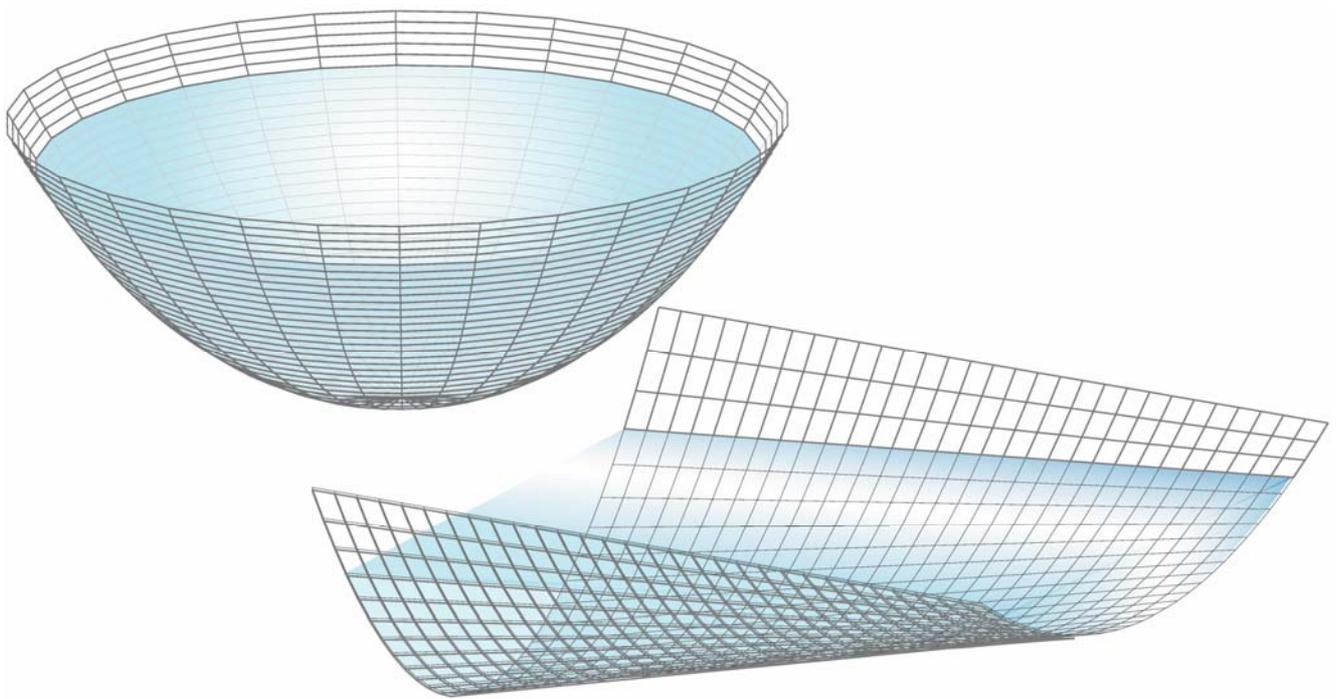


Applicatif BARMAN

Notice d'utilisation – Juillet 2006



Vincent Thieu, Thomas Guillon, Gilles Billen, Josette Garnier, Marie Thouvenot

**UMR 7679 Sisyphe
Université Pierre et Marie Curie (Paris (VI))
4, place Jussieu, 75005 Paris**

Vincent.Thieu@ccr.jussieu.fr

SOMMAIRE

1. INTRODUCTION	3
1.1. OBJECTIF DE LA NOTICE D'UTILISATION	3
1.2. CONCEPT DU MODELE BARRAGE – RESERVOIR BARMAN	4
1.3. RETOUR SUR LA PRISE EN COMPTE DES RESERVOIRS DANS L'APPLICATIF SENEQUE - RIVERSTRAHLER	5
1.4. ARTICULATION DES SIMULATIONS ENTRE SENEQUE ET BARMAN	7
2. PRISE EN MAIN ET ORGANISATION DES DONNEES	8
2.1. INSTALLATION	8
2.1.1. DONNEES DISPONIBLES APRES INSTALLATION	9
2.2. DONNEES ET INFORMATIONS NECESSAIRES	10
2.3. ORGANISATION PHYSIQUES DES DONNEES	11
3. LE CHOIX DE L'ANALYSE	12
3.1. DEMARRAGE DU MODULE BARMAN	12
3.2. ANALYSE INDIVIDUELLE D'UN RESERVOIR	12
3.3. ANALYSE D'UN RESERVOIR EN SUBDIVISION MORPHOLOGIQUE	14
4. GESTION DES DIFFERENTS RESERVOIRS ET DEFINITION DES MORPHOLOGIES	16
4.1. PRESENTATION DES MORPHOLOGIES IDEALISEES DANS BARMAN	16
4.2. ANALYSE INDIVIDUELLE : PLUSIEURS MORPHOLOGIES ASSOCIEES A UN RESERVOIR.....	16
4.3. ANALYSE EN SUBDIVISION : UNE MORPHOLOGIE ASSOCIEE A CHAQUE (SOUS) RESERVOIR DU PROJET	18
5. CALCUL ANNUEL DES BILANS HYDRIQUES JOURNALIERS	19
5.1. PRINCIPE DU CALCUL.....	19
5.2. ANALYSE INDIVIDUELLE : BILAN HYDRIQUE SIMPLE.....	19
5.3. ANALYSE EN SUBDIVISIONS : BILANS HYDRIQUES SUCCESSIFS POUR LES SOUS RESERVOIRS	21
6. DEFINIR LA QUALITE DE L'EAU ENTRANTE DANS LE RESERVOIR	22
6.1. ANALYSE INDIVIDUELLE.....	22
6.2. ANALYSE EN SUBDIVISION.....	23
7. CALCUL DES PROCESSUS BIOGEOCHIMIQUES	24
8. VISUALISER LES RESULTATS	25
8.1. ANALYSE INDIVIDUELLE.....	25
8.2. ANALYSE EN SUBDIVISION.....	26
9. INTEGRATION DES SIMULATIONS BARMAN SOUS SENEQUE	27
9.1. ANALYSE INDIVIDUELLE : EXPORT AUTOMATIQUE	27
9.2. ANALYSE EN SUBDIVISION : EXPORT MANUEL	27
10. COMPLEMENT D'INFORMATION	28
10.1. LA BASE DE DONNEES DE VALIDATION	28
10.2. ERREURS ET MESSAGES D'ERREURS.....	29
10.3. DESINSTALLATION DU MODULE BARMAN.....	30

1. Introduction

1.1. Objectif de la notice d'utilisation

La notice d'utilisation s'attachera à présenter le fonctionnement et l'implémentation du module Barman, au travers des différentes étapes permettant de simuler la qualité de l'eau à l'exutoire d'un ouvrage de type barrage / réservoir.

Après un bref rappel des concepts retenus pour modéliser un réservoir et l'articulation logique de ce module avec le modèle rivière Riverstrahler / Seneque, les parties suivantes seront distinguées :

- **L'installation et la prise en main du module Barman**, cette partie détaillera l'installation complète et présentera les informations disponibles à l'installation, ainsi que celles qu'il sera nécessaire de rassembler pour l'implémentation du modèle.
- Le **choix de l'analyse**, présentera les principes de modélisation des deux types d'analyses proposées par le module Barman. Cette partie sera complétée par une présentation de l'organisation physique des données, qui diffère selon les choix d'analyse.
- La **gestion des réservoirs et des morphologies associées**. Cette gestion est radicalement différente selon le type d'analyse choisie. Nous introduirons ici les notions de réservoir individuel (premier type d'analyse) et l'association d'un réservoir principal subdivisé en sous-réservoirs correspondant à des subdivisions morphologiques (deuxième type d'analyse).
- L'**établissement d'un bilan hydrique annuel**, basé sur la morphologie précédemment définie, il permet de simuler à une résolution journalière, l'hydrologie de l'ouvrage (notamment la profondeur moyenne et le temps de séjour).
- La **définition de la qualité de l'eau entrante** dans le réservoir à une résolution journalière. Cette étape reste similaire quelque soit le type d'analyse choisie.
- Le **calcul des processus biogéochimiques** au sein du réservoir, qui est réalisé annuellement afin de définir la qualité de l'eau sortant de l'ouvrage.
- La **visualisation des résultats**, permet de comparer les simulations réalisées avec une base de données de validation. Cette étape présente des intérêts différents, fonction du type d'analyse choisie (influence de la morphologie d'un réservoir, comparaison d'un réservoir global avec ces subdivisions morphologiques).
- L'**intégration des simulations annuelles** au sein d'un jeu de données Seneque.

Ces différentes étapes présentent le cheminement classique à réaliser dans le cadre d'un projet de modélisation. Au sein de chaque partie, une distinction sera clairement établie (si nécessaire) entre les deux types d'analyses proposées. Il est donc important d'en assimiler les concepts, présentés en partie « 2. Choix de l'analyse ».

Enfin, une dernière partie présentera la base de données structurant les observations, et permettant de valider les simulations réalisées (modèle conceptuel, dictionnaire des données). Elle apportera aussi un complément d'information pour une utilisation plus avancée du module (fichier de contraintes locales) ainsi que des précisions sur la gestion des erreurs dans le module.

A noter qu'un complément sur les fondements biogéochimiques du modèle Barman est disponible dans le rapport de Thomas Guillon « **Modélisation du fonctionnement biogéochimique des réservoirs** » (document fourni à l'installation).

1.2. Concept du modèle barrage – réservoir Barman

Le projet Barman (acronyme de BARRage MANager) a été réalisé dans le cadre d'une étude sur le fonctionnement hydrologique et biogéochimique des réservoirs. Le double objectif est ici de pouvoir simuler les différents processus occurrents dans un réservoir et d'en évaluer l'impact sur le cour d'eau. Ces simulations, en relation direct avec les variations journalières de la qualité de l'eau entrante et les conditions physiques du milieu (niveau d'eau, temps de résidence), impliquent la prise en compte de la morphologie de l'ouvrage. La souplesse du module développé permet de travailler sur des réservoirs existants ou sur des projets d'ouvrage, avec la possibilité de valider les simulations actuelles et de réaliser des simulations prospectives (qualité et règles de gestion de l'ouvrage).

Barman est un module individuel, en ce sens qu'il est uniquement contraint par le format des fichiers fournis en entrée du modèle, et peut donc être utilisé de façon autonome. Cependant, un des objectifs à la base du projet, étant de pouvoir analyser l'impact sur la rivière de l'eau restituée par un réservoir, le couplage du module Barman avec un modèle décrivant la qualité du réseau hydrographique était nécessaire. Les développements antérieurs de l'UMR-Sisyphé dans le cadre du programme PIREN-SEINE ont permis de formaliser un modèle générique de la qualité des eaux de surface, au travers le modèle Riverstrahler et son interface SIG Seneque. Le module Barman a donc été optimisé pour fonctionner en tant que module additionnel de l'applcatif Seneque, tous deux développés en Visual Basic. Encore une fois, ce couplage ne repose que sur l'adéquation des formats d'entrée des deux modèles, et ne limite en aucun cas l'utilisation autonome du module Barman.

