

*Projet COMORE**Contrôle et Modélisation de Ressources
Renouvelables**Sophia Antipolis*

THÈME 4A



*R*apport
d'Activité

2002

Table des matières

1. Composition de l'équipe	1
2. Présentation et objectifs généraux	1
3. Fondements scientifiques	2
4. Domaines d'application	4
5. Logiciels	5
6. Résultats nouveaux	5
6.1. Mathématiques de la modélisation	5
6.2. Outils pour la modélisation en biologie	5
6.3. Capteurs logiciels pour des systèmes biologiques	6
6.4. Etude expérimentale et théorique de la croissance du plancton	7
6.5. Modélisation et contrôle de procédés d'épuration biologique	9
6.6. Modélisation de la lutte biologique coccinelle/puceron	10
6.7. Dynamique et contrôle de la pêche et de l'aquaculture	10
6.8. Jeux dynamiques	11
7. Contrats industriels	11
7.1. Traitement biologique des résidus agro-alimentaires	11
8. Actions régionales, nationales et internationales	11
8.1. Actions nationales	11
8.2. Actions européennes	12
8.3. Visites et invitations de chercheurs	12
9. Diffusion des résultats	12
9.1. Animation de la communauté scientifique	12
9.2. Enseignement	12
9.2.1. Thèses	12
9.2.2. Stages	13
9.3. Participation à des colloques, séminaires, invitations	13
10. Bibliographie	14

1. Composition de l'équipe

COMORE est un projet commun avec le CNRS, UMR 7093/ Université P.M. Curie, Equipe Analyse et Simulation du Fonctionnement des Ecosystèmes (Station Zoologique, Villefranche sur Mer).

Responsable scientifique

Jean-Luc Gouzé [DR Inria]

Assistante de projet

France Limouzis [AI, à temps partiel dans le projet]

Personnel Inria

Olivier Bernard [CR Inria]

Odile Pourtallier [CR Inria, à temps partiel dans le projet]

Personnel CNRS

Antoine Sciandra [DR UMR 7093, Villefranche-sur-Mer, à temps partiel]

Gilbert Malara [Ingénieur UMR 7093, à temps partiel]

Chercheur invité

Tewfik Sari [professeur à l'université de Mulhouse, en délégation jusqu'en septembre]

Collaborateur extérieur

Claude Lobry [professeur à l'université de Nice, détaché à l'INRA jusqu'en septembre et en délégation à l'INRIA depuis octobre]

Ingénieur associé

Cédric Prévost

Post-Doctorants

Woihida Aggoune [janvier]

Victor Alcaraz [février à juin]

Benoit Chachuat [à partir d'octobre]

Chercheurs doctorants

Valérie Lemesle [bourse MESR, UNSA]

Emilie Lefloc'h [bourse MESR, université de Marseille, jusqu'en juin]

Ludovic Mailleret [bourse MESR, UNSA]

Ricardo Martinez [bourse Conacyt (Mexique), UNSA]

Lionel Pavlowski [bourse MESR, université P.M. Curie]

Gonzalo Robledo [bourse Conicyt (Chili)-INRIA, UNSA, à partir de décembre]

Stagiaires

Gaelle Césari [Maitrise Univ. Poitiers]

Cédric Pénart [Maitrise Océanologie Univ. Marseille]

Olivier Sassi [Ecole Polytechnique]

Stéphane Madani [DEA Océanologie Paris 6]

Grégory Manguin [Ecole des métiers de l'Environnement]

2. Présentation et objectifs généraux

L'objectif global de Comore est d'appliquer des méthodes de l'automatique (régulation, estimation, identification, contrôle optimal, théorie des jeux) et de la théorie des systèmes dynamiques à la modélisation mathématique des ressources vivantes exploitées (ressources renouvelables), et à leur gestion. En collaboration avec des biologistes, nous construisons des modèles mathématiques de l'évolution temporelle de populations d'individus, les études, les validons, et nous appliquons des techniques de l'automatique pour réguler ou optimiser les systèmes biologiques.

Comore est un projet commun avec le CNRS, UMR 7093, Equipe Analyse et Simulation du Fonctionnement des Ecosystèmes (Station Zoologique, Villefranche sur Mer).

Axes de recherche :

- Mathématiques de la modélisation en biologie : étude mathématique de modèles non-linéaires, de leur comportement global.
- Outils pour la modélisation en biologie : construction et validation des modèles, identification des paramètres.
- Capteurs logiciels pour des systèmes biologiques : à partir des mesures et du modèle, on cherche à reconstruire les variables non mesurées.
- Modélisation et contrôle de la croissance du plancton en chémostat : le phytoplancton est la base de la chaîne trophique dans les océans, et joue un rôle important dans le cycle du carbone (en rapport avec l'effet de serre). Nous étudions sa croissance dans un appareillage informatisé et automatisé, et validons des modèles.
- Modélisation, estimation et contrôle de bioréacteurs : les bioréacteurs, qui sont des écosystèmes microbiens en environnement contrôlé, ont de nombreuses applications industrielles, notamment en rapport avec l'agro-alimentaire et le traitement de l'eau.
- Dynamique et contrôle des écosystèmes, de la pêche : on modélise des écosystèmes (insectes, poissons) et on cherche par exemple des régulations optimales.
- Logiciels à usage des modélisateurs et des biologistes : on construit de petits logiciels spécifiques pour analyser des données biologiques.

Relations nationales, internationales et industrielles :

- Collaborations avec IFREMER (Nantes), INRA (Antibes, BIA Montpellier, LBE Narbonne), le Centre d'Océanologie de Marseille.
- Coordination scientifique du projet européen IST TELEMAT portant sur le contrôle de stations de dépollution biologique (<http://www.ercim.org/telemat>)
- Participation au groupement national CoReV (Modèles et théories pour le Contrôle de Ressources Vivantes et la gestion de systèmes écologiques).
- Collaborations avec l'Ecole Polytechnique de Montréal (Canada), l'université de Louvain-la-Neuve (Belgique), l'université de Marrakech (Maroc), l'université de Twente (Hollande).

3. Fondements scientifiques

Mots clés : *système dynamique, modélisation en biologie, ressources renouvelables, environnement, biologie, écosystèmes, optimisation, théorie des jeux, automatique non linéaire, bioréacteur, traitement de l'eau, épuration biologique, dynamique des populations, croissance de micro-organismes.*

Le projet s'intéresse à la modélisation mathématique de systèmes biologiques, et plus particulièrement aux écosystèmes soumis à une action humaine (le cadre est donc celui des ressources vivantes renouvelables). Il est maintenant clair qu'il est important de savoir modéliser et contrôler l'exploitation de ces ressources par l'homme. Notre cadre de pensée est celui de l'Automatique [35] : un système, décrit par des variables d'état, est soumis à des entrées (des actions sur ce système, que l'on maîtrise ou non), et est décrit par des sorties (les mesures possibles sur le système). Dans notre cas, le système sera l'écosystème, modélisé par un modèle mathématique (une équation différentielle le plus souvent, cf. [44]). Ses variables d'état seront par exemple le nombre ou la densité de telle population. Les entrées pourront être les actions que l'on exerce sur l'écosystème : action de l'homme (effort de pêche, introduction de nourriture...) ou action d'un facteur extérieur (pollution, lumière, ...). Les sorties seront soit des produits que l'on peut récolter de cet écosystème (récolte, captures, production...), soit des mesures que l'on utilise pour mieux savoir ce qui se passe dans l'écosystème (par exemple, la mesure d'une population).

Cette approche passe donc d'abord par la modélisation mathématique du système [45]. Cette étape est fondamentale et difficile, car on ne dispose pas de lois rigoureuses comme en physique. Il faut ensuite étudier les propriétés de ce système mathématique, dont certaines découlent de sa structure particulière. Prenons un exemple simple mais fondamental : dans la réalité, les variables sont positives parce que ce sont des populations ; en est-il de même dans le système mathématique ?

