

MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA
RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITE FERHAT ABBAS – SETIF-1-

UFAS (ALGERIE)

MEMOIRE

Présenté à la Faculté de Technologie

Département d'Electronique

Pour obtention du Diplôme de

MAGISTER

Option : Contrôle

Par

Mr. HETATACHE Aboubakr

THEME

MODÉLISATION FLOUE DE TYPE

TAKAGI-SUGENO APPLIQUÉE À UN BIOPROCÉDÉ

Soutenue le : 31/12/2014 devant la commission d'examen :

Mr : F.Krim	Prof. à l'Université de Sétif-1-	Président
Mr : N. Khenfer	Prof. à l'Université de Sétif-1-	Examineur
Mr : A. Hassam	MC.C.A à l'Université de Sétif-1-	Examineur
Mme : S. Semcheddine	M.C.C.A. à l'Université de Sétif-1-	Directeur du Mémoire

Dédicaces

Je rends mes profondes gratitude à ALLAH qui m'a aidé à réaliser ce modeste travail.

J'exprime mes profondes gratitude à mes parents pour leurs encouragements, leurs soutiens et pour les sacrifices qu'ils ont enduré.

Je dédie ce modeste travail à mon frère et mes sœurs.

*Je remercie mon encadreur **S. Semcheddine** pour les efforts qu'il a déployés, pour m'aider, conseiller, encourager et diriger.*

Je remercie aussi tout le corps enseignant et administratif qui a contribué à ma formation universitaire.

Sans oublier toute ma famille et mes amis.

A. HETATACHE

Remerciements

*Merci à **ALLAH**, et nul remerciement ne Lui sera suffisant, l'unique Dieu, l'Omniscient, l'Omnipotent, le Pur, pour nous avoir éclairé le droit chemin, et pour tous ses bienfaits apparents et cachés.*

*Je remercie Madame **Dr S.Semcheddine** pour son encadrement, ses conseils et ses directives qui nous ont permis de mener à bien notre travail.*

Je remercie les membres de jury, qui m'ont fait l'honneur de participer au jugement de ce travail : Le professeur F.Krim qui a accepté de présider ce jury ainsi que les professeurs N.KHENFER et A.Hassam qui ont accepté d'examiner mon travail.

Je remercie aussi tout le corps enseignant et administratif qui a contribué à ma formation universitaire.

*Je tien également compte à remercier l'ensemble des enseignants du département
d'électronique.*

Sommaire

INTRODUCTION GENERALE	1
<i>Chapitre I</i>	3
GENERALITES SUR LA BIOTECHNOLOGIE	3
I.1. Introduction	3
I.2. Définition.....	3
I.3. Historique	4
I.4. Grands domaines de la biotechnologie	5
I.4.1. Dans le domaine agricole	5
I.4.2. Dans le domaine de la santé	5
I.4.3. Dans le domaine de l'industrie (biotechnologies blanches)	6
I.4.4. La biotechnologie moderne	6
I.4.5. La dernière génération de la biotechnologie :	7
I.5. Fermentation	7
I.5.1. Approche microbiologique.....	9
I.5.2. Approche technologique.....	11
I.5.3. Approche mathématique.....	16
I.6. Conclusion.....	17
<i>Chapitre II</i>	18
INTRODUCTION A L'APPROCHE MULTIMODELE	18
II.1. Introduction.....	18
II.2. Logique floue	19
II.3. Modèles de systèmes à base de blocs structurés	20
II.3.1. Le modèle d'Hammerstein.....	21
II.3.2. Le modèle de Wiener	21
II.3.3. Modèle de type Hammerstein-Wiener	21
II.3.4. Avantages et inconvénients des modèles à base de blocs structurés.....	22
II.4. Modèles de systèmes par une approche multimodèle	22
II.5. Structures des multimodèles	24
II.5.1. Multimodèle de Takagi-Sugeno.....	25
II.5.2. Multimodèle découplé.....	28

II.5.3. Comparaison entre les multimodèles	31
II.5.4. Autres structures de multimodèles.....	31
II.6. Méthodes d'obtention d'un multimodèle	32
II.6.1. Par identification	32
II.6.2. Par linéarisation.....	32
II.6.3. Par transformation	33
II.6.4. Les différentes étapes suivies	40
II.7. Conclusion	40
 <i>Chapitre III</i>	 42
CHOIX DU PROCEDE BIOTECHNOLOGIQUE	42
III.1. Introduction	42
III.2. Fermentation semi-continue (fed-batch)	43
III.3. Description du processus	43
III.4. Modélisation mathématique du processus	44
III.5. Relations métaboliques	47
III.6. Conclusions	48
 <i>Chapitre IV</i>	 49
APPLICATION : OBTENSION DU MULTIMODELE.....	49
IV.1. Introduction	49
IV.2. Application de TS	49
IV.3. Résultats de simulation	53
IV.4. Conclusions.....	55
CONCLUSION GENERALE.....	56

Liste des figures

Figure I-1 : Procédure de fermentation.....	8
Figure I-2 : Population d'Escherichia coli.....	10
Figure I-3 : Escherichia coli en division.....	10
Figure I-4 : Fermenteur.....	13
Figure I-5 Fermenteur discontinue (batch).....	14
Figure I-6 Fermenteur semi-continu(ou fed-batch).....	14
Figure I-7 Fermenteur continu (ou chemostat).....	16
Figure I-8 Fermenteur perfusé (ou perfused).....	16
Figure II-1 Architecture du multimodèle Takagi-Sugeno [Bez 13].....	26
Figure II-2 Architecture du multimodèle découplé [Bez 13].....	29
Figure II-3 courbe du modèle non linéaire et du multimodèle.....	36
Figure II-4 l'erreur entre le modèle non linéaire le multimodèle.....	36
Figure II-5 Terme T2.....	38
Figure II-6 Erreur sur la variable d'état x_1	39
Figure II-7 Erreur sur la variable d'état x_2	39
Figure II-8 Erreur sur la variable d'état $y(t)$	40
Figure III-1 : Évolution des concentrations en biomasse et substrat dans le fermenteur.....	43
Figure III-2 Schéma de fonctionnement du fermenteur fed-batch.....	44
Figure IV-1 Evolution du premier terme non linéaire.....	50
Figure IV-2 Evolution du premier terme non linéaire.....	51
Figure IV-3 Evolution du troisième terme non linéaire.....	51
Figure IV-4 Evolution du quatrième terme non linéaire.....	52
Figure IV-5 Evolution de l'erreur sur la concentration de la bactérie.....	53
Figure IV-6 Evolution de l'erreur sur la concentration de l'oxygène.....	54
Figure IV-7 Evolution de l'erreur sur la concentration du glucose.....	54

Liste des tableaux

Tableau 1 Tableau des paramètres utilisés	58
-------------------------------------------------	----

LISTE DES SYMBOLES ET ACRONYMES

Symboles :

A : Concentration d'acétate dans le fermenteur (g/l).

C_o : Concentration d'oxygène dans le fermenteur (g/l).

C_o^* : Concentration d'oxygène à saturation dans le fermenteur (g/l).

F : Débit d'alimentation en substrat (lh^{-1}).

F_{in} : Débit d'alimentation en substrat (lh^{-1}).

F_{out} : Débit de soutirage (lh^{-1}).

G : Concentration de glucose dans le fermenteur (g/l).

G_{in} : Concentration de glucose de l'alimentation (g/l).

H : Constante d'Henry ($l\%/g$).

k_a : Constante de saturation pour l'assimilation d'acétate (g/l).

K_{La} : Coefficient de transfert de l'oxygène dans le milieu.

k_s : Constante de saturation pour l'assimilation de glucose (g/l).

M : Quantité de matière (g).

N : Vitesse de rotation du mobile d'agitation (rpm).

N_0 : Vitesse de rotation du mobile d'agitation initiale (rpm).

O : Pression partielle en oxygène dissous (%).

O^* : Pression partielle d'équilibre en oxygène dissous (%).

P : Concentration en produit (g/l).

q_g : Assimilation spécifique du glucose ($g/(gh)$).

q_g^{crit} : Assimilation spécifique critique du glucose ($g/(gh)$).

q_g^{max} : Assimilation spécifique maximale du glucose ($g/(gh)$).

q_{mc} : Coefficient de maintenance ($g/(gh)$).

q_o^{max} : Taux spécifique maximal d'assimilation d'oxygène ($g/(gh)$).

r_o : Vitesse de consommation d'oxygène ($gl^{-1}h^{-1}$).

r_p : Vitesse de production du produit ($gl^{-1}h^{-1}$).
 r_s : Vitesse de dégradation du substrat ($gl^{-1}h^{-1}$).
 r_x : Vitesse de croissance de la masse cellulaire ($gl^{-1}h^{-1}$).
 S : Concentration en substrat (g/l).
 V : Volume de milieu (l).
 v_p : Taux de production du produit (h^{-1}).
 v_o : Taux de consommation d'oxygène (h^{-1}).
 v_s : Taux de dégradation du substrat (h^{-1}).
 X : Concentration de micro-organismes dans le fermenteur (g/l).
 Y_{og} : Taux de bioconversion d'oxygène en glucose (gg^{-1}).
 Y_{om} : Taux de bioconversion de glucose pour la maintenance cellulaire (gg^{-1}).
 Y_{xg}^{fe} : Taux de bioconversion de glucose en biomasse par la voie fermentative (gg^{-1}).
 Y_{xg}^{ox} : Taux de bioconversion de glucose en biomasse par la voie oxydative (gg^{-1}).
 y_{xs} : Rendement de transformation de substrat en biomasse (gg^{-1}).
 μ : Taux de croissance spécifique de biomasse (h^{-1}).

Acronymes :

ADN : Acide DésoxyriboNucléique.
 SDH : Système Dynamique hybride.
 T.S. : Takagi-Sugeno.
 PWA : PieceWise Affine model.
 LPV : Modèles linéaires à paramètres variantes.
 NFDfDS : (Neuro-Fuzzy and De-coupling Fault Diagnosis Scheme).
 LTI : Linéaire à Temps Invariant.

INTRODUCTION GENERALE

Le développement des modèles mathématiques est un problème majeur pour l'application des techniques avancées de l'analyse, la commande, l'optimisation, la surveillance et le diagnostic des processus. Il existe deux approches de modélisation, la modélisation linéaire et non linéaire.

Au sens des mathématiques, un système est linéaire si on peut y appliquer le principe de superposition. D'un point de vue physique, la définition, plus restrictive, est la suivante : Un système est linéaire s'il est décrit par des équations différentielles linéaires d'ordre fini à coefficients constants.

Les méthodes d'étude des systèmes linéaires sont très puissantes en raison des outils disponibles (algèbre linéaire, équations différentielles et systèmes différentiels linéaires, etc.). Malgré tout, se cantonner aux systèmes linéaires présente plusieurs limitations : Aucun système physique n'est complètement linéaire. Les méthodes linéaires ne sont donc applicables que dans un domaine de fonctionnement restreint, Certains systèmes sont impossibles à modéliser, même localement, à des systèmes linéaires. Un exemple simple est le relais, que ce soit sous sa forme électromagnétique ancienne ou sous sa forme électronique (transistor en commutation, thyristor, etc.), Certains phénomènes ne peuvent pas être décrits par des modèles et méthodes linéaires. Par exemple, la précision limitée due au seuil alors que la théorie classique prévoit une précision parfaite si le système comporte un intégrateur pur, et le phénomène de pompage caractérisé par des oscillations périodiques, alors que la théorie linéaire ne prévoit que des états stables ou instables.

Par définition, un système non linéaire est alors un système qui n'est pas linéaire, c'est-à-dire (au sens physique) qui ne peut pas être décrit par des équations différentielles linéaires à coefficients constants.

Cette définition explique la complexité et la diversité des systèmes non linéaires et des méthodes qui s'y appliquent. Il n'y a pas une théorie générale pour ces systèmes, mais plusieurs méthodes adaptées à certaines classes de systèmes non linéaires (**JUTTEN, 2006**).

Une approche globale basée sur de multiples modèles LTI (linéaires ou affines) autour de différents points de fonctionnement a été élaborée ces dernières années. L'interpolation de ces modèles locaux à l'aide de fonctions d'activation normalisées permet de modéliser le système global non linéaire. Cette approche, dite multimodèles, s'inspire des modèles flous de type Takagi-Sugeno (T-S). En effet, un multimodèle réalise une partition floue de l'espace caractéristique Z dit aussi espace de .Les zones de fonctionnement sont définies en termes de propositions sur les variables de

présume. Cette représentation est connue pour ses propriétés d'approximateur universel (**Wikipédia, Approche multimodèle**).

Les multimodèles sont un moyen de ramener les problèmes de commande à un contexte linéaire, tout en assurant la précision de la reproduction du comportement du système dans une large plage de fonctionnement. Dans ce mémoire on va utiliser la notion de multimodèle afin de linéariser un bioprocédé utilisé dans l'industrie pharmaceutique.

Le mémoire a été subdivisé en 4 chapitres :

Dans le premier, on va essayer de définir la discipline touchée par notre travail qui est la biotechnologie.

Dans le second chapitre on va introduire l'approche multimodèle, puis on détaillera les différentes étapes de la modélisation par la méthode TAKAGI-SUGENO (TS) car c'est ce qu'on va utiliser dans notre application.

Le troisième chapitre, un état de l'art permettra la connaissance des différentes parties du problème de la commande des procédés biotechnologique. A partir de ces connaissances une modélisation mathématique d'un procédé de fermentation de la bactérie Escherichia coli (EC) sera détaillée.

Au dernier chapitre, une application de type fermentation de la bactérie Escherichia coli sera modélisée par TAKAGI-SUGENO. Une simulation et les résultats obtenus par Simulink seront présentés et discutés.

On termine avec une conclusion générale qui va résumer l'intérêt du travail effectué.

Chapitre I

GENERALITES SUR LA BIOTECHNOLOGIE

I.1. Introduction

La biotechnologie est l'utilisation industrielle d'organismes vivants ou de techniques biologiques développées par la recherche fondamentale. Les produits biotechnologiques comprennent : les antibiotiques, l'insuline, l'interféron, l'ADN recombinant et les anticorps monoclonaux. Les techniques biotechnologiques comprennent : le génie génétique, les cultures cellulaires, les cultures de tissus, le bio-traitement, l'ingénierie des protéines, les biocatalyses, les bio-senseurs et la bio-ingénierie [CAR 03].

La biotechnologie, ce n'est pas une seule technologie, elle rassemble diverses techniques qui ont en commun la manipulation des cellules vivantes et de leurs molécules et l'application pratique de ces procédés afin d'améliorer la vie. La biotechnologie ne date pas d'hier, elle était déjà présente dans les sociétés primitives (élaboration de pain, de fromage, de vin, de bière, etc.). On peut également considérer l'apiculture et l'élevage comme des ancêtres de la biotechnologie. Cependant, aux États-Unis, l'un des pays les plus avancés dans ce domaine, l'usage du terme « biotechnologie » englobe aujourd'hui tout un secteur industriel qui crée, développe et commercialise une gamme de produits issus de la manipulation génétique, de la biologie moléculaire ou de l'application contrôlée et dirigée de microorganismes ou de parties de microorganismes.

Ce chapitre décrit les biotechnologies dérivant des fermentations, et des généralités sur les processus de fermentation et les différentes étapes pour une étude scientifique d'un processus de fermentation.

I.2. Définition

L'OCDE définit la biotechnologie comme « l'application des principes scientifiques et de l'ingénierie à la transformation de matériaux par des agents biologiques pour produire des biens et services » [Oecd].

La biotechnologie, ou « technologie de bioconversion » comme son nom l'indique, résulte d'un mariage entre la science des êtres vivants – la biologie – et un ensemble de techniques nouvelles issues d'autres disciplines telles que la microbiologie, la biochimie, la biophysique, la génétique, la

biologie moléculaire, l'informatique...

En définitive, la portée de la biotechnologie est tellement large qu'il est difficile d'en donner une définition pratique ; de plus, cette définition change avec le temps en raison du développement rapide de nouvelles techniques et des découvertes dans le domaine de la biologie moléculaire, deux facteurs qui ouvrent constamment de nouvelles perspectives.

I.3. Historique

Après la découverte de l'ADN, la recherche en biologie cellulaire et la pharmacochimie ont fait plusieurs bonds scientifiques, passant de la culture de cellules, à l'ingénierie cellulaire et de tissus vivants, sains ou cancéreux, avec la fusion cellulaire, l'invention de nouveaux vaccins, de stimulants immunitaires. La fécondation artificielle et la manipulation embryonnaire ont progressé de concert.

À la fin des années 1990, des sociétés spécialisées en biotechnologies apparaissent. L'OCDE les définit comme des entreprises « engagées dans le domaine des biotechnologies du fait qu'elles utilisent au moins une technique de biotechnologie (comme définies dans la liste ci - dessus) pour produire des biens ou des services et/ou pour améliorer la recherche et développement en biotechnologies. Certaines de ces entreprises peuvent avoir des domaines d'actions très larges mais ne consacrer qu'une petite partie de leur activité économique aux biotechnologies ». Ainsi sont nées Amgen, Genentech, Decode Genetics, Genset, Transgene, devenues célèbres grâce à un attrait pour les capitalisations boursières des jeunes sociétés sans équivalent dans l'histoire, qui a toutefois finit en krach en 2001-2002. Les plus solides, comme Amgen, Genentech, ou Transgene continueront à se développer, lançant leurs propres médicaments. D'autres comme Decode Genetics et Genset disparaîtront dans les processus d'acquisitions-fusions.

Des années 2000 à 2010, les micro-organismes, éventuellement génétiquement modifiés et de nombreux enzymes sont de plus en plus utilisés dans de nombreux secteurs de l'économie ; dans la recherche, dans l'industrie agroalimentaire et pharmaceutique, dans certaines activités médicale ou de recyclage, d'élimination des déchets, de dépollution des sols ou de l'eau, de production d'énergie (méthanisation...) notamment. Mais ces nouveautés affectent aussi certaines activités connexes (maintenance, nettoyage, de réparation et posent des questions nouvelles de sécurité et santé au travail.

Parallèlement et souvent avec un certain retard, la réglementation du travail tend à évoluer pour protéger la santé des travailleurs contre de nouveaux risques (**Wikipédia, Biotechnologie**)

I.4. Grands domaines de la biotechnologie

Les biotechnologies jouent un rôle important dans le secteur des industries de la santé mais ont aussi un rôle émergent dans les secteurs de l'environnement, de l'agriculture, de l'agroalimentaire, ainsi que pour la mise au point de processus industriels innovants.

I.4.1. Dans le domaine agricole

On a recours aux biotechnologies pour remédier aux problèmes qui surviennent dans tous les domaines de la production et de la transformation des produits agricoles. C'est, par exemple, le cas de la sélection végétale qui permet d'accroître et de stabiliser les rendements, d'améliorer la résistance aux ravageurs, aux maladies et aux stress abiotiques tels que la sécheresse et le froid et de relever la teneur nutritionnelle des aliments. Les biotechnologies sont utilisées pour élaborer du matériel végétal bon marché et exempt de maladies pour des cultures comme le manioc, la banane et la pomme de terre, et pour concevoir de nouveaux outils de diagnostic et de traitement des maladies animales et végétales ainsi que d'évaluation et de conservation des ressources génétiques.

Elles sont encore employées pour accélérer les programmes de sélection des plantes, du bétail et des poissons et pour développer la gamme de caractéristiques modifiables. Les aliments pour bétail et les pratiques d'alimentation sont modifiés par les biotechnologies afin d'améliorer la nutrition des animaux et de réduire les déchets nocifs pour l'environnement. Les biotechnologies servent aussi à diagnostiquer les maladies et à élaborer des vaccins contre les maladies animales (**greenfacts, 2003/2004**)

I.4.2. Dans le domaine de la santé

Dans le domaine de la santé les biotechnologies permettent d'envisager d'une part une véritable stratégie préventive contre les maladies en s'appuyant sur le diagnostic et la vaccination et d'autre part une approche curative. Par exemple, l'essentiel des antibiotiques est produit de façon naturelle par des micro-organismes.

Certains produits tels certains antidouleurs et anticancéreux sont déjà en utilisation clinique. Enfin, les biotechnologies à travers l'utilisation des cellules souches offrent de nouvelles perspectives à la médecine en ouvrant la porte à la régénération d'organes lésés. Une nouvelle branche de la médecine apparaît.

Celle de la médecine régénérative. Plusieurs traitements sont actuellement en cours de développement pour permettre à certains organes (cœur, foie, os, cartilages,...) de retrouver leur fonction initiale (**Greenfacts, la biotechnologie**).

Les efforts d'innovation dans ce domaine ne sauraient se ralentir.

I.4.3. Dans le domaine de l'industrie (biotechnologies blanches)

Bien au-delà du secteur pharmaceutique, les biotechnologies blanches jouent un rôle croissant dans la bio-industrie, notamment dans les domaines de l'environnement. Les technologies blanches, parfois dites de seconde ou troisième génération, ont généralement recours à des bactéries utilisées comme vectrices et/ou productrices d'enzymes ou d'autres substances d'intérêt technique et commerciales.

Alors que le génie écologique travaille plutôt in situ et avec les écosystèmes, les biotechnologies blanches utilisent beaucoup la fermentation en bioréacteurs, l'importation d'organismes créés par génie génétique ou importés de milieux extrêmes, ou d'autres processus biotechnologiques qui ont par exemple débouché sur la lixiviation biologique, ou dans l'industrie du papier la pulpe biologique, le blanchiment biologique, ou ailleurs la désulfuration biologique, ou encore la biorestoration (phytoremédiation, mycoremédiation...) de sols ou sédiments pollués, la bio-filtration de l'eau ou de l'air, etc. Les biotechnologies blanches pourraient aussi contribuer à la mise au point de capteurs plus sensibles à l'état physico-chimique de l'environnement, de sa pollution par des substances chimiques. Elles pourraient aussi servir à la mise au point de procédés de recyclage innovants. Les organismes génétiquement modifiés ou des organismes sélectionnés pour leurs capacités naturelles peuvent être utilisés pour produire des matériaux innovants, des substances chimiques, très difficiles ou très coûteuses à obtenir par la chimie traditionnelle.