L'implémentation du module Barman a tout d'abord été réalisé sur le réseau hydrographique du bassin de la seine pour lequel la structuration de l'information était plus avancée (PIREN-SEINE), ainsi que pour la diversité morphologique des réservoirs présents (*figure 1*)

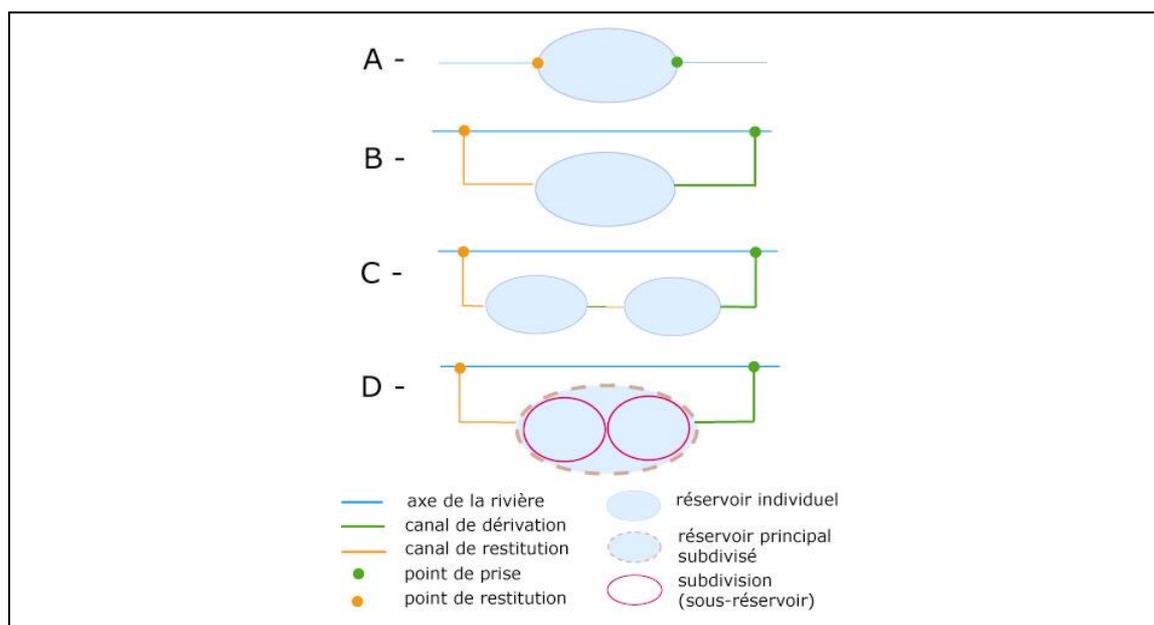


Figure 1 : Représentation schématique des différents types de réservoirs pris en charge par le module Barman.

Le réseau hydrographique du bassin de la seine permet d'illustrer chacune de ces représentations :

- Le barrage au fil de l'eau de Pannecièrre sur l'Yonne (A).
- Le barrage de la seine, en dérivation simple (B).
- Les deux réservoirs en série (Amance et Auzon-Temple), en dérivation de l'Aube (C).
- Les subdivisions morphologiques (Der et Champaubert) du réservoir de la Marne (D).

Remarque : Le modèle Barman est générique et tout à fait transposable à d'autres situations géographiques, à condition de disposer de données d'entrée formatées.

1.3. Retour sur la prise en compte des réservoirs dans l'applcatif Seneque - Riverstrahler

Le modèle Riverstrahler (avec son l'applcatif Seneque) décrit le réseau hydrographique comme une combinaison de 3 types d'objets (figure 2) :

- des sous-bassins (feuille) sous forme de polygones
- des axes de rivières (branche) sous forme de poly-lignes
- des milieux stagnants en connexion (réservoirs) sous forme de paires de points

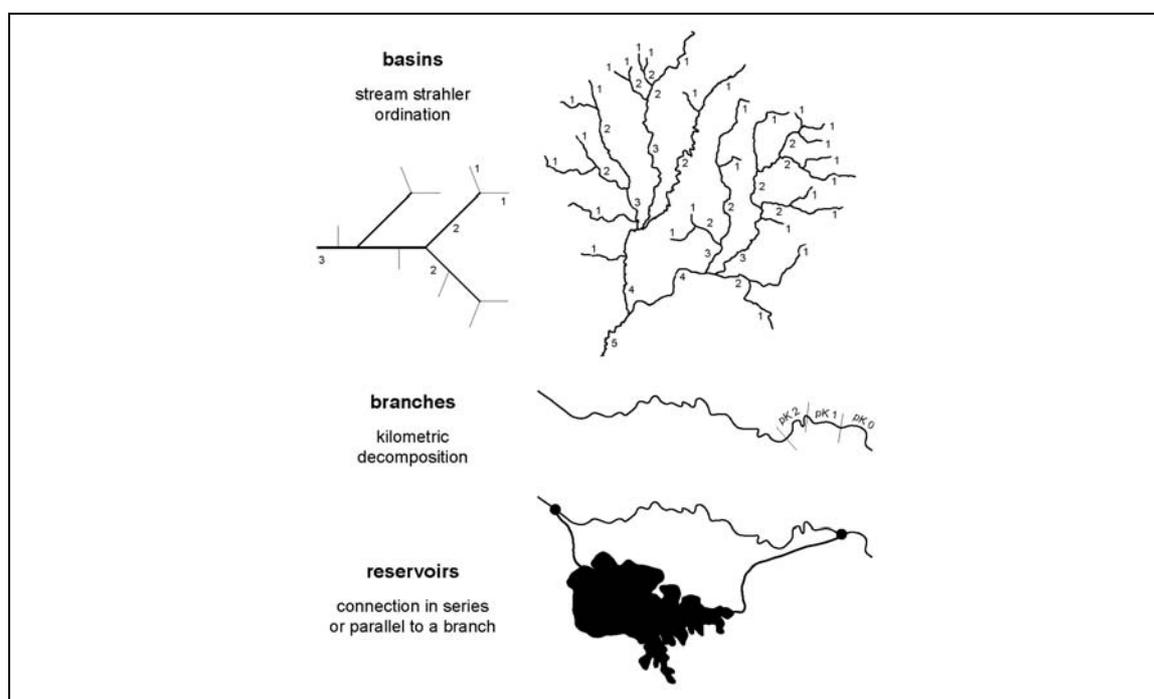


Figure 2 : Description du réseau hydrographique par le modèle Riverstrahler en trois objets (bassin versant, axe et réservoir)

L'objet réservoir est défini dans le jeu de données Seneque « /data/maplayers/ » comme une couche d'information géographique (un fichier « bar_res.shp » et une table « bar_res.dbf »). Cette couche contient, pour l'ensemble du bassin considéré, les différents réservoirs représentés sous forme de ponctuels. Chaque objet réservoir est défini par deux points, accrochés à la rivière (objet axe), correspondant respectivement aux points de dérivation et de restitution de l'ouvrage sur le réseau.

Remarque : par convention, dans le cas d'un réservoir au fil de l'eau, les points de prise et de restitution ont une localisation identique (figure 3). Cette hypothèse simplificatrice, permet de gérer le cas de confluences localisées au niveau d'un même réservoir.

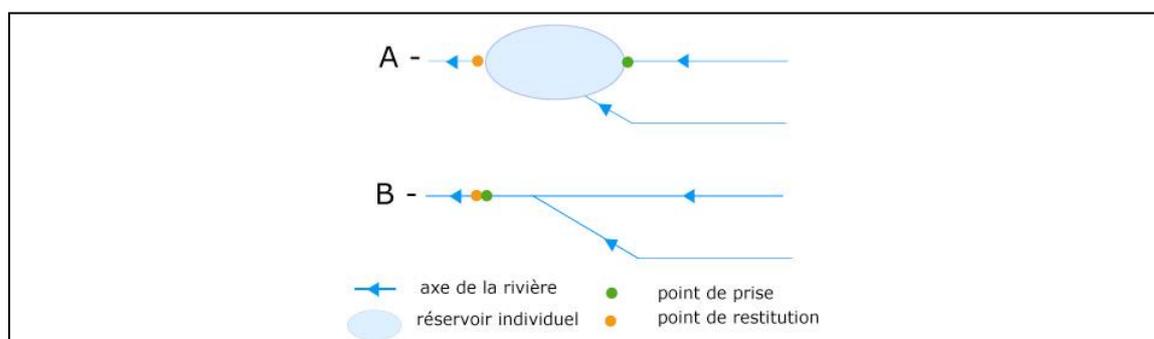


Figure 3 : Exemple de réservoir en série sur le réseau hydrographique (A) et représentation conventionnelle de l'objet réservoir (point de prise et de restitution) dans l'applcatif Seneque (B).

Cette abstraction sur la localisation réelle du point de prise (uniquement dans le cas de réservoir en série) est d'autant plus justifiée, si l'on considère que l'ensemble du débit de la rivière est dérivé en amont, puis partiellement ou totalement restitué en aval.

L'information (SIG) sur la localisation des points de prise et de restitution est complétée par deux fichiers fondamentaux. Le premier contient les débits dérivés (quantité d'eau prise à la rivière et arrivant dans le réservoir) et restitués (quantité d'eau sortant du réservoir et restituée à la rivière) sous forme de fichier annuel (extension .ddr) dans « datas/prise/ddr/ ». Le deuxième contient la qualité au point de restitution sous forme de fichiers annuels (extension .rsl) dans « datas/bar/ » (Figure 4).

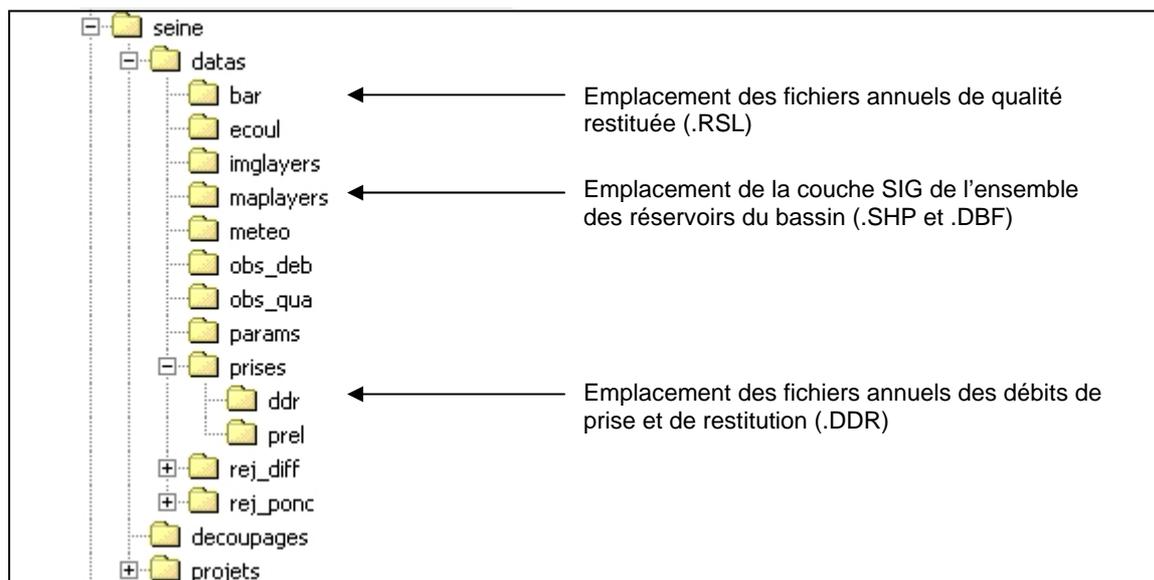


Figure 4 : Organisation physique des données attributaires aux réservoirs dans Seneque / Riverstrahler

L'ensemble des fichiers attributaires à l'objet réservoir permet au modèle Riverstrahler lors de la progression du calcul sur l'axe, de l'amont vers l'aval, d'effectuer les opérations suivantes :

- détecter un point de prise sur le réseau, identifier comme une prise d'eau de type réservoir
- récupérer l'identifiant du réservoir, afin de retrouver le fichier .ddr annuel correspondant
- calculer le débit de la rivière en aval du point de prise, en fonction des débits dérivés par le réservoir.
- détecter le point de restitution et récupérer l'identifiant du réservoir.
- récupérer les débits (fichier .ddr) et la qualité (fichier .rsl) restitués au cours d'eau.
- calculer la qualité à la confluence de la rivière et de la restitution du réservoir.

Le débit et la qualité restitués par le réservoir sont une entrée du modèle Riverstrahler. La constitution empirique de ces jeux de données peut s'avérer limitant pour certains réservoirs ou dans le cadre de simulations prospectives. Le module Barman intervient sur ce point en tant que module additionnel du modèle Riverstrahler. Il permet, à partir des conditions hydrologiques et de la qualité simulée à la prise par Riverstrahler, de modéliser les processus biogéochimiques occurrents dans le réservoir, et fournit des résultats (qualité de l'eau restituée à la rivière) directement intégrable au modèle Riverstrahler.

1.4. Articulation des simulations entre Seneque et Barman

L'optimisation du modèle Barman en tant que module additionnel du modèle Riverstrahler / Seneque, repose comme nous l'avons vu sur les formats des données communes aux deux modèles. Cependant, afin de conserver une certaine autonomie, le module Barman n'est pas intégralement couplé avec l'applcatif Seneque. Les processus biogéochimiques du réservoir se fondent sur la qualité de l'eau prise à la rivière, ce qui implique une alternance des simulations pour d'une part obtenir la qualité en amont du réservoir, et d'autre part, pour pouvoir intégrer la qualité simulée par le réservoir au point de restitution, à la rivière (figure 5).

