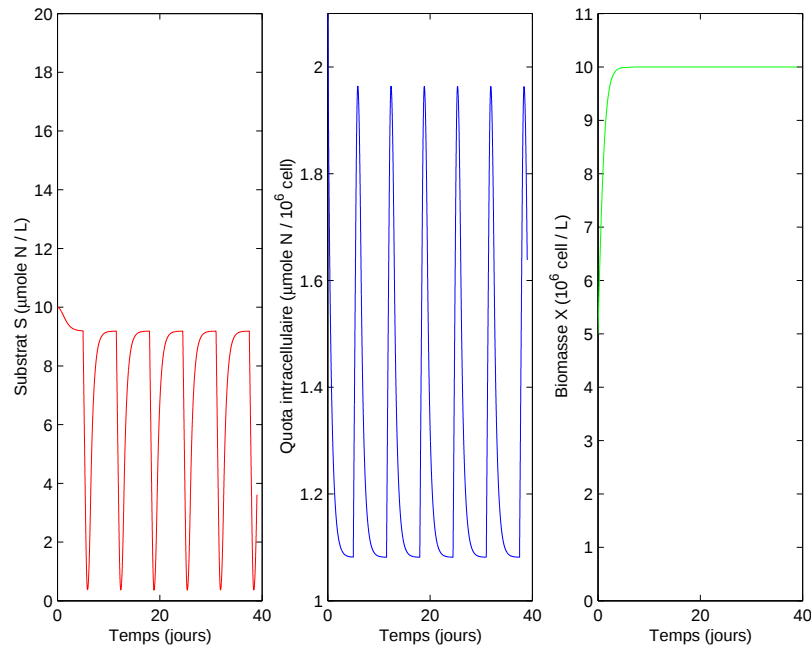


FIG. 4.7 *Expérience simulée d'un chemostat contrôlé avec des algues stressées à cause du renouvellement hebdomadaire du milieu entrant: maintien d'une population viable dans le chemostat en dépit du stress algal.*

4.2 La Fermentation Anaérobie

Les travaux introduits dans cette section ont été publiés dans des actes de conférences [83, 84, 85]. Certains ont donné lieu à publications dans un journal sur les biotechnologies [87], et dans un journal d'automatique [86] qui sont tous deux reproduits dans l'annexe page 195 et suivantes. Les résultats rappelés ici ne seront donc pas redémontrés, d'autant plus qu'il s'agit d'un cas particulier de l'étude que nous mènerons au chapitre 5.

Nous avons rappelé au cours du chapitre précédent le premier modèle proposé par Graef et Andrews [40, 8] pour décrire les dynamiques des fermenteurs anaérobies. Ce modèle, trop simpliste, a par la suite motivé nombre de recherches donnant ainsi lieu à des modèles censés représenter de plus en plus fidèlement la réalité du processus biologique [98, 46, 11, 57]. Le nombre impressionnant de paramètres, donc de degrés de liberté, de certains modèles implique alors d'énormes difficultés de validation expérimentale.

Pour pallier ce type de problèmes, certains travaux se concentrent sur des modèles de complexité intermédiaire, plus représentatifs de la biologie que le modèle (3.8) mais de taille relativement raisonnable, donc plus à même d'être validés expérimentalement. Nous choisissons plus précisément l'approche retenue par O. Bernard [14] qui prend explicitement le parti de décrire de façon relativement simple la biologie mise en œuvre dans les procédés de fermentation anaérobie.

Le modèle que nous présentons dans cette section a été identifié et validé sur le fermenteur anaérobie à lit fixe pilote du Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE) de l'INRA à Narbonne [14]. On trouvera une description complète de l'installation et de ses nombreux capteurs et actionneurs dans [131]. Il convient juste de retenir que ce fermenteur est pourvu de tous les capteurs fournissant les mesures requises par les lois de commandes et que la dilution est réglée par l'intermédiaire d'une pompe. Tous les capteurs et actionneurs sont reliés à une unité micro-informatique qui permet le calcul, en ligne et à partir des mesures, de la commande à appliquer. C'est aussi sur cette installation que nous avons pu tester expérimentalement notre approche pour le contrôle de fermenteurs anaérobie. Nous présentons ces résultats expérimentaux à la fin de cette section.

4.2.1 Description de la Biologie de la Fermentation Anaérobie

Le parti pris de la modélisation présentée ici consiste en la description de la communauté bactérienne complexe réalisant la fermentation anaérobie en deux grandes familles bactériennes réalisant deux bioréactions successives ou "en cascade". Nous conserverons cette deuxième terminologie par la suite. Les composés organiques polluants sont eux mêmes classifiés en deux catégories: les substrats organiques complexes (S_1) et les acides gras volatils (S_2).

La première communauté bactérienne (X_1 dite acidogène) réalise une bioréaction d'acidogénèse: elle consomme les substrats organiques les plus gros et les plus polluants S_1 pour grandir; les résidus (ou produits) de cette bioréaction sont les acides gras volatils S_2 moins polluants et du dioxyde de carbone CO_2 . Les acides gras volatils S_2 sont eux mêmes consommés par la seconde communauté bactérienne (X_2 dite méthanogène) pour grandir; elle produit du CO_2 et du méthane CH_4 .

Nous pouvons résumer cette bioréaction complexe par les deux bioréactions simples (*i.e.* de type (3.1)) en cascade:

Réaction d'acidogénèse:



Réaction de méthanogénèse:



Les hypothèses que nous faisons sur les termes chargés de décrire les vitesses de réaction $r_i(.)$ seront précisés par la suite.

4.2.2 Le Modèle du Fermenteur Anaérobie

En suivant exactement la même méthodologie que celle présentée à la section 3.1 du chapitre précédent, puisque les composés de type S_1 et de type S_2 sont très peu volatils dans les conditions de température et de pression classiques des fermenteurs anaérobie (*cf.* [14, 81]). Rappelons que les fermenteurs anaérobie sont des bioréacteurs continus; le flux entrant étant composé d'un mélange des substrats S_1 et S_2 aux concentrations $s_{1,in}$ et $s_{2,in}$.

L'analyse des bilans de masse conduit au modèle suivant, décrivant l'évolution temporelle des concentrations des différents constituants S_1 , X_1 , S_2 et X_2 :

$$\begin{cases} \dot{s}_1 = d(s_{1,in} - s_1) - k_1 r_1(.) \\ \dot{x}_1 = r_1(.) - \alpha x_1 \\ \dot{s}_2 = d(s_{2,in} - s_2) + k_2 r_1(.) - k_3 r_2(.) \\ \dot{x}_2 = r_2(.) - \alpha x_2 \end{cases} \quad (4.5)$$

avec d le taux de dilution, $\alpha \in]0, 1]$ le taux de non-fixation des biomasses, les k_i étant les coefficients de rendement des bioréactions (4.3) et (4.4).

Le modèle proposé dans [14] décrit deux variables supplémentaires, la concentration en carbone dissout et l'alcalinité. Si les dynamiques de ces deux variables sont dépendantes des variables décrites dans le modèle (4.5), elles n'influencent pas sur celui-ci; nous ne les considérerons donc pas ici, leur comportement étant entièrement déterminé par le comportement du modèle (4.5) (*cf.* [81]).

Les vitesses $r_1(.)$ et $r_2(.)$ des réactions d'acidogénèse et de méthanogénèse sont modélisées par des taux de réaction par unité de biomasse multipliés par la quantité de biomasse, c'est à dire:

$$r_i(.) = \mu_i(.) x_i$$

Dans [14], les auteurs retiennent pour $\mu_1(.)$ une fonction de type Monod dépendant uniquement de la concentration en substrat s_1 et pour $\mu_2(.)$ une fonction de type Haldane dépendant uniquement de la concentration en substrat s_2 . Une telle modélisation permet ainsi de rendre compte des phénomènes d'inhibition de la croissance de la biomasse méthanogène en présence de fortes concentrations en acides gras volatils S_2 . On retrouve ainsi sur le modèle (4.5) la sensibilité caractéristique de la fermentation anaérobie pour de fortes charges polluantes induisant un risque de lessivage (*cf.* section 3.3.4 du chapitre précédent).

Nous prenons ici des hypothèses moins restrictives sur les vitesses des bioréactions. En suivant l'approche que nous menons dans [86], nous supposons uniquement que, pour $i = 1, 2$, $\mu_i(\cdot)$ est une fonction suffisamment lisse, dépendant de s_i , nulle si $s_i = 0$ et strictement positive si $s_i > 0$ (d'autres grandeurs que s_i peuvent donc influencer μ_i). Ceci implique entre autres que pour un s_i faible, μ_i est une fonction croissante de s_i . Notons que ces hypothèses garantissent la positivité du modèle (4.5).

Comme déjà spécifié dans la section 3.3.4 du chapitre précédent, le méthane produit est, du fait de sa très faible solubilité, essentiellement gazeux: tout le méthane produit par la réaction de méthanogénèse est entièrement évacué dans la phase gazeuse. Les équipements du fermenteur pilote dont dispose le LBE-INRA permettent entre autres de mesurer le flux gazeux sortant du fermenteur ainsi que de doser la proportion de méthane qu'il contient. Cette installation nous permet donc de mesurer en ligne sur le procédé la grandeur suivante:

$$y_1 = Q_{CH_4} = k_6 r_2(\cdot)$$

Notons que les capteurs requis pour obtenir la mesure du flux de méthane sortant sont relativement peu onéreux et donc souvent implémentés sur les fermenteurs anaérobies.

4.2.3 Lien Modèle Simple (3.8) / Modèle plus Complexe (4.5)

Considérons la variable suivante, appelée "matière organique biodégradable totale":

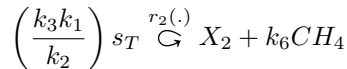
$$s_T = s_1 + \frac{k_1}{k_2} s_2$$

Notons que $\left(\frac{k_1}{k_2} s_2\right)$ correspond à la quantité de substrat s_1 nécessaire pour obtenir par réaction d'acidogénèse totale la quantité d'acides gras volatils s_2 . La définition de s_T est proche de celle de la demande chimique en oxygène totale (DCO, mesure classique de la pollution organique), mais celle-ci est basée sur les rendements chimiques des réactions de combustion des composés organiques polluants. Ici nous utilisons la même approche à ceci près que les coefficients de rendement des réactions biochimiques remplacent les rendements chimiques dans la définition de la matière organique biodégradable totale. On consultera [86, 87] pour plus de détails sur cette notion.

On obtient alors un sous système en s_T et x_2 de type (3.2):

$$\begin{cases} \dot{s}_T = d(s_{T,in} - s_T) - \frac{k_3 k_1}{k_2} r_2(\cdot) \\ \dot{x}_2 = r_2(\cdot) - \alpha d x_2 \end{cases}$$

Ce système correspond à la bioréaction synthétique suivante qui est du type (3.1):



La notion de matière organique biodégradable totale s_T permet en quelque sorte de retrouver l'approximation "macroscopique" de Graef et Andrews [40] décrite dans la section 3.3.4. La matière organique dissoute est ici représentée par s_T et la biomasse "moyenne" ou "limitante" par la communauté bactérienne méthanogène X_2 . Le modèle (4.5) permet donc de retrouver le modèle historique de [40], à la différence notable que la vitesse de la réaction "macroscopique" $r_2(\cdot)$ est influencée par des phénomènes extérieurs (notamment par $s_1(t)$). Cette dépendance envers des phénomènes externes n'est pas décrite dans [40] mais rentre dans le cadre de l'étude menée au chapitre précédent.

4.2.4 Contrôle du Fermenteur Anaérobie

Nous proposons toujours le même type de contrôleurs que ceux présentés au chapitre 2. Dans le déroulement temporel de la thèse, c'est cet exemple que nous avons en premier traité (*cf.* [83]) et dont nous avons par la suite étendu les résultats.

Proposition 4.3

Considérons une consigne s_T^ suffisamment petite. La loi de commande:*

$$d(\cdot) = \frac{k_3 k_1}{k_2(s_{T,in} - s_T^*)} r_2(\cdot) = \frac{k_3 k_1}{k_6 k_2(s_{T,in} - s_T^*)} Q_{CH_4}$$

stabilise globalement asymptotiquement le modèle (4.5) vers un unique équilibre fortement positif correspondant à la consigne s_T^ .*

Preuve :

La preuve est bien détaillée dans [86] reproduit dans l'annexe 195 et suivantes. C'est aussi un cas particulier de l'étude du chapitre 5. $\square$

La nécessité de choisir une consigne en concentration en pollution s_T^* suffisamment petite est essentiellement technique, afin de pouvoir garantir la convergence asymptotique de tout le système contrôlé vers un unique équilibre. Ceci n'est pas très gênant pour l'application pratique: on cherche ici à dépolluer l'eau c'est à dire à garantir une concentration en matière organique biodégradable totale s_T faible. Remarquons tout de même que la preuve garantit la convergence de s_T vers s_T^* tant que cette consigne est plus faible que $s_{T,in}$ (et non suffisamment petite). Cette hypothèse n'est requise que pour montrer la convergence de s_1 vers un unique équilibre s_1^* .

Nous ne présentons pas ici de cas adaptatif la preuve n'étant pas entièrement écrite et relativement technique. Il semble cependant qu'une adaptation "classique" combinée à une mesure de s_T fonctionne sous réserve que la borne minimale du gain de retour de sortie γ_m est strictement plus grande que $\left(\frac{k_3 k_1}{k_6 k_2 s_{T,in}}\right)$ et que γ_M n'est pas trop grand. Il s'agit de conditions nécessaires, rien ne nous permet d'affirmer qu'elles seront suffisantes.

4.2.5 Résultats Expérimentaux

Nous avons réalisé des tests expérimentaux de la loi de commande statique de la proposition 4.3 sur le fermenteur anaérobie à lit fixe du LBE de l'INRA par l'équipe du LBE dirigée par J.P. Steyer. Une commande de type adaptatif n'a pas encore été testée, mais les résultats obtenus jusqu'ici dans le cas statique sont très encourageants.

Les eaux usées traitées par ce procédé proviennent des industries viticoles locales: il s'agit de rejets organiques issus de la vinification, déchets très polluants et difficiles à traiter par des moyens conventionnels (station d'épuration à boues activées...).

Nous présentons sur la figure 4.8 deux comportements transitoires (A et B) du procédé dont la dilution obéit à une loi du type celle de la proposition 4.3. Sont reproduits, la concentration en matière

organique au sein de l'enceinte s_T ainsi que la dilution d appliquée tout au long de ces transitoires. La concentration en biomasse n'est, elle, pas mesurée par les capteurs équipant le fermenteur.

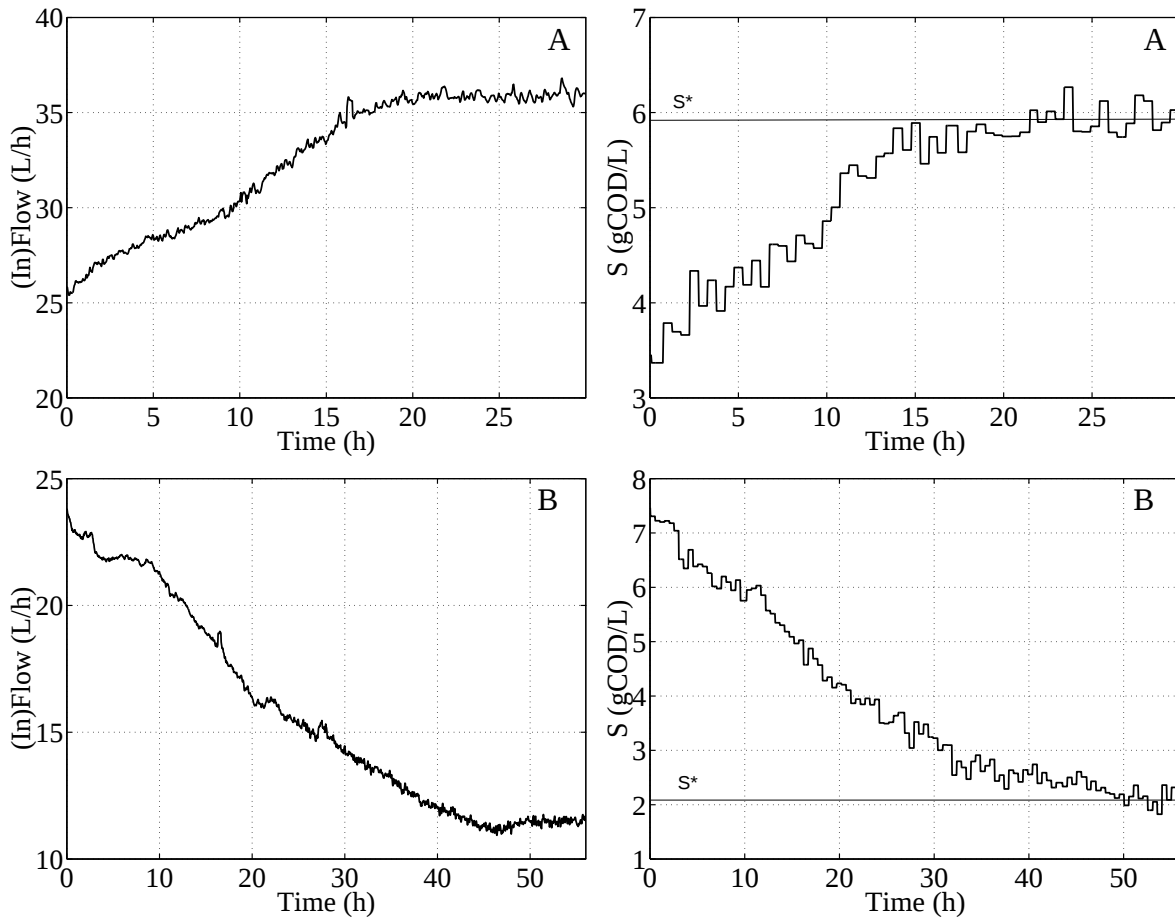


FIG. 4.8 Comportement du flux traversant ($d \times$ volume du réacteur) et de la concentration en pollution s durant deux transitoires: cas A et B

Les deux transitoires représentés correspondent à des valeurs différentes de la consigne s_T^* . Les résultats obtenus sont parfaitement en accord avec le comportement attendu: la charge polluante suit un comportement de type premier ordre dont la vitesse de convergence, tout en restant positive, est variable. Ceci valide donc notre approche dans le cas d'une installation réelle.

Comme souvent lors de la conduite d'expériences au laboratoire, des phénomènes imprévus se sont produits lors des tests conduits.

Ces problèmes techniques permettent parfois de mettre en valeur des comportements, intéressants ou non, qui n'étaient pas initialement prévus. Dans notre cas, les expériences ont permis de constater l'effet bénéfique de la commande proposée par rapport à certains types de pannes.

Un problème technique s'est produit sur le procédé qui a conduit à remplir le fermenteur avec de l'eau pure au lieu d'eau polluée. Ce problème s'est produit pendant que la commande ramenait le procédé vers un nouveau point d'équilibre. Le résultat de cette panne est présenté sur la figure 4.9.

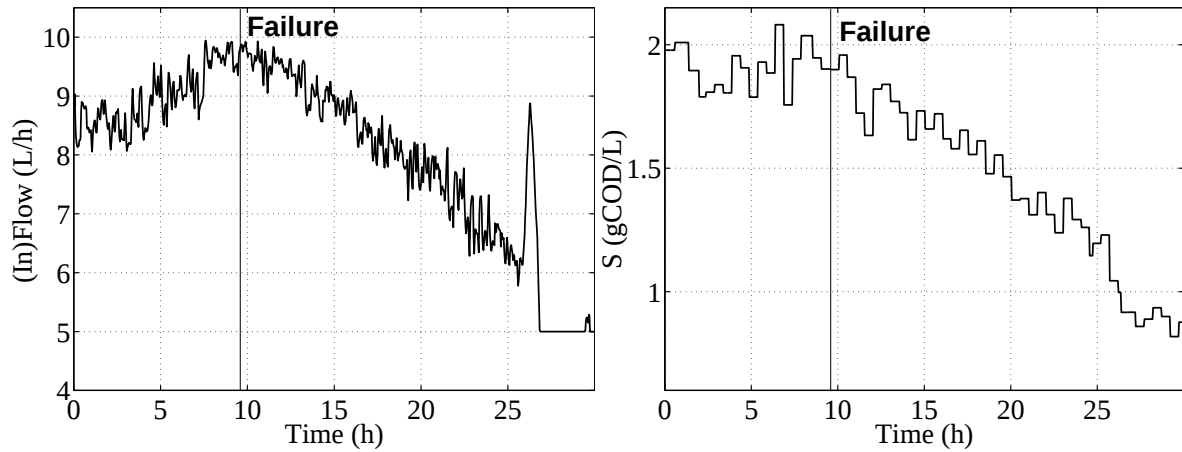


FIG. 4.9 Comportement du flux traversant et de la concentration en pollution s lorsque le fermenteur est nourri à l'eau pure.

La panne (*i.e.* $s_{T,in} = 0$) se produit environ à $t = 9$ heures sur la figure 4.9. Une régulation classique de type proportionnel à l'erreur entre s_T et la consigne s_T^* aurait plutôt tendance, pour compenser la baisse de s_T , à augmenter la dilution afin d'accroître la quantité de matière organique *supposée entrante* $d(s_{T,in} - s_T) > 0$. Dans le cas qui nous occupe cela aurait irrémédiablement conduit au lessivage de la biomasse bactérienne du fait d'une augmentation considérable de la dilution (l'action du régulateur P entraîne ici l'exact contraire de ce qu'il prévoit, celui-ci augmente alors plus encore la dilution).

Ici la réaction de notre loi de commande est beaucoup plus saine: la décroissance de s_T induit une décroissance du débit de méthane émis Q_{CH_4} , qui entraîne une décroissance de la dilution (proportionnelle à ce débit). Ceci conduit le flux traversant le réacteur à sa valeur minimale 5 L/h (contrainte technologique). Il est à noter que dans cet état, le procédé est dans l'état le plus sûr: la biomasse ne peut être lessivée et les opérateurs humains disposent du temps nécessaire pour effectuer les réparations requises.

Notons que ce type de panne est aussi représentatif de l'adjonction dans l'influent d'un composé chimique toxique pour les populations bactériennes présentes dans le réacteur. La loi de commande (3.5) aurait en effet un comportement similaire, conduisant à minimiser l'introduction du toxique dans le réacteur, au contraire des régulateurs classiques de type P. Cette caractéristique sécurisante est un avantage incontestable de notre approche, ce qui nous permet de pressentir son application à l'échelle industrielle.

Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre l'application de nos résultats au modèle de Droop pour la croissance d'algues phytoplanctoniques en chemostat ainsi qu'à un modèle d'un procédé continu de fermentation anaérobie. Ces modèles ont une structure plus complexe que les modèles de bioréacteurs étudiés au chapitre précédent: ils décrivent ainsi plus précisément les processus biologiques mis en jeu.

Nous avons montré qu'en dépit de cette structure plus complexe et sous des hypothèses relativement

peu restrictives, nos résultats de convergence des systèmes contrôlés persistent. Cette robustesse au modèle est de plus validée sur des expériences effectuées sur un procédé de traitement de l'eau par fermentation anaérobie, expériences qui corroborent nos résultats théoriques.

La description de la biologie de la fermentation anaérobie proposée par Bernard et al. [14], représentée par deux bioréactions en cascade, suggère une forme plus générale de réseau trophique microbien exploité en bioréacteur: le cas de n bioréactions en cascade. Nous nous intéressons dans le prochain et dernier chapitre à ce type de réseau trophique. Plus particulièrement, nous étudions la validité ou non de nos résultats de convergence globale lorsque nous contrôlons le procédé avec une loi de commande de type statique (3.5). Nous montrons que, sous certaines conditions, ces résultats restent vrais dans le cas général des cascades de n bioréactions simples.

Chapitre 5

Extension des Résultats: Cas des Bioréactions en Cascade

Contenu du chapitre

Introduction	140
5.1 Modélisation des Bioréactions en Cascade	140
5.1.1 Structure du Réseau Trophique Microbien	140
5.1.2 Notations et Modèle des Bioréactions en Cascade	141
5.1.3 Hypothèses	142
5.1.4 Réduction du Nombre de Paramètres	142
5.1.5 Influence des Taux de Croissance $\mu_j(\cdot)$	143
5.2 Contrôle des Bioréactions en Cascade	144
5.2.1 Loi de Commande	145
5.2.2 Positivité du Système Contrôlé	145
5.2.3 Changements de Variables	147
5.2.4 Bornitude de l'État	148
5.3 Réduction Asymptotique du Système Contrôlé	149
5.3.1 Preuve de $\int_{\tau=0}^{\infty} d(\tau) d\tau = +\infty$	149
5.3.2 Réduction du Système	151
5.4 Étude du Système Réduit: Fin de la Preuve	152
5.4.1 Contraintes Géométriques sur le Système Réduit	153
5.4.2 Système à Interactions Monotones	153
5.4.3 Méthodologie	155
5.4.4 Retour au système (5.18)	157
5.5 Remarques sur le Résultat Obtenu	162
5.6 Perspectives	163
5.6.1 Loi de Commande Adaptative	163
5.6.2 Les Bioréactions Arborescentes	164
Conclusion	165

Introduction

Nous nous intéressons dans ce chapitre au cas général de la structure du réseau trophique microbien proposé par Bernard *et al.* [14] et présenté au chapitre précédent. Nous parlerons alors de bioréactions en cascade à n étapes ou de réseau trophique microbien en cascade. Comme précédemment, nous nous attachons au cas de bioprocédés de type continu exploitant un réseau trophique microbien en cascade. Plus spécialement nous nous intéressons à l'effet d'une de nos commandes de type statique sur les dynamiques du procédé. Nous montrons ici que, sous certaines conditions, la convergence globale des trajectoires vers un unique équilibre fortement positif est assurée.

Dans un premier temps nous explicitons la structure du réseau trophique considéré et donnons un modèle pour son exploitation dans un bioréacteur en mode continu. Nous appliquons ensuite une loi de commande de type statique selon la même approche que celle proposée au chapitre précédent pour la fermentation anaérobie et cherchons une condition suffisante garantissant la convergence globale des trajectoires vers un unique équilibre fortement positif. Nous proposons une démarche basée sur une méthodologie récente proposée par Angeli et Sontag [5]. Nous concluons par quelques perspectives.

5.1 Modélisation des Bioréactions en Cascade

5.1.1 Structure du Réseau Trophique Microbien

Le réseau trophique microbien en cascade a la structure générique présentée sur la figure 5.1. Il est composé d'une cascade de bioréactions simples de type (3.1). Son fonctionnement est le suivant: une première espèce microbienne (notée X_1) croît en consommant un premier substrat S_1 . La consommation de ce substrat entraîne l'excrétion par la biomasse X_1 d'un substrat (déchet ou produit de la bioréaction) que l'on notera S_2 . Ce substrat est consommé par une seconde espèce bactérienne X_2 qui se développe et rejette un substrat S_3 . Le réseau se poursuit jusqu'à la $n^{\text{ième}}$ bioréaction qui termine la cascade.

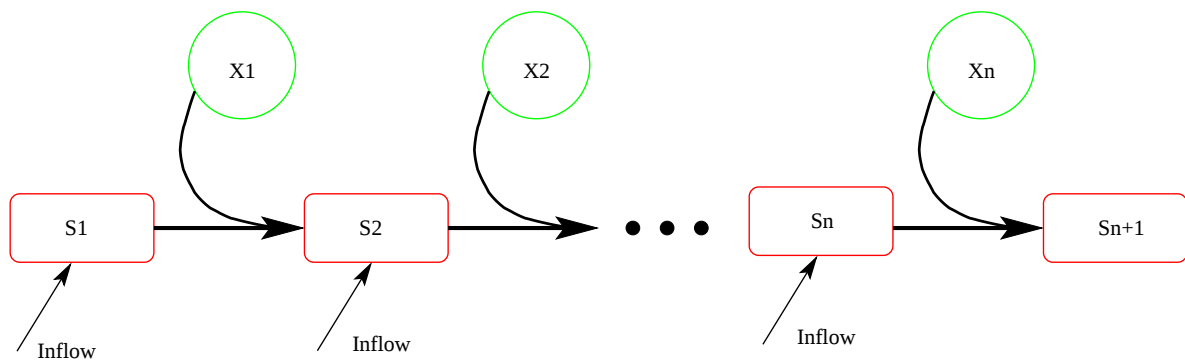
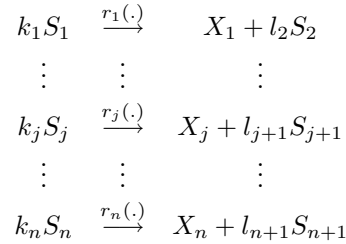


FIG. 5.1 Schéma d'une bioréaction en cascade à n étapes

En conservant le même type de description que celle présentée dans les deux chapitres précédents, on peut associer à cette structure le schéma réactionnel suivant:



Les vitesses de réactions sont les $r_i(\cdot)$ qui sont *a priori* inconnues pour cette étude, mais doivent respecter quelques hypothèses classiques vérifiées la plupart du temps (*cf.* section 5.1.3).

On voit apparaître ici une première grandeur importante pour ce modèle, le nombre de bioréactions impliquées dans la bioréaction en cascade: $n \in \mathbb{N}^*$. A chaque étape j de la bioréaction en cascade modélisée, correspondent deux variables: la quantité de biomasse X_j et la quantité de substrat S_j ; par la suite nous nous intéressons aux concentrations de ces biomasses et substrats à l'intérieur du bioréacteur que nous noterons respectivement x_j et s_j .

Nous choisissons ici de ne pas modéliser l'évolution temporelle de la concentration en substrat final S_{n+1} . Le modèle que nous développons impliquera donc $2n$ variables d'état, pour une cascade de n bioréactions simples.

Les procédés de traitement des eaux usées correspondent à ce type de structure: ce sont des biodégradations en n étapes. Une première population bactérienne consomme un substrat organique polluant. Cette population bactérienne croît sur ce substrat: son métabolisme dégrade la molécule organique en plus petites molécules, moins polluantes et en tire de l'énergie pour sa croissance. Les résidus de cette réaction servent de substrat pour la croissance d'une seconde population bactérienne et ainsi de suite. La fermentation anaérobie (*cf.* le chapitre précédent) est un exemple représentatif de cette structure.

5.1.2 Notations et Modèle des Bioréactions en Cascade

Avant d'effectuer le bilan de masse pour chacun des constituants, au sein du bioréacteur, nous prenons soin de définir les notations utilisées:

- $x_j \in \mathbb{R}^+$: concentration en biomasse j au sein du bioréacteur
- $s_j \in \mathbb{R}^+$: concentration en substrat j au sein du bioréacteur
- $r_j(\cdot) \in \mathbb{R}^+$: vitesse de la bioréaction j (dépendance explicitée à la section 5.1.3)
- $s_{j,in} \in \mathbb{R}_*^+$: concentration (strictement positive) du flux entrant en substrat s_j
- $d \geq 0$: taux de dilution (par la suite la commande du système)
- $k_j > 0$ quantité de substrat j nécessaire à la production d'une unité de biomasse j
- $l_j > 0$ quantité de substrat j produite par la croissance d'une unité de biomasse $(j - 1)$
- ξ est le vecteur état complet

En suivant la même approche de bilan de masse que celle décrite au chapitre 3, on obtient aisément le modèle suivant décrivant l'évolution des concentrations des différents constituants au sein du bio-

réacteur (nous supposons ici qu'aucun constituant n'est susceptible de se fixer au sein du réacteur, les α_j sont donc tous égaux à 1):

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = r_1(\cdot) - dx_1 \\ \dot{s}_1 = d(s_{1,in} - s_1) - k_1 r_1(\cdot) \\ \vdots \\ \dot{x}_j = r_j(\cdot) - dx_j \\ \dot{s}_j = d(s_{j,in} - s_j) - k_j r_j(\cdot) + l_j r_{j-1}(\cdot) \\ \vdots \\ \dot{x}_n = r_n(\cdot) - dx_n \\ \dot{s}_n = d(s_{n,in} - s_n) - k_n r_n(\cdot) + l_n r_{n-1}(\cdot) \end{cases} \quad (5.1)$$

5.1.3 Hypothèses

Nous donnons dans cette section des hypothèses générales sur le modèle (5.1) et particulièrement sur les vitesses $r_j(\cdot)$ des n bioréactions. Comme précédemment, nous faisons le minimum d'hypothèses sur les formes analytiques des $r_j(\cdot)$ qui sont toujours très difficiles à modéliser. Nous expliciterons les considérations biologiques permettant de justifier ces hypothèses dans chacun des cas.

Hypothèses HC:

- HC1: $\forall j \in [1..n], r_j(\cdot) = \mu_j(s_j)x_j$
Comme une grande majorité d'auteurs [10, 127], nous modélisons chacune des vitesses de réaction par un taux de croissance de la biomasse X_j multiplié par la concentration en biomasse x_j .
- HC2: $\forall j \in [1..n], \mu_j(0) = 0$ et $s_j > 0 \Rightarrow \mu_j(s_j) > 0$
La biomasse X_j croît en présence de substrat S_j , elle ne croît pas en l'absence de substrat S_j .

L'hypothèse HC2 implique notamment pour tout j l'existence d'un $\overline{s_j} > 0$ tel que:

$$\forall j \in [1..n], s_j \in [0; \overline{s_j}] \Rightarrow \frac{d\mu_j}{ds_j}(s_j) > 0$$

Notons que $\overline{s_j}$ peut valoir $+\infty$ (*e.g.* loi de Monod).

- HC3: $\mu_n(\min(\overline{s_n}, s_{n,in})) \leq \min_i(\mu_i(\min(\overline{s_i}, s_{i,in})))$
Cette hypothèse technique est nécessaire pour les calculs menés dans la section 5.4. En termes biologiques, nous supposons ici que la $n^{\text{ième}}$ réaction est la plus lente de la cascade.

Certaines hypothèses mathématiques sont aussi nécessaires pour l'analyse du modèle (5.1):

- HC4: $\forall j \in [1..n], \mu_j(\cdot)$ est $\mathcal{C}^1$ et bornée

Remarque – Notons que les hypothèses HC suffisent à garantir la positivité du système (5.1).

5.1.4 Réduction du Nombre de Paramètres

Il est possible par des changements de variables simples de réduire le nombre de paramètres du modèle (5.1) et ainsi simplifier grandement les calculs. Le changement d'unité de mesure des concentrations

en chacune des biomasses permet notamment de de supprimer les n paramètres k_j du modèle. Nous proposons les changements de variables suivants:

$$\forall j \in [1..n], \mathcal{x}_j = k_j x_j$$

Sous les hypothèses HC, et avec ce changement de variable, le système (5.1) est équivalent (sur tout l'orthant positif) au système suivant:

$$\begin{cases} \dot{\mathcal{x}}_1 = (\mu_1(s_1) - d)\mathcal{x}_1 \\ \dot{s}_1 = d(s_{1,in} - s_1) - \mu_1(s_1)\mathcal{x}_1 \\ \vdots \\ \dot{\mathcal{x}}_j = (\mu_j(s_j) - d)\mathcal{x}_j \\ \dot{s}_j = d(s_{j,in} - s_j) - \mu_j(s_j)\mathcal{x}_j + h_{j-1}\mu_{j-1}(s_{j-1})\mathcal{x}_{j-1} \\ \vdots \\ \dot{\mathcal{x}}_n = (\mu_n(s_n) - d)\mathcal{x}_n \\ \dot{s}_n = d(s_{n,in} - s_n) - \mu_n(s_n)\mathcal{x}_n + h_{n-1}\mu_{n-1}(s_{n-1})\mathcal{x}_{n-1} \end{cases} \quad (5.2)$$

avec $\forall j \in [1..n-1], h_j = \frac{l_{j+1}}{k_j} > 0$

5.1.5 Influence des Taux de Croissance $\mu_j(\cdot)$

Nous avons déjà discuté (*cf.* section 3.2 du chapitre 3) de la difficulté de modéliser les vitesses de réaction ainsi que de la grande influence que peuvent avoir leurs formes analytiques sur les comportements dynamiques qualitatifs engendrés (un équilibre GAS, multi-équilibres stables).

Ici nous ne considérons pas une unique bioréaction simple, mais une cascade de bioréactions simples. À titre d'exemple considérons une cascade de $n = 2$ bioréactions, chacun des taux de croissance des biomasses suivant une loi de Haldane. Pour un $s_{1,in}$ suffisamment important et à d constant la première population admet trois équilibres, dont deux localement stables. En considérant cette première réaction en un de ses équilibres, la seconde bioréaction admet (si $s_{2,in}$ est suffisamment grand) à d constant elle-même trois équilibres dont deux localement stables. Le système global aura donc 9 équilibres dont 4 sont localement stables, ce que nous illustrons sur la figure 5.2 en projection dans le plan des concentrations en biomasses.

Les remarques du chapitre 3 sur les comportement dynamiques engendrés suivant les $\mu_j(\cdot)$ sont donc tout autant valables ici. Les comportements dynamiques possibles des bioréactions en cascade sont juste nettement plus complexes que pour une bioréaction simple.

Nous cherchons dans ce chapitre à imposer une dilution (fortement inspirée de nos résultats précédents) permettant de stabiliser globalement le système vers un équilibre où toutes les biomasses coexistent. L'action de la commande énoncée dans le théorème 5.1 sur le modèle considéré est présentée sur la figure 5.3 ci-après. Son efficacité est indéniable.

La suite de ce chapitre est consacrée à la preuve de l'efficacité de la loi de commande (5.3) dans le cas général d'une bioréaction en cascade à n étapes.