I.4.4. La biotechnologie moderne

L'intérêt actuel de la biotechnologie réside dans le potentiel impliqué par l'union des procédés et des méthodes biologiques (anciens et modernes) et les techniques du génie chimique et de l'électronique.

La représentation graphique de la biotechnologie moderne serait un arbre dont les racines seraient les sciences biologiques (microbiologie, génétique, biologie moléculaire, biochimie) et les branches techniques (électronique, automatique ...etc).

La naissance de la biotechnologie moderne est associée au développement des procédés de fabrication de la pénicilline à l'échelle industrielle.

Pendant la Seconde Guerre Mondiale, la demande en antibiotiques était très forte, ce qui a donné l'impulsion aux efforts collectifs des ingénieurs en chimie et des microbiologistes, qui ont cherché à produire en masse de la pénicilline à l'aide de méthodes de fermentation [CAR 03].

I.4.5. La dernière génération de la biotechnologie :

La biotechnologie commence à être considérée comme une science moderne dans les années soixante-dix grâce aux progrès de la biologie moléculaire et de la génétique.

Ces progrès sont à l'origine des techniques de clonage et d'ADN recombiné qui ont permis aux scientifiques de mieux connaître les fonctions cellulaires et leurs composants chez les êtres vivants et ont rendu possible le développement de nouvelles méthodes d'isolement des cellules mères et des gènes des organismes vivants afin de sortir les produits de leur métabolisme, qu'auparavant on ne pouvait obtenir qu'à l'aide de l'organisme vivant.

La capacité à manipuler l'information génétique la plus fondamentale, l'ADN, a entraîné une augmentation exponentielle du nombre d'entreprises biotechnologiques se consacrant aux techniques de l'ADN recombinant [CAR 03].

Bon nombre de produits pharmaceutiques sont déjà fabriqués à l'aide d'enzymes et de microorganismes de synthèse ; il s'agit de produits qui renferment des substances telles que l'insuline, l'interféron ou les plasmides activateurs et qui étaient très compliqués ou très chers à fabriquer dans le passé

I.5. Fermentation

La fermentation est une réaction biochimique qui se produit dans des milieux dépourvus d'oxygène et qui transforme une substance organique sous l'effet d'enzymes, aussi appelées ferments.

Ces enzymes sont produites par des micro-organismes invisibles à l'œil nu comme les levures, les bactéries, les champignons et les moisissures.

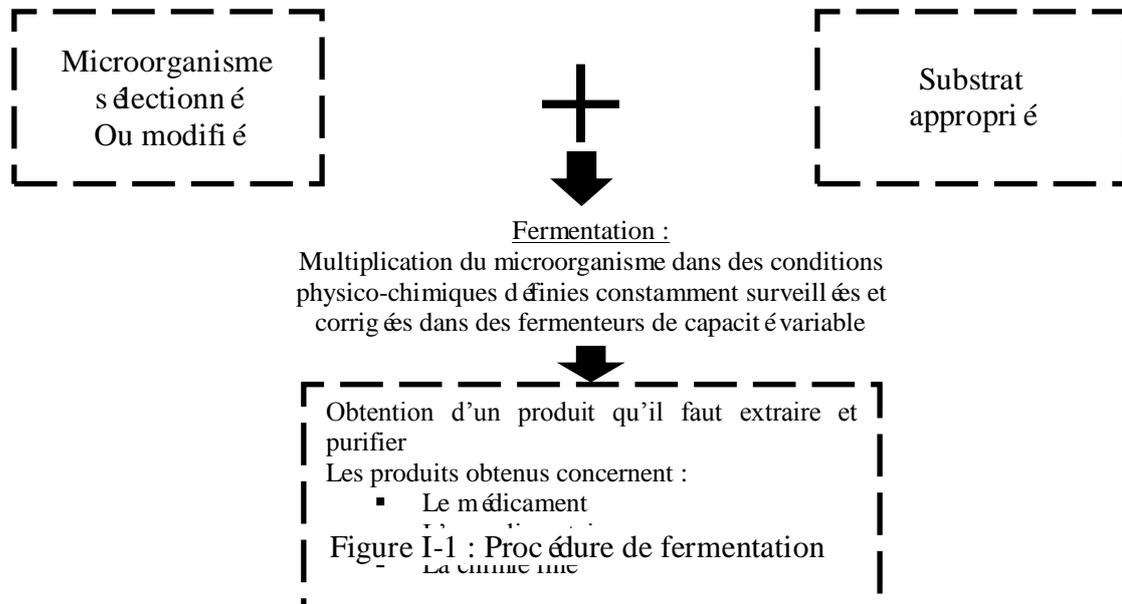
Ce phénomène est scientifiquement connu depuis le XIXe siècle, mais a été exploité par l'homme depuis la Haute Antiquité. Il est même l'un des plus anciens procédés de conservation des aliments.

Un exemple bien connu de ferment est le levain des boulangers qui provoque la fermentation et donc la levée de la pâte à pain. Ce levain naturel se fabrique tout simplement à base de farine et d'eau qu'on laisse reposer plusieurs jours. Dans le cas des yaourts et des laits fermentés, les ferments utilisés sont les fameux ferments lactiques comme *Lactobacillus bulgaricus* (Audrey, 2012)

Il existe différents types de fermentations :

- **La fermentation alcoolique** qui permet de produire de l'alcool à partir de jus de fruits ; sous l'effet des enzymes, le sucre des fruits est transformé en éthanol et en bulles de dioxyde de carbone

- **la fermentation lactique** qui intervient dans la fabrication du yaourt, du fromage, mais aussi de la choucroute et du pain au levain.
- **La fermentation acétique** qui donne le vinaigre.
- **La fermentation malolactique** qui intervient notamment dans la fabrication du vin.



Les objectifs de la fermentation sont les suivants :

- *Production de micro-organismes*: le premier objectif est la croissance de la masse cellulaire elle-même.
- *Production métabolique*: dans ce cas, c'est la production de substances organiques résultantes de l'activité métabolique qui est favorisée (alcools, antibiotiques, etc.)
- *Consommation du substrat*: ici, c'est la dégradation du substrat qui est privilégiée. On retrouvera dans cette catégorie les procédés de dépollution (traitement biologique des eaux usées)

L'étude de la fermentation peut se faire par les trois approches suivantes:

- *Une approche microbiologique*, qui consiste en la sélection des nutriments, la sélection des microorganismes, afin d'améliorer la production.
- *Une approche technologique* : concernant le choix des bioréacteurs et de leurs modes de fonctionnement.
- *Une approche mathématique* : dont les objectifs sont la modélisation, la surveillance et la commande du procédé de fermentation.

I.5.1. Approche microbiologique

I.5.1.1. Définition d'un micro-organisme

Les micro-organismes ou microbes sont des organismes vivants microscopiques, invisibles à l'œil nu, ils ne peuvent être observés qu'à l'aide d'un microscope (bactéries, levures, champignons et moisissures ...etc.).

I.5.1.2. Les différents types de microorganismes

La fermentation industrielle utilise trois principaux types de microorganismes [**Rae01, Scr00**] :

- Les levures
- Les Champignons et moisissures
- Les bactéries

Les microorganismes qui nous intéressent sont les bactéries, spécifiquement les bactéries *Escherichia coli*.

Ces bactéries sont en effet très utilisées par les généticiens pour fabriquer des médicaments ou des vaccins, car elles ont l'avantage d'avoir une croissance relativement rapide par rapport aux autres micro-organismes, elles se divisent toutes les 20 minutes. Ces bactéries sont utilisées notamment pour la production d'insuline, des vaccins pédiatriques contre la méningite et la typhoïde et de quelques virus. Donc, il est important de produire des quantités de médicaments et de vaccins à l'échelle industrielle.

I.5.1.3. Présentation de la bactérie *Escherichia coli*

Escherichia coli (*E. coli*) est une bactérie qui se trouve à l'état naturel dans les intestins du bétail, de la volaille et d'autres animaux. La plupart des variétés de la bactérie *E. coli* ne présentent pas de danger pour l'humain, mais certaines peuvent transporter des gènes qui leur permettent de provoquer la maladie. Les bactéries peuvent être transférées à la surface de la viande lorsque l'animal est dépecé puis se propager à toute la viande au moment de la transformation de la viande. Les fruits et les légumes crus peuvent aussi être contaminés à *E.coli* dans les champs par du fumier mal composté, l'eau contaminée, les animaux sauvages et les agriculteurs contaminés.

Escherichia coli mesure environ 2 μ (microns ou micromètres) et pèse 10^{-12} g. C'est une cellule sans noyau véritable, mais possède tous les éléments nécessaires à la synthèse des protéines, c'est-à-dire un chromosome de 1 mm de long, comportant environ 4 000 gènes et de nombreux ribosomes dans le cytoplasme [**Wiki, BioTop**].

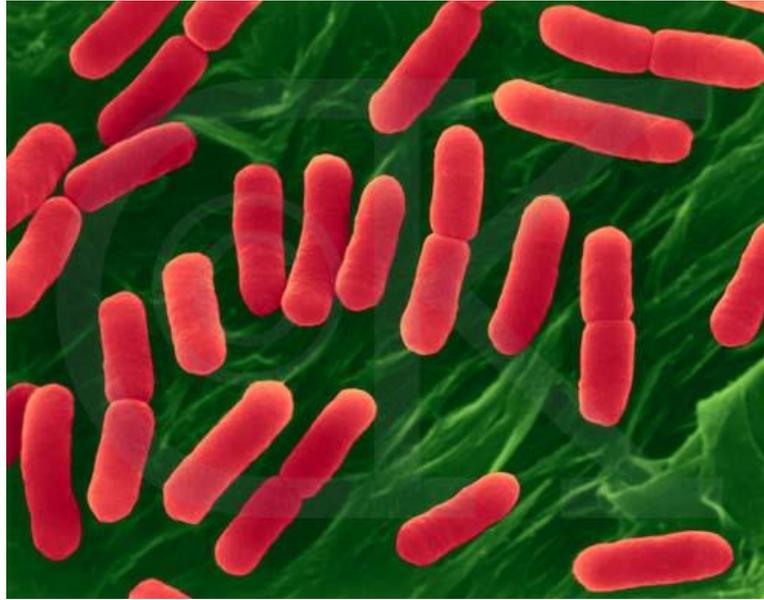


Figure I-2 : Population d'Escherichia coli

Dans les conditions optimales, chaque cellule se divise en 2 toutes les 20 minutes environ. C'est ainsi qu'en moins de 2 jours, 1 seule bactérie pourrait produire, si elle disposait d'une quantité suffisante de nourriture (...) une masse de 6×10^{21} tonnes, égale à celle de la Terre !

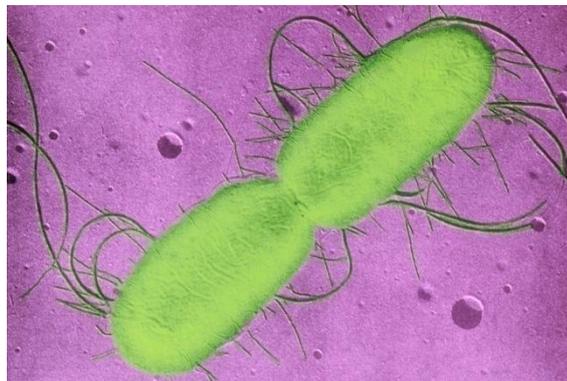


Figure I-3 : Escherichia coli en division

1.5.1.4. Enzymes

Les processus de fermentation mettent en jeu de nombreuses réactions biochimiques cellulaires où intervient une classe particulière de protéines appelées enzymes, ce sont donc des catalyseurs qui ont la propriété d'accélérer la vitesse de la réaction [Scr 00].

La théorie enzymatique fut développée par L. Michaelis et M. Menten, puis complétée par G. Briggs et J. Haldane. Elle postule que :

1. L'enzyme E forme avec le substrat S un complexe ES au cours d'une réaction réversible :



2. Ce complexe libère le produit P , ainsi que l'enzyme :



1.5.1.5. Facteurs de croissance microbienne

Il est difficile de tenir compte de l'ensemble des facteurs qui peuvent influencer sur les microorganismes. Les microorganismes se différencient selon les conditions nécessaires à leurs croissances ainsi que leurs besoins en éléments nutritifs, dont les principaux sont [**Rae01, Scr00**] :

a- Eau : l'eau est indispensable aux microorganismes, car pour que la croissance de ceux-ci soit effective. Il faut qu'un seuil d'humidité relative, exprimé par l'activité de l'eau, soit atteint.

b- Source d'énergie et carbone : les microorganismes organotrophes, qui représentent la majorité des microorganismes utilisés industriellement, ont recours à la dégradation de composés organiques pour leurs besoins énergétiques, tels que l'amidon, sucres, glucose, ...etc. Les microorganismes photosynthétiques et la plupart des chémolithotrophes sont capables d'utiliser directement le gaz carbonique de l'air pour leurs besoins énergétiques.

c- Azote : l'azote provient partiellement de substances organiques (protéines ou minéraux).

d- Oxygène : l'oxygène, vital pour beaucoup de microorganismes, peut parfois se révéler toxique. En fait, il existe deux sortes de fermentation :

- Aérobie : où les microorganismes ont besoin d'oxygène pour leur développement.
- Anaérobie : le besoin en oxygène n'est pas nécessaire pour le développement (anaérobie facultatif), et peut être inhibiteur (anaérobie strict).

e- pH : la croissance de microorganismes exige une valeur optimale de pH. La plupart des bactéries croissent en milieu neutre, alors que les champignons, levures et bactéries lactiques préfèrent un milieu acide.

f- Température : selon la température optimale de croissance, on distingue entre organismes:

Psychrophiles : de 5 à 20 °C, mésophiles : de 20 à 45 °C et les thermophiles : de 45 à 55 °C.

1.5.2. Approche technologique

1.5.2.1. Fermenteur

Un fermenteur, appelé également bioréacteur ou propagateur, est un appareil dans lequel on multiplie des micro-organismes (levures, bactéries, champignons microscopiques, algues, cellules animales et végétales) pour la production de biomasse (écologie), ou pour la production d'un métabolite ou encore la bioconversion d'une molécule d'intérêt.

Dans les années 1800, Pasteur, Kützing, Schwann, et Cagniard-Latour ont démontré que la fermentation était causée par des levures, qui sont des organismes vivants. Le terme «fermentation» prend en compte aussi bien le métabolisme aérobie que l'anaérobie. Elle consiste à multiplier la biomasse de microorganismes vivants, et éventuellement à utiliser son métabolisme.

Contrairement aux systèmes plus simples utilisés pour faire pousser des micro-organismes, comme par exemple les fioles, le bioréacteur permet de contrôler les conditions de culture (température, pH, aération, etc.), et de ce fait, il permet de récolter des informations de plus grande fiabilité.

Les modèles de laboratoire vont de 0,1 à 15 litres. Les modèles employés pour les tests en vue de l'industrialisation (appelés "pilotes") vont de 20 à 1 000 litres, alors que ceux destinés à la production industrielle peuvent dépasser les 1 000 m³ (cas de la production d'éthanol). Des modèles de bioréacteurs jetables existent sur le marché depuis 1995, utilisés principalement pour des volumes allant du millilitre à quelques centaines de litres.

En ingénierie tissulaire, le terme de bioréacteur peut désigner un système permettant la culture de tissu. Le but n'est pas ici de produire des métabolites mais bien un tissu complet composé de cellules et de la matrice extracellulaire (**frédéric, 2007**)

1.5.2.2. Description du fermenteur :

Un fermenteur comporte :

- Une cuve ou enceinte en verre (pour les modèles de laboratoire) ou en acier inoxydable
- Un bouchon si nécessaire pour ne pas laisser passer l'air du milieu intérieur et celui du milieu extérieur
- Une seringue avec cathéter pour injecter une solution
- Un système d'agitation comportant une ou plusieurs turbines selon leur taille
- Des capteurs pour la mesure de la température (thermomètre), du pH (pH-mètre), de la concentration en oxygène dissous (sonde oxymétrique), du niveau...
- Un système de contrôle-commande géré par ordinateur permettant d'enregistrer et piloter tous les paramètres de fonctionnement

Un fermenteur est construit en général sur le modèle d'un bioréacteur sans toutefois de système d'aération. Dans le domaine de la biotechnologie, le terme de fermenteur est parfois utilisé sans aucune distinction par rapport à celui de bioréacteur. Il permet de différencier le type de culture (bactérie, levure pour fermenteur et cellules animales pour bioréacteur).

Les bioréacteurs sont en général construits sur les mêmes modèles que les réacteurs chimiques.

- I. entrée d'air
- II. sortie d'air
- III. inoculation
- VI. anti mousse : détecteur +injecteur
- V. PH : électrode+
- VI. température : sonde
- VII. double paroi pour régulation température
- VIII. axe d'agitation
- IX. contre-pal
- X. prélèvement

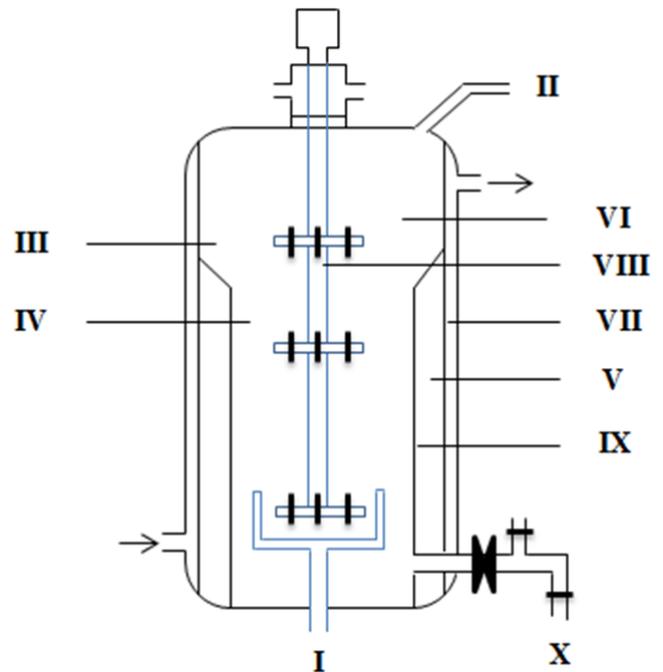


Figure I-4 : Fermenteur

1.5.2.3. Les types de fermenteurs

Du point de vue de la modélisation mathématique, les fermenteurs peuvent se décomposer en deux grandes classes [Doc 01]:

- *Les fermenteurs infiniment mélangés* (en anglais *stirred tank fermenters*, notés STF), pour lesquels le milieu réactionnel est homogène et la réaction est décrite par des équations différentielles ordinaires ;
- *Les fermenteurs à gradient spatial de concentration*, tels que lits fixes, lits fluidisés, air lifts, ...etc. Pour lesquels la réaction est décrite par des équations aux dérivées partielles.

Nous nous intéressons uniquement à la première classe des fermenteurs infiniment mélangés.

1.5.2.4. Les modes de conduite des bioréacteurs

Les modes de fonctionnement des fermenteurs sont généralement caractérisés par les échanges liquides, c'est-à-dire par le type d'alimentation en substrat du fermenteur (Frick, 2007).

a. Le mode discontinu (ou Batch)

La cuve est remplie par le milieu de culture stérilisé, puis l'inoculum. La fermentation se déroule ensuite sans addition supplémentaire de milieu. Le volume reste constant et la productivité est relativement faible. En fin de fermentation, le fermenteur est vidé et son contenu est remplacé.

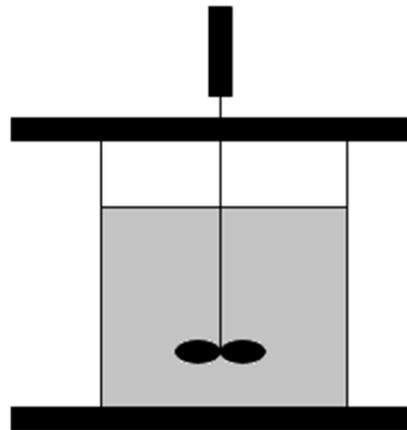


Figure I-5 Fermenteur discontinu (batch)

b. Le mode semi-continu (ou Fed-batch)

Le substrat est apporté au fur et à mesure de sa consommation par les microorganismes. Ces systèmes employés dans la production de la pénicilline. En effet, celle-ci est soumise à une répression catabolique lors de la présence d'une forte concentration de substrat carboné (le glucose). On procède à l'ajout du substrat au fur et à mesure de sa consommation afin d'éviter l'accumulation de substrat dans la réaction.

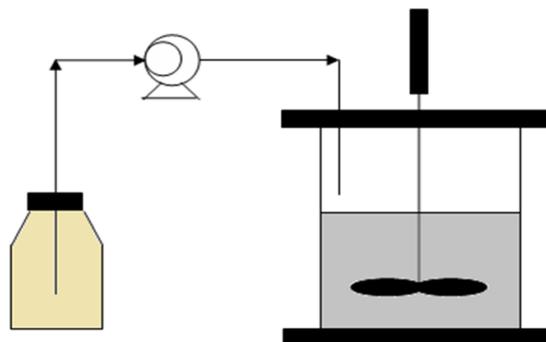


Figure I-6 Fermenteur semi-continu (ou fed-batch)

c. Le mode continu (ou chemostat)

Les éléments nutritifs sont introduits de manière continue et le milieu de culture est soutiré continuellement, de façon telle que le volume du milieu de culture reste constant. Les débits

d'alimentation et de soutirage ne sont pas donc nuls. Par exemple ce mode est employé dans le cas du traitement des eaux.

La solution de nutriment est apportée en continue au réacteur mais une quantité équivalente de solution fermentée est produite. Le volume est donc constant.

On distingue 2 grands types de fermenteurs continus:

- Le réacteur à écoulement piston
- Le réacteur infiniment mélangé

Ces 2 types de fermenteurs diffèrent par le mode d'écoulement de la solution de nutriment.