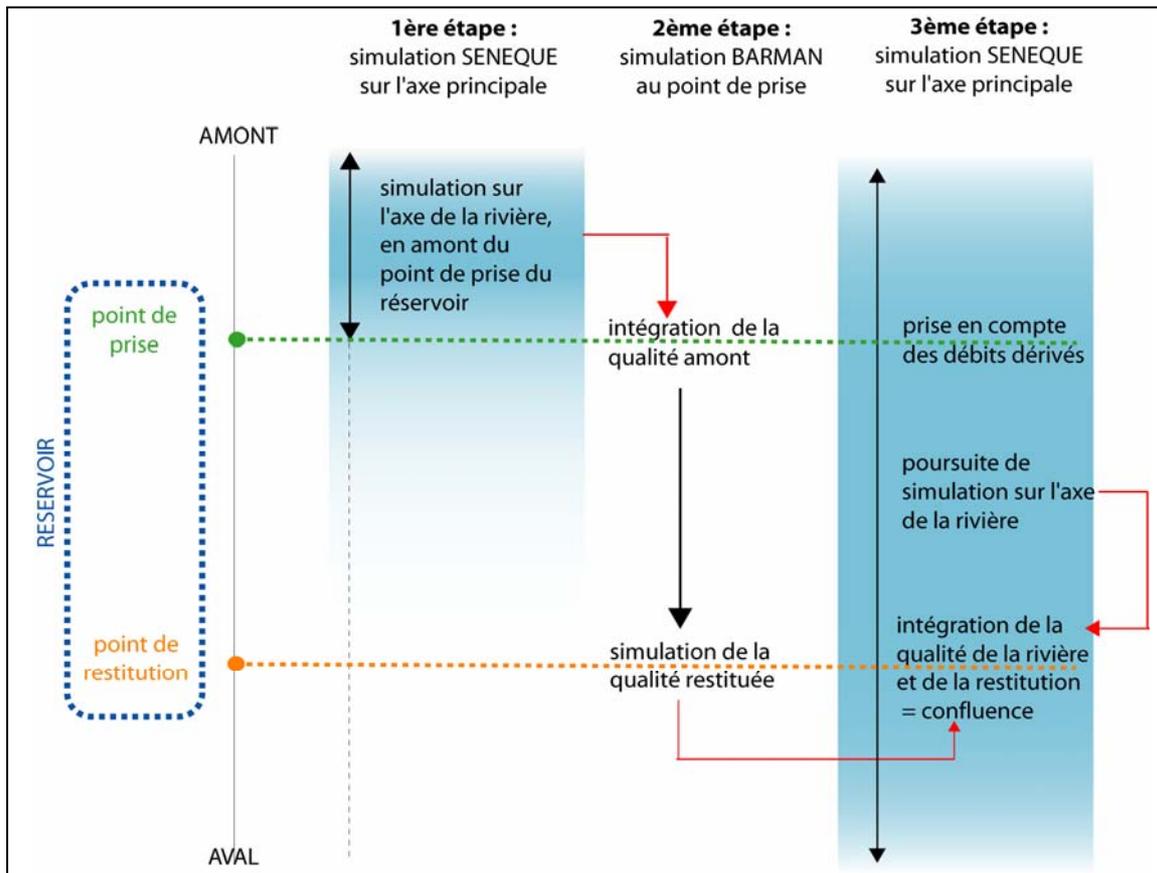


Figure 5 : Principe de l'alternance des simulations entre les modèles Riverstrahler / Seneque et Barman

Une première simulation réalisée avec Seneque permet d'obtenir la qualité en amont du réservoir (point de prise). Pour pouvoir fonctionner, cette simulation doit disposer de fichiers annuels en ce qui concerne les débits (fichiers .DDR) et la qualité restituée par le réservoir (fichier .RSL).

Les fichiers RSL doivent être présents lors de la première simulation de Seneque, et seront ensuite remplacés par les résultats de la simulation de Barman. Il est conseillé de créer des fichiers RSL ne contenant que des valeurs nulles, ou d'effectuer une copie de fichiers existants.

Le module Barman peut alors être lancé, avec en entrée la qualité simulée de la rivière au point de prise du réservoir. Une interface du module Barman permet d'exporter en fin de traitement, les résultats de simulation sous forme de fichiers RSL venant remplacer les fichiers en sein du jeu de données Seneque.

Une deuxième simulation de Seneque sera ensuite nécessaire pour intégrer à la qualité de la rivière les résultats simulés par le module Barman.

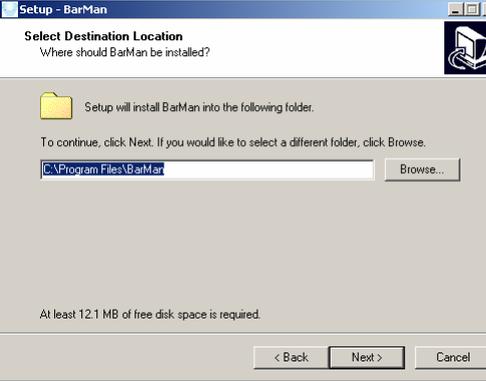
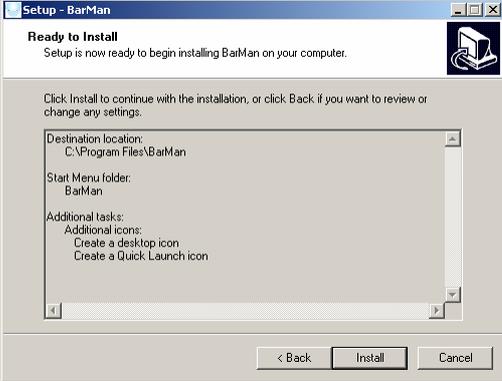
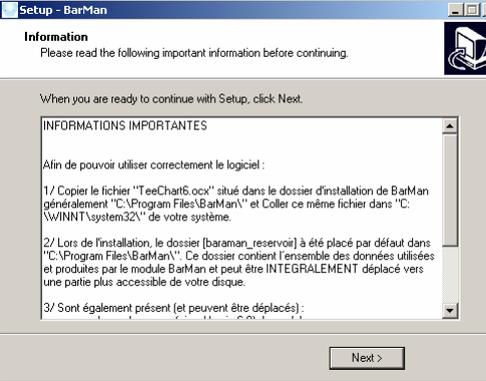
Cette logique de progression de l'amont vers l'aval doit être appliquée de manière systématique dans le cas d'une succession réservoirs sur l'axe principal de la rivière.

2. Prise en main et organisation des données

2.1. Installation

Le module Barman est livré sous la forme d'un fichier « Setup_Barman.exe ». Cet installeur sera fourni sous deux versions, une version initiale (vide) et une version disposant de simulations testées sur les barrages – réservoirs du réseau hydrographique de la Seine. Le détail de l'installation est présenté dans le tableau 1.

Tableau 1 : étapes d'installation du module Barman

	
<p>1/ lancer l'exécutable « Setup_Barman.exe », afin d'obtenir l'écran d'accueil suivant. Cliquer sur « Next ».</p>	<p>2/ choix de l'emplacement physique du module et des fichiers nécessaires, peut être modifié, « C:\Program Files\Barman » est proposé par défaut.</p>
	
<p>4/ après deux étapes facultatives, l'écran suivant résume le détail de l'installation. Cliquer sur « Install ».</p>	<p>5/ un dernier écran clôture l'installation en précisant la localisation des fichiers créés, ainsi que quelques manipulations nécessaires pour les rendre plus facilement accessibles (cf. partie 2.1).</p>

2.1. Données disponibles après installation

Une fois l'installation terminée, les différents fichiers présentés figure 6 ont été installés sur votre disque, par défaut dans « C:\Program Files\Barman ».

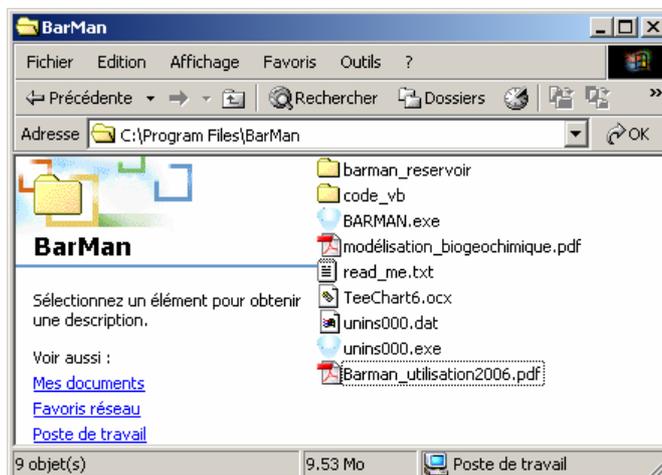


Figure 6 : Organisation des fichiers installés dans le dossier [BarMan].

- le dossier [barman_reservoir] contient les différents paramètres du modèle Barman. Les différents résultats de simulations seront écrits à l'intérieur de ce dossier. Afin de permettre une meilleure organisation des données et des simulations, ce dossier peut être déplacé **dans son intégralité** vers un autre emplacement du disque.

Les fichiers créés dans le dossier [BarMan] lors de l'installation sont :

- L'exécutable « BARMAN.exe », qui permet de lancer la version compilée du module Barman. Il n'est pas nécessaire de le déplacer car il reste accessible depuis un raccourci sur le bureau ou depuis la zone de lancement classique de Windows (si cela a été spécifié durant l'installation).
- Les fichiers « unins000 » sont nécessaires à la désinstallation du module et ne doivent pas être déplacés.
- Le fichier « read_me.txt », rappelle les opérations nécessaires à réaliser après l'installation.
- **Le fichier « TeeChart6.ocx » doit être copié dans le dossier "C:\WINNT\system32\" de votre système.** Cette bibliothèque graphique est nécessaire à l'affichage des différents graphiques présents dans l'interface de Barman.
- Deux documents pdf sont également disponibles, le premier est une copie du guide d'utilisation et le second, le rapport de stage de Thomas Guillon sur la « **Modélisation du fonctionnement biogéochimique des réservoirs** ».

2.2. Données et informations nécessaires

Le modèle Barman ne nécessite pour fonctionner que très peu de données en entrée, si il est couplé avec le modèle Seneque. Cependant la modélisation d'un réservoir implique de connaître certains paramètres précis, notamment la morphologie de l'ouvrage et de disposer le cas échéant d'un projet Seneque déjà implémenté et plus généralement, des données de validation permettant d'assurer la cohérence des différentes étapes de modélisation.

Le tableau 2 structure les informations nécessaires et facultatives pour utiliser le module Barman dans l'ordre logique des étapes de la modélisation.

Tableau 2 : récapitulatif par étape de modélisation des informations nécessaires et facultatives.

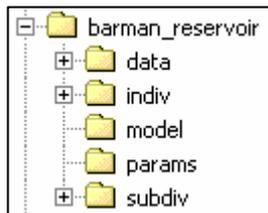
Etape	Données nécessaires	Données facultatives *
1 – Définition de la morphologie	la forme théorique du réservoir (parabole ou demi-sphère) un niveau de référence commun (cote NGF, niveau de la mer) morphologie parabolique : cote pour un volume nul, profondeur, surface ou volume maximum morphologie en demi-sphère : cote pour un volume nul, largeur, hauteur et pente maximales.	fichier de validation structuré mettant en relation le volume et la cote du réservoir
2 – Bilan hydrique	une morphologie définie en étape 1 fichier personnel présentant les débits dérivés et restitués (fichier personnel ou fichier Seneque)	estimation du volume initial du réservoir dans le cas de la première année simulée
3 – Définir la qualité amont	Projet et scénario SENEQUE (découpage axe – bassin associé)	fichier personnel structuré au format des fichiers de résultats de Seneque
4 – Calcul des processus	une morphologie définie en étape 1 le bilan hydrique de l'année considérée (étape 2) les valeurs journalières de qualité amont (étape 3)	un fichier texte, permettant d'initialiser la qualité du réservoir au premier jour du calcul
5 – visualisation des résultats	Validation des étapes 1 à 4	données de validation intégrées à la base de données « obs_qual.mdb »)
6 – Intégration des résultats dans les données SENEQUE	objet réservoir identifié dans le jeu de données Seneque Fichier RSL créés lors de l'étape 4 (option de calcul)	

* les fichiers facultatifs constituent des données « personnelles » dont les modèles (formats de fichiers) sont disponibles dans le dossier [data] du répertoire générique [barman_reservoir] (voir partie « 2.3. Organisation physique des données »).