On cherche donc à étudier le comportement qualitatif du système, l'existence de points d'équilibre, leur stabilité, l'existence de solutions périodiques... On souhaite montrer par exemple que pour toute condition initiale on ira vers un équilibre. Ces questions qualitatives sont fondamentales, car elles disent si le modèle est viable (le modèle ne prédit l'extinction d'aucune espèce, tout reste borné...) ou pas. Souvent, des problèmes spécifiques sont posés par l'origine biologique des modèles : des fonctions ou des paramètres sont mal connus, ou variables ; que peut-on dire sur le comportement du modèle ? Il est nécessaire de développer des techniques nouvelles pour étudier ces problèmes. De même, la structure forte des modèles permet de définir des grandes classes de systèmes, pour lesquelles on développe des techniques fines et adaptées : prenons pour exemple les modèles de type Lotka-Volterra en dimension n , qui décrivent les interactions deux à deux entre n espèces (proie-prédateur,...) [37].

Un problème fondamental est ensuite celui de la validation, ou de l'invalidation, des modèles : comment accepter, avec une certaine précision, un modèle en le comparant à des données expérimentales, parfois assez bruitées ? L'approche classique, qui consiste à identifier les paramètres du modèle en minimisant un critère d'écart entre la sortie mesurée et la sortie théorique, est souvent prise en défaut, car les mesures sont trop imprécises ; les fonctions intervenant dans la définition du modèle sont aussi parfois mal connues ; enfin, il est souvent difficile de décider, au vu de la sortie du modèle correspondant aux paramètres optimaux, s'il faut rejeter le modèle ou pas ; un critère numérique est porteur de peu d'information dans l'absolu. Nous avons donc développé des méthodes pour tenir compte de ces contraintes ; en particulier, nous cherchons des critères plus qualitatifs, permettant de conserver l'information initiale sur les modèles, et aussi de rejeter le modèle de façon certaine s'il ne peut rendre compte de certaines caractéristiques qualitatives visibles sur les données expérimentales.

Enfin, on se posera des problèmes de régulation (comment garder une variable à un niveau constant) et d'observation (comment reconstituer les variables d'état à partir des mesures) sur ces systèmes, en insistant surtout sur l'aspect observation (« capteur logiciel »), difficile pour les mêmes raisons que ci-dessus. Ces problèmes sont rarement classiques, parce que, encore une fois, l'origine « biologique » des systèmes apporte des contraintes. Un exemple simple est celui de l'effort de pêche, qui est une entrée (action de l'homme) sur un système (l'écosystème marin) : il est clair que l'effort sera toujours positif, et borné ; ces contraintes posent des problèmes mathématiques nouveaux.

Les domaines spécifiques où nous intervenons sont variés, mais unis par cette méthodologie de l'automatique. Nous allons du système en laboratoire très contrôlé (le chémostat) au système, très ouvert, de la pêche. Nous nous concentrons prioritairement sur les petits écosystèmes en environnement contrôlé (chémostat, bioréacteur,...)

- **Modélisation de la croissance du plancton marin en chémostat.**

Nous travaillons en collaboration avec la station zoologique de Villefranche-sur-mer, qui a mis au point un chémostat (petit bioréacteur où des cellules se développent à partir d'un substrat) automatisé et géré par ordinateur ; ce système se prête donc particulièrement bien à l'application des méthodes issues de la théorie du contrôle. Le travail consiste à étudier et valider des modèles de croissance en continu pour le plancton soumis à un environnement variable (lumière, nourriture). La croissance du phytoplancton est à la base de toute la production de la matière organique des océans ; cependant, les modèles classiques existants (Monod, Droop) révèlent leur insuffisance en environnement « trop » variable, c'est-à-dire qu'ils ont été validés expérimentalement seulement à l'équilibre [30]. Nous cherchons à obtenir des modèles valables pendant les phases transitoires, donc en dehors de l'équilibre ; ces modèles représenteront donc mieux le phénomène réel. Nous

disposons à Villefranche de l'outillage expérimental et de l'expertise nécessaire pour entreprendre de nouvelles expériences suggérées par la théorie.

- **Modélisation du fonctionnement d'un bioréacteur. Observation et contrôle.**
Très naturellement, le thème ci-dessus débouche sur une problématique plus générale de modélisation de bioréacteurs de différents types (épuration d'eau par exemple) et des problèmes d'observation et de contrôle de modèles incertains [32]. Un capteur logiciel, ou observateur, est un système dynamique dont l'objectif est de reconstruire asymptotiquement les variables d'état du système. Il se fonde pour cela à la fois sur un modèle et sur des mesures partielles (sorties) du processus. Plusieurs types de capteurs logiciels non-linéaires sont développés (observateurs « grand gain », asymptotiques, ...).
Cependant, les modèles utilisées sont souvent mal connus, en partie au moins. Nous développons aussi des observateurs qui tiennent compte de ces incertitudes, en fournissant des intervalles d'estimation.
- **Modélisation de systèmes exploités (pêche, écosystèmes).**
L'échelle des problèmes change ici ; beaucoup d'éléments sont peu ou mal connus. Nous nous posons surtout pour l'instant des problèmes méthodologiques : comment modéliser, chez les poissons, la relation stock-recrutement (la relation qui lie, en gros, les adultes au nombre de juvéniles qu'ils peuvent engendrer)[38] ? Comment optimiser le comportement d'une pêcherie vers un équilibre ? On pourra consulter [49] pour un exposé de ces problèmes. De même, nous nous intéressons à la modélisation d'écosystèmes exploités par l'homme, tel que les serres dans le cadre de la lutte biologique.
- **Théorie des jeux, économie**
Les problématiques d'exploitation des ressources débouchent naturellement sur des problèmes de théorie des jeux (plusieurs pêcheurs sur une même ressource...). En général, dans les problèmes issus de l'exploitation des ressources, les agents économiques ont des intérêts conflictuels, mais non opposés. On utilisera des modèles de jeux à somme non nulle, et le but principal est de calculer des équilibres non coopératifs [31].

4. Domaines d'application

Mots clés : *bioréacteur, traitement de l'eau, modèles biologiques, capteur logiciel.*

Les domaines d'applications interviennent naturellement dans notre cadre de travail. Le contrôle des bioréacteurs a des applications principalement en agro-alimentaire, en pharmaceutique ou en cosmétique, et dans l'environnement (épuration des eaux, traitements des déchets, expertise écologique) [30].

Notre effort principal porte sur l'épuration biologique : face à l'impact écologique du développement urbain et de la croissance démographique, le souci de la préservation des écosystèmes et du milieu naturel entraîne un durcissement de la réglementation des rejets des stations d'épuration (cf. la directive européenne du 21 mai 1991 concernant le programme d'assainissement s'échelonnant entre 1998 et 2005). Parmi les différentes méthodes appliquées, le traitement biologique joue un rôle important : plusieurs procédés sont étudiés, comme les boues activées et la fermentation anaérobie.

Le premier objectif du travail concerne la modélisation du processus. La problématique est de trouver un modèle mathématique à la fois suffisamment complexe pour décrire les activités biochimiques importantes pouvant intervenir au cours du traitement biologique (croissance des micro-organismes, oxydation, nitrification, dénitrification, hydrolyse, sédimentation,...) et suffisamment simple pour permettre une étude rigoureuse (analyse théorique, identification des paramètres, estimation des variables,...).

Nous considérons ensuite les problèmes d'estimation pratique de paramètres, d'observation (capteur logiciel), de surveillance en ligne et de régulation. Nous collaborons avec l'INRA Narbonne (LBE) qui possède des pilotes expérimentaux, dédiés à l'épuration biologique des vinasses. Nous sommes en contact (voir 7.1) avec des industriels dans le domaine de l'épuration biologique de résidus agro-alimentaires.

