

LABORATOIRE D'LECTRONIQUE DE PUISSANCE ET DE COMMANDE INDUSTRIELLE (LEPCI)

LABORATOIRE DE BIOTECHNOLOGIE DE L'ENVIRONNEMENT (LBE)

[HTTPS://WWW6.INRAE.FR/TREASURE/SEMINARS/WEBINAIRE-2021.](https://www6.inrae.fr/treasure/seminars/webinaire-2021)

[HTTPS://UNIV-AMU-FR.ZOOM.US/J/98168214181?PWD=BMHTQ1PTS1PXUEVIUVRXZLE2DFRWUT09](https://univ-amu-fr.zoom.us/j/98168214181?pwd=BMHTQ1PTS1PXUEVIUVRXZLE2DFRWUT09)

1

Thème:

Synthèse de l'ADM1 pour une production intelligente

SEMCHEDDINE Samia

HARMAND Jérôme

26/27 Janvier 2021



Introduction

Digestion Anaérobie

Le modèle de Digestion Anaérobie
ADM1

Exploitation de l'ADM1 comme plate forme
virtuelle

Conclusion et perspectives



L'intérêt de la Digestion Anaérobie est pluridimensionnel et elle est valorisée dans le but d'assurer les besoins dans l'avenir de certains aspects qui sont ou seront en voie de disparition à savoir les énergies naturelles non renouvelables tels que le pétrole, le gaz naturel. Ces derniers doivent être complétés par des mécanismes de production d'énergie renouvelables (Biogaz ou Digestion Anaérobie).

Par ailleurs les déchets agricoles industriels et domestiques comportent un facteur bien difficile dans le cadre de la digestion. La production d'énergie en absence d'oxygène nous permettra de les valoriser en assurant leur désintégration.

L'objectif de ce travail est d'étudier les différentes équations qui interviennent dans l'ADM₁ afin de l'exploiter dans le futur puisqu'il constitue une plateforme virtuelle sur laquelle on pourrait tester les méthodes de contrôle qu'on développera ultérieurement.



La digestion anaérobie d'une manière générale est la transformation de la matière organique en biogaz composé principalement de méthane et de dioxyde de carbone par un consortium microbien (interaction inter bactérienne au bioréacteur) fonctionnant en anaérobiose. Elle se réalise dans tous les milieux où l'on trouve de la matière organique en l'absence d'oxygène et où les conditions physico-chimiques sont compatibles avec les vivants.

Cette digestion anaérobie (processus biologique complexe) peut être décrite en quatre phase de dégradation à savoir l'hydrolyse, l'acidogénèse, l'acétogénèse et la méthanogénèse. Chaque phase fait intervenir un groupe de bactérie particulières toutes les molécules ne seront pas dégradées par cette voie pour produire de biogaz. Une quantité de la matière organique sera toujours inactive utilisée pour étendre les terrains fertiles agricole.

[Hassam 2015]



L'hydrolyse : Au cours de cette étape les molécules organiques de hauts poids moléculaires comme les polysaccharides, les lipides, les protéines, et les acides nucléiques sont hydrolysés en monomère (monomères, comme glycoses etc.). Cette étape est généralement lente tandis que l'étape suivante est 30 à 40 fois plus rapide [Réné Moletta, 2015].

L'acidogénèse : Les monomères issus de l'étape d'hydrolyse sont transformés en acides gras volatils (ex : acétique, propionique, butyrique, valérique), en alcool (ex : éthanol), en acides organiques (ex : lactique) et en hydrogène et dioxyde de carbone. [Réné Moléta, chap 2, 2015]. Par ailleurs, lors de cette étape les glycoses et les protéines sont fermentés pour produire des acides organiques volatils et de l'hydrogène moléculaire. Et les produits de désintégration sont hydrolysés en sucre en acides gras longues chaînes (LCFA).

L'acétogénèse : C'est la troisième étape de la digestion anaérobie au cours de laquelle la transformation des différents composés issus des phases précédentes en précurseurs directs du méthane par deux voies. Il s'agit d'une voie hétérofermentaire qui conduit en outre à la production d'hydrogène, de dioxyde de carbone et d'autres acides tels que le pyruvate, le butyrate et le propionate etc. la voie homoacétogénèse produisant exclusivement de l'acétate, à partir des molécules organiques ou à partir des produits finaux de fermentation (formate et H₂) pour réduire le gaz carbonique.

Méthanogénèse : Lors de cette dernière étape de minéralisation, les produits de l'acétogénèse (essentiellement acétate, formate, dioxyde de carbone et hydrogène) sont transformés en méthane. Deux types de réaction peuvent être distingués : la production par clivage de l'acétate en méthane (Méthane acéteclastique) et la réduction du dioxyde de carbone par l'hydrogène moléculaire pour produire du méthane (Méthanogénèse hydrogénotrophe)



L'ADM₁ a été conçu par IWA

L'Association internationale de l'eau (IWA) est le réseau de professionnels de l'eau qui s'efforcent de créer un monde dans lequel l'eau est gérée de manière judicieuse, durable et équitable.

Attirant des professionnels exceptionnels de plus de 140 pays, l'adhésion à l'Association internationale de l'eau (IWA) rassemble des scientifiques, des chercheurs, des entreprises technologiques et des services publics de l'eau et des eaux usées.



Le groupe de travail IWA sur la modélisation de la digestion anaérobie a été créé en 1997 lors de la 8e édition du Congrès sur la digestion anaérobie (Sendai, Japon) dans le but de développer un modèle de digestion anaérobie généralisé. Le modèle structuré comprend plusieurs étapes décrivant la biochimie ainsi que la physicochimie du processus. Les étapes biochimiques comprennent la désintégration des particules homogènes en glucides, protéines et lipides; hydrolyse extracellulaire de ces substrats particuliers en sucres, amino acides et les acides gras à longue chaîne (LCFA), respectivement; acidogénèse des sucres et des acides aminés à volatils les acides gras (AGV) et l'hydrogène; acétogénèse des LCFA et des AGV en acétate; et méthanogénèse séparée étapes d'acétate et d'hydrogène / CO₂. Les équations physico-chimiques décrivent l'association d'ions et dissociation et transfert gaz-liquide.



Au cours des 30 dernières années, le niveau de compréhension des processus anaérobies et de leur représentation dans les modèles mathématiques s'est accru. Cependant, l'utilisation pratique et industrielle des modèles a été relativement faible. L'une des raisons à cela peut être la grande variété de modèles et leur nature souvent très spécifique. ([DJ Batstone * et J. Keller (2003).]).

Le modèle ADM₁ est décrit clairement de manière très vaste et détaillé dans le travail de IWA pour la modélisation mathématique des processus de la digestion anaérobie (IWA,2002) ce qui suit donne un bref aperçu du modèle aux fins de discussion. Le modèle ADM₁ est un modèle structuré qui reflète les principaux substrats organiques complexes en méthane, en d'oxyde de carbone et en sous-produit inertes. [IWA,2002]).

Le système réactionnel de la digestion anaérobie peut être aperçu en deux principales catégories à savoir les réactions biochimiques et les Réactions physico-chimiques. **Les réactions biochimiques sont représentées dans la référence [parker].**



Les équations physico-chimiques décrivent l'association et la dissociation des ions et le transfert gaz-liquide.

La physico-chimie a pour caractéristique d'être beaucoup plus rapide que la biologie. Pour la simuler, soit on considère des équations différentielles avec des dynamiques très rapides, soit on considère un pseudo-équilibre et on remplace ces équations différentielles par des équations algébriques qui représentent leurs équilibres (on néglige alors leur dynamique).



la communauté du processus anaérobie adopte pleinement ce nouveau modèle en tant qu'outil utile dans l'application des processus de dégradation anaérobie dans le monde entier. Ce modèle n'appartient pas au groupe de travail de l'IWA, mais il est partagé par l'ensemble de l'industrie, chercheurs et les utilisateur
Comment se procurer ce modèle??