2.3. Organisation physiques des données

Lors de l'installation du module Barman, le dossier [barman_reservoir] a été placé par défaut dans « ProgramFiles/Barman/ », et peut être déplacé à un autre emplacement sur le disque. Ce dossier contient l'ensemble des données utilisées et produites par le module Barman, et s'organise de la façon suivante :

- le dossier [data] contient la base de données de validation, et par convention les différents fichiers personnels utilisés (fichiers de débits dérivés et restitués hors Seneque, fichier de données volume / cote).
- Le dossier [model] contient des exemples de fichiers aux formats d'entrée du module (nombre de lignes d'entête, type de séparateur...) dans le cadre de la création de données personnelles.
- Le dossier [params] contient des fichiers utilisés par le module de calcul des processus biogéochimiques. Ces fichiers n'ont pas à être modifiés par l'utilisateur.
- Le dossier [indiv] contient les différents fichiers produits par le module dans le cadre d'une analyse individuelle de réservoir (voir partie 3.2).
- Le dossier [subdiv] contient les différents fichiers produits par le module dans le cadre de l'analyse d'un réservoir principal et de ces subdivisions morphologiques. (voir partie 3.3).



Remarque : La structuration systématique des données personnelles dans le dossier [data] n'est pas obligatoire. Cependant, chaque fichier créée par le module Barman indique en entête les sources et les chemins vers les fichiers utilisés (ceci dans un soucis de traçabilité des traitements effectués). Il est donc préférable de maintenir ce dossier organisé.

3. Le choix de l'analyse

3.1. Démarrage du module Barman

Une fois l'installation terminée, lancer le module (Barman.exe) afin d'obtenir l'écran d'accueil présenté ci-dessous (Figure 2).

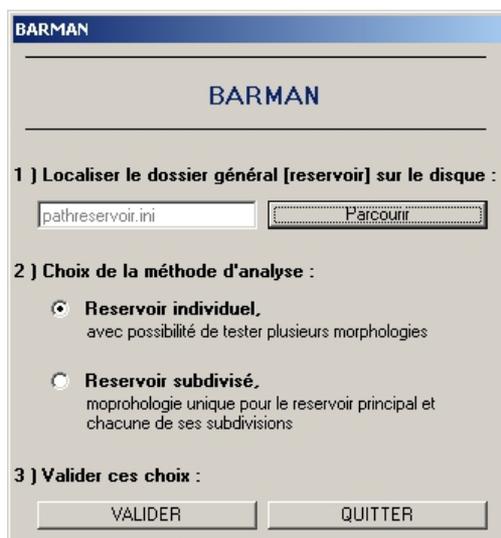


Figure 7 : Ecran d'accueil du module Barman

La première étape consiste à localiser le dossier [barman_reservoir] par l'intermédiaire du fichier « pathreservoir.ini », à la racine de ce dernier. L'intérêt d'une telle procédure étant de pouvoir déplacer physiquement l'ensemble du dossier [barman_reservoir] (par défaut situé dans « ProgramFiles\Barman\ ») et pouvoir organiser ses données de façon plus souple.

Remarque : Le nom du dossier [barman_reservoir] peut aussi être modifié, ce qui peut permettre d'avoir plusieurs espaces de travail distincts et organisés. Cependant le fichier « pathreservoir.ini » et l'organisation des dossiers contenus dans le répertoire générique [barman_reservoir] ne doivent pas être modifiés.

Deux options d'analyse sont disponibles :

- l'analyse individuelle d'un réservoir, présentée en partie 3.2.
- l'analyse par subdivisions morphologiques, présentée en partie 3.3.

La localisation du dossier [barman_reservoir] par l'intermédiaire du fichier pathreservoir.ini et le choix de l'analyse doivent ensuite être validés à l'aide du bouton prévu à cet effet.

3.2. Analyse individuelle d'un réservoir

L'analyse individuelle doit être utilisée si un seul réservoir est considéré (d'un point de vue morphologique). Cette option permet néanmoins de tester pour un réservoir, une ou plusieurs morphologies avec la possibilité de comparer l'influence de certains paramètres morphologiques sur la qualité de l'eau restituée.

L'analyse individuelle d'un réservoir se décompose en plusieurs étapes à réaliser dans l'ordre logique présenté en figure 8.

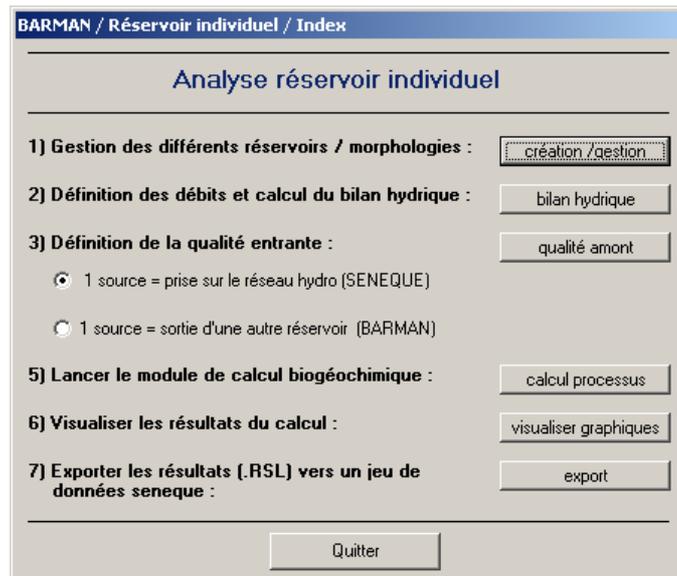
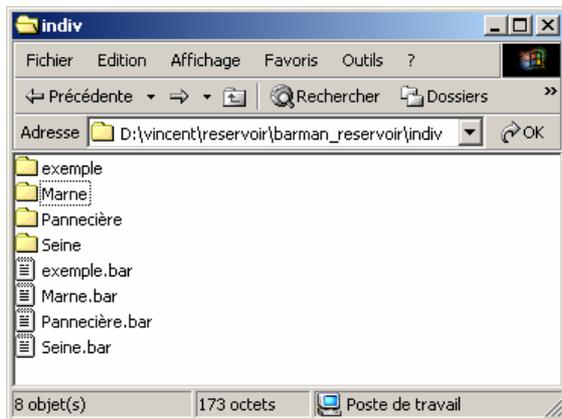


Figure 8 : Index de l'analyse individuelle

Chaque fin d'étape sera marquée par un retour à cet écran d'accueil (figure 8). Bien qu'il soit impératif de respecter l'ordre présenté, il est possible d'effectuer des traitements en série sur une étape. Cette démarche permet aussi d'interrompre l'analyse même si cette dernière n'est pas terminée, et pouvoir retrouver l'ensemble des traitements réalisés par la suite.

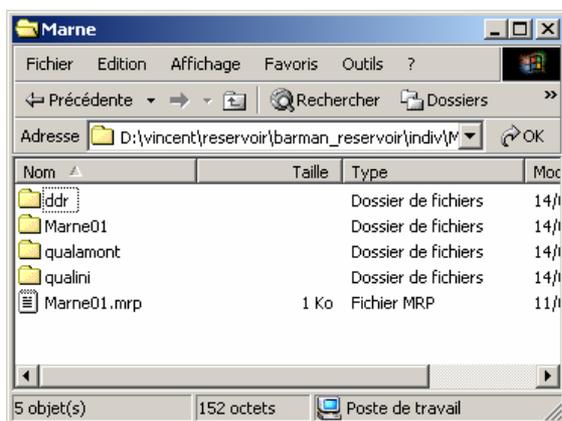
L'ensemble des données créée dans le cadre d'une analyse individuelle s'organise dans le dossier [indiv] du répertoire [barman_reservoir] comme l'indiquent les figures 9 à 11.



A l'intérieur du dossier [indiv], la structuration de l'information est la suivante : à chaque réservoir correspond un fichier d'extension .BAR contenant des commentaires potentiels sur l'ouvrage.

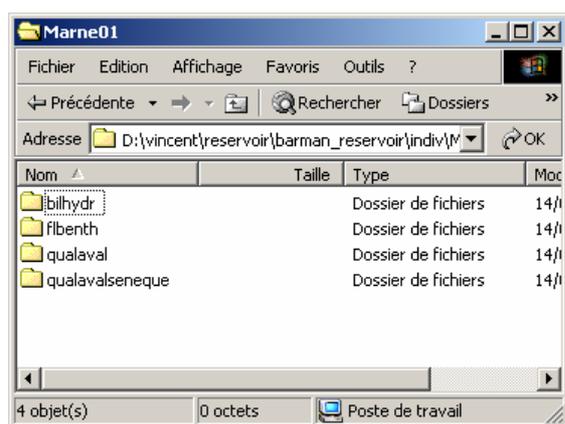
Considérant qu'à un réservoir peut correspondre plusieurs morphologies, le dossier identifié par le nom du réservoir regroupe l'ensemble de ces informations (plusieurs morphologies potentielles)

Figure 9 : Structuration du dossier [indiv].



A l'intérieur du dossier identifiant le réservoir, par exemple [Marne], chacune des morphologies est identifiée par un fichier d'extension .MRP et un dossier (« Marne01 » correspond à la première morphologie définie pour le réservoir Marne). Sont présents à ce niveau, tous les fichiers créés, ne dépendant pas de la morphologie (c'est à dire communs aux différentes morphologies testées). Notamment les fichiers de débits dérivés et restitués [ddr], la qualité à la prise [qualamont] et la qualité initiale du réservoir [qualini]. Le dossier [Marne01] regroupe l'information dépendante de la morphologie 01 définie pour le réservoir Marne.

Figure 10 : Exemple de structuration du dossier [Marne].



A l'intérieur du dossier [Marne01] sont structurés les différents fichiers dépendant de la morphologie de l'ouvrage. Nous trouvons ici les fichiers provenant du bilan hydrique dans le dossier [bilhydr], les flux benthiques [flbenth], la qualité avale journalière [qualaval], et la qualité avale décadaire [qualavalseneque].

Figure 11 : Exemple de structuration du dossier [Marne01].

Cette structuration des différents fichiers du module Barman peut sembler lourde, mais permet d'éviter la redondance de l'information et présente l'avantage dans le cas de la création d'une nouvelle morphologie pour un réservoir déjà défini, de ne pas avoir à redéfinir l'information commune aux différentes morphologies.

3.3. Analyse d'un réservoir en subdivision morphologique

L'analyse en subdivision, peut être utilisée dans le cas de réservoir à morphologie complexe. Elle permet d'obtenir des résultats pour le réservoir global, de façon identique à une analyse individuelle, ainsi que pour chacune des subdivisions considérées, avec la possibilité de réaliser des comparaisons entre les subdivisions et le réservoir global.

La subdivision morphologique ne doit s'appliquer qu'à un réservoir à morphologie complexe, et non à une succession de réservoirs en série. Pour traiter ce dernier cas, il est préférable de réaliser plusieurs analyses individuelles, la mise en relation des différents réservoirs étant alors prévue par l'interface (voir partie 6.1. figure 26). En effet, dans le cas d'un réservoir subdivisé, on considère que la cote de l'eau est homogène pour l'ensemble des subdivisions dans des conditions normales.

Le déroulement de cette analyse est assez proche de celui d'une analyse individuelle, avec une succession d'étapes similaire : création des morphologies, calcul des bilans hydriques, définition de la qualité entrante dans le réservoir et calcul des processus.