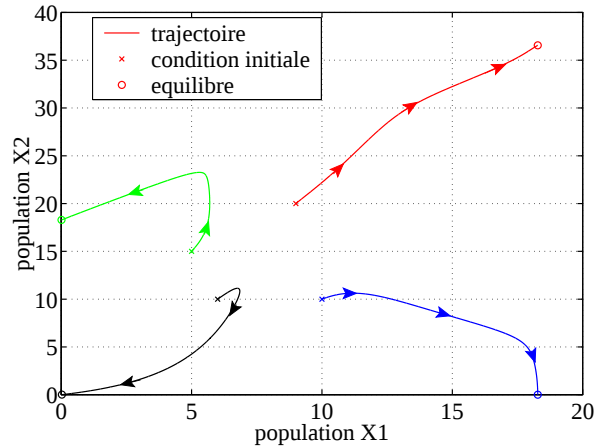


FIG. 5.2 *Simulation en projection dans le plan des concentrations en biomasse d'une cascade de deux bioréactions, pour d constant, les $\mu_i(\cdot)$ suivant une loi de Haldane. Mise en évidence de quatre équilibres localement stables*

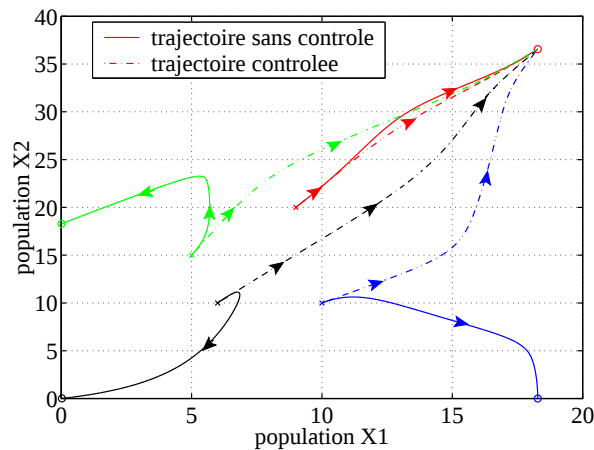


FIG. 5.3 *Simulation en projection dans le plan des concentrations en biomasse d'une cascade de deux bioréactions les $\mu_i(\cdot)$ suivant une loi de Haldane. système en boucle ouverte à d constant (traits pleins) et contrôlé avec d suivant la loi (5.3) (tirets). Mise en évidence de l'efficacité de la loi de commande (5.3).*

5.2 Contrôle des Bioréactions en Cascade

Nous proposons ici une méthode de contrôle des bioréactions en cascade qui s'inspire fortement des méthodes que nous avons proposées au cours de ce manuscrit. Nous cherchons donc à stabiliser globalement asymptotiquement le système (5.2) sur l'orthant fortement positif, vers un unique équilibre fortement positif réglable, assurant ainsi la pérennité de la bioréaction. Comme à notre habitude nous souhaitons que les résultats obtenus soient le plus possible indépendants des formes analytiques des vitesses des bioréactions impliquées dans la cascade. Les seules hypothèses que nous supposons vérifiées pour la suite sont donc les hypothèses HC.

Nous définissons maintenant la commande du système (5.2) ainsi que la mesure (sortie) disponible en ligne.

- le taux de dilution d est la commande du système (5.2)
- la sortie du système est l'activité de la $n^{\text{ième}}$ biomasse $\varkappa_n$ (i.e. la vitesse de la dernière bioréaction):
 $y = \mu_n(s_n)\varkappa_n$

5.2.1 Loi de Commande

Nous proposons ici une loi de commande très semblable à celle proposée au chapitre précédent sur le cas particulier du modèle de fermentation anaérobie de Bernard *et al.* [14].

Théorème 5.1

Pour tout $s_T^* \in]0, \min_j (\bar{s}_n, s_{n,in}, (\prod_{k=j}^{n-1} h_k) s_{j,in}, (\prod_{k=j}^{n-1} h_k) \bar{s}_j) [$, la loi de commande:

$$d(\cdot) = \frac{1}{\left[s_{n,in} + \sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) s_{k,in} \right] - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n \quad (5.3)$$

stabilise globalement asymptotiquement le système (5.2) sur $\mathbb{R}_{+*}^{2n}$ vers un unique équilibre $\xi^* \gg 0$ si la condition (5.29) page 161 est remplie. ξ^* est réglable par l'intermédiaire du choix de s_T^* .

Remarque – La suite de ce chapitre est dédiée à la preuve de ce théorème. Nous prouvons notamment que la condition (5.29) est une condition suffisante assurant la stabilisation asymptotique globale du système vers $\xi^* \gg 0$.

Par la suite nous utiliserons la notation $d(\cdot)$ pour signifier que l'entrée du système (5.2) suit la loi de commande (5.3) du Théorème 5.1.

Le plan de la preuve (relativement longue) est le suivant:

- nous montrons dans un premier temps que le système (5.2) sous la commande (5.3) reste un système positif et que $d(\cdot)$ reste aussi positive.
- nous effectuons ensuite $(n + 1)$ changements de variables qui s'avèreront forts utiles par la suite.
- puis nous montrons par l'absurde que l'intégrale sur les temps positifs $\int_{\tau=0}^{+\infty} d(\tau) d\tau = +\infty$, ce qui nous permettra de réduire notre étude à un système de dimension $(n - 1)$.
- Enfin l'étude du système réduit est effectuée en utilisant une méthodologie proposée par Angeli et Sontag [5]. Cette méthode permet de déduire la condition suffisante (5.29) qui assure la validité du théorème 5.1.

5.2.2 Positivité du Système Contrôlé

Nous introduisons dans un premier temps la notation:

$$s_{T,in} = s_{n,in} + \sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) s_{k,in}$$

Cette notation sera justifiée par la suite par l'introduction du "substrat équivalent" s_T (cf. le cas particulier de la fermentation anaérobie à la section 4.2). Avec cette notation, on a:

$$d(.) = \frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n$$

Notons que $(s_{T,in} - s_T^*) > 0$ car $s_T^* < s_{n,in}$.

Considérons maintenant les équations du système (5.2) soumis à la loi de commande (5.3):

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{\varkappa}_1 = \left(\mu_1(s_1) - \left(\frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n \right) \right) \varkappa_1 \\ \dot{s}_1 = \left(\frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n \right) (s_{1,in} - s_1) - \mu_1(s_1) \varkappa_1 \\ \vdots \\ \dot{\varkappa}_j = \left(\mu_j(s_j) - \left(\frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n \right) \right) \varkappa_j \\ \dot{s}_j = \left(\frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n \right) (s_{j,in} - s_j) - \mu_j(s_j) \varkappa_j + h_{j-1} \mu_{j-1}(s_{j-1}) \varkappa_{j-1} \\ \vdots \\ \dot{\varkappa}_n = \left(\mu_n(s_n) - \left(\frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n \right) \right) \varkappa_n \\ \dot{s}_n = \left(\frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n \right) (s_{n,in} - s_n) - \mu_n(s_n) \varkappa_n + h_{n-1} \mu_{n-1}(s_{n-1}) \varkappa_{n-1} \end{array} \right. \quad (5.4)$$

Rappelons que nous ne considérons que des conditions initiales fortement positives. D'après (5.4), il est clair que pour tout j , $\varkappa_j = 0$ implique $\dot{\varkappa}_j = 0$, et donc:

$$\forall t \geq 0, \varkappa_j(t) \geq 0 \quad (5.5)$$

Montrons maintenant que les variables s_j restent elles aussi positives.

Considérons la variable $s_n(t)$. Nous cherchons à montrer que cette variable ne peut pas devenir strictement négative. Puisque $s_n(t = 0) > 0$ et que $s_n(t)$ est une fonction continue, pour que la variable puisse devenir négative, il existe nécessairement un temps $t_1 > 0$ tel que $s_n(t_1) = 0$ et $\forall t \in [0; t_1[, s_n(t) > 0$. Considérons $\dot{s}_n$ au temps t_1 , on a:

$$\dot{s}_n(t_1) = h_{n-1} \mu_{n-1}(s_{n-1}(t_1)) \varkappa_{n-1}(t_1)$$

$\varkappa_{n-1}(t_1)$ étant positif, s_n ne peut devenir strictement négative que si $\mu_{n-1}(s_{n-1}(t_1))$ est strictement négatif, donc uniquement si $s_{n-1}(t_1)$ est strictement négative. Comme $s_{n-1}(t = 0) > 0$, il doit exister un temps $t_2 \in]0; t_1[$ tel que $s_{n-1}(t_2) = 0$ et $\forall t \in [0; t_2[, s_{n-1}(t) > 0$. Considérons $\dot{s}_{n-1}$ au temps t_2 :

$$\dot{s}_{n-1}(t_2) = \underbrace{\left(\frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n(t_2)) \varkappa_n(t_2) \right) (s_{n-2,in} - s_{n-1}(t_2))}_{\geq 0 \text{ car } s_n(t_2) > 0} + \underbrace{h_{n-2} \mu_{n-2}(s_{n-2}(t_2)) \varkappa_{n-2}(t_2)}_{\text{signe a priori inconnu}}$$

Une condition nécessaire pour que s_{n-1} devienne strictement négative est que $\mu_{n-2}(s_{n-2}(t_2))$ soit strictement négatif, donc que $s_{n-2}(t_2)$ soit strictement négative. Puisque $s_{n-2}(t = 0) > 0$, il doit exister un temps $t_3 \in]0; t_2[$ tel que $s_{n-2}(t_3) = 0$ et $\forall t \in [0; t_3[, s_{n-2}(t) > 0$.

En itérant le raisonnement (récurrence triviale), une condition nécessaire pour que s_2 devienne strictement négative est que $s_1(t_{n-1})$ soit strictement négative. Puisque $s_1(t=0) > 0$, il existe donc un temps $t_n \in]0; t_{n-1}[\subset]0; t_1[$ tel que $s_1(t_n) = 0$ et $\forall t \in [0; t_n[, s_1(t) > 0$. Considérons $\dot{s}_1$ au temps t_n :

$$\dot{s}_1(t_n) = \underbrace{\left(\frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n(t_n)) \varkappa_n(t_n) \right)}_{\geq 0 \text{ car } s_n(t_n) > 0} (s_{1,in})$$

Comme $t_n \in [0, t_1[$, on a forcément $s_n(t_n) > 0$. D'où $\dot{s}_1(t_n) \geq 0$ ce qui implique que s_1 ne peut devenir strictement négative. Il s'agissait d'une condition nécessaire pour que s_n puisse éventuellement devenir strictement négative, donc s_n ne peut devenir strictement négatif.

En reprenant un raisonnement similaire au précédent et en l'appliquant à s_{n-1} et non à s_n , on montre que s_{n-1} ne peut devenir négative. En l'appliquant à s_{n-2} puis à s_{n-3} etc... on montre qu'aucun des s_j ne peut devenir strictement négatif. D'où:

$$\forall j \in [1..n], \forall t \geq 0, s_j(t) \geq 0 \quad (5.6)$$

Comme $\forall t \geq 0, \varkappa_n(t) \geq 0$ et $s_n(t) \geq 0$ (cf. (5.5) et (5.6)), il est clair que la commande:

$$d(.) = \frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(s_n) \varkappa_n$$

reste, pour les conditions initiales fortement positives considérées, positive pour tout temps:

$$\forall t \geq 0, d(.) \geq 0 \quad (5.7)$$

5.2.3 Changements de Variables

Pour faciliter l'étude du système (5.4) (*i.e.* le système contrôlé), nous allons effectuer des changements de variables qui vont simplifier fortement la structure du système.

Posons tout d'abord le changement de variable suivant qui définit un "substrat équivalent":

$$s_T = s_n + \sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) s_k \quad (5.8)$$

Notons que l'existence de ce substrat équivalent n'est en aucun cas due au contrôle retenu ou aux hypothèses HC, mais à la structure même du réseau trophique microbien.

La bioréaction en cascade peut alors être décrite (cf. système (5.11)) de façon moins complète mais beaucoup plus dense par la bioréaction synthétique suivante (cf. section 4.2):

$$S_T \xrightarrow{r_n(.)} \mathcal{X}_n \quad (5.9)$$

On retrouve ainsi sur un cas général la notion de "bioréaction équivalente", ou "macroscopique". Nous reviendrons sur ce point en fin de chapitre dans la section 5.6.2 consacrée aux bioréactions arborescentes qui peuvent, elles aussi, toujours se ramener à une bioréaction synthétique équivalente.

Considérons maintenant le n changement de variables suivant:

$$\begin{aligned} z_1 &= s_1 + \varkappa_1 \\ \forall j \in [2..n], \quad z_j &= s_j + \varkappa_j - h_{j-1} \varkappa_{j-1} \end{aligned} \quad (5.10)$$

Considérons la famille de variables $\{z_1, z_2, \dots, z_n, s_T, \varkappa_n\}$. On a:

$$\text{Card}\{z_1, z_2, \dots, z_n, s_T, \varkappa_n\} = n + 2$$

Un rapide calcul montre que le rang de la famille est $(n + 1)$: une des variables est combinaison linéaire des $(n + 1)$ autres. Cependant nous aurons besoin plus loin de ces $(n + 2)$ variables pour déduire certaines contraintes géométriques sur le système.

Nous exprimons le système dans la famille de variables $\{z_1, \dots, z_{n-1}, s_T, \varkappa_n, \varkappa_1, \dots, \varkappa_{n-1}\}$ (qui est bien de rang et de cardinal $2n$). Le système (5.4) est alors équivalent au système suivant:

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{z}_1 = d(\cdot)(s_{1,in} - z_1) \\ \vdots \\ \dot{z}_{n-1} = d(\cdot)(s_{n-1,in} - z_{n-1}) \\ \dot{s}_T = d(\cdot)(s_T^* - s_T) \\ \dot{\varkappa}_n = d(\cdot)(\varkappa_n^* - \varkappa_n) \end{array} \right. \quad (5.11)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{\varkappa}_1 = (\mu_1(z_1 - \varkappa_1) - d(\cdot))\varkappa_1 \\ \vdots \\ \dot{\varkappa}_j = (\mu_j(z_j - \varkappa_j + h_{j-1}\varkappa_{j-1}) - d(\cdot))\varkappa_j \\ \vdots \\ \dot{\varkappa}_{n-1} = (\mu_{n-1}(z_{n-1} - \varkappa_{n-1} + h_{n-2}\varkappa_{n-2}) - d(\cdot))\varkappa_{n-1} \end{array} \right.$$

avec: $\varkappa_n^* = s_{T,in} - s_T^*$

Remarque – Les arguments des fonctions $\mu_j(\cdot)$, si ils n'en ont pas l'air sont pourtant bien positifs. il s'agit d'une contrainte géométrique cf. section 5.2.2.

Il est important de noter que les $(n + 1)$ premières équations du système (5.11) ont toutes la même structure, et que les $(n - 1)$ équations restantes sont elles aussi assez semblables entre elles.

En utilisant des résultats sur les systèmes “asymptotiquement autonomes” introduits par Markus (1956) [91] et étendus par Thieme [135] (résultats reproduits dans l'Annexe D), nous allons découpler l'étude du système (5.11), en considérant d'abord les $(n + 1)$ premières équations puis en traitant les $(n - 1)$ équations restantes sur la surface atteinte asymptotiquement par les $(n + 1)$ premières variables.

5.2.4 Bornitude de l'État

Considérons les n variables z_j définies par (5.10), qui répondent à l'équation différentielle:

$$\forall j \in [1..n], \dot{z}_j = d(\cdot)(s_{j,in} - z_j) = d(t)(s_{j,in} - z_j) \quad (5.12)$$

Avec $\forall t \geq 0, d(t) \geq 0$ et $d(t)$ est une fonction $\mathcal{C}^1$ de l'état lui-même $\mathcal{C}^1$ du temps, donc $d(t)$ est $\mathcal{C}^1$ du temps.

L'annexe C détaille l'étude des équations du type (5.12), et permet notamment de conclure, puisque $d(t) \geq 0$, que tous les z_j sont bornés, vérifiant:

$$\forall t \geq 0, \forall j \in [1..n], z_j(t) \in [\min(z_j(0), s_{j,in}); \max(z_j(0), s_{j,in})]$$

Nous montrons maintenant que les $2n$ composantes de l'état du système sont bornées.

- $z_1 = s_1 + \varkappa_1$ est borné; or $s_1 \geq 0$ et $\varkappa_1 \geq 0$, donc les variables s_1 et $\varkappa_1$ sont bornées.
- $z_2 = s_2 + \varkappa_2 - h_1 \varkappa_1$ soit: $z_2 + h_1 \varkappa_1 = s_2 + \varkappa_2$; or $(z_2 + h_1 \varkappa_1)$ est borné et: $s_2 \geq 0$ et $\varkappa_2 \geq 0$; donc les variables s_2 et $\varkappa_2$ sont bornées.
- En itérant le raisonnement, on montre que tout l'état du système est borné.

5.3 Réduction Asymptotique du Système Contrôlé

5.3.1 Preuve de $\int_{\tau=0}^{\infty} d(\tau) d\tau = +\infty$

Nous allons montrer ici par l'absurde que l'intégrale sur les temps positifs $\int_{\tau=0}^{\infty} d(\tau) d\tau$ diverge, l'entrée $d(\cdot)$ suivant la loi de commande (5.3).

Tout d'abord, considérons les dérivées premières des variables d'état par rapport au temps $\dot{\xi}_j$: ce sont des fonctions $\mathcal{C}^1$ de l'état sur $\mathbb{R}_+^{2n}$. L'état étant borné, les dérivées premières de l'état sont donc bornées, leurs primitives par rapport au temps (*i.e.* $\xi_j(t)$) sont donc lipschitziennes du temps *i.e.* les variables d'état sont des fonctions lipschitziennes du temps. Donc les variables d'état $\xi_j(t)$ sont des fonctions uniformément continues du temps.

$d(\cdot)$ est une fonction $\mathcal{C}^1$ de l'état (uniformément continu du temps) et est donc une fonction uniformément continue du temps. Comme $d(\cdot) \geq 0$, $\int_{\tau=0}^{\infty} d(\tau) d\tau$ est soit bornée soit divergente vers $+\infty$.

Supposons que $\int_{\tau=0}^{\infty} d(\tau) d\tau$ est bornée, puisque $d(\cdot)$ est positif elle est donc convergente. Nous introduisons maintenant le Lemme de Barbalat dont on trouvera une preuve dans [63]:

Lemme 5.2 (Barbalat)

Soit $\chi : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction uniformément continue sur $[0, +\infty[$.

Si $\lim_{t \rightarrow +\infty} \int_0^t \chi(t) dt$ existe et est finie alors:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \chi(t) = 0$$

$d(\cdot)$ étant une fonction uniformément continue du temps, le lemme de Barbalat assure qu'une condition nécessaire pour que $\int_{\tau=0}^{\infty} d(\tau) d\tau$ soit bornée est:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} d(t) = 0$$

Considérons la variable $\varkappa_n$, on a (*cf.* système (5.11)):

$$\dot{\varkappa}_n = d(\cdot)(\varkappa_n^* - \varkappa_n)$$

En appliquant les résultats de l'annexe C, puisque $\varkappa_n(0) > 0$ et $d(\cdot) \geq 0$, on a:

$$\forall t \geq 0, \varkappa_n(t) \geq \min(\varkappa_n(0), \varkappa_n^*) > 0$$

La seule possibilité pour que $d(\cdot)$ soit nul asymptotiquement est donc que $s_n(t)$ le soit aussi (*cf.* hypothèse HC2):

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} d(t) = 0 \Rightarrow \lim_{t \rightarrow +\infty} s_n(t) = 0$$

Considérons à nouveau les dérivées premières des variables d'état par rapport au temps $\dot{\xi}_j$. Les ξ_j sont des fonctions $\mathcal{C}^1$ de l'état sur $\mathbb{R}_+^{2n}$, les dérivées secondes des variables d'état par rapport au temps $\ddot{\xi}_j$ (dérivées premières des $\dot{\xi}_j$ par rapport au temps) sont donc des fonctions $\mathcal{C}^0$ de l'état sur $\mathbb{R}_+^{2n}$. L'état étant borné, les $\ddot{\xi}_j$ sont donc aussi bornées. Leurs primitives par rapport au temps (*i.e.* $\dot{\xi}_j$) sont donc des fonctions lipschitziennes du temps *i.e.* les dérivées premières des variables d'état par rapport au temps $\dot{\xi}_j$ sont des fonctions lipschitziennes du temps. Donc les $\dot{\xi}_j$ sont des fonctions uniformément continues du temps.

Nous appliquons maintenant le Lemme de Barbalat à $\dot{s}_n$. On a:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} s_n(t) = 0 \Rightarrow \lim_{t \rightarrow +\infty} \dot{s}_n(t) = 0$$

Rappelons que d'après le système (5.4), $\dot{s}_n$ vérifie l'équation suivante:

$$\dot{s}_n = d(\cdot)(s_{n,in} - s_n) - \mu_n(s_n)\varkappa_n + h_{n-1}\mu_{n-1}(s_{n-1})\varkappa_{n-1}$$

Or nous considérons la dynamique de s_n sur un ensemble tel que $\lim_{t \rightarrow \infty} d(t) = 0$ et $\lim_{t \rightarrow \infty} s_n(t) = 0$, ce qui implique que:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \dot{s}_n = \lim_{t \rightarrow +\infty} (h_{n-1}\mu_{n-1}(s_{n-1}(t))\varkappa_{n-1}(t)) = 0$$

Selon l'hypothèse HC2, deux cas sont alors possibles:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} s_{n-1}(t) = 0 \quad \text{ou} \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} \varkappa_{n-1}(t) = 0$$

Nous étudions maintenant chacun de ces deux cas.

- Cas $\lim_{t \rightarrow \infty} \varkappa_{n-1}(t) = 0$

D'après le système (5.11), on peut exprimer la solution $\varkappa_{n-1}(t)$ pour tout $t \geq 0$:

$$\varkappa_{n-1}(t) = \left(\varkappa_{n-1}(0) e^{\int_0^t \mu_{n-1}(s_{n-1}(\tau)) d\tau} \right) e^{-\int_0^t d(\tau) d\tau}$$

Rappelons que d'après l'hypothèse HC2, $\mu_{n-1}(s_{n-1}(0)) > 0$. De plus d'après la section 5.2.2 et l'hypothèse HC2, pour tout temps, $\mu_{n-1}(s_{n-1}) \geq 0$ et $\varkappa_{n-1}(0) > 0$. Le terme entre parenthèses dans l'expression de $\varkappa_{n-1}(t)$ est donc strictement positif et on a ainsi:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \varkappa_{n-1}(t) = 0 \Rightarrow \int_{\tau=0}^{+\infty} d(\tau) d\tau = +\infty$$

Ce qui est absurde puisque $\int_0^{+\infty} d(\tau) d\tau$ est supposée bornée.

- Cas $\lim_{t \rightarrow +\infty} s_{n-1}(t) = 0$

Par l'uniforme continuité de $\dot{s}_{n-1}(t)$, en utilisant le Lemme de Barbalat, on a:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \dot{s}_{n-1}(t) = 0$$

Nous exploitons comme précédemment les limites de $d(t)$, de $s_n(t)$ et de $s_{n-1}(t)$, et on obtient:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} (h_{n-2}\mu_{n-2}(s_{n-2}(t))\varkappa_{n-2}(t)) = 0$$

Nous sommes donc à nouveau confrontés à deux cas:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} s_{n-2}(t) = 0 \quad \text{ou} \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} \varkappa_{n-2}(t) = 0$$

En poursuivant cette récurrence, on conclut soit à des absurdités (tous les cas correspondant à $\lim_{\infty} \varkappa_j(t) = 0$ qui impliquent $\int_0^{\infty} d(\tau) d\tau = +\infty$), soit à:

$$\forall j \in [1..n], \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} s_j(t) = 0 \quad (5.13)$$

Considérons maintenant la variable $s_T = s_n + \sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) s_k$. On a d'après le système (5.11):

$$\dot{s}_T = d(\cdot)(s_T^* - s_T)$$

Comme $d(\cdot) \geq 0$ et $s_T(0) > 0$, on peut conclure en utilisant l'annexe C que:

$$\forall t \geq 0, \quad s_T(t) \geq \min(s_T(0), s_T^*) > 0 \quad (5.14)$$

Or la condition (5.13) conduit à:

$$\forall j \in [1..n], \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} s_j(t) = 0 \Rightarrow \lim_{t \rightarrow +\infty} s_T(t) = 0$$

Ce qui est absurde puisque $s_T(t)$ est minorée pour tout temps par une constante strictement positive.

Le raisonnement mené sur la base de l'hypothèse " $\int_0^{\infty} d(\tau) d\tau$ est borné" conduit dans tous les cas possibles à des absurdités. Nous pouvons donc conclure que cette hypothèse est fausse, c'est à dire que:

$$\int_{\tau=0}^{+\infty} d(\tau) d\tau = +\infty \quad (5.15)$$

5.3.2 Réduction du Système

Considérons le système contrôlé après changements de variables (5.11). Les $(n+1)$ premières équations sont toutes semblables à l'équation décrite dans l'annexe C, la commande $d(\cdot)$ vérifiant les propriétés:

$$\begin{aligned} \forall t \geq 0, \quad d(t) &\geq 0 \\ \int_{\tau=0}^{+\infty} d(\tau) d\tau &= +\infty \end{aligned}$$

On peut donc conclure, en considérant que $d(\cdot)$ est une fonction du temps et d'après la démonstration de l'annexe C, que les équations:

$$\begin{aligned} \forall j \in [1..n], \quad \dot{z}_j &= d(t)(s_{j,in} - z_j) \\ \dot{s}_T &= d(t)(s_T^* - s_T) \\ \dot{\varkappa}_n &= d(t)(\varkappa_n^* - \varkappa_n) \end{aligned}$$

ont respectivement un unique équilibre, globalement asymptotiquement stable, tels que:

$$\begin{aligned} \forall j \in [1..n], \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} z_j(t) &= s_{j,in} \\ \lim_{t \rightarrow +\infty} s_T(t) &= s_T^* \\ \lim_{t \rightarrow +\infty} \varkappa_n(t) &= \varkappa_n^* = s_{T,in} - s_T^* \end{aligned} \quad (5.16)$$

Considérons les $(n - 1)$ dernières équations du système (5.11) en injectant les solutions dépendantes du temps des $(n + 1)$ premières équations. Nous obtenons, *pour chaque conditions initiales* $(z_1(0), \dots, z_{n-1}(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$, le système *non-autonome* de dimension $(n - 1)$ suivant, équivalent au système (5.11) pour le même jeu de conditions initiales $(z_1(0), \dots, z_{n-1}(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$:

$$\begin{cases} \dot{\varkappa}_1 = \left(\mu_1(z_1(t, z_1(0))) - \varkappa_1 \right) \dots \\ \quad - \frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(z_n(t, z_n(0)) - \varkappa_n(t, \varkappa_n(0)) + h_{n-1} \varkappa_{n-1}) \varkappa_n(t, \varkappa_n(0)) \varkappa_1 \\ \vdots \\ \dot{\varkappa}_j = \left(\mu_j(z_j(t, z_j(0))) - \varkappa_j + h_{j-1} \varkappa_{j-1} \right) \dots \\ \quad - \frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(z_n(t, z_n(0)) - \varkappa_n(t, \varkappa_n(0)) + h_{n-1} \varkappa_{n-1}) \varkappa_n(t, \varkappa_n(0)) \varkappa_j \\ \vdots \\ \dot{\varkappa}_{n-1} = \left(\mu_{n-1}(z_{n-1}(t, z_{n-1}(0))) - \varkappa_{n-1} + h_{n-2} \varkappa_{n-2} \right) \dots \\ \quad - \frac{1}{s_{T,in} - s_T^*} \mu_n(z_n(t, z_n(0)) - \varkappa_n(t, \varkappa_n(0)) + h_{n-1} \varkappa_{n-1}) \varkappa_n(t, \varkappa_n(0)) \varkappa_{n-1} \end{cases} \quad (5.17)$$

D'après les équations (5.16), *pour chaque conditions initiales* $(z_1(0), \dots, z_n(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$, le système non-autonome correspondant (5.17) est *asymptotiquement autonome* au sens de Markus [91] (*cf.* annexe D) avec pour système différentiel limite le système autonome suivant:

$$\begin{cases} \dot{\varkappa}_1 = \left(\mu_1(s_{1,in} - \varkappa_1) - \mu_n(s_{n,in} - s_{T,in} + s_T^* + h_{n-1} \varkappa_{n-1}) \right) \varkappa_1 \\ \vdots \\ \dot{\varkappa}_j = \left(\mu_j(s_{j,in} - \varkappa_j + h_{j-1} \varkappa_{j-1}) - \mu_n(s_{n,in} - s_{T,in} + s_T^* + h_{n-1} \varkappa_{n-1}) \right) \varkappa_j \\ \vdots \\ \dot{\varkappa}_{n-1} = \left(\mu_{n-1}(s_{n-1,in} - \varkappa_{n-1} + h_{n-2} \varkappa_{n-2}) - \mu_n(s_{n,in} - s_{T,in} + s_T^* + h_{n-1} \varkappa_{n-1}) \right) \varkappa_{n-1} \end{cases} \quad (5.18)$$

5.4 Étude du Système Réduit: Fin de la Preuve

Nous étudions maintenant le système autonome réduit (5.18) en suivant la méthodologie de Angeli et Sontag [5]. Cette étude permet de déduire la condition suffisante (5.29) assurant que le système réduit (5.18) a un unique équilibre globalement asymptotiquement stable sur $\mathbb{R}_{+*}^{n-1}$.

Dans un deuxième temps, en appliquant le théorème de Markus (*cf.* théorème D.2 de l'annexe D) sur les systèmes asymptotiquement autonomes, nous concluons que pour chaque conditions initiales $(z_1(0), \dots, z_n(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$, le système non-autonome correspondant (5.17) admet lui aussi un unique équilibre GAS si la condition (5.29) est remplie. Cet équilibre est identique pour toutes les conditions initiales $(z_1(0), \dots, z_n(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$, puisque tous les systèmes non-autonomes (5.17) ont le même système limite (5.18).

Enfin, puisque pour chaque condition initiale $(z_1(0), \dots, z_n(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$, le système (5.11) est équivalent à un système non-autonome de type (5.17), nous pourrions conclure à la validité du théorème 5.1.

5.4.1 Contraintes Géométriques sur le Système Réduit

Par la suite nous utiliserons la notation:

$$\forall j \in [1..n], \mu'_j(s_j) = \frac{d\mu_j}{ds_j}(s_j)$$

Considérons le système limite (5.18). Notons que les arguments des fonctions $\mu_j(\cdot)$: $s_j = s_{j,in} - \varkappa_j + h_{j-1}\varkappa_{j-1}$ sont tous positifs (*cf.* section 5.2.2).

Rappelons que nous considérons ce système sur un ensemble qui vérifie entre autres la condition:

$$s_T = s_T^* = s_n + \sum_{j=1}^{n-1} \left(\prod_{k=j}^{n-1} h_k \right) s_j$$

Les s_j étant tous positifs, il vient aisément:

$$\forall j \in [1..n-1], \left(\prod_{k=j}^{n-1} h_k \right) s_j \leq s_T^* \text{ et } s_n \leq s_T^*$$

La contrainte sur s_T^* imposée dans le Théorème 5.1, implique donc que:

$$\forall j \in [1..n], s_j \in [0, \min(\overline{s_j}, s_{j,in})[\quad (5.19)$$

Les arguments des fonctions $\mu_j(\cdot)$ dans le système réduit (5.18) étant égaux aux s_j , ils vérifient donc les mêmes conditions: ils appartiennent respectivement aux domaines de stricte croissance des fonctions $\mu_j(\cdot)$ (*cf.* hypothèse HC2).

Les contraintes géométriques sur le système réduit (5.18) impliquent donc que les fonctions $\mu_j(\cdot)$ sont strictement croissantes de leurs arguments respectifs sur l'ensemble considéré:

$$\mu'_j(\cdot) > 0 \text{ sur l'ensemble considéré}$$

5.4.2 Système à Interactions Monotones

Nous montrons ici que le système réduit (5.18) est un système à interactions monotones [126] c'est à dire que les termes hors diagonaux de sa matrice Jacobienne sont en tous points de signe fixé. Par exemple, les systèmes coopératifs (*cf.* chapitre 1) sont des cas particuliers de systèmes à interactions monotones.

L'expression de la matrice jacobienne du système (5.18) en tous points de l'ensemble considéré est donnée page 154.

En prenant en compte les contraintes géométriques explicitées plus haut (notamment que les $\mu_j(\cdot)$ sont croissantes de leurs arguments), nous déduisons que les signes des éléments hors diagonaux de la Jacobienne (*i.e.* les interactions) sont de signe fixé pour tous points dans l'ensemble considéré.

$$\mathcal{J} = \begin{pmatrix} -\mu'_1(\cdot)\mathcal{K}_1 & 0 & \cdots & 0 & -h_{n-1}\mu'_{n-1}(\cdot)\mathcal{K}_1 \\ +\mu_1(\cdot) - \mu_n(\cdot) & & & & \\ h_1\mu'_2(\cdot)\mathcal{K}_2 & -\mu'_2(\cdot)\mathcal{K}_2 & 0 & \cdots & 0 & -h_{n-1}\mu'_{n-1}(\cdot)\mathcal{K}_2 \\ +\mu_2(\cdot) - \mu_n(\cdot) & & & & \\ 0 & \ddots & \ddots & 0 & \vdots & \vdots \\ \vdots & 0 & \ddots & \ddots & 0 & \vdots \\ \vdots & \cdots & 0 & h_{n-3}\mu'_{n-2}(\cdot)\mathcal{K}_{n-2} & -\mu'_{n-2}(\cdot)\mathcal{K}_{n-2} & -h_{n-1}\mu'_{n-1}(\cdot)\mathcal{K}_{n-2} \\ +\mu_{n-2}(\cdot) - \mu_n(\cdot) & & & & & \\ 0 & \cdots & \cdots & 0 & h_{n-2}\mu'_{n-1}(\cdot)\mathcal{K}_{n-1} & -(\mu'_{n-1}(\cdot) + h_{n-1}\mu'_{n-1}(\cdot))\mathcal{K}_{n-1} \\ +\mu_{n-1}(\cdot) - \mu_n(\cdot) & & & & & \end{pmatrix}$$

Matrice jacobienne $(n-1) \times (n-1)$ du système réduit (5.18).

Les arguments des fonctions $\mu_j(\cdot)$ sont les mêmes que dans le système (5.18).

$$\mathcal{J} = \begin{pmatrix} \bullet & 0 & \dots & & \dots & 0 & - \\ + & \bullet & 0 & \dots & & \dots & 0 & - \\ 0 & + & \bullet & 0 & \dots & \dots & 0 & - \\ 0 & 0 & + & \bullet & 0 & \dots & 0 & - \\ \vdots & & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & \vdots & \vdots \\ 0 & \dots & \dots & 0 & + & \bullet & 0 & - \\ 0 & \dots & & \dots & 0 & + & \bullet & - \\ 0 & \dots & & & \dots & 0 & + & \bullet \end{pmatrix} \quad (5.20)$$

Le système (5.18) est donc bien un système à interactions monotones [126]. Les termes compétitifs de la Jacobienne (*i.e.* les interactions négatives, dernière colonne de la Jacobienne) sont:

$$\forall j \in [1.. n-2], -h_{n-1}\mu'_n(s_{n,in} - s_{T,in} + s_T^* + h_{n-1}\varkappa_{n-1})\varkappa_j$$

Bien qu'il possède la structure très caractéristique des systèmes à interactions monotones, l'étude du système (5.18) s'est avérée très compliquée dans le cas général. Les méthodes classiques que nous avons testées ne nous ont pas permis de conclure.

Cependant, une publication récente d'Angeli et Sontag [5] sur les systèmes à interaction monotones propose une méthodologie d'étude de ces systèmes basée sur un encadrement du système et l'étude des inégalités différentielles résultantes. Cette méthode conduit à l'expression de conditions suffisantes sur le système considéré, permettant de conclure qu'il admet un unique point d'équilibre globalement asymptotiquement stable.

Le problème qui nous occupe ici se réduit cependant à un cas nettement plus simple que la problématique générale de [5], qui est au demeurant assez complexe. Nous présentons donc ici une méthodologie simplifiée, cas particulier de la théorie d'Angeli et Sontag. Nous ne détaillons pas la preuve qui est assez technique (on se reportera au cas général dans [5]). Nous donnons juste les principales étapes du raisonnement qui permettent de conclure.

5.4.3 Méthodologie

Le principe de la méthode d'Angeli et Sontag [5] réside dans la décomposition d'un système dynamique à interactions monotones en deux parties, l'une autonome, l'autre jouant le rôle d'une entrée:

$$\dot{x} = f(x) \iff \begin{cases} \dot{x} = f(x, w) \\ \text{avec } w = g(x) \end{cases}$$

En considérant une trajectoire du système après décomposition, à partir de bornes sur l'entrée w on déduit des bornes sur l'état (les trajectoires étant bornées) bornes que l'on réinjecte alors dans l'entrée w . On en déduit de nouvelles bornes sur la trajectoire qui induisent de nouvelles bornes sur l'entrée. En itérant, on arrive à conclure à la convergence de l'état vers un équilibre sous certaines conditions.

Notons cependant que la décomposition du système n'est pas forcément unique, ce qui explique que dans l'étude ultérieure du système (5.18) nous pourrions suivre deux approches différentes. Explicitons maintenant la méthode présentée dans [5] au niveau mathématique.

Considérons un système dynamique autonome de $\mathbb{R}^n$ pouvant être décomposé sous la forme:

$$\begin{cases} \dot{x} = f(x, w) ; x(t_0) = x_0 \\ \text{avec } w = g(x) \end{cases} \quad (5.21)$$

g étant $\mathcal{C}^1$ sur un ouvert convexe $D \subset \mathbb{R}^n$ à valeur dans $\mathcal{A} \subset \mathbb{R}$, et f étant $\mathcal{C}^1$ sur $D \times \mathcal{A}$.