Dans l'ADM1(Rosen), on trouve les équations de la vitesse cinétique qui sont au nombre de 19 notées $\rho_1 \dots \rho_{19}$ et des équations d'inhibition au nombre de 15 notées $I_1 \dots I_{15}$. Plus des équations différentielles pour décrire le fonctionnement de la désintégration de notre processus qui sont réparties en 3 parties à savoir les équations des composés solubles (substrats) et au total de 12 équations notées par $\frac{dS}{dt}$. Et les équations de composés particuliers ou biomasse non dégradables lors de la digestion anaérobie qui sont au nombre de 12 notées $\frac{dX}{dt}$. Lors des réactions chimiques à l'intérieur du fermenteur, certains cations et anions apparaissent comme des substrats et sont définies par 8 équations différentielles $\frac{dS}{dt}$.



L'Implémentation officielle d'ADM₁ dans Aquasim (plateforme d'étude dédié à la gestion durable de l'eau dans le bâtiment) a été développée par l'ADM TG (Task Group).

La liste des membres IWA Task Group for Mathematical Modelling of Anaerobic Digestion Processes

ANAEROBIC DIGESTION MODEL NO.1 (ADM₁) BY IWA TASK GROUP FOR MATHEMATICAL MODELLING OF ANAEROBIC WASTEWATER PROCESSES
Scientific and Technical Report No. 13

Lors de leur développement du modèle, les valeurs des paramètres inconnus ont d'abord été choisies conformément aux suggestions qui y sont données.



La plateforme ADM₁ a été mise en œuvre dans le Matlab / Simulink, en implémentant la cinétique sous forme de code C compilé, à partir duquel une bibliothèque liée dynamique (DLL) est produite en compilant le code C source avec le commande Matlab mex. Cette disposition combine les avantages des deux plates-formes (Matlab et C).

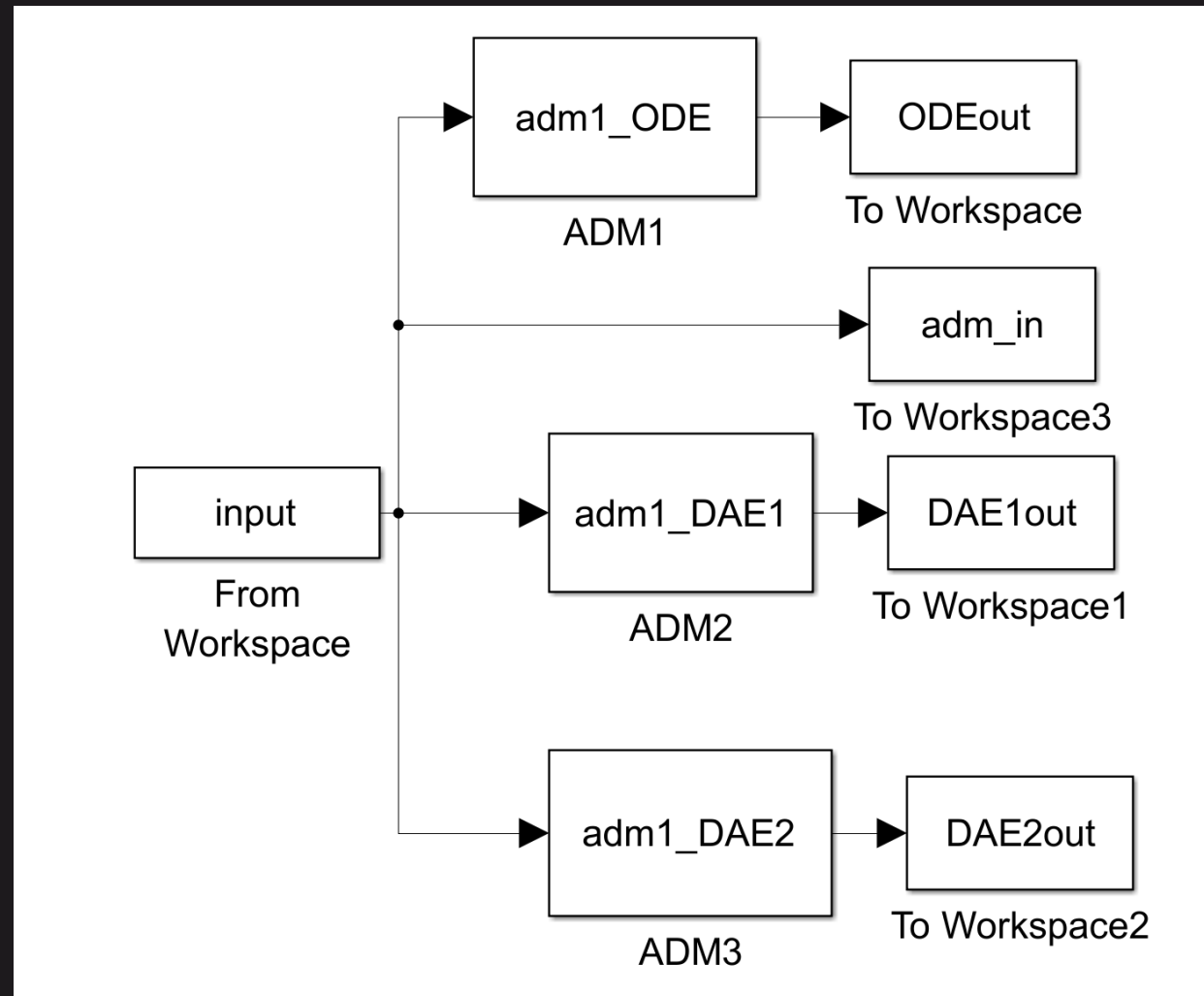


Fig ADM1 R14 sous environnement Simulink



L'ADM1 a été implémenté de trois manières à savoir par ODE (équation différentielle ordinaire) et deux modèles de DAE (équation algébrique différentielles). Les différences entre DAE1 et DAE2 sont: un modèle basé sur le pH algébrique (S_{H^+}) (obtenu par calcul) et un modèle basé sur le pH algébrique et S_{H_2} .

La deuxième implémentation du modèle est motivée par le problème de rigidité de l'ODE et DAE pH implémentations.

Implémenté comme un ensemble d'équations différentielles et algébriques (DAE), il y a 26 variables de concentration d'état dynamique, 19 processus cinétiques biochimiques, 3 processus cinétiques de transfert gaz-liquide et 8 variables algébriques implicites par récipient liquide.

Implémenté comme ensemble d'équations différentielles uniquement (ODE), il y a 32 variables d'état de concentration dynamique et 6 processus cinétiques acido-basiques supplémentaires par cuve.