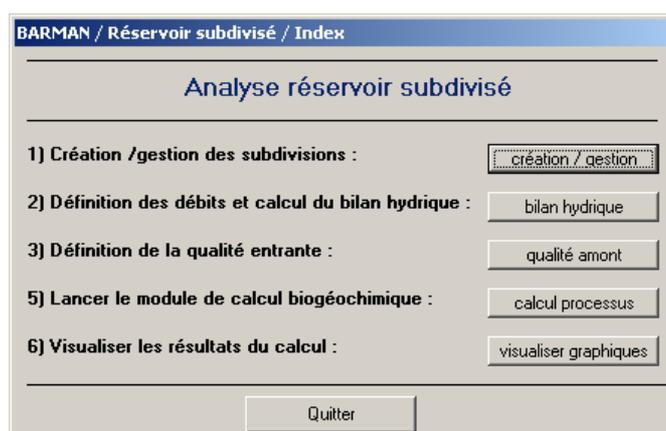
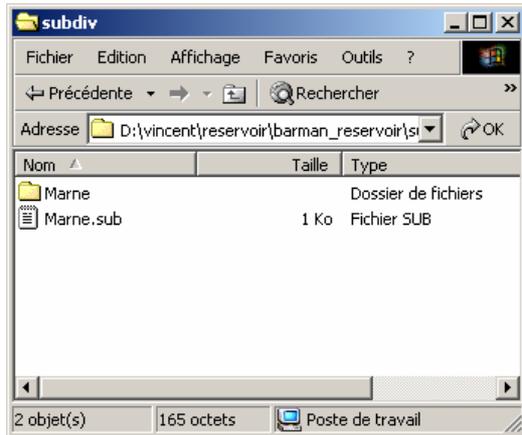


Figure 12 : Index de l'analyse par subdivision morphologique

Là encore, chaque fin d'étape sera marquée par un retour à l'écran d'accueil, et l'ordre des étapes est à respecter, tout en gardant la possibilité de réaliser des traitements en série sur une étape.

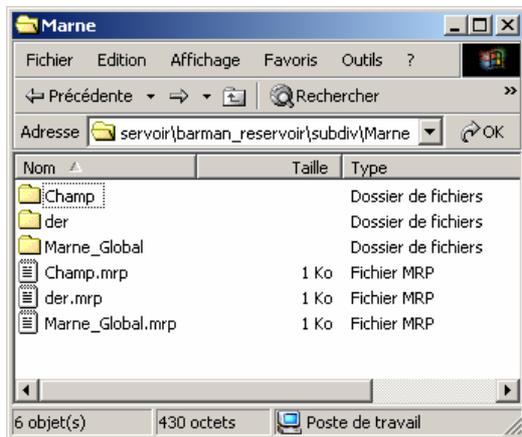
L'ensemble des données créées dans le cadre d'une analyse en subdivision s'organise dans le dossier [subdiv] du répertoire [barman_reservoir] comme l'indiquent les figures 13 à 15.



A l'intérieur du dossier [subdiv], la structuration de l'information est la suivante : chaque projet de subdivision est identifié par un dossier et un fichier .SUB

Ce fichier SUB décrit le projet de subdivision (réservoir, principal et subdivisions morphologiques). L'exemple pris est ici le cas de la Marne (avec les subdivisions du lac de Der et Champaubert).

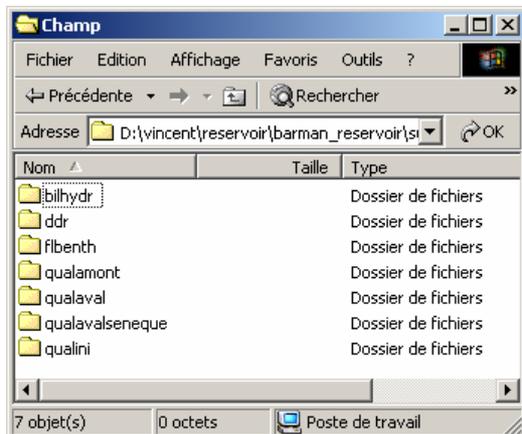
Figure 13 : Structuration du dossier [subdiv].



A l'intérieur du dossier [Marne] décrivant le projet de subdivision, nous trouvons un dossier correspondant au réservoir principal (global) appelé ici [Marne_global] et le fichier morphologie associé (.MRP).

Les différents sous-réservoirs (subdivisions morphologiques) sont décrits de la même façon. Nous trouvons ici les sous-réservoirs « Der » et « Champaubert ».

Figure 14 : Structuration du projet de subdivision [Marne].



Dans le cadre d'une analyse en subdivision, une seule morphologie est associée à chaque réservoir ou sous-réservoirs. La structuration des fichiers en fonction de leur dépendance avec la morphologie de l'ouvrage n'est donc plus nécessaire. Nous trouvons à l'intérieur d'un dossier correspondant au réservoir principal ou à l'un des sous-réservoirs, l'ensemble des dossiers utilisés durant les différentes étapes du module Barman.

Figure 15 : Exemple de structuration du dossier [Champ] (sous-réservoir).

Remarque : la structuration des dossiers et fichiers est la même pour le réservoir principal et ses sous-réservoirs. En effet les simulations réalisées dans le cadre d'une analyse en subdivision comprennent la prise en compte logique des sous-réservoirs, mais effectuée aussi les calculs pour le réservoir principal, de façon identique à une analyse individuelle. Il sera donc aisé de comparer les résultats à l'exutoire du réservoir principal et du dernier sous-réservoir (subdivision la plus en aval) afin d'en analyser l'intérêt.

4. Gestion des différents réservoirs et définition des morphologies

4.1. Présentation des morphologies idéalisées dans Barman

Deux types de morphologies sont idéalisés dans le modèle Barman (figure 16).

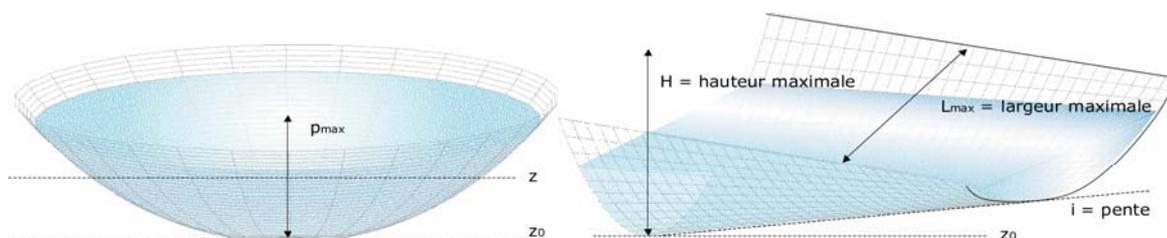


Figure 16 : Morphologies définies dans le modèle Barman et variables de paramétrage associées. Morphologie en demi-coupole à droite, et parabolique à gauche.

Un paramètre de calage commun aux deux morphologies est Z_0 (figure 16), qui correspond à la cote du réservoir vide en fonction d'un niveau de référence (cote NGF, niveau de la mer...). Puis, selon la morphologie considérée, les paramètres à prendre en compte diffèrent. Dans le cas d'une morphologie sphérique, deux paramètres sont à définir :

- la profondeur maximale (en mètre)
- le volume maximum (en Milliers de m³) ou la surface maximum (en km²)

Dans le cas d'une morphologie parabolique, 3 paramètres sont nécessaires :

- la largeur maximale (en mètres)
- la hauteur d'eau maximale (en mètres). Attention on parle ici de la hauteur d'eau et non de la cote (cote minimum définie + hauteur maximum = cote maximum théorique).
- la pente (au format décimale)

4.2. Analyse individuelle : plusieurs morphologies associées à un réservoir



Avant de créer les morphologies proprement dites, il est nécessaire dans le cadre d'une analyse individuelle, de créer ou sélectionner le réservoir sur lequel on souhaite travailler (figure 17).

Figure 17 : Ecran de gestion (création, sélection, suppression) d'un réservoir

Trois options permettent au choix, de créer un nouveau réservoir, de sélectionner ou de supprimer un réservoir existant. La création d'un nouveau réservoir ce fera par sélection de l'option adéquate en spécifiant un nom (les noms courts sont à privilégier). Il est alors possible d'associer un commentaire à cette création (auteur, date, précisions sur le réservoir). La sélection ou la suppression d'un réservoir existant est réalisable par le choix d'un réservoir dans la liste déroutante. A noter que la sélection d'un réservoir existant donne accès à l'ensemble des morphologies définies pour ce réservoir, et que de la même façon, la suppression d'un réservoir, entraînera la perte de toutes les morphologies créées pour ce dernier, ainsi que les différents résultats simulés.



La validation de cette première étape permet à l'utilisateur de gérer les morphologies associées au réservoir préalablement sélectionné. Le principe est ici similaire, pour la création d'une nouvelle morphologie, la sélection ou la suppression d'une morphologie existante (figure 18).

Figure 18 : Ecran de gestion (création, sélection, suppression) d'une morphologie

Par convention, une morphologie est identifiée par la concaténation du nom du réservoir et d'un numéro incrémenté de 1 par défaut. Il reste cependant possible d'apporter un complément d'information lors de la création d'une nouvelle morphologie à l'aide de la zone de commentaire prévue à cet effet.

La suppression d'une morphologie, entraînera la suppression de toutes les simulations qui y sont associées, mais n'affectera pas les autres résultats pour le réservoir.

Il reste maintenant à définir la morphologie proprement dite du réservoir. La figure 19 présente l'interface obtenue après sélection des identifiants pour le réservoir et la morphologie.

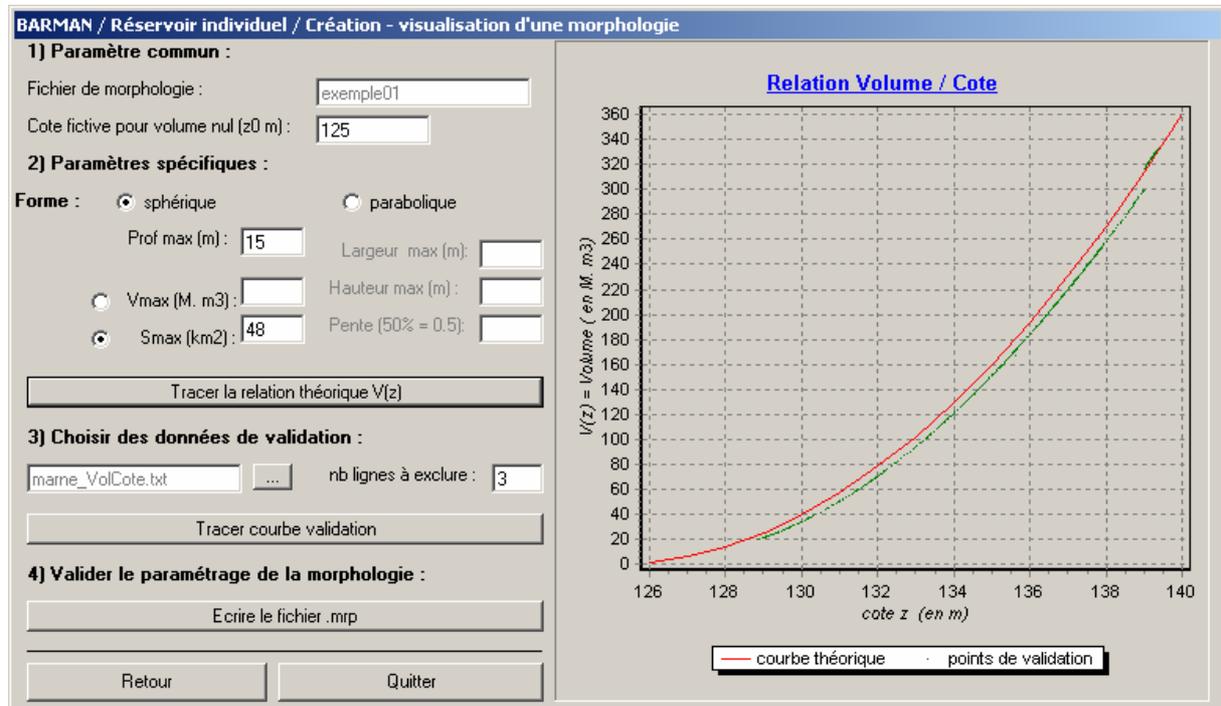


Figure 19 : Interface de création et/ou visualisation de la morphologie d'un réservoir.

