

UNIVERSITÉ LIBRE DE BRUXELLES



BING-F525 - Modélisation des écosystèmes aquatiques

Travaux Pratiques

Degradation de la matière organique par les bactéries et de reminéralisation

Nicolas Piret

*Master en bioingénieur : sciences et technologies de
l'environnement*

Yann Spöri

Master en bioinformatique et modélisation

cours donné par
Nathalie Gypens

10 décembre 2016

TABLE DES MATIÈRES

1	Introduction	2
2	Modèle à un seul pool de MO	2
2.1	Description du modèle	2
2.2	Simulation de référence	2
2.3	Test 1	2
2.4	Test 2	2
2.5	Test 3	2
2.6	Test 4	2
2.7	Test 5	2
3	Modèle à un plusieurs pools de MO	9
3.1	Description du modèle	9
3.2	Simulation de référence	9
3.3	Test 1	11
3.4	Test 2	12
3.5	Test 3	13
3.6	Test 4	13
3.7	Test 5	14
3.8	Conclusion	15

1 INTRODUCTION

INTRO

2 MODÈLE À UN SEUL POOL DE MO

2.1 Description du modèle

$$\frac{d[BC]}{dt} = (Y_{BC}u_{BC} - kd_{BC}) [BC] \quad (1)$$

$$\frac{d[TOC]}{dt} = -ec[BC] \quad (2)$$

$$\frac{d[SBC]}{dt} = ec[BC] - u_{BC}[BC] \quad (3)$$

$$\frac{d[SNH_4]}{dt} = vNH_4 - nitri \quad (4)$$

Avec

$$ec = e_{1mx} \frac{[TOC]}{k_{1h} + [TOC]} \quad (5)$$

$$vNH_4 = u_{BC}[BC](NC)_{TOC} - Y_{BC}u_{BC}[BC](NC)_{BC} \quad (6)$$

$$nitri = n_{imax} \frac{[NH_4]}{k_{NH_4ni} + [NH_4]} \quad (7)$$

2.2 Simulation de référence

2.3 Test 1

2.4 Test 2

2.5 Test 3

2.6 Test 4

2.7 Test 5

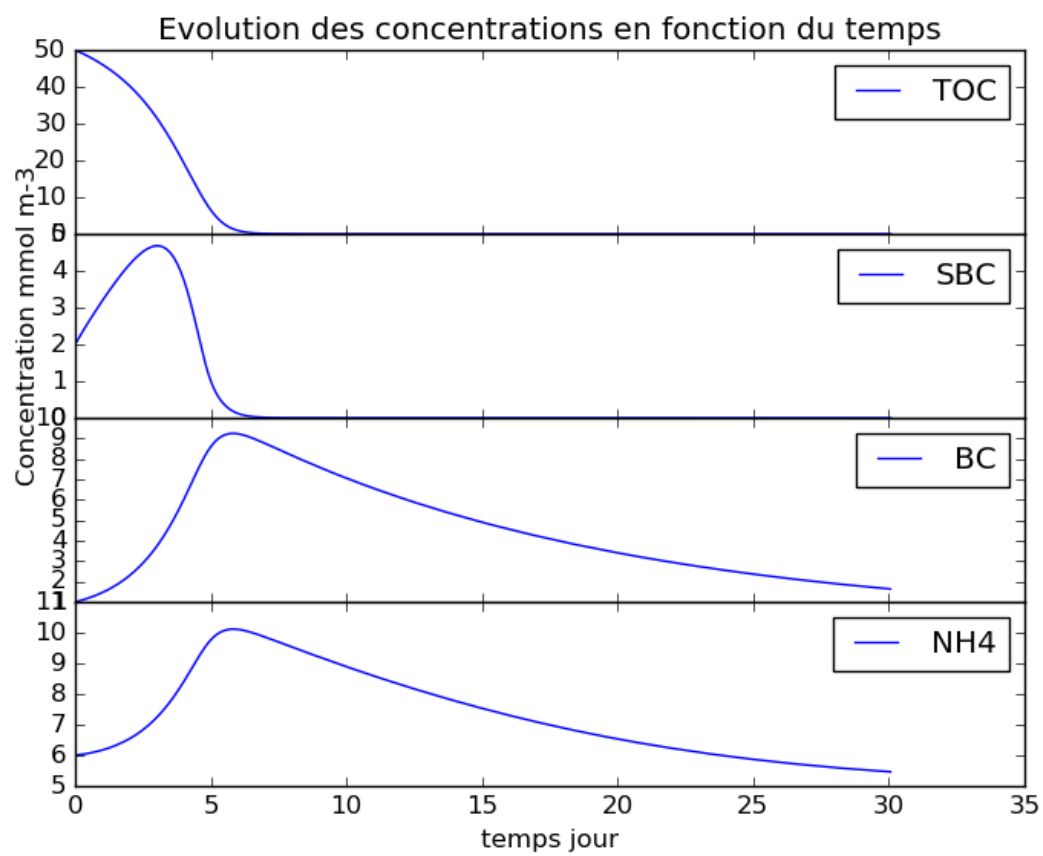


FIGURE 1: Simulation de référence, pour un modèle à un seul pool de matière organique