Ces équations sont définies en fonction des coefficients de taux biochimiques et de vitesse cinétique et les paramètres d'entrées sont désignés par les composants solubles et particulaire contenus dans le substrat organique.



adm_in est l'entrée dans la terminologie ADM1 + états supplémentaires, comporte 33 variables

- adm_in[1] : Ssu = monosacharides (kg COD/m³)
- adm_in[2] : Saa = amino acids (kg COD/m³)
- adm_in[3] : Sfa = long chain fatty acids (LCFA) (kg COD/m³)
- adm_in[4] : Sva = total valerate (kg COD/m³)
- adm_in[5] : Sbu = total butyrate (kg COD/m³)
- adm_in[6] : Spro = total propionate (kg COD/m³)
- adm_in[7] : Sac = total acetate (kg COD/m³)
- adm_in[8] : Sh₂ = hydrogen gas (kg COD/m³)
- adm_in[9] : Sch₄ = methane gas (kg COD/m³)
- adm_in[10] : Sic = inorganic carbon (kmole C/m³)
- adm_in[11] : Sin = inorganic nitrogen (kmole N/m³)
- adm_in[12] : Si = soluble inerts (kg COD/m³)
- adm_in[13] : Xc = composites (kg COD/m³)
- adm_in[14] : Xch = carbohydrates (kg COD/m³)
- adm_in[15] : Xpr = proteins (kg COD/m³)
- adm_in[16] : Xli = lipids (kg COD/m³)
- adm_in[17] : Xsu = sugar degraders (kg COD/m³)
- adm_in[18] : Xaa = amino acid degraders (kg COD/m³)
- adm_in[19] : Xfa = LCFA degraders (kg COD/m³)
- adm_in[20] : Xc₄ = valerate and butyrate degraders (kg COD/m³)
- adm_in[21] : Xpro = propionate degraders (kg COD/m³)
- adm_in[22] : Xac = acetate degraders (kg COD/m³)
- adm_in[23] : Xh₂ = hydrogen degraders (kg COD/m³)
- adm_in[24] : Xi = particulate inerts (kg COD/m³)
- adm_in[25] : scat+ = cations (metallic ions, strong base) (kmole/m³)
- adm_in[26] : san- = anions (metallic ions, strong acid) (kmole/m³)
- adm_in[27] : flow rate (m³/d)
- adm_in[28] : temperature (deg C)
- adm_in[29:33] : dummy states for future use



DAE1out est la sortie dans la terminologie ADM1 + états supplémentaires, comporte 50 variables

- DAE1out[1] : Ssu = monosacharides (kg COD/m³)
- DAE1out[2] : Saa = amino acids (kg COD/m³)
- DAE1out[3] : Sfa = long chain fatty acids (LCFA) (kg COD/m³)
- DAE1out[4] : Sva = total valerate (kg COD/m³)
- DAE1out[5] : Sbu = total butyrate (kg COD/m³)
- DAE1out[6] : Spro = total propionate (kg COD/m³)
- DAE1out[7] : Sac = total acetate (kg COD/m³)
- DAE1out[8] : Sh₂ = hydrogen gas (kg COD/m³)
- DAE1out[9] : Sch₄ = methane gas (kg COD/m³)
- DAE1out[10] : Sic = inorganic carbon (kmole C/m³)
- DAE1out[11] : Sout = inorganic nitrogen (kmole N/m³)
- DAE1out[12] : Si = soluble inerts (kg COD/m³)
- DAE1out[13] : Xc = composites (kg COD/m³)
- DAE1out[14] : Xch = carbohydrates (kg COD/m³)
- DAE1out[15] : Xpr = proteins (kg COD/m³)
- DAE1out[16] : Xli = lipids (kg COD/m³)
- DAE1out[17] : Xsu = sugar degraders (kg COD/m³)
- DAE1out[18] : Xaa = amino acid degraders (kg COD/m³)
- DAE1out[19] : Xfa = LCFA degraders (kg COD/m³)
- DAE1out[20] : Xc₄ = valerate and butyrate degraders (kg COD/m³)
- DAE1out[21] : Xpro = propionate degraders (kg COD/m³)
- DAE1out[22] : Xac = acetate degraders (kg COD/m³)
- DAE1out[23] : Xh₂ = hydrogen degraders (kg COD/m³)
- DAE1out[24] : Xi = particulate inerts (kg COD/m³)
- DAE1out[25] : scat+ = cations (metallic ions, strong base) (kmole/m³)



DAE1out[26] : san- = anions (metallic ions, strong acid) (kmole/m³)
DAE1out[27] : flow rate (m³/d)
DAE1out[28] : temperature (deg C)
DAE1out[29:33] : dummy states for future use
DAE1out[34] : pH = pH within AD system
DAE1out[35] : S_H+ = protons (kmole/m³)
DAE1out[36] : Sva- = valerate (kg COD/m³)
DAE1out[37] : Sbu- = butyrate (kg COD/m³)
DAE1out[38] : Spro- = propionate (kg COD/m³)
DAE1out[39] : Sac- = acetate (kg COD/m³)
DAE1out[40] : Shco₃- = bicarbonate (kmole C/m³)
DAE1out[41] : Sco₂ = carbon dioxide (kmole C/m³)
DAE1out[42] : Snh₃ = ammonia (kmole N/m³)
DAE1out[43] : Snh₄+ = ammonium (kmole N/m³)
DAE1out[44] : Sgas,h₂ = hydrogen concentration in gas phase (kg COD/m³)
DAE1out[45] : Sgas,ch₄ = methane concentration in gas phase (kg COD/m³)
DAE1out[46] : Sgas,co₂ = carbon dioxide concentration in gas phase (kmole C/m³)
DAE1out[47] : pgas,h₂ = partial pressure of hydrogen gas (bar)
DAE1out[48] : pgas,ch₄ = partial pressure of methane gas (bar)
DAE1out[49] : pgas,co₂ = partial pressure of carbon dioxide gas (bar)
DAE1out[50] : pgas,total = total head space pressure (H₂+CO₂+CH₄+H₂O) (bar)
DAE1out[51] : qgas = gas flow rate normalised to atmospheric pressure (m³/d)



Pour la plateforme qui servira dans le test du contrôle, on utilisera le bloc DAE₁.

La fermentation peut se faire de différentes manières: DISCONTINUE (OU BATCH), SEMI-CONTINUE (OU FED-BATCH) et CONTINUE (OU CHEMOSTAT). Dans le premier type de fermentation, on peut faire du contrôle pour améliorer la production en agissant sur les paramètres physiques : Température, PH. Nos travaux à Sétif se sont intéressés au mode continu ou on contrôle le taux de dilution (D) afin d'augmenter le débit de sortie (Q)

Mais vu le nombre élevé des entrées, des sorties et des variables d'états, l'ADM₁ n'est pas directement exploitable dans le contrôle. Mais plutôt, on utilise des modèles réduits pour établir des lois de commande.

Dans la littérature spécialisée dans la Digestion Anaérobie, on trouve énormément de modèles réduits qui ont servi dans l'établissement des lois de contrôle: On cite le modèle le plus simple et le plus réduit qui représente la phase méthanogène. C'est un modèle du second ordre. Cependant, ces modèles ne décrivent pas très bien le comportement de la digestion anaérobie. Le modèle en cinq étapes décrit très bien le processus de biogaz mais il est très complexe et très difficile à exploiter dans le contrôle. Il comporte 7 équations différentielles.

Un autre modèle à trois étapes utilisé dans [wang 2013, Simeonov 2012] consacré à la modélisation de la digestion anaérobie obtenue par fermentation avec 5 équations différentielles peut être exploité dans le contrôle



mais néanmoins ils présentent deux inconvénients c'est que le taux de croissance ne tient pas compte du phénomène d'inhibition plus le phénomène de rétention est négligé.

Alors pour toutes ces raisons on utilisera Les modèles prototypes considérés dans les papiers [Olivier 2001 et Hassam 2015] (AM2 et AM2HN) où les 4 premières équations sont les mêmes et Où le phénomène d'inhibition est pris en considération.