Nous supposons que le système (5.21) vérifie les hypothèses suivantes:

- HMa: pour tout w fixé dans $\mathcal{A}$, les trajectoires de (5.21) issues de D sont bornées.
- HMb: pour tout w fixé dans $\mathcal{A}$, le système (5.21) est coopératif: $\forall (x, w) \in D \times \mathcal{A}, \frac{\partial f_i}{\partial x_{j \neq i}}(x, w) \geq 0$
- HMc: $\forall i \in [1..n], \forall (x, w) \in D \times \mathcal{A}, \frac{\partial f_i}{\partial w}(x, w) \leq 0$
- HMd: pour tout β fixé dans $\mathcal{A}$, le système $\dot{x} = f(x, \beta)$ admet un unique équilibre x_β^* GAS sur D
- HMe: $\forall (x, y) \in D^2, x \leq y, g(x) \leq g(y)$ ($g(\cdot)$ est croissante par rapport à “ $\leq$ ”)

Nous définissons sur $\mathcal{A}$ la fonction W qui à tout β associe l'équilibre GAS correspondant x_β^* :

$$\begin{aligned} W &: \mathcal{A} \rightarrow D \\ \beta &\mapsto x_\beta^* \end{aligned}$$

Considérons l'ensemble des trajectoires issue d'un x_0 du système (5.21) pour chaque w de $\mathcal{A}$. D'après HMa, chacune de ces trajectoires est bornée. L'ensemble formé par les trajectoires considérées appartient donc à un compact de $\mathbb{R}^n$. La fonction $g(\cdot)$ étant $\mathcal{C}^1$, l'image de ce compact est un compact et il existe donc $\underline{w}_1$ et $\overline{w}_1$ tels que:

$$\forall w \in \mathcal{A}, \forall t \geq t_0, g(\phi_{f(\cdot, w)}(t, x_0, t_0)) \in [\underline{w}_1, \overline{w}_1] \subset \mathcal{A}$$

En considérant la relation “ $\leq$ ” sur $\mathbb{R}^n$ et l'hypothèse HMc, il vient pour tout x dans l'ensemble considéré:

$$f(x, \overline{w}_1) \leq f(x, w) \leq f(x, \underline{w}_1)$$

Puisque $f(x, \underline{w}_1)$ et $f(x, \overline{w}_1)$ sont coopératifs (HBm), en utilisant le Théorème 1.12, l'hypothèse HMd et en appliquant la fonction $g(\cdot)$, on a quand t tend vers l'infini:

$$\underline{w}_2 = g(W(\overline{w}_1)) \leq \lim_{t \rightarrow +\infty} g(\phi_{f(\cdot, w)}(t, x_0, t_0)) \leq g(W(\underline{w}_1)) = \overline{w}_2$$

En itérant k fois ce raisonnement, on obtient:

$$\underline{w}_{k+1} = (g \circ W)^k(\overline{w}_1) \leq \lim_{t \rightarrow +\infty} g(\phi_{f(\cdot, w)}(t, x_0, t_0)) \leq (g \circ W)^k(\underline{w}_1) = \overline{w}_{k+1} \quad (5.22)$$

Définissons la fonction Ω de $\mathcal{A}$ dans $\mathcal{A}$ telle que:

$$\begin{aligned} \Omega &: \mathcal{A} \rightarrow \mathcal{A} \\ \beta &\mapsto \Omega(\beta) = g \circ W(\beta) \end{aligned}$$

Considérons les suites récurrentes $(u_k)_{k \in \mathbb{N}^*}$ de $\mathcal{A}$ définies par:

$$u_{k+2} = \Omega \circ \Omega(u_k)$$

Remarquons que les suites $(\overline{w}_k)$ et $(\underline{w}_k)$ sont des suites (u_k) initialisées en des valeurs différentes. Ainsi si l'on arrive à conclure que toutes les suites récurrentes (u_k) convergent vers un point fixe globalement attractif w^* , nous aurons fait un grand pas vers la solution.

Une *condition suffisante* permettant de conclure que toutes les suites (u_k) convergent vers un unique point fixe est pour tout β (théorème de petit gain):

$$\left| \frac{d\Omega}{d\beta} \right| < 1 \quad (5.23)$$

On a donc si la condition (5.23) est remplie:

$$\forall (u_1, u_2) \in \mathcal{A}^2, \lim_{k \rightarrow +\infty} u_k = w^*$$

En utilisant l'équation (5.22), nous pouvons donc conclure que pour toutes conditions initiales $(\underline{w}_1, \underline{w}_2) \in \mathcal{A}^2$ (idem pour les $\overline{w}_i$):

$$\lim_{k \rightarrow +\infty} \underline{w}_k = \lim_{k \rightarrow +\infty} \overline{w}_k = \lim_{t \rightarrow +\infty} g(\phi_{f(.,w)}(t, x_0, t_0)) = w^*$$

Le système (5.21) initialisé en x_0 est donc asymptotiquement autonome avec pour système différentiel limite le système (cf. annexe D):

$$\dot{x} = f(x, w^*)$$

Le même raisonnement est valable pour toutes les conditions initiales $x_0 \in D$; les seules différences sont les conditions initiales des suites $(\overline{w}_k)$ et $(\underline{w}_k)$ ce qui ne modifie pas leur convergence vers w^* .

En appliquant le théorème D.2, il vient:

$$\forall x_0 \in D, \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t, x_0) = W(w^*)$$

La stabilité locale du point $W(w^*)$ est immédiate par l'hypothèse HMD.

Nous concluons que le système (5.21) admet un unique équilibre $W(w^*)$ globalement asymptotiquement stable sur D . $\square$

Remarque – Dans la pratique pour appliquer ce raisonnement on se contentera de vérifier les hypothèses HMa à HMe. Puis nous exprimerons la fonction Ω et imposerons la condition (5.23) à sa dérivée. Ceci nous donnera ainsi une condition suffisante assurant que le système considéré admet un équilibre globalement asymptotiquement stable.

5.4.4 Retour au système (5.18)

Nous appliquons ici au système (5.18) la méthodologie détaillée à la section précédente.

Considérons le système (5.18). Nous posons dans toutes les équations du système:

$$w = \mu_n(s_{n,in} - s_{T,in} + s_T^* + h_{n-1}z_{n-1}) \quad (5.24)$$

Nous allons étudier le système à w constant et montrer que les hypothèses HMa à HMe sont vérifiées. Puis nous calculerons la fonction Ω correspondant à cette décomposition du système (5.18), et, dans

un second temps, nous calculerons sa dérivée. Nous en déduirons ainsi une condition suffisante pour que le système (5.18) ait un unique équilibre globalement asymptotiquement stable.

Remarquons que l'équation (5.19) impose d'une part que:

$$w \in [0, \mu_n(\min(\overline{s_n}, s_{n,in}))] \quad (5.25)$$

Et d'autre part que le système réduit (5.18) est initialisé dans la zone où les $\mu_j(\cdot)$ sont croissantes de leurs arguments.

Nous considérons donc le système suivant, initialisé en des conditions initiales fortement positives correspondant à la zone de stricte croissance des $\mu_j(\cdot)$ et à w constant dans l'intervalle défini par (5.25):

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = (\mu_1(s_{1,in} - x_1) - w)x_1 \\ \vdots \\ \dot{x}_j = (\mu_j(s_{j,in} - x_j + h_{j-1}x_{j-1}) - w)x_j \\ \vdots \\ \dot{x}_{n-1} = (\mu_{n-1}(s_{n-1,in} - x_{n-1} + h_{n-2}x_{n-2}) - w)x_{n-1} \end{cases} \quad (5.26)$$

Notons que puisque les x_j sont initialisés dans la zone correspondant à la stricte croissance de $\mu_j(\cdot)$ (notée Θ par la suite), on a au moins (cf. HC2 page 142):

$$\forall j \in [1..n-1], x_j(0) \leq \min(\overline{s_j}, s_{j,in}) < s_{j,in} + h_{j-1}s_{j-1,in}$$

Ceci suffit à montrer que les trajectoires de (5.26) à w constant et issues de telles conditions initiales sont bornées. En effet, si $x_1(0) < s_{1,in}$ alors, en majorant $\dot{x}_1$ en prenant $w = 0$, il est aisé de montrer que, pour tout temps, $x_1(t, x_1(0)) \leq s_{1,in}$. Considérons maintenant l'équation $\dot{x}_2$, on a:

$$\dot{x}_2 \leq \mu_2(s_{2,in} - x_2 + h_1x_1)x_2$$

x_1 étant majoré par $s_{1,in}$ pour les conditions initiales considérées, on montre de la même façon que $x_2(t, x_2(0))$ est bornée. Par récurrence, on montre que toutes les variables sont bornées, l'hypothèse HMa est donc vérifiée.

Rappelons que le système original (5.18) laisse invariante Θ , la zone de stricte croissance des $\mu_j(\cdot)$. Ce n'est cependant pas le cas du système (5.26) considéré à w constant dans l'intervalle (5.25), qui est lui susceptible de générer des arguments des fonctions $\mu_j(\cdot)$ qui sortent de Θ . Le système (5.26) ne pourrait alors plus être considéré comme un système à interactions monotones, empêchant l'application de la méthode décrite dans la section précédente.

Ici nous contournons ce problème en considérant que les fonctions $\mu_j(\cdot)$ dans le système (5.26) sont les prolongements, croissants et bornés, des fonctions $\mu_j(\cdot)$ du système initial (5.18) qui n'étaient, elles, pas obligatoirement monotones, ce que nous illustrons sur la figure 5.4.

Dans la zone Θ , le système (5.26) est donc bien une décomposition du système (5.18). Nous montrons dans un second temps que la décomposition (5.26), avec les $\mu_j(\cdot)$ prolongés, admet pour chaque w

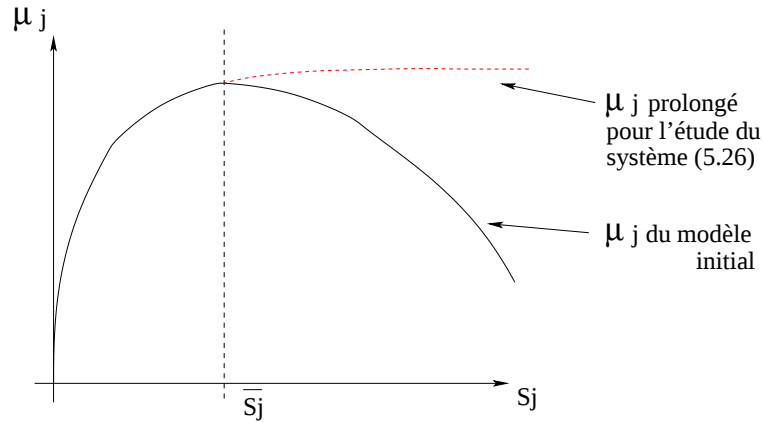


FIG. 5.4 Prolongements strictement croissants et bornés des $\mu_j(\cdot)$ pour l'étude du système (5.26)

constant un unique équilibre GAS. De plus, nous montrons que cet équilibre appartient, pour chaque w constant, à la zone Θ . Donc, en appliquant la méthode décrite dans la section précédente, on conclura que le système (5.26) prolongé et avec w défini par (5.24) admet un équilibre GAS, situé dans Θ .

Rappelons que sur la zone Θ , le système original (5.18) coïncide avec le système (5.26) prolongé. On pourra alors conclure que l'équilibre est aussi GAS pour le système original (5.18) sur la zone Θ , ce qui est le résultat recherché.

Revenons à l'étude du système (5.26) les $\mu_j(\cdot)$ étant prolongés comme indiqué sur la figure 5.4. Grâce au prolongement des $\mu_j(\cdot)$ en des fonctions croissantes partout, le système (5.26) est bien coopératif, l'hypothèse, HMb est donc vérifiée. Étant donnée l'expression de w , il est clair que les hypothèses HMc et HMe sont aussi remplies, reste à vérifier l'hypothèse HMd.

Nous allons étudier les équations une par une en propageant les valeurs de chaque équilibre dans l'équation suivante. Pour conclure à l'existence pour tout w d'un unique équilibre fortement positif GAS sur l'ensemble considéré, nous appliquerons le théorème suivant, dont la preuve est triviale en appliquant le théorème 2.11 page 80 par récurrence.

Théorème 5.3 *Considérons le système non-linéaire:*

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = f_1(x_1, x_2, \dots, x_h) \\ \vdots \\ \dot{x}_j = f_j(x_j, x_{j+1}, \dots, x_h) \\ \vdots \\ \dot{x}_h = f_h(x_h) \end{cases} \quad (5.27)$$

avec $x_j \in \mathbb{R}^{k_j}$ et $\sum_{j=1}^h k_j = n$. Supposons que:

- [H1] $0_{k_h} \in \mathbb{R}^{k_h}$ est un équilibre GAS pour $\dot{x}_h = f_h(x_h)$

- [H2] $\forall j \in [1..h-1], 0_{k_j} \in \mathbb{R}^{k_j}$ est un équilibre GAS pour $\dot{x}_j = f_j(x_j, 0, \dots, 0)$
 - [H3] toutes les trajectoires du système (5.27) sont bornées.
- Alors $0_n \in \mathbb{R}^n$ est un équilibre GAS pour le système (5.27)

Remarque – Ce théorème reste valable si l'on remplace les ensembles $\mathbb{R}^{k_j}$ par des ouverts inclus dans les ensembles $\mathbb{R}^{k_j}$.

Revenons à l'étude du système (5.26). Considérons l'équation $\dot{\kappa}_1$. D'après l'hypothèse HC3, et les conditions géométriques (5.19) et (5.25) il est clair que l'équation:

$$\left(\mu_1(s_{1,in} - \kappa_1) - w\right)\kappa_1 = 0$$

admet *toujours* deux solutions, l'une $\kappa_1 = 0$, et l'autre une solution strictement positive κ_1^* telle que:

$$\kappa_1^* = s_{1,in} - \mu_1^{-1}(w)$$

Cette solution strictement positive est unique car $\mu_1(\cdot)$ est une fonction strictement croissante de son argument après son prolongement. μ_1^{-1} désigne donc l'inverse du prolongement croissant de μ_1 . Par la suite nous utiliserons la même notation pour tous les μ_i .

D'autre part, puisque $\mu_1(\cdot)$ est croissante, il est clair que:

$$\begin{aligned} 0 < \kappa_1 < \kappa_1^* &\implies \dot{\kappa}_1 > 0 \\ \kappa_1 > \kappa_1^* &\implies \dot{\kappa}_1 < 0 \end{aligned}$$

Ceci implique d'un côté que l'équilibre $\kappa_1 = 0$ est inatteignable depuis des conditions initiales strictement positives, et de l'autre que κ_1^* est un équilibre GAS pour l'équation $\dot{\kappa}_1$ sur l'ensemble considéré.

Injectons maintenant κ_1^* dans l'équation $\dot{\kappa}_2$, on a:

$$\dot{\kappa}_2 = \left(\mu_2(s_{2,in} - \kappa_2 + h_1\kappa_1^*) - w\right)\kappa_2$$

Par un raisonnement analogue à celui mené pour l'équation $\dot{\kappa}_1$, on montre que $\kappa_2 = 0$ n'est pas atteignable depuis des conditions initiales strictement positives et qu'il existe un unique équilibre strictement positif κ_2^* GAS pour l'équation $\dot{\kappa}_2$, tel que:

$$\kappa_2^* = s_{2,in} + h_1 s_{1,in} - \mu_2^{-1}(w) - h_1 \mu_1^{-1}(w)$$

Par récurrence on montre aisément le même résultat pour tous les $k \in [1..n-1]$. En appliquant le théorème 5.3, on montre ainsi que le système (5.26) admet un unique équilibre $(\kappa_1^*, \dots, \kappa_{n-1}^*)^T$, fortement positif et GAS. Cet équilibre, noté $\kappa^*(w)$, est tel que:

$$\forall i \in [1..n-1], \quad \kappa_i^* = s_{i,in} - \mu_i^{-1}(w) + \sum_{k=1}^{i-1} \left(\prod_{j=k}^{i-1} h_j \right) (s_{k,in} - \mu_k^{-1}(w)) \quad (5.28)$$

Montrons que l'équilibre $\kappa^*(w)$ appartient pour toutes les valeurs de w à Θ , la zone de stricte croissance des μ_j . Notons (en accord avec le changement de variable (5.10)):

$$\forall j \in [1..n-1], \quad s_j^*(w) = s_{j,in} - x_j^*(w) + h_{j-1}x_{j-1}^*(w)$$

Avec cette notation, pour montrer que $\varkappa^*(w)$ appartient pour toutes les valeurs de w à Θ , il suffit de montrer que (cf. hypothèse HC2 page 142):

$$\forall j \in [1..n-1], s_j^*(w) \in [0, \min(\overline{s_j}, s_{j,in})[$$

On a facilement:

$$\forall j \in [1..n-1], s_j^*(w) = \mu_j^{-1}(w) \text{ avec } w \in [0, \mu_n(\min(\overline{s_n}, s_{n,in})) [$$

Puisque $\mu_j^{-1}(\cdot)$ est strictement croissante, on a donc:

$$\forall j \in [1..n-1], 0 \leq s_j^*(w) < \mu_j^{-1}(\mu_n(\min(\overline{s_n}, s_{n,in})))$$

le majorant de $s_j^*(w)$ existe bien (par HC3 page 142) et, en utilisant à nouveau HC3, on montre que pour w fixé dans $[0, \mu_n(\min(\overline{s_n}, s_{n,in}))]$:

$$\forall j \in [1..n-1], 0 \leq s_j^*(w) < \min(\overline{s_j}, s_{j,in})$$

On conclut que le point d'équilibre $\varkappa^*(w)$ GAS pour le système (5.26) appartient bien à Θ , la zone correspondant à la stricte croissance des $\mu_j(\cdot)$ avant leur prolongement.

Revenons maintenant à la méthodologie de la section précédente. La fonction Ω correspondant à la décomposition (5.26) du système (5.18) est définie par:

$$\forall w \in [0, \mu_n(\min(\overline{s_n}, s_{n,in}))], \Omega(w) = \mu_n(s_{n,in} - s_{T,in} + s_T^* + h_{n-1}\varkappa_{n-1}^*(w))$$

En remplaçant $\varkappa_{n-1}^*(w)$ par sa valeur, on obtient après simplifications:

$$\Omega(w) = \mu_n\left(s_T^* - \sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j\right) \mu_k^{-1}(w)\right)$$

Une condition suffisante pour que le système avant décomposition (5.18) admette un équilibre fortement positif $\varkappa^*$ GAS sur l'ensemble considéré est donc:

$$\left| \frac{d\Omega}{dw} \right| < 1$$

On a:

$$\left| \frac{d\Omega}{dw}(w) \right| = \left| - \left(\sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) \frac{d}{dw}(\mu_k^{-1}(w)) \right) \times \mu_n' \left(s_T^* - \sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) \mu_k^{-1}(w) \right) \right|$$

Soit, puisque les μ_k ont leur argument dans Θ :

$$\left| \frac{d\Omega}{dw}(w) \right| = \left(\sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) \frac{1}{\mu_k' \circ \mu_k^{-1}(w)} \right) \times \mu_n' \left(s_T^* - \sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) \mu_k^{-1}(w) \right)$$

Une condition suffisante pour que le système (5.18) ait un unique équilibre fortement positif $\varkappa^*$ GAS est donc que, $\forall w \in [0, \mu_n(\min(\overline{s_n}, s_{n,in}))]$

$$\sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) \frac{1}{\mu_k' \circ \mu_k^{-1}(w)} < \frac{1}{\mu_n' \left(s_T^* - \sum_{k=1}^{n-1} \left(\prod_{j=k}^{n-1} h_j \right) \mu_k^{-1}(w) \right)} \quad (5.29)$$

Rappelons que le système (5.18) est le système limite du système asymptotiquement autonome (5.17), ce pour tous les jeux de conditions initiales $(z_1(0), \dots, z_{n-1}(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$ considérés.

En appliquant le théorème D.2 de Markus (*cf.* Annexe D) sur les systèmes asymptotiquement autonomes, on peut conclure que l'équilibre fortement positif $\varkappa^*$ défini plus haut est globalement attractif pour le système (5.17) pour un jeu de conditions initiales $(z_1(0), \dots, z_{n-1}(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$.

L'attractivité globale de $\varkappa^*$ pour le système (5.17) reste vraie pour chaque jeu de conditions initiales $(z_1(0), \dots, z_{n-1}(0), s_T(0), \varkappa_n(0))^T$ possible. Or, pour chaque jeu de conditions initiales possible, le système (5.17) est équivalent au système (5.11) pour ces mêmes conditions initiales. On peut donc conclure à l'attractivité globale, pour le système (5.11) sur l'ensemble considéré, du point ξ^* tel que:

$$\xi^* = (s_{1,in}, \dots, s_{n-1,in}, s_T^*, \varkappa_n^*, \varkappa_1^*, \dots, \varkappa_{n-1}^*)^T$$

La stabilité locale de ξ^* est vérifiée car ses $(n+1)$ premières équations sont localement stables en l'équilibre (*cf.* annexe D) et ses $(n-1)$ dernières le sont aussi, par la démonstration effectuée ci-dessus. On conclut donc à la globale asymptotique stabilité de ξ^* pour le système (5.11) sur l'ensemble considéré.

En repassant dans les coordonnées originelles $(\varkappa_1, s_1, \dots, \varkappa_n, s_n)^T$ du système contrôlé (5.4), on peut donc conclure que ξ^* dans les bonnes coordonnées est un équilibre GAS du système (5.4).

Il faut encore montrer que dans ces coordonnées, ξ^* est fortement positif. En effet, on sait d'après (5.28) que:

$$\forall j \in [1..n-1], \varkappa_j^* \in \left[0, s_{j,in} + \sum_{k=1}^{j-1} \left(\prod_{i=k}^{j-1} h_i \right) s_{k,in} \right]$$

Mais il reste possible que $\varkappa_j^*$ soit égal à $\left(s_{j,in} + \sum_{k=1}^{j-1} \left(\prod_{i=k}^{j-1} h_i \right) s_{k,in} \right)$. Étant donnés les changements de variables (5.10), cela correspond à la possibilité que s_j^* soit nul.

En considérant le système (5.4), les x_j^* étant strictement positifs, la seule possibilité pour que un des s_j^* soit nul et soit une coordonnée de l'équilibre ξ^* est que pour tous les $i \in [1..n]$ les s_i^* soient nuls. Or la somme pondérée des s_i est toujours plus grande qu'une quantité strictement positive (*cf.* inégalité (5.14)). Tous les s_j^* sont donc obligatoirement strictement positifs.

Nous avons donc montré que la condition (5.29) permet d'assurer que le système contrôlé (5.4) admet un équilibre ξ^* fortement positif et GAS sur $\mathbb{R}_{+*}^{2n}$, correspondant à la consigne s_T^* . $\square$

5.5 Remarques sur le Résultat Obtenu

Nous avons prouvé que sous la condition (5.29), la commande proposée dans le Théorème 5.1 permet de stabiliser globalement le modèle de la bioréaction en cascade. Ce résultat est global sur l'orthant fortement positif permettant ainsi d'assurer un fonctionnement sûr du procédé. La condition (5.29) reste cependant assez difficile à interpréter mais n'est pas en contradiction avec les hypothèses initialement retenues. Ainsi, on pourra par exemple garantir que le théorème 5.1 est vraie si la pente du taux de croissance $\mu_n(\cdot)$ reste suffisamment faible (dans sa zone de croissance) et si les pentes des autres taux de croissance $\mu_{j < n}(\cdot)$ restent suffisamment fortes sur la zone de croissance de $\mu_n(\cdot)$.

La condition suffisante (5.29) est cependant très restrictive et il semble que le résultat reste valable dans une grande partie des cas, grâce aux hypothèses HC du début du chapitre qui sont assez contraignantes.

En effet, certaines des hypothèses sur le modèle de la bioréaction en cascade lui-même sont assez restrictives. C'est tout particulièrement le cas de l'hypothèse HC3 ainsi que l'ensemble dans lequel doit être choisi la consigne s_T^* .

L'hypothèse HC3 implique que la vitesse globale de la bioréaction en cascade est limitée par la $n^{\text{ième}}$ vitesse de réaction (ce qui est parfaitement cohérent avec la condition 5.29). Cette condition limite donc le champ d'application de la commande proposée aux seules bioréactions en cascade, dont le maximum de la vitesse de la dernière réaction est le plus faible de la cascade.

L'autre hypothèse qui restreint le champ d'application de la méthode est l'ensemble dans lequel il faut choisir la consigne s_T^* :

$$0 < s_T^* < \min_{j \in [1..n]} \left(\overline{s_n}, s_{j,in}, \left(\prod_{k=j}^{n-1} h_k \right) \overline{s_j} \right)$$

En termes moins techniques on impose une borne supérieure à la consigne s_T^* . Ainsi, cette méthode de contrôle est tout à fait adaptée à une biodégradation en cascade (*i.e.* un procédé de dépollution) dans laquelle on cherche à ramener une somme pondérée des polluants (équivalent à s_T) en dessous d'un certain seuil. Dans le cas d'une bioproduction en cascade, où l'on cherche à maximiser le produit final (s_{n+1} produit par la $n^{\text{ième}}$ réaction), la méthode est moins adaptée: il faut choisir une consigne en substrat équivalent faible pour obtenir un s_{n+1} suffisamment fort. On ne peut cependant pas fixer directement une consigne pour ce produit de la bioréaction en cascade.

5.6 Perspectives

5.6.1 Loi de Commande Adaptative

Il semble possible de proposer une version adaptative du contrôleur proposé dans le Théorème 5.1 en tirant parti d'une mesure du substrat équivalent s_T et en choisissant les bornes du gain γ_m et γ_M en cohérence avec l'ensemble dans lequel il faut choisir la consigne s_T^* pour le contrôleur du Théorème 5.1 et la condition (5.29).

Étant donné la technicité de la preuve pour le contrôleur de type statique du Théorème 5.1, et notamment qu'il ne nous a pas été possible de démontrer que la commande $d(\cdot)$ reste strictement positive pour tout temps (ce qui empêche le changement de temps "classique" et nous contraint à l'étude menée dans la section 5.3), il apparaît que la preuve générique pour une cascade de n bioréactions simples risque d'être fort longue et fastidieuse. *A priori* cette preuve nécessiterait une approche nouvelle, celle menée au chapitre 2 ne pouvant s'appliquer du fait de l'impossibilité d'effectuer le changement de temps "classique".

5.6.2 Les Bioréactions Arborescentes

Il est à noter que, plus que la structure en cascade des bioréactions, c'est l'existence d'un substrat équivalent s_T et la possibilité de décrire sommairement la bioréaction en cascade par une bioréaction macroscopique simple du type (5.9) qui nous permet de conclure.

Il convient ici de mentionner une autre structure de bioréaction qui possède cette caractéristique importante: les bioréactions arborescentes. Elles sont formées d'une cascade de bioréactions sur laquelle se fixent plusieurs "branches" elles-mêmes de type cascade. En itérant le processus sur chacune des branches, on obtient une structure générale de bioréaction que l'on qualifie alors d'arborescente. Nous en présentons un exemple sur la figure 5.5.

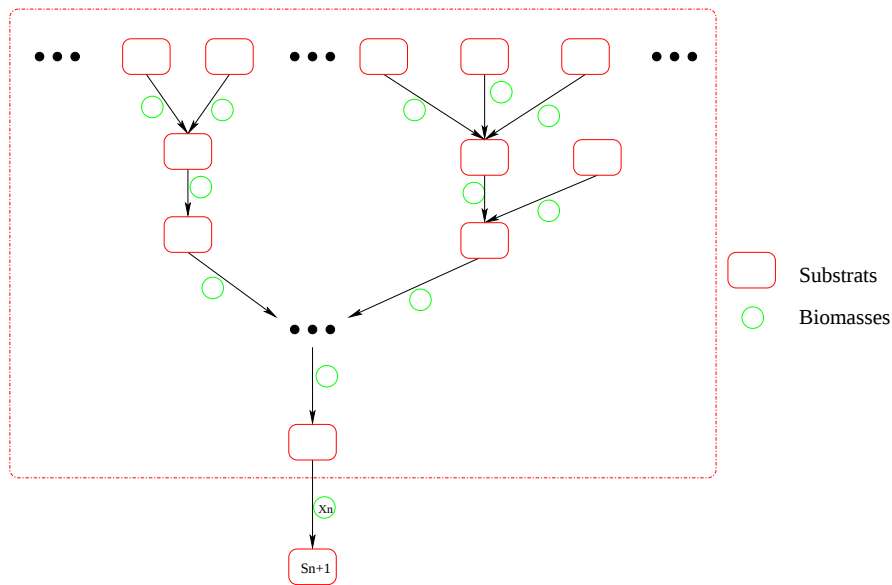


FIG. 5.5 Exemple d'une bioréaction arborescente.

Si l'arbre formé par les bioréactions simples n'a qu'un seul "pied", c'est à dire si toutes les bioréactions mènent *in fine* à la même bioréaction terminale, il est alors facile de vérifier qu'il existe toujours un substrat équivalent permettant une description synthétique du type (5.9) de la bioréaction arborescente. La preuve est immédiate en considérant chacune des bioréactions en cascade qui se ramène facilement à une bioréaction synthétique. Chacun des nœuds de l'arbre se ramène aussi à une bioréaction synthétique (on pourra consulter la figure 5.6). En itérant le processus autant de fois que la structure de l'arbre le requiert, on finit par n'avoir plus qu'une bioréaction macroscopique simple décrivant la bioréaction arborescente.

Cette caractéristique forte nous donne bon espoir quant à la validité d'une procédure de contrôle du même type que celle présentée ici. L'un des principaux problèmes reste pour l'instant de trouver une méthode générique pour décrire les bioréactions arborescentes, ce qui est aisé pour une bioréaction arborescente à une seule branche (*i.e.* en cascade) mais l'est nettement moins dans le cas général.

La preuve demandera cependant beaucoup d'efforts ainsi que probablement la mise en œuvre de nouvelles techniques mathématiques ne nous apparaissant pas clairement jusqu'ici. La preuve que s_T

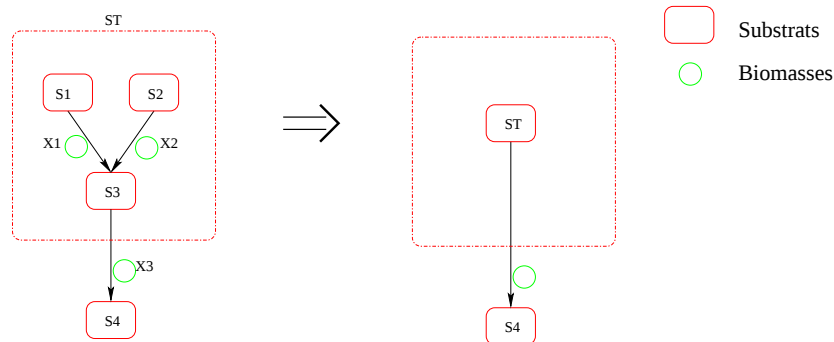


FIG. 5.6 Exemple d'agrégation d'un nœud d'une bioréaction arborescente. Transformation: S_T égale à une somme pondérée (suivant les coefficients de rendement) des S_i .

rejoindrait bien sa consigne s_T^* semble par contre très similaire à l'étude menée à la section 5.3.2.

Conclusion

Au cours de ce chapitre, nous avons proposé une modélisation d'un réseau trophique microbien en cascade, cas général de la problématique soulevée par la description de la fermentation anaérobie proposée par Bernard *et al.* [14]. La description retenue exhibe un "substrat équivalent", somme pondérée des différents substrats, qui permet de décrire de façon agrégée, ou macroscopique, la bioréaction en cascade par une unique bioréaction simple de type (3.1), auto-catalysée par la dernière biomasse de la cascade, mais dont la vitesse de réaction ne suit pas un modèle classique comme *e.g.* un taux de croissance de Monod ou de Haldane...

Cette possible agrégation de la structure générale du réseau trophique n'est pas seulement le propre des bioréactions en cascade; nous montrons ainsi que les bioréactions arborescentes, dont les bioréactions en cascade sont des cas particuliers, peuvent aussi être réduites à une bioréaction macroscopique simple, auto-catalysée par la biomasse terminale de l'arbre qui consomme un "substrat équivalent" (somme pondérée des substrats). À nouveau la vitesse de la réaction macroscopique n'est pas classique.

Nous avons montré que, sous certaines conditions, il restait possible de garantir la stabilisation globale d'une bioréaction en cascade générique par un contrôle inspiré de celui proposé au chapitre 2, basé sur la bioréaction agrégée (5.9). Notons qu'il est assez facile de prouver, sous peu d'hypothèses, la convergence du substrat équivalent s_T et de la biomasse finale x_n vers la consigne imposée, ce qui montre que le contrôle proposé est à même de stabiliser l'interprétation réduite de la bioréaction complexe globale. Le point clef de cette démonstration réside dans la preuve que $\int_0^\infty d(.)d\tau$ diverge. La preuve ne devient véritablement technique qu'à partir du moment où l'on cherche à conclure pour toutes les variables d'état, ce qui produit, du fait de la complexité du modèle, une condition assurant la convergence relativement technique. Il est fort probable que cette condition suffisante soit cependant beaucoup trop restrictive et que notre approche reste valide dans la plupart des cas. Notons que la méthode proposée par Angeli et Sontag [5], très utile dans le cas général des modèles biologiques, fournit dans notre cas un outil théorique puissant qui permet de conclure au moins dans certains cas. Des différentes méthodes

que nous avons testées pour l'étude du système réduit (5.18), c'est en effet la seule qui nous ait permis de conclure.

L'existence d'une agrégation de même type pour les bioréactions arborescentes nous laisse pressentir qu'une méthode de contrôle basée sur la bioréaction macroscopique fonctionnerait toujours. Ainsi, notre approche semble permettre la stabilisation d'un nombre conséquent de bioréactions complexes exploitées en bioréacteurs, ce tant que le réseau trophique réel est susceptible d'être décrit sous une forme agrégée du type "bioréaction simple" (3.1).

Conclusion

“La nature, pour être commandée, doit être obéie.”

Francis Bacon. Juriste et Homme d’État. 1561 - 1626.

Les travaux exposés dans ce mémoire traitent de la stabilisation globale de systèmes positifs, avec des applications en Biologie et en particulier en biotechnologie. Après l’instauration d’un cadre théorique sur les systèmes dynamiques positifs, nous avons mis en évidence une classe de systèmes, semi-qualitatifs ou mal connus. Cette charpente formelle nous a ainsi permis de proposer des méthodes de contrôle innovantes de bioprocédés permettant, grâce à l’approche semi-qualitative, de s’affranchir d’une bonne part des difficultés liées à la modélisation mathématique en Biologie.

Nous avons notamment contribué à la recherche d’une voie unifiée dans la présentation des systèmes d’équations différentielles ordinaires positifs. Ces systèmes jouent un rôle prépondérant dans la modélisation mathématique des phénomènes biologiques, intrinsèquement décrits par des grandeurs positives. Nous avons entre autres montré que le caractère positif de ces systèmes est très contraignant (*cf.* le cas linéaire) et qu’il est possible, sous relativement peu d’hypothèses, d’obtenir des résultats puissants d’existence et de stabilité globale d’un équilibre pour des systèmes non-linéaires positifs (*e.g.* théorème 1.15).

Ces résultats nous ont permis de dégager une sous classe de systèmes non-linéaires positifs qui trouve de nombreux cas d’application en Biologie, comme l’illustrent l’exemple halieutique (1.13), le cas général des bioréacteurs mono-espèce et l’interprétation macroscopique de réseaux trophiques microbiens complexes (en cascade et arborescents). Le caractère semi-qualitatif de la classe de systèmes isolée nécessite des hypothèses qui peuvent à première vue sembler contraignantes. Il ne s’agit cependant que de la traduction de leur positivité, de leur bornitude et du caractère stable des parties bien connues de ces systèmes. Ces hypothèses n’empêchent en tous cas pas une grande variété de comportements dynamiques: stabilité globale d’un équilibre, coexistence de multiples équilibres stables, comportement asymptotique cyclique voire même très probablement chaos.

La principale contribution de nos travaux est certainement la conception de lois de commande assurant la stabilisation globale de cette classe de systèmes non-linéaires positifs. Afin de compenser l’incertitude sur la formulation analytique des systèmes, les contrôles tirent partie d’une mesure de la partie mal connue, hypothèse qui peut à nouveau paraître forte. Il convient néanmoins de remarquer

que le développement récent d'analyseurs de gaz et de respiromètres [107] permet cette mesure dans une bonne part des applications biotechnologiques. À la différence des stratégies de commande usuelles en Automatique (inapplicables dans notre cas) où les notions de performances sont primordiales, nos commandes agissent seulement comme des simplificateurs de comportement dynamique. Leur point fort est de garantir la convergence globale vers un unique équilibre réglable (y compris dans des zones instables en boucle ouverte) et ce quel que soit le comportement du système non contrôlé. La contrepartie directe est néanmoins l'impossibilité de spécifier la vitesse de convergence vers l'équilibre. Le cas pratique des bioréacteurs mono-espèce présente cependant une propriété atténuant cette particularité: chaque variable d'état ne peut que se rapprocher de son équilibre.

L'efficacité des procédures de contrôle proposées dans leur application au cas des bioréacteurs mono-espèce nous a incités à considérer des modèles de structure plus complexe. Nous nous sommes ainsi penchés sur le cas de la croissance phytoplanctonique décrite par le modèle de Droop [19], et sur celui de la fermentation anaérobie décrite par le modèle proposé par Bernard *et al.* [14]. En conservant, à la différence des modèles originaux, le choix d'une description semi-qualitative des termes biologiques, nous montrons, sous relativement peu d'hypothèses supplémentaires, que notre procédure garantit la stabilisation globale de ces modèles. L'intérêt de notre approche est en outre confirmée par des tests expérimentaux conduits sur le fermenteur anaérobie pilote du LBE-INRA.

Nous avons par la suite étendu notre étude au cas général des réseaux trophiques microbiens en cascade, suggéré par la structure retenue pour décrire la fermentation anaérobie. En remarquant que l'agrégation de cette structure nous ramène à un cas très proche de celui des bioréacteurs mono-espèce, nous introduisons alors les concepts de substrat équivalent et de bioréaction macroscopique. En conservant une approche semi-qualitative, nous montrons alors qu'une commande synthétisée pour la description macroscopique de la bioréaction en cascade, est, sous certaines conditions, à même de stabiliser globalement la cascade elle-même. Les réseaux trophiques microbiens de structures arborescentes peuvent eux aussi être décrits par une bioréaction macroscopique consommant un substrat équivalent. Nous avons ainsi bon espoir de pouvoir étendre nos résultats de stabilisation globale à ces structures plus complexes.

Ainsi les stratégies de commande que nous avons proposées affichent des propriétés de robustesse de deux types: en premier lieu robustesse à la formulation analytique de la partie biologique des modèles, ce pourquoi elles ont été initialement conçues; mais aussi, dans une certaine mesure, robustesse au degré de complexité structurel du phénomène biologique considéré. Ces deux points nous confortent dans l'idée que notre approche fournit une bonne stratégie en vue du contrôle de bioprocédés réels.

Perspectives

Le concept de modèles mal connus s'est avéré très utile pour le contrôle des bioprocédés, en permettant de contourner les difficultés liées à leur modélisation. Le cas qui nous a occupé dans la première partie reste néanmoins relativement simple: la partie mal connue est générée par une seule fonction scalaire. Nous avons certes quelque peu élargi ces résultats au chapitre 5, mais sous d'assez fortes conditions et sur le cas, qui reste particulier, des bioréactions en cascade. Dégager de nouvelles structures génériques de systèmes semi-qualitatifs, où les parties mal connues seraient de dimensions supérieures, pour ensuite

concevoir des procédures de contrôle dédiées, serait d'un intérêt indiscutable.