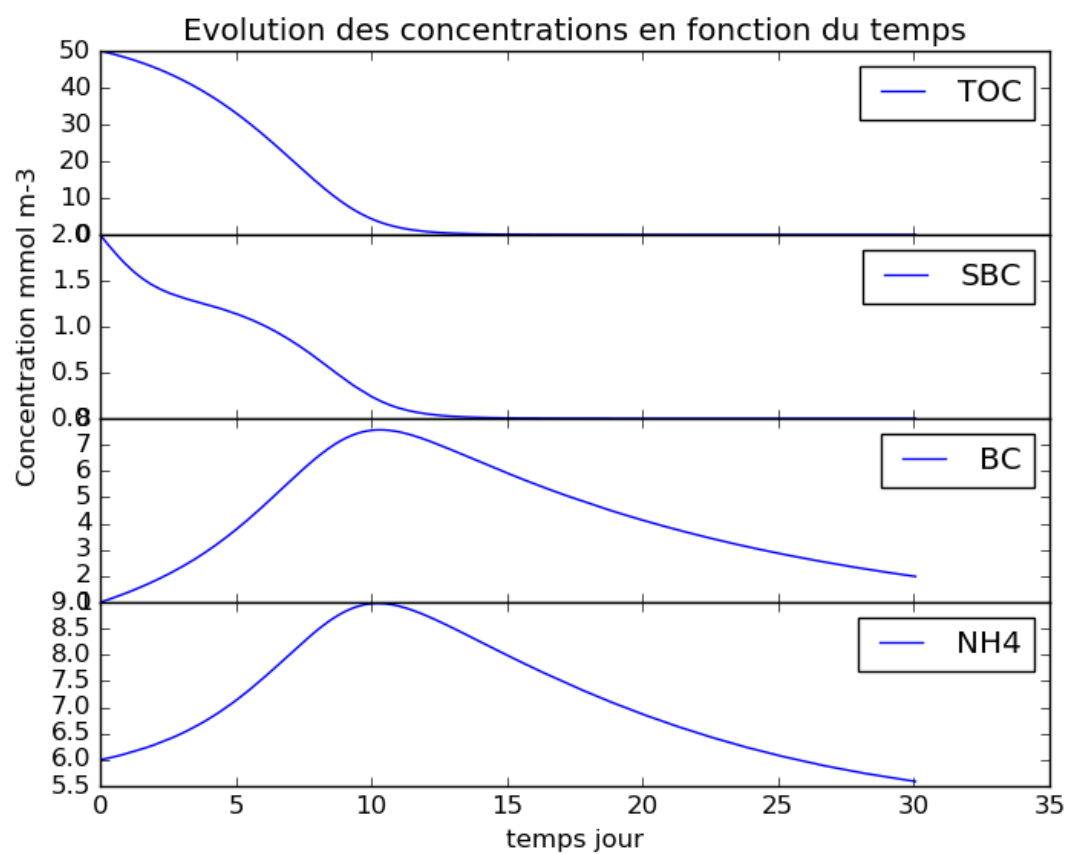


FIGURE 2: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

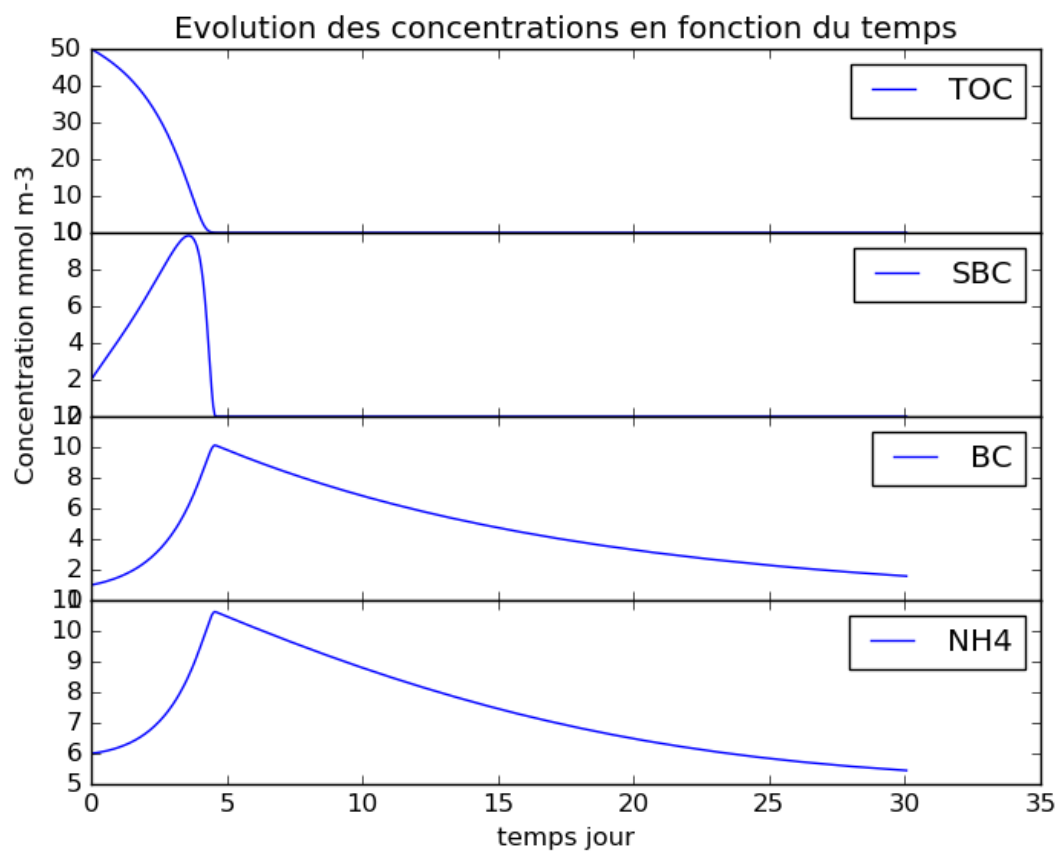


FIGURE 3: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

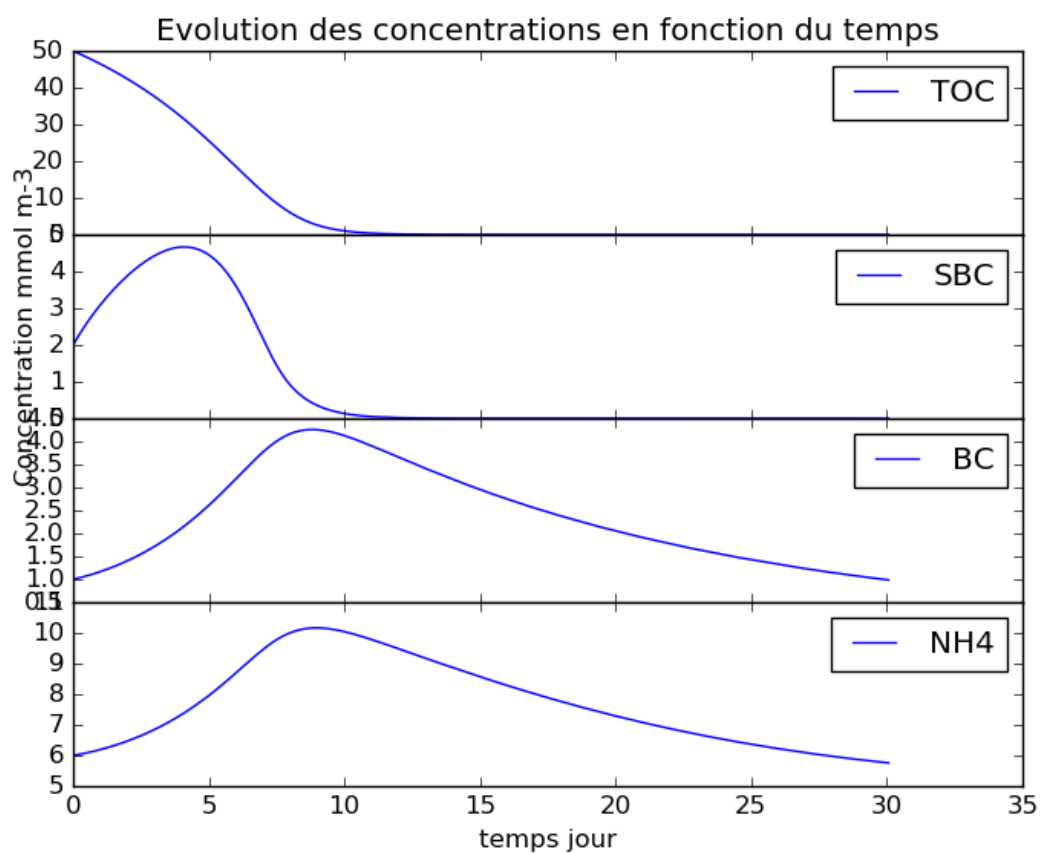


FIGURE 4: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

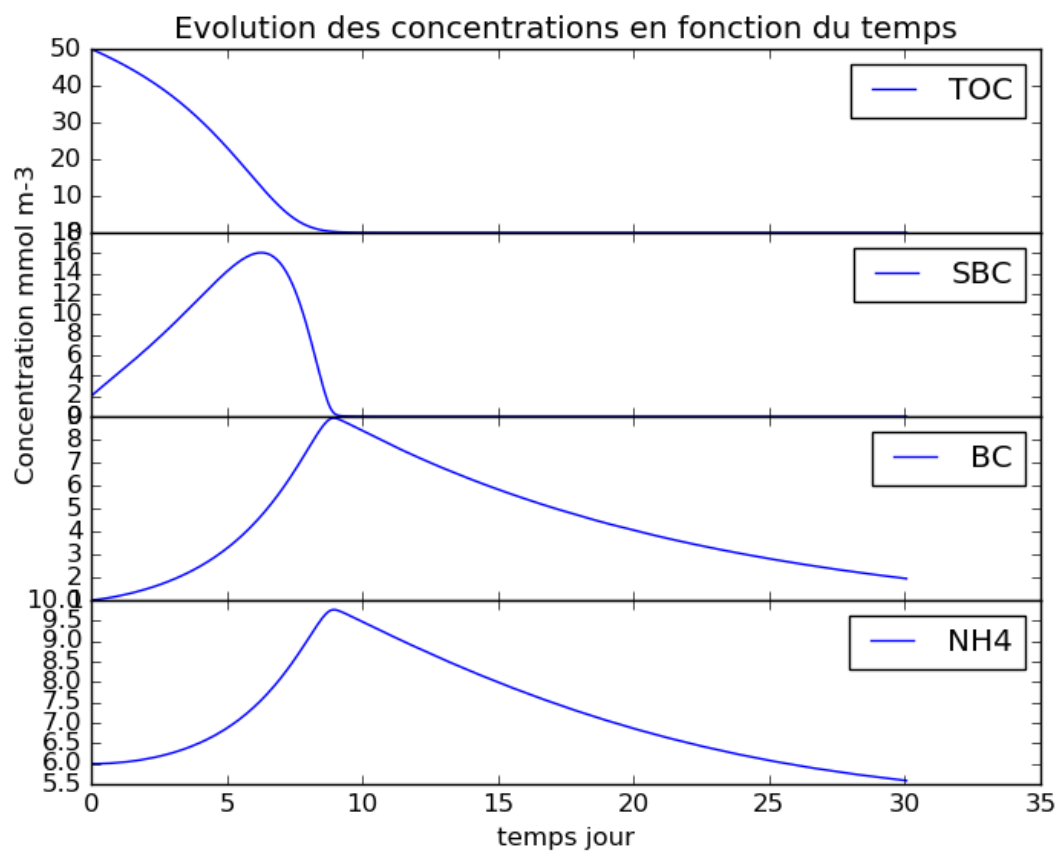


FIGURE 5: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