Et se sont ces équations qui vont servir à l'établissement de la loi de commande. Puis on va tester cette loi sur l'ADM1

Mais les différents coefficients utilisés dans les 2 modèles ne sont pas les mêmes



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

$$\dot{X}_1 = (\mu_1(S_1) - \alpha D)X_1, \quad (2)$$

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

$$\dot{X}_2 = (\mu_2(S_2) - \alpha D)X_2, \quad (4)$$

Un paramètre α a été introduit par les auteurs pour modéliser la rétention de la biomasse: $\alpha = 0$ correspond à un réacteur à lit fixe idéal tandis que $\alpha = 1$ correspond à un réacteur idéal sans système de rétention de la biomasse.

Le vecteur d'entrée est $u = \begin{pmatrix} D \\ S_{1in} \\ S_{2in} \end{pmatrix}$

Le vecteur d'état est $x = \begin{pmatrix} S_1 \\ X_1 \\ S_2 \\ X_2 \end{pmatrix}$

$$\mu_i(S_1) = \frac{m_1 S_1}{S_1 + K_1}$$

Exploitation de l'ADM1 comme plate forme virtuelle



Où X_i est la concentration de la biomasse (g/l), S_i est la concentration du substrat (g/l), D est le taux de dilution (h^{-1}), et μ_i est le taux spécifique de croissance. Différents modèles pour le taux spécifique de croissance existent. Les modèles les plus courants pour le taux de croissance spécifique sont les modèles cinétique Monod et Haldane et qui ont été utilisés dans [Olivier 2001 et Hassam 2015].

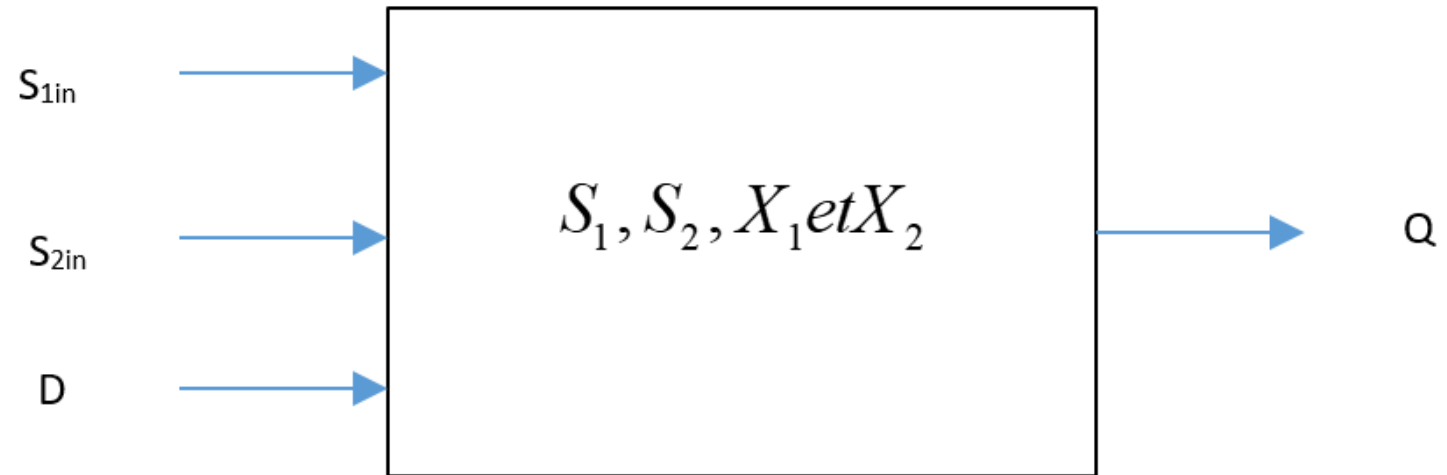
$$\mu_1(S_1) = \frac{m_1 S_1}{S_1 + K_1}$$

$$\mu_2(S_2) = \frac{m_2 S_2}{K_2 + S_2 + \frac{S_2^2}{K_i}}$$



K=?

$$Q = K \mu_2 X_2$$





Hassam et al 2015

Appendix B.**Table B.1**

Estimated values for the AM2 and the AM2HN parameters.

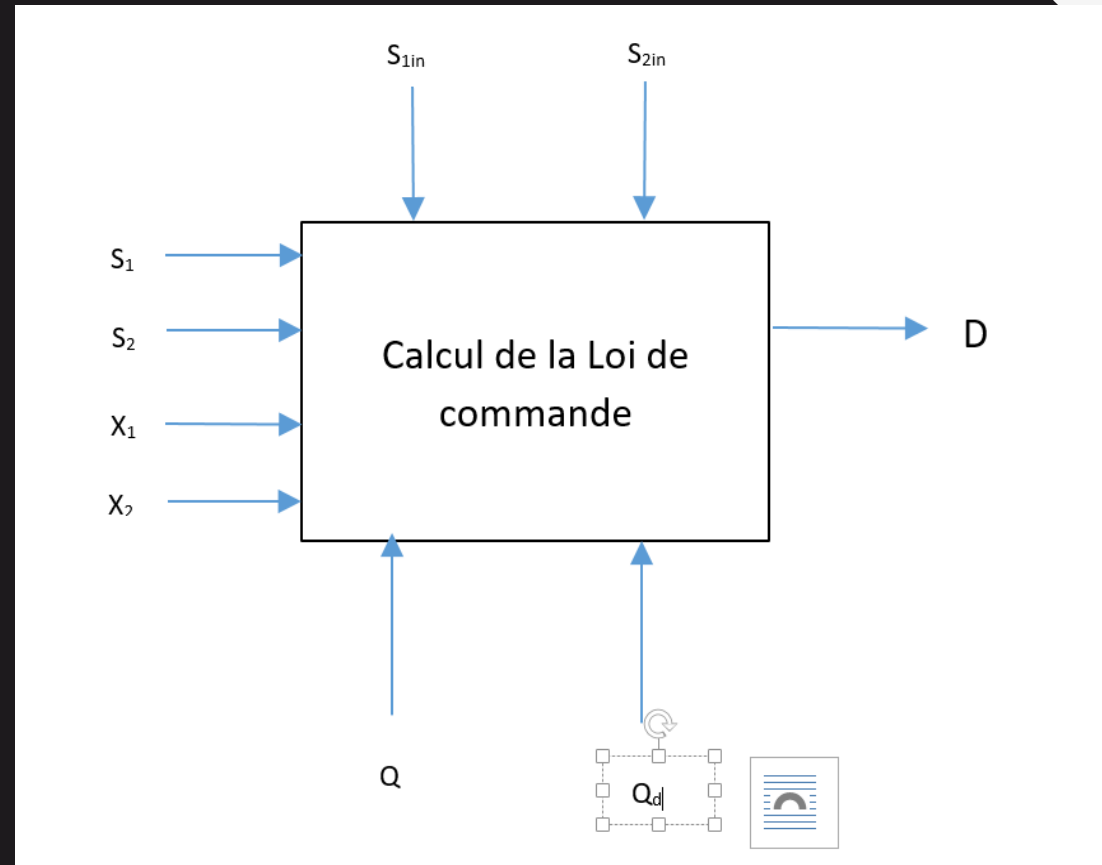
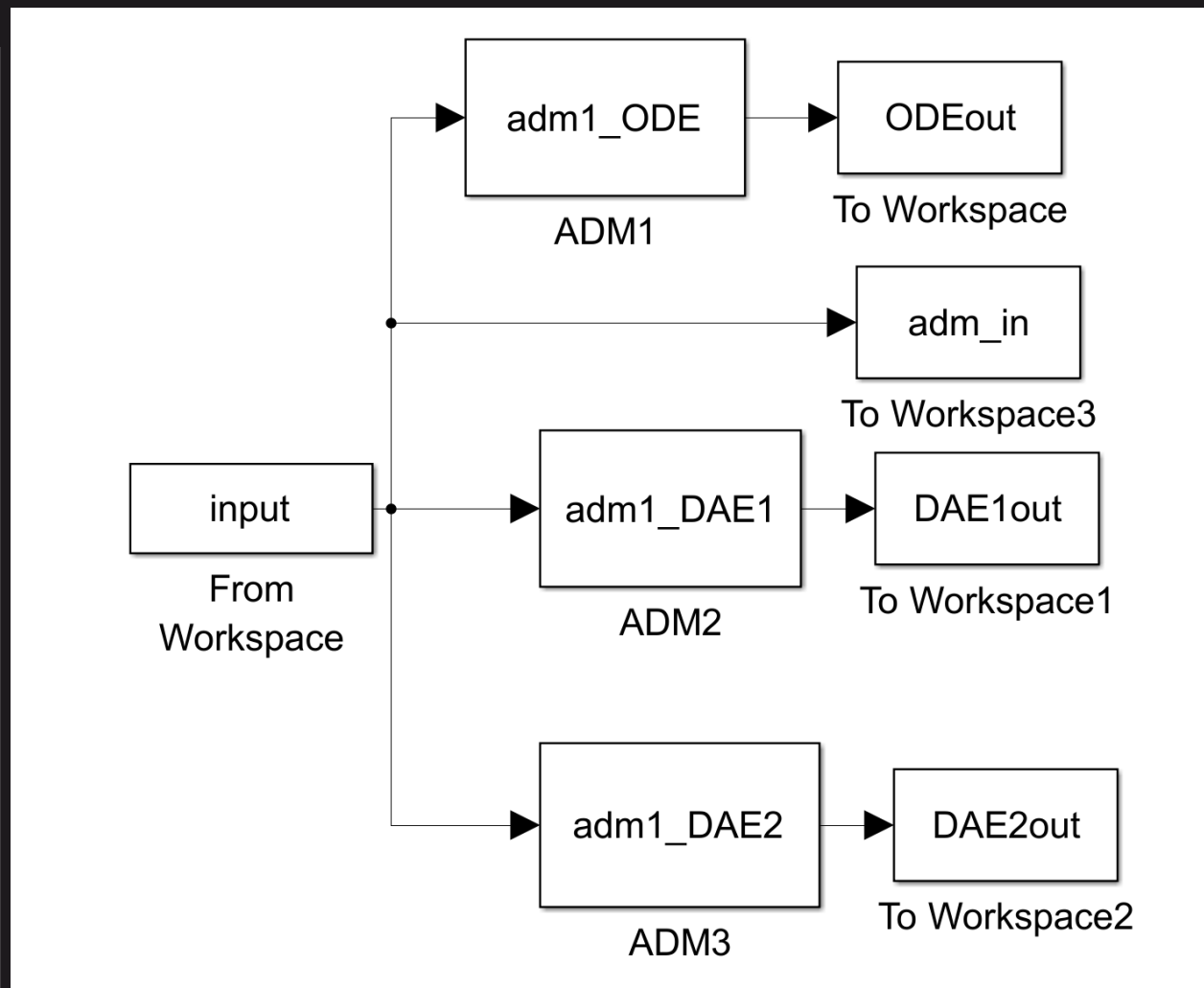
Parameter	Meaning	Units	AM2 value	S.D	AM2HN value	S.D
$\mu_{1,max}$	Maximum acidogenic biomass growth rate	[d ⁻¹]	0.25	0.10	0.33	0.07