- Le réacteur à écoulement piston:

il est caractérisé par un rapport longueur /largeur très élevé. Le réacteur est cylindrique (10 à 15 mètres de long). La solution de nutriment pénètre à une extrémité du réacteur et la biomasse cellulaire ainsi que la production du produit collecté à l'autre extrémité du réacteur. Dans ce type de réacteur la turbulence est nulle. Il n'y a aucun mélange, pas d'agitation, pas d'homogénéité un élément qui entre dans le réacteur progresse sans mélange avec la molécule qui la précède ou qui la suit. Ceci génère des gradients de concentration à l'intérieur du réacteur. Plus on se situe loin par rapport à l'entrée du réacteur, plus la concentration de substrat est faible et plus la concentration du produit est élevée. L'inconvénient d'un tel type de réacteur est la difficulté de réguler un PH. Celui-ci étant différent en tout point du réacteur.

- Le réacteur infiniment mélangé

l'homogénéité du continu du réacteur est parfaite.

Tout élément qui pénètre dans le réacteur est homogénéisé avec le contenu du réacteur.

La concentration d'un composé donné dans le réacteur est la même en tout point du réacteur.

La concentration d'un composé donné dans l'effluent du réacteur est la même qu'à la concentration de ce composé à l'intérieur du réacteur.

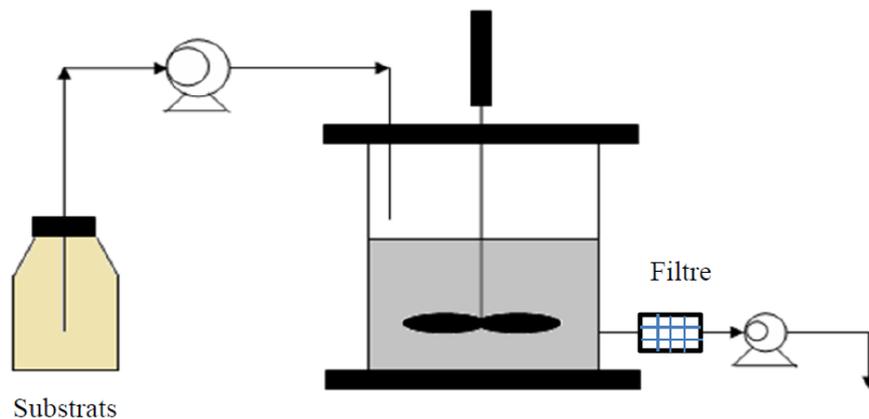


Figure I-7 Fermenteur continu (ou chemostat)

d. Le mode perfusé (ou perfused)

Comme pour le mode continu, les débits d'alimentation et de soutirage ne sont pas nuls. La principale différence est la présence du filtre permettant d'évacuer le milieu de culture utilisé et de garder la biomasse à l'intérieur du bioprocédé. Ce mode est utilisé pour les cultures de cellules animales.

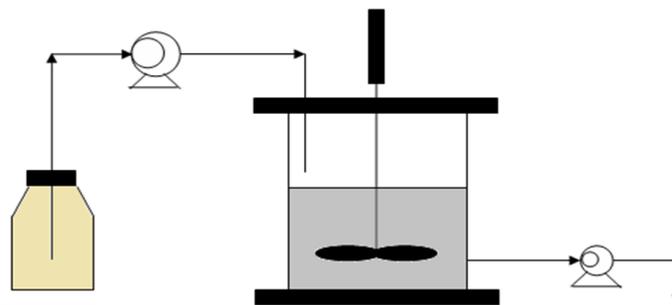


Figure I-8 Fermenteur perfusé (ou perfused)

I.5.3. Approche mathématique

La notion de modèle dynamique joue un rôle central en automatique, c'est en effet sur la base de la connaissance de l'évolution au cours du temps des procédés que s'effectue toute la conception, l'analyse et la mise en œuvre des méthodes de surveillance et de commande. Dans le cadre des procédés biotechnologiques, la manière la plus naturelle de déterminer les modèles qui permettent de caractériser la dynamique du procédé est de considérer les bilans de matière des composants principaux du procédé [BIL 07]. Cette notion de modélisation sera bien détaillée dans le chapitre suivant.

I.6. Conclusion

La biotechnologie est un champ multidisciplinaire où coexistent la science et la technologie. Parmi les sciences englobées par la biotechnologie, citons la biologie, la botanique, la biologie moléculaire, la génétique, l'immunologie, la biochimie, l'enzymologie, etc. Parmi les technologies, signalons le génie génétique, les fermentations, les biocatalyses, le génie des procédés, etc.

Ce qui ressort de l'ensemble des définitions de la biotechnologie est que celle-ci se distingue des autres technologies appliquées à l'industrie parce qu'elle utilise des êtres vivants ou une partie de ceux-ci pour obtenir des produits au bénéfice de l'Homme. En conséquence, l'obtention de lait à partir de vaches d'une exploitation d'élevage relève de la biotechnologie. Cependant, on entend actuellement par biotechnologie l'application de techniques de manipulation génétique visant à modifier des organismes qui seront utilisés pour obtenir des produits ou des services concrets, c'est-à-dire, en quelque sorte, un organisme de synthèse aux prestations prédéterminées.

L'objet de ce chapitre est de donner une idée générale sur les biotechnologies et les procédés de fermentation à partir des définitions de base sur les fermenteurs, leurs types et les différents modes de fonctionnement. Ainsi qu'une présentation générale de la bactérie *Escherichia Coli* qui sera utilisée dans l'application du chapitre IV.

Chapitre II

INTRODUCTION A L'APPROCHE MULTIMODELE

II.1. Introduction

La caractérisation du comportement dynamique d'un système, par le biais d'un modèle mathématique, représente une étape fondamentale dans de nombreuses disciplines scientifiques telles que les sciences physiques et de la nature, les sciences sociales et économiques, les sciences de l'ingénieur, etc. Dans ce dernier contexte, le modèle mathématique joue un rôle central dans la conception (dimensionnement des composants, simulation numérique), l'étude (analyse des mécanismes inhérents au comportement du système) et la conduite (optimisation du comportement, commande et surveillance) d'un système existant ou à construire.

Un modèle devrait représenter le mieux possible le fonctionnement dynamique d'un processus. Les lois dynamiques définissant un tel système doivent être les plus complètes possibles et représenter tous les modes de fonctionnement et toutes les interactions entre les différentes grandeurs. On obtient souvent des modèles non linéaires très complexes. Ce qui rend la tâche de la commande toujours plus complexe. Afin de remédier à ce problème, il faut toujours linéariser ces modèles. Cette approximation permet ainsi d'étudier un système ayant un comportement non linéaire en le représentant par un seul modèle linéaire (linéarisé tangent autour d'un point d'équilibre). Cependant la majorité des systèmes physiques présente des comportements bien plus complexes et donc difficiles à caractériser dans une large plage de fonctionnement par des modèles linéaires. En effet, l'hypothèse de linéarité du système n'y est vérifiée que très localement autour d'un point de fonctionnement donné. La modélisation correcte du comportement global de ces systèmes nécessite le recours à des modèles de représentation plus "sophistiqués" de nature non linéaire.

L'élaboration de modèles de représentation non linéaire destinés à la prévision, la commande ou la surveillance figure parmi les thèmes de recherche incontournables en automatique. On peut mentionner, parmi les différentes structures de modèles non linéaires couramment utilisés, les séries temporelles et de Volterra, les estimateurs à noyau, les modèles à blocs structurés, les réseaux de neurones, les modèles flous, l'approche multimodèle et des approches hybrides issues de

la combinaison de différentes approches comme par exemple les modèles neuro-flous [Jan 93; Bab 03], les modèles flous d'Hammerstein [Abo 00] ou les réseaux de neurones de modèles de type Wiener et de type Hammerstein [Jan 04] (une étude approfondie des structures de modèles et des techniques de modélisation est présentée dans [Sjö 95]).

Le choix d'un modèle non linéaire soulève donc un problème fondamental, chaque structure présentant à la fois un certain nombre d'avantages et d'inconvénients. Le modèle recherché doit, dans tous les cas, être suffisamment général de façon à représenter avec précision une large classe de systèmes. Sa structure doit de plus favoriser l'élaboration d'outils théoriques d'analyse et de synthèse destinés à faciliter son exploitation. Toutefois, la multitude de formes que peut revêtir un modèle non linéaire rend difficile la mise en place d'une théorie unique à la fois générale (c.-à-d. applicable à toutes les formes) et exhaustive (c.-à-d. en mesure d'exploiter de façon systématique n'importe quel modèle non linéaire).

II.2. Logique floue

La logique floue (fuzzy logic, en anglais) est une extension de la logique classique aux raisonnements approchés. Par ses aspects numériques, elle s'oppose aux logiques modales. Formalisée par Lotfi Zadeh en 1965, outil de l'intelligence artificielle, elle est utilisée dans des domaines aussi variés que :

- l'automatisme (freins ABS, conduite de processus),
- La robotique (reconnaissance de formes),
- La gestion de la circulation routière (feux rouges),
- le contrôle aérien (gestion du trafic aérien),
- L'environnement (météorologie, climatologie, sismologie, analyse du cycle de vie),
- La médecine (aide au diagnostic),
- L'assurance (sélection et prévention des risques)
- Et bien d'autres.

Elle s'appuie sur la théorie mathématique des ensembles flous de Lotfi Zadeh qui présente une extension de la théorie des ensembles classiques aux ensembles définis de façon imprécise. Partant d'un concept de fonction d'appartenance à valeur dans $[0, 1]$, Lotfi Zadeh :

- redéfinit ce qu'est un sous-ensemble d'un univers donné
- bâtit un modèle complet de propriétés et de définitions formelles,

- montre que cette théorie des sous-ensembles flous se réduit à la théorie des sous-ensembles classiques dans le cas où les fonctions d'appartenance ne prennent que les valeurs binaires de $\{0,1\}$.

La logique floue présente aussi l'intérêt d'être plus facile et moins chère à implémenter qu'une logique probabiliste, bien que cette dernière seule soit stricto sensu cohérente (**JUTTEN, 2006**).

Le système d'inférence floue est composé essentiellement de la base de règles, de la base de données (les paramètres des fonctions d'appartenance) et du raisonnement flou. Dans la méthode de Mamdani, les prémisses et les conclusions des règles sont floues. L'inférence floue est réalisée à l'aide de l'opérateur min (minimum) ou prod (produit) et l'agrégation des règles à l'aide de l'opérateur max (maximum). La défuzzification est généralement effectuée par la méthode du centre de gravité. Pour TSUKAMOTO, la fonction d'appartenance de chaque conclusion est une fonction monotone croissante. L'inférence floue est réalisée par l'opérateur min ou prod. La sortie numérique est une moyenne pondérée des valeurs issues des fonctions monotones, La méthode de TAKAGI-SUGENO, est très efficace du point de vue de calcul car elle privilégie l'analyse mathématique, elle fonctionne bien avec les techniques linéaires, l'optimisation

II.3. Modèles de systèmes à base de blocs structurés

Un moyen relativement simple de représenter le comportement non linéaire d'un système repose sur l'utilisation de modèles à base de blocs structurés (Block-oriented models) [**Nar 66**]. Ces derniers sont élaborés grâce à la combinaison de deux blocs de base : un élément non linéaire statique et un élément linéaire dynamique.

La combinaison de ces deux blocs peut conduire à l'élaboration d'un grand nombre de structures de modèles. Parmi les différents modèles à base de blocs structurés, les modèles d'Hammerstein et de Wiener sont probablement les plus répandus. Ils se présentent sous la forme d'un modèle dynamique linéaire en cascade avec un élément statique de type non linéaire. Leur différence provient de l'ordre dans lequel ces deux blocs sont présentés ([**Pea 95**] a établi une comparaison exhaustive entre ces deux modèles). La capacité de ces deux modèles structurellement simples à représenter des comportements non linéaires complexes est à l'origine du succès rencontré par cette technique de modélisation.

L'identification des systèmes non linéaires à l'aide de blocs structurés remonte au milieu des années 60 [**Nar 66**] et a été depuis largement abordé dans la littérature [**Hab 90**]. Bien que considérablement exploités pour la modélisation, la commande et le diagnostic, ces modèles font toujours l'objet de nombreux travaux de recherche.

II.3.1. Le modèle d'Hammerstein

Le modèle d'Hammerstein se compose d'un élément statique non linéaire suivi d'un élément dynamique linéaire. La représentation d'état du modèle de type Hammerstein est donnée par :

$$\mathbf{v}(t) = \mathbf{f}(\mathbf{u}(t)) \quad (\text{II.1a})$$

$$\mathbf{x}(t + 1) = \mathbf{A}\mathbf{x}(t) + \mathbf{B}\mathbf{v}(t) \quad (\text{II.1b})$$

$$\mathbf{y}(t) = \mathbf{C}\mathbf{x}(t) + \mathbf{D}\mathbf{v}(t) \quad (\text{II.1c})$$

Les modèles d'Hammerstein se révèlent bien adaptés à la caractérisation, au moyen d'un modèle linéaire, du comportement dynamique d'un système dont l'actionneur présente un caractère non linéaire (saturations, zone morte, etc.) [Mur 97].

II.3.2. Le modèle de Wiener

D'un point de vue structurel, le modèle de type Wiener est le pendant du modèle d'Hammerstein, il s'obtient en inversant l'ordre des éléments de base. La représentation d'état du modèle de type Wiener est donnée par :

$$\mathbf{x}(t + 1) = \mathbf{A}\mathbf{x}(t) + \mathbf{B}\mathbf{u}(t) \quad (\text{II.2a})$$

$$\mathbf{v}(t) = \mathbf{C}\mathbf{x}(t) + \mathbf{D}\mathbf{u}(t) \quad (\text{II.2b})$$

$$\mathbf{y}(t) = \mathbf{f}(\mathbf{v}(t)) \quad (\text{II.2c})$$

Les modèles de Wiener se révèlent bien adaptés à la caractérisation, au moyen d'un modèle linéaire, du comportement dynamique d'un système dont le capteur présente un caractère non linéaire ([Pea 95]).

II.3.3. Modèle de type Hammerstein-Wiener

La combinaison de ces deux structures permet d'élaborer des modèles plus complexes. Ainsi, par exemple, le modèle de type Hammerstein-Wiener dont la représentation d'état est donnée par :

$$\mathbf{v}(t) = \mathbf{f}(\mathbf{u}(t)) \quad (\text{II.3a})$$

$$\mathbf{x}(t + 1) = \mathbf{A}\mathbf{x}(t) + \mathbf{B}\mathbf{v}(t) \quad (\text{II.3b})$$

$$\mathbf{s}(t) = \mathbf{C}\mathbf{x}(t) + \mathbf{D}\mathbf{u}(t) \quad (\text{II.3c})$$

$$\mathbf{y}(t) = \tilde{\mathbf{f}}(\mathbf{s}(t)) \quad (\text{II.3d})$$

Ce modèle est obtenu en considérant un modèle d'Hammerstein suivi d'un modèle de Wiener. Un modèle de type Wiener-Hammerstein peut également être obtenu sur ce même principe mais en inversant l'ordre des modèles.

Il est également possible d'imaginer d'autres combinaisons plus complexes en introduisant par exemple des boucles de réaction [Rag 92; Pot 98].

Remarquons toutefois qu'en pratique ces formes très élaborées peuvent se révéler difficilement exploitables.

II.3.4. Avantages et inconvénients des modèles à base de blocs structurés

Les modèles à base de blocs structurés revêtent de nombreux avantages. Leur structure relativement simple rend leur identification aisée et peu coûteuse en temps de calcul. De plus, l'intégration de connaissances a priori sur le comportement dynamique du système peut se faire de façon intuitive (saturations des actionneurs ou des capteurs). En revanche, ils peuvent s'avérer inefficaces à l'heure de décrire globalement le comportement dynamique d'un système fortement non linéaire. En effet, cette technique de modélisation s'appuie sur la recherche d'une transformation relativement rigide de la non-linéarité du système. De ce fait, le degré de flexibilité du modèle est inévitablement réduit et le comportement du système ne peut, en règle générale, être décrit que dans une plage de fonctionnement assez restreinte.

II.4. Modèles de systèmes par une approche multimodèle

La littérature propose un nombre important d'approches d'identification visant à accroître la flexibilité du modèle et ce, afin d'élargir la plage de fonctionnement du système à identifier. Ces différentes approches de modélisation, objet d'un développement croissant au cours des dernières années, se retrouvent sous diverses appellations dans des contextes plus ou moins connexes. On peut les regrouper sous le nom générique d'approches multimodèles. Un tour d'horizon complet sur l'approche multimodèle et sur les approches connexes est présenté dans l'ouvrage de référence édité par Murray-Smith et Johansen [Mur 97].

La philosophie de l'approche multimodèle repose sur la fragmentation d'un problème complexe en sous-problèmes plus simples à résoudre et dont les solutions individuelles conduisent à la résolution du problème d'origine. Cette méthodologie vise à remplacer la recherche d'un modèle unique $g(.)$ souvent difficile à obtenir par la recherche d'une famille de sous-modèles $g_i(t)$ et de fonctions de base $\mu_i(.)$:

$$g(\varphi(t), \theta) = \sum_{i=1}^L \mu_i(\cdot) g_i(\varphi(t), \theta_i) \quad (\text{II.4})$$

L'ensemble caractérisant le comportement global du système

$$y(t) = g(\varphi(t), \theta) \quad (\text{II.5})$$

Un choix judicieux de la structure des sous-modèles $g_i(t)$ et des fonctions de base $\mu_i(\cdot)$ permet en théorie d'approcher avec une précision imposée n'importe quel comportement non linéaire dans un large domaine de fonctionnement. Remarquons que ce type de stratégie de modélisation n'est pas propre au domaine de l'automatique. En effet, le principe du *diviser pour régner* sur lequel se fonde l'approche multimodèle est largement répandu dans divers domaines tels que la statistique, l'économétrie, etc. Mentionnons à titre d'exemple l'algorithme MARS (Multivariate Adaptive Regression Splines) [Fri 91], une procédure de régression non paramétrique largement exploitée dans les domaines de la statistique.

L'approche multimodèle consiste, plus précisément, à réduire la complexité du système en décomposant son espace de fonctionnement en un nombre fini de zones de fonctionnement. Le comportement du système étant de moindre complexité dans chaque zone, un sous-modèle de structure simple peut alors être utilisé. Ainsi, en fonction de la zone où le système évolue, la sortie de chaque sous-modèle est plus ou moins mise à contribution en vue d'approcher le comportement global du système. La contribution de chaque sous-modèle est quantifiée par une fonction de pondération associée à chaque zone de fonctionnement.

Il semble important, à ce niveau, de définir avec précision les principaux termes utilisés dans un contexte de modélisation multimodèle.

- a) **Zone de fonctionnement** : domaine D_i issu du partitionnement de l'espace de fonctionnement $D \subset \mathbb{R}^n$ du système tel que $D = \cup_i D_i$. Le système présente un comportement dynamique relativement homogène dans chaque zone de fonctionnement.
- b) **Variable de décision ou d'indexation** $\xi \in \mathbb{R}^j$: variable vectorielle connue, caractéristique du système et accessible par mesure en temps réel. Elle peut être par exemple une variable d'état mesurable et/ou un signal d'entrée du système.
- c) **Fonctions de pondération** $\mu_i(\xi(t))$: fonctions $\mu_i(\xi(t)) : \mathbb{R}^j \rightarrow \mathbb{R}^1$ dépendant des variables de décision. Elles sont associées aux différentes zones de fonctionnement et servent ainsi à quantifier graduellement l'appartenance du point de fonctionnement courant du système à une zone de fonctionnement donnée.

Les fonctions de pondération sont choisies de façon à vérifier les propriétés de somme convexe suivantes :

$$\sum_{i=1}^L \mu_i(\xi(t)) = \mathbf{1} \text{ et } \mathbf{0} \leq \mu_i(\xi(t)) \leq \mathbf{1} \quad \forall i = 1, \dots, L, \quad \forall t \quad (\text{II.6})$$

Elles peuvent être construites soit à partir de fonctions à dérivées discontinues (p. ex. fonctions triangulaires ou trapézoïdales) soit à partir de fonctions à dérivées continues (p. ex. fonctions gaussiennes ou sigmoïdes). On opte ici pour des fonctions de pondération $\mu_i(\cdot)$ construites à partir de fonctions gaussiennes. Ce choix permet d'obtenir, d'une part, des fonctions faciles à calculer dans le cas multi-variable et, d'autre part, des fonctions continument dérivables.

- d) **Sous-modèle** : modèle de structure quelconque, généralement simple et linéaire et/ou affine, représentant le comportement du système dans une zone de fonctionnement bien spécifique.
- e) **Multimodèle** : ensemble de sous-modèles agrégés par un mécanisme d'interpolation permettant de caractériser le comportement dynamique global d'un système. Un multimodèle se caractérise par le nombre de ses sous-modèles, par leur structure et par le choix des fonctions de pondération. A titre d'exemple, une structure de multimodèle se présente sous la forme :

$$\mathbf{y}(t) = \sum_{i=1}^L \mu_i(\xi(t)) \mathbf{y}_i(t) \quad (\text{II.7})$$

Où L est le nombre de sous-modèles, $\mathbf{y}(t)$ la sortie du multimodèle, $\mathbf{y}_i(t)$ la sortie du $i^{\text{ème}}$ sous-modèle, $\xi(t)$ la variable de décision et $\mu_i(x(t))$ la fonction de pondération associé au $i^{\text{ème}}$ sous-modèle. Les fonctions de pondération permettent de déterminer la contribution relative de chaque sous-modèle selon la zone où évolue le système.

Cette section a présenté les principes sur lesquels repose l'approche multimodèle, il s'avère alors nécessaire d'explicitier la façon dont les parties dynamiques des sous-modèles sont agrégés dans la structure du multimodèle. Dans le cas statique en effet, l'agrégation des sous-modèles s'effectue naturellement par la somme pondérée de la contribution des sous-modèles sous la forme $\hat{\mathbf{y}}(t) = \sum_{i=1}^L \mu_i(\cdot) \mathbf{y}_i(t)$. Dans le cas dynamique en revanche, plusieurs façons d'agréger les sous-modèles, c.-à-d. plusieurs structures de multimodèles, peuvent être envisagées.

II.5. Structures des multimodèles

La représentation multimodèle d'un système non linéaire peut être obtenue à partir de différentes structures. Une représentation d'état des sous-modèles permet de les mettre facilement

en évidence. Cette représentation d'état du multimodèle revêt l'avantage d'être compacte, simple et plus générale qu'une présentation sous la forme d'une équation de régression entrée/sortie.