On pourrait aussi imaginer des procédures de contrôle hybrides, tirant avantage de la convergence globale garantie par notre approche pour se ramener dans une zone proche de la consigne recherchée. Une fois dans cette zone, il serait alors possible de changer de stratégie et utiliser localement des méthodes de contrôle, s'appuyant sur la formulation complète du modèle, et ayant prouvé leur performances en Automatique. De telles procédures permettraient de combiner les avantages de simplification de comportement de notre méthode à l'efficacité reconnue de procédures plus classiques, mais ne fonctionnant que localement.

Un autre axe de recherche concerne le développement actuel des cultures en milieu confiné et dans des conditions maîtrisées. Ces procédés sont de plusieurs types: des cultures hors-sol aux réserves renouvelables de nourriture pour engins spatiaux en autarcie, en passant par les "écotrons" qui permettent l'étude de la réponse d'écosystèmes à des scénarii de changements environnementaux. Ces dispositifs ne sont pas sans faire penser, au moins au niveau conceptuel, aux bioréacteurs: un petit écosystème est reproduit dans une enceinte et les éléments nutritifs qui lui sont nécessaires sont apportés depuis l'extérieur, renouvelant ainsi une partie du milieu à une vitesse choisie. La consommation des nutriments est très variable, notamment suivant le degré de maturité des cultures, et difficile à modéliser. Gérer les renouvellements du milieu de manière automatique est primordial; utiliser des procédures de contrôle inspirées de nos méthodes, plutôt que de stratégies plus classiques, permettrait de prendre explicitement en compte ces difficultés de modélisation dans la conception de lois de commande.

Bibliographie

- [1] S. Aiba, M. Shoda, and M. Nagatani. Kinetics of production inhibition in alcohol fermentation. *Biotechnology and Bioengineering*, 10:845–864, 1968.
- [2] F. Allgöwer, J. Ashman, and A. Ilchmann. High-gain adaptive λ -tracking for nonlinear systems. *Automatica*, 33-5:881–888, 1997.
- [3] J. Alvarez-Ramirez, R. Suarez, and R. Femat. Control of continuous stirred tank reactors: stabilization with unknown reaction rates. *Chemical Engineering Science*, 51-17:4183–4188, 1996.
- [4] J.F. Andrews. A mathematical model for the continuous culture of microorganisms utilizing inhibiting substrates. *Biotech. Bioeng.*, 10:707–723, 1968.
- [5] D. Angeli and E.D. Sontag. Monotone control systems. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 48-10:1684–1698, 2003.
- [6] R. Antonelli and A. Astolfi. Continuous stirred tank reactors: easy to stabilize? *Automatica*, 39:1817–1827, 2003.
- [7] R. Antonelli, J. Harmand, J.P. Steyer, and A. Astolfi. Set-point regulation of an anaerobic digestion process with bounded output feedback. *IEEE transactions on control systems technology*, 11-4:495–504, 2003.
- [8] J. E. Bailey and D. F. Ollis. *Biochemical engineering fundamentals, second edition*. McGraw-Hill chemical engineering series, 1986.
- [9] R.B. Bapat and T.E.S. Raghavan. *Nonnegative matrices and their applications*. Number 64 in Encyclopedia of mathematics and its applications. Cambridge University Press, 1997.
- [10] G. Bastin and D. Dochain. *On-line Estimation and Adaptive Control of Bioreactors*. Elsevier, 1990.
- [11] D. Batstone, J. Keller, B. Newell, and M. Newland. Model development and full scale validation for anaerobic treatment of protein and fat based wastewater. *Water Science and Technology*, 36:423–431, 1997.
- [12] A. Bemporad, G. Ferrari-Trecate, and M. Morari. Observability and controllability of piecewise affine and hybrid systems. *IEEE Trans. Autom. Contr.*, 45-10:1864–1876, 2000.
- [13] O. Bernard. *Etude expérimentale et théorique de la croissance de Dunaliella tertiolecta soumise à une limitation variable de nitrate, utilisation de la dynamique transitoire pour la conception et la validation de modèles*. PhD thesis, Université Paris VI, 1995.
- [14] O. Bernard, Z. Hadj-Sadok, D. Dochain, A. Genovesi, and J. P. Steyer. Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process. *Biotech. Bioeng.*, 75:424–438, 2001.

- [15] O. Bernard, M. Polit, Z. Hadj-Sadok, M. Pengov, D. Dochain, M. Estaben, and P. Labat. Advanced monitoring and control of anaerobic wastewater treatment plants: software sensors and controllers for an anaerobic digester. *Water Science and Technology*, 43:175–182, 2001.
- [16] F. Blackman. Optima and limiting factors. *Ann. Bot.*, 19:281–295, 1905.
- [17] P. Borne, G. Dauphin-Tanguy, J. P. Richard, F. Rotella, and I. Zambettakis. *Analyse et Régulation des Processus Industriels, tome 1, Régulation Continue*. Technip, 1993.
- [18] N. Bouleau. *Philosophie des mathématiques et de la modélisation*. L'Harmattan, 1999.
- [19] D. E. Burmaster. The unsteady continuous culture of phosphate-limited *monochrysis lutheri* Droop: experimental and theoretical analysis. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 39:167–186, 1979.
- [20] A.W. Bush and A.E. Cook. The effect of time delay and growth inhibition in the bacterial treatment of wastewater. *Journal of Theoretical Biology*, 63:385–395, 1975.
- [21] C. Chicone. *Ordinary Differential Equations with Applications*. Texts in Applied Mathematics. Springer, 1999.
- [22] D. Contois. Kinetics of bacterial growth relationship between population density and specific growth rate of continuous cultures. *J. Gen. Microb.*, 21:40–50, 1959.
- [23] J.P. Corriou. *Commande des Procédés*. Tec et Doc, 1996.
- [24] A. Cunningham and P. Maas. Time lag and storage effects in the transient growth response of *chlamydomonas reinhardtii* in nitrogen limited batch and continuous culture. *Journal of General Microbiology*, 104:227–231, 1978.
- [25] C. Darwin. *The origin of species by means of natural selection*. Reprinted by the Modern Library, Random House, New York, 1859.
- [26] P. De Leenheer and D. Aeyels. Stabilization of positive linear systems. *Systems and control letters*, 44:259–271, 2001.
- [27] P. De Leenheer and D. Aeyels. Stabilization of positive systems with first integrals. *Automatica*, 38:1583–1589, 2002.
- [28] O. Diekmann and J.A.P. Heesterbeek. *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation*. Wiley, 1999.
- [29] D. Dochain and M. Perrier. Control design for nonlinear wastewater treatment processes. *Water Sci. Technol.*, 28:283–293, 1993.
- [30] M. R. Droop. Vitamin B12 and marine ecology. IV. The kinetics of uptake growth and inhibition in *monochrysis lutheri*. *J. Mar. Biol. Assoc. U.K.*, 48:689–733, 1968.
- [31] M.R. Droop. 25 years of algal growth kinetics. *Botanica Marina*, 26:99–112, 1983.
- [32] L. Farina and S. Rinaldi. *Positive linear systems, theory and applications*. John Wiley and Sons, 2000.
- [33] M. Farza, K. Busawon, and H. Hammouri. Simple nonlinear observers for on-line estimation of kinetic rates in bioreactors. *Automatica*, 34:301–318, 1998.
- [34] R. A. Freeman and P. V. Kokotović. *Robust Nonlinear Control Design. State-Space and Lyapunov Techniques*. Systems and Control: Foundations and Applications. Birkhäuser, 1996.
- [35] G. Frobenius. Über Matrizen aus positiven Elementen. *Sitzungsberichte, Königl. Preussischen Akad. Wiss.*, 8:471–476, 1908.

- [36] M. E. Gilpin. Spiral chaos in a predator-prey model. *American Naturalist*, 113:306–308, 1979.
- [37] M.P. Glazos and S.H. Zak. Practical stabilization of nonlinear/uncertain dynamical systems with bounded controllers. *International Journal of Control*, 62-1:153–171, 1995.
- [38] J. L. Gouzé. Positivity, space scale and convergence towards the equilibrium. *Journal of biological systems*, 3:613–620, 1995.
- [39] J.L. Gouzé, A. Rapaport, and Z. Hadj-Sadok. Interval observers for uncertain biological systems. *Ecological modelling*, 133:45–56, 2000.
- [40] S. P. Graef and J. F. Andrews. Mathematical modeling and control of anaerobic digestion. *Water*, 70:101–127, 1974.
- [41] M. Graham. Modern theory of exploiting a fishery, and application to North Sea trawling. *J. Cons. Int. Explor. Mer*, 37, 1977.
- [42] J.B.S. Haldane. *Enzymes*. Longmans, London, 1930.
- [43] J.K. Hale. *Ordinary Differential Equations*. Pure and Applied Mathematics. NY: Krieger, 1980.
- [44] J. Harmon, P. Pullammanappallil, G. Lyberatos, and S.A. Svoronos. Stabilization of a continuous glucose-fed anaerobic digester via feed rate control. In *Proceedings of the American Control Conference*, volume 2, pages 2156–2160, 1990.
- [45] G. W. Harrison. Global stability of predator-prey interactions. *Journal of Mathematical Biology*, 8:159–171, 1979.
- [46] E. Heinzle, I. J. Dunn, and G. B. Ryhiner. Modeling and control for anaerobic wastewater treatment. *Advances in Biochemical Engineering and Biotechnology*, 48:79–114, 1993.
- [47] R. Hermann and A.J. Krener. Nonlinear controllability and observability. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 22-5:728–740, 1977.
- [48] R.A. Hibbs, L.G. James, and R.P. Cavalieri. A furrow irrigation automation system utilizing adaptive control. *Transactions of the ASAE*, 35-3:1063–1067, 1992.
- [49] M. W. Hirsch. Systems of ordinary differential equations which are competitive or cooperative I: Limit sets. *SIAM J. Math. Anal.*, 13:167–179, 1982.
- [50] M. W. Hirsch. The dynamical systems approach to differential equations. *Bulletin of the American mathematical society*, 11:1–64, 1984.
- [51] M. W. Hirsch. Systems of ordinary differential equations which are competitive or cooperative II: convergence almost everywhere. *SIAM J. Math. Anal.*, 16:423–439, 1985.
- [52] M. W. Hirsch and S. Smale. *Differential Equations, Dynamical Systems and Linear Algebra*. Pure and Applied Mathematics. Academic Press, 1974.
- [53] J. Hofbauer and K. Sigmund. *The Theory of Evolution and Dynamical Systems*. Cambridge University Press, 1988.
- [54] S. Hui and S.H. Zak. Robust control synthesis for uncertain/nonlinear dynamical systems. *Automatica*, 28-2:289–298, 1992.
- [55] A. Isidori. *Nonlinear Control Systems*. Communications and Control Engineering. Springer, 1995.
- [56] G. Israel. *La mathématisation du réel*. Seuil, Paris, 1996.
- [57] IWA Task Group for Mathematical Modelling of Anaerobic Digestion Processes. *Anaerobic Digestion Model No. 1 (ADM1)*. IWA Publishing, London, 2002.

- [58] F. Jadot, G. Bastin, and F. Viel. Robust global stabilization of stirred tank reactors by saturated output feedback. *European Journal of Control*, 5:361–371, 1999.
- [59] C.K. Jin, H.L. Chiang, and S.S. Wang. Steady state analysis of the enhancement in ethanol productivity of a continuous fermentation process employing a protein-phosphotifind complex as a protecting agent. *Enzyme Microbiol. Technol.*, 3:249–257, 1981.
- [60] J.L. Jost, J.F. Drake, A.G. Frederickson, and H.M. Tsuchiya. Interactions of *tetrahymena pyroformis*, *escherichia coli*, *azobacter vinelandii* and glucose in a minimal medium. *J. Bacteriol.*, 113:834–340, 1973.
- [61] R.E. Kalman, Y.C. Ho, and K.S. Narendra. Controllability of linear dynamical systems. *Contributions to differential equations*, 1:189–213, 1963.
- [62] E. Kamke. Zur Theorie der Systeme Gewoknlicher Differentialgleichungen, ii. *Acta Math.*, 58:57–85, 1932.
- [63] H. K. Khalil. *Nonlinear Systems*. Macmillan Publishing Company, 1992.
- [64] J. Klamka and J. Kalinowsky. Reachability and controllability of positive continuous time linear systems with time variable coefficients. *Bull. Pol. Acad. Tech. Sci.*, 49-4:633–641, 2001.
- [65] A.N. Kolmogoroff. Sulla teoria di Volterra della lotta per l'esistenza. *Giron. Istituto Ital. Attuari*, 7:74–80, 1936.
- [66] S. Kooijman. *Dynamic energy budgets in biological systems. Theory and applications in ecotoxicology*. Cambridge University Press, Cambridge, 1993.
- [67] M. Krstic, I. Kanellapoulos, and P.V. Kokotovic. *Nonlinear and Adaptive Control Design*. Adaptive and learning systems for signal processing, communications and control. John Wiley and Sons, 1995.
- [68] I.D. Landau. *Outils et modèles mathématiques pour l'automatique, l'analyse de systèmes et le traitement du signal*, volume 1. Éditions du CNRS, 1981.
- [69] I.D. Landau, L. Rogelio, and M. M'Saad. *Adaptive Control*. Communications and control engineering series. Springer, 1998.
- [70] K. Lange and F. J. Oyarzun. The attractiveness of the Droop equations. *Mathematical Biosciences*, 111:261–278, 1992.
- [71] J. Lelong-Ferrand and J.M. Arnaudès. *Cours de Mathématiques, Tome 1: Algèbre*. Dunod-Bordas, 1977.
- [72] J. Lelong-Ferrand and J.M. Arnaudès. *Cours de Mathématiques, Tome 2: Analyse*. Dunod-Bordas, 1977.
- [73] V. Lemesle. *Modélisation mathématique structurée de la croissance cellulaire en chemostat: analyse et estimation*. PhD thesis, Université de Nice Sophia Antipolis, 2004.
- [74] W.W. Leontieff. Dynamic Analysis. In *Studies in the structure of the American economy*. Oxford University Press, 1953.
- [75] J.M. Lévy-Leblond. Physique et mathématiques. In *Penser les mathématiques*. Seuil. Collection Points Sciences, 1982.
- [76] C. Lobry. Controllabilité des systèmes non-linéaires. *SIAM journal on Control*, 8:573–605, 1970.
- [77] J.R. Lobry. *Ré-évaluation du modèle de croissance de Monod. Effet des antibiotiques sur l'énergie de maintenance*. PhD thesis, Université de Claude Bernard, Lyon I, 1991.

- [78] A.J. Lotka. Undamped oscillations derived from the law of mass action. *J. Amer. Chem. Soc.*, 42:1595–1598, 1920.
- [79] A.J. Lotka. *Elements of physical biology*. Williams and Wilkins, Baltimore, 1924.
- [80] D. G. Luenberger. *Introduction to Dynamic Systems. Theory, Models and Applications*. John Wiley and Sons, New York, 1979.
- [81] L. Mailleret. Analyse et contrôle d'un modèle de digestion anaérobie. Technical report, D.E.A. Automatique et Informatique Industrielle, Lille 1 et École Centrale de Lille, 2000.
- [82] L. Mailleret. Positive control for a class of nonlinear positive systems. In Springer, editor, *Positive Systems*, volume 294 of *Lecture Notes in Control and Informations Sciences*, pages 175–182, 2003.
- [83] L. Mailleret and O. Bernard. A simple robust controller to stabilise an anaerobic digestion process. In *8th International Conference on Computer Applications in Biotechnology, Modelling and Control of Biotechnological Processes*, pages 213–218, 2001.
- [84] L. Mailleret, O. Bernard, and J.P. Steyer. Contrôle asymptotique non-linéaire des fermenteurs anaérobies. In *Conférence Internationale Francophone d'Automatique*, pages 301–306, 2002.
- [85] L. Mailleret, O. Bernard, and J.P. Steyer. Robust regulation of anaerobic digestion processes. In *VII Latin America Workshop and Symposium on Anaerobic Digestion*, 2002.
- [86] L. Mailleret, O. Bernard, and J.P. Steyer. Contrôle asymptotique non-linéaire des fermenteurs anaérobie. *Journal Européen des systèmes automatisés*, 37-2:273–284, 2003.
- [87] L. Mailleret, O. Bernard, and J.P. Steyer. Robust regulation of anaerobic digestion processes. *Water Science and Technology*, 48-6:87–94, 2003.
- [88] L. Mailleret, O. Bernard, and J.P. Steyer. Nonlinear adaptive control for bioreactors with unknown kinetics. *Automatica*, 40-8:1379–1385, 2004.
- [89] L. Mailleret, J.-L. Gouzé, and O. Bernard. Nonlinear control for algae growth models in the chemostat. In *European Control Conference 03*, 2003.
- [90] T.R. Malthus. An essay on the principle of population. *Harmondsworth*, 1798.
- [91] L. Markus. Asymptotically autonomous differential systems. *Annals of Mathematics Studies*, 36:17–29, 1956.
- [92] L.A. Metzler. Stability of multiple markets: the Hicks conditions. *Econometrica*, 13:277–292, 1945.
- [93] L. Michaelis and M.L. Menten. Die kinetik der invertinwirkung. *Biochemische Zeitschrift*, 49:334–369, 1913.
- [94] F. Ming, J.A. Howell, and M. Canovas-Diaz. Mathematical simulation of anaerobic stratified biofilm processes. In *Computer Applications in Fermentation Technology: Modelling and Control of Biotechnological Processes*. Elsevier, 1988.
- [95] J. Monod. *Recherches sur la Croissance des Cultures Bactériennes*. Herman, Paris, 1942.
- [96] J. Monod. La technique de culture continue; théorie et applications. *Annales de l'Institut Pasteur*, 79:390–401, 1950.
- [97] H. Moser. *The dynamics of bacterial populations in the chemostat*, volume 614. Carnegie Inst Publication, 1958.
- [98] F. E. Mosey. Mathematical modelling of the anaerobic digestion process: regulatory mechanisms for the formation of short-chain volatile acids from glucose. *Water Science and Technology*, 15:209–232, 1983.

- [99] J.D Murray. *Mathematical Biology*. Springer-Verlag, Berlin, 1989.
- [100] H. Nijmeijer and A.J. van der Schaft. *Nonlinear dynamical control systems*. Springer-Verlag, New York, 1991.
- [101] R.M. Nisbet and W.S.C. Gurney. *Modelling Fluctuating Populations*. John Wiley and Sons, New York, 1982.
- [102] A. Novick and L. Szilard. Experiments with the chemostat on spontaneous mutations of bacteria. *Proceedings of the National Academy of Science*, 36:708–719, 1950.
- [103] F. J. Oyarzun and K. Lange. The attractiveness of the Droop equations. 2. generic uptake and growth functions. *Mathematical Biosciences*, 121:127–139, 1994.
- [104] L. Perko. *Differential equations and dynamical systems*. Texts in Applied Mathematics. Springer-Verlag, 1991.
- [105] M. Perrier and D. Dochain. Evaluation of control strategies for anaerobic digestion processes. *International Journal of Adaptive Control and Signal Processing*, 7:309–321, 1993.
- [106] O. Perron. Zur Theorie der Matrizen. *Math. Ann.*, 64, 1907.
- [107] B. Petersen. *Calibration, identifiability and optimal experimental design of activated sludge models*. PhD thesis, Universiteit Gent, 2000.
- [108] P. Pullammanappallil, J. Harmon, D.P. Chynoweth, G. Lyberatos, and S.A. Svoronos. Avoiding digester imbalance through real-time expert system control of dilution rate. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 28/29:33–42, 1991.
- [109] P. Pullammanappallil, S.A. Svoronos, D.P. Chynoweth, and G. Lyberatos. Expert system for control of anaerobic digesters. *Biotechnology and Bioengineering*, 58-1:13–22, 1998.
- [110] P. Pullammanappallil, S.A. Svoronos, and G. Lyberatos. Optimal response of anaerobic digesters to inhibitors entering with the feed. In *Proceedings of the American Control Conference*, volume 1, pages 1341–1342, 1991.
- [111] I. Queinnec, S. Tarbouriech, and H. de Araujo. H₂ disturbance attenuation by dynamic output feedback of a nitrification process submitted to actuator limitations. In *Conference on Decision and Control*, pages 1433–1438, 1999.
- [112] A. Rapaport and J. Harmand. Robust regulation of a class of partially observed nonlinear continuous bioreactors. *Journal of Process Control*, 12:291–302, 2002.
- [113] L.F. Richardson. *Arms and Insecurity*. Boxwood Press. Pittsbrugh Quadrangel Book, 1960.
- [114] O. E. Rössler. Different type of chaos in two simple differential equations. *Zeitschrift für Naturforschung (Astrophysik, Physik, und Physikalische Chemie)*, 12:1664–1670, 1976.
- [115] Y.L. Sachkov. On positive orthant controllability of bilinear systems in small codimension. *SIAM journal on Control and Optimization*, 35-1:29–35, 1997.
- [116] T. Schanbacher. Aspects of positivity in control theory. *SIAM Journal on Control and Optimization*, 27-3:457–475, 1989.
- [117] E. Seneta. *Nonnegative Matrices and Markov chains*. Springer series in statistics. Springer-Verlag, 1981.
- [118] M. B. Shaefer. Some aspects of the dynamics of populations important to the management of the commercial marine fisheries. *Bulletin of the Inter-American Tropical Tuna Commission*, 2:27–56, 1954.

- [119] E.T. Shehata and A.G. Marr. Effect of nutrient concentration on the growth of *escherichia coli*. *J. Bacteriol.*, 107:210–216, 1971.
- [120] G. Silva-Navarro and J. Alvarez-Gallegos. Sign and stability of equilibria in quasi-monotone positive non-linear systems. *IEEE Transactions on automatic control*, 42:403–407, 1997.
- [121] R. Siski. *Introduction to congestion theory in telephone systems*. Oliver and Boyd, London, 1960.
- [122] S. Smale. *The Mathematics of Time: essays on dynamical systems, economic processes and related topics*. Springer, 1980.
- [123] H. L. Smith. Competing subcommunities of mutualists and a generalized Kamke theorem. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 46:856–874, 1986.
- [124] H. L. Smith. Cooperative systems of differential equations with concave nonlinearities. *Nonlinear analysis, Theory, Methods and Applications*, 10:1037–1052, 1986.
- [125] H. L. Smith. On the asymptotic behavior of a class of deterministic models of cooperating species. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 46:368–375, 1986.
- [126] H. L. Smith. *Monotone dynamical systems, an introduction to the theory of competitive and cooperative systems*. Mathematical Surveys and Monographs. American mathematical society, 1995.
- [127] H. L. Smith and P. Waltman. *The theory of the chemostat: dynamics of microbial competition*. Cambridge University Press, 1995.
- [128] W. Sokol and J.A. Howell. Kinetics of phenol oxidation by washed cells. *Biotech. Bioeng.*, 23:2039–2049, 1981.
- [129] E.D. Sontag. Smooth stabilisation implies coprime factorization. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 34:435–443, 1989.
- [130] E.D. Sontag. *Mathematical control theory: deterministic finite dimensional systems*. Texts in applied mathematics. Springer, 1990.
- [131] J. P. Steyer, J. C. Bouvier, T. Conte, P. Gras, and P. Sousbie. Evaluation of a four year experience with a fully instrumented anaerobic digestion process. *Water Science and Technology*, 45:495–502, 2002.
- [132] A. Takayama. *Mathematical Ecomics*. Cambridge University Press, 1985.
- [133] Y. Takeuchi. *Global dynamical properties of Lotka-Volterra systems*. World-Scientific, 1996.
- [134] G. Teissier. Les lois quantitatives de la croissance. *Annales de Physiologie et de Physicochimie biologique*, pages 527–573, 1936.
- [135] H. R. Thieme. Convergence results and a Poincaré-Bendixson trichotomy for asymptotically autonomous differential equations. *Journal of Mathematical Biology*, 30:755–763, 1992.
- [136] R. R. Vance. Predation and resource partitioning in one predator-two prey model community. *American Naturalist*, 112:797–813, 1978.
- [137] P.F. Verhulst. Notices sur la loi que la population suit dans son accroissement. *Correspondance mathématique et physique*, 1838.
- [138] M. Vidyasagar. *Nonlinear Systems Analysis, second edition*. Prentice Hall International, 1993.
- [139] F. Viel, E. Busvelle, and J. P. Gauthier. Stability of polymerization reactors using I/O linearization and a high-gain observer. *Automatica*, 31:971–984, 1995.

- [140] F. Viel, F. Jadot, and G. Bastin. Robust feedback stabilization of chemical reactors. *IEEE Trans. Aut. Contr.*, 42-4:473–481, 1997.
- [141] V. Volterra. *Leçons sur la théorie mathématique de la lutte pour la vie*. Gauthiers-Villars Paris, 1931.
- [142] S.H. Zak. On the stabilization and observation of nonlinear/uncertain dynamical systems. *IEEE Trans. Aut. Control*, 35-5:604–607, 1990.
- [143] E. Zeidler. *Nonlinear Functional Analysis and its Applications. I: Fixed-Point Theorems*. Springer-Verlag, 1985.

Annexes

Annexe A

Calculs sur les Exemples de Systèmes Positifs “Quasi-Linéaires”

A.1 Exemple (1.18)

Rappelons le système positif quasi-linéaire (1.18) évoqué au premier chapitre. Soit $u > 0$ (constante), on considère le système scalaire:

$$\begin{cases} \dot{x} = -ux + x(\sin(x) + 2) \\ x_0 > 0 \end{cases}$$

Caractérisons les comportements générés dans $\mathbb{R}_*^+$ par cette équation selon les valeurs prises par u :

- Si $u \in]0, 1[$

L'équation n'admet qu'un seul équilibre $x = 0$ qui est localement instable:

$$\frac{\partial \dot{x}}{\partial x}(x = 0) = -u + 2 > 0$$

Toutes les trajectoires $x(t, x_0)$ divergent vers $+\infty$.

- Si $u = 1$

L'équation admet toujours l'équilibre instable $x = 0$. Elle admet aussi une infinité d'autres équilibres solutions de:

$$\sin(x) = -1$$

Ces équilibres sont les $x_k^* = \frac{3\pi}{2} + 2k\pi$, $k \in \mathbb{N}$. Étudions la stabilité de ces équilibres. Puisque $u = 1$ on a pour tout $x > 0$:

$$\dot{x} = x(\sin(x) + 1) \geq 0$$

$\dot{x}$ étant nul en chacun des x_k^* . Les équilibres x_k^* sont donc instables, mais “attractifs par dessous” *i.e.* si $x_0 \in]x_k^*, x_{k+1}^*]$ alors $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t, x_0) = x_{k+1}^*$, ce pour tout $k \in \mathbb{N}$.

- Si $u \in]1, 2[$

L'équation admet toujours l'équilibre instable $x = 0$. Elle admet aussi une infinité d'autres équilibres solutions de:

$$\sin(x) = u - 2 < 0$$

Ces équilibres x_k^* sont tels que: $x_{2k+1}^* \in](2k+1)\pi, \frac{\pi}{2} + (2k+1)\pi[$ et $x_{2k}^* \in]\frac{\pi}{2} + (2k+1)\pi, (2k+2)\pi[$. En remarquant que pour tout $x \in]x_{2k+1}^*, x_{2k+2}^*[$, $\dot{x} < 0$ et que pour tout $x \in]x_{2k}^*, x_{2k+1}^*[$, $\dot{x} > 0$ on peut conclure que les x_{2k+1}^* sont stables sur les ensembles $]x_{2k}^*, x_{2k+2}^*[$, les autres étant instables.

- Si $u = 2$

L'équilibre $x = 0$ est alors juste stable (le linéarisé est nul). Cependant il est localement répulsif vers les $x > 0$, en effet:

$$\forall x \in]0, \pi[, \dot{x} = x(\sin(x)) > 0$$

L'équation admet aussi une infinité d'autres équilibres solutions de:

$$\sin(x) = 0$$

Ces équilibres sont les $x_k^* = k\pi$, $k \in \mathbb{N}$. Étudions leur stabilité. $\dot{x}$ est toujours du signe de $\sin(x)$ donc:

$$\forall x \in]x_{2k}^*, x_{2k+1}^*[, \dot{x} > 0, \forall x \in]x_{2k+1}^*, x_{2k+2}^*[, \dot{x} < 0$$

On en déduit que les équilibres x_{2k+1}^* , $k \in \mathbb{N}$ sont stables avec pour domaines d'attractivité les ensembles $]x_{2k}^*, x_{2k+2}^*[$. Tous les équilibres x_{2k}^* sont instables.

- Si $u \in]2, 3[$

L'équation admet l'équilibre $x = 0$ qui est maintenant stable. Elle admet aussi une infinité d'autres équilibres solutions de:

$$\sin(x) = u - 2 > 0$$

Ces équilibres x_k^* sont tels que: $x_{2k+1}^* \in]2k\pi, \frac{\pi}{2} + 2k\pi[$ et $x_{2k}^* \in]\frac{\pi}{2} + 2k\pi, (2k+1)\pi[$. En remarquant que pour tout $x \in]x_{2k+1}^*, x_{2k+2}^*[$, $\dot{x} > 0$ et que pour tout $x \in]x_{2k+2}^*, x_{2k+3}^*[$, $\dot{x} < 0$ on peut conclure que les x_{2k+2}^* sont stables sur les ensembles $]x_{2k+1}^*, x_{2k+3}^*[$, les autres équilibres étant instables.

- Si $u = 3$

L'équation admet l'équilibre stable $x = 0$. Elle admet aussi une infinité d'autres équilibres solutions de:

$$\sin(x) = 1$$

Ces équilibres sont les $x_k^* = \frac{\pi}{2} + 2k\pi$, $k \in \mathbb{N}$. Étudions la stabilité de ces équilibres. Puisque $u = 3$ on a pour tout $x > 0$:

$$\dot{x} = x(\sin(x) - 1) \leq 0$$

$\dot{x}$ étant nul en chacun des x_k^* . Les équilibres x_k^* sont donc instables, mais “attractifs par dessus” *i.e.* si $x_0 \in [x_k^*, x_{k+1}^*[$ alors $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t, x_0) = x_k^*$, ce pour tout $k \in \mathbb{N}$.

- Si $u > 3$

L'équation n'admet qu'un seul équilibre $x = 0$ qui est globalement asymptotiquement stable.

A.2 Exemple (1.19)

Considérons le système dynamique (1.19) de $\mathbb{R}^3$ suivant, avec $u > 0$ (constante):

$$\dot{x} = \begin{pmatrix} \dot{x}_1 \\ \dot{x}_2 \\ \dot{x}_3 \end{pmatrix} = u \left[\begin{pmatrix} -0.625 & 0 & 0 \\ 1 & -1 & 0 \\ 0 & 1 & -1 \end{pmatrix} x + \begin{pmatrix} 0 \\ 0.1 \\ 0.1 \end{pmatrix} \right] + \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \frac{1}{1+x_3^{30}} \quad (\text{A.1})$$

Il est assez facile de montrer que ce système est bien un système positif quasi-linéaire vérifiant les hypothèses (H1), en effet:

- la matrice A est clairement Metzler stable.
- b est bien un vecteur positif
- $\forall \beta > 0, \beta b + c \gg 0$
- $\psi(x) = 1/(1+x_3^{30})$ est bien strictement positif pour tout $x \gg 0$
- $\forall i, c_i \psi(x|_{x_i=0}) \geq 0$

Nous supposons maintenant que $u = 1$.

Nous considérons donc le système suivant:

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = -0.625x_1 + \frac{1}{1+x_3^{30}} \\ \dot{x}_2 = x_1 - x_2 + 0.1 \\ \dot{x}_3 = x_2 - x_3 + 0.1 \end{cases} \quad (\text{A.2})$$

qui possède un unique point d'équilibre $x^* = (0.8, 0.9, 1)^T$.

D'après un résultat de Smith issu de [126], puisque le nombre de termes hors diagonaux est impair, le système (A.2) est équivalent à un système compétitif par un changement de variable.

En effet, en considérant le changement de variables $z_1 = x_1, z_2 = -x_2, z_3 = x_3$, on obtient le système suivant:

$$\begin{cases} \dot{z}_1 = -0.625z_1 + \frac{1}{1+z_3^{30}} \\ \dot{z}_2 = -z_1 - z_2 - 0.1 \\ \dot{z}_3 = -z_2 - z_3 + 0.1 \end{cases} \quad (\text{A.3})$$

La matrice Jacobienne associée au système (A.3) est la suivante au point quelconque $(z_1, z_2, z_3)^T$:

$$J = \begin{pmatrix} -0.625 & 0 & \frac{-30z_3^{29}}{(1+z_3^{30})^2} \\ -1 & -1 & 0 \\ 0 & -1 & 1 \end{pmatrix}$$

Les termes hors diagonaux étant tous négatifs, selon la définition de Smith [126], le système (A.3) est un système compétitif.

La compétitivité du système (A.3) permet d'utiliser un théorème de Smith sur les systèmes d'ODEs compétitifs de dimension 3 (issu de [126]) qui, sous certaines conditions, assure l'existence d'une orbite périodique non-triviale. Nous rappelons ce théorème ci-dessous.

Théorème A.1 (Smith)

Soit $\dot{x} = f(x)$ un système compétitif dans un ouvert $D \subset \mathbb{R}^3$; supposons que D contient un unique point d'équilibre x^* qui est de plus hyperbolique. Supposons que la variété stable de x^* , $W^s(x^*)$, est de dimension 1 et tangente en x^* à un vecteur $v \gg 0$.

Si pour un point $q \in D \setminus W^s(x^*)$ l'orbite positive issue de q , $\gamma^+(q)$, a une fermeture compacte dans D , alors on peut conclure que l'ensemble oméga-limite de $\gamma^+(q)$, $\omega(q)$, est une orbite périodique non triviale.

Nous montrons maintenant que le système (A.3) vérifie les hypothèses du théorème A.1, assurant ainsi l'existence d'une orbite périodique non-triviale confirmant ainsi la simulation présentée sur la figure 1.2 page 47.

Preuve :

- Le point d'équilibre $z^* = (0.8, -0.9, 1)^T$ est unique dans notre domaine d'étude: $\mathbb{R}^+ \times \mathbb{R}^- \times \mathbb{R}^+$.

Le calcul de la Jacobienne au point d'équilibre z^* conduit à:

$$J^* = \begin{pmatrix} -0.625 & 0 & -7.5 \\ -1 & -1 & 0 \\ 0 & -1 & 1 \end{pmatrix}$$

- Nous montrons que z^* est hyperbolique (toutes les valeurs propres de la Jacobienne en z^* sont non-nulles). On a facilement:

$$\det(J^*) = -6.875 < 0$$

Ce qui assure que les valeurs propres de J^* sont non nulles.

- Nous montrons maintenant que la variété stable de z^* est de dimension 1.

Un rapide calcul montre que J^* n'admet qu'une seule valeur propre à partie réelle strictement négative qui est de plus réelle; $W_s(z^*)$ est donc de dimension 1. D'autres parts le vecteur propre associé à cette valeur propre est fortement positif. Or $W_s(z^*)$ est tangent en z^* au vecteur propre associé à la valeur propre strictement négative; $W_s(z^*)$ est donc tangent en z^* à un vecteur fortement positif. (Il faut considérer $-J^*$ qui est Metzler et le théorème 1.4 page 21).

- De plus l'orbite positive issue d'un point $q \notin W^s(z^*)$ a une fermeture compacte: le domaine d'étude $\mathbb{R}^+ \times \mathbb{R}^- \times \mathbb{R}^+$ est invariant et les trajectoires sont bornées.
- Toutes les hypothèses du théorème A.1 étant vérifiées, nous avons donc montré l'existence d'une orbite périodique non triviale pour le système (A.3), donc pour le système (A.2). $\square$

Pour u différent de 1, une étude similaire permettrait de donner un ensemble de valeurs de u pour lequel, à u constant, le système (A.1) admettrait une orbite périodique.

Annexe B

État de l'Art sur les Taux de Croissance

Nous présentons ici un état de l'art non-exhaustif des taux spécifiques de croissance qui ont été proposés dans la littérature. Nous décrivons tout d'abord les taux de croissances monotones qui ne prennent pas en compte les phénomènes d'inhibition induites par de fortes concentrations en substrat. Puis nous décrivons les taux de croissances non-monotones qui eux décrivent les phénomènes d'inhibition. Il est important de remarquer que la plupart des taux de croissance décrits ici vérifient les hypothèses de la section 5.1.3, et sont donc de possibles fonctions candidates à apparaître dans les modèles de bioréactions simples, en cascade ou arborescentes.

B.1 Taux de Croissance Monotones

- Taux de croissance de Blackman (1905) [16]

$$\mu(s) = \begin{cases} \frac{\mu_m}{\kappa} s & \text{si } s \leq \kappa \\ \mu_m & \text{si } s > \kappa \end{cases}$$

avec $\mu_m > 0$ et $\kappa > 0$

Remarque – Ce taux de croissance est $\mathcal{C}^0$ mais pas $\mathcal{C}^1$ et ne vérifie donc pas les hypothèses de la section 5.1.3. Cependant une rupture de pente paraît assez peu réaliste puisqu'il s'agit du modèle d'un phénomène biologique.

- Taux de croissance de Michaelis Menten (1913) / Monod (1942) [93, 95]:

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s}{\kappa + s}$$

avec $\mu_m > 0$ et $\kappa > 0$

- Taux de croissance de Tessier (1942) [134]:

$$\mu(s) = \mu_m(1 - e^{-s/\kappa})$$

avec $\mu_m > 0$ et $\kappa > 0$

- Taux de croissance de Moser (1958) [97]:

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s^\lambda}{\kappa + s^\lambda}$$

avec $\mu_m > 0$, $\kappa > 0$ et $\lambda > 0$

- Taux de croissance de Shehata et Marr (1971) [119]:

$$\mu(s) = \frac{\mu_1 s}{\kappa_1 + s} + \frac{\mu_2 s}{\kappa_2 + s}$$

avec $\mu_1 > 0$, $\mu_2 > 0$, $\kappa_1 > 0$ et $\kappa_2 > 0$

- Taux de croissance de Jost . *et al.* (1973) [60]:

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s^2}{(\kappa_1 + s)(\kappa_2 + s)}$$

avec $\mu_m > 0$, $\kappa_1 > 0$ et $\kappa_2 > 0$

- Taux de croissance de Ming . *et al.* (1988) [94]:

Il s'agit d'un cas particulier du taux de croissance proposé par Moser.