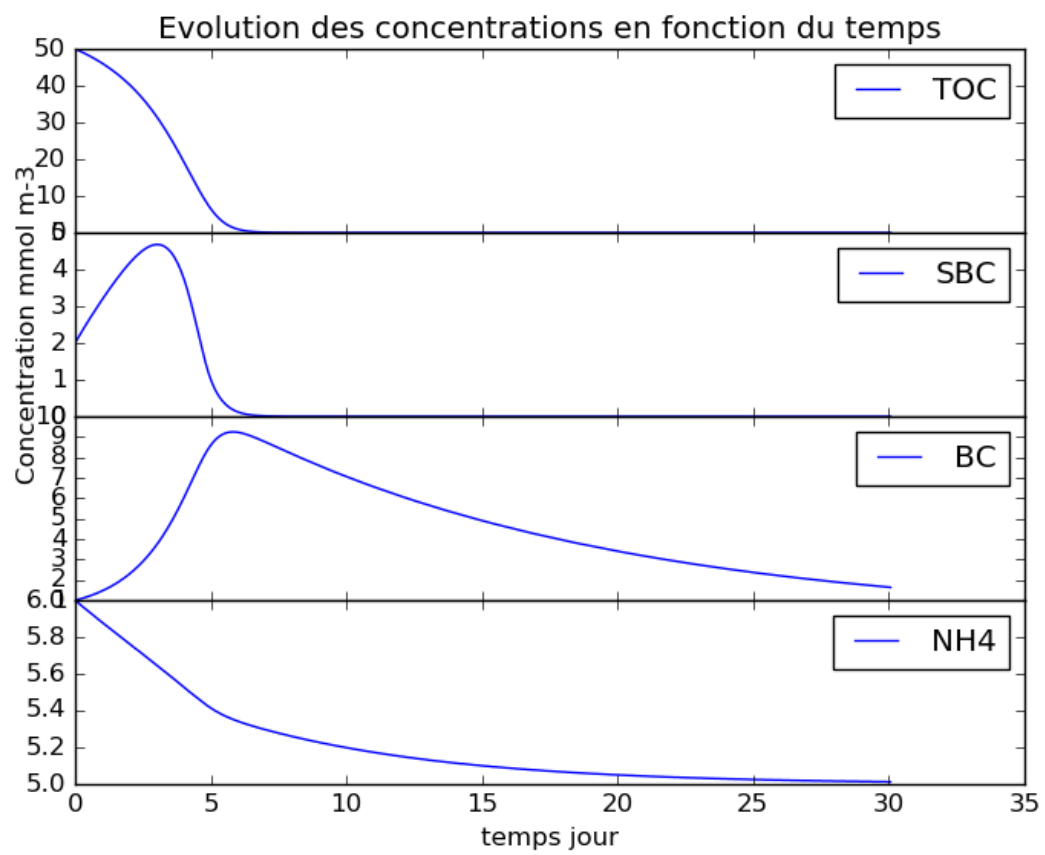


FIGURE 6: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

3 MODÈLE À UN PLUSIEURS POOLS DE MO

3.1 Description du modèle

3.2 Simulation de référence

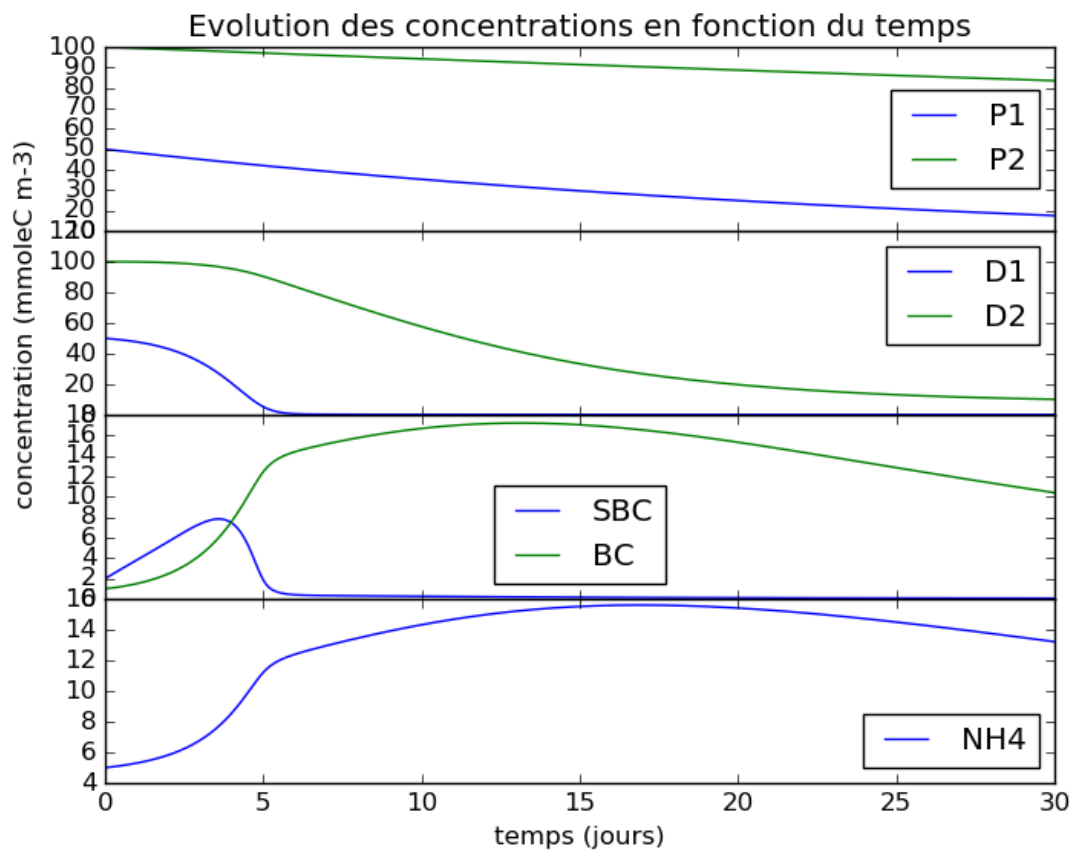


FIGURE 7: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

Les concentration en P1 et P2 diminuent selon une cinétique d'ordre 1. En effet, les équations de l'évolution de ces deux paramètres sont toutes les deux dépendante d'une constante multipliée par la concentration en P1 ou P2 (réf aux équations). Cependant, nous pouvons constater que la concentration en P1 diminue plus rapidement que celle de P2 (la pente de la courbe est plus grande). Ceci s'explique par le fait que la constante dans l'équation de P1 est supérieure à celle dans l'équation de P2. Donc, P1 est plus rapidement transformé en D1 que P2 est transformé en D2.