5. Logiciels

Nous réalisons quelques logiciels, pour l'instant encore expérimentaux, d'aide à la conception et à la simulation de modèles mathématiques en biologie, et de traitement de données biologiques ; ces logiciels (citons par exemple un logiciel de lissage interactif) sont mis à disposition des biologistes. L'accent est mis sur le côté interactif et pratique. Des logiciels d'aide à l'étude des équations différentielles sont développés. Nous réalisons aussi des logiciels pour gérer le dispositif expérimental de culture de Villefranche.

6. Résultats nouveaux

6.1. Mathématiques de la modélisation

Participants : Jean-Luc Gouzé, Claude Lobry, Tewfik Sari.

Mots clés : *modélisation en biologie, système dynamique, automatique non linéaire, modèles mathématiques en biologie.*

J.-L. Gouzé et T. Sari étudient une classe de systèmes différentiels linéaires par morceaux $x' = f(x) - g(x).x$, x vecteur de dimension n , où le vecteur $f(x)$ et la matrice diagonale $g(x)$ sont constant par morceaux. Ils appliquent la théorie de Filippov des équations différentielles à second membre discontinu pour étudier ces systèmes sur leurs surfaces de discontinuité ([36]). Ce travail a donné lieu à une collaboration scientifique avec Hidde de Jong (HELIX, Inria Rhône-Alpes) et son équipe. Ce thème a pris de l'ampleur cette année ; ces modèles ont fait l'objet d'une littérature importante dans le cadre des réseaux de régulation génique, où les interactions entre les gènes sont modélisés qualitativement par des fonctions du type « à seuil », qui dit par exemple que tel gène A va coder pour telle protéine qui réprime l'expression d'un autre gène B. On résumera le tout en disant que le gène A, en dessus d'un seuil, réprime le gène B, et ne fait rien en dessous du seuil. Au final, on obtient un gros réseau de petits éléments qui interagissent entre eux de manière positive ou bien négative. Il s'agit de décrire qualitativement la dynamique d'un tel réseau, qui peut être très gros. On peut remarquer que ce réseau ressemble beaucoup à un réseau trophique (écosystème), où les interactions sont aussi parfois connues seulement de façon qualitative.

C. Lobry et T. Sari étudient la régularisation stochastique d'une équation différentielle discontinue $x' = f(x)$ par le schéma d'Euler stochastique $x_{n+1} = x_n + hf(x_n + V_n)$ où V_n est une suite de variables aléatoires indépendantes et identiquement distribuées ([40]). Ce problème peut être vu comme une façon de lever les indéterminations (inclusions différentielles) apparaissant dans la théorie précédente.

C. Lobry et T. Sari étudient la stabilisation semi-globale approchée de systèmes triangulaires de la forme $x' = f(x, y)$, $y' = g(y)$ lorsque $x = 0$ est globalement asymptotiquement stable pour $x' = f(x, 0)$ et que les solutions de $y' = g(y)$ convergent très vite vers $y = 0$ ([41]). Cette structure est très fréquente dans les modèles biologiques.

T. Sari étudie les systèmes hamiltoniens à paramètres lentement variables et leurs perturbations $q' = \partial H / \partial p(p, q, \lambda) + \varepsilon f(p, q, \lambda)$, $p' = -\partial H / \partial q(p, q, \lambda) + \varepsilon g(p, q, \lambda)$, $\lambda' = \varepsilon h(p, q, \lambda)$ ([28]).

6.2. Outils pour la modélisation en biologie

Participants : Olivier Bernard, Jean-Luc Gouzé, Lionel Pawlowski, Valérie Lemesle, Ricardo Martinez.

Mots clés : *bioréacteur, modélisation en biologie, modèle incertain, analyse qualitative.*

La modélisation en biologie pose le problème de l'adéquation entre le système réel et sa représentation mathématique. Lors de la phase de modélisation, l'étape de validation du modèle est capitale. Nous avons poursuivi le développement d'une méthode de validation dynamique robuste de modèles différentiels, qui utilise seulement le signe des éléments de la matrice jacobienne, et ne dépend donc pas de la formulation exacte des équations ni des paramètres. En effet, les modèles en biologie sont souvent mal connus, et on utilise seulement des hypothèses de monotonie de certaines fonctions. On étudie alors la succession temporelle des extrema de chaque variable et leur position par rapport à une valeur de référence. Ce sont des renseignements

qualitatifs assez faciles à obtenir, même quand il y a beaucoup de bruit sur les mesures. Nous avons affiné l'analyse en combinant l'information sur la tendance des variables d'état et sur leur position par rapport à une valeur de référence [13]. On peut alors déterminer l'ensemble des états qualitatifs possibles et leur succession dans le temps. Par exemple, on montre que seuls 14 des 64 états qualitatifs possibles *a priori* sont compatibles avec la structure du modèle de Droop (un modèle classique de croissance du plancton). La dynamique qualitative est alors décrite de manière très fine par un graphe.

Ces travaux ont été comparés avec une autre approche menée par Hidde de Jong (INRIA Grenoble) et Ivayla Vatcheva (Université de Twente). La succession des extrema est alors obtenue à l'aide d'une procédure de simulation qualitative (QSIM) raffinée. Cette approche donne les mêmes résultats qualitatifs que celle que nous avons développée. Elle permet de plus de mieux caractériser la probabilité d'avoir un comportement qualitatif donné. Elle a ensuite été appliquée à 4 modèles candidats susceptibles de représenter la croissance du phytoplancton ; elle aboutit à la détermination des conditions expérimentales qui séparent au mieux les modèles (voir [50]). Des données expérimentales ont été utilisées pour valider l'approche.

Identification des modèles à bilan de matière

En collaboration avec G. Bastin (CESAME, Belgique), nous avons élaboré une méthode pour déterminer le nombre de réactions biologiques qu'il faut prendre en compte pour espérer représenter un jeu de données par un modèle de bilan de matière [12]. Nous avons également mis au point une méthode pour identifier la structure de la matrice stoechiométrique (termes positifs, négatifs et zéros).

Nous nous sommes intéressés à la validation de la matrice stoechiométrique retenue en même temps que la détermination de ses coefficients. En effet, à l'aide de transformations non linéaires, nous nous ramenons à des régressions linéaires. Nous proposons un résultat qui étend des conditions d'identifiabilité connues [33].

Plus généralement, nous explorons des méthodes (combinant analyse de données et identification) permettant de construire la matrice stoechiométrique à partir de données expérimentales.

Etude qualitative du comportement entrées-sorties à l'équilibre

Pour valider la structure des modèles biologiques lorsqu'on ne connaît pas leur paramètres, nous avons étudié de manière qualitative, le comportement entrées-sorties à l'équilibre. Une fois les valeurs d'équilibre calculées, nous étudions comment celles-ci sont influencées par une augmentation ou une diminution des entrées. Nous comparons ensuite ces résultats théoriques aux observations expérimentales afin de valider les modèles.

Cette approche a été appliquée et validée dans le cadre de deux modèles décrivant la croissance du phytoplancton. Elle permet en outre de démontrer que certains modèles classiquement utilisés ne respectent pas le comportement entrées-sorties à l'équilibre qui est pourtant bien connu des biologistes [23][25].

Modèles structurés et réduction de modèles

Nous voulons décrire la croissance d'une cellule le long de son cycle. Nous avons alors construit des modèles structurés en nombre ou en taille de dimension faible, pour pouvoir les analyser. La structuration dans les modèles prend en compte les différents stades d'évolution de la cellule. Ce type de modélisation permet d'obtenir un comportement plus riche que les modèles classiques non structurés. De plus, nous avons construit des systèmes pour lesquels un comportement oscillatoire peut apparaître ; en effet, lors d'expériences biologiques, des fluctuations persistantes ont pu être observés. Pour prouver l'existence de ces orbites fermées, nous avons utilisé les propriétés des systèmes compétitifs et le critère de Bendixon [20].

Nous continuons à nous intéresser à la réduction de modèles en étudiant des systèmes lents-rapides de dimension supérieure dont le système réduit est l'un des modèles que nous avons construits précédemment. Ces modèles rejoignent et généralisent des modèles utilisés pour la croissance du plancton (voir 6.4).