De surcroît, la synthèse d'une loi de commande ou la construction d'observateurs non linéaires requièrent souvent une telle description du système.

Deux grandes familles de multimodèles sont répertoriées selon que les sous-modèles sont homogènes dans le sens où ils partagent la même structure et le même espace d'état ou hétérogènes, c.-à-d. que leur structure et leur espace d'état diffèrent. [Fil 91] met en évidence, dans un contexte de modélisation floue directement transposable au cadre multimodèle, deux structures essentielles de multimodèles. Leur différence provient de la façon dont les sous-modèles sont combinés. La première structure, connue sous l'appellation de multimodèle de Takagi-Sugeno, est constituée de sous-modèles partageant un vecteur d'état unique (sous-modèles homogènes). Dans la seconde, connue sous l'appellation de multimodèle découplé, les sous-modèles possèdent chacun un vecteur d'état indépendant (sous-modèles hétérogènes).

II.5.1. Multimodèle de Takagi-Sugeno

La structure du multimodèle de Takagi-Sugeno (T.S.) ou à états couplés, initialement proposé dans un contexte de modélisation floue par Takagi et Sugeno [Tak 85] dans les années 80, a été depuis largement popularisé dans un contexte multimodèle par les travaux de Johansen et Foss [Joh 93]. Elle est certainement la structure la plus couramment utilisée dans le cadre de l'approche multimodèle. Le multimodèle de T.S. est connu sous différentes appellations : réseaux de modèles locaux à mélange de paramètres (local model network by blending the parameters), multimodèle à modèles locaux couplés ou à état couplé ou encore multimodèle à état unique, etc.

La représentation d'état du MM de Takagi-Sugeno [Tak 85] est donnée par (voir Figure II-1):

$$\dot{\mathbf{x}}(t) = \sum_{i=1}^r \mu_i(\mathbf{z}(t)) (\mathbf{A}_i \mathbf{x}(t) + \mathbf{B}_i \mathbf{u}(t)) \quad (\text{II.8a})$$

$$\mathbf{y}(t) = \sum_{i=1}^r \mu_i(\mathbf{z}(t)) \mathbf{C}_i \mathbf{x}(t) \quad (\text{II.8b})$$

Les matrices \mathbf{A}_i , \mathbf{B}_i et \mathbf{C}_i caractérisant un fonctionnement local particulier. Avec cette structure, apparaît uniquement l'état global \mathbf{x} et la sortie globale \mathbf{y} . On peut faire apparaître un état local x_i en écrivant l'équation (II.8a) sous la forme :

$$\dot{x}_i(t) = \mathbf{A}_i x_i(t) + \mathbf{B}_i \mathbf{u}(t) \quad (\text{II.9a})$$

$$\dot{x}(t) = \sum_{i=1}^r \mu_i(z(t)) \dot{x}_i \quad (\text{II.9b})$$

Les variables d'état intermédiaires $x_i(t)$ ont été volontairement introduites dans (II.9) afin de mettre clairement en évidence, d'une part, la notion de sous-modèle et, d'autre part, le mécanisme d'interpolation utilisé dans la prise en compte de la contribution respective de chaque sous-modèle. En effet, d'après (II.9b), l'état global x couple tous les états x_i par le mélange des équations dynamiques des sous-modèles.

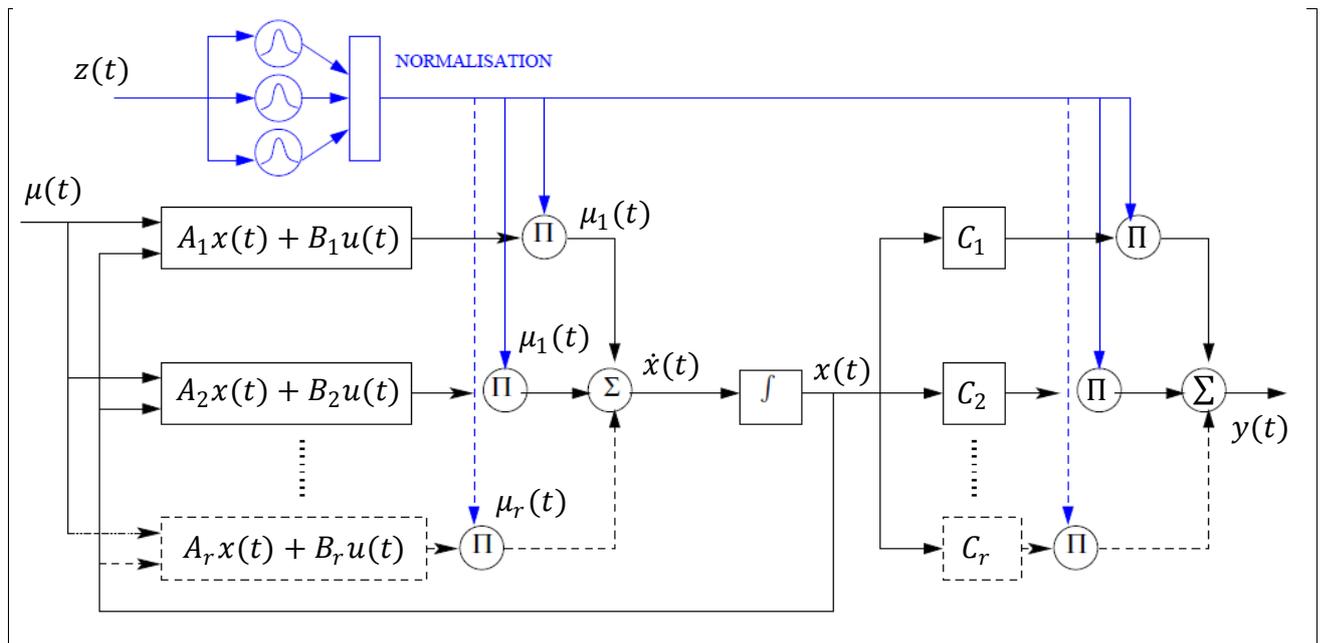


Figure II-1 Architecture du multimodèle Takagi-Sugeno [Bez 13]

Présentons aussi quelques modèles qui sont apparus au cours du temps et qui ont une structure pouvant se rapprocher de celle présentée ici. Les points communs, ainsi que les différences seront énoncés brièvement pour chaque modèle évoqué

1) Modèle affine par morceaux

Ce type de modèle (PWA - PieceWise Affine model) est caractérisé par des fonctions de pondération de type booléen [Son 81]. Ce choix est une conséquence du fait que les zones de fonctionnement obtenues après le partitionnement de l'espace de fonctionnement sont disjointes, ce qui peut provoquer des phénomènes indésirables dus aux discontinuités existantes lors des commutations.

2) Réseaux de fonctions à base radiale (Radial basis function networks)

Il a été montré que, sous certaines restrictions, les réseaux de fonctions à base radiale sont équivalents au multimodèle de T.S. [Hun 96]. En effet, l'équivalence entre les modèles est

assuré si les fonctions de pondération utilisées sont de type gaussien et si les sous-modèles se réduisent à une constante w_i (sous-modèles d'ordre 0). Ce type de modèle possède en outre la propriété d'approximation universelle, n'importe quel système non linéaire pouvant être représenté par cette structure. Cette approche revêt néanmoins deux inconvénients principaux, à savoir le nombre important de sous-modèles nécessaires à l'obtention d'une approximation satisfaisante du système non linéaire et l'exploitation délicate du modèle obtenu.

3) Modèles flous de Takagi-Sugeno

Ce type de modèle, proposé par Takagi et Sugeno [Tak 85] dans les années 80, a donné lieu à de nombreux développements. Il a en particulier permis d'envisager l'extension des outils classiques de l'automatique aux modèles flous. Ce type de modélisation repose sur des règles du type : **si** prémisse **alors** conséquence, où les prémisses sont obtenues à partir de propositions linguistiques permettant l'évaluation des pondérations $\mu_i(.)$ et où les conséquences sont le plus souvent des fonctions affines qui correspondent aux sous-modèles. Parmi les multiples intérêts offerts par ce modèle figure le fait qu'il permet d'introduire des connaissances a priori sur le système dans l'étape de modélisation de façon à fournir une partition floue initiale de son espace de fonctionnement. De plus, il a été montré qu'un modèle flou de Takagi-Sugeno peut caractériser de façon exacte (il ne s'agit pas d'une approximation) un modèle non linéaire dans un compact de l'espace des variables de prémisses [Tan 96]. Dans ce contexte bien particulier, le modèle obtenu peut être attaché à la réalité et exploité pour expliquer et analyser les phénomènes du système.

4) Multimodèles (Local Model Networks)

Largement popularisés depuis les travaux de Murray-Smith et Johansen [Mur 97], les multimodèles représentent aujourd'hui un outil privilégié dans la modélisation de systèmes en présence de régimes de fonctionnement multiples. Le multimodèle et le modèle flou de Takagi-Sugeno recouvrent des notions très proches. En effet, si le nombre de règles est égal au nombre de sous-modèles alors ces deux approches sont identiques. Seuls le moyen employé pour obtenir les fonctions de pondération $\mu_i(.)$ et l'interprétation qu'on en donne les distinguent. Pour les modèles flous, le partitionnement de l'espace de fonctionnement du système fait souvent appel à la connaissance d'experts de manière à obtenir des propositions linguistiques conduisant à des sous-ensembles flous. Pour les multimodèles, le partitionnement de l'espace de fonctionnement du système est opéré à l'aide de techniques d'optimisation

5) Modèles linéaires à paramètres variantes (LPV)

De nombreux systèmes peuvent être décrits par des systèmes linéaires dont les paramètres varient au cours du temps (LPV) [Sha 93]. Dans l'approche classique de modélisation LPV, les fonctions de pondération ne sont pas utilisées : ce sont les variables de décision $\xi(t)$ qui servent à décrire les conditions de fonctionnement du système. La variable $\xi(t)$ est une variable exogène ou endogène du système, accessible par mesure et variant dans un ensemble compact de bornes connues. Si $\xi(t)$ est un signal endogène au système, la sortie par exemple, on parle alors de systèmes quasi-LPV. En pratique cependant, les systèmes LPV et quasi-LPV sont analysés de façon similaire. La structure (II.9) est une forme particulière de modèle LPV où les fonctions de pondération délivrent les lois d'évolution des paramètres.

6) Modèles linéaires à incertitudes polytopiques

Dans ce contexte, les matrices représentant le système ne sont pas parfaitement connues mais varient dans un intervalle de bornes connues. Les différentes erreurs de modélisation du système sont représentées par un ensemble de matrices appelées matrices sommets. Le comportement du système est finalement modélisé en considérant une combinaison barycentrique des matrices sommets. Les matrices décrivant le comportement nominal du système appartiennent ainsi à un polytope de matrices défini comme l'enveloppe convexe des matrices sommets. Le lien avec la structure (II.9) s'établit en considérant les matrices des sous-modèles comme les matrices sommets.

II.5.2. Multimodèle découplé

L'agrégation des sous-modèles peut s'effectuer par le biais d'un deuxième mécanisme d'interpolation. [Fil 91] propose un multimodèle, issu de l'agrégation de sous-modèles, qui se présente sous la forme d'une structure à états découplés. Le multimodèle découplé apparaît dans la littérature sous différentes appellations : réseaux de modèles locaux à états locaux (local-state local model network), multimodèles locaux (Multiple Local Model), réseaux de modèles locaux par mélange des sorties (local model network by blending the outputs), multimodèles sans état commun (Multiple model with non common state), NFDfDS (Neuro-Fuzzy and De-coupling Fault Diagnosis Scheme).

La représentation dans l'espace d'état de ce multimodèle est donnée par (Figure II-2) :

$$\mathbf{x}_i(t+1) = \mathbf{A}_i \mathbf{x}_i(t) + \mathbf{B}_i \mathbf{u}(t) \quad (\text{II.10a})$$

$$\mathbf{y}_i(t) = \mathbf{C}_i \mathbf{x}_i(t) \quad (\text{II.10b})$$

$$\mathbf{y}(t) = \sum_{i=1}^r \mu_i(\mathbf{z}(t)) \mathbf{y}_i(t) \quad (\text{II.10c})$$

où $x_i \in \mathbb{R}^{n_i}$ et $y_i \in \mathbb{R}^{p_i}$ sont respectivement le vecteur d'état et le vecteur de sortie du $i^{\text{ème}}$ sous-modèle et $u \in \mathbb{R}^m$ et $y \in \mathbb{R}^p$ sont respectivement le vecteur de commande et le vecteur de sortie.

L'appellation "multimodèle découplé" provient du mécanisme d'interpolation mis en jeu lors de la prise en compte des contributions respectives des sous-modèles. Cette prise en compte s'effectue en effet à travers la somme pondérée des sorties des sous-modèles, sans mélange des paramètres. Chaque sous-modèle possède par conséquent un espace d'état qui lui est propre et dans lequel il évolue indépendamment en fonction de son état initial et du signal de commande appliqué

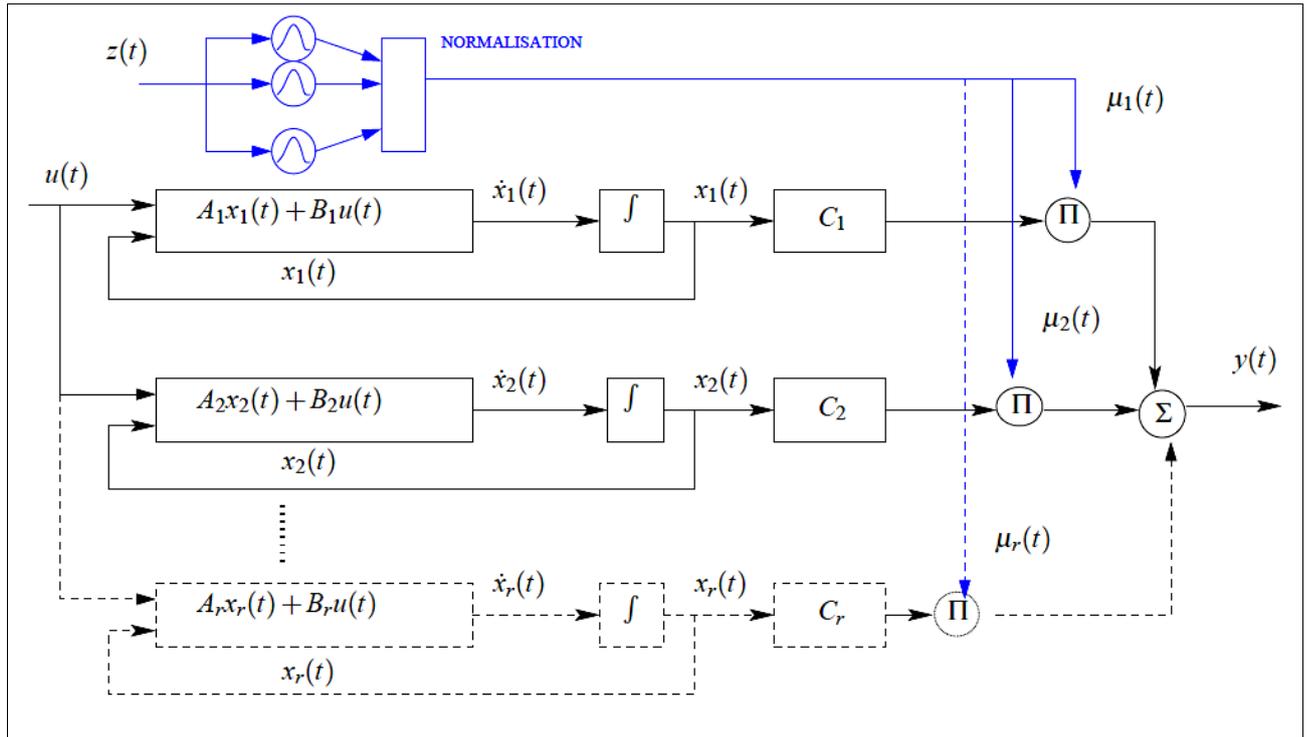


Figure II-2 Architecture du multimodèle découplé [Bez 13]

Remarquons que contrairement au multimodèle de T.S., la notion de sous-modèle est ici clairement mise en évidence, la non-linéarité introduite par les fonctions poids ne se trouvant qu'au niveau de l'équation de sortie. De ce fait, ce multimodèle peut être perçu comme une classe particulière de modèles à blocs structurés. En effet, la structure du multimodèle se présente sous la forme d'un arrangement en parallèle de modèles de type Wiener où les éléments dynamiques linéaires sont les sous-modèles et les éléments statiques non linéaires sont les fonctions de pondération. La structure du multimodèle découplé peut être alors généralisée en faisant appel à d'autres types de blocs structurés tels que les modèles de type Hammerstein-Wiener :

$$x_i(t + 1) = A_i x_i(t) + B_i u_i(z(t)) u(t) \tag{II.11a}$$

$$y_i(t) = C_i x_i(t) \tag{II.11b}$$

$$\mathbf{y}(t) = \sum_{i=1}^r \mu_i(\mathbf{z}(t)) \mathbf{y}_i(t) \quad (\text{II.11c})$$

Dans ce cas, l'entrée de chaque sous-modèle est modifiée par une fonction de pondération et la sortie du multimodèle est obtenue par la somme pondérée des sorties des sous-modèles.

Il convient toutefois de souligner que les sorties $y_i(t)$ des sous-modèles sont des "signaux artificiels de modélisation" utilisés seulement pour décrire le comportement non linéaire du système réel. Ces signaux, inaccessibles à la mesure et dépourvus d'un quelconque sens physique, ne sont reliés au système réel que par leur somme pondérée.

La philosophie portée par cette approche vise la conservation d'un découplage entre les parties dynamiques des sous-modèles quelle que soit leur structure interne. Il est alors possible d'introduire d'une façon générale des sous-modèles à structures complètement différentes de type linéaire ou non linéaire comportant des nombres d'états différents, à condition toutefois que les dimensions des sorties soient compatibles.

La structure du multimodèle découplé revêt l'avantage de prendre en compte les changements structurels du système non linéaire occasionnés par son régime de fonctionnement. En effet, la dimension de chaque sous-modèle peut s'ajuster à la complexité du système dans la zone de fonctionnement à caractériser. Cette caractéristique accroît le degré de flexibilité et de généralité du multimodèle découplé. Cette structure de multimodèle se révèle par conséquent bien adaptée à la modélisation des systèmes complexes qui exhibent de fortes non-linéarités et subissent des changements structurels. De plus, dans un contexte d'identification, le nombre des paramètres à identifier peut être considérablement réduit en ajustant judicieusement les dimensions des sous-modèles. Cet ajustement épargne une description fine et uniforme de l'espace de fonctionnement du système.

Cette structure de multimodèle peut être facilement reliée aux schémas classiquement employés dans une stratégie de commande adaptative par séquençement de gains (gain scheduling strategy) largement étudiée dans la littérature [Nar 02]. Dans cette stratégie de commande, un correcteur est synthétisé à partir d'un modèle linéaire du système autour d'un point de fonctionnement particulier.

L'objectif est de déterminer en ligne le modèle le plus apte à caractériser le comportement du système à un instant donné et de choisir le correcteur associé. Le contrôleur est sélectionné en considérant le sous-modèle qui présente l'indice de performance $J_i(t)$ le plus faible en fonction des erreurs $e_i = y(t) - y_i(t)$:

$$J_i(t) = \alpha e_i^2(t) + \beta \sum_{j=0}^t e^{\lambda(t-j)} e_i^2(j), \quad \alpha \geq 0, \quad \beta, \lambda > 0 \quad (\text{II.12})$$

où j est l'indice du temps et où α et β sont des facteurs de pondération sur les mesures instantanées et précédentes. Le facteur d'oubli λ détermine la mémoire de l'indice de performance dans un environnement de commutation rapide et assure la bornitude de $J_i(t)$ pour une erreur e_i bornée. Le choix des pondérations α , β et λ détermine la vitesse de commutation entre les modèles. Un seul sous-modèle est alors pris en compte à chaque instant pour construire la sortie du multimodèle. Par conséquent, des transitions brusques entre les sous-modèles peuvent produire des discontinuités dans la sortie du multimodèle. Cette approche offre des résultats satisfaisants à condition toutefois de prendre en compte des variations très lentes d'un point de fonctionnement à un autre. Le rôle des fonctions de pondération, dans le cas du multimodèle découplé, est d'assurer un changement progressif entre les contributions des sous-modèles.

II.5.3. Comparaison entre les multimodèles

Les structures du multimodèle de T.S. et du multimodèle découplé ont été présentées au cours des deux sections précédentes. La différence entre ces deux modèles provient de la façon dont les sous-modèles sont combinés. La sortie du multimodèle de T.S. est construite en mélangeant les paramètres des sous-modèles. Les propriétés dynamiques de ce multimodèle (amortissement, gain, etc.) sont par conséquent directement affectées par la valeur prise par la variable de décision ξ au cours du temps. En effet, ces variations modifient les valeurs propres de la matrice d'évolution du multimodèle. Quant à la sortie du multimodèle découplé elle est élaborée en combinant les sorties des sous-modèles. Les propriétés dynamiques des sous-modèles ne sont pas de ce fait affectées par les fonctions de pondération. Chaque structure de multimodèle peut ainsi présenter, selon le contexte d'utilisation, à la fois avantages et inconvénients.

II.5.4. Autres structures de multimodèles

1) Multimodèle hiérarchisé ou hyper-multimodèle

Un hyper-multimodèle ou multimodèle hiérarchisé est un multimodèle de multimodèles. Ce type de structure vise à réduire la complexité du multimodèle global et à améliorer l'interprétation de chaque multimodèle. Il est ainsi possible de modéliser des systèmes de grande dimension à partir d'une décomposition en sous-systèmes modifiables à leur tour par un multimodèle. Pour de plus amples détails, le lecteur est invité à consulter [Wan 98].

2) Velocity-based multiple model networks

Si une forme analytique du modèle non linéaire d'un système est disponible, alors des linéarisations successives autour de différents points de fonctionnement du système peuvent conduire à l'obtention d'un multimodèle. En règle générale, les sous-modèles ainsi obtenus présentent une structure affine en l'état et en la commande avec un terme constant (off-set) supplémentaire provenant de la linéarisation du système.