Table B.1 (Continued)

Parameter	Meaning	Units	AM2 value	S.D	AM2HN value	S.D
K_{S1}	Half-saturation constant associated with S_1	[gCOD L ⁻¹]	0.22	0.08	0.40	0.09
$\mu_{2,max}$	Methanogenic biomass growth rate	[d ⁻¹]	0.13	0.16	0.13	0.16
K_{S2}	Half-saturation constant associated with S_2	[mmol L ⁻¹]	2.93	3.62	2.93	3.62
K_{I2}	Inhibition constant associated with S_2	[mmol L ⁻¹]	207	76.14	207	76.14
k_{hyd}	Maximum specific hydrolysis rate	[d ⁻¹]	n.a.	-	5.02	0
k_{La}	Liquid/gas transfer rate	[d ⁻¹]	24	0	24	0
k_1	Yield for substrate COD degradation (acidogenesis)	[gCOD gVS ⁻¹]	23	0	20	0
k_2	Yield for VFA production (acidogenesis)	[mmol gVS ⁻¹]	464	0	464	0
k_3	Yield for VFA consumption (methanogenesis)	[mmol gVS ⁻¹]	514	0	514	0
k_4	Yield for CO ₂ production (acidogenesis)	[mmol gVS ⁻¹]	310	0	310	0
k_5	Yield for CO ₂ production (methanogenesis)	[mmol gVS ⁻¹]	600	0	600	0
k_6	Yield for CH ₄ production (methanogenesis)	[mmol gVS ⁻¹]	253	0	253	0