L'évolution des concentrations de D1 et D2 dépendent toutes les deux de deux termes, un correspondant à un apport depuis P1 ou P2, et un correspondant à leur hydrolyse en SBC. Les deux termes contribuent à l'évolution des concentrations en D1 et D2. Cependant, le terme d'hydrolyse en SBC est toujours plus important que le terme d'apport depuis P1 et P2, et c'est pourquoi, les concentrations en D1 et D2 décroissent tout le temps. De plus, nous pouvons constater que la concentration en D1 décroît plus rapidement que celle en D2. En effet, bien que la concentration initiale en D1 soit deux fois inférieure à la concentration en D2, D1 est plus facilement biodégradable que D2 ($emxD1 > emxD2$ et $khD1 < khD2$). Ainsi, D1 est préférentiellement hydrolysé en SBC pendant les premiers jours (jusque 3 jours environ), puis, lorsque la concentration en D1 devient très faible, les bactéries commencent à consommer D2. Lorsque D1 tombe à une concentration proche de 0 après 6 jours, D2 est plus rapidement hydrolysé en SBC qu'au début de la simulation.

Pour ce qui est de l'évolution de la concentration en bactéries, celle-ci augmente rapidement jusque 5 jours, puis augmente plus lentement jusque 13 jours, atteignant alors un maximum de 17 mmolC.m^{-3} , pour enfin diminuer relativement lentement. En effet, au début de la simulation, la concentration en SBC croît rapidement de 0 à 4 jours, atteignant un maximum de 8 mmolC.m^{-3} , ce qui permet une croissance rapide des bactéries. Cette croissance rapide de la concentration en SBC est due à la concentration assez élevée en D1 au début de la simulation, bien que D2 contribue aussi au terme de croissance de la concentration en SBC. Lorsque la concentration en D1 se rapproche de 0, le terme d'évolution positive de la concentration en SBC n'est plus du qu'à D2, et c'est pourquoi la concentration en SBC diminue, jusqu'à se rapprocher de 0, ce qui entraîne un ralentissement de la croissance bactérienne. Finalement, après 13 jours, il n'y a plus assez de SBC pour permettre une croissance bactérienne supérieure à la mortalité, et c'est pourquoi la concentration en bactérie diminue.

Pour l'évolution de la concentration en NH_4 , celle-ci augmente rapidement au début de la simulation, de 0 à 5 jours. La vitesse de croissance de NH_4 va ensuite diminuer, pour atteindre un maximum de concentration de 14 mmolC.m^{-3} après 17 jours, pour enfin diminuer. Ainsi, ceci veut dire que le terme positif dans l'équation de l'évolution du NH_4 est positif et supérieur au terme de nitrification. Cela veut aussi dire que v_{NH_4} est positif, et que donc les bactéries relarguent du NH_4 dans leur environnement. Au début de la simulation, la concentration en NH_4 augmente rapidement car relativement beaucoup de bactéries sont présentes, et car la concentration en NH_4 est faible, ce qui entraîne une valeur de nitrification faible. Ainsi, l'évolution de la concentration en NH_4 va suivre l'évolution de la concentration en bactéries. Puis, la concentration va devenir relativement plus faible que celle en NH_4 , entraînant une diminution de la vitesse de croissance de la concentration en NH_4 . Finalement, la concentration en NH_4 sera telle que l'évolution de cette concentration va devenir négative.

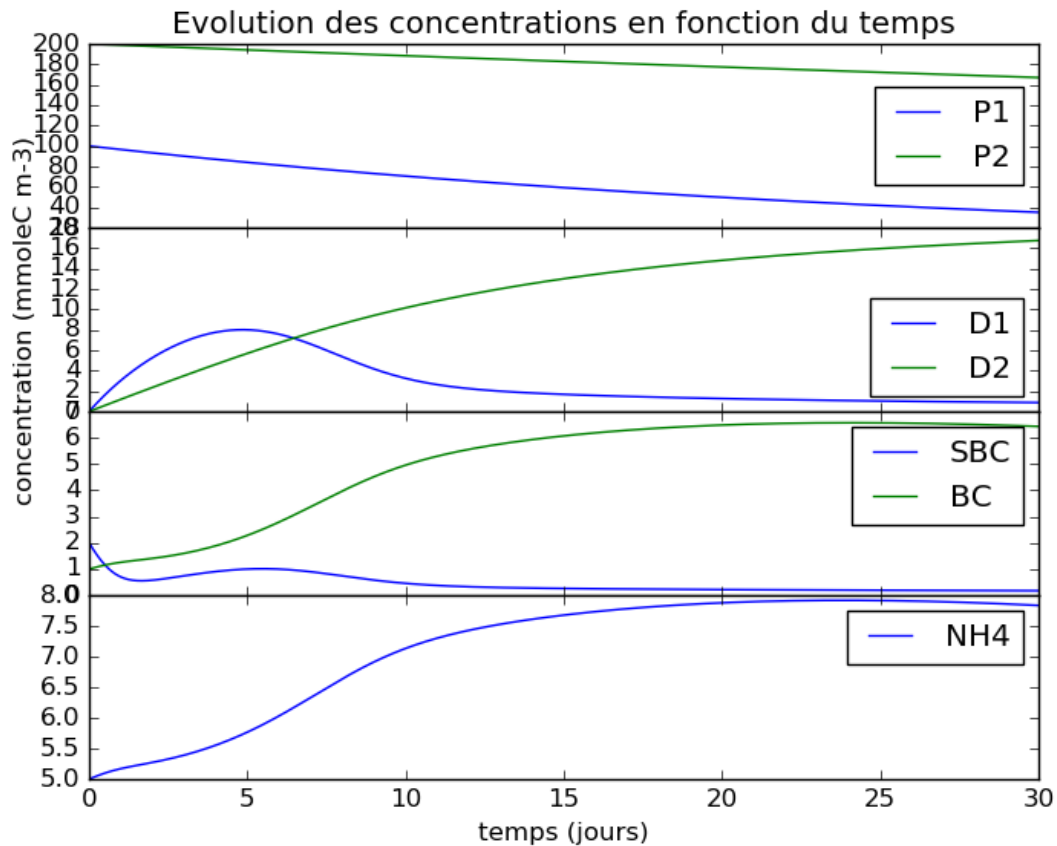


FIGURE 8: Simulation en doublant les concentrations initiales de P1 et P2, et en rendant celles de D1 et D2 nulles

3.3 Test 1

Contrairement à la simulation de référence, les concentrations initiales en P sont suffisantes pour permettre une augmentation de la concentration en D, de 0 à 5 jours pour D1 et tout le long de la simulation pour D2. En effet, après 5 jours, la concentration en P1 devient trop faible, couplé à l'augmentation de la biomasse bactérienne, entraînant ainsi la diminution de la concentration en D1. Pour D2, le terme d'augmentation de la concentration est toujours supérieur au terme de diminution.