Ces deux classes de multimodèles qui représentent des extensions directes des structures abordées précédemment. Toutefois, d'autres structures de multimodèles (p. ex. les multimodèles à structures récurrentes) peuvent être envisagées selon le type de vecteur de régression utilisé

II.6. Méthodes d'obtention d'un multimodèle

Les multimodèles représentent les systèmes non linéaires. Chaque modèle local est un système dynamique LTI (Linéaire à Temps Invariant) valide autour d'un point de fonctionnement. De façon pratique, ces modèles sont obtenus par identification, par linéarisation autour de différents points de fonctionnement (dans ce cas il s'agit de modèles locaux affines dus à la présence de la constante de linéarisation) ou par transformation polytopique convexe.

Trois méthodes distinctes peuvent être employées pour l'obtention d'un multi-modèle[Cha 10]:

II.6.1. Par identification

Les modèles boîte noire sont identifiés à partir des données sur les entrées et sur les sorties autour de différents points de fonctionnement.

II.6.2. Par linéarisation

On obtient souvent des modèles non linéaires très complexes. Ce qui rend la tâche de la commande toujours plus complexe. Afin de remédier à ce problème, il faut toujours linéariser ces modèles. Cette approximation permet ainsi d'étudier un système ayant un comportement non linéaire en le représentant par un seul modèle linéaire (linéarisé tangent autour d'un point d'équilibre). L'inconvénient d'une telle approche est son aspect uniquement local; le modèle linéaire n'est qu'une description locale du comportement du système.

Dans ce cas, nous supposons disposer d'un modèle mathématique non linéaire du processus physique qu'on linéarise autour de différents points de fonctionnement. Considérons le système non linéaire suivant

$$\dot{\mathbf{x}}(t) = \mathbf{f}(\mathbf{x}(t), \mathbf{u}(t)) \quad (\text{II.13})$$

Avec $\mathbf{x}(t)$ le vecteur des variables d'état du système et $\mathbf{u}(t)$ son entrée. La fonction $\mathbf{f}(\mathbf{x}(t))$ est supposée continûment dérivable. La linéarisation de cette fonction autour d'un point de fonctionnement arbitraire $(\mathbf{x}_i, \mathbf{u}_i)$ est :

$$\dot{\mathbf{x}}(t) = \mathbf{A}_i \mathbf{x}(t) + \mathbf{B}_i \mathbf{u}(t) + \mathbf{d}_i \quad (\text{II.14})$$

Avec
$$\mathbf{A}_i = \left. \frac{\partial \mathbf{f}(\mathbf{x}(t))}{\partial \mathbf{x}(t)} \right|_{(\mathbf{x}(t)=\mathbf{x}_i)}, \mathbf{B}_i = \left. \frac{\partial \mathbf{f}(\mathbf{x}(t))}{\partial \mathbf{u}(t)} \right|_{(\mathbf{u}(t)=\mathbf{u}_i)}, \mathbf{d}_i = \mathbf{f}(\mathbf{x}_i, \mathbf{u}_i) - \mathbf{A}_i \mathbf{x}_i - \mathbf{B}_i \mathbf{u}_i$$

En supposant que les modèles locaux (dits aussi sous-modèles) sont issus d'une linéarisation autour de n points de fonctionnement, $(\mathbf{x}_i, \mathbf{u}_i)$ la formulation multi-modèle aboutit à

$$\dot{\mathbf{x}}(t) = \sum_{i=1}^n \mu_i(\mathbf{z}(t)) (\mathbf{A}_i \mathbf{x}(t) + \mathbf{B}_i \mathbf{u}(t) + \mathbf{d}_i) \quad (\text{II.15})$$

Où $\mu_i(\cdot)$ sont les fonctions d'activation à déterminer, $\mathbf{z}(t)$ est le vecteur des variables de décision dépendant des variables d'état mesurables et éventuellement de la commande $\mathbf{u}(t)$.

Rappelons que pour cette méthode le nombre de modèles dépend de la précision de modélisation souhaitée, de la complexité du système non linéaire et du choix de la structure des fonctions d'activation.

- **Exemple 1**

On considère le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = x_2 \\ \frac{dx_2}{dt} = -x_2 - x_1(x_1^2 - 1) \end{cases}$$

Ce système possède 3 points d'équilibre

$$\mathbf{A}_1 \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}; \mathbf{A}_2 \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ et } \mathbf{A}_3 \begin{pmatrix} -1 \\ 0 \end{pmatrix}$$

La matrice jacobienne obtenue pour chaque point d'équilibre $\frac{\partial \mathbf{f}}{\partial \mathbf{x}}$ est

$$\begin{bmatrix} 0 & 1 \\ 1 & -1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ -2 & -1 \end{bmatrix} \text{ Et } \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ -2 & -1 \end{bmatrix}$$

II.6.3. Par transformation

Une approche globale basée sur de multiples modèles LTI (linéaires ou affines) autour de différents points de fonctionnement a été élaborée ces dernières années. L'interpolation de ces

modèles locaux à l'aide de fonctions d'activation normalisées permet de modéliser le système global non linéaire. Cette approche, dite multimodèles, s'inspire des modèles flous de type Takagi-Sugeno (T-S).

Dans la littérature, on peut distinguer deux classes principales de modèles flous : le modèle flou de Mamdani et le modèle flou de T-S. La principale différence entre ces deux modèles réside dans la partie conséquence. Le modèle flou de Mamdani utilise des sous-ensembles flous dans la partie conséquence alors que le modèle flou de T-S utilise des fonctions (linéaires ou non linéaires) des variables mesurables. Dans le modèle T-S, la partie conséquence est un modèle linéaire (représentation d'état, modèle autorégressif). Afin d'exploiter la théorie très riche des modèles LTI, le modèle de T-S dont la partie conséquence est un modèle linéaire en représentation d'état est de loin le plus utilisé en analyse et commande.

Ces dernières années, L'approche multimodèle a attiré l'attention de la communauté des automaticiens. Ce choix est motivé par le désir de faciliter la résolution des problèmes d'analyse et de commande.

Nous proposons d'étudier cette transformation dans le cas général d'un système non linéaire affine en la commande:

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = f(x(t), u(t)) \\ y(t) = h(x(t)) \end{cases} \quad (\text{II.16})$$

Avec $y(t)$ la sortie du système.

La méthode est basée sur une transformation polytopique convexe de fonctions scalaires origine du non linéarité. L'avantage d'une telle méthode est de ne pas engendrer d'erreur d'approximation et de réduire le nombre de modèles par rapport à la méthode de linéarisation.

La méthode présentée est basée uniquement sur la bornitude des termes non linéaires. En effet, soit $S(t)$ une fonction bornée de $[a, b]$ vers \mathbb{R} pour tout $x(t) \in [a, b]$ avec $(a, b) \in \mathbb{R}^2$. Alors il existe deux fonctions

$$\begin{aligned} S_i(\cdot) : [a, b] &\rightarrow \mathbb{R} \\ x(t) &\mapsto S_i(x) \end{aligned}$$

Avec

$$S(x) = \alpha S^1(x) + \beta S^2(x) \text{ Et } S^1(x) + S^2(x) = 1, \forall (\alpha, \beta) \quad (\text{II.17})$$

Une décomposition évidente consiste à considérer sur $[a, b]$

$$\alpha \leq S(x) \leq \beta$$

Avec

$$\alpha = \min_{x(t) \in [a,b]} S(x), \beta = \max_{x(t) \in [a,b]} S(x)$$

Et

$$S_1(x) = \frac{\beta - S(x)}{\beta - \alpha}, S_2(x) = \frac{S(x) - \alpha}{\beta - \alpha} \quad (\text{II.18})$$

Rappelons que dans le contexte de la synthèse de r égulateurs par analyse convexe, le nombre de contraintes LMI (Linear Matrix Inequalities) d épend du nombre de mod èles locaux. La r éduction de ce nombre, d épendant de la m éthode de transformation, est synonyme de moins de conservatisme. Ces m éthodes s'appliquent également au cas continu qu'au cas discret.

- **Exemple2 [Cha 10]**

Considérons le mod èle non lin éaire au temps continu

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = A(x(t))x(t) + Bu(t) \\ y(t) = Cx(t) \end{cases}$$

Avec

$$x(t) = \begin{bmatrix} x_1(t) \\ x_2(t) \end{bmatrix}, A(x(t)) = \begin{bmatrix} -1 & \sin(x_2(t)) \\ 2 & -3 \end{bmatrix}, B = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix}, C = [0 \ 2]$$

La m éthode de transformation propos ée est bas ée sur la bornitude des termes continus non lin éaires.

$h(x_2(t)) = \sin(x_2(t))$ repr ésentele terme non lin éaire born é pour tout $x(t)$ par $-1 \leq h(x_2(t)) \leq 1$

En effet nous pouvons écrire

$$h(x_2(t)) = -1 \cdot h_1(x_2(t)) + 1 \cdot h_2(x_2(t))$$

Avec

$$h_1(x_2(t)) + h_2(x_2(t)) = 1$$

Ce qui permet d'obtenir

$$h_1(x_2(t)) = \frac{1 - \sin(x_2(t))}{2}, h_2(x_2(t)) = \frac{1 + \sin(x_2(t))}{2}$$

Par conséquent

$$h_1(x_2(t)) = h_1(x_2(t))A_1 + h_2(x_2(t))A_2$$

Avec

$$A_1 = \begin{bmatrix} -1 & -1 \\ 2 & -3 \end{bmatrix}, A_2 = \begin{bmatrix} -1 & 1 \\ 2 & -3 \end{bmatrix}$$

En effet, la repr ésentation équivalente au mod èle non lin éaire, est

$$\dot{x}(t) = \sum_{i=1}^2 h_i(z(t)) (A_i x(t) + Bu(t))$$

On va maintenant simuler les 2 mod èles : le mod èle non lin éaire et le multi mod èle puis comparer les résultats obtenus en traçant l'erreur entre les deux courbes.

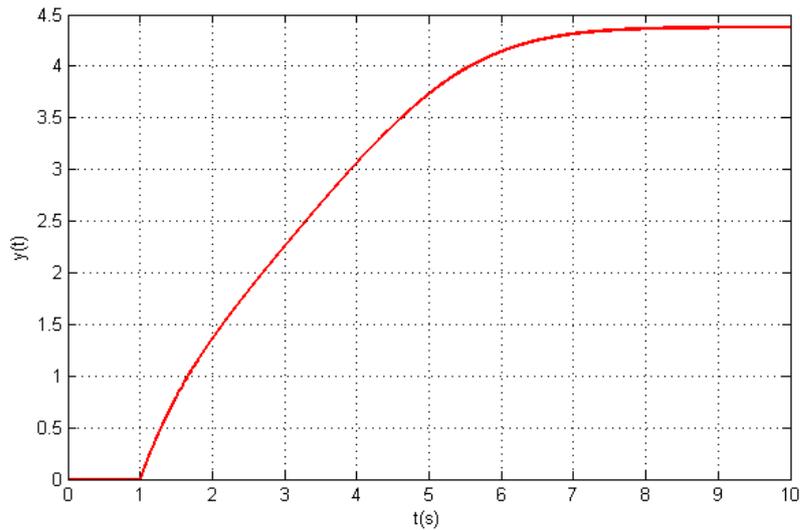


Figure II-3 courbe du modèle non linéaire et du multimodèle

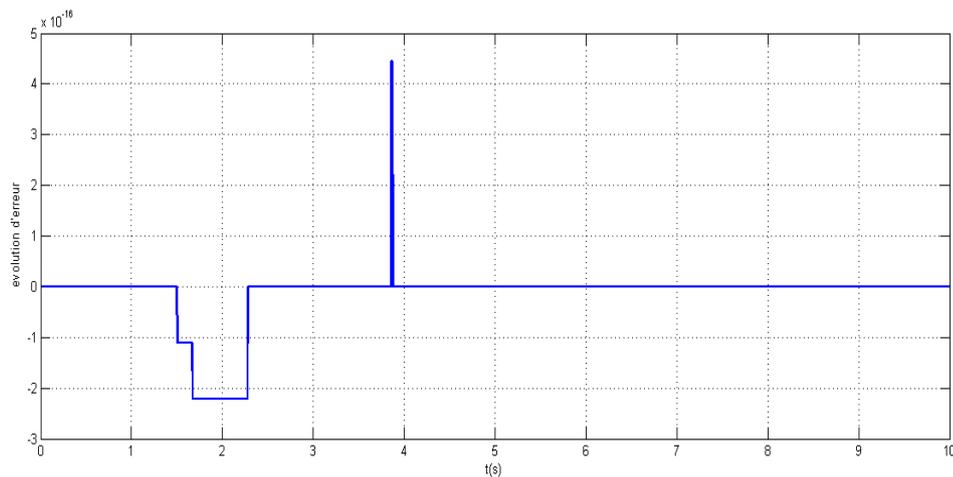


Figure II-4 l'erreur entre le modèle non linéaire le multimodèle

• Exemple 3[Cha 10]

Considérons le modèle non linéaire affine en la commande avec :

$$A = \begin{bmatrix} 1 & \sin(x_1(t)) \\ 2 & -3 \end{bmatrix}, B = \begin{pmatrix} 1 \\ x_2^2(t) \end{pmatrix}, C = (x_2^2(t) \quad 0) \text{ et } D = 0$$

On prend $E(x(t)) = \begin{pmatrix} A(x(t)) & B(x(t)) \\ C(x(t)) & D(x(t)) \end{pmatrix}$

L'objectif est d'écrire $E_i = \begin{pmatrix} 1 & e_{12}^{(i)} & 1 \\ 2 & -3 & e_{23}^{(i)} \\ e_{31}^{(i)} & 0 & 0 \end{pmatrix}$

Les scalaires $e_{ij}^{(i)}$ sont les bornes issues de la transformation des termes non constants de la matrice $E(x(t))$. Dans cet exemple on a 2 termes non constants :

$$h_1(x_1(t)) = \sin(x_1(t))$$

Et

$$h_2(x_2(t)) = x_2^2(t)$$

Le premier terme non constant $h_1(x_1(t))$ est borné sur l'intervalle $[-1,1]$ par contre pour le second on doit définir un intervalle sur lequel on travaille. Si on travaille sur l'intervalle $[-a, a]$ avec $a > 0$, la courbe obtenue est une parabole bornée sur l'intervalle $[0, a^2]$.

Donc :

$$\text{Pour la première } h_1(x_1(t)) = (-1) \cdot F_1^1(x_1) + (1) \cdot F_1^2(x_1)$$

$$\text{Et } F_1^1(x_1) + F_1^2(x_1) = 1$$

$$\text{Ceci donne : } F_1^1 = \frac{1 - \sin(x_1(t))}{2} \text{ et } F_1^2 = \frac{1 + \sin(x_1(t))}{2}$$

$$\text{Pour la seconde } h_2(x_2(t)) = (0) \cdot F_2^1(x_2) + (a^2) \cdot F_2^2(x_2)$$

$$\text{Et } F_2^1(x_2) + F_2^2(x_2) = 1$$

$$\text{Ceci donne : } F_2^2 = \frac{x_2^2(t)}{a^2} \text{ et } F_2^1 = 1 - \frac{x_2^2(t)}{a^2}$$

On aboutit à 4 modèles obtenus à partir de 4 combinaisons possibles des bornes des termes non constants

$$E_1 = \begin{bmatrix} 1 & -1 & 1 \\ 2 & -3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}, E_2 = \begin{bmatrix} 1 & -1 & 1 \\ 2 & -3 & a^2 \\ a^2 & 0 & 0 \end{bmatrix}, E_3 = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 2 & -3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ et } E_4 = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 2 & -3 & a^2 \\ a^2 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

En prenant l'opérateur produit comme opérateur de conjonction, les fonctions d'activation, au nombre de 4, sont obtenus à partir des produits : $F_1^{1ou2} \cdot F_2^{1ou2}$

$$\mu_1(x(t)) = F_1^1(x_1) \cdot F_2^1(x_2) \text{ ça fait donc } \mu_1(x(t)) = \frac{1 - \sin(x_1(t))}{2} \left(1 - \frac{x_2^2(t)}{a^2}\right)$$

$$\mu_2(x(t)) = F_1^1(x_1) \cdot F_2^2(x_2) \text{ ça fait donc } \mu_2(x(t)) = \frac{1 - \sin(x_1(t))}{2} \frac{x_2^2(t)}{a^2}$$

$$\mu_3(x(t)) = F_1^2(x_1) \cdot F_2^1(x_2) \text{ ça fait donc } \mu_3(x(t)) = \frac{1 + \sin(x_1(t))}{2} \left(1 - \frac{x_2^2(t)}{a^2}\right)$$

$$\mu_4(x(t)) = F_1^2(x_1) \cdot F_2^2(x_2) \text{ ça fait donc } \mu_4(x(t)) = \frac{1 + \sin(x_1(t))}{2} \frac{x_2^2(t)}{a^2}$$

Dans cet exemple, la description multimodèle du système non linéaire n'est valide que dans le domaine $U = \mathbb{R}X[-a, a]$ de l'espace d'état. En effet $\forall x(t) \in U$, le multimodèle correspondant est

$$\begin{pmatrix} \dot{x}(t) \\ y(t) \end{pmatrix} = \sum_{i=1}^4 \mu_i(x(t)) \begin{pmatrix} A_i & B_i \\ C_i & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix}$$

Ça fait donc

$$\begin{pmatrix} \dot{x}(t) \\ y(t) \end{pmatrix} = \mathbb{Q}_1(x(t)) \begin{pmatrix} A_1 & B_1 \\ C_1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix} + \mathbb{Q}_2(x(t)) \begin{pmatrix} A_2 & B_2 \\ C_2 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix} + \mathbb{Q}_3(x(t)) \begin{pmatrix} A_3 & B_3 \\ C_3 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix} + \\ + \mathbb{Q}_4(x(t)) \begin{pmatrix} A_4 & B_4 \\ C_4 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix}$$

Donc la représentation équivalente au modèle non linéaire, est :

$$\begin{pmatrix} \dot{x}(t) \\ y(t) \end{pmatrix} = \frac{1 - \sin(\pi x_1(t))}{2} \left(1 - \frac{x_2^2(t)}{a^2}\right) \begin{bmatrix} 1 & -1 & 1 \\ 2 & -3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix} + \frac{1 - \sin(\pi x_1(t)) x_2^2(t)}{2 a^2} \begin{bmatrix} 1 & -1 & 1 \\ 2 & -3 & a^2 \\ a^2 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix} + \\ + \frac{1 + \sin(\pi x_1(t))}{2} \left(1 - \frac{x_2^2(t)}{a^2}\right) \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 2 & -3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix} + \\ + \frac{1 + \sin(\pi x_1(t)) x_2^2(t)}{2 a^2} \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 2 & -3 & a^2 \\ a^2 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x(t) \\ u(t) \end{pmatrix}$$

On a fait une simulation par Simulink de ce système pour une entrée constante et on a trouvé que le terme $x_2^2(t)$ varie entre 0 et 2500 comme on le voit sur la figure ci-dessous.

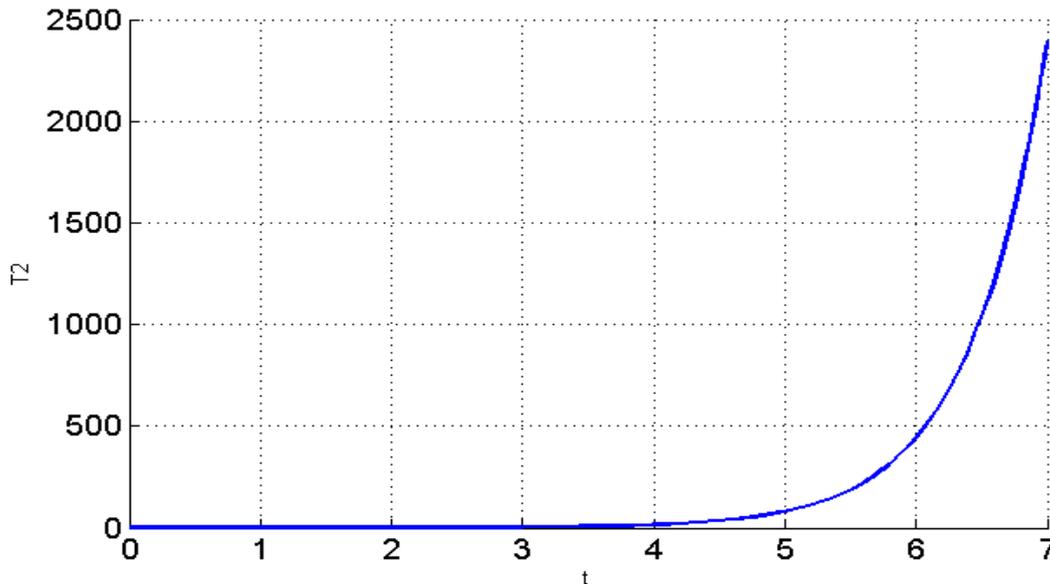


Figure II-5 Terme T2

Puis on a relevé l'erreur sur la variable d'état x_1 sur la Figure II-6 et on l'a trouvée nulle

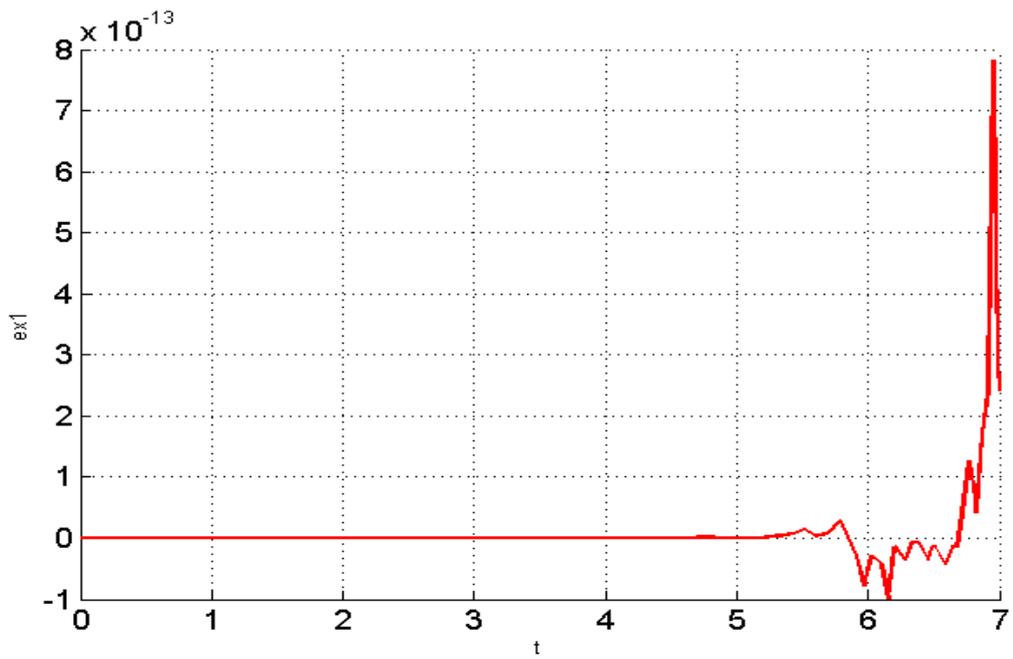


Figure II-6 Erreur sur la variable d'état x_1

De la même manière que précédemment on a relevé l'erreur sur la variable d'état x_2 sur la figure et on l'a trouvée nulle.