6.3. Capteurs logiciels pour des systèmes biologiques

Participants : Jean-Luc Gouzé, Olivier Bernard, Valérie Lemesle.

Mots clés : *bioréacteur, automatique non linéaire, observateur, modèle incertain.*

Observateur à erreur bornée pour des bioréacteurs

Nous nous intéressons à une classe de bioréacteurs où certaines fonctions de l'état sont mal connues, ce qui est souvent le cas en biologie. Nous avons alors construit un observateur à erreur bornée pour une telle catégorie de système. Il reconstruit ainsi les variables d'état non mesurées avec une erreur raisonnable dépendant de la connaissance du modèle et avec une vitesse de convergence ajustable d'une certaine façon. Un tel observateur permet de lier les méthodes utilisées jusqu'à présent à savoir l'observateur asymptotique, qui est construit lorsque certaines fonctions de l'état sont inconnues, et l'observateur grand gain, qui est construit lorsque le modèle est parfaitement connu ce qui est rare en pratique. L'observateur à erreur bornée est plus robuste au bruit que l'observateur grand gain et est plus rapide que l'observateur asymptotique si on l'ajuste correctement. Il peut se généraliser en dimension quelconque [39].

Observateurs par intervalles

En présence d'incertitudes sur le modèle, la construction d'un observateur d'état exact n'est en général plus possible ; néanmoins, dans le cadre des systèmes coopératifs, la connaissance des bornes dynamiques des incertitudes permet de construire des estimateurs par intervalles donnant des bornes dynamiques encadrant les variables d'état à estimer.

Pour améliorer ces estimateurs, nous considérons expérimentalement connue la densité de probabilité des paramètres incertains à l'intérieur des bornes dynamiques. En calculant l'image (ou une borne supérieure) de la densité de probabilité des paramètres par le flot, nous pouvons associer aux estimateurs des degrés de confiance, et ainsi avoir un encadrement plus intéressant de la variable à estimer, notamment en vue de la surveillance d'un bioréacteur ([19]).

Avec Alain Rapaport (INRA Montpellier), nous avons poursuivi des travaux sur les observateurs par intervalles, en posant en particulier le problème de l'observabilité pratique : il arrive qu'un système incertain soit théoriquement instantanément observable, mais qu'on ne puisse pas construire un observateur classique. Nous avons étudié ensuite le cas où le système n'est plus observable : comment construire un observateur par intervalles qui gère au mieux ces incertitudes ? Nous décomposons alors les incertitudes suivant une certaine base, et obtenons des observateurs polytopiques qui encadrent les variables à estimer. Nous pensons qu'il y a encore de multiples améliorations possibles, pour gérer le bruit au mieux par exemple ([46]).

6.4. Etude expérimentale et théorique de la croissance du plancton

Participants : Olivier Bernard, Jean-Luc Gouzé, Emilie LeFloch, Antoine Sciandra, Gilbert Malara, Lionel Pawlowski, Cédric Prévost.

Mots clés : *bioréacteur, modélisation en biologie, croissance de micro-organismes, dynamique des populations.*

Etude expérimentale

La problématique de la croissance phytoplanctonique contrôlée par une ressource variable a été abordée à travers une approche expérimentale visant à mesurer les principales variables réagissant à une variation de la ressource nutritive : la densité des algues unicellulaires en chémostat, leur taille, ainsi que la ressource. Le dispositif mis en place permet de contrôler l'apport de la ressource dans le temps suivant un mode périodique, et de mesurer à haute fréquence en sortie les variables précédentes [7].

Développement d'un logiciel de pilotage des chemostats

Nous développons un logiciel pour piloter et synchroniser les différents automates de culture et stocker les données dans une base. L'objectif du logiciel est de centraliser le pilotage des différents automates de culture qui jusqu'à présent ne communiquaient pas entre eux, de rassembler l'information récoltée et de la stocker dans une base de données. Enfin, ce logiciel devra permettre la mise en oeuvre des algorithmes de contrôle sur la base des diverses informations recueillies. Ce logiciel est centré sur une base de données qui contient les paramètres des divers automates, et stocke les mesures recueillies par ces automates. Cette maquette a été testée sur l'automate de mesure des sels nutritifs. La version définitive en JAVA est en cours de développement

par C.Prévoist. Ce logiciel est centré sur une base de données MySQL qui contient les paramètres des divers automates, et stocke les mesures recueillies par ces automates.

Expérimentation et modélisation : croissance lumière/azote

Outre la variabilité des facteurs de croissance, le milieu marin est aussi caractérisé par leur concomitance. A une température donnée, la croissance du phytoplancton est essentiellement sous la dépendance de la lumière et des ressources nutritives. L'automate de culture de Villefranche-sur-Mer est également utilisé pour mesurer la croissance autotrophe de populations soumises à des conditions d'éclairage et de nutrition non optimales. Une étude expérimentale a été réalisée ([9]). In fine, ces mesures servent à construire et à valider des modèles plus réalistes. Un modèle mathématique a été proposé, qui prend en compte les principales caractéristiques physiologiques de la photoadaptation [23]. Ce modèle prend en compte le fait que les facteurs externes agissent de façon couplée sur la croissance lorsqu'ils sont sub-optimaux, et non de façon indépendante, comme les modèles actuels le supposent. Ce modèle a été identifié et validé grâce à une méthodologie originale dans ce domaine (voir 6.2). L'effet de la température a ensuite été rajouté, et le modèle validé d'un point de vue qualitatif [27].

Expérimentation et modélisation : flux de carbone entre croissance et calcification de coccolithophoridées

Afin de tester l'effet d'un doublement de la teneur en CO₂ atmosphérique sur la calcification des coccolithophoridées, des expériences ont été menées en chemostat avec l'algue *Emiliana huxleyi*. Au cours de ces expériences, deux cultures ont été maintenues en cycles de lumière jour/nuit, l'une à une pression partielle en CO₂ correspondant à la pression actuelle, l'autre au double (scénario prévu pour 2021). Les résultats confirment des résultats antérieurs démontrant que la calcification est inhibée par une augmentation de la pCO₂, mais mettent également en évidence qu'à cause de la limitation supplémentaire par l'azote dans le chemostat, la production primaire est également réduite, et qu'au total, le rapport Calcification/Production subit peu d'influence de la baisse de pCO₂, ce qui est un résultat nouveau [47].

Un modèle a par ailleurs été développé pour décrire la fixation du carbone soit pour la photosynthèse soit pour la calcification des coccolithophoridées. Comme les connaissances biologiques sur les mécanismes sous-jacents sont fragmentaires, nous avons développés 6 modèles basés sur différentes hypothèses. Le comportement entrée-sortie de chacun de ces modèles a été étudié et nous avons montré que seul deux modèles présentaient un comportement en adéquation avec la connaissance qualitative disponible [25]. Davantage de travail sera nécessaire pour valider ce modèle.

Couplage modèles physiques et modèles biologiques

Nous étudions, en collaboration avec le Centre d'Océanographie de Marseille, le couplage entre un modèle hydrodynamique simple de transport et le modèle biologique qui décrit la croissance du phytoplancton limitée simultanément par la lumière, l'azote et la température. En collaboration avec Yann Leredde, nous avons utilisé le modèle SYMPHONIE pour représenter une situation caricaturale d'un upwelling marin. L'hydrodynamique a été calculée avec le modèle physique et l'évolution des nutriments est obtenue grâce au modèle biologique. Nous avons ensuite considéré les trajectoires lagrangiennes de particules initialisées à diverses positions dans la colonne d'eau. Nous avons ainsi pu reconstituer l'environnement perçu par les cellules de phytoplancton au cours de leur trajet dans la colonne d'eau. Finalement, nous avons initialisé en collaboration avec David Nérini (COM) le regroupement en classes de ces trajectoires [26].

Modèles structurés de la croissance du phytoplancton

Disposant à Villefranche sur Mer de données décrivant l'évolution au cours du temps de la répartition des tailles de cellules dans un chemostat, nous étudions des modèles dits « structurés » de croissance dans le chemostat. Ces modèles décrivent la dynamique de la population en fonction de certaines caractéristiques, comme par exemple la taille.