$$\mu_i(s_1) = \frac{m_i s_1}{s_1 + K_i}$$

Exploitation de l'ADM1 comme plate forme virtuelle





Sorties de l'ADM1 utilisées pour la commande

$$S_1 = S_{su} + S_{aa} + S_{fa} + X_c + X_{ch} + X_{pr} + X_{li}$$

$$S_2 = 1000 \left(S_{va}/208 + S_{bu}/160 + S_{pro}/112 + S_{ac}/64 \right)$$

$$X_1 = (X_{su} + X_{aa} + X_{fa}) / 1.55$$

$$X_2 = (X_{ac} + X_{h2} + X_{c4} + X_{pro}) / 1.55$$

Autrement

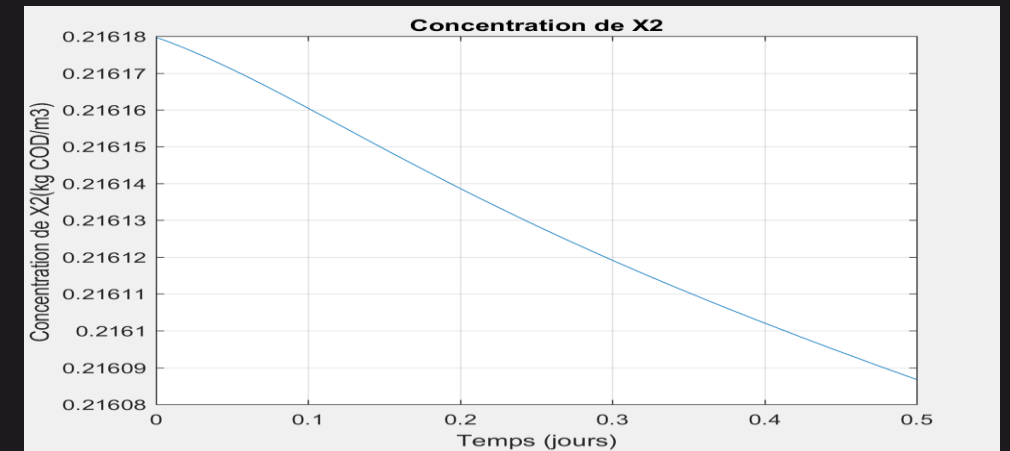
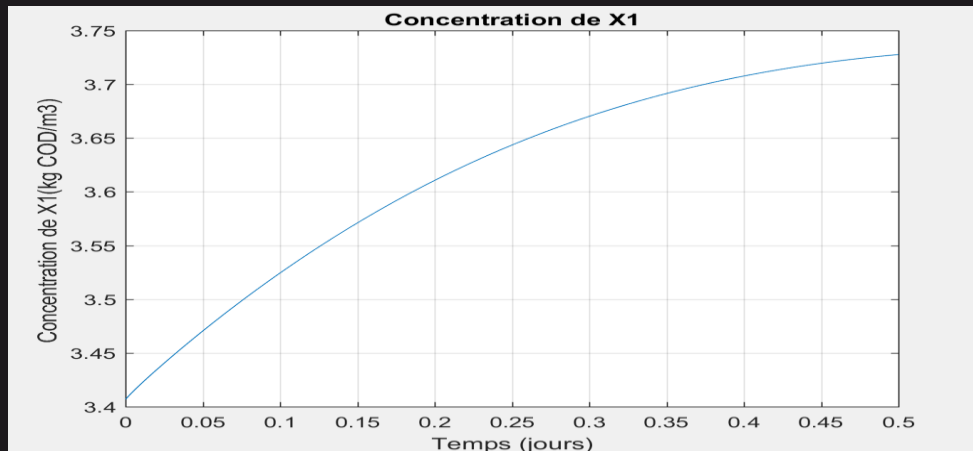
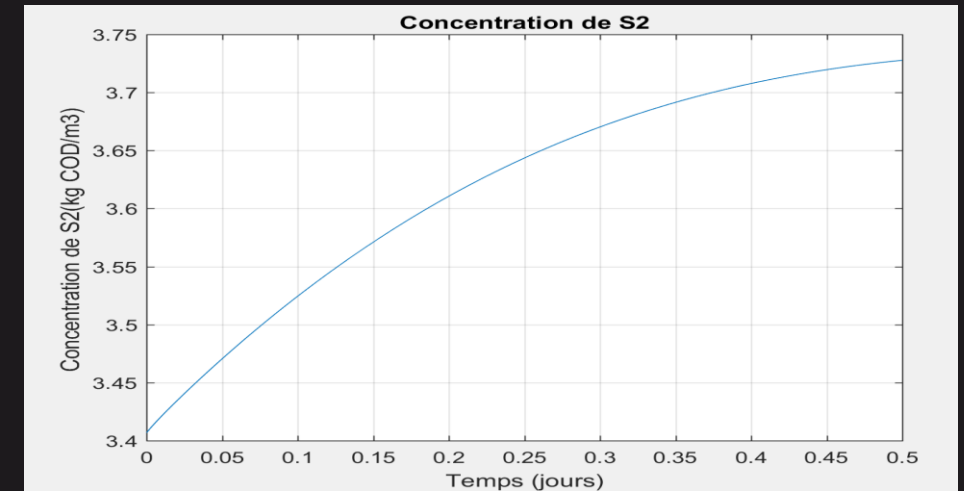
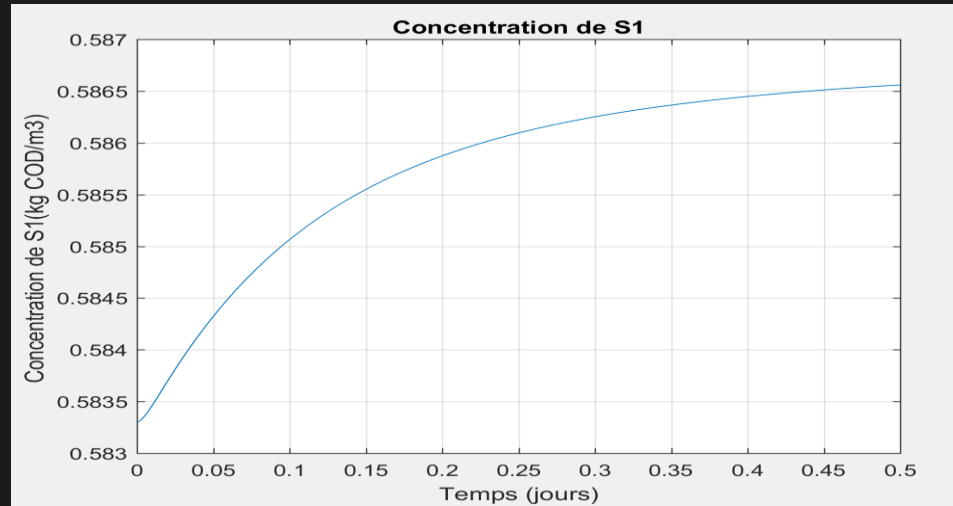
$$S_1 = DAEout1[1] + DAE1out[2] + DAE1out[3] + DAE1out[13] + DAE1out[14] + DAE1out[15] \\ + DAE1out[16]$$

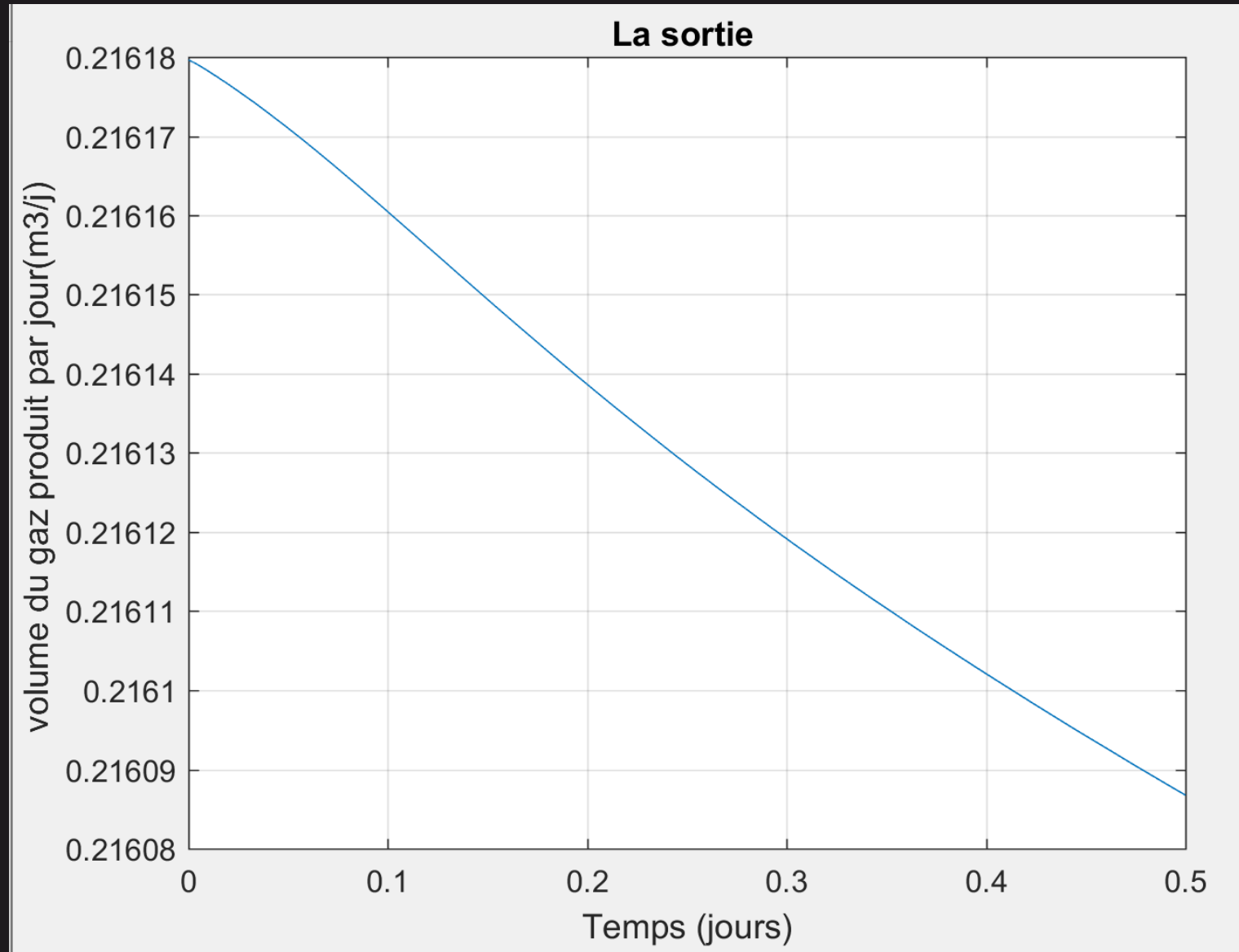
$$S_2 = 1000 \left(DAE1out[4]/208 + DAE1out[5]/160 + DAE1out[6]/112 + DAE1out[7]/64 \right)$$