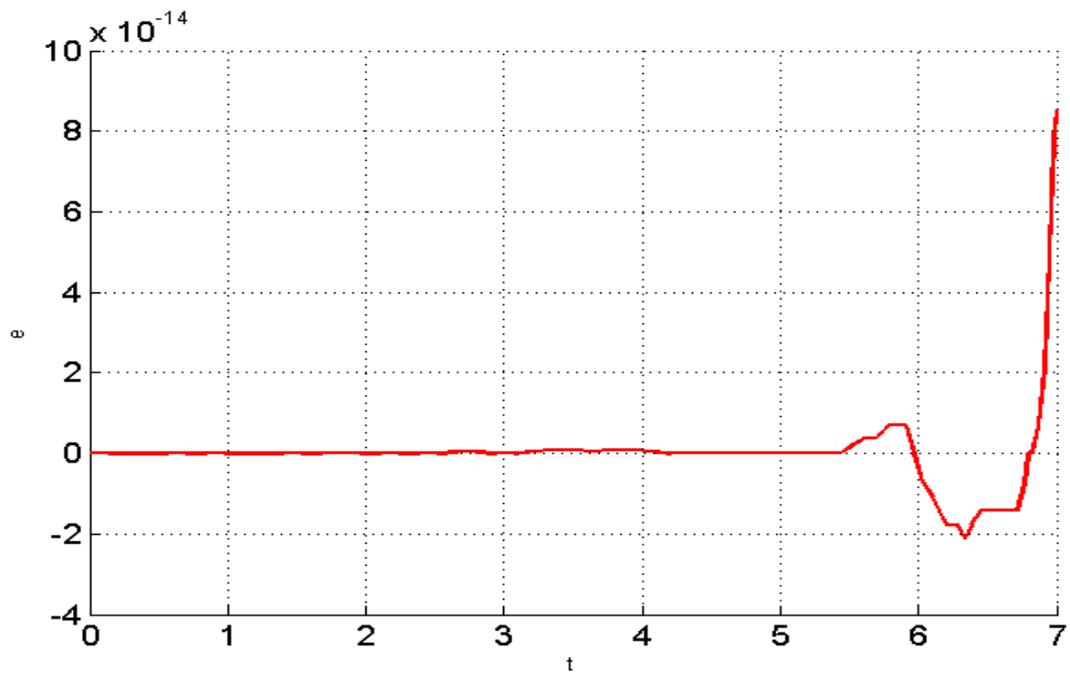


Figure II-7 Erreur sur la variable d'état x_2

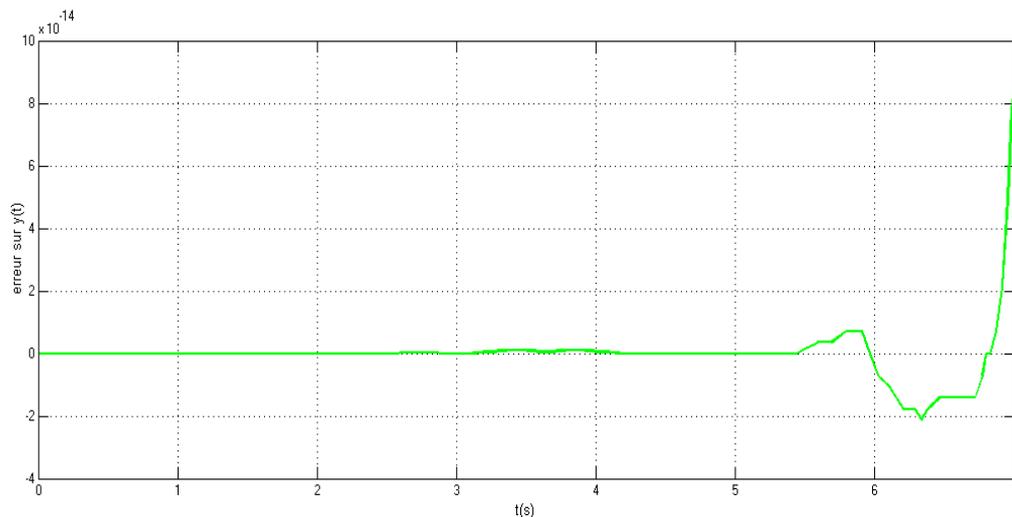


Figure II-8 Erreur sur la variable d'état $y(t)$

Finalement puisque toutes les erreurs sont nulles on déduit que le multimodèle représente bien le modèle non linéaire.

II.6.4. Les différentes étapes suivies

- On commence par définir les termes non linéaires dans la représentation dans l'espace d'état
- On détermine les valeurs minimales et maximales de chaque terme non linéaire
- On calcule les fonctions d'appartenance à partir des termes non linéaires
- On écrit notre système dynamique comme la somme de modèles linéaires qui sont à la place des termes non linéaires, toutes les combinaisons possibles de leur valeurs maximum / minimum. Chaque terme de la somme étant multiplié par son degré de vérité (la multiplication des fonctions d'appartenance correspondantes)
- Le nombre de règles de logique floue obtenu est comme une puissance de 2, en fonction du nombre de termes non linéaires.

II.7. Conclusion

L'approche multimodèle épargne le recours à un modèle unique, complexe et bien souvent difficile à obtenir. Les multimodèles constituent un outil efficace, particulièrement bien adapté à la modélisation des systèmes non linéaires sur une large plage de fonctionnement. Ils permettent d'obtenir un modèle doté d'une structure mathématiquement attractive et capable d'appréhender avec précision la complexité du système. En effet, une large classe de systèmes peut être approché avec une précision imposée en augmentant le nombre des sous-modèles et en optimisant les fonctions de pondération. Les multimodèles offrent ainsi un excellent compromis entre complexité

précision, généralité et flexibilité

Ce chapitre a mis en avant deux structures de multimodèles, le multimodèle de T.S. et le multimodèle découplé. Dans la suite du mémoire, notre attention se portera exclusivement sur le multimodèle de T.S qui a l'avantage d'avoir une structure aux propriétés mathématiques particulièrement intéressantes du point de vue de l'automatique. Ils permettent donc de parvenir à un bon compromis entre complexité et simplicité.

Chapitre III

CHOIX DU PROCÉDE BIOTECHNOLOGIQUE

III.1. Introduction

La fermentation est une réaction biochimique de conversion de l'énergie chimique contenue dans une source de carbone (souvent du glucose) en une autre forme d'énergie directement utilisable par la cellule en l'absence de d'oxygène (milieu anaérobie). Comme le disait Louis Pasteur, « la fermentation, c'est la vie sans l'air. » C'est une simple réaction d'oxydoréduction où l'accepteur final d'électron est souvent le produit final. Elle se caractérise par une oxydation partielle du produit fermentescible, et donne lieu à une faible production d'énergie car la différence de potentiel d'oxydoréduction entre le donneur et l'accepteur d'électron est assez faible.

Un des organismes les plus fréquemment utilisés est la bactérie *Escherichia coli* (E.coli). Cependant un des problèmes rencontrés, lors de son utilisation, est la formation de métabolites secondaires tels que l'acétate. L'accumulation d'acétate provoque l'inhibition de la croissance des bactéries et diminue la production de protéines recombinantes. Dans l'article [Ake 01] *Escherichia coli* a été utilisé pour réaliser leurs expériences dont le but final est d'obtenir une productivité optimale avec une formation d'acétate minimale.

Il est possible d'affirmer que la modélisation des procédés biologiques sur lesquels se basent la fermentation de la bactérie *E. Coli*, est un exercice délicat, compte tenu de la complexité des différents phénomènes mise en jeu. En effet, il n'existe pas de lois caractérisant l'évolution des micro-organismes. D'autre part, la qualité du modèle, ainsi que sa structure devront avant tout correspondre à l'objectif pour lequel le modèle a été construit. En effet, un modèle peut être développé dans des buts très différents, qu'il faudra clairement identifier dès le départ. La construction de modèles biochimiques devient une tâche complexe qui demande normalement des compétences spécialisés. Dans la plupart des cas, le comportement au niveau microscopique, les interactions entre l'environnement et les métabolismes cellulaires ne sont pas connus en détail. Il est difficile de tenir compte de tous les facteurs qui peuvent influencer l'évolution des micro-organismes pour élaborer des modèles pour ces procédés.

III.2. Fermentation semi-continue (fed-batch)

La fermentation commence dans un petit volume de milieu de culture. La concentration initiale et le volume de milieu sont faibles. La fermentation démarre sans ajout de substrat, ce qui correspond à la fermentation discontinue. Lorsque la biomasse est en phase exponentielle de croissance, on introduit dans la cuve le substrat stérile. Le débit d'alimentation est réglé de façon, à ce que la concentration en substrat atteigne une valeur optimale, et corresponde à une étape de la phase exponentielle de croissance cellulaire. Si le débit est trop faible (figure IV.1), la concentration cellulaire augmente selon une courbe plus ou moins proche de celle correspondant à l'évolution de la croissance en discontinu. Si au contraire le débit d'alimentation est trop grand, la concentration en biomasse a tendance à diminuer (Figure III-1). Dans ces conditions, le volume du milieu de fermentation augmente rapidement, et la quantité totale de biomasse VX plus faiblement, car l'augmentation de volume V est plus importante que la diminution de la concentration en biomasse X [Scr 00].

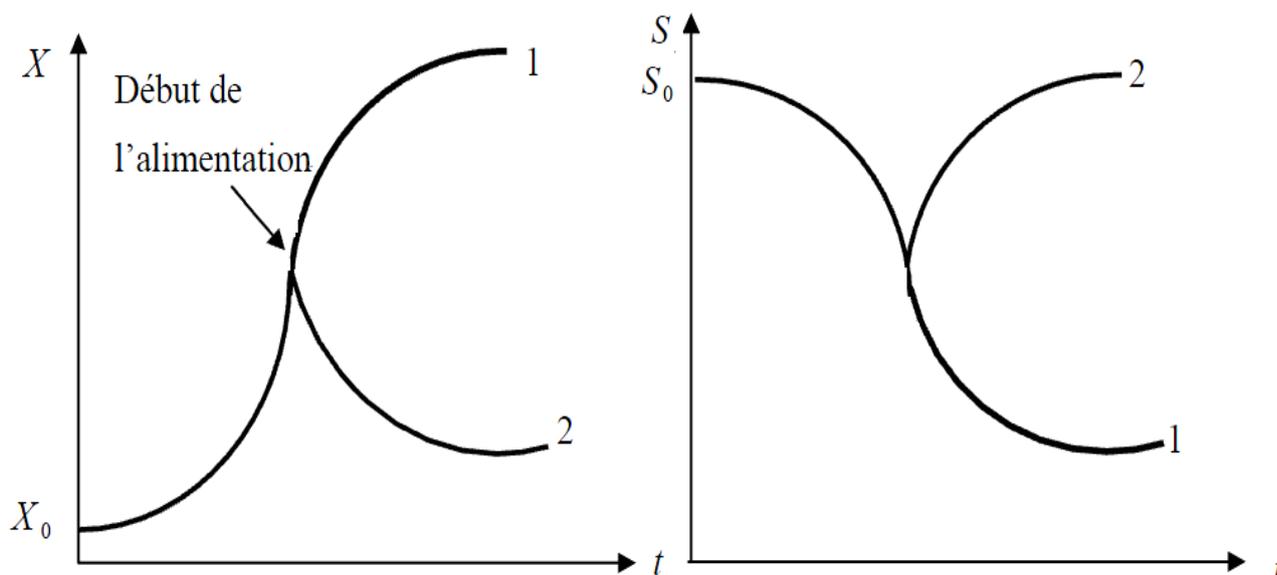


Figure III-1 : Évolution des concentrations en biomasse et substrat dans le fermenteur

- (1) débit d'alimentation faible.
- (2) débit d'alimentation élevé.

Ce mode de conduite est très utilisé en pratique. Il permet de gagner du temps et de ce fait d'améliorer la productivité de la cuve de fermentation. De plus, la composition du milieu d'alimentation peut être modifiée durant l'opération.

III.3. Description du processus

Le processus de fermentation considéré dans cette étude, comporte une souche d'*Escherichia coli*

génétiq uement modifié qui est cultivé dans un fermenteur conduit en mode semi continu [Ake01]. Le fermenteur est alimenté par le glucose qui est nécessaire à la croissance et la production cellulaire. L'air est injecté dans le fermenteur afin d'obtenir une fermentation aérobie où les micro-organismes (E.Coli) ont besoin d'oxygène pour leur développement. La condition de bien m élang é est assur ée par un agitateur, où la vitesse de rotation de cet agitateur permet de contr ôler le taux du transfert d'oxygène. La figure IV.2 donne un sch éma de fonctionnement du fermenteur.

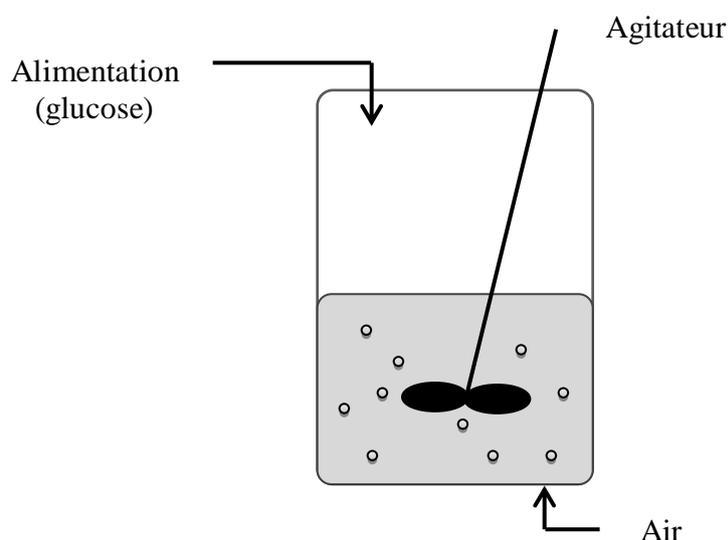


Figure III-2 Schéma de fonctionnement du fermenteur fed-batch

Dans les expériences de [Ake01] et [Ake99], le débit d'alimentation est réglé de façon à ne pas dépasser la valeur critique du taux d'assimilation spécifique du glucose par le micro-organisme (E.coli). Si cette valeur est dépassée, la concentration en glucose dans le milieu est trop élevée pour la biomasse et la production d'acétate est observée. Alors dans cette application, la biomasse cultivée est la bactérie E. Coli et sa concentration dans le fermenteur est notée par X , le substrat qui sert à alimenter la biomasse est le glucose et sa concentration dans le fermenteur est noté par G , le produit qui va apparait est l'acétate et sa concentration dans le fermenteur est noté par A , ainsi la concentration d'oxygène consommé par la biomasse est noté par C_o .

III.4. Modélisation mathématique du processus

Considérons un bioréacteur infiniment mélangé conduit en mode fed-batch au sein duquel une population de micro-organismes (E. Coli) X , se développe en consommant du glucose G et l'oxygène C_o en produisant un produit (Acétate) [Ake 01]. Généralement le modèle dynamique d'un tel procédé découle directement de l'expression de bilans de matières appliquée aux différentes variables du bioréacteur, auquel s'ajoute l'équation décrivant la variation du volume réactionnel.

On rappelle que dans le fermenteur de type fed-batch, il n'y a pas de soutirage ($F_{out} = 0$) et on note le débit d'alimentation F_{in} par F . Le débit d'alimentation en substrat varie selon le volume injecté dans le bioréacteur en fonction du temps tel qu'il a été présenté par l'équation suivante :

$$\frac{dV}{dt} = F \quad (\text{III.1})$$

La variation de la quantité de biomasse dans le fermenteur dépend du taux de croissance du micro-organisme. De plus, elle dépend du volume du milieu et de la concentration en biomasse dans le fermenteur. Le taux de croissance dépend de la concentration du glucose et de l'acétate.

$$\frac{d[VX]}{dt} = \mu(G)VX \quad (\text{III.2})$$

La variation de la quantité du substrat (glucose) dans le bioréacteur dépend du débit d'alimentation et de la concentration en glucose dans l'alimentation, ainsi que du taux d'assimilation spécifique du glucose, du volume de culture et de la concentration en biomasse. Le taux spécifique du glucose dépend de la concentration du glucose.

$$\frac{d[VG]}{dt} = FG_{in} - q_g(G)VX \quad (\text{III.3})$$

Enfin, la variation de la quantité d'oxygène dans le bioréacteur est fonction du coefficient de transfert d'oxygène, le taux spécifique d'oxygène. Le taux spécifique d'oxygène dépend de la concentration du glucose et celle de l'acétate. Le coefficient de transfert d'oxygène est ici fonction de la vitesse d'agitation.

$$\frac{d[VC_o]}{dt} = K_{La}(N)V(C_o^* - C_o) - q_o(G)VX \quad (\text{III.4})$$

Ainsi le modèle obtenu du fermenteur peut être exprimé par le système ci-dessous :

$$\begin{cases} \frac{dV}{dt} = F \\ \frac{d[VX]}{dt} = \mu(G)VX \\ \frac{d[VG]}{dt} = FG_{in} - q_g(G)VX \\ \frac{d[VC_o]}{dt} = K_{La}(N)V(C_o^* - C_o) - q_o(G)VX \end{cases} \quad (\text{III.5})$$

Après la dérivation du système ((III.5) on obtient le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dV}{dt} = F \\ X \frac{dV}{dt} + V \frac{dX}{dt} = \mu(G) VX \\ G \frac{dV}{dt} + V \frac{dG}{dt} = FG_{in} - q_g(G) VX \\ C_o \frac{dV}{dt} + V \frac{dC_o}{dt} = K_{La}(N) V (C_o^* - C_o) - q_o(G) VX \end{cases} \quad \text{(III.6)}$$

En remplaçant $\frac{dV}{dt}$ par son expression dans les 4 dernières équations du système :

$$\begin{cases} XF + V \frac{dX}{dt} = \mu(G) VX \\ GF + V \frac{dG}{dt} = FG_{in} - q_g(G) VX \\ C_o F + V \frac{dC_o}{dt} = K_{La}(N) V (C_o^* - C_o) - q_o(G) VX \end{cases} \quad \text{(III.7)}$$

À partir de ce système, on peut faire le passage vers le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dX}{dt} = \mu(G) X - \frac{F}{V} X \\ \frac{dG}{dt} = \frac{FG_{in}}{V} - \frac{FG}{V} q_g(G) X \\ \frac{dC_o}{dt} = K_{La}(N) (C_o^* - C_o) - \frac{FC_o}{V} - q_o(G) X \end{cases} \quad \text{(III.8)}$$

On observe dans le système que les variables d'état apparaissent clairement.

En pratique, les capteurs ne mesurent pas la concentration d'oxygène C_o mais la pression partielle en oxygène dissous O directement reliée à la concentration d'oxygène par la relation de Henry.

$$O = HC_o \text{ et } O^* = HC_o^*$$

Le coefficient de transfert de l'oxygène dans le milieu K_{La} dépend de la vitesse de rotation du mobile d'agitation N . Ce coefficient a été approximé [Ake99] par une expression linéaire :

$$K_{La}(N) = \alpha(N - N_0) \quad \text{(III.9)}$$

Pour un fermenteur de laboratoire de 3 litres; $\alpha = 0,92 h^{-1} rpm^{-1}$ et $N_0 = 323 rpm$ donnent une bonne approximation pour une vitesse de rotation allant de 400 rpm à 1200 rpm.

III.5. Relations métaboliques

Dans le modèle mathématique qui a été présenté agissent des relations métaboliques ayant différentes expressions et qu'on va expliquer dans ce paragraphe :

Le glucose consommé par les cellules apporte l'énergie et les matières premières nécessaires à la croissance du micro-organisme. Le taux spécifique d'assimilation du glucose dépend de la concentration en glucose du milieu et suit l'équation de Monod :

$$q_g(G) = q_g^{\max} \frac{G}{k_s + G} \quad (\text{III.10})$$

Les valeurs des paramètres k_s et q_g^{\max} sont donnés dans le tableau en annexe.

La concentration en glucose du milieu va influencer l'assimilation spécifique du glucose du micro-organisme q_g .