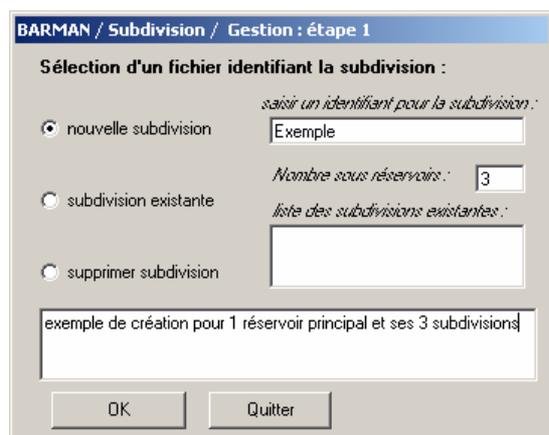
Cette étape de paramétrage est fondamentale pour la suite de l'analyse, et se décompose en 4 étapes. La première consiste à définir le paramètre général « cote fictive pour un volume nul », qui impose le choix d'une cote ou niveau mesuré à partir d'une référence (niveau de la mer, cote NGF...) qui sera utilisée pour caractériser tous les niveaux d'eau pour la morphologie du réservoir considéré. La cote est ici qualifiée de fictive, du fait qu'il soit très rare d'avoir un réservoir complètement vide, il faut donc estimer avec le plus de précision possible ce paramètre.

Dans un deuxième temps, il est nécessaire de définir la forme du réservoir que l'on souhaite modéliser. Le choix de la forme sphérique ou parabolique imposera des paramètres de calage différents (voir Figure 16). Une fois les paramètres morphologiques nécessaires complétés, il est alors possible de tracer la relation théorique liant la cote au volume.

La troisième étape permet de valider la relation théorique en superposant une courbe empirique, tracée sur la base d'un simple fichier texte, avec les données de validation. Il est dès lors possible d'affiner les paramètres de calage (étape 2) afin de se rapprocher au plus près des données de validation.

Enfin, si la morphologie théorique du réservoir est satisfaisante, il est alors nécessaire de sauvegarder les paramètres définis en sélectionnant « Ecrire le fichier .mrp » (.MRP étant l'extension des fichiers décrivant la morphologies d'un réservoir).

4.3. Analyse en subdivision : une morphologie associée à chaque (sous) réservoir du projet



Dans le cadre d'une analyse en subdivision morphologique, l'utilisateur définit tout d'abord un projet de subdivision (Figure 20).

Figure 20 : Ecran de gestion (création, sélection, suppression) d'un projet de subdivision

Cet écran permet de définir un nouveau fichier de subdivision en précisant un identifiant, le nombre de subdivisions et laisse la possibilité d'ajouter un complément d'information en commentaire. La sélection ou la suppression d'un fichier de subdivision est également possible.

Il est ensuite nécessaire de caractériser le réservoir principal ainsi que chacune des subdivisions morphologiques. L'interface présentée figure 21, permet d'importer une morphologie existante, par sélection d'un fichier .mrp (fichier décrivant la morphologie) ou de créer une nouvelle morphologie à partir d'une interface similaire à celle présentée en figure 19.

BARMAN / Subdivision / Gestion : étape 2 (définir les morphologies)

1) Définition du réservoir principal (global) :

Identifiant Reservoir Principal : Res_Princ morphologie : importer créer visualiser

2) Définition des sous-réservoirs (subdivisions) :

identifiant sous réservoir 1 : Subdiv_A morphologie : importer créer visualiser

identifiant sous réservoir 2 : Subdiv_B morphologie : importer créer visualiser

identifiant sous réservoir 3 : morphologie : importer créer visualiser

Retour Annuler Valider

Figure 21 : Création du réservoir principal, des sous-réservoirs et des morphologies associées

Il est possible de visualiser les morphologies déjà définies, afin de s'assurer de la cohérence des subdivisions successives. A noter que l'ordre des sous-réservoirs correspond à leur position d'amont en aval, telle qu'elle sera prise en compte dans le calcul du bilan hydrique.

5. Calcul annuel des bilans hydriques journaliers

5.1. Principe du calcul

Pour chaque réservoir a été définie une morphologie, à partir de laquelle une relation entre le volume et la cote (niveau d'eau dans le réservoir) a été établie. En se basant sur les débits journaliers entrant et sortant du réservoir, il est dès lors possible de déduire le volume du réservoir et donc le niveau d'eau. A partir de cette première relation, nous en déduisons des variables journalières qui seront essentielles pour le calcul des processus biogéochimiques, telle que la profondeur moyenne et le taux de renouvellement de l'eau dans le réservoir.

Les parties 5.1 et 5.2 présentent respectivement la réalisation de ces bilans hydriques dans le cas d'une analyse individuelle et subdivisée pour l'ensemble des réservoirs et sous-réservoirs.

5.2. Analyse individuelle : bilan hydrique simple

La réalisation du bilan hydrique dans le cas d'une analyse individuelle de réservoir se décompose en 3 étapes :

- sélection du couple réservoir – morphologie
- sélection d'un fichier contenant les débits dérivés et restitués pour l'ouvrage sélectionné
- définition du volume initial du réservoir permettant de lancer le calcul

Ces différentes étapes sont détaillées et illustrées (Figure 22).

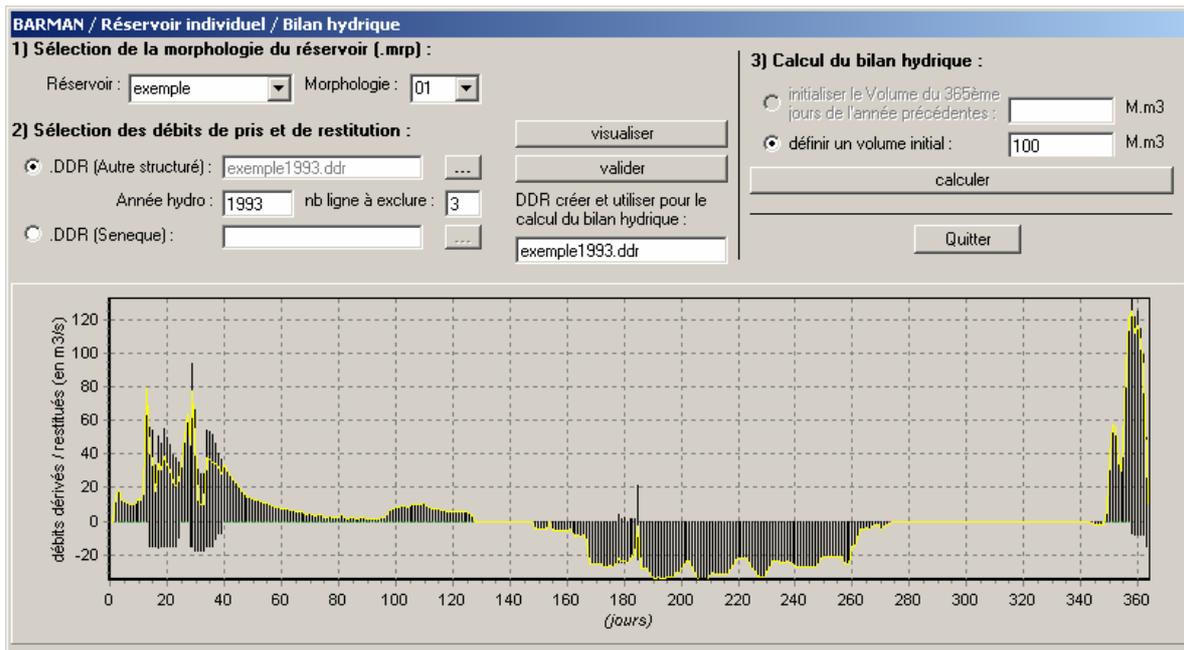


Figure 22 : Calcul des bilans hydriques journaliers pour une analyse individuelle

Il est nécessaire dans un premier temps de préciser le réservoir et la morphologie à partir de laquelle on souhaite réaliser les calculs.

Deux options sont alors possibles pour spécifier les débits entrants et sortants du le réservoir :

- via un fichier « personnel » (portant une extension .ddr), il faut dans ce cas préciser l'année hydrologique considérée (qui n'est pas forcément explicite dans le titre du fichier) et le nombre de lignes précédent la première valeur à lire (c'est à dire les débits au 1er janvier de l'année considérée. Cette dernière option permet notamment de pouvoir utiliser un fichier pluriannuel de débits journaliers.
- Via un fichier « Seneque » de prise et de restitution (.ddr). Le format de ces fichiers étant contraint, la récupération de l'année considérée, ainsi que le nombre de lignes en entête est implicite.

Il est possible de visualiser graphiquement le fichier sélectionné, les valeurs positives représentent les débits entrants (dérivés à la prise) et les valeurs négatives, les débits sortants. La courbe jaune représente la différence entre les deux débits et permet de voir si le réservoir est en cours de remplissage ou de vidange.

La validation de cette deuxième étape a deux conséquences. La première étant la création d'un nouveau fichier de débits journaliers standard quelque soit l'option de calcul choisie, avec pour identifiant le nom du réservoir et l'année. Dans un second temps, le module effectue une recherche des bilans hydriques déjà réalisés pour ce couple réservoir/morphologie, afin d'initialiser le volume du réservoir au 365ème jour de l'année précédente. Cette valeur est alors proposée par défaut, mais il reste possible de redéfinir ce volume initial. Si l'année précédente n'a pas encore été calculée, il sera impératif de préciser le volume initial du réservoir (en milliers de mètre cube) avant de lancer le calcul.

Une fois le calcul terminé, une boite de dialogue précise les approximations numériques réalisées. En effet, si la morphologie est erronée, la succession des bilans hydriques peut donner lieu à des valeurs aberrantes pour le calcul du volume ou de la cote de l'eau dans le réservoir.

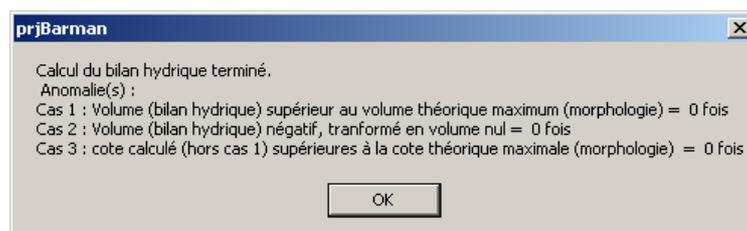


Figure 23 : Message d'information sur les anomalies numériques du bilan hydrique réalisé

Remarque : une proportion élevée d'anomalies doit conduire l'utilisateur à vérifier la cohérence du fichier de débit spécifié en entrée du calcul, voir à reconsidérer la morphologie définie pour le réservoir.

5.3. Analyse en subdivisions : bilans hydriques successifs pour les sous réservoirs

Le principe de calcul est ici identique à celui de l'analyse individuelle. Le bilan hydrique étant d'abord calculé pour le réservoir principal afin d'obtenir la cote de l'eau pour chaque jour, puis réalisé de façon successive pour chacun des sous-réservoirs.

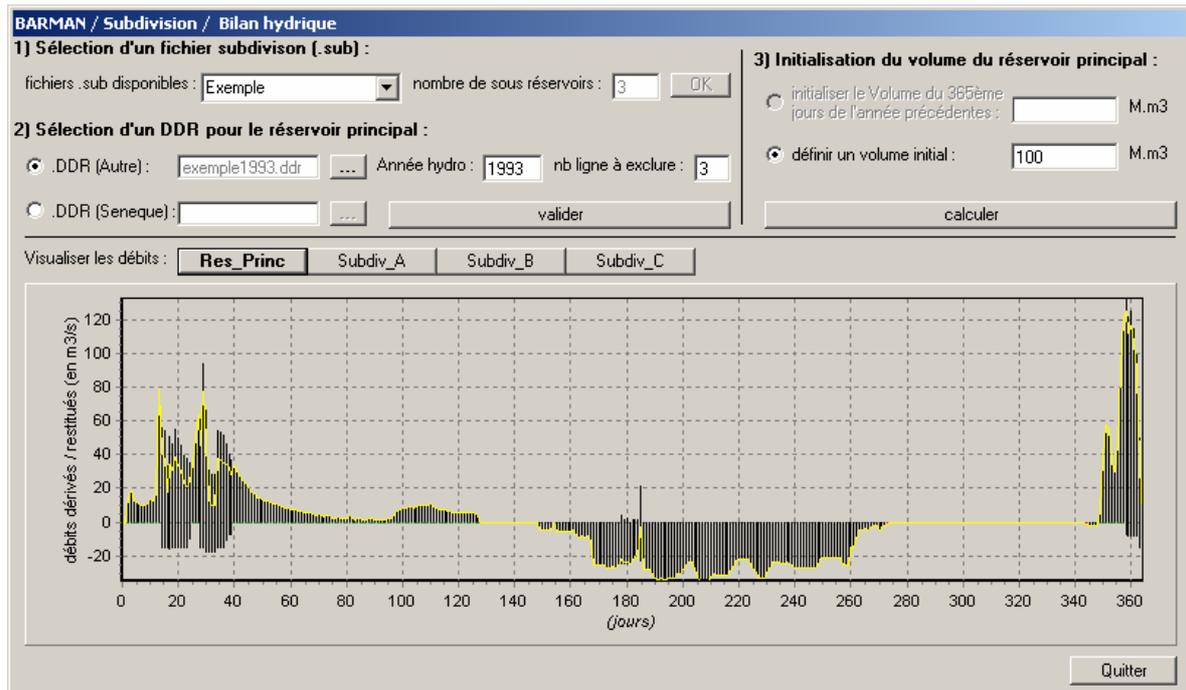


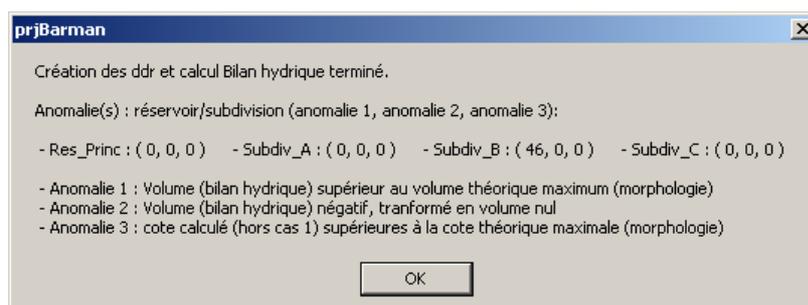
Figure 23 : Calcul des bilans hydriques journaliers pour une analyse en subdivision