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s^2}{\kappa + s^2}$$

avec $\mu_m > 0$ et $\kappa > 0$

B.2 Taux de Croissance Non-Monotones

- Taux de croissance de Haldane (1930) / Andrews (1958) [42, 4]:

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s}{\kappa_1 + s + \kappa_2 s^2}$$

avec $\mu_m > 0$, $\kappa_1 > 0$ et $\kappa_2 > 0$

- Taux de croissance de Sokol et Howell (1981) [128]:

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s}{\kappa + s^\lambda}$$

avec $\mu_m > 0$, $\kappa > 0$ et $\lambda > 1$

B.3 Taux de Croissance Multi-dépendants

- Taux de croissance de Aiba *et al.* (1968) [1]:

$$\mu(p) = \mu_m e^{-\kappa p}$$

avec $\mu_m > 0$ et $\kappa > 0$.

- Taux de croissance de Jin *et al.* (1981) [59]:

$$\mu(s,p) = \mu_m \frac{s}{\kappa_1 + s} e^{-\kappa_2 p - \kappa_3 s}$$

avec s la concentration en substrat, p en produit et $\mu_m > 0$, $\kappa_1 > 0$, $\kappa_2 > 0$ et $\kappa_3 > 0$.

- Taux de croissance de Contois (1959) [22]:

$$\mu(s,x) = \mu_m \frac{s}{\kappa x + s}$$

avec s la concentration en substrat, x en biomasse et $\mu_m > 0$, $\kappa > 0$

On pourra trouver des listes encore plus fournies en taux de croissance différents, dépendants parfois d'autres variables *e.g.* dans [10, 8].

Annexe C

Étude de l'Équation $\dot{x} = f(t)(x^\star - x)$

Nous considérons ici une équation différentielle (positive) qui apparaît régulièrement tout au long du manuscript; nous effectuons ici l'analyse de cette équation et en déduisons certaines propriétés importantes. Il s'agit d'une équation unidimensionnelle non autonome du type:

$$\dot{x} = f(t)(x^\star - x) \quad (\text{C.1})$$

avec les contraintes:

$$\begin{aligned} x^\star &> 0 \\ f(t) &\text{ est une fonction } \mathcal{C}^1 \\ \forall t \geq t_0, f(t) &\geq 0 \end{aligned}$$

C.1 Solution $x(t)$

De part sa grande similitude avec une équation linéaire du premier ordre, il est possible de résoudre exactement l'équation (C.1), et d'en donner la solution issue d'une condition initiale x_0 . On obtient:

$$x(t, t_0, x_0) = x^\star + (x_0 - x^\star)e^{-\int_{t_0}^t f(\tau) d\tau} \quad (\text{C.2})$$

C.2 Bornitude de $x(t)$

D'après la contrainte de positivité sur la fonction $f(t)$, on a trivialement:

$$\forall t \geq 0, \int_{t_0}^t f(\tau) d\tau \geq 0$$

On a donc facilement:

$$\forall t \geq 0, \left(e^{-\int_{t_0}^t f(\tau) d\tau} \right) \in [0 ; 1]$$

On peut donc conclure que la solution $x(t)$ est bornée et vérifie:

$$\forall t \geq 0, \min(x_0, x^\star) \leq x(t) \leq \max(x_0, x^\star) \quad (\text{C.3})$$

En considérant la contrainte sur x^* , et en supposant que $x_0 > 0$ (ce qui est souvent le cas dans le manuscrit), on a donc:

$$\forall t \geq 0, \exists \alpha > 0, x(t) > \alpha \quad (\text{C.4})$$

C.3 Implications de $\int_{\tau=t_0}^{+\infty} f(\tau)d\tau = +\infty$

Nous allons supposer ici que $\int_{t_0}^{+\infty} f(\tau)d\tau = +\infty$ et montrer alors que le point d'équilibre x^* est globalement asymptotiquement stable. D'après l'équation (C.2), il est clair que le point x^* est globalement attractif:

$$\forall x_0, \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t, t_0, x_0) = x^* \quad (\text{C.5})$$

La stabilité locale est par contre plus difficile à obtenir. En effet une étude classique de l'équation linéarisée autour de x^* ne permet pas de conclure car on ne connaît pas la valeur de $f(t)$ en ce point. Il faut revenir à la définition de la stabilité locale (*cf.* [138]):

Définition C.1 *L'équilibre x^* est stable si, pour chaque $\epsilon > 0$ et pour chaque $t_0 \in \mathbb{R}^+$, il existe un $\delta = \delta(\epsilon, t_0)$ tel que:*

$$\|x_0 - x^*\| < \delta(\epsilon, t_0) \implies \forall t \geq t_0, \|x(t, t_0, x_0) - x^*\| < \epsilon \quad (\text{C.6})$$

D'après l'équation (C.2), il est clair que:

$$\forall t \geq t_0, \|x(t, t_0, x_0) - x^*\| = \|x_0 - x^*\| e^{-\int_{t_0}^t f(\tau)d\tau}$$

D'où:

$$\|x_0 - x^*\| < \delta \implies \forall t \geq t_0, \|x(t, t_0, x_0) - x^*\| \leq \delta e^{-\int_{t_0}^t f(\tau)d\tau}$$

Or $e^{-\int_{t_0}^t f(\tau)d\tau} \in [0; 1]$. Donc:

$$\|x_0 - x^*\| < \delta \implies \forall t \geq t_0, \|x(t, t_0, x_0) - x^*\| \leq \delta \quad (\text{C.7})$$

Il suffit donc de prendre $\delta = \epsilon$ pour vérifier la définition C.1. Le point x^* est donc (localement) stable. Comme il est aussi globalement attractif, le point x^* est donc globalement asymptotiquement stable pour l'équation (C.1).

Selon la définition d'uniforme stabilité de [138], on pourrait même conclure que x^* est uniformément stable (pas de dépendance en t_0) mais cela ne nous servira pas ici.

Remarque – Toute cette annexe ne suppose aucune formulation analytique de la fonction $f(t)$.

Annexe D

Systèmes Asymptotiquement Autonomes

Nous rappelons ici quelques résultats de [91] repris et étendus par la suite par [43, 135], qui facilitent grandement l'étude de certains systèmes dynamiques. Il s'agit en quelque sorte d'une extension du principe de séparation non-linéaire présenté dans le théorème 2.11 page 80, mais dont les résultats sont plus généraux. Nous commençons par donner la définition d'un système asymptotiquement autonome.

Définition D.1 (Markus) *Considérons les systèmes dynamiques:*

$$\dot{x} = f(x, t) \tag{D.1}$$

$$\dot{y} = g(y) \tag{D.2}$$

avec $f(x, t)$ et $g(x)$ continues en (x, t) et localement Lipschitz en x sur un ouvert θ de $\mathbb{R}^n$.

Le système (D.1) est dit asymptotiquement autonome avec pour équation limite (D.2) si pour tout compact $K \subset \theta$:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} f(t, x) = g(x), \forall x \in K$$

L'un des théorèmes qui nous est le plus utiles est le suivant, donné par Thieme dans [135] mais prouvé précédemment dans un cas plus général par Markus dans [91]:

Théorème D.2 (Markus) *Soit e un point d'équilibre localement asymptotiquement stable de (D.2) et ω l'ensemble ω -limite d'une solution bornée x de (D.1). Si ω contient un point y_0 tel que la solution y de (D.2) issue de y_0 converge vers e , alors:*

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} x(t) = e$$

Principales Publications

Liste des Publications

Revue Internationale avec Comité de Lecture

L. Mailleret, J-L. Gouzé et O. Bernard. "Nonlinear control for algae growth models in the chemostat". *Bioprocess and Biosystems Engineering*. A paraître (2004).

L. Mailleret, O. Bernard et J-P. Steyer. "Nonlinear adaptive control for bioreactors with unknown kinetics". *Automatica*. 2004, Vol. 40-8, pp. 1379-1385 (reproduit ci-après).

L. Mailleret, O. Bernard et J-P. Steyer. "Robust regulation of anaerobic digestion processes". *Water Science and Technology*. 2003, Vol. 48-6, pp. 87-94. (reproduit ci-après).

L. Mailleret, O. Bernard et J-P. Steyer. "Contrôle asymptotique non-linéaire des fermenteurs anaérobies". *Journal Européen des Systèmes Automatisés (JESA)*. 2003, Vol. 37-2, pp. 273-284. (reproduit ci-après).

Congrès Internationaux avec Comité de Lecture

L. Mailleret, J-L. Gouzé et O. Bernard. "Nonlinear control for algae growth models in the chemostat". *European Control Conference (ECC-03)*. Cambridge, UK. Septembre 2003. (reproduit ci-après).

L. Mailleret. "Positive control for a class of nonlinear positive systems". *First Symposium on Positive Systems: Theory and Applications (POSTA 2003)*. Rome, Italy (August 2003). Publié dans *Positive Systems*. Lecture Notes in Control and Information Sciences (LNCIS). L. Benvenuti, A. De Santis and L. Farina Eds. Springer. Vol 294. pp. 175-182. 2003.(reproduit ci-après).

L. Mailleret. "Nonlinear asymptotic control for bioreactors". Poster. *Conference on Applied Mathematics and Applications of Mathematics (AMAM)*. Nice, Février 2003.

L. Mailleret, O. Bernard et J-P. Steyer. "Robust regulation of anaerobic digestion processes". *VII Latin American Workshop and Symposium on Anaerobic Digestion*. Merida, Mexique, Octobre 2002.

L. Mailleret, O. Bernard et J-P. Steyer. "Contrôle asymptotique non-linéaire des fermenteurs anaérobies". *Conférence Internationale Francophone d'Automatique (CIFA 2002)*. Nantes, Juillet 2002.

L. Mailleret et O. Bernard. "A simple robust controller to stabilize an anaerobic digestion process". *8th Conference on Computer Applications in Biotechnology (CAB 8)*. Québec, Juin 2001.

Reproduction des Principales Publications

Brief paper

Nonlinear adaptive control for bioreactors with unknown kinetics[☆]Ludovic Mailleret^{a,*}, Olivier Bernard^a, Jean-Philippe Steyer^b^aCOMORE, INRIA, BP93, Sophia-Antipolis Cedex 06 902, France^bLBE, INRA, Avenue des étangs, Narbonne 11 100, France

Received 6 May 2003; received in revised form 7 November 2003; accepted 20 January 2004

Abstract

We consider a control problem for a single bioreaction occurring in a continuous and well-mixed bioreactor, assuming that the bioreaction's kinetics is not represented by a validated model. We develop a nonlinear controller and prove the global asymptotic stability of the closed-loop system towards the equilibrium corresponding to the set point. Since this control law needs the knowledge of some parameters, we derive an adaptive version of the nonlinear controller and prove again the global asymptotic stability of the closed-loop system. Finally, we show the relevance of our approach on a real-life wastewater treatment plant.

© 2004 Elsevier Ltd. All rights reserved.

Keywords: Nonlinear adaptive control; Continuous bioprocesses; Unknown kinetics; Wastewater treatment

1. Introduction

Biological processes have become widely used in the industry for the last decades, with different purposes: either to produce some chemical compounds synthesized by a microorganism (alcoholic fermentation...), to cultivate a biomass for its utilization (baker's yeast...) or extraction of its metabolites (carotene from plankton...), or to degrade a pollutant (wastewater treatment...). Therefore, bioreactors require advanced regulation procedures to ensure the bioprocesses' performances and efficiency.

However, the control of bioreactors is a delicate problem since most of the time the available biological models are only rough approximations. Indeed, biological systems are known to be highly variable and difficult to measure so that no reliable biological law is available. A way to circumvent this difficulty is the mass-balance-based modelling (Bastin & Dochain, 1990): the biological lacks of knowledge are located in dedicated terms, namely the bioreaction's kinetics.

In this paper, we focus on continuous bioprocesses; some different approaches for their control can be found in the

literature. The three main trends are: local approaches, global approaches based on full model knowledge and global approaches taking into account some model uncertainties. Local approaches (Heinzle, Dunn, & Ryhiner, 1993) use the linearized model around the desired operating point together with linear systems control's results. Global approaches are mainly linearizing controllers (Perrier & Dochain, 1993; Bastin & Van Impe, 1995; Proell & Karim, 1994), using full model knowledge for exact model linearization. The main drawback of these global approaches is that they use perfect model knowledge. Other global control techniques assuming model uncertainties arise (Rapaport & Harmand, 2002), using interval observers results (Gouzé, Rapaport, & Hadj-Sadok, 2000). However, a drawback common to most of the aforementioned control strategies is that they often do not explicitly take into account the non-negativity constraints on the manipulated variables.

We consider in this paper a simple class of bioreactions, often used to describe the growth of a single species of microorganisms (Bailey & Ollis, 1986). Here, we only assume qualitative hypotheses on the involved biological phenomena: we do not suppose any analytical expression for the kinetic function. Therefore, our approach applies to a broad class of microbial species. Despite these modelling uncertainties, we develop a regulation procedure, which guarantees the desired closed-loop behavior of the bioprocess: stabilization towards a chosen operating point, even

[☆] This paper was not presented at any IFAC meeting. This paper was recommended for publication in revised form by Associate Editor Martin Guay under the direction of Editor Frank Allgöwer.

* Corresponding author. Fax: +33-4-92-38-78-58.

E-mail addresses: ludovic.mailleret@inria.fr (L. Mailleret), olivier.bernard@inria.fr (O. Bernard), steyer@ensam.inra.fr (J.-P. Steyer).

unreachable in open loop. Then, we derive an adaptive version of this regulation procedure, to take into account parameters uncertainty and/or temporal evolution. Both results are global. Finally, we illustrate the performance of such a controller with both numerical simulation and real data on an efficient but unstable wastewater treatment plant (WWTP), using anaerobic digestion (AD).

2. General model description

We focus on a simple bioreaction occurring in a continuous stirred tank reactor (CSTR). We consider a reaction involving microorganisms of a single species (X), growing on a substrate (S) and yielding a product (P). This reaction, which can result from a first approximation of a more complex reaction network, is written



The reaction rate is given by $r(.)$, this notation means that we do not specify yet the variables which influence it. The parameters k and h are yield coefficients associated with biomass growth and product synthesis.

2.1. The model for bioreactions in CSTR

Concentrations in the liquid phase are supposed to be homogeneous in a CSTR. However, note that a part of the biomass (and/or the product) can be attached (fixed-bed bioreactors). A liquid flow passes through the reactor, the inflow feeds the reactor with the substrate S at a concentration s_{in} . The outflow is composed by the same compounds than in the liquid phase of the reactor, substrate S , biomass X and product P at concentrations s , x and p , respectively. According to classical mass-balance based modelling (Bastin & Dochain, 1990), the state variables s , x , p are solutions of the following system of differential equations:

$$\begin{aligned} \dot{x} &= r(.) - \alpha ux, \\ \dot{s} &= u(s_{in} - s) - kr(.), \\ \dot{p} &= hr(.) - \beta up, \end{aligned} \quad (2)$$

where u is the dilution rate (the *non-negative* manipulated variable). In the sequel, we will denote $\xi = (x, s, p)$ the state vector. We suppose that only a constant proportion ($\alpha \in (0, 1]$) of biomass X is not attached on the support and thus is affected by dilution effects (Bernard, Hadj-Sadok, Dochain, Genovesi, & Steyer, 2001). We define $\beta \in (0, 1]$ a coefficient of product non-fixation.

2.2. The $r(.)$ modelling issue

The most crucial problem in solving Eqs. (2) is the formulation of a reasonable expression for the kinetic function $r(.)$. As described by Bastin and Dochain (1990), a large

number of analytical expressions have been proposed to describe these kinetics. *Here, we do not assume any analytical expression for the function $r(.)$* , we only make the following assumptions based on biological evidence:

Hypothesis 1 (H1). We assume that:

- a: $r(.)$ is nonnegative and is at least a function of s and x
- b: $\forall s, x$ positive, $r(s, x, ..)$ is positive
- c: $r(s, x, ..)$ is a $\mathcal{C}^1$ function.

Note that with (H1c), Cauchy conditions for uniqueness of trajectories of (2) are fulfilled (Khalil, 1992). Since most kinetics described in the literature verify these hypotheses (e.g. laws of Monod, Haldane, Contois... see Bastin & Dochain (1990)), our work is very general. However, in order to design our controller, we need another hypothesis:

Hypothesis 2 (H2). We assume that the quantity:

$y_1 = \lambda r(s, x, ..)$ (λ denoting a positive constant) is available online from the plant.

This hypothesis is again very general and almost as applicable as (H1). Real sensors or numerical estimators (Farza, Busawon, & Hammouri, 1998) can indeed be used to obtain online the quantity y_1 . Remark that, for a large part of bioprocesses, the production (or consumption) of gaseous components (O_2 , CO_2 ...) is monitored and is directly related to the reaction kinetics, therefore to y_1 (Mailleret, Bernard, & Steyer, 2003a). In the sequel, we will suppose that hypotheses (H1) and (H2) hold.

3. Controllers design

Depending on the bioprocess purpose, we want to globally regulate either the substrate concentration s , the product concentration p or the biomass concentration x . However, in each case, we will see later that the values of x and p obtained at equilibrium, are completely determined by the value of the targeted set point s^* for substrate concentration. Then, in the sequel, we will only focus on the s regulation problem.

We propose in this section an output feedback controller, that achieves the global asymptotic stabilization of a bioprocess, without any knowledge of its kinetics and with respect to the non-negativity constraint of the input. However, this static controller requires accurate knowledge of the parameters k , s_{in} and λ to achieve asymptotic regulation without error. We propose thus an adaptive control law performing exact regulation towards the set point despite parameter uncertainty.

3.1. Simple nonlinear controller design

Let us denote $s^* \in (0, s_{in})$ the desired set point for substrate concentration. We compute the corresponding

positive equilibrium values of the two last state variables $x^\star = (s_{\text{in}} - s^\star)/\alpha k$ and $p^\star = h(s_{\text{in}} - s^\star)/\beta k$.

Proposition 1. Under assumptions (H1) and (H2), the non-linear feedback control law

$$u(\cdot) = \frac{k}{\lambda(s_{\text{in}} - s^\star)} y_1 = \frac{k}{(s_{\text{in}} - s^\star)} r(s, x, \cdot) \quad (3)$$

globally stabilizes system (2) towards the positive set point $\xi^\star = (x^\star, s^\star, p^\star)$.

Proof. We have the following closed-loop system:

$$\begin{aligned} \dot{x} &= \alpha u(\cdot)(x^\star - x), \\ \dot{s} &= u(\cdot)(s^\star - s), \\ \dot{p} &= \beta u(\cdot)(p^\star - p). \end{aligned} \quad (4)$$

From (H1a), it is straightforward that the non-negative orthant of the state space is positively invariant by system (4). Thus, for any positive initial state conditions (that are assumed to be positive throughout the paper), the control variable $u(\cdot)$ is such that: $u(\cdot) \geq 0$. Integrating system (4) and since $u(\cdot) \geq 0$, we show that $\forall t \geq 0$

$$\begin{aligned} \max(x^\star, x(0)) &\geq x(t) \geq \min(x^\star, x(0)) > 0, \\ \max(s^\star, s(0)) &\geq s(t) \geq \min(s^\star, s(0)) > 0. \end{aligned} \quad (5)$$

Using (H1b), we conclude that for any positive initial state conditions and for all non-negative time, the function $r(\cdot)$ and thus the manipulated variable $u(\cdot)$ (following law (3)) is bounded below by a positive constant. Considering the closed-loop system (4), it is straightforward to see that $\xi^\star$ is globally exponentially stable. $\square$

3.2. Adaptive nonlinear controller design

The controller proposed in Section 3.1 requires perfect knowledge of the parameters k/λ and s_{in} to perform the stabilization towards the targeted set point without static error. However, identification of these parameters is a difficult task, especially for bioprocesses. To solve this drawback, we propose an adaptive feedback control law based on a new information obtained from the plant.

Hypothesis 3 (H3). We assume that the state variable $s = y_2$ is available from the plant.

In the sequel, we suppose that (H1), (H2) and (H3) hold. Moreover $s^\star$, belongs to $(0, s_{\text{in}})$. Let us denote $\chi = (x, s, p, \gamma)$ the new state vector and $\gamma^\star = k/(\lambda(s_{\text{in}} - s^\star))$.

Proposition 2. Under assumptions (H1)–(H3), the nonlinear adaptive feedback control law

$$u(\cdot) = \gamma(t) y_1 = \gamma(t) \lambda r(s, x, \cdot),$$

$$\dot{\gamma} = K y_1 (s^\star - y_2)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma)$$

$$\text{With : } 0 < \frac{k}{\lambda s_{\text{in}}} < \gamma_m < \gamma^\star < \gamma_M \quad \text{and} \quad K > 0 \quad (6)$$

globally stabilizes system (2) towards the positive set point $\chi^\star = (x^\star, s^\star, p^\star, \gamma^\star)$.

Proof. Control law (6) yields to the closed-loop system

$$\begin{aligned} \dot{x} &= y_1 \left(\frac{1}{\lambda} - \alpha \gamma x \right), \\ \dot{s} &= y_1 \left[\gamma(s_{\text{in}} - s) - \frac{k}{\lambda} \right], \\ \dot{p} &= y_1 \left(\frac{h}{\lambda} - \beta \gamma p \right), \\ \dot{\gamma} &= K y_1 (s^\star - y_2)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma). \end{aligned} \quad (7)$$

In the sequel we will only consider positive initial conditions $x(0)$, $s(0)$, $p(0)$ and $\gamma(0)$ such that $\gamma(0) \in (\gamma_m, \gamma_M)$. With these initial conditions x , s , p remain non-negative and γ remains in (γ_m, γ_M) . Using γ boundary values, as for Eq. (5), we show that $\forall t \geq 0$ the state variables $s(t)$ and $x(t)$ remain positive; thus using (H1b) we conclude that $y_1 = \lambda r(\cdot)$ is bounded below by a positive constant. We are now able to make the time change $t' = \int_0^t y_1(\tau) d\tau$ (Chicone, 1999). Let us make the useful change of coordinate: $v = s_{\text{in}} - s$. The closed-loop system (7) becomes (denoting with a prime the time derivatives with respect to t' , and $v^\star = s_{\text{in}} - s^\star$):

$$\begin{aligned} x' &= \left(\frac{1}{\lambda} - \alpha \gamma x \right), \\ p' &= \left(\frac{h}{\lambda} - \beta \gamma p \right), \\ v' &= \gamma^\star v^\star - \gamma v, \\ \gamma' &= K(v - v^\star)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma). \end{aligned} \quad (8)$$

The dynamical system (8) is an autonomous triangular system (Viel, Busvelle, & Gauthier, 1995): the system in v and γ does not depend upon the two other state variables x and p . Now we consider the sub-system in v and γ

$$\begin{aligned} v' &= \gamma^\star v^\star - \gamma v, \\ \gamma' &= K(v - v^\star)(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma). \end{aligned} \quad (9)$$

First we want to show that the state of system (9) enters the set $\{v > 0\}$ in finite time. Considering the dynamics of $v(t)$ in the set $v \leq 0$, we show that $v' \geq \gamma^\star v^\star > 0$, which proves that v enters the set $\{v > 0\}$ in finite time. In the sequel, we will consider the initial time (by time translation if necessary) belonging to the set $\mathcal{E} = \{v > 0, \gamma \in (\gamma_m, \gamma_M)\}$. We introduce the Lasalle function used by Harrison (1979)

in the context of Lyapunov stability for predator–prey models:

$$W(v, \gamma) = \int_{v^*}^v \frac{w - v^*}{w} dw + \int_{\gamma^*}^{\gamma} \frac{w - \gamma^*}{K(w - \gamma_m)(\gamma_M - w)} dw.$$

We check that $W(v, \gamma)$ is defined, non-negative on $\mathcal{E}$ and vanishes only for $v = v^*$ and $\gamma = \gamma^*$. Furthermore

$$W' = - \left(\frac{\gamma^*}{v} (v^* - v)^2 \right).$$

Thus, W' is defined and negative on $\mathcal{E}$ and vanishes only for $v = v^*$. Lasalle's theorem implies that every solution of system (9) approaches the largest invariant set in the domain defined by $W' = 0$ (Khalil, 1992); let us denote this set $\Omega = \{v = v^*, \gamma \in (\gamma_m, \gamma_M)\}$. Now, consider a trajectory initialized in Ω at $v = v^*$ and $\gamma \neq \gamma^*$; with respect to system (9) it is clear that this trajectory escapes from Ω and therefore that the largest invariant set in Ω is the fixed point (v^*, γ^*) . Then (v^*, γ^*) is a globally attractive fixed point for system (9).

A straightforward Jacobian matrix computation at the point (v^*, γ^*) proves that this fixed point is locally stable too. Then, we conclude that (v^*, γ^*) is a globally asymptotically stable (GAS) fixed point for system (9).

Now let us study the behavior of the last two state variables x and p on the set defined by $v = v^*$ and $\gamma = \gamma^*$. The corresponding system is linear and has a single equilibrium $(x^*, p^*) = (1/\lambda\alpha\gamma^*, h/\lambda\beta\gamma^*)$ which is GAS. In order to finish the proof, we need the following result for autonomous triangular systems, which is proved by Viel et al. (1995).

Lemma. Consider the triangular system in $\mathbb{R}^n$:

$$(\Sigma) \begin{cases} \dot{z} = f(z, w), \\ \dot{w} = g(w) \end{cases}$$

with: $z \in \mathbb{R}^{n-k}$, $w \in \mathbb{R}^k$, $f(\cdot)$ and $g(\cdot)$ $\mathcal{C}^1$ functions.

Moreover we assume that:

- A1: $w = 0$ is a GAS fixed point for $\dot{w} = g(w)$,
 - A2: $z = 0$ is a GAS fixed point for $\dot{z} = f(z, 0)$,
 - A3: every forward orbit of system (Σ) is bounded.
- Then, 0 is a GAS fixed point for system (Σ) .

Note that assumptions (A1)–(A3) hold for system (8). Thus applying the lemma (after state translation) to system (8), we conclude that the fixed point defined by $v = v^*$, $\gamma = \gamma^*$, $x = x^*$ and $p = p^*$ is a GAS fixed point for (8). Thus, coming back to the original time and state variables, we conclude that the control law (6) globally stabilizes system (2) towards the point χ^* . $\square$

Remark. If we want to regulate x , we can build an adaptive control using x measurements with a set point x^* . For example for x we have

$$\dot{\gamma} = K(x - x^*)(\gamma_m - \gamma)(\gamma_M - \gamma)$$

with

$$0 < \frac{k}{\lambda s_{\text{in}}} < \gamma_m < \frac{1}{\lambda \alpha x^*} < \gamma_M$$

The same kind of adaptation can be done for p regulation.

Remark. Suppose kinetics measurement is corrupted by a (small) relative perturbation $\eta(t)$ such that $y_1 = (1 + \eta)r(\cdot)$. Then, since y_1 is in factor in system (4) (respectively (7)), one can show the state remains asymptotically in a ball centered on ξ^* (χ^*), of a radius proportional to η amplitude, highlighting controller's robustness. $\square$

3.3. The problem of discrete time y_2 measurements

In practice the substrate s is sometimes only available at low-frequency time measurements $y_2(iT) = s(iT)$ (T the sampling period). We show that the control law (6) still works, but requires slow adaptation, i.e. a small K .

Indeed, we can choose a K small enough ensuring that γ is a slow variable of the closed-loop system while s, x, p are fast ones. Singular perturbation theory (Khalil, 1992) applies, such that s remains on the manifold $s = s_{\text{in}} - k/\lambda\gamma$. Straightforward calculus shows that the adaptive equation is such that $\forall t \in [iT, (i+1)T)$

$$\dot{\gamma} = y_1 \frac{Kk}{\lambda\gamma^*\gamma(iT)} (\gamma^* - \gamma(iT))(\gamma - \gamma_m)(\gamma_M - \gamma).$$

Integrating this equation between iT and $(i+1)T$, we find the recurrent expression of $\gamma((i+1)T)$. Then, we show that a sufficient condition for the convergence of the sequence $(\gamma(iT))_{i \in \mathbb{N}}$ towards γ^* is

$$0 < T < \frac{1}{K} \left[\frac{2\lambda\gamma^*\gamma_m}{k \max(y_1)(\gamma_M - \gamma_m)^2} \right].$$

Then for all sampling period T , there exists a small enough K , such that T fulfills this necessary condition.

4. Real life example: an anaerobic WWTP

Anaerobic digestion (AD) consists of a succession of biological degradations that take place in the absence of oxygen and by which organic matter is decomposed and bioconverted on the one hand into biogas (i.e., a mixture of CO_2 and CH_4) and, on the other hand, into microbial biomass and residual organic matter.

The main advantages of AD processes for water treatment are a good capacity to treat substrates at high concentrations, and the possibility for energy recovery through methane combustion. However, many industrials are still reluctant to use AD processes, because of an intrinsic disadvantage: they have two stable equilibrium points (Bernard et al., 2001). One is an operating point while the other corresponds to biomass washout. AD processes require therefore a regulation procedure to work safely. Moreover, the control's robustness towards kinetics modelling is important, since there does not exist any reliable model.

We thus propose a very simple model, describing the key features of AD, derived from (Bailey & Ollis, 1986). This model focuses only on the main bioreaction and is thus a basic summary of the whole bioreaction. Denoting S the chemical oxygen demand (COD, pollutant matter), X the bacterial population performing anaerobic digestion to produce methane, we have the reaction (1), and

$$r(s, x, ..) = \mu(s)x.$$

The specific growth rate $\mu(\cdot)$ of biomass X is often represented as a Haldane law

$$\mu(s) = \frac{\mu_m s}{K_m + s + s^2/K_i}$$

with μ_m , K_m , K_i biological (positive) constants. Note that with this expression for $r(s, x)$, hypothesis (H1) is fulfilled. The model for compounds concentration is of the form (2), but with no equation for the produced methane. Indeed, since the methane solubility is very low, the produced methane is mainly gaseous. Then dissolved methane remains at steady state and of zero concentration. Moreover, the gaseous outflow of methane can be easily measured on the plant, so that (H2) holds

$$Q_{CH_4} = \lambda r(s, x) = y_1.$$

4.1. Simulations

AD's model is simulated to evaluate the benefits of the control law (6) through comparison between open-

and closed-loop performances. Together with a substrate concentration set point $s^* = 4$ gCOD/l, we assume the following realistic parameters' values $\alpha = 0.8$, $\mu_m = 0.9$ day⁻¹, $K_m = 9$ g/l, $K_i = 3$ g/l, $k = 2$, $\gamma_m = 0.1334$ l/g, $\gamma_M = 0.4$ l/g and $K = 0.8$. Results are shown in Fig. 1. For the open-loop model, it results in applying the dilution $u^* = \mu(s^*)/\alpha = 0.2455$ day⁻¹, while for the closed-loop model, the control law is computed from the expression (6). We choose a piecewise constant influent pollutant concentration s_{in} (unknown) to highlight the adaptive controller's action. It must be kept in mind that the destabilization (see, e.g. the open-loop system in Fig. 1) of the process implies the disappearance of the biomass from the digester. Then the digester has to be inoculated again, which lasts for months, while wastewater is no longer treated.

Indeed from $t = 0$ to 60 both the open- and the closed-loop systems converge towards the equilibrium corresponding to the set point $s = s^*$. At $t = 60$, influent substrate concentration increases from 10 to 15 gCOD/l. On the one hand, it results in the destabilization of the open-loop process: the biomass starts to be washed out of the bioreactor. On the other hand, the closed-loop process escapes from the equilibrium $s = s^*$ for a short time but, the control law (6) drives the state variables back towards the equilibrium corresponding to the set point $s = s^*$; the change of s_{in} has been efficiently rejected. Then, at $t = 120$, s_{in} decreases from 15 to 12.5 gCOD/l. Destabilization of the open-loop system still goes on though the decrease of s_{in} . The control law remains efficient and rejects the s_{in} change again.

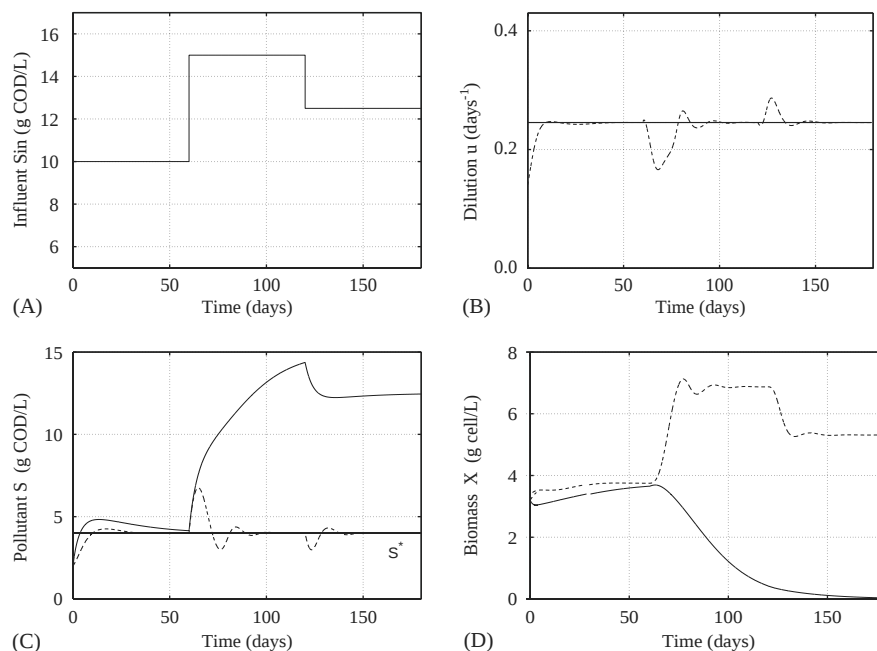


Fig. 1. Simulations of the open-loop plant (continuous line) and of the closed loop plant with the control law (6) (dashed line) (Figs. B, C, D). In Fig. A the piecewise constant influent concentration s_{in} (continuous line) is shown. Note that the step in s_{in} is lethal for the open-loop digester.

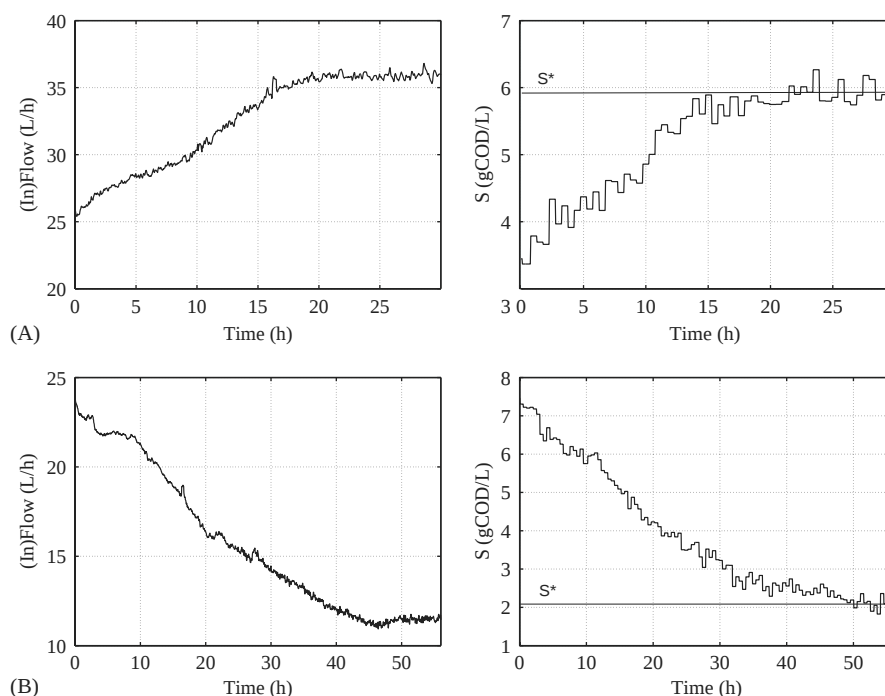


Fig. 2. Input (inflow) and s behaviors during two transients: cases A and B.

4.2. Real life experiments

An experimental test of the controller has been performed on a fully instrumented fixed-bed anaerobic digester (Steyer, Bouvier, Conte, Gras, & Sousbie, 2002), located in Narbonne (France), at the “Laboratoire de Biotechnologie de l’Environnement” (LBE) of INRA. Raw industrial distillery wastewaters obtained from local wineries in the area of Narbonne, France, were used. They have different characteristics according to the wineries where the wastewater is taken from. The process is a pilot-scale up-flow anaerobic fixed-bed reactor and has a useful volume of about 1 m^3 (Steyer et al., 2003).

Two transient changes obtained for the input variable and for the controlled variable s using the control law (3) are presented in Fig. 2. Transients are presented for two different set points values s^* . These experiments perfectly agree with the expected qualitative behavior of the closed-loop plant (a first order with an unsettled gain) and thus validate our approach on a real life process. Unfortunately, the adaptive version of the control law (6) has not been tested yet.

Nevertheless, the practical interest of the control law was also demonstrated in an additional experiment (see Fig. 3). In this case, a technical problem in the feeding line indeed lead to feed the process with pure water (instead of vinasses) while the control law was driving the process to a new steady state. This experiment is as well representative of the presence of a toxicant in the feeding (Mailleret et al., 2003a; Mailleret, Gouzé, & Bernard, 2003b).

This failure happens at $t = 9 \text{ h}$ in Fig. 3. Reaction of the control law was then particularly safe since it decreased

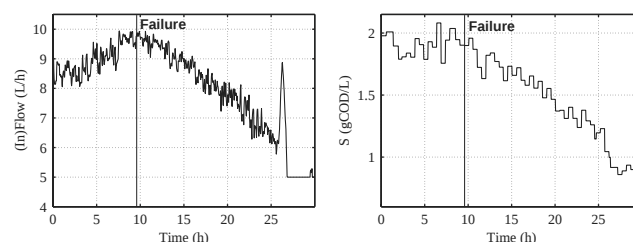


Fig. 3. Input (inflow) and s behaviors as the digester is fed with water.

the feed flow down to its minimal technological value. It is to be mentioned that most other control laws (e.g. PID controllers) would have instead increased the feed flow to maintain the COD concentration at the desired value. In such a case, washout of the bacterial population would probably occur. This safety characteristic of our control law is a key advantage for practical applications and allows us to foresee industrial implementation.

5. Conclusion

We have proposed two control laws for the regulation of a generic model of simple bioreactions in continuous stirred tank bioreactors. We have proved the global asymptotic stability of both closed-loop systems towards a chosen operating point, while the laws fulfill the input non-negativity constraint. Moreover, no assumption has been made about the analytical expression of the bioreaction’s kinetics $r(\cdot)$. In addition, these control laws are robust to a relative noise

on $r(\cdot)$ measurements and the adaptive law does not require any model parameters.