$$X_1 = (DAE1out[17] + DAE1out[18] + DAE1out[19]) / 1.55$$

$$X_2 = (DAE1out[22] + DAE1out[23] + DAE1out[20] + DAE1out[21]) / 1.55$$

Exploitation de l'ADM1 comme plate forme virtuelle







Entrées extérieures utilisées par ADM1

$$S_{1in} = S_{su} + S_{aa} + S_{fa} + X_c + X_{ch} + X_{pr} + X_{li}$$

$$S_{2in} = 1000 \left(S_{va}/208 + S_{bu}/160 + S_{pro}/112 + S_{ac}/64 \right)$$

Les variables qui doivent rentrer dans adm_in

$$S_{su} = S_{1in}/7 = adm_in[1] \quad X_{pr} = S_{1in}/7 = adm_in[15]$$

$$S_{aa} = S_{1in}/7 = adm_in[2]$$

$$S_{fa} = S_{1in}/7 = adm_in[3]$$

$$X_c = S_{1in}/7 = adm_in[13]$$

$$S_{bu} = 160 S_{2in}/1000 = adm_in[5]$$

$$S_{pro} = 112 S_{2in}/1000 = adm_in[6]$$

$$S_{ac} = 64 S_{2in}/1000 = adm_in[7]$$

$$X_{li} = S_{1in}/7 = adm_in[16]$$

adm_in[27] : flow rate (m3/d)=DV

$$S_{va} = 208 S_{2in}/1000 = adm_in[4] \quad X_{ch} = S_{1in}/7 = adm_in[14]$$



Conversion des entrées de l'AM1

Rosen,2006

30

Physical parameter values

Parameter	Value	Unit	Comment
V_{liq}	3400	m^3	
V_{gas}	300	m^3	

L'entrée 27 est DV



Pour faire du contrôle on a besoin des condirions initiales
On a utilisé [ROSEN,2006]

$$S_1(0) = S_{su}(0) + S_{aa}(0) + S_{fa}(0) + X_c(0) + X_{ch}(0) + X_{pr}(0) + X_{li}(0)$$

$$S_1(0) = 0.011954829716958 + 0.005314740171633 + 0.098621400930799 + 0.308697663721532 \\ + 0.027947240435040 + 0.102574106106682 + 0.02948304970728$$

$$S_1(0) = 0.5846$$

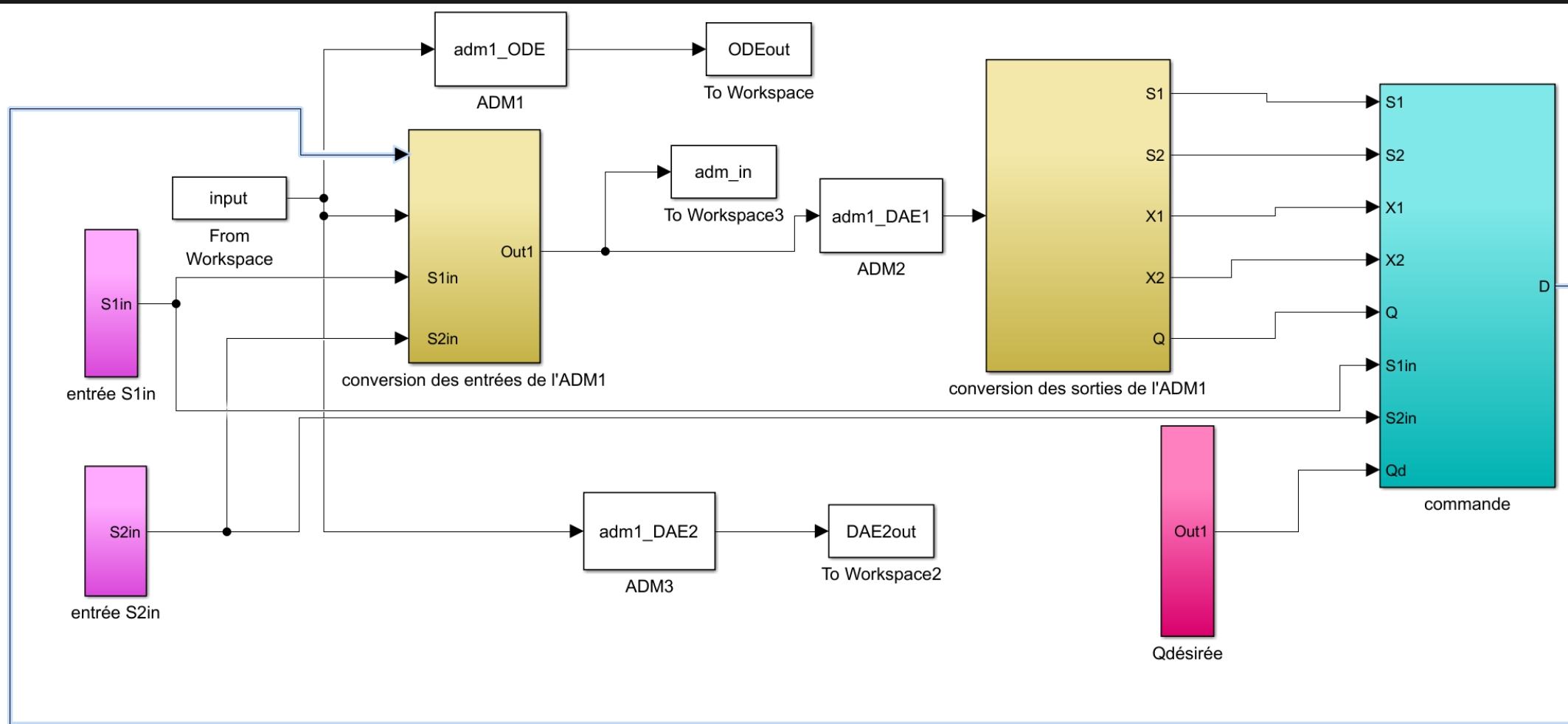
$$S_2(0) = 1000 \left(S_{va}(0)/208 + S_{bu}(0)/160 + S_{pro}(0)/112 + S_{ac}(0)/64 \right)$$

$$= 1000 \left(\begin{array}{c} 0.011625006463861/208 + 0.0132507296662669/160 + 0.015783666284542/112 + \\ 0.97629716937552/64 \end{array} \right)$$