Le modèle proposé, en temps discret et structure discrète, décrit la dynamique d'une population planctonique. La description qui est faite du processus de division cellulaire est très détaillée : nous rendons compte de la division de cellules pour des tailles non nécessairement égales, de même que de la division en deux cellules de taille non identique. Ces processus sont de plus dépendants de l'environnement nutritif des cellules.

En utilisant certaines propriétés du modèle, nous obtenons un résultat de stabilité globale. L'équilibre ainsi obtenu est ensuite comparé aux données expérimentales [11].

Par ailleurs, nous avons étudié les propriétés d'une classe assez générale de modèles, continus en temps et discrets en structure. Ces systèmes non linéaires d'équations différentielles ordinaires rendent compte de la mortalité cellulaire dans le chémostat, de même que des activités de maintenance des cellules (*i.e.*, des activités consommatrices d'énergie mais non liées à la croissance ou à la division, comme par exemple la respiration). En considérant un nouveau système, consistant en une renormalisation du système d'origine, il devient possible de réduire l'influence de la non linéarité, et d'en déduire pour le système d'origine des résultats qualitatifs [10].

Nous considérons aussi des systèmes plus généraux où la croissance est décrite non plus par une mais par plusieurs fonctions d'assimilation du substrat (voir 6.2).

6.5. Modélisation et contrôle de procédés d'épuration biologique

Participants : Jean-Luc Gouzé, Olivier Bernard, Ludovic Mailleret, Benoit Chachuat, Victor Alcaraz, Ricardo Martinez.

Mots clés : *bioréacteur, automatique non linéaire, traitement de l'eau, épuration biologique.*

Dans le cadre du projet européen IST Telemac, nous travaillons sur la modélisation, la reconstruction de l'état et le contrôle de fermenteurs anaérobies destinés à traiter des déchets agro-industriels (vinasses, ...). Ce dispositif moderne possède un rendement épuratoire très élevé, ce qui permet en outre de traiter des déchets industriels difficiles à dégrader par des techniques classiques. Un tel procédé n'est cependant pas stable : plusieurs points d'équilibre existent, mais un seul est exploitable. En pratique, une surveillance continue et un contrôle permanent du système sont nécessaires, pour le stabiliser autour du point de fonctionnement intéressant. Le travail a tout d'abord consisté à développer des modèles de différents degrés de complexité de ce procédé (de la dimension 1 à la dimension 6) [48]. Des procédures d'identification ont permis d'estimer les paramètres du modèle. Les simulations sont très proches des mesures, et les modèles reproduisent correctement la déstabilisation du fermenteur observée. Les modèles doivent maintenant être identifiés et validés avec les données acquises à l'échelle industrielle. Nous avons également commencé le développement d'autres modèles valables pour des modes de fonctionnement anormaux.

Des capteurs logiciels capables de tirer profit du peu de mesures disponibles pour estimer l'état interne du fermenteur (communautés bactériennes et différents substrats) ont été réalisés pour chacun des modèles développés. Ils ont été améliorés pour tenir compte des incertitudes en ajoutant une estimation adaptative des paramètres. Par ailleurs des observateurs par intervalle associés aux différents modèles ont été développés [22].

Nous avons exhibé un contrôleur asymptotique pour un fermenteur anaérobie à lit fixe. Le contrôleur permet notamment de choisir le niveau de pollution escompté en sortie du bioréacteur, par l'intermédiaire du contrôle d'un équivalent biologique de cette pollution, même si celle-ci est variable en entrée du procédé. Des expériences ont été réalisées au LBE (INRA) qui ont permis, notamment, de valider expérimentalement ces résultats. Une version adaptative de ce contrôleur a d'autre part été développée, la convergence étant assurée par une étude basée sur une approche à la Lyapounov, mais n'a pour l'instant pas encore fait l'objet d'expériences en laboratoire pour validation [21].

D'autre part, nous avons tenté d'élargir le champ d'application de ce type de contrôleurs à d'autres modèles. Une de ces études concerne le modèle de Droop, largement utilisé pour décrire le développement des cultures d'algues phytoplanctoniques ; le but est de reconstruire, en laboratoire, un profil nutritif équivalent à celui rencontré par le plancton lors de ses migrations dans la colonne d'eau [42].

Une autre application concerne plus largement la stabilisation des systèmes positifs et particulièrement des systèmes à bilan massique, comme les bioréacteurs ou les réacteurs chimiques [43].

Enfin, nous nous sommes aussi intéressés à un modèle plus général de biotransformation en chaîne à n étapes : le substrat initial est transformé par des micro-organismes en un produit intermédiaire, lui-même transformé par une seconde population et ainsi de suite n fois. Cette structure est celle de nombreux procédés

d'épuration biologique mais décrit aussi bien un procédé de bioproduction. Il est intéressant d'étudier la généralisation du contrôleur à des modèles conservant cette structure générique. Des résultats concernant la convergence asymptotique de la variable contrôlée vers une consigne choisie ont été obtenus sous entrées variables. Cependant, la stabilité asymptotique de l'unique équilibre résultant reste à démontrer.

6.6. Modélisation de la lutte biologique coccinelle/puceron

Participants : Olivier Bernard, Jean-Luc Gouzé.

Mots clés : *modélisation, écosystème, dynamique des populations.*

L'équipe Entomologie et Lutte biologique du centre INRA d'Antibes étudie l'efficacité de la coccinelle *Harmonia axyridis* Pallas (Coleoptera : Coccinellidae) contre le puceron *A. gossypii* (Homoptera : Aphididae) en serres de concombres. Cette équipe dispose des infrastructures nécessaires aux expérimentations, en particulier de serres et pièces climatisées, et de nombreuses données sont disponibles. L'objectif de ce travail (collaboration entre l'INRIA, l'INRA et l'INLN) est d'améliorer l'efficacité du traitement biologique, en utilisant les outils de l'automatique et des systèmes dynamiques ; on a écrit un premier modèle mathématique de l'interaction coccinelle/puceron et on le valide sur les données de terrain. On vise la mise au point des stratégies optimales de lâchers de coccinelles : on cherche le meilleur compromis entre le coût (nombre de coccinelles lâchées) et l'efficacité (le nombre de pucerons doit rester en dessous d'un seuil économiquement acceptable) [34].

6.7. Dynamique et contrôle de la pêche et de l'aquaculture

Participant : Jean-Luc Gouzé.

Mots clés : *pêche, ressources renouvelables.*

La plupart des populations marines de poissons benthiques et démersales présentent des caractéristiques spatiales et saisonnières liées à leur cycle de vie annuel. Beaucoup de poissons migrent des zones de reproduction vers les zones de nutrition à certaines périodes de l'année.

Malgré l'importance de ces aspects spatiaux et saisonniers, la plupart des modèles actuels de gestion ignorent fondamentalement cette structuration spatio-temporelle des ressources et la population est supposée se répartir au hasard sur toute l'aire de distribution et pendant toute l'année. Il semble cependant que la résolution du problème de la surexploitation pourrait être améliorée par l'adjonction de mesures de gestion plus fines, qui viseraient à rediriger l'effort de pêche selon les saisons et les compartiments spatiaux (par exemple par des fermetures de zones par saison). De telles mesures de gestion nécessitent d'une part une bonne connaissance des cycles biologiques des populations et d'autre part, des modèles structurés dans l'espace et dans le temps.