Some other work shows that the controllers can also be applied to a broader class of positive systems (Mailleret, 2003), and to more complex bioreaction schemes such as variable yield bioreactions (Mailleret et al., 2003b) or “cascade” bioreactions (Mailleret et al., 2003a).

Finally, the real-life experiments we performed on a pilot-scale anaerobic WWTP show the practical relevance of our approach, together with an unexpected safe behavior towards some process failures.

Acknowledgements

This research has been supported by the European Project IST-2000-28156 TELEMAC.

References

- Bailey, J. E., & Ollis, D. F. (1986). *Biochemical engineering fundamentals* (2nd ed.). New York: McGraw-Hill chemical engineering series.
- Bastin, G., & Dochain, D. (1990). *On-line estimation and adaptive control of bioreactors*. Amsterdam: Elsevier.
- Bastin, G., & Van Impe, J. F. (1995). Nonlinear and adaptive control in biotechnology: A tutorial. *European Journal of Control*, 1, 37–53.
- Bernard, O., Hadj-Sadok, Z., Dochain, D., Genovesi, A., & Steyer, J.-P. (2001). Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process. *Biotechnology and Bioengineering*, 75, 424–438.
- Chicone, C. (1999). *Ordinary differential equations with applications*. Berlin: Springer.
- Farza, M., Busawon, K., & Hammouri, H. (1998). Simple nonlinear observers for on-line estimation of kinetic rates in bioreactors. *Automatica*, 34, 301–318.
- Gouzé, J.-L., Rapaport, A., & Hadj-Sadok, Z. (2000). Interval observers for uncertain biological systems. *Ecological Modelling*, 133, 45–56.
- Harrison, G. W. (1979). Global stability of predator–prey interactions. *Journal of Mathematical Biology*, 8, 159–171.
- Heinze, E., Dunn, I. J., & Ryhiner, G. B. (1993). Modeling and control for anaerobic wastewater treatment. *Advances in Biochemical Engineering and Biotechnology*, 48, 79–114.
- Khalil, H. K. (1992). *Nonlinear systems*. New York: Macmillan Publishing Company.
- Mailleret, L. (2003). Positive control for a class of nonlinear positive systems. In L. Benvenuti, A. De Santis, & L. Farina (Eds.), *Positive systems, lecture notes in control and information sciences*, Vol. 294 (pp. 175–182). Berlin: Springer.
- Mailleret, L., Bernard, O., & Steyer, J.-P. (2003a). Robust regulation of anaerobic digestion processes. *Water Science and Technology*, 48, 87–94.
- Mailleret, L., Gouzé, J.-L., & Bernard, O. (2003b). Nonlinear control for algae growth models in the chemostat. *Proceedings of the European control conference (ECC03)*, Cambridge, UK.
- Perrier, M., & Dochain, D. (1993). Evaluation of control strategies for anaerobic digestion processes. *International Journal of Adaptive Control and Signal Processing*, 7, 309–321.
- Proell, T., & Karim, N. M. (1994). Nonlinear control of a bioreactor using exact and I/O linearization. *International Journal of Control*, 60, 499–519.
- Rapaport, A., & Harmand, J. (2002). Robust regulation of a class of partially observed nonlinear continuous bioreactors. *Journal of Process Control*, 12, 291–302.
- Steyer, J.-P., Bouvier, J.-C., Conte, T., Gras, P., & Sousbie, P. (2002). Evaluation of a four year experience with a fully instrumented anaerobic digestion process. *Water Science and Technology*, 45, 495–502.
- Viel, F., Busvelle, E., & Gauthier, J.-P. (1995). Stability of polymerization reactors using I/O linearization and a high-gain observer. *Automatica*, 31, 971–984.



Ludovic Mailleret was born in France in 1977. He received an Engineering degree from the Ecole Centrale de Lille and a M.Sc. degree in Control Theory from the Université de Lille, both in 2000. He is about to complete his Ph.D. degree in Control Theory at the French National Institute for Research in Computer Science and Control (INRIA) and is currently a Lecturer in Mathematics at the Université de Nice. His research interests include positive systems analysis, use of qualitative properties for control purposes and applications to biological systems.



Olivier Bernard was born in Lyon, France, in 1968. He received the Engineering degree from the Ecole Centrale de Lyon in 1992 and his master degree in Control Science in 1992. He obtained a Ph.D. degree in Biological Oceanography from the University Paris VI in 1995. From 1996 to 1998 he was a Postdoctoral Fellow at the Centre for Systems Engineering and Applied Mechanics (CESAME), Université Catholique de Louvain-la-Neuve in Belgium. Since 1999 he works as Research Scientist at the French National Institute for Research in Computer Science and Control (INRIA), in the COMORE research team (Modelling and Control of Renewable Resources). His research interests include structural analysis, modelling and estimation for nonlinear systems with application to biological processes.



Jean-Philippe Steyer was born in Belfort on February 4th, 1966. He received his Ph.D. degree in process control from the University of Toulouse (Univ. Paul Sabatier) in 1991. He was working at this time at the Laboratoire d'Analyse et d'Architecture des Systèmes (LAAS-CNRS) in close relationship with the Institut National des Sciences Appliquées (INSA-Toulouse). In 1992, he was sent by the Elf Aquitaine company at Lehigh University, PA, USA. His concern was there the coupling of kinetic and mixing models in bioreactors. In 1993, he implemented a real time expert system to help the monitoring and control of an industrial bioreactor for the Elf Sanofi Chimie company. He received the award for the best 1993 application of Artificial Intelligence to a process industry from the Groupe Français de Génie des Procédés (GFGP) and the Société de Chimie Industrielle (SCI). Since 1993, he is in charge of the research group in Instrumentation, Modeling, Control and Diagnosis of Bioprocesses with Environmental Issues at the Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE-INRA) in Narbonne (France).

Robust regulation of anaerobic digestion processes

L. Mailleret*, O. Bernard* and J. P. Steyer**

* COMORE, INRIA, 2004 route des Lucioles, BP 93, 06902 Sophia Antipolis, France
(E-mail: ludovic.mailleret@sophia.inria.fr ; olivier.bernard@sophia.inria.fr)

** LBE, INRA, avenue des Étangs, 11100 Narbonne, France (E-mail: steyer@ensam.inra.fr)

Abstract This paper deals with the problem of controlling anaerobic digestion processes. A two-step (i.e. acidogenesis-methanization) mass balance model is considered for a 1 m³ fixed bed digester treating industrial wine distillery wastewater. The control law aims at regulating the organic pollution level while avoiding washout of biomass. To this end, a simple output feedback controller is considered which regulates a variable strongly related to the Chemical Oxygen Demand (COD). Numerical simulations assuming noisy measurements first illustrate the robustness of this control procedure. Then, the regulating procedure is implemented on the considered anaerobic digestion process in order to validate and demonstrate its efficiency in real life experiments.

Keywords Anaerobic wastewater treatment; continuous bioreactor; control; real life experiment

Introduction

Wastewater treatment using anaerobic processes is a very promising re-emerging technology which presents extremely interesting advantages compared to the classical aerobic treatment (Pavlostathis, 1994; Mata-Alvarez *et al.*, 2000): it has a high capacity for degrading concentrated and resilient substrates (plant residues, animal wastes, food industry wastewater, etc...), produces very little sludge, requires little energy and it can become profitable with the use of biogas (methane) combustion for cogeneration. But in spite of these advantages, the anaerobic treatment plants are still rare at the industrial scale, probably because they are known to become easily unstable under some circumstances like variations of the process operating conditions and because they need a high level of expertise to be operated. Nevertheless, these drawbacks can be overcome by associating a control procedure to enhance the stable performance of the wastewater treatment operation via feedback control and to connect the process through the Internet to an expert center to ensure its perennality: this is the goal of the IST European project TELEMAT. The first step in this remote advanced management strategy is therefore to have a dynamic model of the process, which is required for the design of control algorithms.

The dynamic modelling of anaerobic digestion has been an active research area over the past three decades. Andrews (1968) introduced the Haldane model to characterise growth inhibition, which can emphasise the process instability, i.e. the biomass washout via the accumulation of acids. A model with a single bacterial population was then proposed (Graef and Andrews, 1974). The main modelling studies have been since then extended and detailed by other authors in order to get closer to the complexity of the process (Mosey, 1983; Costello *et al.*, 1991a, 1991b; Batstone *et al.*, 2000; IWA Task Group, 2002). It results in detailed models of the anaerobic digestion process that include several bacterial populations and several substrates. As a consequence, these models are difficult to calibrate and to use for control purposes. However, simpler models based on mass balance considerations (Bastin and Dochain, 1990) circumvent this difficulty by locating the biological lack of knowledge in dedicated terms, namely the reaction rates. The use of such models for control design has been proved to be more effective than detailed

models, because they minimise the number of assumptions in the model building exercise.

However, even based on such mass-balance models, control of anaerobic wastewater treatment plants remains a delicate problem, especially due to the difficulty in estimating the expressions of the bacterial growth rates or of the yield coefficients by adaptive algorithms (Bastin and Dochain, 1990; Perrier and Dochain, 1993). In this paper, a method is developed to control the system with the minimal assumptions on the growth rates and it is shown how to guarantee safe behaviour of the process which is of primary importance for using anaerobic digestion at industrial scale.

This paper is organised as follows. The first section describes the considered anaerobic fixed bed pilot reactor and the corresponding dynamical mass-balance model that will be used for the controller design. Then, a control law is proposed to drive the model to a desired set point for any initial operating conditions. Non-linear system theory guarantees the behaviour of the closed loop plant and the robustness of the used control law to the process uncertainties. These theoretical considerations are then validated, first on noisy simulations and secondly with real-life experiments performed on the pilot reactor.

Material and methods

Experimental set-up

The influent. The experiments were performed with raw industrial wine distillery vinasses obtained from local wineries in the area of Narbonne, France. This substrate, neither sterile nor homogeneous, is stored in three 27 m³ tanks connected to the reactor by a piping system of about 0.5 m³. The main characteristics of the influent are given in Table 1.

The reactor. The process is an up-flow anaerobic fixed bed reactor made of a circular column of 3.5 m height, 0.6 m diameter and a useful volume of 0.948 m³. The reactor is highly instrumented with the following measurements available on-line every 2 minutes: input and recirculation liquid flow rates, pH of the reactor and of the input wastewater, heater and reactor temperatures, biogas output flow rate, CO₂, CH₄ and H₂ composition in the gas phase and total organic carbon (TOC) in the reactor. Other measurements are available every half hour using a titrimetric sensor (Bouvier *et al.*, 2002) and a mid infra-red spectrometer (Steyer *et al.*, 2002b): total volatile fatty acids (VFA), soluble chemical oxygen demand (COD), bicarbonate concentrations and total and partial alkalinity in the liquid phase. More details about the process and evaluation of its on-line instrumentation are available in (Steyer *et al.* (2002a).

The mass balance model

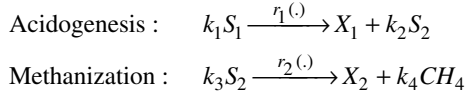
As previously stated, a mass-balance model of this anaerobic digestion process is considered (Bernard *et al.*, 2001). The underlying model assumes that two main bacterial populations are present. The first one, the acidogenic bacteria X_1 , consumes the organic substrate S_1 (total soluble COD except Volatile Fatty Acids) and produces Volatile Fatty Acids

Table 1 Main characteristics of the industrial wine distillery wastewater used in the present study

Component	Range
Volatile fatty acids (g/L)	[5–6]
Total COD (g/L)	[9–17.4]
Alkalinity (meq/L)	[30.8–62.4]
pH	[5–5.4]

(VFA) S_2 through an acidogenesis step. The second population, the methanogenic bacteria X_2 , uses the VFA in a methanization step as substrate for growth and produces methane.

The dynamic model is based on the following biological reaction pathways:



The reaction rates are given by: $r_i(.) = \mu_i(.)X_i$. According to Bastin and Dochain (1990), the following model is obtained:

$$\begin{cases} \dot{X}_1 = \mu_1(.)X_1 - \alpha DX_1 \\ \dot{S}_1 = -k_1 \mu_1(.)X_1 + D(S_{1in} - S_1) \\ \dot{X}_2 = \mu_2(.)X_2 - \alpha DX_2 \\ \dot{S}_2 = -k_3 \mu_2(.)X_2 + k_2 \mu_1(.)X_1 + D(S_{2in} - S_2) \end{cases} \quad (1)$$

where D is the dilution rate, the terms S_{1in} and S_{2in} are the influent concentrations of S_1 and S_2 respectively. The k_i represent the yield coefficients associated with bacterial growth, the $\mu_i(.)$ are the specific growth rates of biomass X_i . The parameter $\alpha \in [0, 1]$ represents the proportion of bacteria that are not fixed on the bed, and therefore which are affected by the dilution effect: $\alpha = 0$ would correspond to an ideal fixed bed reactor, $\alpha = 1$ to an ideal continuous stirred tank reactor.

Methane solubility is very low, therefore the methane produced by the methanization step is not stored in the liquid phase. The output methane flow rate (Q_{CH_4}) can then be written as a function of the state as follows:

$$Q_{CH_4} = k_4 \mu_2(.)X_2$$

The methane flow rate is on-line measured, let us denote this output: $y = \frac{Q_{CH_4}}{k_4} = \mu_2(.)X_2$.

Usually, the most crucial problem in solving equations (1) is the formulation of reasonable expressions for the corresponding specific growth rates: $\mu_1(.)$ and $\mu_2(.)$. However, it is important to point out that *the proposed controller does not assume any analytical expression for the growth rates* and thus they are not detailed in the model presentation.

Control design

In the following, a control law using the methane flow rate y and the dilution rate $D(.)$ as the manipulated variable is proposed. As previously stated, the controller achieves – independently from the growth rates expressions – the global stabilization of a process following model (1).

In fact, such a controller does not exactly regulate the COD, but a biological equivalent of the total amount of organic substrate in the digester, denoted S_T with:

$$S_T = S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2$$

Classical pollution measurements using the COD are based on yields of *chemical* reactions involved in organic pollution degradation. Indeed, the theoretical computation of the COD associated to an organic pollutant can be computed from the knowledge of the stoichiometric coefficients involved in the complete oxidation of the considered molecule. Here,

the same reasoning is followed but the approach is based on the stoichiometry of the *bio-chemical* reactions involved in bacterial organic pollution degradation. Thus, regulating S_T is equivalent to the classical pollution (COD concentration) regulation.

The objective is to compute the control variable $D(\cdot)$ to be applied so that, with a chosen fixed positive S_T^* , S_T has the following dynamics:

$$\dot{S}_T = D(\cdot)(S_T^* - S_T) \quad (2)$$

It is straightforward from system (1) that $D(\cdot)$ must be computed from the output y as follows:

$$D(y) = \frac{k_3 k_1}{k_2 (S_{Tin} - S_T^*)} y \quad (3)$$

Hypothesis

- μ_i are functions of S_i only; $\mu_i(0) = 0$ and $\mu_i > 0$ when $S_i > 0$
- The initial conditions for the state variables, S_{1in} and S_{2in} are all positive
- $0 < S_T^* < S_{1in}$
- $\mu_1(\cdot)$ is an increasing function of $[0, S_T^*]$, $\mu_2(\cdot)$ is an increasing function of $[0, \frac{k_2}{k_1} S_T^*]$

Theoretical considerations on the closed loop system show that there is only one equilibrium (corresponding to the set point S_T^*). Moreover, it is globally asymptotically stable provided that our hypotheses hold (Mailleret and Bernard, 2001, 2002).

Results and discussion

Simulation study

In this section, the parameter values given by Bernard *et al.* (2001) have been used to run the numerical simulation of the controlled model (1). A high level multiplicative white noise (40%) has been added to the measurement of the methane flow rate in order to check the controller robustness.

$S_T^* = 2$ gCOD/L is chosen as the desired set point for S_T . With the kinetics expressions of Bernard *et al.* (2001), (i.e. $\mu_1(S_1)$ follows Monod kinetics while $\mu_2(S_2)$ is modelled with Haldane law), the above hypotheses are fulfilled. Thus, the proof that the closed loop system has a single equilibrium, globally asymptotically stable (GAS), holds for this simulation study. Then, it is straightforward that the results will agree with our predictions: the plant is prevented from biomass washout and has a single GAS equilibrium for a fixed set of parameters.

The simulated controller results can be seen on Figure 1. A simple linear filter in the feedback loop decreases the noise level for high frequencies. Despite the high level of noise (40%), the controller action remains efficient.

Moreover, in order to take into account the fact that the influent pollutant concentration can change as time goes on during the process operation, a piecewise constant S_{Tin} is imposed during the simulation. It is important to note that to maintain S_T at its equilibrium, S_{Tin} variations have to be known and actualised in the feedback gain (see control law (3)).

However, it appears that despite these variations in the influent and the high level of noise in the output, the variable S_T remains in a very small interval around its chosen equilibrium value $S_T^* = 2$ gCOD/L. From Eq. (2), one can notice that the converging rate of the closed loop system is non-linear and not adjustable by an operator. In spite of this drawback, the converging rate seems to be fast enough for wastewater treatment.

Experimental results

To validate this mathematical approach to the control of anaerobic digestion processes, real-life experiments were also performed under various operating conditions of the pilot

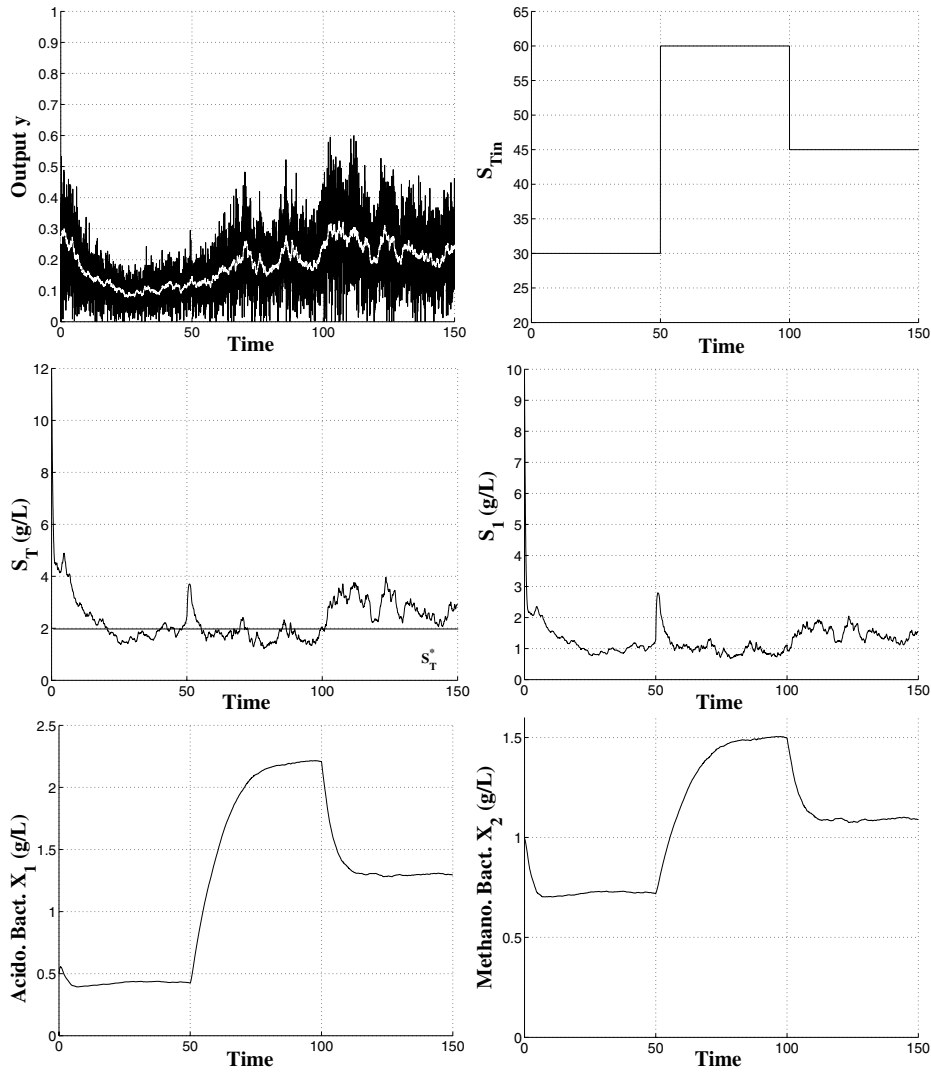


Figure 1 Simulation of the controlled up-flow anaerobic fixed bed digester, with variations of the influent COD concentration. 40% noise has been added on the measurement of the methane flow rate (y). The substrates S_1 , S_T and the biomasses X_1 and X_2 are also represented

scale anaerobic digester described previously. For clarity, these experiments are introduced in two different parts : first, the usual operating conditions for wastewater treatment (i.e. no failures in the equipment); then since some breakdowns occurred as the experiments were carried out, the safe behaviour of the controlled plant is shown. Note that this situation could have been hazardous for the reactor without any regulation procedure.

Normal operating conditions. In these operating conditions, the reactor follows model (1). Thus, the controlled plant is expected to have the simple behaviour the control law has been designed for. In particular, the pollutant concentration S_T must follow the non-linear Eq. (2) but since this equation is non-linear, it is difficult to ensure that S_T has good *quantitative* behaviour. However, it can be noticed that S_T has to follow the same *qualitative* behaviour that Eq. (2) predicts: S_T should follow a first order behaviour with a variable positive gain. In other words, if S_T is below (respectively above) its chosen set point, it will increase

(respectively decrease) exponentially (but not at a constant speed) towards its chosen set point.

Two transient behaviours for the input variable D and for the controlled variable S_T are illustrated in Figure 2. The other variables are not represented since the key points of the control action are presented with these two. It is worth noting that the controller action is efficient and agrees with our mathematical predictions: S_T qualitative behaviour is as it is expected to be. Moreover, despite the fact that the convergence rate is not adjustable, it seems to be fast enough for wastewater treatment.

Breakdown operating conditions. As usual in real-life experiments, some unforeseen failures happened on the reactor devices. Therefore, the process model differs from model (1) or, at least, the controlled plant behaviour differs from its expected dynamic behaviour. It is worth noting that most plant breakdowns occur together with a decrease in the output biogas (methane) flow rate (so does the output y). What is interesting in the present regulation procedure is that, for the closed loop plant, a decrease in the output y will lead to reducing the dilution rate. This is indeed the easiest way to prevent the reactor from biomass washout, which could have happened because of the process failure.

This phenomenon is highlighted on Figure 3. In this experiment, a problem in the mixing between influent vinasses and water in the dilution system has occurred. Then, the digester has been fed with pure water. If the process was run in open loop, the biomass would have quickly decreased and been washed out of the reactor. For the controlled system, since the methane flow rate decreases, the dilution rate decreases too, leading D to its minimum value (i.e. 5 L/h, imposed by the process configuration). This prevents on one hand the biomass from short-term washout and, on the other hand, provides the required time to human operators to fix the problem.

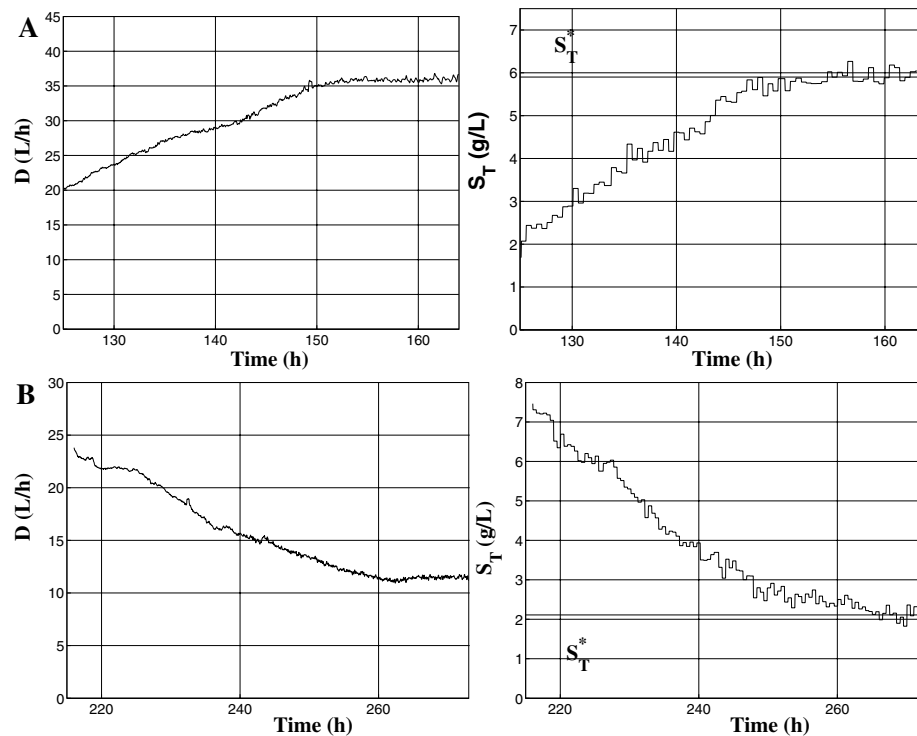


Figure 2 Evolution of the controlled process. The dilution rate D and the values of S_T are represented for two experiments (A and B) on the up-flow anaerobic fixed bed digester

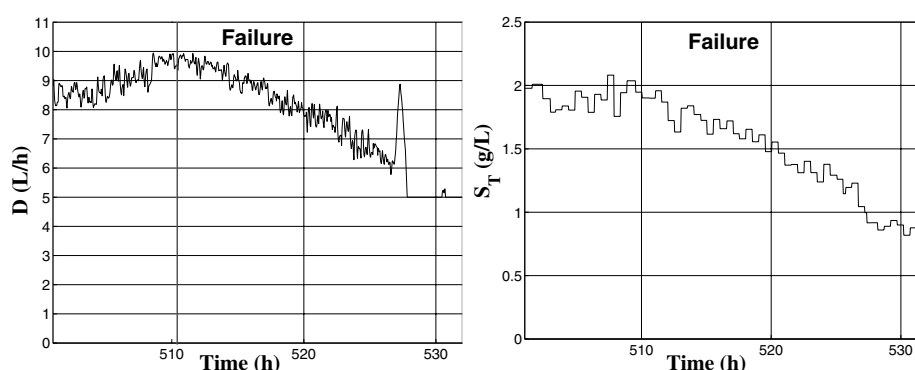


Figure 3 Evolution of the process in closed loop during a plant failure (the digester has been fed with pure water)

Conclusion

A robust non-linear controller has been proposed for a fixed bed anaerobic digestion pilot process and proved its convergence for a mass-balance model independently from the model's biological uncertainty. This controller is very simple in its design since it only consists in an output feedback law. The single required parameter is the feedback gain that can be tuned online (i.e. by trials and errors) by moving this gain to reach the desired set point value for S_T . A simulation study has shown that this regulation procedure is very robust to a high level of noise and insensitive to variations of the influent pollutant concentration. To validate our approach in real life, regulation experiments were performed on the pilot digester. The closed loop plant experimental results agreed with our theoretical predictions and exhibited an unexpected but interesting safe behaviour towards some hazardous plant failures.

It is worth noting that this regulation procedure can also be applied to the model presented by Bernard *et al.* (2001). This dimension 6 model is an extension of model (1) with two other equations in cascade; one for alkalinity and the other for the total dissolved inorganic carbon. Therefore the control law will globally stabilise the more general dimension 6 model as well.

Another point important to emphasise is that this controller regulates the value of a variable (related to the COD) which is not online measured. As a consequence, with this control approach, it is not mandatory to have an on-line sensor for the COD measurements, which is often a limiting step for the implementation of a controller. It also explains why this type of controller cannot be compared e.g. to a PID which would require on-line COD measurements. Nevertheless, to avoid drifts, some off-line values of the COD are required to regularly recalibrate the controller. This is now our current work to develop an adaptive version of the control law (3), based on off-line values, in order to perform an automatic controller tuning without model identification.

Acknowledgements

This work has been carried out with the support provided by the European Commission, Information Society Technologies Programme, Key action I Systems and Services for the Citizen, contract TELEMAT number IST-2000-28256. This information is provided under the sole responsibility of the authors and does not necessarily represent the opinion of the European Commission, which is not responsible for any use that might be made of it.

References

- Andrews, J. (1968). A mathematical model for the continuous culture of microorganisms utilizing inhibitory substrates, *Biotech. Bioeng.*, **10**, 707–723.

- Bastin, G. and Dochain, D. (1990). *On-line Estimation and Adaptive Control of Bioreactors*, Elsevier, Amsterdam.
- Batstone, D.J., Keller, J., Newell, R.B. and Newland, M. (2000). Modelling anaerobic digestion of complex wastewater – I. Model development, *Biores. Technol.*, **75**, 67–74.
- Bernard, O., Hadj-Sadok, Z., Dochain, D., Genovesi, A. and Steyer, J.P. (2001). Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment plant, *Biotech. Bioeng.*, **75**, 424–438.
- Bouvier, J.C., Steyer, J.P., Conte, T., Gras, P. and Delgenès, J.P. (2002). On-line titrimetric sensor for the control of anaerobic digestion processes, *VII Latin American Workshop and Symposium on Anaerobic Digestion*, Merida, Mexico, 22–25 October, 2002, 65–68.
- Costello, D., Greenfield, P. and Lee, P. (1991a). Dynamic modelling of a single-stage high-rate anaerobic reactor – I. Model derivation, *Water Research*, **25**, 847–858.
- Costello, D., Greenfield, P. and Lee, P. (1991b). Dynamic modelling of a single-stage high-rate anaerobic reactor – II. Model verification, *Water Research*, **25**, 859–871.
- Graef, S. and Andrews, J. (1974). Mathematical modeling and control of anaerobic digestion, *Water Research*, **8**, 261–289.
- IWA Task Group (2002). *Anaerobic Digestion Model No.1 (ADM1)*, ISBN: 1900222787, IWA publishing, London, UK.
- Mailleret, L. and Bernard, O. (2001). A simple robust controller to stabilise an anaerobic digestion process, *Proc. of the 8th Conference on Computer Applications in Biotechnology*, 213–218.
- Mailleret, L. and Bernard, O. (2002). Contrôle asymptotique non-linéaire des fermenteurs anaérobies, *Proc. of the Conference Internationale Francophone d'Automatique 2002*, 301–306.
- Mata-Alvarez, J., Macé, S. and Llabres, P. (2000). Anaerobic digestion of organic solid wastes. An overview of research achievements and perspectives, *Bioresource Technology*, **74**, 3–16.
- Mosey, F. (1983). Mathematical modelling of the anaerobic digestion process: regulatory mechanisms for the formation of short-chain volatile acids from glucose, *Wat. Sci. Tech.*, **15**(8/9), 209–232.
- Pavlostathis, S.G. (1994). Anaerobic Processes, *Water Environment Research*, **44**, 342–356.
- Perrier, M. and Dochain, D. (1993). Evaluation of control strategies for anaerobic digestion processes, *Int. J. Adapt. Contr. Sign. Proc.*, **7**, 309–321.
- Steyer, J.P., Bouvier, J.C., Conte, T., Gras, P. and Sousbie, P. (2002a). Evaluation of a four year experience with a fully instrumented anaerobic digestion process, *Wat. Sci. Tech.*, **45**(4–5), 495–502.
- Steyer, J.P., Bouvier, J.C., Conte, T., Gras, P., Harmand, J. and Delgenès, J.P. (2002b). On-line measurements of COD, TOC, VFA, total and partial alkalinity in anaerobic digestion processes using infra-red spectrometry, *Wat. Sci. Tech.*, **45**(10), 133–138.

Contrôle asymptotique non linéaire des fermenteurs anaérobie

Ludovic Mailleret* — Olivier Bernard* — Jean Philippe Steyer**

*Projet COMORE, INRIA
BP93, F-06902 Sophia-Antipolis cedex
{ludovic.mailleret, olivier.bernard}@sophia.inria.fr

**Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement
INRA, Avenue des étangs, F-11100 Narbonne
steyer@ensam.inra.fr

RÉSUMÉ. Nous nous intéressons ici à la fermentation anaérobie en bioréacteur continu, procédé de traitement des eaux usées à haut rendement épuratoire mais intrinsèquement instable. Après une brève présentation du modèle de ce procédé, basé sur deux étapes principales (acidogénèse puis méthanogénèse), nous proposons une loi de commande permettant de contrôler le niveau de pollution organique (la Demande Chimique en Oxygène, DCO) au sein d'un fermenteur anaérobie continu. Cette commande, globalement asymptotiquement stabilisante, régule un indicateur biologique de la pollution organique. Le comportement du système bouclé est ensuite illustré sur une simulation bruitée et finalement validé expérimentalement sur un procédé pilote.

ABSTRACT. In this paper we focus on anaerobic digestion in a continuous bioreactor, a high yield waste water treatment process but which is intrinsically unstable. After a brief description of the underlying model, based on two main steps (acidogenesis and methanogenesis), we propose a control law allowing to choose organic pollution level (Chemical Oxygen Demand, COD) inside a continuous anaerobic digester. This globally asymptotically stabilising control law, regulates a biologically based measurement of organic pollution. The closed loop system behavior is then illustrated on a noisy simulation and finally validated on a real life pilot process.

MOTS-CLÉS : épuration des eaux usées, fermentation anaérobie, bioréacteurs continus, stabilisation globale, contrôle robuste, validation expérimentale.

KEYWORDS: Wastewater treatment, anaerobic digestion, continuous bioreactors, global stabilisation, robust control, experimental validation.

1. Introduction

Les bioréacteurs dédiés au traitement des eaux usées sont des écosystèmes complexes comprenant un grand nombre de populations bactériennes distinctes. De plus les différents constituants (bactéries ou matière organique) présents au sein du bioréacteur sont mal connus et rarement mesurés. En outre, les modèles de bioréacteurs ne sont que des approximations plus ou moins fidèles de la réalité, rendant le problème de leur contrôle particulièrement ardu. En effet, contrairement à la physique classique, régie par des lois bien connues et très fiables, nous ne disposons pas de telles lois pour décrire précisément les systèmes biologiques. Pour pallier cette difficulté, Bastin et Dochain [BAS 90] ont développé une méthode de modélisation basée sur les bilans de masse entre constituants. Les échanges de masse sont de types physique (bien connus : entrées et sorties du bioréacteur) ou biologique (mal connus : dépendant des cinétiques des bioréactions). La régulation de ces bioréacteurs nécessite donc une description macroscopique (modèle) relativement fiable des réactions biologiques, ainsi qu'une loi de commande robuste aux incertitudes du modèle utilisant des mesures simples à obtenir en ligne.

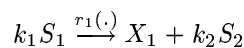
Nous allons plus particulièrement nous attacher ici au problème posé par la fermentation anaérobie en bioréacteur continu (un flux continu "traverse" le réacteur), procédé à haut rendement épuratoire mais naturellement instable. La modélisation de ce procédé suppose le regroupement fonctionnel des bactéries en deux populations réalisant deux biodégradations en chaîne. La première population X_1 (bactéries acidogènes) consomme le substrat organique S_1 et produit des Acides Gras Volatils S_2 (AGV). La DCO (Demande Chimique en Oxygène) totale est représentée par la somme de S_1 et S_2 . La deuxième population X_2 (bactéries méthanogènes) consomme les AGV et produit du méthane (CH_4).

Nous présentons tout d'abord un modèle de la fermentation anaérobie. Nous décrivons ensuite une loi de commande et prouvons la stabilité asymptotique globale du système en boucle fermée. Des simulations informatiques et des études expérimentales illustrent finalement la pertinence de notre approche.

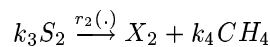
2. Bilan de masse, modèle

Nous développons un modèle macroscopique de la fermentation anaérobie sur la base du schéma réactionnel suivant [BER 01] :

– Acidogénèse :



– Méthanogénèse :



Les vitesses de ces bioréactions sont les suivantes : $r_i(\cdot) = \mu_i(\cdot)X_i$

Le bilan de masse au sein du bioréacteur continu s'écrit alors :

$$\begin{cases} \dot{X}_1 = \mu_1(.)X_1 - \alpha DX_1 \\ \dot{S}_1 = -k_1\mu_1(.)X_1 + D(S_{1in} - S_1) \\ \dot{X}_2 = \mu_2(.)X_2 - \alpha DX_2 \\ \dot{S}_2 = -k_3\mu_2(.)X_2 + k_2\mu_1(.)X_1 + D(S_{2in} - S_2) \end{cases} \quad [1]$$

où D représente le taux de dilution, S_{1in} et S_{2in} les concentrations en substrats organiques S_1 et S_2 dans le flux entrant. Les coefficients k_i sont les coefficients stœchiométriques associés aux bioréactions, $\mu_1(.)$ et $\mu_2(.)$ les taux spécifiques de croissance des bactéries X_1 et X_2 . Le paramètre $\alpha \in]0, 1]$ modélise le taux de fixation de la biomasse dans le réacteur ($\alpha = 1$ correspond à un réacteur infiniment mélangé). $\xi = (X_1, S_1, X_2, S_2)^T$ représente le vecteur état.

La solubilité du méthane étant très faible, nous supposons que le méthane produit est uniquement gazeux et que le flux de méthane sortant est mesuré en ligne :

$$y = \frac{Q_{CH_4}}{k_4} = \mu_2(.)X_2$$

Le problème crucial dans la formulation du modèle [1] est de donner des expressions raisonnables aux cinétiques $\mu_1(.)$ et $\mu_2(.)$. Dans la littérature $\mu_1(.)$ a souvent été modélisé par une loi de Monod, $\mu_2(.)$ par une loi de Haldane [GRA 74, MOS 83, BAI 86, BER 01].

Nous n'explicitons pas ici les expressions analytiques des cinétiques $\mu_1(.)$ et $\mu_2(.)$. Nous faisons seulement les hypothèses qualitatives suivantes, basées sur des constatations biologiques.

Hypothèse 1 (H1)

μ_1 est fonction de S_1 , $\mu_1(0) = 0$ et $\mu_1 > 0$ si $S_1 > 0$
 μ_2 est fonction de S_2 , $\mu_2(0) = 0$ et $\mu_2 > 0$ si $S_2 > 0$
 $\mu_1(.)$ et $\mu_2(.)$ sont des fonctions $\mathcal{C}^1$ sur $[0, +\infty[$

Par la suite nous supposerons que les conditions initiales sont strictement positives :

$$\forall i \in [1..4], \xi_i(0) > 0 \text{ et } \forall j \in [1..2], S_{j,in} > 0$$

Propriété 1 Sous l'hypothèse (H1), les trajectoires du modèle [1] restent dans $\mathbb{R}_+^4$

La preuve est immédiate en remarquant que sur les faces du cône $\mathbb{R}_+^4$ les dérivées de l'état sont positives donc "rentrantes" (i.e. $\dot{\xi}_i(\xi_i = 0) \geq 0$). Ces frontières sont donc infranchissables par les trajectoires du système [1].