$$X_1(0) = 1.1886$$

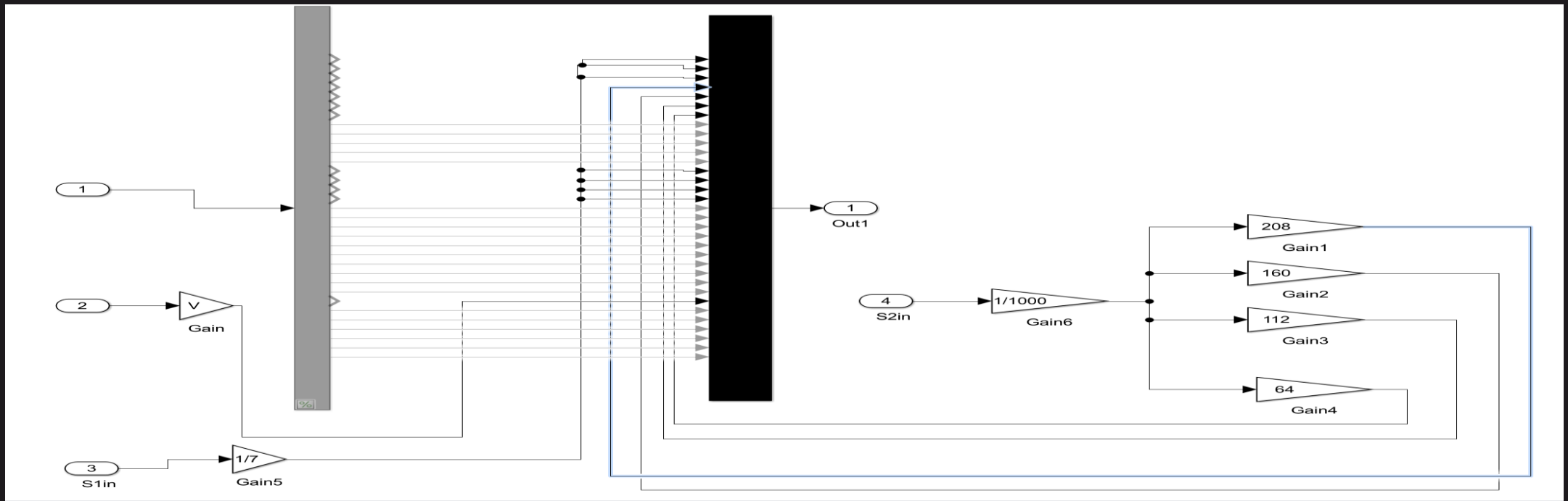
$$X_2(0) = 0.0625$$

Exploitation de l'ADM1 comme plate forme virtuelle





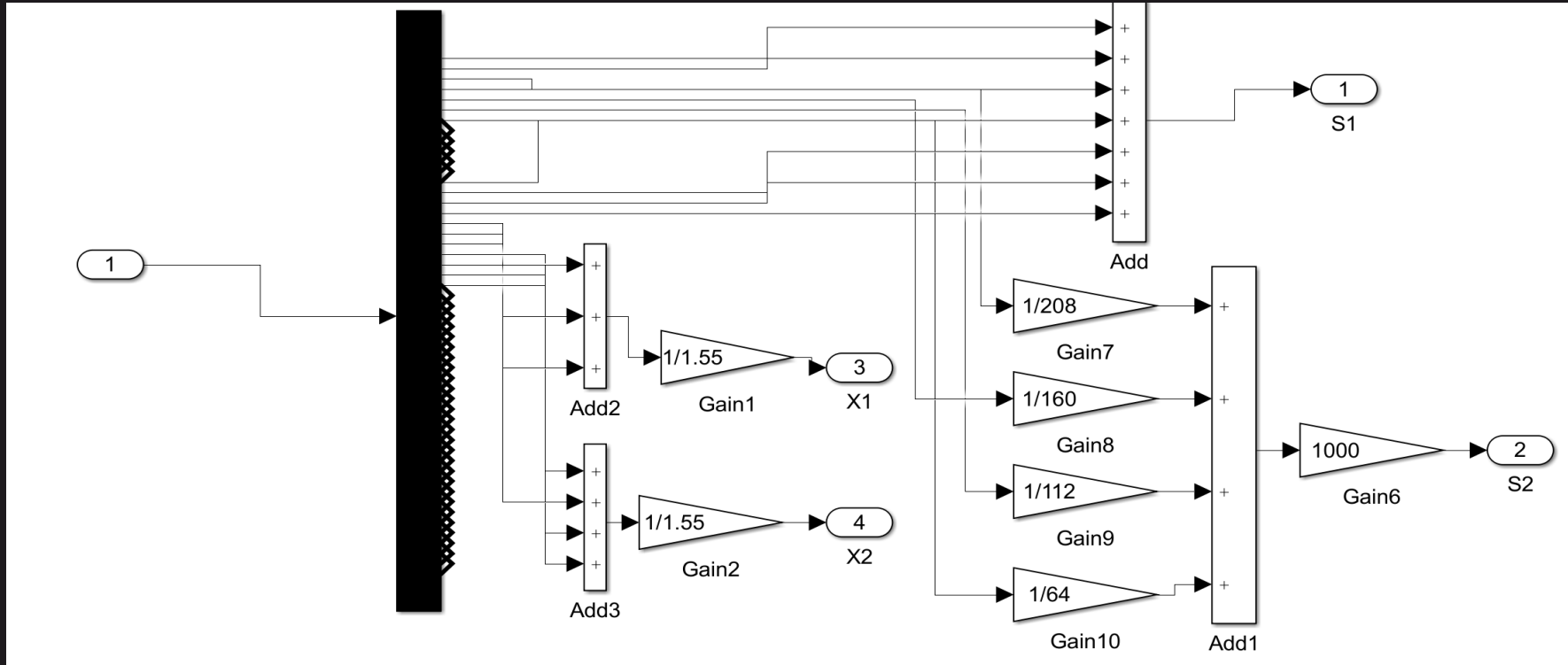
Conversion des entrées de l'AM1



Le bloc conversion des entrées de l'ADM1 comporte un DEMUX et un MUX 33
Les entrées 1,2,3, 4,5, 6,7,13, 14, 15, 16 sont calculés comme dans la diapo 24
L'entrée 27 est DV



Conversion des sorties de l'AM1



Le bloc conversion des sorties de l'ADM1 comporte un DEMUX de 50 variables
Les sorties 1,2,3, 4,5, 6,7,13, 14, 15, 16, 17,18,19,20,22,23 sont calculés comme dans la diapo 23



Le biogaz a récemment reçu beaucoup d'attention en raison de son potentiel de préservation de l'environnement et en tant que source d'énergie renouvelable bon marché. Néanmoins, la production de biogaz nécessite des techniques de contrôle robustes principalement pour son modèle fortement non linéaire, l'interaction entre les différentes variables d'état

Problèmes

Alpha

Temps de simulation

K



Perspectives

Développement de techniques de commande
Tests de ces techniques sur l'ADM₁

Références bibliographiques

Wang H.P., Tian Y., Kalchev B., I. Simeonov, (pilot-scale biogas plant: description, modelling and composed recursive control), CEAI , vol.15, n°02, 2013,38-45.

Simeonov I., S. Diop et al., (design of soft-ware sensors for unmeasurable variables of anaerobic digestion processes. new trends in microbiology). 65th anniversary of the stephan angelo institute of microbiology, the stephan angelo institute of microbiology, bulgarian academy of sciences, Bulgaria, 2012, 307-311.

[parker] Wayne J.parker Application of the ADM1 model to the advanced anaerobic digestion bioresource (2005)

batstone et al] D.J. Batstone, J. Keller, I. Angledaki, S.V. Kalyuzhnyi, S.G. Pavlostathis, A. Rozzi, W.T.M. Sanders, H. Sie grist, and V.A vavilin. Anaerobic Digestion Model No.1 IWA publishing, London,UK,2002

S. Hassam, E. Ficarab, A. Levac, J. Harmand, : A generic and systematic procedure to derive a simplified model from the anaerobic digestion model No. 1 (ADM1) Biochemical Engineering Journal 99 (2015) 193–203

[Rosen] Rosen, C et Jepson, U. Aspects on ADM1 implementation within the BSM2 framework;

Fin de la présentation

Merci pour votre attention



Questions ?