La part d'assimilation du glucose nécessaire à la fonction de maintenance va être déterminée par une valeur minimum qui sera fixée par l'assimilation du glucose par le micro-organisme ou par un coefficient de maintenance qui est fonction du micro-organisme :

$$q_m = \min(q_g, q_{mc}) \quad (\text{III.11})$$

La consommation d'oxygène par le micro-organisme va aussi varier en fonction de q_g et du dépassement, ou non, de la valeur seuil q_g^{crit} :

Si $q_g \leq q_g^{\text{crit}}$: l'assimilation d'oxygène va être fonction de la quantité de glucose utilisée pour la croissance et la maintenance des cellules et de l'assimilation d'acétate :

$$q_o = (q_g - q_m)Y_{og} + q_m Y_{om} \quad (\text{III.12})$$

Si $q_g > q_g^{\text{crit}}$: l'assimilation d'oxygène est maximale et elle est toujours fonction de la quantité de glucose consommé pour la croissance et la maintenance des cellules. Cependant, l'acétate présent dans le milieu ne pourra pas être consommé, car le glucose est le substrat qui sera utilisé avant l'acétate (ceci est dû au micro-organisme).

$$q_o = (q_g - q_m)Y_{og} + q_m Y_{om} = q_o^{\max} \quad (\text{III.13})$$

Le taux de croissance μ va lui aussi varier en fonction du taux d'assimilation du glucose:

Si $q_g \leq q_g^{crit}$: le taux de croissance va être fonction de la quantité totale de glucose assimilé

$$\mu = (q_g - q_m)Y_{xg}^{ox} \quad (\text{III.14})$$

Si $q_g > q_g^{crit}$: une partie de la biomasse va être formée à l'aide de la voie oxydative et le reste sera formé à partir de la voie fermentative qui permet l'utilisation de l'excès.

$$\mu = (q_g^{crit} - q_{mc})Y_{xg}^{ox} + (q_g - q_g^{crit})Y_{xg}^{fe} \quad (\text{III.15})$$

III.6. Conclusions

Comme nous l'avons souligné, les phénomènes mis en jeu dans les procédés biologiques possèdent une dimension particulière par rapport aux exemples habituels de modélisation car ils relèvent du vivant. Le développement et la disponibilité d'un modèle mathématique décrivant les différents phénomènes biochimiques sur lesquels se basent les procédés biologiques de fermentation est une tâche délicate nécessitant des connaissances issues de domaines divers allant de la microbiologie aux mathématiques et à l'informatique. Il est bien connu que les processus métaboliques qui ont lieu dans les unités biologiques de fermentation, sont très nombreux et complexes. En effet, contrairement à la physique où il existe des lois connues depuis des siècles, la plupart des modèles en biologie reposent sur des lois empiriques. Toutefois, les recherches menées dans ce domaine ont cependant permis de mettre en évidence certains mécanismes biochimiques, du moins les plus influents. Loin d'être exhaustif, ce chapitre avait simplement pour objectif de présenter une introduction à la modélisation dynamique des procédés biologiques de fermentation de la bactérie *Escherichia coli* (*E. coli*) en utilisant l'approche des bilans de matière.

Chapitre IV

APPLICATION : OBTENSION DU MULTIMODELE

IV.1. Introduction

Afin d'illustrer la procédure de modélisation Takagi-Sugeno (TS) et les résultats obtenus pour un bioprocédé, on considère ici l'exemple d'un processus biotechnologie de fermentation de la bactérie *Escherichia coli* (*E. coli*) qui est représenté par le modèle dynamique (IV.1)

Deux tests de simulations sont considérés, le premier correspond au système non linéaire et le deuxième correspond au système linéarisé par la méthode de TS. Ces deux tests ont été effectués sous l'environnement Matlab/ Simulink. Une analyse des résultats obtenus en simulations permet d'évaluer les performances de l'approche de TS.

IV.2. Application de TS

Le modèle dynamique du système considéré dans cette partie est défini par :

$$\begin{cases} \frac{dX}{dt} = \mu(G)X - \frac{F}{V}X \\ \frac{dG}{dt} = \frac{FG_{in}}{V} - \frac{FG}{V} - q_g(G)X \\ \frac{dC_o}{dt} = K_{La}(N)(C_o^* - C_o) - \frac{FC_o}{V} - q_o(G)X \end{cases} \quad \text{IV.1}$$

Si on considère que

- $\frac{F}{V}$ est constant
- G_{in} et K_{La} sont les entrées du système donc le vecteur d'entrée est $u = \begin{pmatrix} G_{in} \\ K_{La} \end{pmatrix}$
- Le vecteur d'état est $x = \begin{pmatrix} X \\ G \\ C_o \end{pmatrix}$

Alors le système sera donné par :

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} \mu(G) - \frac{F}{V} & 0 & 0 \\ -q(G) & -\frac{F}{V} & 0 \\ -q_o(G) & 0 & -\frac{F}{V} \end{bmatrix} x + \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ \frac{F}{V} & 0 \\ 0 & C_o^* - C_o \end{pmatrix} u \quad (\text{IV.2})$$

Une représentation multi-modèle du système peut être obtenue, on appliquant les étapes suivantes :

- **Etape1 : On commence par définir les termes non linéaires dans la représentation dans l'espace d'état**

On constate que nous avons 4 non linéarités donc on a 2^4 matrices non linéaires. Les termes non linéaires sont : $(\mu(G) - \frac{F}{V})$ et $-q(G)$ et $-q_0(G)$ et finalement $(C_0^* - C_0)$

- **Etape2 : On détermine les valeurs minimales et maximales de chaque terme non linéaire, cette étape consiste à trouver les valeurs minimales et maximales de ces termes par simulation.**

- **Le terme $(\mu(G) - \frac{F}{V})$ qu'on va noter T^1 :**

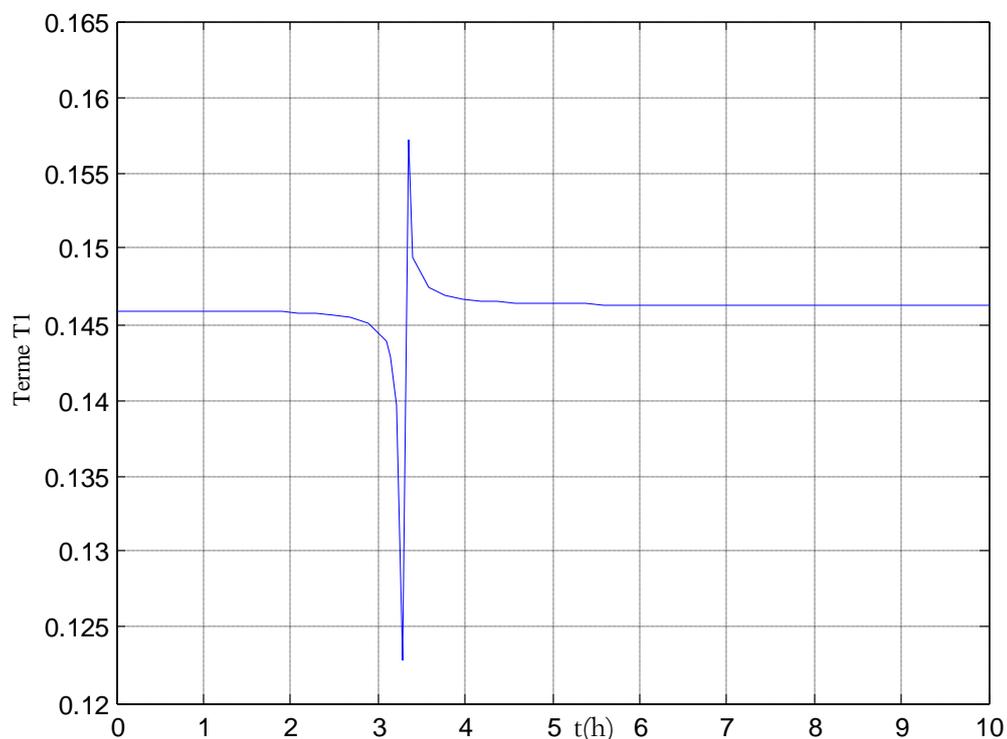


Figure IV-1 Evolution du premier terme non linéaire

D'après cette courbe le minimum du terme T^1 est $T_{min}^1 = 0.146$ et le maximum est donné par $T_{max}^1 = 0.148$

- **Le terme $(-q(G))$ qu'on va noter T^2 :**

D'après la courbe IV-2 le minimum du terme T^2 est $T_{min}^2 = -0.99$ et le maximum est donné par $T_{max}^2 = -0.98$

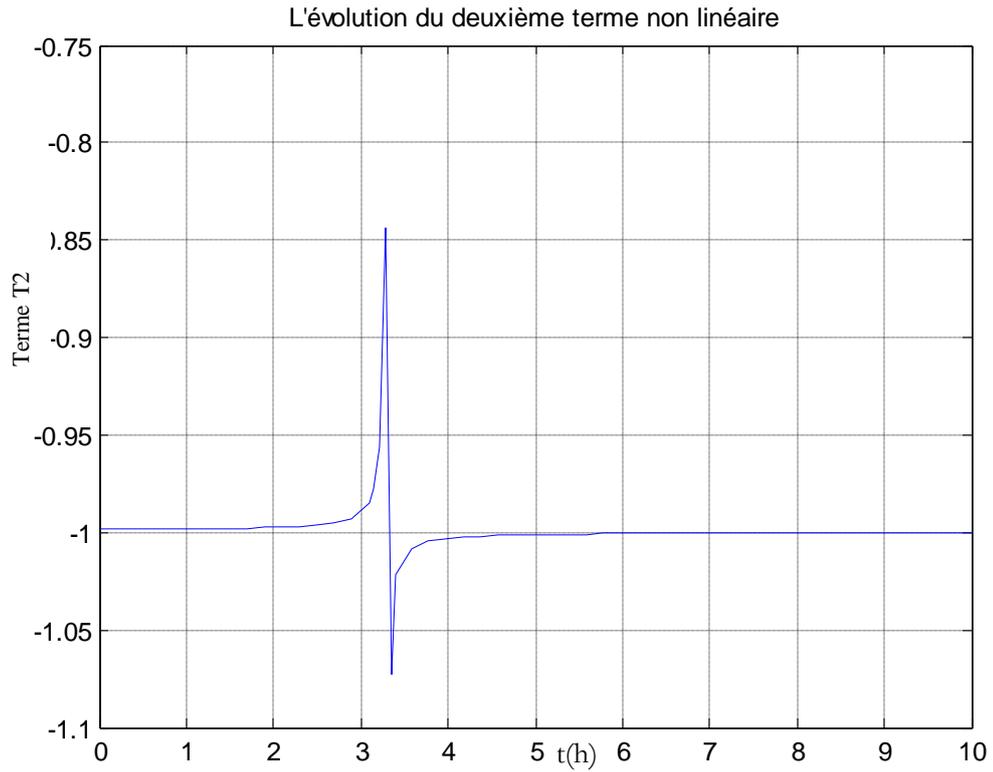


Figure IV-2 Evolution du premier terme non linéaire

- Le terme $(-q_0(G))$ qu'on va noter T^3 :

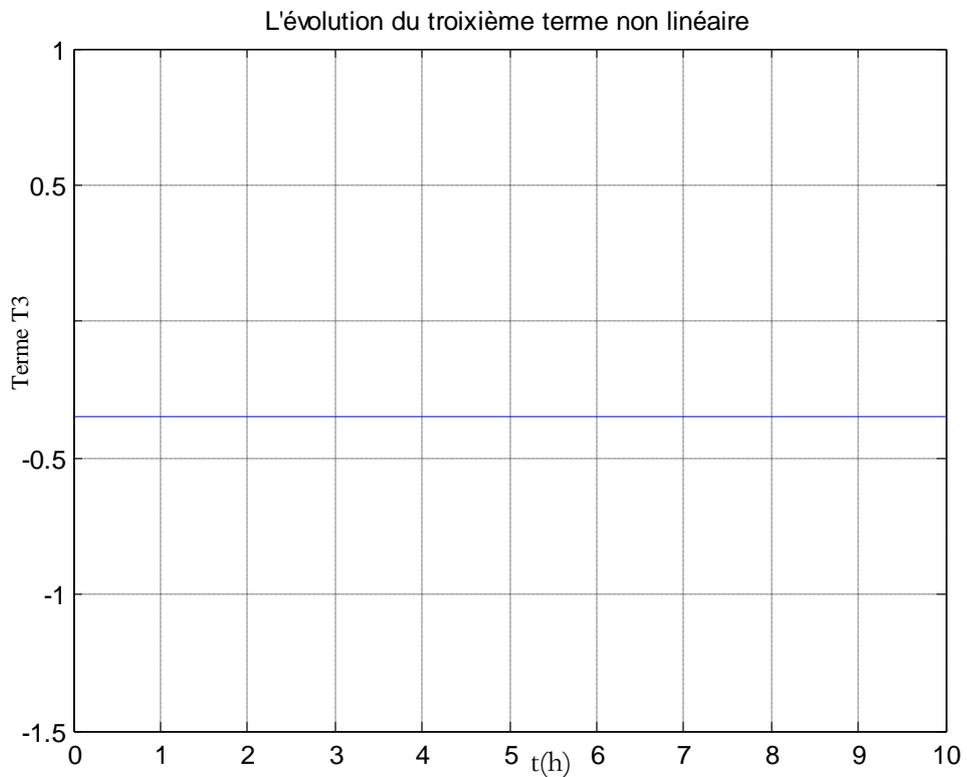


Figure IV-3 Evolution du troisième terme non linéaire

D'après cette courbe, ce terme est constant et il vaut -0.35

- Le terme $(C_o^* - C_o)$ qu'on va noter T^4 :

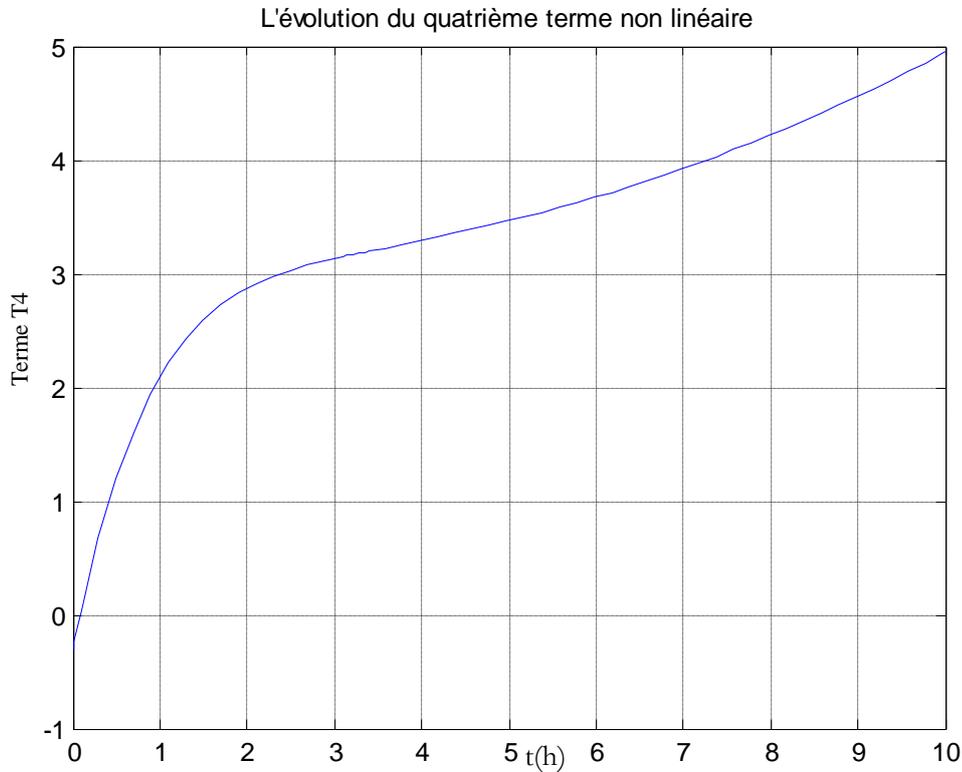


Figure IV-4 Evolution du quatrième terme non linéaire

D'après cette courbe le minimum du terme T^4 est $T_{min}^4 = -0.5$ et le maximum est donné par $T_{max}^4 = 5$

➤ **Etape3** : On calcule les fonctions d'appartenance à partir des termes non linéaires

□ Le terme T^1 :

$$T^1 = T_{min}^1 \cdot S_1^1 + T_{max}^1 \cdot S_2^1 \quad \text{Avec} \quad S_1^1 + S_2^1 = 1$$

Ce qui permet d'obtenir

$$S_1^1 = \frac{\frac{F}{V} - \mu(G)}{0.15} \quad \text{Et} \quad S_2^1 = \frac{\mu(G) - \frac{F}{V} - 0.2}{0.15}$$

□ Le terme T^2 :

$$T^2 = T_{min}^2 \cdot S_1^2 + T_{max}^2 \cdot S_2^2 \quad \text{Avec} \quad S_1^2 + S_2^2 = 1$$

Ce qui permet d'obtenir

$$S_1^2 = \frac{-0.5 + q(G)}{0.5} \quad \text{Et} \quad S_2^2 = \frac{-q(G) + 1}{0.5}$$

□ Le terme T^3 :

$$T^3 = 0.35 = \text{constant}$$

□ Le terme T4 :

$$T^4 = T_{min}^4 \cdot S_1^4 + T_{max}^4 \cdot S_2^4 \quad \text{Avec} \quad T_1^4 + T_2^4 = 1$$

$$T^4 = -0.5T_1^4 + 5T_2^4$$

Ce qui permet d'obtenir

$$T_1^4 = \frac{5-(C_0^*-C_0)}{5.5} \quad \text{Et} \quad T_2^4 = \frac{0.5+(C_0^*-C_0)}{5.5}$$

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} \mu(G) - \frac{F}{V} & 0 & 0 \\ -q(G) & -\frac{F}{V} & 0 \\ -q_0(G) & 0 & -\frac{F}{V} \end{bmatrix} x + \left[T_1^4 \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ \frac{F}{V} & 0 \\ 0 & -0.5 \end{pmatrix} + T_2^4 \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ \frac{F}{V} & 0 \\ 0 & 5 \end{pmatrix} \right] u \quad \text{IV.3}$$

IV.3. Résultats de simulation

On va maintenant simuler les 2 modèles : le modèle non linéaire et le multi modèle puis comparer les résultats obtenus en traçant l'erreur entre les différentes concentrations

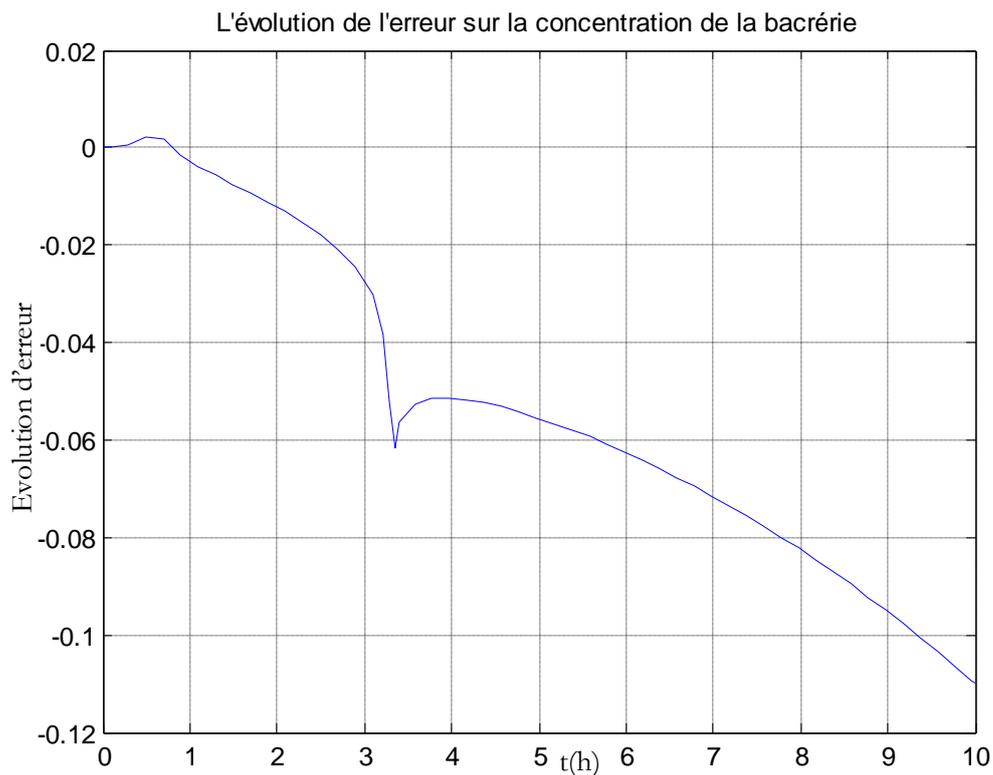


Figure IV-5 Evolution de l'erreur sur la concertation de la bactérie

Cette figure montre que l'erreur entre la concentration de la bactérie du modèle non linéaire et du multi modèle est nulle.

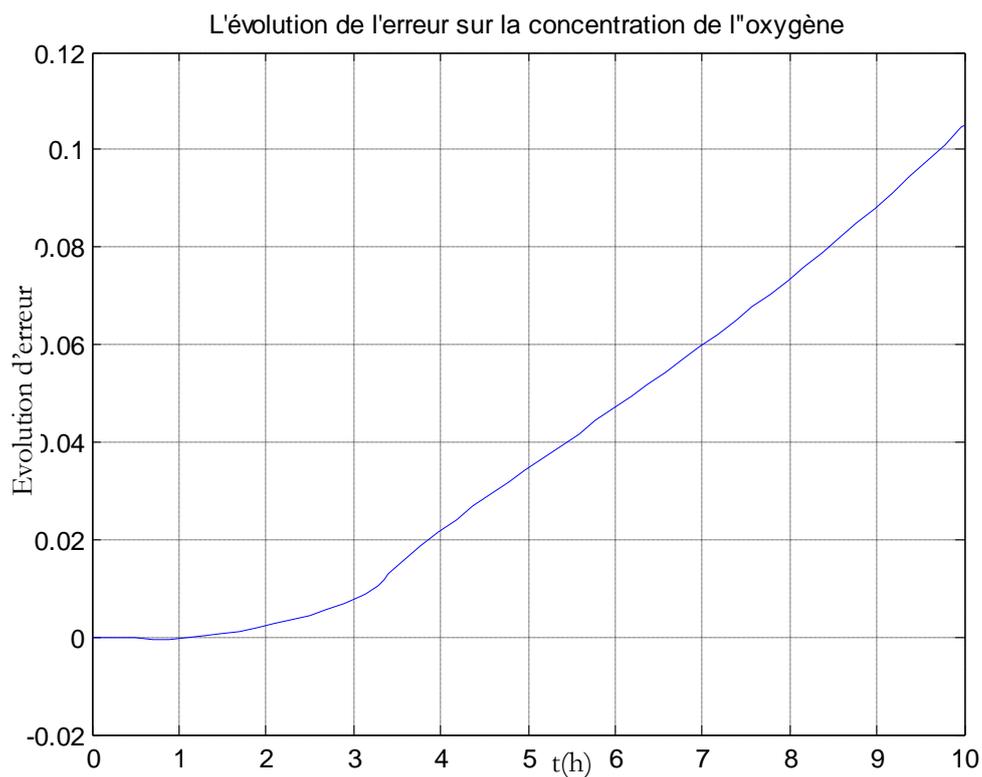


Figure IV-6 Evolution de l'erreur sur la concertation de l'oxygène

Cette figure montre aussi que l'erreur entre la concentration de l'oxygène du modèle non linéaire et du multi modèle est nulle.