En début de simulation, nous pouvons observer une diminution de la concentration en SBC. En effet, celle-ci est principalement due à l'hydrolyse de D1. Or, la concentration initiale de D1 est nulle, ne permettant pas de croissance de SBC. Ainsi, la croissance des bactéries est lente. Après 1 jour, la concentration en SBC va augmenter, car l'hydrolyse de D1 et D2 est supérieur à la consommation de SBC par les bactéries. Ceci va permettre aux bactéries de présenter une vitesse de croissance plus rapide. Ainsi, cette augmenta-

tion de la concentration en bactéries va devenir telle qu'elle va entraîner une diminution de la concentration en SBC. Cependant, contrairement à la simulation de référence, la concentration de SBC rester suffisante pour permettre une croissance bactérienne jusqu'à 25 jours.

De la même manière que pour la simulation de référence, l'évolution de la concentration en NH_4 va suivre une tendance semblable à l'évolution de la concentration en bactéries.

3.4 Test 2

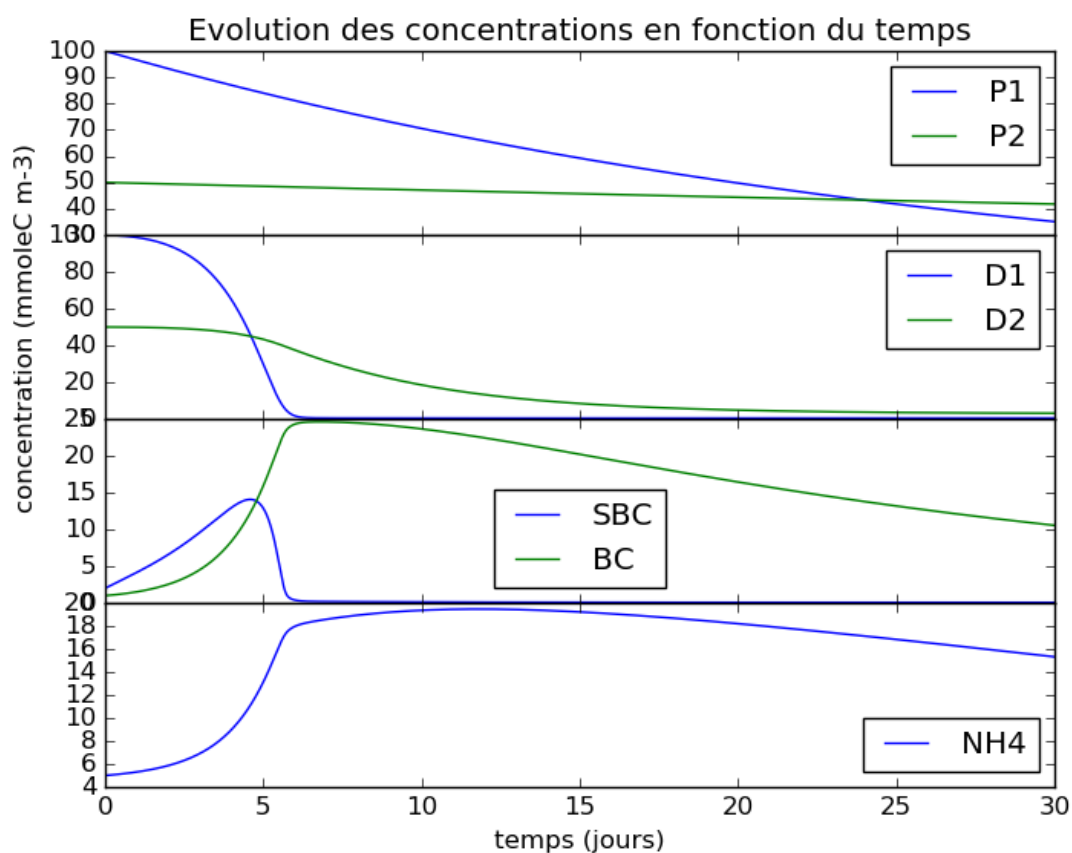


FIGURE 9: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

La concentration en P1 diminue relativement plus que P2, que dans le cas de la référence. En effet, l'évolution de la concentration en P1 est directement proportionnelle à la concentration en P1, qui est ici initialement deux fois plus élevée que dans le cas de la référence. Comme la concentration en P1 est élevée et que P1 est préférentiellement

hydrolysé en D1 puis en SBC que P2 en D2 puis en SBC, la concentration en P2 diminue très peu.

Bien que la concentration en P1 soit importante en début de simulation, elle ne permet pas une croissance de D1. En effet, la concentration initiale en D1 est elle aussi plus importante que dans le cas de la simulation de référence, ce qui augmente le terme négatif dans l'équation de l'évolution de D1. Ainsi, D1 va décroître rapidement pour atteindre une valeur proche de 0 après 6 jours. L'évolution de la concentration en D2 est quant à elle semblable à la simulation de référence, bien que les concentrations initiales en P2 et D2 soient plus faibles.

La concentration en SBC va augmenter en début de simulation, lorsque les concentrations en D1 et D2 sont importantes. Puis, puisque l'hydrolyse de D1 contribue de manière plus importante à l'augmentation de SBC, la concentration en SBC va diminuer lorsque celle en D1 atteint une valeur proche de 0. Ainsi, les bactéries vont croître lorsque la concentration en SBC augmente, et contrairement à la simulation de référence, vont décroître lorsque la concentration en SBC tombe proche de 0, car la concentration en D2 n'est plus suffisante pour maintenir une augmentation de la concentration en bactéries.