Le travail (en collaboration avec M. Verdoit et D. Pelletier, Laboratoire Maerha de l'IFREMER Nantes) a consisté à formaliser mathématiquement un modèle de la dynamique des divers stades démographiques d'une population marine exploitée, structuré dans l'espace et dans le temps, dans une perspective de gestion par zone et saison. Cette modélisation est basée sur les résultats d'une analyse de données issues de campagnes expérimentales scientifiques et de la pêche commerciale [52] et est appliquée à la population de merlan de la mer Celtique. Un formalisme en temps discret a été adopté pour l'écriture mathématique du modèle. Le modèle considéré a deux saisons et deux compartiments spatiaux et est utilisé pour tester différents schémas d'allocation spatio-temporelle de l'effort de pêche ainsi que pour tester certaines hypothèses relatives, notamment, au maintien de l'abondance de la population à un niveau stable. Une partie de l'étude consiste à identifier certains paramètres inconnus ou mal connus, et à réaliser une analyse de sensibilité du modèle à divers paramètres.

Un autre travail concerne un problème de stabilité globale dans un modèle classique de dynamique de population. On utilise des propriétés de monotonie du système pour prouver la stabilité globale de l'unique équilibre positif. On interprète les résultats du point de vue de l'exploitation du stock de poissons [51].

6.8. Jeux dynamiques

Participante : Odile Pourtallier.

Mots clés : *théorie des jeux, économie, politique environnementale.*

Bio-économie de la pêche

Le premier axe de recherche concerne la gestion bio-économique de la pêche, par une participation à un contrat européen (BEMMFISH). L'objectif du contrat est la réalisation d'un outil d'aide à la décision dans le contexte de la gestion des pêches (voir 8.2). Cette outil doit intégrer les aspects biologique de la ressource, mais aussi les aspects économiques liés à l'activité. L'objectif dans ce projet est d'apporter des outils de théorie des jeux, afin d'analyser des comportements économiques possibles des pêcheurs.

Étude des outils économiques proposés par le protocole de Kyoto

Ce point fait l'objet d'une collaboration avec Nadia Maizi (CMA, École des Mines de Paris) et Gérard Mondello (LATAPSES, CNRS).

Le débat international autour du protocole de Kyoto s'est porté sur les mécanismes de mise en place choisis afin de garantir un objectif de réduction des émissions de gaz à effet de serre à l'horizon 2008-2010.

En complément des mesures prises au niveau national, le protocole de Kyoto permet d'avoir recours à des mécanismes de flexibilité : échanges de permis d'émission, acquisition de certificats de réduction d'émission dans le cadre de l'Application Conjointe, mécanisme de développement propre. Nous avons commencé à étudier ce que serait l'impact de l'utilisation de certains de ces outils, notamment les permis d'émission, dans le cadre non coopératif.

7. Contrats industriels

7.1. Traitement biologique des résidus agro-alimentaires

Le projet européen TELEMAC (Tele-monitoring and Advanced Tele-control of High-Yield Wastewater Treatment Plants) est coordonné par O. Bernard (Comore) sur le plan scientifique et B. Le Dantec (Ercim) sur le plan administratif (voir le site <http://www.ercim.org/telemac>).

Les partenaires sont ERCIM, INRIA COMORE, INRA (Laboratoire des Biotechnologies de l'environnement, Narbonne), APPLITEK (capteurs, Belgique), Department of Applied Mathematics, Biometrics and Process Control, Gent University, Belgique), Council for the Central Laboratory of the Research Councils (CCLRC), Information Technology Department, (Angleterre), SPES (Information technologies, Italie), University of Santiago de Compostela (USC)(Espagne), ENEA Waste water Treatment and Water Cycle Unit (Italie), AGRALCO (traitement des résidus alcooliques, Espagne), PSPc (Belgique), Tequila SAUZA S.A. (Mexique), The University of Guadalajara (UDG) (Mexique), ALLIED DOMEQC SPIRITS and WINE LTD. (DOMEQC UK), Allied Domecq Brasil Industria e Comercio Limitada (Brésil). Il s'agit de modéliser un procédé de traitement des rejets alcooliques par fermentation anaérobie, de le surveiller à l'aide de capteurs logiciels, de détecter des comportements anormaux, et de le contrôler, tout ceci à distance via Internet.

8. Actions régionales, nationales et internationales

8.1. Actions nationales

A. Sciandra est responsable de l'action APPLE (Adaptation of Photosynthesis : Parametrisation from Laboratory Experiments) dans le cadre du programme national du CNRS PROOF (PROduction Océanique et Flux). Le projet COMORE est impliqué dans cette action.

Le GDR CNRS 1107 (programme Environnement, Vie et Sociétés) « Outils et modèles de l'automatique dans l'étude de la dynamique des écosystèmes et du contrôle des ressources renouvelables », qui a été créé en

1994 par C. Lobry, est maintenant dirigé par R. Arditi (Orsay), sous le nom de COREV. COMORE participe activement.

O. Bernard est responsable du projet SEMPO financé par l'Action Bioinformatique commune à plusieurs établissements de recherches, qui implique aussi le Laboratoire d'Océanographie et Biogéochimie CNRS de Marseille. L'objectif du projet est de reproduire expérimentalement l'environnement de cellules phytoplanc-toniques tel qu'il peut être rencontré en milieu marin. O. Bernard est aussi responsable de l'action incitative Color Hydrobio sur le couplage physique-biologie pour la croissance du plancton.

Jean-Luc Gouzé, Olivier Bernard et Antoine Sciandra organisent un séminaire régulier « Étude et contrôle de modèles écologiques », à la station zoologique de Villefranche-sur-Mer ou à l'INRIA.

8.2. Actions européennes

Participation à un contrat européen BEMMFISH : « Bio-economic modelling of Mediterranean fisheries » (O. Pourtallier). Durée 3 ans.

8.3. Visites et invitations de chercheurs

Outre les participants au séminaire, et les participants au projet Telemac, nous avons reçu :

- C. Béné (Cemare, Angleterre, une semaine)
- H. de Jong (INRIA Helix, France, deux semaines)

9. Diffusion des résultats

9.1. Animation de la communauté scientifique

J.L. Gouzé fait partie du comité d'experts pour l'appel d'offre Aquae INRA/Cemagref, pour l'action inter-EPST Bioinfo, pour le RTP50 CNRS « STIC et Environnement », des comités d'organisation de plusieurs congrès.

Il est membre (suppléant) de la commission d'évaluation de l'INRIA.

O. Bernard est coordinateur du projet européen Telemac.

Odile Pourtallier est membre du bureau exécutif de l'ISDG (International Society in Dynamic games).

9.2. Enseignement

J.L. Gouzé, O. Bernard et A. Sciandra ont organisé une semaine de cours sur les modèles mathématiques en biologie au DEA d'océanographie biologique de Pierre et Marie Curie, Paris VI. J.L. Gouzé a donné des cours de systèmes dynamiques (15 h) et O. Bernard a donné des cours de modélisation et TD (20h).

J.L. Gouzé a donné des cours de modélisation au DEA d'écologie d'Orsay (3h).

O. Bernard a donné des cours à l'INAPG (maîtrise) (3 h), à l'ENS Lyon, Ecole doctorale de maths. et info. fondamentale (3 h).

V. Lemesle enseigne les mathématiques (analyse et algèbre) dans la filière MIAS en première année (42 heures de travaux dirigés).

L. Mailleret donne des cours-TDs de Probabilités et Statistiques en deuxième année de DEUG Sciences de la Vie et de la Terre (SVT2) (36h) à l'université de Nice Sophia-Antipolis (UNSA).

Odile Pourtallier a enseigné un cours d'optimisation et un cours de théorie des jeux dans le mastère OSE (Optimisation des Systèmes Énergétiques) organisé par l'Edhec, l'Ecole des Mines de Paris et le Creden, et un cours d'optimisation au DESS IMAFA de l'université de Nice.

9.2.1. Thèses

- Thèses en cours :

- i. E. Lefloc'h, « Interaction lumière-nutriments sur la production des microalgues », université de Marseille, soutenue le 5 juin.
 - ii. V. Lemesle, « Observateurs pour des systèmes dynamiques non-linéaires issus de la biologie », UNSA
 - iii. L. Mailleret, « Méthodes de l'Automatique non-linéaire pour le contrôle d'écosystèmes en bioréacteur », UNSA
 - iv. L. Pawlowski, « Etude théorique et expérimentale de la croissance phytoplanctonique carencée par divers substrats », université P.M. Curie
 - v. R. Martinez, « Méthodes d'identification et d'estimation pour des modèles biologiques », UNSA
- Participation à des jurys de thèse : J.-L. Gouzé est rapporteur de la thèse de N. Sapoukhina (Université d'Etat de Rostov, soutenue à Rostov, Russie, juin) et H. Valdes, Univ. J. Fourier Grenoble, décembre). Il a fait partie du jury de l'HDR de J.C. Vivalda (INRIA Lorraine).