La première étape consiste à sélectionner l'identifiant du « fichier subdivision », le nombre de subdivisions est alors spécifié. Il est nécessaire de valider cette première étape en pressant le bouton « OK ».

La sélection d'un fichier contenant les débits est alors possible à partir de deux options, un fichier « personnel » ou un fichier structuré au format Seneque.

La validation permet de visualiser graphiquement les débits entrant et sortant pour le réservoir principal.

Enfin, la dernière étape consiste à initialiser le volume du réservoir principal, avec la possibilité d'utiliser le volume calculé au 365ème jour de l'année précédente si cette dernière a déjà été simulée. Au lancement du calcul, la cote du réservoir principal peut être déduite et permet d'initier les bilans hydriques pour l'ensemble des sous-réservoirs.



Le calcul se termine avec la présentation des anomalies détaillées pour chaque (sous) réservoir(s).

Figure 24 : Message d'information sur les anomalies numériques du bilan hydrique réalisé

6. Définir la qualité de l'eau entrante dans le réservoir

6.1. Analyse individuelle

Deux options sont disponibles pour définir la qualité de l'eau entrante dans le réservoir :

- soit une prise sur le réseau hydrographique dans le cadre d'une simulation Seneque/Riverstrahler (figure 25),
- soit en définissant la qualité déjà simulée d'un réservoir amont (figure 26).

Dans le cas d'un couplage avec une simulation Seneque/Riverstrahler, il est nécessaire de spécifier le couple scénario/projet qui sera utilisé, après la sélection d'un fichier projet (.pro) dans le jeu de données Seneque. Il s'en suit l'affichage des différentes informations relatives à cette simulation (année prise en compte pour le calcul des différentes contraintes).

Il est ensuite nécessaire de localiser la prise du réservoir sur le réseau. Chaque projet Seneque étant associé à un découpage en axes et bassins, la localisation se fait respectivement par sélection d'un « pk » (point kilométrique) ou d'un ordre (de Strahler).

A noter que seuls les réservoirs présents sur un axe seront pris en compte par Seneque. De même, la définition de la qualité entrante dans le réservoir à partir d'un objet bassin versant n'a de sens que si l'ordre le plus grand est choisi. En effet, dans Seneque, le fonctionnement hydrologique est généralisé pour l'ensemble des ordres d'un même bassin. Le bouton « info. Res. » permet d'analyser un objet de type « axe » afin de détecter les points de prise et de restitution, afin d'en faciliter la sélection.

BARMAN / Réservoir individuel / Définition de la qualité en amont (SENEQUE)

1) Sélection d'un projet SENEQUE :

Bar_Marne.pro ... Scénarii : 01

Informations scénario :

ECOUI : 1993 BARR : 1993 NO3n : NO3s : Remarques :
 PRIS : 1993 PREL : prel1993 GEOL : geol Scénario de référence du projet
 USOL : usol1993 ZORI : zori1993 DEBI : 1993
 STEP : step1993 INDU : indu1993 QUAL : 1993

2) Localiser la prise du reservoir :

1AX_MARNE pK/Ordre 7 info res.

Format du fichier : Nombre de mesures : 36 Jour première mesure : 10
 Pas de temps des mesures : 10 Nombre de lignes d'entête : 4

3) Paramètre d'enregistrement :

Réservoir exemple Année : 1993 lancer l'interpolation

Quitter

Figure 25 : Définition de la qualité entrante dans le réservoir à partir d'une simulation Riverstrahler / Seneque

Avant de lancer le calcul, il est nécessaire de spécifier le nom du réservoir et l'année qui seront associés à l'extraction de la qualité amont. Le calcul réalisé interpole la qualité décadaire simulée par Seneque à une résolution journalière nécessaire pour intégrer les différents processus biogéochimiques.

Dans le cas de la mise en série de deux réservoirs, l'interface (figure 10), permet de transposer les résultats simulés pour un réservoir amont sous la forme de fichier d'entrée pour un second réservoir.

Figure 26 : Définition de la qualité entrante dans le réservoir à partir d'un réservoir déjà simulé par Barman

A noter que le lien hydrologique entre les deux réservoirs n'est pas défini dans cette mise en relation qui concerne uniquement la qualité. La relation hydrologique doit être formalisée au travers d'un fichier de débits (dérivés et restitués) spécifique entre les deux réservoirs.

6.2. Analyse en subdivision

Cette étape (figure 27) est rigoureusement identique à celle présentée dans la partie 6.1, la différence étant la sélection non plus d'un couple réservoir / morphologie (comme dans l'analyse individuelle), mais celle d'un projet de subdivision.

Figure 27 : Définition de la qualité entrante dans le réservoir à partir d'une simulation Riverstrahler / Seneque

Il est cependant nécessaire de rappeler que la qualité en amont du réservoir sera ici considéré pour le réservoir principal (de façon identique à une analyse individuelle), mais aussi pour le premier sous-réservoir considéré comme le plus en amont par le modèle. La qualité calculé pour ce premier sous-réservoir servant ensuite de qualité amont pour le second sous-réservoir et ainsi de suite.

7. Calcul des processus biogéochimiques.

Une fois la qualité journalière entrante spécifiée et le bilan hydrique effectué, le calcul des processus peut être amorcé avec différentes options (figure 28). L'exemple pris est ici celui d'une analyse individuelle, mais le principe est identique dans le cadre d'une analyse en subdivision.

BARMAN / Réservoir individuel / Calcul processus

1) Paramétrage du calcul biogéochimique :

Réservoir : exemple morphologie : 01

Année pour le calcul de la qualité : 1993

Année pour le calcul du bilan hydrique : 1993

2) Initialisation de la qualité dans le réservoir :

Utiliser la qualité calculée au 365ème jour de l'année précédente

Utiliser la qualité de la prise amont au premier jour de calcul

sélectionner un fichier (.txt structuré) : [] []

nb de lignes d'entête : []

3) Paramètre de sortie :

Créer un fichier qualité à une résolution journalière

Créer un fichier qualité à une résolution décadaire (seneque)

4) Lancer le calcul pour le réservoir :

calculer []

Quitter

Figure 28 : Définition des options de calcul des processus biogéochimiques

Il est tout d'abord nécessaire de sélectionner le couple réservoir / morphologie ainsi que les années à prendre en compte pour la qualité entrante dans le réservoir et les bilans hydriques. De la même façon dans le cas d'une analyse en subdivision, il sera nécessaire de sélectionner le projet de subdivision décrivant le réservoir principal et ses sous-réservoirs. Seules les années déjà calculées (bilan hydrique et extraction de la qualité amont) sont disponibles.

La qualité du réservoir au début du calcul doit être spécifiée, à partir de trois options. Si la qualité de l'année précédente a déjà été simulée, il est possible de sélectionner « la qualité calculée au 365ème jour de l'année précédente ». Dans le cas inverse, on peut définir de façon arbitraire que la qualité à l'intérieur du réservoir est équivalente à la qualité en amont du réservoir au premier jour de calcul. Il reste aussi la possibilité de spécifier un fichier texte décrivant la qualité du réservoir au premier jour de calcul.

Par défaut, les résultats ont une résolution journalière, cependant il est possible de créer des fichiers au format Seneque, avec une résolution décadaire et une extension .RSL. A noter que les valeurs décadaires ne correspondent pas à des valeurs prises tous les dix jours, mais à une moyenne réalisée sur cette même période.

8. Visualiser les résultats

8.1. Analyse individuelle

L'interface de visualisation des résultats est présentée figure 29.

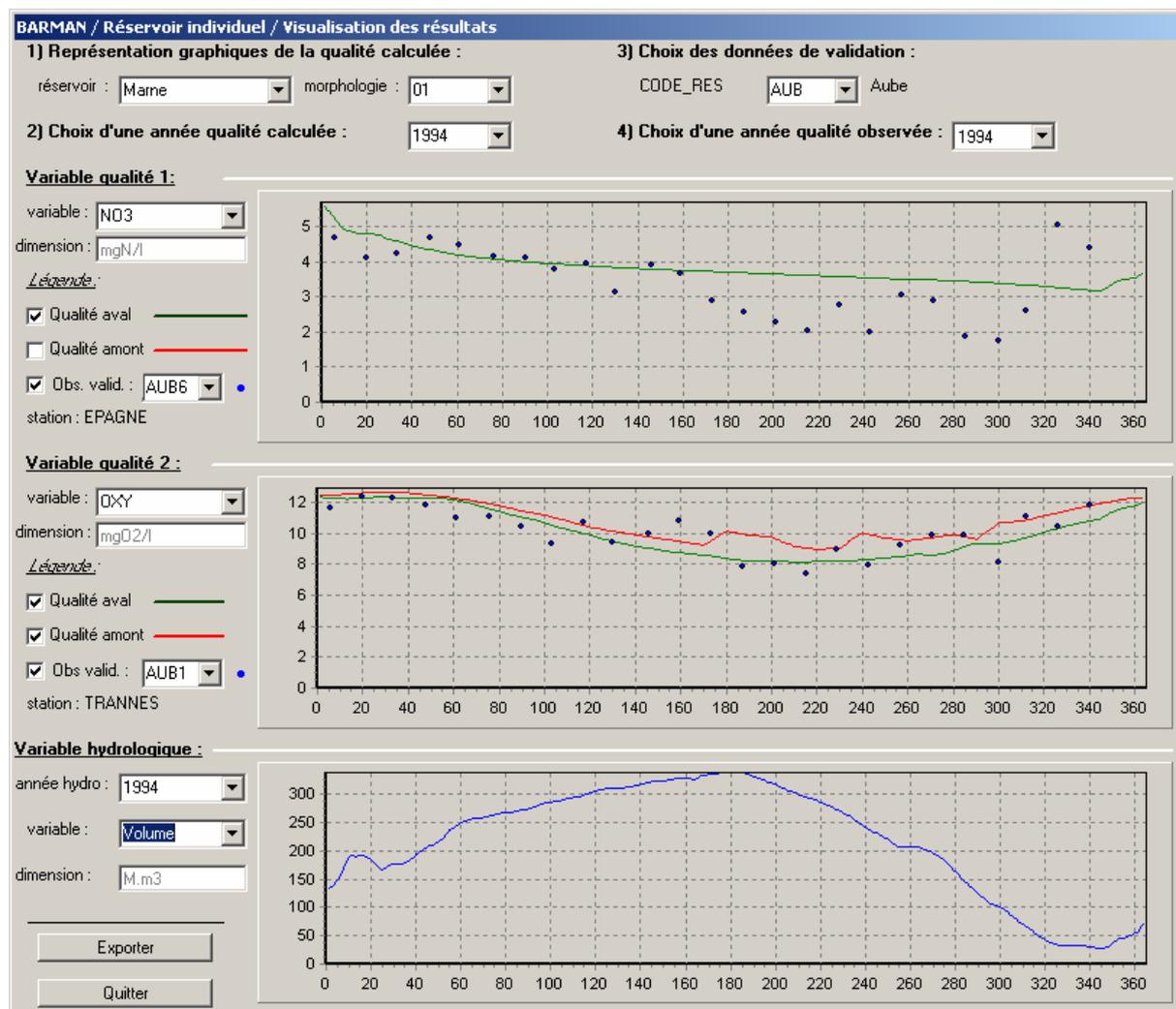


Figure 29 : Visualisation des résultats pour une analyse individuelle

Les fonctionnalités se décomposent en plusieurs parties. La première permet de sélectionner le couple réservoir / morphologie, et d'actualiser la liste des années ou la qualité a été simulée (2ème étape). Les étapes 3) et 4) permettent de sélectionner dans la base de données de validation, l'identifiant réservoir et de l'année correspondant à la simulation (voir partie 10 pour la structuration de la base).