3.5 Test 3

Nous avons augmenté la biodégradabilité de D1 par rapport à D2. Ainsi, la concentration en D1 va diminuer plus rapidement que dans le cas de la référence, ce qui va entraîner un maximum de SBC plus grand, mais atteint plus rapidement. Puisque la concentration en SBC augmente plus rapidement que dans le cas de la simulation de référence, la limite entre les deux types d'évolution positives des bactéries a lieu plus tôt aussi.

3.6 Test 4

Contrairement au test précédent, nous avons augmenté la biodégradabilité de D2 par rapport à D1. Ainsi, nous pouvons constater que l'évolution des concentrations de D1 et D2 sont plus semblables que dans le cas de la simulation de référence. En effet, la concentration en D1 va diminuer plus rapidement, et va atteindre une concentration proche de 0 après 13 jours. Puisque D2 est mieux hydrolysé que lors de la référence, il va contribuer de manière plus importante à l'augmentation de la concentration de SBC. Ainsi, bien que la concentration maximale en SBC soit atteinte en même temps que dans le cas de la référence, car l'évolution de D1 est la même, la valeur de cette concentration maximale sera plus importante que dans le cas de la référence. De la même manière, la concentration maximale en bactéries sera plus importante, mais atteinte plus rapidement que dans le cas de la simulation de référence.

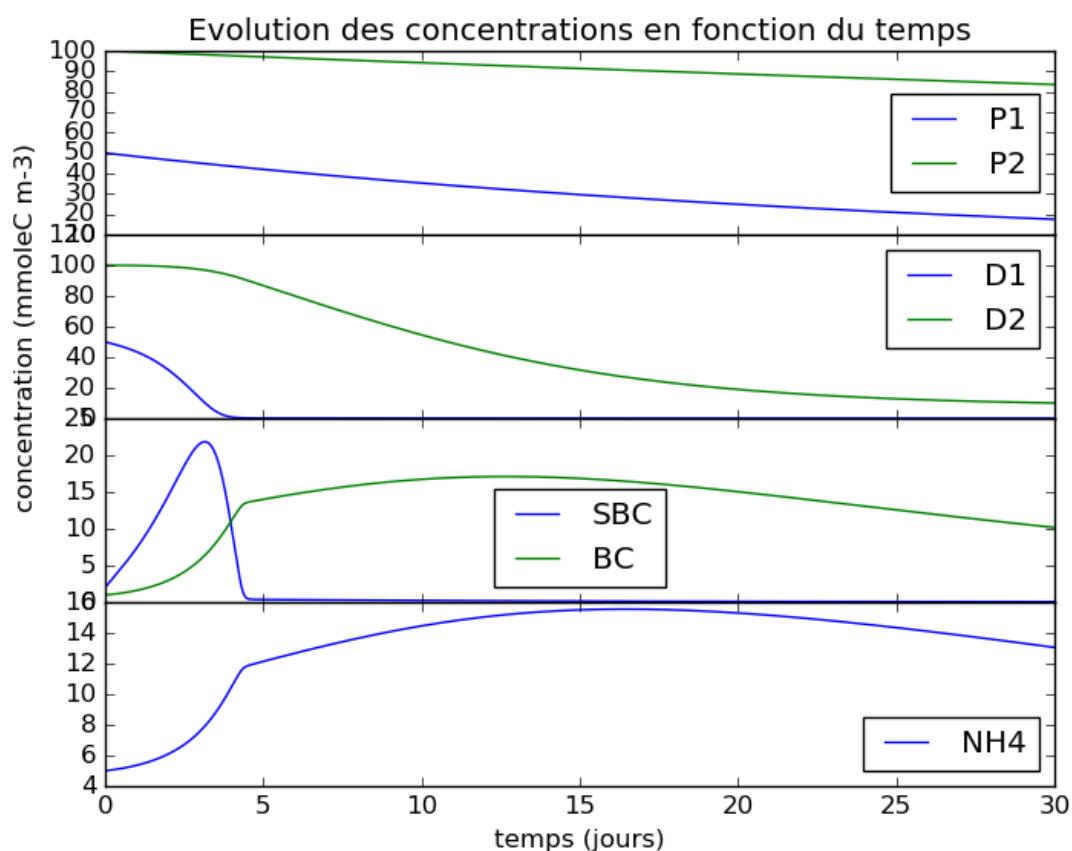


FIGURE 10: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

3.7 Test 5

Lors de cette simulation, nous avons augmenté la vitesse d'hydrolyse de P1 en D1. Ainsi, nous pouvons constater que la concentration en P1 diminue plus rapidement que dans le cas de la référence. En effet, dans la simulation de référence, la diminution de la concentration en P1 était presque linéaire, tandis qu'elle ne l'est plus dans ce test. Bien que les courbes de l'évolution de la concentration en D1 soient semblables entre ce test et la simulation de référence, on peut constater que dans ce test, au tout début de la simulation, la concentration en D1 diminue moins rapidement que dans le cas de la référence. Ceci s'explique par le fait que l'hydrolyse de P1 en D1 est plus importante dans ce test, alors que l'hydrolyse de D1 en SBC se fait de la même manière que dans le cas de la référence. Ainsi, le terme positif de l'évolution de la concentration de D1 est plus important que dans le cas de la simulation de référence. Puisque la concentration en D1 est plus importante en début de simulation, la concen-