3. Loi de commande

3.1. Objectifs

Les procédés biologiques de traitement des eaux usées utilisent des micro-organismes pour dégrader les composants organiques présents dans des effluents. Le but est de réduire la concentration en polluants en sortie du dispositif et la maintenir en dessous d'une certaine valeur, fixée par des normes environnementales.

On trouve dans la littérature des approches différentes pour le contrôle de fermenteurs anaérobies [BAS 90, HEI 93, PER 93]. Elles peuvent être basées sur des approximations locales (contrôleur PI ou PID appliqué au système linéarisé), des lois de commande linéarisantes (nécessitant la connaissance parfaite du modèle, des cinétiques ainsi que tout ou partie de l'état) ou encore sur des simplifications du modèle original (approximations lent-rapide par la théorie des perturbations singulières).

Nous proposons ici une loi de commande permettant la stabilisation globale d'un procédé de digestion anaérobie, basée sur la partie robuste du modèle original (échanges physiques), indépendamment des expressions analytiques des cinétiques, et n'utilisant que des mesures technologiquement simples à réaliser. Cette loi de commande permettra de réguler un équivalent biologique de la DCO, que nous définirons comme la matière organique biodégradable totale, notée S_T et définie par (cf. annexe I) :

$$S_T = S_1 + \frac{k_1}{k_2} S_2$$

Notre objectif est de réguler la variable S_T , en utilisant la sortie y et le taux de dilution $D(\cdot)$ considéré comme une entrée.

3.2. Loi de commande

Notre approche se base sur [MAI 01] : nous cherchons la loi régissant l'entrée $D(\cdot)$ pour que S_T ait la dynamique suivante, $S_T^* > 0$ étant la consigne :

$$\dot{S}_T = D(\cdot)(S_T^* - S_T) \quad [2]$$

Nous en déduisons :

$$D(\xi) = \frac{k_3 k_1}{k_2 (S_{Tin} - S_T^*)} y \quad [3]$$

Les équations du modèle en boucle fermée deviennent :

$$\begin{cases} \dot{X}_1 = \mu_1(S_1)X_1 - \alpha D(\xi)X_1 \\ \dot{S}_1 = -k_1 \mu_1(S_1)X_1 + D(\xi)(S_{Tin} - S_1) \\ \dot{X}_2 = \alpha D(\xi)(X_2^* - X_2) \\ \dot{S}_T = D(\xi)(S_T^* - S_T) \end{cases} \quad [4]$$

avec la notation $X_2^* = \frac{k_2(S_{T_{in}} - S_T^*)}{\alpha k_3 k_1}$. Faisons maintenant l'hypothèse suivante quant à la consigne et aux cinétiques.

Hypothèse 2 (H2)

$$0 < S_T^* < S_{1in}$$

$\mu_1(\cdot)$ fonction strictement croissante sur $[0, S_T^*]$

$\mu_2(\cdot)$ fonction strictement croissante sur $[0, \frac{k_2}{k_1} S_T^*]$

Cette hypothèse reste très raisonnable : en pratique nous choisissons une consigne S_T^* de faible valeur. Prouvons maintenant la stabilité asymptotique globale du modèle en boucle fermée.

Proposition 1 *Sous les hypothèses (H1, H2), il existe un unique point d'équilibre ξ^* dans $\mathbb{R}_{+*}^4$ pour le système [4]. De plus ξ^* est globalement asymptotiquement stable sur $\mathbb{R}_{+*}^4$.*

Nous prouvons d'abord le lemme suivant.

Lemme 1 *Sous l'hypothèse (H1), le système [4] impose la convergence de S_T vers S_T^* et de X_2 vers X_2^* .*

Preuve du Lemme 1 :

Nous montrons dans l'annexe II que : $\int_{t=0}^{+\infty} D(\xi(\tau)) d\tau = +\infty$

Ce qui prouve, en intégrant $\dot{S}_T$ et $\dot{X}_2$ dans [4] que $\lim_{t \rightarrow +\infty} S_T(t) = S_T^*$ et que $\lim_{t \rightarrow +\infty} X_2(t) = X_2^*$. ■

Soit : $\Omega = \{\xi \in \mathbb{R}_{+*}^4, S_T = S_T^*, X_2 = X_2^*, S_2 > 0\}$. Notons que le lemme 1 et la démonstration de l'annexe II imposent la convergence de toutes les orbites vers Ω . D'autre part, sur Ω , $D(\xi)$ s'exprime :

$$D(\xi) = \frac{\mu_2(S_2)}{\alpha} = \frac{1}{\alpha} \mu_2\left(\frac{k_2}{k_1}(S_T^* - S_1)\right) > 0 \quad [5]$$

Preuve de la Proposition 1 :

Réécrivons, sous la contrainte $\xi \in \Omega$, le système réduit en X_1 et S_1 , avec le changement de temps $t' = \int_0^t D(\tau) d\tau$ [HOF 88] :

$$\begin{cases} \frac{dX_1}{dt'} = (\phi(S_1) - \alpha)X_1 \\ \frac{dS_1}{dt'} = (S_{1in} - S_1) - k_1\phi(S_1)X_1 \end{cases} \quad [6]$$

$$\text{Avec : } \phi(S_1) = \frac{\alpha\mu_1(S_1)}{\mu_2\left(\frac{k_2}{k_1}(S_T^* - S_1)\right)}$$

Le système [6] est considéré sur Ω donc : $S_1 \in [0, S_T^*]$. Les hypothèses (H1,H2) étant

vérifiées, on montre que $\phi(S_1)$ est une fonction strictement croissante sur $[0, S_T^*]$. Le système [6] correspond à un chemostat “classique” qui a un unique équilibre strictement positif et globalement asymptotiquement stable (GAS) [SMI 95]. Nous concluons donc qu’il existe dans $\mathbb{R}_{+*}^4$ un unique équilibre ξ^* pour le système bouclé. Et $\xi^* = (X_1^*, S_1^*, X_2^*, S_2^*)^T$ s’exprime :

$$\xi^* = \left(\frac{S_{1in} - \phi^{-1}(\alpha)}{k_1 \alpha}, \phi^{-1}(\alpha), X_2^*, \frac{k_2}{k_1}(S_T^* - \phi^{-1}(\alpha)) \right)^T$$

Revenons maintenant au système [4] et considérons les équations $\dot{X}_1$ et $\dot{S}_1$, en injectant les solutions $X_2(t)$ et $S_T(t)$ issues de $X_2(0)$ et de $S_T(0)$. Nous obtenons alors, pour chaque condition initiale $X_2(0), S_T(0)$, le système non autonome suivant :

$$\begin{cases} \dot{X}_1 = \mu_1(S_1)X_1 - \alpha D(S_T(t), X_2(t), S_1)X_1 \\ \dot{S}_1 = -k_1\mu_1(S_1)X_1 + D(S_T(t), X_2(t), S_1)(S_{1in} - S_1) \end{cases} \quad [7]$$

Remarquons que le lemme 1 prouve que, pour chaque condition initiale $X_2(0), S_T(0)$, le système non autonome [7], est “asymptotiquement autonome” (au sens de [MAR 56]) avec le système différentiel limite [6]. En appliquant le corollaire 4.3 de [THI 92], on conclut que, pour chaque condition initiale $X_2(0), S_T(0)$, chaque orbite du système [7] converge vers le point d’équilibre GAS du système différentiel limite [6]. Donc, pour chaque condition initiale $\xi(0)$, les orbites du système [4] convergent vers ξ^* . On a donc montré que ξ^* est globalement attractif sur $\mathbb{R}_{+*}^4$.

Calculons la matrice jacobienne du système bouclé [4] (avec le changement de temps $t' = \int_0^t D(\tau) d\tau$) localement autour de ξ^* (dans les coordonnées X_1, S_1, X_2, S_T). Remarquons que la matrice jacobienne est triangulaire supérieure par blocs :

$$\mathcal{J}^* = \left(\begin{array}{c|c} A & B \\ \hline 0 & C \end{array} \right)$$

On cherche les valeurs propres de $\mathcal{J}^*$, racines du polynôme caractéristique :

$$P_{\mathcal{J}^*}(\lambda) = \det(A - \lambda Id) \det(C - \lambda Id)$$

Avec :

$$A = \begin{pmatrix} 0 & X_1^* \frac{\partial \Psi}{\partial S_1}(S_1^*, S_T^*) \\ -k_1 \alpha & -1 - k_1 X_1^* \frac{\partial \Psi}{\partial S_1}(S_1^*, S_T^*) \end{pmatrix} \text{ et } C = \begin{pmatrix} -\alpha & 0 \\ 0 & -1 \end{pmatrix}$$

$$\text{Avec : } \Psi(S_1, S_T) = \frac{\alpha \mu_1(S_1)}{\mu_2(\frac{k_2}{k_1}(S_T - S_1))}$$

Il faut remarquer que : $\frac{\partial \Psi}{\partial S_1}(S_1^*, S_T^*) = \frac{\partial \Phi}{\partial S_1}(S_1^*) > 0$, par définition de la fonction $\Phi(S_1)$ qui est croissante, notamment autour de S_1^* .

On a donc : $\text{trace}(A) < 0$ et $\det(A) > 0$, ce qui, étant donné l’expression de C , assure la stabilité locale du point d’équilibre ξ^* pour le système [4].

On a montré que ξ^* est globalement attractif sur $\mathbb{R}_{+*}^4$ et localement stable. On conclut donc que ξ^* est GAS sur $\mathbb{R}_{+*}^4$. ■

REMARQUE. — La démonstration n'est basée sur aucune formulation analytique des taux de croissance μ_1 et μ_2 , ce qui est particulièrement important pour la robustesse du contrôleur face aux incertitudes inhérentes au modèle.

4. Simulations

Dans cette section nous avons choisi les valeurs des paramètres donnés par [BER 01] pour simuler le modèle bouclé. Pour illustrer la robustesse au bruit du feedback, un bruit blanc multiplicatif d'écart type 0,4 a été ajouté dans la mesure du débit de méthane. Nous choisissons la consigne $S_T^* = 2gDCO/l$. Avec les cinétiques données par [BER 01], les hypothèses (H1, H2) de la Proposition 1 sont vérifiées. $\mu_1(S_1)$ et $\mu_2(S_2)$ sont définies par :

$$\mu_1(S_1) = \frac{\mu_{1m}S_1}{K_M + S_1} \text{ et } \mu_2(S_2) = \frac{\mu_{2m}S_2}{K_M + S_2 + (S_2/K_I)^2}$$

Les résultats sont présentés sur la Figure 1. Nous avons ajouté un filtre linéaire passe-bas dans la boucle de feedback, afin de filtrer les hautes fréquences. Malgré le bruit, le contrôleur est efficace et la DCO soluble totale reste dans un intervalle raisonnable. La vitesse de convergence (dépendant des conditions initiales) semble suffisante et le contrôleur est robuste aux variations de la charge organique en entrée (S_{Tin}).

5. Résultats expérimentaux

5.1. Le procédé

La validation expérimentale de la loi de commande a été effectuée sur un fermenteur anaérobie à lit fixe [STE 01], situé à Narbonne, au Laboratoire de biotechnologie de l'environnement (LBE) de l'INRA. Le réacteur, de volume $V = 0.982m^3$, est nourri avec des rejets organiques issus des industries viticoles locales. Le réacteur est muni d'un grand nombre de capteurs et actionneurs reliés à un système informatique permettant l'acquisition, le traitement et le stockage des données relatives au procédé. Le système est pourvu d'une interface logicielle permettant le calcul et l'application de lois de commande complexes.

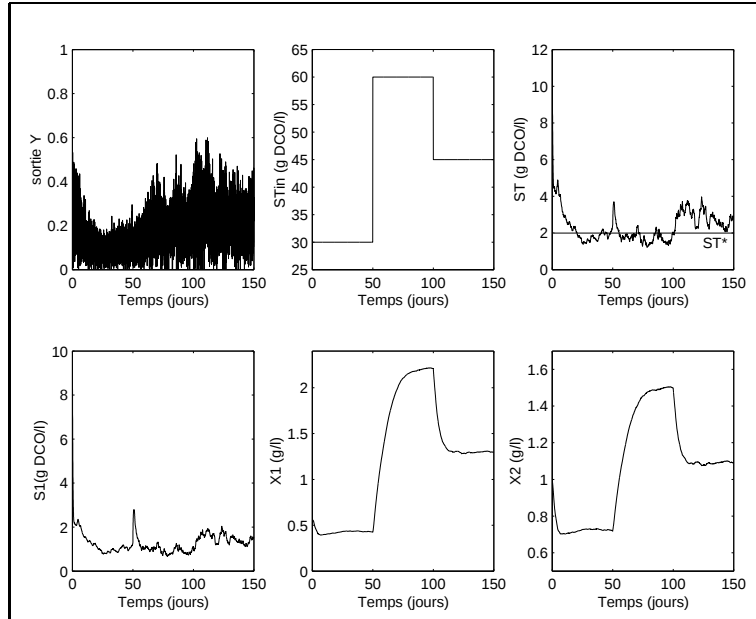


Figure 1. Simulation du système bouclé, bruit multiplicatif de 40 % sur la sortie

5.2. Validation expérimentale, discussion

Nous exposons ici l'implémentation du feedback [3] sur le procédé. Deux transitoires pour l'entrée D et la variable contrôlée S_T sont présentés figure 2. Le comportement de S_T , "premier ordre à gain variable", est compatible avec le comportement attendu, et valide donc notre approche théorique. D'autre part, quelques pannes se sont produites lors des expériences. Le comportement du procédé en boucle fermée face à ces pannes a été particulièrement sain. En effet, la plupart des pannes ont eu pour conséquence une baisse du flux de méthane sortant du fermenteur. La loi de commande diminue alors la dilution, ce qui diminue à nouveau le flux de méthane sortant. Ainsi, si une panne diminuant Q_{CH_4} se produit, le feedback tend à ramener la dilution à zéro, ce qui est la situation la plus sûre pour les fermenteurs anaérobie (lessivage des biomasses impossible). Nous montrons ce phénomène sur deux types de pannes sur la figure 3. La première (panne A) est un dysfonctionnement de l'analyseur du gaz. La seconde (panne B) est le remplissage malencontreux du réacteur avec de l'eau. Remarquons que dans les deux cas, la loi de commande calculée diminue la dilution jusqu'à sa valeur minimale (limitation technologique à 5 l/h). Le technicien dispose alors du temps nécessaire pour effectuer les réparations sur le procédé.

Il est important de noter que des contrôleurs de type PI ou PID (en supposant que S_T est mesuré en ligne) appliqués à S_T auraient eu l'action contraire : augmenter la dilution afin d'augmenter S_T , au risque de lessiver le fermenteur.

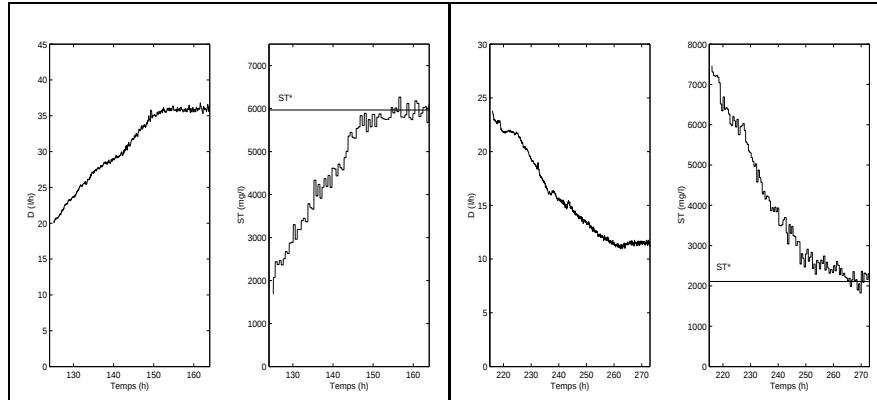


Figure 2. Comportement de D et S_T durant deux transitoires

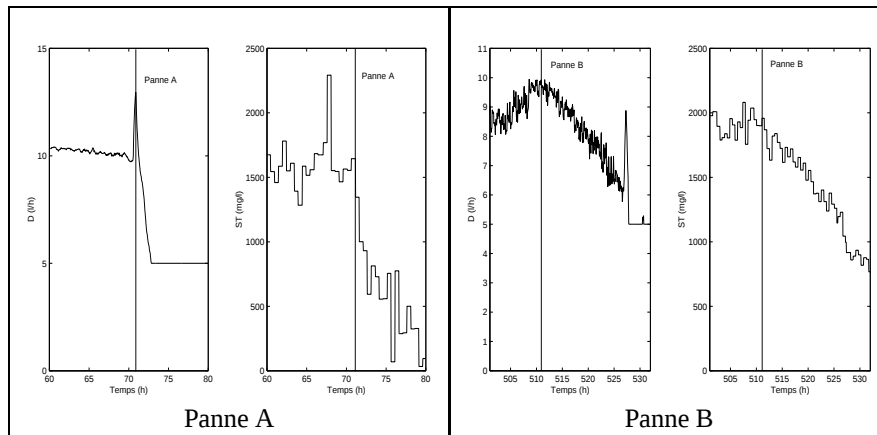


Figure 3. Comportement de D et S_T face aux pannes

6. Conclusion

Nous avons proposé ici un contrôleur non linéaire permettant la régulation asymptotique de la matière organique biodégradable en sortie d'un fermenteur anaérobie à lit fixe. La loi de commande est simple et fiable : il s'agit d'un retour de sortie statique, basé sur une mesure technologiquement simple. Le système bouclé admet un unique équilibre, globalement asymptotiquement stable, et ne requiert pas une identification précise du procédé (notamment des cinétiques, point crucial en biotechnologies). Il est en effet possible de modifier en ligne la consigne, pour chaque condition initiale $X_2(0), S_T(0)$, (i.e. le gain du feedback) pour atteindre la valeur désirée de la matière organique biodégradable à l'équilibre.

Cette loi de commande, robuste aux incertitudes de modélisation des cinétiques, s'avère aussi robuste au bruit et supporte bien les variations de charge organique en entrée. Des tests expérimentaux nous ont permis de valider le comportement du système bouclé ainsi que d'exhiber ses réactions saines face aux pannes. L'ajout d'une action intégrale (contrôleur adaptatif) dans la boucle de feedback est actuellement à l'étude.

Remerciements

Ce travail a été réalisé avec le soutien du projet européen IST-2000-28156 TELEMAT (Telemonitoring and Advanced Telecontrol of High Yield Wastewater Treatment Plants).

7. Bibliographie

- [BAI 86] BAILEY J., OLLIS D., *Biochemical engineering fundamentals, second edition*, McGraw-Hill chemical engineering series, 1986.
- [BAS 90] BASTIN G., DOCHAIN D., *On-line Estimation and Adaptive Control of Bioreactors*, Elsevier, 1990.
- [BER 01] BERNARD O., HADJ-SADOK Z., DOCHAIN D., GENOVESI A., STEYER J.-P., « Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process », *Biotech.Bioeng.*, vol. 75, 2001, p. 424-438.
- [GRA 74] GRAEF S., ANDREWS J., « Mathematical modeling and control of anaerobic digestion », *Water*, vol. 70, 1974, p. 101-127.
- [HEI 93] HEINZLE E., DUNN I., RYHINER G., « Modeling and control for anaerobic wastewater treatment », *Advances in Biochemical Engineering and Biotechnology*, vol. 48, 1993, p. 79-114.
- [HOF 88] HOFBAUER J., SIGMUND K., *The Theory of Evolution and Dynamical Systems*, Cambridge University Press, 1988.
- [KHA 92] KHALIL H., *Nonlinear Systems*, Macmillan Publishing Company, 1992.
- [MAI 01] MAILLERET L., BERNARD O., « A simple robust controller to stabilise an anaerobic digestion process », *8th International Conference on Computer Applications in Biotechnology, Modelling and Control of Biotechnological Processes*, 2001, p. 213-218.
- [MAR 56] MARKUS L., « Asymptotically autonomous differential systems », *Annals of Mathematics Studies*, vol. 36, 1956, p. 17-29, Princeton University Press.
- [MOS 83] MOSEY F., « Mathematical modelling of the anaerobic digestion process : regulatory mechanisms for the formation of short-chain volatile acids from glucose », *Water Science and Technology*, vol. 15, 1983, p. 209-232.
- [PER 93] PERRIER M., DOCHAIN D., « Evaluation of control strategies for anaerobic digestion processes », *International Journal of Adaptive Control and Signal Processing*, vol. 7, 1993, p. 309-321.
- [SMI 95] SMITH H., WALTMAN P., *The theory of the chemostat : dynamics of microbial competition*, Cambridge University Press, 1995.

- [STE 01] STEYER J.-P., BOUVIER J., CONTE T., GRAS P., SOUSBIE P., « Evaluation of a four year experience with a fully instrumented anaerobic digestion process », *1st International Water Association Conference on Instrumentation, Control and Automation*, 2001.
- [THI 92] THIEME H., « Convergence results and a Poincaré-Bendixson trichotomy for asymptotically autonomous differential equations », *Journal of Mathematical Biology*, vol. 30, 1992, p. 755-763.

Annexe I. Matière organique biodégradable

Notons $\tilde{S}_1 = \frac{k_1}{k_2} S_2^\diamond$ et expliquons le sens biologique de cette quantité. Nous voulons montrer que celle-ci est la quantité de DCO (S_1) nécessaire pour obtenir, après acidogénèse totale, la quantité d'AGV $S_2^\diamond$. Nous allons donc considérer un procédé d'acidogénèse en batch ($D = 0$). La bioréaction ne sera ainsi pas affectée par les effets de la dilution.

$$\begin{cases} \dot{X}_1 = \mu_1(S_1)X_1 \\ \dot{S}_1 = -k_1\mu_1(S_1)X_1 \\ \dot{S}_2 = k_2\mu_1(S_1)X_1 \end{cases} \quad [8]$$

Nous prenons donc les conditions initiales : $X_1(0) > 0$, $S_1(0) = \tilde{S}_1$, $S_2(0) = 0$. Remarquons que : $\frac{d}{dt}(S_1 + \frac{k_1}{k_2}S_2) = 0$ et $\frac{d}{dt}(k_1X_1 + S_1) = 0$. On a donc :

$$\forall t > 0, S_1(t) + \frac{k_1}{k_2}S_2(t) = \tilde{S}_1 \text{ et } k_1X_1(t) + S_1(t) = k_1X_1(0) + \tilde{S}_1$$

Supposons que l'hypothèse (H1) soit vérifiée, l'équilibre du système est défini par :

$$S_1^* = 0, S_2^* = \frac{k_2}{k_1}\tilde{S}_1, X_1^* = X_1(0) + \frac{\tilde{S}_1}{k_1}$$

Une étude géométrique simple assure que cet équilibre est GAS, d'où :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} S_2(t) = \frac{k_2}{k_1}\tilde{S}_1 = S_2^\diamond$$

Ce qui montre donc que la dégradation totale par acidogénèse de $\tilde{S}_1$ produit la quantité d'AGV $S_2^\diamond$. Nous introduisons donc la Matière Organique Biodégradable totale, notée S_T :

$$S_T = S_1 + \frac{k_1}{k_2}S_2$$

Annexe II. Preuve de : $\int_{t=0}^{+\infty} D(\xi(\tau))d\tau = +\infty$

En considérant les changements de variables Z_1 et Z_2 , nous montrons tout d'abord que l'état du système est borné.

$$Z_1 = S_1 + k_1X_1 \text{ et } Z_2 = S_2 + k_3X_2 - k_2X_1$$

Nous montrons, sous (H1) que les dérivées de l'état (par rapport au temps) sont des fonctions lipschitziennes du temps : il faut considérer les dérivées secondes de l'état (par rapport au temps), fonctions $\mathcal{C}^0$ de l'état sur un compact, donc bornées, leurs primitives étant donc lipschitziennes en temps.

Nous allons démontrer le résultat cherché par l'absurde : supposons que $\int_0^{+\infty} D(\xi(\tau))d\tau$ est borné.

On sait que : $\exists a > 0, X_2 \geq a$. Une condition nécessaire pour que $\int_0^{+\infty} D(\xi(\tau))d\tau$ soit borné est donc :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} S_2(t) = 0 \quad [9]$$

Utilisons le lemme de Barbalat [KHA 92]. Supposons que l'équation [9] est vraie. Comme $\dot{S}_2$ est une fonction lipschitzienne du temps, en appliquant le lemme on a :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \dot{S}_2(t) = 0$$

Donc, en utilisant [4] :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \mu_1(S_1(t))X_1(t) = 0$$

Ce qui conduit aux deux cas suivants :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} S_1(t) = 0 \text{ ou } \lim_{t \rightarrow +\infty} X_1(t) = 0$$

– Cas : $\lim_{t \rightarrow +\infty} X_1(t) = 0$

D'après le système [4], on a :

$$\forall t > 0, X_1(t) = X_1(0)e^{\int_0^t \mu_1(S_1(\tau))d\tau} e^{-\int_0^t D(\xi(\tau))d\tau}$$

Donc $\lim_{t \rightarrow +\infty} X_1(t) = 0$ implique au moins que :

$$\int_0^{+\infty} D(\xi(\tau))d\tau = +\infty$$

Ce qui est absurde.

– Cas : $\lim_{t \rightarrow +\infty} S_1(t) = 0$

Nous avons donc :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} (S_1(t) + \frac{k_1}{k_2} S_2(t)) = \lim_{t \rightarrow +\infty} S_T(t) = 0 \quad [10]$$

Or nous savons que : $\exists b > 0, S_T \geq b$. L'équation [10] est donc absurde.

On a donc montré que $\int_0^{+\infty} D(\xi(\tau))d\tau$ n'était pas borné, comme $\forall \tau, D(\xi(\tau)) \geq 0$, on a prouvé que :

$$\int_{t=0}^{+\infty} D(\xi(\tau))d\tau = +\infty$$

NONLINEAR CONTROL FOR ALGAE GROWTH MODELS IN THE CHEMOSTAT

L. Mailleret*, J.-L. Gouzé†, O. Bernard‡

Comore , INRIA, BP93, 06902 Sophia-Antipolis cedex, France

* ludovic.mailleret@inria.fr

† jean-luc.gouze@inria.fr

‡ olivier.bernard@inria.fr

Keywords: Algae growth, chemostat, variable yield model, nonlinear control.

Abstract

We consider the control problem for a class of biological models of photo-synthetic algae growth in the chemostat. These models are “variable yield” models, on the contrary to classical bioprocess models that are “constant yield” ones. We develop then a nonlinear controller for a wide class of qualitatively known variable yield models and theoretically prove the global asymptotic stability of the resulting set point for the closed loop system. Finally some simulations for *Dunaliella tertiolecta* growth, with realistic parameters, illustrate this proof. Moreover, the controller appears to be robust to noise and algae concentration dynamics does not depend upon feeding nutrient concentration.

1 Introduction

Since Monod did the first model for microorganisms growth in continuous controlled laboratory devices [12], so-called chemostats, it appears that, especially for unicellular photo-synthetic algae growth, the “Monod” like models do not fit so well experimental data. Later, Droop proposed a new one [4], taking into account nutrient supply accumulation in the cells, using two steps to model the unicellular algae growth on one limiting nutrient: first ingestion of the nutrient in the cell to make some cell supply, then metabolism of these supplies by the cell to grow. These Droop like models are often called “variable yield models” [15], on the contrary to Monod like models that are of “constant yield” type.

In a previous work, we exhibited a new nonlinear feedback control for Monod like models, that needs only qualitative hypotheses on the microorganisms’ growth rates [9, 10]. This contribution’s subject is the study of these kind of non-linear feedback control for variable yield models of algae growth.

This paper is organized as follows: we first present the general variable yield model for unicellular algae growth in chemostats and we make some qualitative hypotheses about the algae’s uptake and growth rates. Then we propose the nonlinear controller and prove the global asymptotic stability of the closed loop resulting system. Finally some simulations illustrate our approach.

2 The Variable Yield Model

2.1 The Model

The model variables are the extracellular limiting nutrient concentration (denoted s), the intra-cellular supply of limiting nutrient per unit of biomass (denoted cell quota q) and the biomass (denoted x). The function $\rho(\cdot)$, depending on the extracellular limiting nutrient concentration s , is the uptake rate while the function $\mu(\cdot)$, depending on the cell quota q , is the growth rate of the algae.

$$\begin{cases} \dot{s} = D(s_{in} - s) - \rho(s)x \\ \dot{q} = \rho(s) - \mu(q)q \\ \dot{x} = \mu(q)x - Dx \end{cases} \quad (1)$$

It is well known in biology that the most important problem in modelling these kind of biological phenomena is to give some reasonable expressions for the functions $\rho(\cdot)$ and $\mu(\cdot)$. As in [13], in order to relax this modelling difficulties, we only suppose qualitative hypotheses about these functions.

Hypothesis 1:

$\rho(0) = 0$ and $\rho(\cdot)$ is a C^1 , increasing, bounded function of s
 $\mu(\cdot)$ is a C^1 , non-negative, increasing, bounded function of q
there exists $q_m > 0$ such that $\mu(q_m) = 0$

The qualitative hypotheses (H1) mean that: if there is some extracellular nutrient, then the cell takes it up to make some supplies. The parameter q_m is the minimum cell quota: when q drops below q_m there is insufficient internal nutrient to sustain the cell.

Throughout the paper we will only consider initial conditions for the state variables belonging to the set $\Omega = \{s > 0, q > q_m, x > 0\}$ which only has biological sense. Note that the closure of Ω is invariant by system (1).

In order to exhibit a better form of this system, we use a change of coordinates, so-called “first integral of Burmaster” [3, 13], $z = s + qx$ which represents the total amount of intra-cellular and extracellular limiting nutrient in the chemostat. Then we obtain the following system, which is easier to deal with:

$$\begin{cases} \dot{z} = D(s_{in} - z) \\ \dot{s} = D(s_{in} - s) - \rho(s)x \\ \dot{x} = \mu(\frac{z-s}{x})x - Dx \end{cases} \quad (2)$$

2.2 Behavior of the open loop model

It is well known that the asymptotic behavior of system (1) is of two different types, depending on the value of D compared to s_{in} [15, 8]: either there exists a positive equilibrium point towards each forward positive orbits initiated in Ω goes, either not and every forward orbit goes to the washout point corresponding to the disappearance of the algae from the chemostat (i.e. $x = 0$). Here our goal is to control the model in order to prevent the washout of the biomass and to impose the convergence of the state towards a positive equilibrium point. Specifically, we want to drive biomass concentration towards a chosen equilibrium. Moreover, chemostat devices sometimes suffers from uncertainty on the feeding substrate concentration s_{in} , that can destabilize the system so that the algae are washed out of the chemostat. Then it is important to guarantee that the biomass goes towards its chosen equilibrium value, independently from s_{in} variations.

3 Nonlinear Control Design

3.1 Statement of the control framework

Applied control of biological systems generally differs from the theoretical framework of control where it is generally assumed that the model is perfectly known and the state variables are outputs of the system [7]. To control biological systems, we have to take into account first that the model may be not fully or only qualitatively known, and second, that the outputs are not necessarily the full state and may be some qualitatively (badly) known nonlinear functions of the state variables. Moreover, inputs are considered free in classical control theory, whereas they usually fulfill some constraints (e.g. positivity) in biological systems.

Due to the high variability of biological phenomena, we consider here a qualitatively known model, qualitative outputs and constrained input and therefore we can not apply classical linearisation techniques (see e.g. [5]).

However, we still need to define the manipulated variables, i.e. the inputs, and the online available variables, i.e. the outputs. In chemostat-like systems, it is well known that the (non-negative) dilution rate D is easy to manipulate, thus we use it as the (constrained) input of the system. Now we define the outputs; here since we aim at applying results in a same way as in [10], and since this approach was based on gaseous measurements related to biomass growth, we suppose that our chemostat is instrumented with sensors that can measure, either the fixed carbon or the produced oxygen by the algae photosynthesis. Note that both of these quantities are proportional to the cells' growth rate and hence we assume that the output $y = \mu(q)x$ is available online from the plant. Note that y is of qualitatively known state function output type. Let us summarize these assumptions in the following hypothesis.

Hypothesis 2:

$D \geq 0$ is a constrained input of system (1)

$y = \mu(q)x$ is an output of the system (1)

3.2 Nonlinear Control Design

Here we will use the output y together with the input D to design a nonlinear controller for system (1). Let us denote by ξ the state vector.

Proposition 1:

Under assumptions (H1) and (H2), the nonlinear control law:

$$D(\cdot) = \gamma y = \gamma \mu(q)x \text{ with } \gamma > \frac{q_m}{s_{in}} \quad (3)$$

globally stabilizes system (1) towards the single "positive" equilibrium ξ^* , determined by the value of the gain γ .

By "positive" equilibrium point we mean that each coordinate of the point is positive. For instance the washout point that corresponds to the disappearance of algae from the chemostat (i.e. corresponding to $x = 0$ and $s = s_{in}$) is an equilibrium point of (1), but not a "positive" one. Moreover, note that with expression (3), the input $D(\cdot)$ is non-negative and therefore fulfills its constraint.

Proof:

The control law (3) leads to the following closed loop system:

$$\begin{cases} \dot{z} = D(\cdot)(s_{in} - z) \\ \dot{x} = D(\cdot)(\frac{1}{\gamma} - x) \\ \dot{s} = D(\cdot)(s_{in} - s) - \rho(s)x \end{cases} \quad (4)$$

We first want to show that for the closed loop system (4), both variables z and x converge (asymptotically) to s_{in} and $\frac{1}{\gamma}$ respectively. Therefore we need to prove that the quantity $\int_0^t D(\tau)d\tau$ diverges towards infinity as t tends to infinity. Let us integrate the two first equations of this system, we have:

$$\begin{cases} z(t) = s_{in} + (z(0) - s_{in})e^{-\int_0^t D(\tau)d\tau} \\ x(t) = \frac{1}{\gamma} + (x(0) - \frac{1}{\gamma})e^{-\int_0^t D(\tau)d\tau} \end{cases} \quad (5)$$

Since $D(\cdot)$ is non-negative, it is straightforward that: $e^{-\int_0^t D(\tau)d\tau} \in [0, 1]$. Then, we have:

$$\forall t \geq 0 \begin{cases} \max(s_{in}, z(0)) \geq z(t) \geq \min(s_{in}, z(0)) > 0 \\ \max(\frac{1}{\gamma}, x(0)) \geq x(t) \geq \min(\frac{1}{\gamma}, x(0)) > 0 \end{cases} \quad (6)$$

Let us suppose that $\lim_{t \rightarrow +\infty} \int_0^t D(\tau)d\tau$ is bounded. Thus a necessary condition is that $\lim_{t \rightarrow +\infty} D(t) = 0$. From (6), since γ is positive and x lower bounded by a positive constant, it implies at least that:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} q(t) = q_m$$

Since $q(t)$ is a time-Lipschitz function ($\dot{q}$ is bounded) and using Barbalat's lemma [7], we show:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \dot{q} = 0$$

that leads to: $\lim_{t \rightarrow +\infty} \rho(s(t)) = 0$ and thus:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} s(t) = 0$$

Note that, these points, corresponding to $q = q_m$ and $s = 0$, are equilibria for all values of the variable x . Since x is positively lower bounded, they are defined, for all $x > \min(\frac{1}{\gamma}, x(0))$, by:

$$\xi_u = (s = 0, q = q_m, x)^T$$

Now we want to show that these equilibria are not reachable from initial conditions belonging to the set Ω . To achieve this purpose, let us compute the Jacobian matrix at these equilibrium points, in the $(s, q, x)^T$ variables, we have:

$$\mathcal{J}(\xi_u) = \begin{pmatrix} -\rho'(0)x & \gamma\mu'(q_m)x s_{in} & 0 \\ \rho'(0) & -\mu'(q_m)q_m & 0 \\ 0 & \gamma\mu'(q_m)x(\frac{1}{\gamma} - x) & 0 \end{pmatrix} \quad (7)$$

It is straightforward that one of the eigenvalue is zero, with the associated eigenvector $(0, 0, 1)^T$, which corresponds to the fact that we have a continuum of equilibria that does not depend upon the variable x . Note that the only non zero term of the last line is different from zero, otherwise our proof is over (see equation (5)).

Now let us wonder about the two other eigenvalues. These are the same eigenvalues as the following matrix B :

$$B = \begin{pmatrix} -\rho'(0)x & \gamma\mu'(q_m)x s_{in} \\ \rho'(0) & -\mu'(q_m)q_m \end{pmatrix} \quad (8)$$

Remind that since (H1) hold, $\rho'(0)$ and $\mu'(q_m)$ are positive, then the trace of matrix B is obviously negative. Now we compute the determinant, we have:

$$\det B = \rho'(0)x\mu'(q_m)(q_m - \gamma s_{in})$$

This determinant is negative since $\gamma > \frac{q_m}{s_{in}}$, then there exist a positive real eigenvalue and unfortunately a negative real one. Now we focus only on the stable eigenspace, since the equilibrium points ξ_u can only be reached from this manifold. Hence, we want to show that the stable eigenvector, at ξ_u , does not point from the set Ω towards the point ξ_u , which will prove that ξ_u can not be reached from Ω .

Note that the matrix B is off-diagonal positive and irreducible. Then we apply Perron-Frobenius theorem, in fact the corollary 3.2 from chapter 4 in [14], what shows that the positive eigenvectors are associated only with the largest eigenvalue (here the positive one). Then the stable eigenvector of matrix B is non-positive.