9.2.2. Stages

- Olivier Sassi, Ecole Polytechnique, avril à juin, « Etude d'un modèle de croissance phytoplanctonique en conditions sub-optimales de lumière et d'azote »
- Gaëlle Césari, Maîtrise Sciences et Techniques, Université de Poitiers, IUP Génie Physiologique - Informatique, juillet, « Logiciel de comptage de particules de phytoplancton »
- Stéphane Madani, DEA Océanographie UPMC, Paris VI, mars à septembre, « Modélisation de la fixation du carbone chez les coccolithophoridés. Etude de la réponse à un doublement de la pCO₂ »
- Grégory Mauguin, Ecole des métiers de l'Environnement, mars à août, « Couplage d'un modèle hydrodynamique à un modèle de croissance algale »
- Cédric Pénart, Maîtrise de biologie, Univ. de la Méditerranée, mai-juin « Modélisation de l'impact de la température sur la croissance phytoplanctonique »

9.3. Participation à des colloques, séminaires, invitations

Les conférences ayant donné lieu à *actes publiés* sont indiquées en bibliographie, et ne sont pas répétées ici. Pawlowski L, Bernard O, Le Floc'h E, Sciandra A. Le chémostat : un outil de développement et de validation de modèles de croissance phytoplanctonique, XXIIème Séminaire de la Société Francophone de Biologie Théorique - Ecologie Aquatique : Théorie et Expérience, Saint-Flour, 11-13 juin. Des membres du projet ont aussi participé.

A Sciandra : Le chémostat : Théorie et retour au réel, Conférencier invité au XXIIème Séminaire de la Société Francophone de Biologie Théorique - Ecologie Aquatique : Théorie et Expérience, Saint-Flour, 11-13 juin

Pawlowski L, Bernard O, Le Floc'h E, Sciandra A. 2002b. Non linear modelling of the coupling between carbon and nitrogen pathways during phytoplankton growth. Validation with chemostat experiments, ASLO meeting, Hawaii, February 2002

T. Sari, Le phénomène du peaking et les perturbations singulières, Workshop du Laboratoire de Physique Théorique, Université Louis Pasteur, 06-07/06/02, Strasbourg, France.

T. Sari, Applications of Nonstandard Analysis in the Singular Perturbations Theory of Control Problems, Summer School on Mathematical Control Theory, Banach Center, 16-20/09/02, Warsaw, Poland.

J.L. Gouzé a été conférencier invité au Colloque « Commande des systèmes non linéaires » 19-21 juin, Metz. Il a participé à l'école « Imaging, modelling, manipulating transcriptional regulatory networks » à Ambleuse, du 17 au 22 octobre. Il a présenté un travail avec Marion Verdoit « On the global asymptotic stability of a class of nonlinear, discrete time, population model », à la 5th European Conference for Mathematical and Theoretical Biology, Milan (juillet).

O. Bernard a présenté à l'ECMTB Milan (voir ci-dessus) « Global qualitative dynamical analysis of loop structured models with application to phytoplankton growth ». Il a été invité à Paris (Ecole des Mines), à l'université de Gand (Belgique) et Guadalajara (Mexique).

Semaine de rencontres entre biologistes, mathématiciens et automaticiens : Ecole de Printemps du CoReV, 27-31/05, Berder, France. Des membres du projet ont participé avec les exposés :

T. Sari, « Un logiciel de simulation pour un modèle dynamique à seuils, avec application aux systèmes proie prédateur »

Lionel Pawlowski, « Modélisation des effets conjugués azote/lumière sur la croissance phytoplanctonique en chémostat : étude qualitative et validation ».

10. Bibliographie

Bibliographie de référence

- [1] O. BERNARD, J.-L. GOUZÉ. *Transient behavior of biological loop models, with application to the Droop model.* in « Mathematical Biosciences », volume 127, 1995, pages 19-43.
- [2] O. BERNARD, Z. HADJ-SADOK, D. DOCHAIN, A. GENOVESI, J.-P. STEYER. *Dynamical model development and parameter identification for an anaerobic wastewater treatment process.* in « Biotech.Bioeng. », numéro 75, 2001, pages 424-438.
- [3] O. BERNARD, G. SALLET, A. SCIANDRA. *Nonlinear observers for a class of biological systems. Application to validation of a phytoplanktonic growth model.* in « IEEE Trans. Aut. Cont. », numéro 8, volume 43, 1998, pages 1056-1065.
- [4] J.-L. GOUZÉ. *Structure des modèles mathématiques en biologie.* in « Analysis and optimisation of systems », Lecture Notes in Control and Information Sciences, 111, Springer-Verlag, éditeurs A. BENSOUSSAN, J. LIONS., pages 1152-1163, 1988.
- [5] J.-L. GOUZÉ. *Global behaviour of Lotka-Volterra systems.* in « Mathematical Biosciences », volume 113, 1993, pages 231-243.
- [6] C. LOBRY. *Negative feedback and control of renewable resources.* in « Environment, economics and their mathematical models », Masson, éditeurs J. DIAZ, J. LIONS., 1994.
- [7] G. MALARA, A. SCIANDRA. *A multiparameter phytoplanktonic culture system driven by microcomputer.* in « Journal of Applied Phycology », volume 3, 1991, pages 235-241.
- [8] A. SCIANDRA, J.-L. GOUZÉ, P. NIVAL. *Modelling the reproduction of *Centropages typicus* (Copepoda : Calanoida) in a fluctuating food supply.* in « Journal of Plankton Research », volume 12, 1990, pages 549-572.

Thèses et habilitations à diriger des recherche

- [9] E. LEFLOC'H. *Interaction lumière-nutriments sur la production des microalgues.* thèse de doctorat, Université de Marseille, 2002.

Articles et chapitres de livre

- [10] J. ARINO, J.-L. GOUZÉ. *A size-structured, non conservative ODE model of the chemostat*. in « Mathematical Biosciences », volume 177-178, 2002, pages 127-145.
- [11] J. ARINO, J.-L. GOUZÉ, A. SCIANDRA. *A discrete, size-structured model of phytoplankton growth in the chemostat. Introduction of non constant cell division.* in « J. Math. Biol. », volume 45, 2002, pages 313-336.
- [12] O. BERNARD. *Mass balance modelling of bioprocesses*, A.Agrachev (éditeur). Int. Center for Theoretical Physics, Trieste, 2002, pages 769-812.
- [13] O. BERNARD, J.-L. GOUZÉ. *Global qualitative behavior of a class of nonlinear biological systems : application to the qualitative validation of phytoplankton growth models*. in « Artif. Intel. », volume 136, 2002, pages 29-59.
- [14] O. BERNARD, J.-L. GOUZÉ. *State estimation for bioprocesses*, A.Agrachev (éditeur). Int. Center for Theoretical Physics, Trieste, 2002, pages 813-855.
- [15] E. LEFLOC'H, G. MALARA, A. SCIANDRA. *An automatic device for in vivo absorption spectra acquisition in phytoplanktonic cultures : application to the study of photoadaptation to light and nutrient variations*. in « J. Applied Phycol. », volume , to appear, 2002.
- [16] D. STRAMSKI, A. SCIANDRA, H. CLAUSTRE. *Effects of temperature, nitrogen, and light limitation on the optical properties of the marine diatom Thalassiosira pseudonana*. in « Limnol. Oceanogr. », volume 47, 2002, pages 392-403.

Communications à des congrès, colloques, etc.