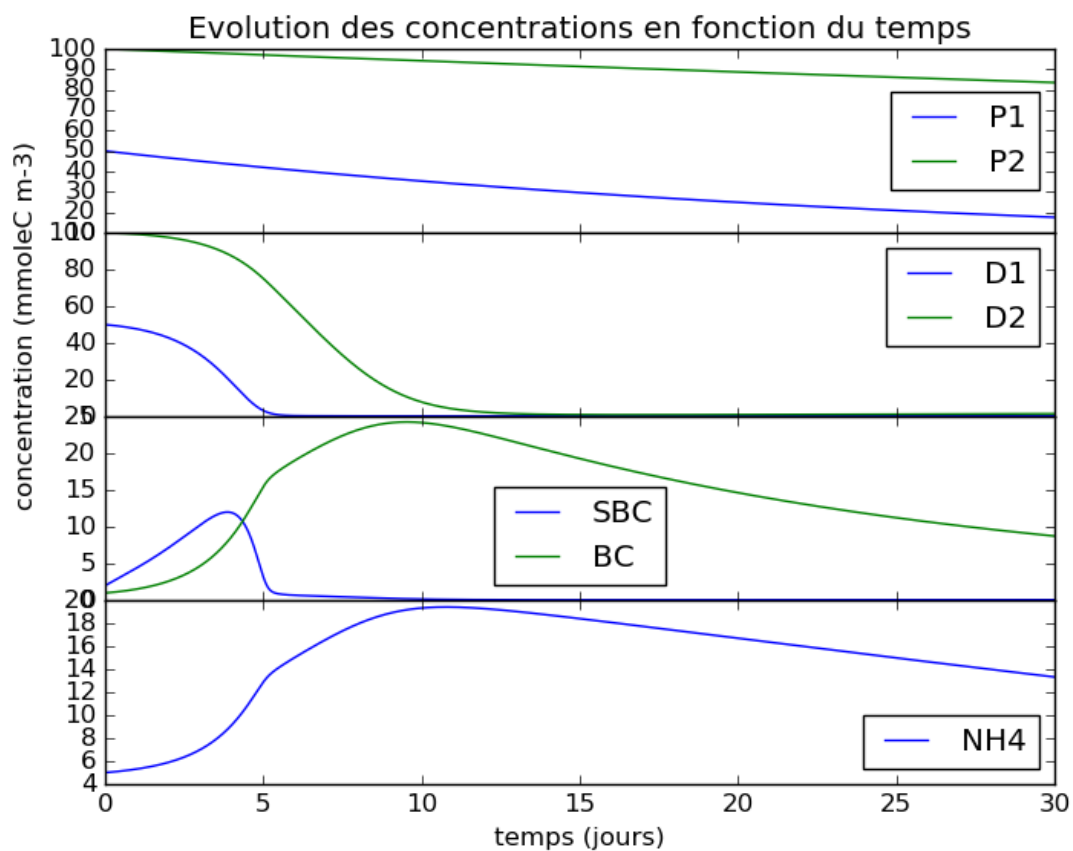


FIGURE 11: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique

tration en SBC l'est aussi. Ceci peut se remarquer sur le graphique de l'évolution de la concentration en SBC, sur lequel le maximum de concentration est supérieur au cas de la référence. Ainsi, la concentration maximale en bactéries est aussi supérieure.

3.8 Conclusion

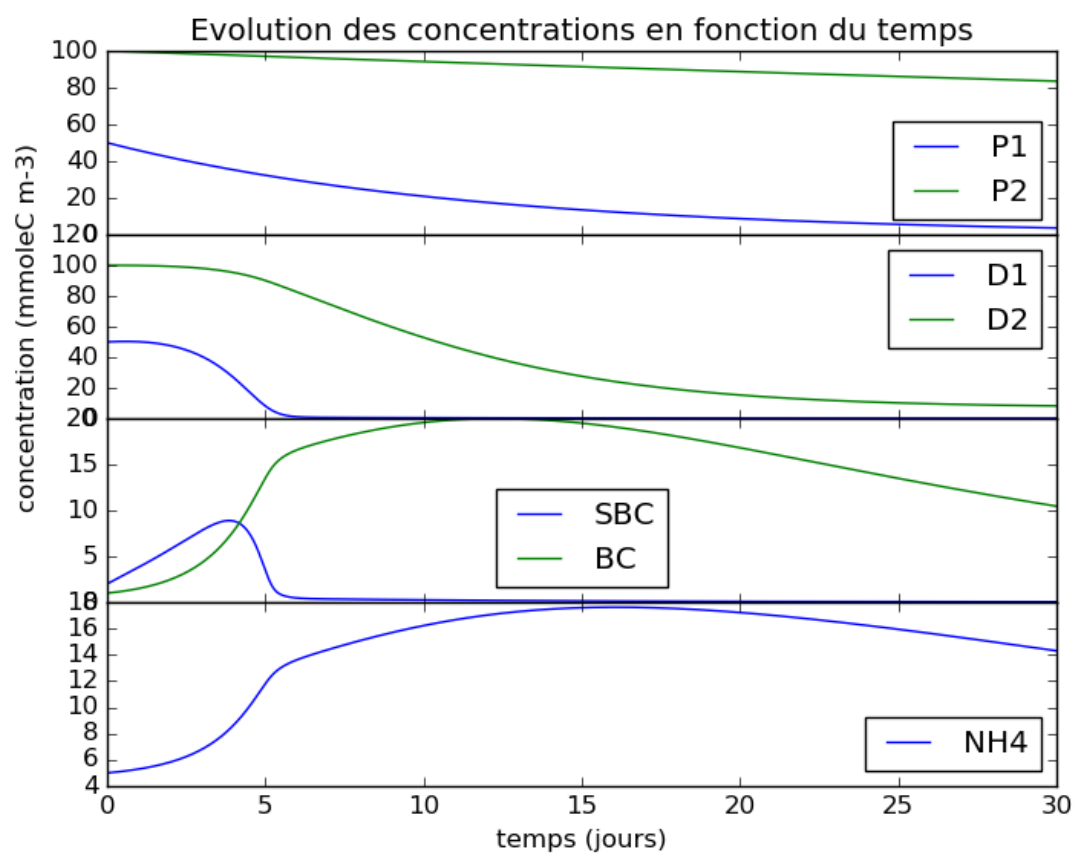


FIGURE 12: Simulation de référence, pour un modèle à plusieurs pools de matière organique