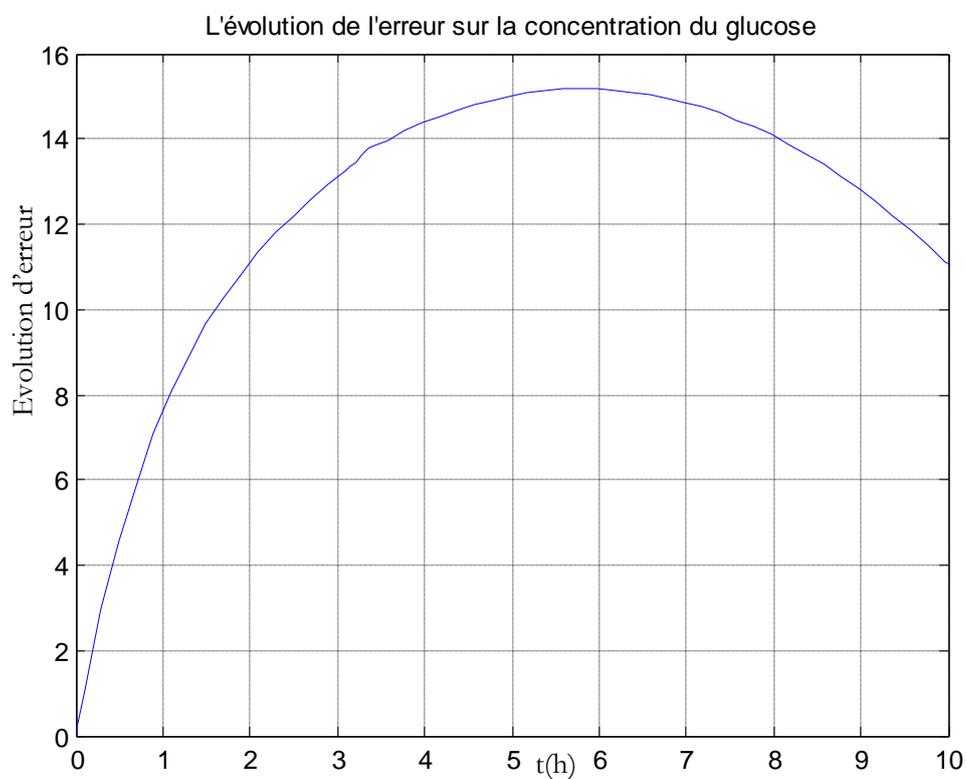


Figure IV-7 Evolution de l'erreur sur la concertation du glucose

Cette figure montre que l'erreur entre la concentration du glucose du modèle non linéaire et du multi modèle n'est pas nulle. Pour expliquer ce phénomène, on revient à la figure qui donne l'évolution du terme non linéaire T^2 . Sur cette figure on remarque l'apparition de 2 pics. Ces pics indiquent que notre système est hybride à saut. Pour ce genre de système, on devrait appliquer la linéarisation par mode. Chaque mode, on lui donne son multi modèle équivalent.

IV.4. Conclusions

Ce chapitre a été consacré à l'application (par simulation) de la méthode T-S pour la modélisation d'un procédé biotechnologie de fermentation de la bactérie *Escherichia coli* (*E. coli*). D'après les résultats obtenus, on constate que la méthode étudiée dans ce mémoire (méthode de T-S) permet de résoudre le problème de la modélisation linéaire des systèmes complexes. Mais ce genre de procédés sont hybrides donc l'application de cette technique n'est pas aussi simple que si on l'avait appliqué sur des systèmes non linéaires simplement. Et dans ce cas on doit revoir tous les modèles non linéaires représentant la fermentation de la bactérie *E. coli* puis linéariser chaque mode à part. Puis ça serait possible d'appliquer les techniques linéaires qui sont très puissantes en raison des outils disponibles (algèbre linéaire, équations différentielles et systèmes différentiels linéaires, etc.) surtout en ce qui concerne la commande.

CONCLUSION GENERALE

Les méthodes de modélisation multimodèles utilisées telles que l'approche floue de type Takagi-Sugeno (T-S) nécessitent la présence d'un modèle explicite sur lequel s'effectuent les linéarisations. Dans ce travail Une attention particulière a été portée au multimodèle floue de type Takagi-Sugeno qui est le plus utilisé. Ce multimodèle possède une structure appropriée à la modélisation des systèmes complexes de nature non linéaire, telle que le bioprocédé de fermentation de la bactérie E.Coli, parce qu'il est basé sur la décomposition du système non linéaire en un ensemble de modèles linéaires. Chaque modèle est défini dans une zone de fonctionnement. Le processus global est obtenu suivant une stratégie de fusion, dans laquelle, le modèle global s'écrit en fusionnant les modèles simples pondérés chacun par son coefficient de pertinence. Le multimodèle de Takagi-Sugeno offre ainsi un excellent compromis entre complexité, précision, généralité et flexibilité. Cette représentation nous a permis de contourner les problèmes de modélisation de système considérer.

Ce travail nous a permis de comprendre l'intérêt de la notion de multi-modèle. Mais on a rencontré de nombreux problèmes lors de l'élaboration de ce travail.

Parmi les problèmes rencontrés, on peut citer :

La méconnaissance de Simulink (qui est l'outil de travail de ce projet) au départ de ce projet.

L'idée du projet est nouvelle c'est-à-dire on n'a pas refait un travail qui a déjà été réalisé mais on a développé une nouvelle idée. On a constaté l'intérêt des automaticiens pour la linéarisation des systèmes non linéaires par TakagiSugeno ces dernières années. Il y a beaucoup de publications durant ces dernières années dans ce sens et on a voulu l'appliquer sur un modèle biotechnologique. Donc on a commencé à chercher dans la littérature les modèles des bioprocédés dans la biotechnologie puis on a fini par sélectionner le modèle de la fermentation de la bactérie E.coli utilisé dans l'industrie pharmaceutique et lui a appliqué l'idée de la linéarisation.

Les procédés biotechnologiques ne sont pas faciles à comprendre par les étudiants électroniques car il y a beaucoup de biologie.

Les bioprocédés sont beaucoup trop complexes. Si on compare le modèle mathématique d'un robot (qui est créé par un être humain) est non linéaire mais il est beaucoup plus simple qu'un procédé biologique (qui est créé par dieu). Tout en remarquant que le modèle choisi est hybride avec saut.

Mais finalement on est content du résultat obtenu et ce projet constitue un premier pas vers les

multimodèles des procédés biotechnologiques.

Annexe

Tableau 1 Tableau des paramètres utilisés [Ake 01] :

Symbole	Valeur	Description
G_{in}	60g / l	Concentration de glucose de l'alimentation
H	1.4×10^3 (1%) / g	Constante d'Henry
k_s	0.01g / l	Constante de saturation pour l'assimilation de glucose
k_a	0.05g / l	Constante de saturation pour l'assimilation d'acétate
O^*	100%	La tension d'équilibre d'oxygène dissoute
$q_a^{c,max}$	0.2g / (gh)	Taux spécifique maximal d'assimilation d'acétate
q_g^{max}	1.0g / (gh)	Assimilation spécifique maximale du glucose
q_g^{crit}	0.63g / (gh)	Assimilation spécifique critique du glucose
q_{mc}	0.06g / (gh)	Coefficient de maintenance
q_o^{max}	0.35g / (gh)	Taux spécifique maximal d'assimilation d'oxygène
Y_{ag}	0.55g / g	Taux de bioconversion de glucose en acétate
Y_{oa}	0.55g / g	Taux de bioconversion d'oxygène en acétate
Y_{og}	0.50g / g	Taux de bioconversion d'oxygène en glucose
Y_{om}	1.07g / g	Taux de bioconversion de glucose pour la maintenance cellulaire
Y_{xa}	0.40g / g	Taux de bioconversion d'acétate en biomasse
Y_{xg}^{fe}	0.15g / g	Taux de bioconversion de glucose en biomasse par la voie fermentative
Y_{xg}^{ox}	0.51g / g	Taux de bioconversion de glucose en biomasse par la voie oxydative

Références Bibliographiques

- [Nar 66] K. Narendra, et P. Gallman, (1966). «*An iterative method for the identification of nonlinear systems using a Hammerstein model*», IEEE Transactions on Automatic Control, 11(3):546–550.
- [Lec 76] H. Leclerc, R. Buttraux, J. Cuillaume, P. Wattre, «*Microbiologie appliquée*», Doin Editeurs Paris, (1976).
- [Son 81] E. Sontag,(1981). «*Nonlinear regulation: The piecewise linear approach*», IEEE Transactions on Automatic Control, 26(2) :346–358.
- [Tak 85] T.Takagi, et M.Sugeno, (1985). «*Fuzzy identification of systems and its applications to model and control*», IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, 15 :116–132.
- [Hab 90] R. Haber, et H. Unbehauen,(1990). «*Structure identification of nonlinear dynamic systems—A survey on input/output approaches*», Automatica, 26(4) :651–677.
- [Nij 90] H. Nijmeijer and A.V Der Schaft, «*Nonlinear Dynamical Control systems*», Springer, Berlin allemande, (1990).
- [Que 90] I. Queinnec, «*automatisation d'un procédé de fermentation semi-continu : optimisation et commande* », thèse de doctorat de l'université de Toulouse, (1990).
- [Fil 91] D. Filev.(1991). «*Fuzzy modeling of complex systems*», International Journal of Approximate Reasoning, 5(3) :281–290.
- [Fri 91] J. Friedman, (1991). «*Multivariate adaptive regression splines (with discussion)* », The Annals of Statistics, 19(1) :1–67.
- [Lob 91] J. R. Lobry, «*Révaluation du modèle de croissance de Monod, effet des antibiotiques sur l'énergie de maintenance* », thèses de doctorat, université de Claude Bernard, Lyon, (1991).
- [Rag 92] J. Ragot, et D. Mielcarek,(1992). «*Recursive identification of multivariable interconnected systems*», International Journal of Systems Science, 23(6) :987–1000.
- [Joh 93] T. A. Johansen, et A. B. Foss,(1993). «*Constructing NARMAX using ARMAX models*» International Journal of Control, 58(5) :1125–1153.
- [Jan 93] J.-S. Jang, (1993). «*Adaptive-network-based fuzzy inference system*», IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, 23(3) :665–685.
- [Sha 93] J. S. Shamma, et J. R. Cloutier,(1993). «*Gain-scheduled missile autopilot design using linear parameter varying transformations*», Journal of Guidance, Control, and Dynamics, 16(2):256–263.
- [Pea 95] R. Pearson, (1995). «*Nonlinear input/output modeling* », Journal of Process Control, 5(4) :197–211.

- [Sjö 95] J. Sjöberg, Q. Zhang, L. Ljung, A. Benveniste, B. Delyon, P. Glorennec, H. Hjalmarsson, et A. Juditsky, (1995). «Nonlinear black-box modeling in system identification : a unified overview », *Automatica*, 31(12) :1691–1724.
- [Hun 96] K. Hunt, R. Haas, et R. Murray-Smith,(1996). «Extending the functional equivalence of Radial Basis Function networks and fuzzy inference systems », *IEEE Transactions on Neural Networks*, 7(3) :776–781.
- [Tan 96] K. Tanaka, T. Ikeda, et H. Wang, (1996). «*Robust stabilization of a class of uncertain nonlinear systems via fuzzy control : quadratic stabilizability, Hinf control theory, and Linear Matrix Inequalities* ». *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, 4(1) :1–13.
- [Mur 97] R. Murray-Smith, et T. Johansen,(1997). «*Multiple model Approaches toModelling and Control* », Taylor & Francis, London,
- [Lie 98] G. Lieto, « *Le génie chimique à l'usage des chimistes* », Ed Tec et Doc Lavoisier, 1998.
- [Pot 98] M. Pottmann, et R. Pearson,(1998). «*Block-oriented NARMAX models with output multiplicities* », *American Institute of Chemical Engineers, AIChE Journal*, 44(1):131–140.
- [Wan 98] L. Wang, (1998). «*Universal approximation by hierarchical fuzzy systems* », *Fuzzy Sets and Systems*, 93(2) :223–230.
- [Ake 99] M. Akesson, P. Hagander, «*A gain-scheduling for control of dissolved oxygen in stirred bioreactors* », 14th world congress of IFAC, p. 505-510, (1999).
- [Xu 99] B. Xu, M. Jahic, S.O. Enfors, «*Modeling of overflow metabolism in batch and fed-batch cultures of Escherichia coli* », *Biotechnol. Prog.* (1999).
- [Abo 00] J. Abonyi, R. Babuska, M. Botto, F. Szeifert, et L. Nagy,(2000) «*Identification and control of nonlinear systems using fuzzy Hammerstein models* », *Industrial and Engineering Chemistry Research*, 39(11) :4302–4314.
- [Scr 00] R. Scriban, « *biotechnologie* », Ed Tec et Doc. Lavoisier, 2000.
- [Ake 01] M. Akesson, P. Hagander, J.P. Axelsson, «*Probing control of fed-batch cultivations: analysis and tuning* », *Control Engineering Practice*, Vol.9, p.709-723, 2001.
- [Doc 01] D. Dochain, «*Automatique des bioproc éés* », Herm ès Sciences Publication, Paris, 2001.
- [Rae 01] E. Raetz et W. Bauer, « *Fermentation et technologie enzymatique* », Lausanne Semestre d'été, 2001.
- [Fra 02] L. Françoise, P. Rouchon, « *système non lin éaire* », Herm ès Sciences Publication, Paris France, 2002.

- [Nar 02] K. Narendra, et K. George, (2002) «*Adaptive control of simple nonlinear systems using multiple models* », In American Control Conference, ACC, Anchorage, Alaska, Etats Unis d'Amérique,
- [Bab 03] R. Babuska et H. Verbruggen, (2003) «*Neuro-fuzzy methods for nonlinear system identification* », *Annual Reviews in Control*, 27(1) :73–85.
- [CAR 03] Centre d'Activités Régionales pour la Production Propre (CAR/PP), «*Application de la biotechnologie dans l'industrie* », 2003.
- [Jan 04] A. Janczak, (2004). «*Identification of Nonlinear Systems using Neural networks and polynomial models* », Springer-Verlag, Berlin Heidelberg.
- [Hed 05] J. K. Hedrick and A. Girard, «*Control of Nonlinear Dynamic Systems: Theory and Applications* », 2005.
- [Non 06] M. Nonus, P. Cognart, F. Kergoat, J. M. Lebeault, «*Fermenteurs industriels Conception et réalisation* », Techniques de l'Ingénieur, 2006.
- [Hug 07] Victor-Hugo GRISALES PALACIO, «*modélisation et commande floues de type Takagi-Sugeno appliquées à un bioprocédé de Traitement des eaux usées* », (2007).
- [Bil 07] T. Billel, «*Observabilité d'un processus biotechnologique* », Mémoire de master en sciences techniques (option: électronique industrielle), sous la direction Mme SEMCHEDDINE. s, S éif, université Ferhat Abbas de S éif-01, 2013, 77 p.
- [Haf 08] G. Hafidi, «*Application de la commande prédictive non-linéaire à la commande de culture de bactéries Escherichia coli* », thèse de doctorat, université de paris-sud, 2008.
- [Rou 10] F. Rouissi, «*Commande prédictive d'un système biologique : comparaison entre les approches par linéarisation et non linéaire* », thèse de master d'université de Lyon 1, (2010).
- [Cha 10] M. CHADLI, «*Stabilité et commande de systèmes décrits par des multi-modèles* », (2002).
- [Orj 08] R. ORJUELA, «*Contribution à l'estimation d'état et au diagnostic des systèmes représentés par des multimodèles* », (2008).
- [Bez 13] S. BEZZAOUCHA, «*Commande tolérante aux défauts de systèmes non linéaires représentés par des modèles de Takagi-Sugeno* », (2013).

Sites:

frédéric, M. (2007, septembre 12). *la microbiologie en agro-alimentaire* . Récupéré sur technobio: <http://www.technobio.fr/article-7203494.html>

Wikipédia, l. l. (s.d.). *Logique floue*. Consulté le septembre 2014, sur Wikipédia, l'encyclopédie libre: http://fr.wikipedia.org/wiki/Logique_floue

Audrey. (2012, aout 21). *La fermentation*. Consulté le juillet 2014, sur gralon: <http://www.gralon.net/articles/gastronomie-et-alimentation/regime-et-dietetique/article-la-fermentation---definition-et-applications-6382.htm#definition-de-la-fermentation->

greenfacts. (s.d.). *La biotechnologie*. Consulté le 2013, sur Cardio3 BioSciences: <http://www.c3bs.com/fr/blog/la-biotechnologie-la-recherche-au-service-de-la-sante-humaine>
[BioTop] :<http://georges.dolisi.free.fr/index.htm>

[Oecd]: <http://www.oecd.org/fr/science/index.xml>

Wikipédia, l. l. (s.d.). *Escherichia coli*. Récupéré sur Wikipédia, l'encyclopédie libre: http://fr.wikipedia.org/wiki/Escherichia_coli

greenfacts. (2003/2004). *Plantes Génétiquement Modifiées*. Consulté le 2013, sur greenfacts: <http://www.greenfacts.org/fr/ogm/3-organismes-genetiquement-modifies/1-biotechnologie-agricole.htm>

Wikipédia, l. l. (s.d.). *Biotechnologie*. Consulté le 2013, sur Wikipédia, l'encyclopédie libre: <http://fr.wikipedia.org/wiki/Biotechnologie>

JUTTEN, C. (2006, Août). Consulté le 2014, sur GIPSA-lab: http://www.gipsa-lab.grenoble-inp.fr/~christian.jutten/mescours/Asservissement_non_lineaire.pdf

Approche multimodèle. (2014, août 7). *Wikipédia, l'encyclopédie libre*. Page consultée le 16:34, mars 10, 2015 à partir de http://fr.wikipedia.org/w/index.php?title=Approche_multimod%C3%A8le&oldid=106061757.

Wikipédia, l. l. (s.d.). *Approche multimodèle*. Consulté le 2014, sur Wikipédia, l'encyclopédie libre: http://fr.wikipedia.org/w/index.php?title=Approche_multimod%C3%A8le&oldid=106061757.

المذكورة: النمذجة الغامضة من نوع تاكاجي- سجينو وتطبيقها على عملية حيوية
اللقب: حطاش الاسم: ابوبكر المؤطر: د.شمس الدين.

ملخص:

هذه الأطروحة تم وضعها على مفترق آليات و البيوتكنولوجيا. هذا العمل منصب حول نمذجة عملية بيوتكنولوجية من خلال طريقة تاكاجي- سجينو. بعد مقدمة حول البيوتكنولوجيا وعمليات التخمر ، ركزنا على النمذجة الغامضة من نوع تاكاجي- سجينو.

حيث قمنا باختبار عملية تخمير حيوي لزراعة بكتيريا اشيريشيا كولي التي تستعمل بنطاق واسع في صناعة الأدوية. يتعلق الأمر بنظام غير خطي، أكثر تحديدا نظام هجين تبديلي. دراسة عملية تخمير لبكتيريا اشيريشيا كولي استعملت مع نموذج رياضي و محاكاة لنموذج العملية تساعد على فهم سلوك هذه العملية عن طريق برنامج Simulink . العديد من النتائج بواسطة محاكاة تم عرضها لتوضيح أداء منهج مدروس .

كلمات مفتاحية: نظام غير خطي ، مقارنة متعددة النماذج ، نمذجة ، التخمر ، اشيريشيا كولي ، محاكاة.

Title: takagi-sugeno fuzzy modeling applied to bioprocess

Name: Heatache First Name: aboubakr Directed by : Dr Semcheddine

Abstract

This work is placed at the crossroad of Automatic , and Biotechnology. It is devoted to modeling of a biotechnological process by the method of Takagi-Sugeno. After an introduction to biotechnology and fermentation processes, we focused on the fuzzy of Takagi-Sugeno modeling, where we have chosen the Escherichia coli fermentation process which is very used in medicines productions. It is about a nonlinear system. More precisely a hybrid dynamic switched system. The study of the fermentation process was used with a mathematical model and simulation of the process model using Simulink software in order to understand the behavior of the process. Several simulation results are presented to illustrate the performance of the studied approach.

Key words: nonlinear system, multi-model approach, mod éisation, fermentation, Escherichia coli, simulation.

M émoire : mod éisation floue de type takagi-sugeno appliqu ée à un bioproc éd é

Nom : Hetatache Pr énom : Aboubakr Encadreur : Dr Semcheddine

R ésum é :

Ce travail s'inscrit au carrefour de l'Automatique, et des Biotechnologies. Il est consacré à la modélisation d'un procédé biotechnologique par la méthode de Takagi-Sugeno. Après une introduction sur les biotechnologies et les procédés de fermentation, on est focalisé sur la mod éisation floue de type Takagi-Sugeno, où nous avons choisi un procédé de fermentation de la bact érie Escherichia coli qui est très utilis é dans la production des médicaments. Il s'agit d'un système non lin éaire. Plus pr écisément c'est un système dynamique hybride à commutation. L'étude de ce processus a été utilis ée avec un mod èle math ématique et une simulation du mod èle à l'aide de logiciel Simulink afin de comprendre le comportement du processus. Plusieurs résultats par simulation sont présentés pour illustrer les performances de l'approche étudiée.

Mots Cl é s : syst ème non lin éaire, approche multimod èle, mod éisation, fermentation, Escherichia coli, simulation.