From matrix B , since none of its components is zero, it is straightforward that the stable eigenvector has no zero component and then both components have different signs. Note that these components are the same as the two first components of the stable eigenvector of the Jacobian matrix $\mathcal{J}(\xi_u)$. Then, the stable eigenvector of the Jacobian matrix has no zero components and its first two components are of different signs, which proves that the tangent vector, at ξ_u , of the stable manifold does not point from the set Ω towards the point ξ_u , and therefore that the equilibrium points ξ_u are not reachable from

the set Ω . Then $\lim_{t \rightarrow +\infty} \int_0^t D(\tau) d\tau$ cannot be bounded, and since $D(\cdot) \geq 0$, we have:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \int_0^t D(\tau) d\tau = +\infty \quad \square \quad (9)$$

Note that equation (9) together with (5) implies that:

$$\begin{cases} \lim_{t \rightarrow +\infty} z(t) = s_{in} \\ \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t) = \frac{1}{\gamma} \end{cases} \quad (10)$$

Then all forward trajectories of system (4), converges towards the set $\mathcal{E} = \{\xi \in \Omega, z = s_{in}, x = \frac{1}{\gamma}, s < s_{in}\}$. Now let us consider the “reduced” system (4), in s , under the constraint $\xi \in \mathcal{E}$, we have:

$$\dot{s} = \mu(\gamma(s_{in} - s))(s_{in} - s) - \frac{\rho(s)}{\gamma} \quad (11)$$

which is equivalent to (see e.g.[6]):

$$\dot{s} = \gamma(s_{in} - s)\mu(\gamma(s_{in} - s)) - \rho(s) \quad (12)$$

Since $s \in]0, s_{in}[$, $\gamma > \frac{q_m}{s_{in}}$, and $\mu(\cdot)$ is an increasing function, it is straightforward that $g(\gamma, s) = \gamma(s_{in} - s)\mu(\gamma(s_{in} - s))$ is a decreasing function of s on $]0, s_{in}[$. Note that $g(\gamma, s)$ is an increasing function of γ on $\mathbb{R}^+$. This situation corresponds to figure 1, which shows that there exists a single positive equilibrium s^* for (12) which is globally asymptotically stable on $]0, s_{in}[$. Moreover, note that s^* increases as γ increases.

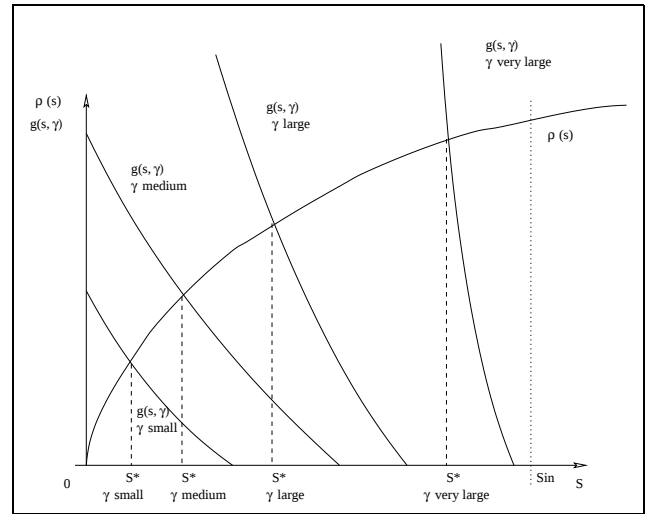


Figure 1: Existence, unicity and stability of s^* for system (12)

Then it is straightforward that system (4) has a single, positive, equilibrium denoted $\xi^* = (s_{in}, \frac{1}{\gamma}, s^*)^T$. Moreover, the choice of the gain γ allows to choose the desired equilibrium point $s^* \in]0, s_{in}[$.

Now let us come back to system (4) and consider the $\dot{s}$ equation, injecting the solutions $z(t)$ and $x(t)$ initiated at $z(0)$ and

$x(0)$. Then, for each couple of initial conditions $z(0), x(0)$, we obtain the following non-autonomous system:

$$\dot{s} = D(s, z(t), x(t))(s_{in} - s) - \rho(s)x(t) \quad (13)$$

Remark that equation (9) implies that for each couple of initial conditions $z(0), x(0)$, the non-autonomous system (13) is “asymptotically autonomous” (in the sense of [11]) with limit equation (11). Applying corollary 4.3 from [16], we conclude that for each couple of initial conditions $z(0), x(0)$, each forward trajectory of system (13) converges towards the globally asymptotically stable equilibrium point s^* of the limit equation (11). Thus, for each initial state vector $\xi(0)$, the forward orbit of system (4) converges towards the point $\xi^* = (s_{in}, \frac{1}{\gamma}, s^*)^T$. Then we conclude that ξ^* is globally attractive on $\mathbb{R}_{+}^3$.

Now let us compute the Jacobian matrix of the closed loop system (4) around the equilibrium point ξ^* in the $(z, x, s)^T$ coordinates. Remark that this matrix is lower triangular, then we only care about the diagonal terms of this matrix ($\bullet$ will stand for any possible term). We have:

$$\mathcal{J}^* = \begin{pmatrix} -D(\xi^*) & 0 & 0 \\ 0 & -D(\xi^*) & 0 \\ \bullet & \bullet & -D(\xi^*) - \frac{\partial \rho}{\partial s}(s^*)\gamma^{-1} \end{pmatrix}$$

Since $\rho(\cdot)$ is an increasing function, γ is positive and $D(\xi^*) = \mu(\gamma(s_{in} - s^*))$ is positive, it is straightforward that ξ^* is locally stable for system 4. Since ξ^* is globally attractive too, we conclude that ξ^* is a positive, globally asymptotically stable equilibrium point for the closed loop system (4). $\square$

Remark 1: Remind that the demonstration is not based on any analytical expression for the “biological” functions $\mu(\cdot)$ and $\rho(\cdot)$ what is particularly important regarding to the difficulty of modelling and identification of these functions.

Remark 2: It is important to note that the asymptotic behavior of biomass concentration x does not depend on parameter s_{in} . Then, even for a time varying parameter $s_{in}(t)$, biomass concentration x will asymptotically converge towards $\frac{1}{\gamma}$, provided that for all time $\gamma > \frac{q_m}{s_{in}(t)}$.

4 Simulations

We consider as an example *Dunaliella tertiolecta* growth; this is a chlorophilian phytoplanktonic green microalga. Then according to [1], the uptake and growth rates are (for all simulations):

$$\rho(s) = \frac{\rho_m s}{k + s} \text{ and } \mu(q) = \max(0, \mu_m(1 - \frac{q_m}{q}))$$

Liters are denoted L , micro grams of nitrogen μg , number of cells c and days d . The parameters are according to [1] (for all

the simulations):

ρ_m	k	μ_m	q_m	γ
1.5	0.06	1.6	0.15	0.1
$10^{-6} \mu g.c^{-1}.d^{-1}$	$\mu g.L^{-1}$	d^{-1}	$10^{-6} \mu g.c^{-1}$	$10^{-6} L.c^{-1}$

On figure 2, the parameter s_{in} equals $20 \mu g.L^{-1}$, while on figure 4 s_{in} varies from 5 to $40 \mu g.L^{-1}$. On the figures, extracellular nutrient concentration axis is graduated in $\mu g.L^{-1}$, particular nutrient axis in $\mu g.L^{-1}$, biomass axis in $10^6 cell.L^{-1}$ and time axis in days.

We show on figure 2 some numerical simulations of the closed loop plant. From biologists’ point of view, the control law (3) drives the state variables towards the desired equilibrium determined by the value of the feedback gain γ . Note that the behavior of the closed loop plant is quite simple and agrees with the predicted theoretical behavior.

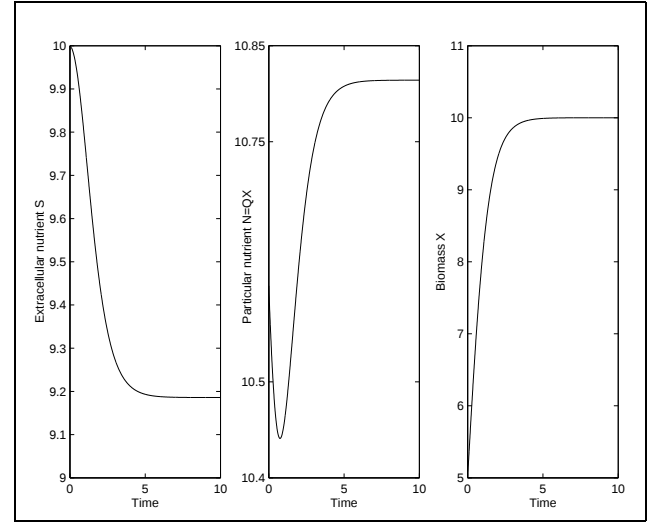


Figure 2: Simulation of the closed loop system; constant s_{in}

On figure 3, we show some noisy simulations: we put a 15% white noise on the output y to check the controller robustness. Results are good, especially for biomass concentration that filters almost all the noise.

Moreover, to illustrate the fact that time variations of influent substrate concentration s_{in} do not change the behavior of the biomass concentration x , we put a piecewise constant time-dependent s_{in} ; the results are shown on figure 4. We check that, despite fast and large s_{in} variations, the behavior of the variable x remains the same than with fixed s_{in} : it converges towards its equilibrium $x^* = \frac{1}{\gamma}$: in both of these simulations we had chosen $\gamma = 0.1$, hence $x^* = 10$.

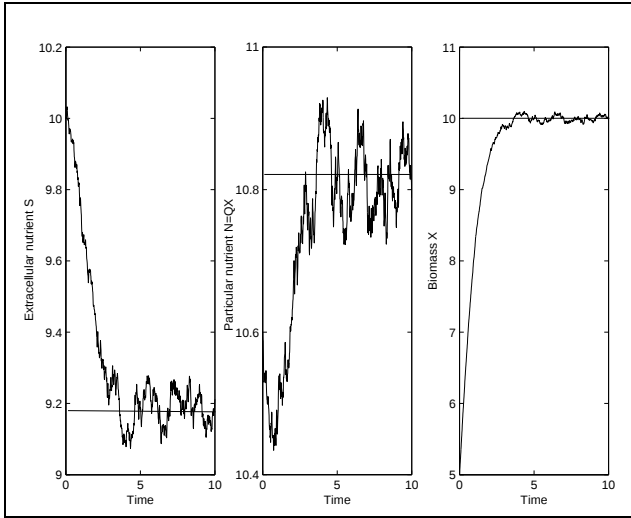


Figure 3: Simulation; constant s_{in} ; 15% white noise on y

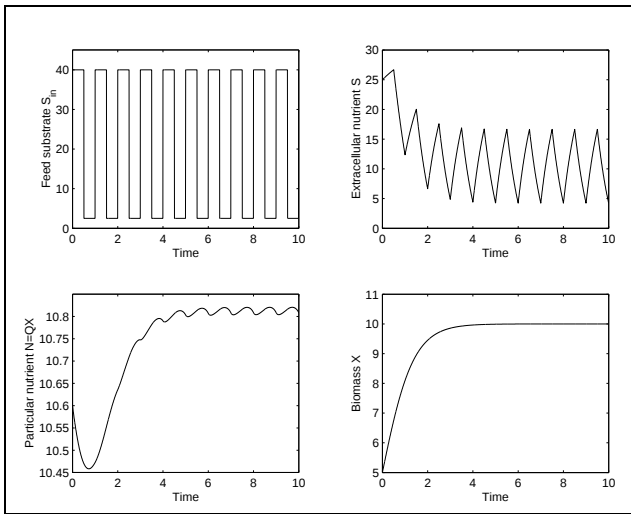


Figure 4: Simulation of the closed loop system; varying $s_{in}(t)$

Finally, from controllers' point of view, note that the only required knowledge from the plant for control is the output y and the feedback gain γ . It ensures (provided that $\gamma > \frac{q_m}{\min_t(s_{in}(t))}$) a very simple behavior for biomass concentration x that goes asymptotically towards $\frac{1}{\gamma}$ like a first order with moving gain, independently from $s_{in}(t)$, even for quick and/or large variations. Of course, since model (1) is not controllable, in the classical sense [7], the other variables change in time as x remains at equilibrium.

5 Conclusions

In this contribution, we have proposed a nonlinear controller able to globally stabilize algae growth biological models in the chemostat. The hypothesis assumed on the model are of qualitative and of structural type, therefore our approach would be

suitable for a wide class of variable yield models for microorganisms growth in controlled laboratory devices as bioreactors. Some simulations with realistic parameters for *Dunaliella tertiolecta* growth had been performed and had shown the relevance of our approach. Moreover, the controller appears to be quite robust to noisy output.

A further step in this study could be to manipulate the feeding substrate concentration $s_{in}(t)$ in order to reconstruct a dynamical extracellular concentration signal $s^*(t)$ whereas we keep biomass concentration at a constant level. It should be interesting for instance in the experimental laboratory study of algae meeting various limiting substrate concentrations as in the sea (see e.g. [2]).

Of course, this approach is, up to now, mainly theoretical and needs experimental tests to prove its interest in real life phenomena.

Acknowledgements

We would like to thank the Action "Bioinformatique" of the CNRS for its financial support (SEMPO II Project).

References

- [1] O. Bernard. *Etude expérimentale et théorique de la croissance de Dunaliella tertiolecta soumise à une limitation variable de nitrate, utilisation de la dynamique transitoire pour la conception et la validation de modèles*. PhD thesis, Université Paris VI, 1995.
- [2] O. Bernard, G. Malara, and A. Sciandra. The effects of a controlled fluctuating nutrient environment on continuous cultures of phytoplankton monitored by a computer. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 197:263–278, 1996.
- [3] D. E. Burmaster. The unsteady continuous culture of phosphate-limited monochrysis lutheri Droop: experimental and theoretical analysis. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 39:167–186, 1979.
- [4] M. R. Droop. Vitamin B12 and marine ecology. IV. The kinetics of uptake growth and inhibition in monochrysis lutheri. *J. Mar. Biol. Assoc. U.K.*, 48:689–733, 1968.
- [5] M. A. Henson and D. E. Seborg. *Nonlinear Process Control*. Prentice Hall, 1997.
- [6] J. Hofbauer and K. Sigmund. *The Theory of Evolution and Dynamical Systems*. Cambridge University Press, 1988.
- [7] H. K. Khalil. *Nonlinear Systems*. Macmillan Publishing Company, 1992.
- [8] K. Lange and F. J. Oyarzun. The attractiveness of the Droop equations. *Mathematical Biosciences*, 111:261–278, 1992.

- [9] L. Mailleret and O. Bernard. A simple robust controller to stabilise an anaerobic digestion process. In *8th International Conference on Computer Applications in Biotechnology, Modelling and Control of Biotechnological Processes*, pages 213–218, 2001.
- [10] L. Mailleret, O. Bernard, and J. P. Steyer. Contrôle asymptotique non-linéaire des fermenteurs anaérobies. *Journal Européen des Systèmes Automatisés*, To appear.
- [11] L. Markus. Asymptotically autonomous differential systems. *Annals of Mathematics Studies*, 36:17–29, 1956.
- [12] J. Monod. La technique de culture continue; théorie et applications. *Annales de l'Institut Pasteur*, 79:390–401, 1950.
- [13] F. J. Oyarzun and K. Lange. The attractiveness of the Droop equations. 2. generic uptake and growth functions. *Mathematical Biosciences*, 121:127–139, 1994.
- [14] H. L. Smith. *Monotone dynamical systems, an introduction to the theory of competitive and cooperative systems*. Mathematical Surveys and Monographs. American mathematical society, 1995.
- [15] H. L. Smith and P. Waltman. *The theory of the chemostat: dynamics of microbial competition*. Cambridge University Press, 1995.
- [16] H. R. Thieme. Convergence results and a Poincaré-Bendixson trichotomy for asymptotically autonomous differential equations. *Journal of Mathematical Biology*, 30:755–763, 1992.

Positive Control for a Class of Nonlinear Positive Systems

Ludovic Mailleret

COMORE, INRIA, BP 93, 06 902, Sophia Antipolis, France,
`ludovic.mailleret@inria.fr`

Abstract. In this contribution, we focus on a class of nonlinear positive systems, arising especially in biological processes. These are SISO input-affine systems with a nonlinear measurable drift. We develop a positive output feedback control law for these systems and prove the global asymptotic stability of an equilibrium point for the closed loop systems, that can be set on a model-dependent surface. Finally, we consider a special case of such systems, a biological waste water treatment plant. Real life experiments illustrate our approach and show its interest for industrial bio-processes.

1 Introduction

Our goal in this contribution is to globally stabilize, with a positive control, some nonlinear positive systems in $\mathbb{R}^n$ towards a positive equilibrium, that can be tuned in some way.

First, we consider “almost” linear positive systems of the form:

$$\dot{x} = u[Kx + L] + M\phi(x)$$

In a very same way, we will then consider “almost” cooperative systems (that includes our first case) of the form:

$$\dot{x} = u[f(x) + L] + M\phi(x)$$

Further details and hypotheses will be given in the following. Since we will only assume very loose hypotheses on the function $\phi(\cdot)$, the systems can have very complex dynamics. Our aim is to stabilize the systems, using techniques related to positivity [2, 8].

Finally, we propose a real-life example of such systems: a biological anaerobic waste water treatment plant (WWTP). Real-life experiments show the interest and efficiency of the proposed regulation procedure.

Notations

In the sequel we will deal with positive systems, and positive cooperative systems. Then, as other authors [5, 8, 3, 2], we will use the following notations for $\mathbb{R}^n$ vectors:

$$x \leq y \Leftrightarrow \forall i, x_i \leq y_i$$

$$x \ll y \Leftrightarrow \forall i, x_i < y_i$$

$\mathbb{1}$ is the $(n \times 1)$ vector: $(1, 1, \dots, 1)^T$

2 “Almost” Linear Positive Systems

The properties of linear positive systems are central to this section; see [5, 2] for a survey of results.

2.1 The System

We will consider a class of SISO (u , input, y , output) nonlinear dynamical systems in $\mathbb{R}^n$ of the form:

$$\begin{cases} \dot{x} = u[Kx + L] + M\phi(x) \\ x(t_0) \gg 0 \\ y = \phi(x) \end{cases} \quad (1)$$

Matrix K is a $(n \times n)$ matrix, L and M are $(n \times 1)$ vectors, u and $y = \phi(x)$ are scalars. Moreover, we assume the following on system (1).

Hypotheses (H1):

a: K is a stable Metzler matrix (off-diagonal non-negative and stable)

b: $\phi(\cdot)$ is $\mathcal{C}^1$ such that: $\forall i \in [1..n], M_i\phi(x_{|x_i=0}) \geq 0$ and $\forall x \gg 0, \phi(x) > 0$.

c: $L \geq 0$

d: $\exists \beta_m > 0, \forall \beta \geq \beta_m, \beta L + M \gg 0$

e: the input u is non-negative

First, we check that, under hypotheses (H1), system (1) is a positive system (its state variables remain non-negative). To guarantee this property, according to [2, 5], we only have to check that $\forall i \in [1..n], \dot{x}_i(x_i = 0) \geq 0$:

$$\dot{x}_i|_{x_i=0} = u(L_i + \sum_{j \neq i} K_{i,j}x_j) + M_i\phi(x_{|x_i=0}) \quad (2)$$

This quantity is non-negative since K is a Metzler matrix (H1a), L and u are non-negative (H1c,e) and $M_i\phi(x_{|x_i=0})$ is non-negative (H1b). $\square$

2.2 Positive Output Feedback Control

Theorem 1:

The positive output feedback control law:

$$u = \gamma y = \gamma \phi(x) \quad \text{with } \gamma \geq \beta_m > 0 \quad (3)$$

ensures that the closed loop system (1) will have a single strongly positive equilibrium point x^* . Moreover, x^* is globally asymptotically stable on the positive orthant and such that:

$$x^* = -K^{-1}(L + \frac{1}{\gamma}M)$$

Proof:

First note that the control $u = \gamma \phi(x)$ fulfills hypothesis (H1e).

Now, we consider the closed loop system. The control law (3) leads to the following dynamical system:

$$\begin{cases} \dot{x} = \phi(x)[\gamma Kx + (\gamma L + M)] \\ x(t_0) \gg 0 \end{cases} \quad (4)$$

First, we show that the state variables remain *positive* for system (4). Consider a small $\epsilon > 0$; we focus on the dynamics of x_i ($\forall i \in [1..n]$) near 0 (*i.e.* at $x_i = \epsilon$), as the state is in the cone $x \geq \epsilon \cdot \mathbb{1}$. Then according to system (4), we have:

$$\begin{cases} x \geq \epsilon \cdot \mathbb{1} \\ \dot{x}_i = \underbrace{\phi(x)}_{>0} \left(\underbrace{\gamma K_{i,i}\epsilon}_{\geq 0 \text{ or } \leq 0} + \underbrace{\gamma \sum_{j \neq i} K_{i,j}x_j}_{\geq \gamma \sum_{j \neq i} K_{i,j}\epsilon \geq 0} + \underbrace{\gamma L_i + M_i}_{>0} \right) \end{cases} \quad (5)$$

We summarized the implications of hypotheses (H1) on system (5). Since the state variables are positive, $\phi(x)$ is positive (H1b). Now consider the terms inside the brackets. Since matrix K is a Metzler matrix (H1a), $K_{i,i}$ is not of fixed sign, while the off-diagonal terms are non-negative. Last term positivity holds since $\gamma \geq \beta_m$ (H1d). Then it is straightforward that, for a small enough positive ϵ , the bracketted expression will be positive and therefore that we have:

$$\dot{x}_i|_{x_i=\epsilon} > 0 \quad \text{for } \epsilon \text{ small enough}$$

Then x_i is lower bounded by a positive ϵ . Since our reasoning holds for all $i \in [1..n]$, using (H1b) we prove that the function $\phi(x)$ is lower bounded by a positive constant.

Since $\phi(x)$ does not cancel we are able to make the time change (see *e.g.* [4]):

$$t' = \int_0^t \phi(x(\tau)) d\tau$$

We express system (4) with t' as the new time unit, we have:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt'} = \gamma Kx + (\gamma L + M) \\ x(t'_0) \gg 0 \end{cases} \quad (6)$$

We know that system (4) and system (6) have the same orbits and therefore have the same asymptotic behavior. The dynamical system (6) is linear, the vector $(\gamma L + M)$ is strongly positive (since (H1d) holds and $\gamma \geq \beta_m$) and the matrix γK is a stable Metzler matrix (H1a). Then according to [5], it is straightforward that the matrix γK is invertible, that $-(\gamma K)^{-1}$ is a positive matrix ($\forall i, j, -(\gamma K)^{-1}_{i,j} \geq 0$) and that the point:

$$x^* = -K^{-1}(L + \frac{1}{\gamma}M) \gg 0$$

is GAS for system (6). The control law (3) globally stabilizes system (4) towards the strongly positive set point:

$$x^* = -K^{-1}(L + \frac{1}{\gamma}M) \quad \text{with } \gamma \geq \beta_m \quad \square$$

Remark 1 *It is important to notice that it is possible to change the gain γ in order to tune the equilibrium point x^* , provided its desired value belongs to the set $\Gamma = \{x = -K^{-1}(L + \frac{1}{\gamma}M), \gamma \geq \beta_m\}$*

3 “Almost” Cooperative Positive Systems

The properties of cooperative systems are central to this section; see [8] for a survey of results.

3.1 The System

In this section we will consider a class of SISO (u , input, y , output) nonlinear dynamical systems in $\mathbb{R}^n$ of the form:

$$\begin{cases} \dot{x} = u(f(x) + L) + M\phi(x) \\ x(t_0) \gg 0 \\ y = \phi(x) \end{cases} \quad (7)$$

Function $f(x) \in \mathbb{R}^n$, L and M are $(n \times 1)$ vectors, u and $y = \phi(x)$ are scalars. Moreover, we assume the following on system (7).

Hypotheses (H2):

a: $L \geq 0$

b: $\exists \beta_m > 0, \forall \beta \geq \beta_m, \beta L + M \gg 0$

- c: $f(\cdot)$ is C^1 such that $Df(x) = (\frac{\partial f_i}{\partial x_j})_{\forall i,j}$ is off-diagonal non-negative
d: if $0 \leq x_1 \leq x_2$, then $\forall i,j$ $Df(x_1)_{i,j} \geq Df(x_2)_{i,j}$ (concavity of $f(\cdot)$)
e: $f(0) \geq 0$ and $\exists \lambda_m > 0, \forall \beta \geq \beta_m, (f(\lambda_m \cdot \mathbb{1}) + (L + \frac{1}{\beta}M)) \ll 0$
f: $\phi(\cdot)$ is C^1 such that: $\forall i \in [1..n], M_i \phi(x|_{x_i=0}) \geq 0$ and $\forall x \gg 0, \phi(x) > 0$
g: u is non-negative

We check that, with hypotheses (H2), system (7) is a positive system:

$$\dot{x}_i|_{x_i=0} = u(f_i(x|_{x_i=0}) + L_i) + M_i \phi(x|_{x_i=0}) \quad (8)$$

Let $Df_i(\cdot)$ be the i^{th} line of the matrix $Df(\cdot)$, we have:

$$f_i(x|_{x_i=0}) = f_i(x=0) + \left[\int_0^1 Df_i(\sigma \cdot x|_{x_i=0}) d\sigma \right] \cdot x|_{x_i=0} \geq 0 \quad (9)$$

Since $f(\cdot)$ is cooperative (H2c), the only possible negative term of $Df_i(\cdot)$ is the i^{th} one which is canceled by $x_i = 0$. Moreover $f_i(x=0) \geq 0$ (H2e). Then, since u and L are non-negative (H2g,a) and since $M_i \phi(x|_{x_i=0})$ is non-negative (H2f), we have $\dot{x}_i|_{x_i=0} \geq 0$. $\square$

Notice that from (H2c,d,e), it can be shown that:

$$\forall \lambda \geq \lambda_m, \forall \beta \geq \beta_m, (f(\lambda \cdot \mathbb{1}) + (L + \frac{1}{\beta}M)) \ll 0$$

3.2 Positive Output Feedback Control

Theorem 2:

The positive output feedback control law:

$$u = \gamma y = \gamma \phi(x) \quad \text{with } \gamma > \beta_m > 0 \quad (10)$$

ensures that the closed loop system (7) will have a single strongly positive equilibrium point x^* . Moreover, x^* is globally asymptotically stable on the positive orthant and is the single solution of:

$$f(x^*) = -(L + \frac{1}{\gamma}M)$$

Proof:

First note that the control $u = \gamma \phi(x)$ fulfills hypothesis (H2g).

Now, we consider the closed loop system. The control law (10) leads to:

$$\begin{cases} \dot{x} = \gamma \phi(x)[f(x) + (L + \frac{1}{\gamma}M)] \\ x(t_0) \gg 0 \end{cases} \quad (11)$$

As in the first section, we show that the state variables remain *positive* for system (11). Consider a small $\epsilon > 0$; we focus on the dynamics of x_i ($\forall i \in [1..n]$) near 0 (*i.e.* $x_i = \epsilon$), as the state is in the cone $x \geq \epsilon \cdot \mathbb{1}$. Then according to system (11), we have:

$$\begin{cases} x \geq \epsilon.11 \\ \dot{x}_{i|x_i=\epsilon} = \underbrace{\gamma\phi(x)}_{>0} \left(f_i(x_{|x_i=\epsilon}) + \underbrace{\left(L_i + \frac{1}{\gamma}M_i \right)}_{>0} \right) \end{cases} \quad (12)$$

Remember that $f_i(x_{|x_i=0}) \geq 0$; then since $f(\cdot)$ is a continuous function of the state (H2c), we have:

$$\exists \epsilon_M > 0, \forall \epsilon \in]0, \epsilon_M[, (f_i(x_{|x_i=\epsilon}) + (L_i + \frac{1}{\beta_m}M_i)) > 0$$

Then it is straightforward that for a small enough positive ϵ , $\dot{x}_{i|x_i=\epsilon} > 0$. Thus, the function $\phi(x)$ is lower bounded by a positive constant (H2f). Now we make the time change $t' = \int_0^t \gamma\phi(x(\tau))d\tau$, we have:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt'} = f(x) + (L + \frac{1}{\gamma}M) \\ x(t'_0) \gg 0 \end{cases} \quad (13)$$

Note that system (13) is a cooperative system (H2c). To finish the proof we have to show that system (13) has a single, GAS strongly positive equilibrium. This proof is very similar to the one given by Smith in [7].

First, we consider the state box $\mathcal{B}_\lambda = \{x, \lambda 1 \geq x \geq 0\}$ with $\lambda \geq \lambda_m$. From hypotheses (H2b) and (H2e), and since (13) is cooperative, it is straightforward that $\mathcal{B}_\lambda$ is a positively invariant set. The Brouwer Fixed-Point Theorem [10] ensures that there exists at least an equilibrium in $\mathcal{B}_\lambda$ since it is positively invariant.

Since all trajectories of (13) remain (strongly) positive, equilibria of (13) must be strongly positive. Let x^* be an equilibrium of (13), from (H2e,b) we have:

$$0 \gg f(x^*) - f(0) = \left(\int_0^1 Df(sx^*)ds \right) x^* = Ax^* \quad (14)$$

Since A is off-diagonal non-negative, we use Theorem 1.2 from [7], which ensures, from equation (14), that matrix A has only eigenvalues with negative real parts. Then, from (H2d), $Df(x^*)_{i,j} \leq A_{i,j}$ and Theorem 1.1 from [7] ensures that $Df(x^*)$ is a stable matrix, then x^* is asymptotically stable.

We still have to show the uniqueness of x^* . Consider two steady states x_1^* and x_2^* such that $x_1^* \geq x_2^*$. We have:

$$0 = f(x_1^*) - f(x_2^*) = \left(\int_0^1 Df(sx_2^* + (1-s)x_1^*)ds \right) (x_1^* - x_2^*) = A'(x_1^* - x_2^*)$$

As above, from (H2d), matrix A' is such that $A'_{i,j} \leq Df(x_1^*)$; since $Df(x_1^*)$ is stable, A' is stable too. Thus A' is invertible and: $x_1^* = x_2^*$.

Now consider two positive steady states, x_1^* and x_2^* , but not related by $\leq$. Consider x_3 , such that $x_{3,i} = \min(x_{1,i}^*, x_{2,i}^*)$. The box $\mathcal{B}_{x_3} = \{x, 0 \leq x \leq x_3\}$ is

positively invariant since $\mathcal{B}_{x_3} = \mathcal{B}_{x_1^*} \cap \mathcal{B}_{x_2^*}$ that are both positively invariant. Then, there exists at least an equilibrium x_3^* in $\mathcal{B}_{x_3}$. x_3^* is related by $\leq$ to both x_1^* and x_2^* , then: $x_1^* = x_3^* = x_2^*$. Then there exists x^* , a single (strongly) positive equilibrium in $\mathcal{B}_\lambda$, asymptotically stable for system (13). It remains true $\forall \lambda \geq \lambda_m$, therefore system (13) has a single equilibrium x^* on the positive orthant, moreover x^* is asymptotically stable. To finish the proof, consider the trajectories (of (13)) initiated at $x = 0$ and at $x = \lambda.\mathbb{1}$ (with $\lambda \geq \lambda_m$), we have:

$$\dot{x}(x = 0) \gg 0 \quad \text{and} \quad \dot{x}(x = \lambda.\mathbb{1}) \ll 0$$

Consider now the new variable $z = \dot{x}$. We have: $\dot{z} = Df(x)z$.

The matrix $Df(x)$ being off-diagonal non-negative (H2c), if $z(t_0) \geq 0$ (resp. ≤ 0), then $\forall t > t_0$, $z(t) \geq 0$ (resp. ≤ 0). Then the trajectory initiated at time t_0 at $x = 0$ (resp. at $x = \lambda.\mathbb{1}$) is non-decreasing (resp. non-increasing) for all time $t > t_0$. Moreover, since this trajectory is upper bounded by $\lambda.\mathbb{1}$ (resp. lower bounded by 0) it will converge to the (single) equilibrium x^* belonging to $\mathcal{B}_\lambda$. Since (13) is cooperative, every trajectory initiated in $\mathcal{B}_\lambda$ will converge to x^* too. Then, we conclude that x^* is GAS for system (11). $\square$

Remark 2 *It is important to notice that it is possible to change the gain γ to tune the equilibrium point x^* , provided its desired value is solution of:*

$$f(x) = -(L + \frac{1}{\gamma}M) \text{ with } \gamma \geq \beta_m$$

4 Example: Anaerobic WWTP

We consider an anaerobic wastewater treatment process: it consumes organic pollution to create insoluble biogas (CH_4). We propose a simple model, describing the key features of anaerobic digestion, derived from [1]; this model is *unstable* since two locally stable equilibrium points exist. x and s_T denotes respectively the bacterial and the pollution concentration in the reactor, $r(\cdot)$ the bacterial growth speed (positive, increasing in x , non-monotone in s_T), D the flow per volume passing through the reactor (the *input*), $s_{T,in}$ the inflow pollution concentration, $(1 - \alpha)$ the proportion of bacteria fixed in the reactor, k and k' are yield coefficients, the methane outflow Q_{CH_4} is measured online. We have the following model:

$$\begin{cases} \begin{pmatrix} \dot{x} \\ \dot{s}_T \end{pmatrix} = D \left[\begin{pmatrix} -\alpha & 0 \\ 0 & -1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ s_T \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 \\ s_{T,in} \end{pmatrix} \right] + \begin{pmatrix} 1 \\ -k \end{pmatrix} r(s_T, x) \\ y = Q_{CH_4} = k' r(s_T, x) \end{cases}$$

Note that this system is a particular case of systems (1) and that we have not assumed any analytical form of the bio-reaction rate $r(s_T, x)$ (model's biological uncertainty is located in this term). Moreover hypotheses (H1) hold.

Experimental validation of the control law (3) has been performed on the anaerobic digester (see [9]), located in Narbonne (France), at the LBE-INRA. We have applied, with different values of γ , the feedback:

$$D(.) = \gamma y = \gamma Q_{CH_4} \quad \text{with } \gamma > \frac{k}{k' S_{T,in}}$$

We show two transient behaviors with two different values of γ for the *input* variable $D(.)$ and for the variable s_T on figure 1. Both experiments agree with our predictions: a single GAS positive equilibrium, that can be tuned via the choice of the gain γ ; see [6] for further details.

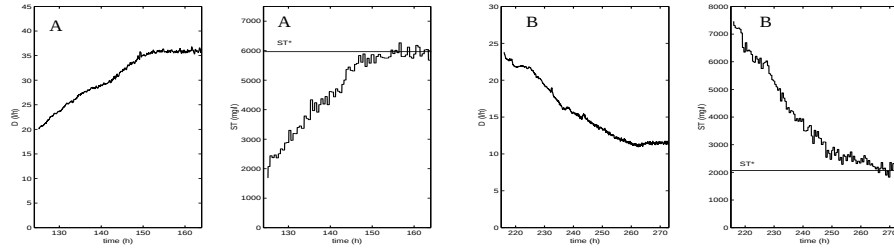


Fig. 1. D and s_T behaviors during two transients

References

1. J. E. Bailey and D. F. Ollis. *Biochemical engineering fundamentals, second edition*. McGraw-Hill chemical engineering series, 1986.
2. L. Farina and S. Rinaldi. *Positive linear systems, theory and applications*. John Wiley and Sons, 2000.
3. M. W. Hirsch. The dynamical systems approach to differential equations. *Bulletin of the American mathematical society*, 11:1–64, 1984.
4. J. Hofbauer and K. Sigmund. *The Theory of Evolution and Dynamical Systems*. Cambridge University Press, 1988.
5. D. G. Luenberger. *Introduction to Dynamic Systems. Theory, Models and Applications*. John Wiley and Sons, New York, 1979.
6. L. Mailleret, O. Bernard, and J.P. Steyer. Robust regulation of anaerobic digestion processes. *to appear in Water Science and Technology*.
7. H. L. Smith. On the asymptotic behavior of a class of deterministic models of cooperating species. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 46:368–375, 1986.
8. H. L. Smith. *Monotone dynamical systems, an introduction to the theory of competitive and cooperative systems*. Mathematical Surveys and Monographs. American mathematical society, 1995.
9. J. P. Steyer, J. C. Bouvier, T. Conte, P. Gras, and P. Sousbie. Evaluation of a four year experience with a fully instrumented anaerobic digestion process. *Water Science and Technology*, 45:495–502, 2002.
10. E. Zeidler. *Nonlinear Functional Analysis and its Applications. I: Fixed-Point Theorems*. Springer-Verlag, 1985.

STABILISATION GLOBALE DE SYSTÈMES DYNAMIQUES POSITIFS MAL CONNUS

APPLICATIONS EN BIOLOGIE

Les travaux présentés dans cette thèse portent sur des problématiques de contrôle de systèmes non-linéaires d'équations différentielles ordinaires positifs. Les modèles issus des sciences de la vie, chargés de décrire l'évolution de quantités positives, appartiennent à cette classe de systèmes. Ces modèles comportent souvent certaines parties, liées à la biologie du processus considéré, qui sont de formes analytiques incertaines mais connues qualitativement. Nous proposons ici d'exploiter ces propriétés qualitatives au moyen d'une commande utilisant une mesure de l'incertitude, afin d'imposer au système un comportement simple : la convergence de l'état vers un équilibre unique et réglable.

Après un bref état de l'art sur les systèmes positifs, nous introduisons les classes de systèmes pour lesquelles une stratégie de commande assurant la stabilisation globale est proposée. L'ajout d'une partie adaptative améliore cette stratégie, permettant alors de rejoindre un équilibre choisi, en dépit d'incertitudes paramétriques.

Nous appliquons ces résultats théoriques à plusieurs modèles biologiques: gestion de la pêche, culture de micro-organismes en bioréacteurs... Une de nos principales applications porte sur la stabilisation de bioprocédés exploitant des réseaux trophiques microbiens en cascade. Nous avons pu valider expérimentalement notre démarche sur un cas particulier de ces procédés : un fermenteur anaérobie, procédé de traitement biologique de l'eau à haut rendement mais très sensible aux conditions opératoires.

Mots Clefs: systèmes non-linéaires positifs, modélisation imparfaite, stabilisation globale, bioprocédés.

GLOBAL STABILIZATION OF POORLY KNOWN POSITIVE DYNAMICAL SYSTEMS

APPLICATIONS TO BIOLOGY

Works presented in this thesis focus on problems related to the control of positive systems of nonlinear ordinary differential equations. Biological models, that aim at describing the evolution of positive quantities, do belong to this class of systems. These models often include some parts, related to the phenomenon's biology, which have unknown analytical expressions but are known in a qualitative manner. In this thesis, we propose to use these qualitative properties together with a control law, based on the measurement of the uncertain part, in order to globally stabilize any trajectory towards a single equilibrium.

A brief state of the art on positive systems begins the thesis. We introduce then a control law, able to ensure the global stabilization of the considered class of systems. The introduction of an adaptive part enhance our approach, so that the control law is able to deal with some parameter uncertainties.

We apply these results to some biological models: fishery magement model, bioreactors exploiting microorganisms... One of our main applications concerns cascade bioreactions occuring in bioreactors. Some experimental tests of our approach on an anaerobic digester, an efficient but multi-stable waste water treatment plant, validate our approach.

Keywords: nonlinear positive systems, uncertain modelling, global stabilization, bioprocesses.