- [17] H. DE JONG, J.-L. GOUZÉ, C. HERNANDEZ, M. PAGE, T. SARI, H. GEISELMANN. *Dealing with discontinuities in the qualitative simulation of genetic regulatory networks*. in « Working Notes of 16th International Workshop on Qualitative Reasoning, QR 2002 », éditeurs N. AGELL, J. ORTEGA., pages 67-74, Sitges, Barcelona, Spain, 2002.
- [18] H. DE JONG, J.-L. GOUZÉ, C. HERNANDEZ, M. PAGE, T. SARI, H. GEISELMANN. *Dealing with discontinuities in the qualitative simulation of genetic regulatory networks*. in « Proceedings of 15th European Conference on Artificial Intelligence, ECAI 2002 », IOS Press, éditeurs F. VAN HARMELEN., pages 412-416, Amsterdam, 2002.
- [19] M. FRUCHARD, O. BERNARD, J.-L. GOUZÉ. *Interval observers with confidence levels. Application to the activated sludge process*. in « Proceedings of the IFAC World Congress », volume CD-ROM, Barcelona, Spain, 2002.
- [20] V. LEMESLE, J.-L. GOUZÉ. *Structured cell growth models in a chemostat*. in « Proceedings of the 5th European Conference for Mathematical and Theoretical Biology, Milan Research Centre for Applied and Industrial Mathematics », volume to appear, 2002.

- [21] L. MAILLERET, O. BERNARD, J.-P. STEYER. *Contrôle asymptotique non linéaire des fermenteurs anaérobies*. in « Proceedings of the CIFA Congress », volume CD-ROM, Nantes, France, 2002.
- [22] L. MAILLERET, O. BERNARD, J.-P. STEYER. *Robust regulation of anaerobic digestion processes*. in « Proceedings of the Latin American Congress on Anaerobic digestion », Merida, Mexico, 2002.
- [23] L. PAWLOWSKI, O. BERNARD, E. L. FLOC'H, A. SCIANDRA. *Qualitative behaviour of a phytoplankton growth model in photobioreactor*. in « Proceedings of the IFAC World Congress », volume CD-ROM, Barcelona, Spain, 2002.

Rapports de recherche et publications internes

- [24] H. DE JONG, J.-L. GOUZÉ, C. HERNANDEZ, M. PAGE, T. SARI, H. GEISELMANN. *Qualitative Simulation of Genetic Regulatory Networks Using Piecewise-Linear Models*. rapport technique, numéro 4407, INRIA, 2002, <http://www.inria.fr/rrrt/rr-4407.html>.
- [25] S. MADANI. *Modélisation de la fixation du carbone chez les coccolithophoridés. Etude de la réponse à un doublement de la pCO₂*. rapport technique, DEA Océanographie UPMC, Paris VI, 2002.
- [26] G. MAUGUIN. *Couplage d'un modèle hydrodynamique à un modèle de croissance algale*. rapport technique, Ecole des métiers de l'Environnement, stage de fin d'étude, 2002.
- [27] C. PÉNART. *Modélisation des effets conjugués azote/lumière/température sur la croissance phytoplanktonique : modèle BioLov2*. rapport technique, Maitrise Océanologie Univ. Marseille, 2002.
- [28] T. SARI. *Averaging in Hamiltonian Systems with Slowly Varying Parameters*. rapport technique, numéro 4374, INRIA, 2002, <http://www.inria.fr/rrrt/rr-4374.html>.
- [29] O. SASSI. *Etude d'un modèle de croissance phytoplanktonique en conditions sub-optimales de lumière et d'azote*. rapport technique, Ecole Polytechnique, stage d'option, 2002.

Bibliographie générale

- [30] J. E. BAILEY, D. F. OLLIS. *Biochemical engineering fundamentals*. McGraw-Hill, 1986.
- [31] T. BASAR, G. OLSDER. *Dynamic Noncooperative Game Theory*. édition Seconde, Academic Press, 1995.
- [32] G. BASTIN, D. DOCHAIN. *On-line estimation and adaptative control of bioreactors*. Elsevier, 1990.
- [33] O. BERNARD, G. BASTIN. *Identification of reaction schemes for bioprocesses : determination of an incompletely known yield matrix*. in « Proceedings of ECC03, submitted », Cambridge, UK, 2002.
- [34] C. BIDOT. *Modélisation et commande optimale de l'interaction coccinelle/puceron dans le cadre de la lutte biologique*. rapport technique, DEA Maths. Appli. INSA Toulouse, 2001.

- [35] B. D'ANDRÉA-NOVEL, M. COHEN DE LARA. *Commande linéaire des systèmes dynamiques*. Masson, Paris, 1994.
- [36] J.-L. GOUZÉ, T. SARI. *A Class of Piecewise Linear Differential Equations Arising in Biological Models*. in « Dynamical systems », volume , to appear, 2003.
- [37] J. HOFBAUER, K. SIGMUND. *The theory of evolution and dynamical systems*. Cambridge University Press, 1988.
- [38] A. LAUREC, J.-C. LE GUEN. *Dynamique des populations marines exploitées - Tome I : Concepts et modèles*. Rapports scientifiques et techniques, numéro 45, CNEXO (cf. Éditions de l'IFREMER), 1981.
- [39] V. LEMESLE, J.-L. GOUZÉ. *A two-dimensional bounded observer for a class of bioreactor model*. in « Proceedings of the ECC03 », volume submitted, 2003.
- [40] C. LOBRY, T. SARI. *On the stochastic regularization of differential equations with discontinuous right hand side*. in « submitted », 2002.
- [41] C. LOBRY, T. SARI. *The Peaking Phenomenon and Singular Perturbations*. in « submitted », 2002.
- [42] L. MAILLERET, J.-L. GOUZÉ, O. BERNARD. *Nonlinear Control for Algae Growth Models in the Chemostat*. in « European Control Conference 03, submitted », 2003.
- [43] L. MAILLERET. *Asymptotic Control for a Class of Nonlinear Positive Systems*. in « First International Symposium on Positive Systems : Theory and Application, submitted », 2003.
- [44] J. MURRAY. *Mathematical Biology*. Springer-Verlag, 1990.
- [45] A. PAVÉ. *Modélisation en biologie et en écologie*. Aléas, Lyon, 1994.
- [46] A. RAPAPORT, J.-L. GOUZÉ. *Parallelotopic and practical observers for nonlinear uncertain systems*. in « Int. Journal. Control », volume , to appear, 2003.
- [47] A. SCIANDRA, J. HARLAY, R. LEMÉE, P. RIMELIN, M. DENIS, J.-P. GATTUSO. *Response of the coccolithophore *Emiliana huxleyi* to elevated pCO_2 under nitrate limitation.*. in « Mar. Ecol. Prog. Ser. », volume submitted, 2003.
- [48] J.-P. STEYER, O. BERNARD. *An example of the benefits obtained from the long term use of mathematical models in wastewater biological treatment*. in « Proceedings of the Mathmod conference », Vienna, Austria, 2003.
- [49] S. TOUZEAU. *Modèles de contrôle en gestion des pêches*. thèse de doctorat, Université Nice-Sophia Antipolis, mars, 1997.
- [50] I. VATCHEVA, O. BERNARD, H. DEJONG, J.-L. GOUZÉ, N. MARS. *Discrimination of Semi-Quantitative models by experiment selection : method and application in population biology*. in « Proceedings of the IJCAI

conference », Washington, U.S. 4-10 Aug, 2001.

- [51] M. VERDOIT, J.-L. GOUZÉ. *On the global asymptotic stability of a class of nonlinear, discrete time, population models.* in « Proceedings of the 5th European Conference for Mathematical and Theoretical Biology, Milan Research Centre for Applied and Industrial Mathematics », 2002.

- [52] M. VERDOIT, D. PELLETIER, R. BELLAIL. *Characterizing the spatial and seasonal distribution of the whiting population in the Celtic Sea using commercial and scientific CPUE data.* in « ICES Journal of Marine Sciences », 2002, soumis.