Deux espaces graphiques sont dédiés à la représentation des variables de qualité. L'actualisation des graphiques est automatique dès modification du réservoir, de la morphologie, ou de la variable à représenter. En légende de chaque graphique, une liste déroulante permet de sélectionner une variable, et d'afficher ou non les différentes courbes.

Les tracés rouges et verts correspondent respectivement aux représentations graphiques des qualités amont (à la prise) simulées par Seneque, et aval, simulées par le modèle Barman. Enfin le tracé bleu représente les données issues de la base de validation. Plusieurs stations d'observation pouvant être associées à un même réservoir, une liste déroulante propose le choix de la station à représenter.

Un troisième espace graphique est lui, dédié à la représentation des variables hydrologiques. Il est nécessaire de spécifier l'année hydrologique à représenter qui peut être différente de l'année spécifiée pour le calcul de la qualité.

L'ensemble des graphiques représentent les jours en abscisse, l'échelle des ordonnées varie en fonction des variables représentées et, est spécifiée dans la partie légende.

La fonction « exporter » permet d'extraire sous forme de fichier texte les résultats représentés graphiquement. Dans un souci de simplicité, l'ensemble des données (amont, aval et validation) est exporté par défaut.

8.2. Analyse en subdivision

L'interface de visualisation des résultats pour une analyse en subdivision est présentée figure 30.

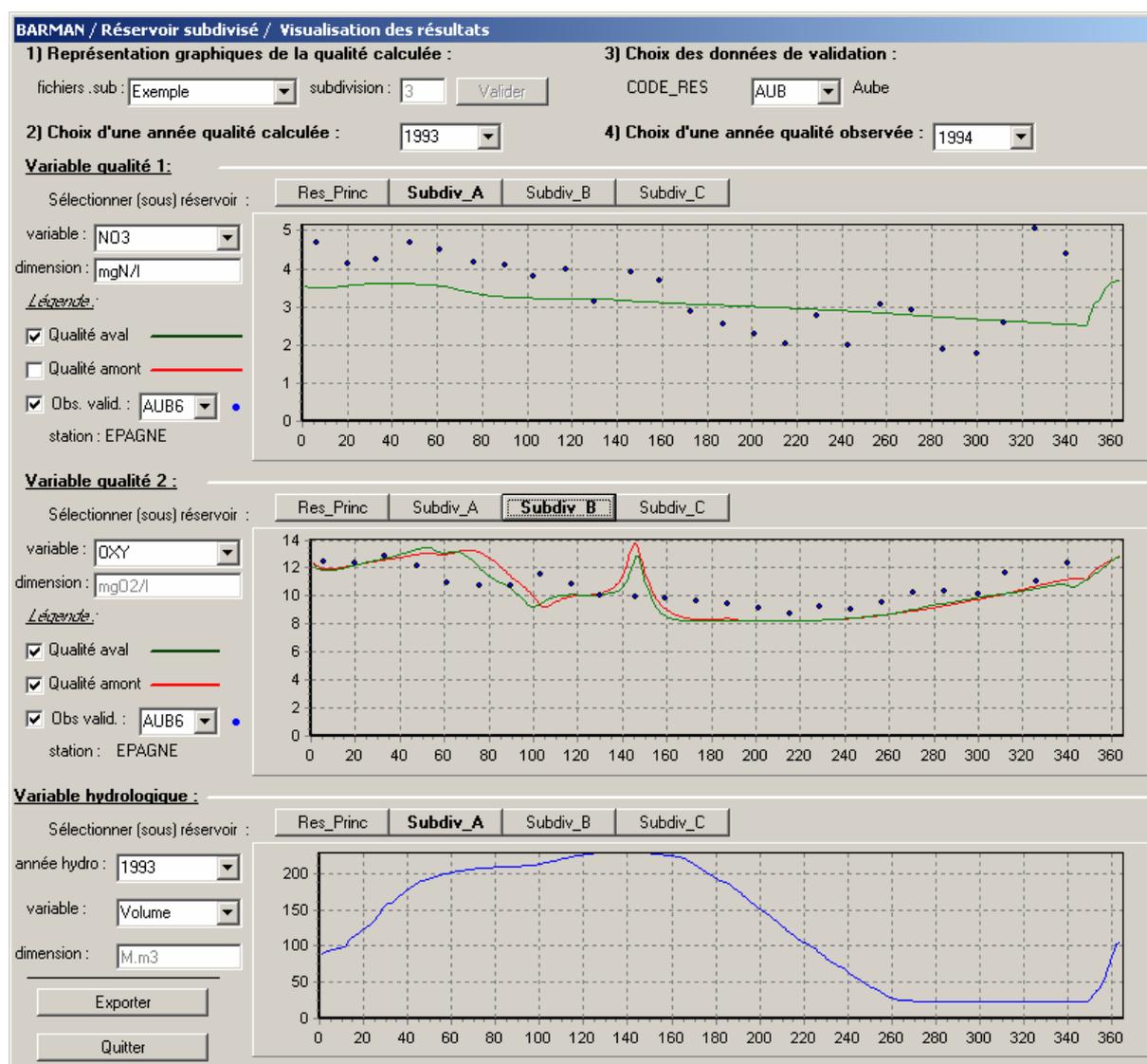


Figure 30 : Visualisation des résultats pour une analyse en subdivision

La particularité de cette interface dans le cadre d'une analyse en subdivisions morphologiques repose sur le fait que l'ensemble des simulations réalisées (réservoir principal et sous-réservoirs) est disponible, ce qui permet de comparer les différents résultats et d'analyser la pertinence de la subdivision réalisée au regard du réservoir principal qui correspond à une analyse individuelle. Les fonctionnalités de base étant identiques à celle de l'analyse individuelle présentée en partie 8.1.

9. Intégration des simulations Barman sous Seneque

9.1. Analyse individuelle : export automatique

Pour pouvoir utiliser cette option, il est nécessaire d'avoir explicitement demandé la création d'un fichier résultat au format Seneque (.RSL) lors du calcul des processus biogéochimiques (voir partie 7).



Figure 31 : Intégration des résultats des simulations Barman au sein d'un jeu de données Seneque

Cette interface permet d'exporter une simulation annuelle pour un couple réservoir / morphologie, vers un jeu de données Seneque, dans un format directement utilisable.

Après sélection d'un réservoir et d'une morphologie associée, sélectionner une année parmi celles disponibles via la liste déroulante.

Sélectionner ensuite le jeu de donnée Seneque (.ini). La liste des réservoirs disponibles est alors actualisée, et à chaque réservoir est associée une liste d'années disponibles (déjà présentes dans le jeu de donnée Seneque).

Remarque : L'export entraîne le remplacement (et donc la perte) du fichier RSL présent dans le jeu de données Seneque. **Cette action est irréversible.**

9.2. Analyse en subdivision : export manuel

Dans le cas d'une analyse en subdivisions morphologiques, la fonction d'export automatique n'a pas été implémentée. Il reste cependant possible de :

- sélectionner dans le répertoire [subdiv] le projet et le réservoir ou sous réservoir d'intérêt
- copier les fichiers résultats contenus dans le dossier [qualavalseneque]
- les renommés en respectant les formats définis par Seneque (4 lettres + Année)
- les coller dans le répertoire « datas\bar\ » du jeu de données Seneque

Remarque : Il est important de préciser que pour un jeu de données Seneque, le dossier [datas] et plus spécifiquement le dossier [datas\bar], sont communs à l'ensemble des projets Seneque définis. De fait, la modification d'un fichier RSL, correspondant à la qualité restituée par un réservoir pour une année donnée, influencera les simulations se basées sur un découpage individualisant l'axe sur lequel le réservoir est identifié pour cette même année.

10. Complément d'information

10.1. La base de données de validation

Les observations permettant de valider les simulations sont structurées dans une base de données au format Access, localisée dans le sous répertoire [data] du répertoire générique [barman_reservoir]. Le modèle relationnel est très simple et se compose de trois entités, « reservoir », « station » et « observation » relié par des relations (1-N).

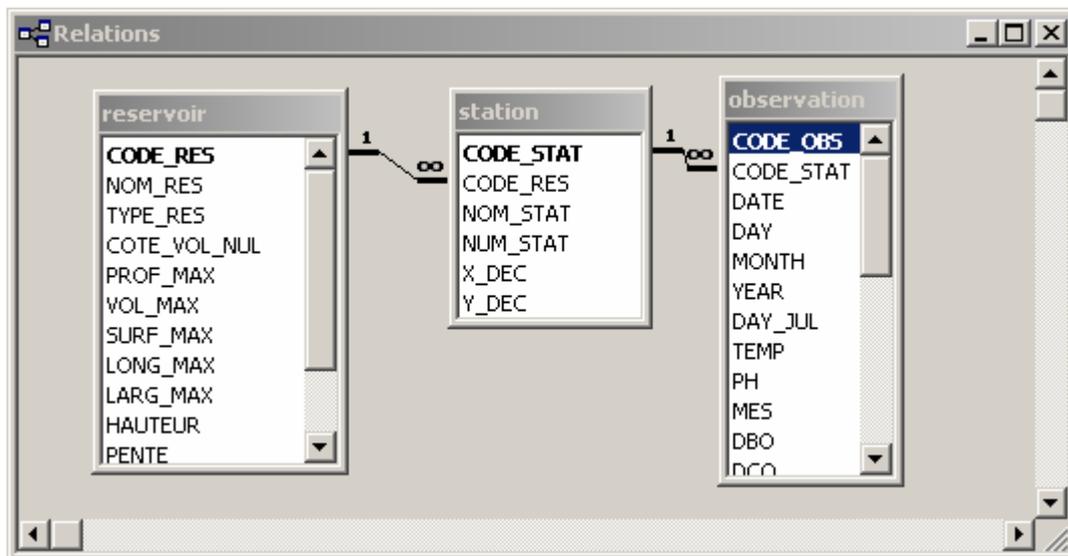


Figure 32 : Model physique des données de la base « obs_qual »

Tableau 3 : dictionnaire des données de la base « obs_qual »

Table « reservoir »					
Nom	Type	Taille	Format / unité	Abs de donnée	Description
CODE_RES	texte	3	3 premières lettres	interdit	Clé primaire
NOM_RES	texte	20	nom entier	-	

Table « station »					
Nom	Type	Taille	Format / unité	Abs de donnée	Description
CODE_STAT	texte	10	concaténer (CODE_RES;NUM_STAT)	interdit	Clé primaire
NOM_STAT	texte	20	nom entier	-	
NUM_STAT	numérique	entier	ordre croissant vers de l'amont vers l'aval	interdit	

Table « observation »					
Nom	Type	Taille	Format / unité	Abs de donnée	Description
CODE_OBS	texte	12	concaténer (DATE;CODE_STAT)	interdit	Clé primaire
DATE	numérique	double	concaténer (YEAR;MONTH;DAY)	interdit	

DAY	numérique	double	2 chiffres	interdit	
MONTH	numérique	double	2 chiffres	interdit	
YEAR	numérique	double	4 chiffres	interdit	
DAY_JUL	numérique	double	3 chiffres	interdit	
TEMP	numérique	double	°C	-999	
PH	numérique	double	-	-1	
MES	numérique	double	mg / l	-1	
DBO	numérique	double	mgO2 / l	-1	
DCO	numérique	double	mgO2 / l	-1	
COD	numérique	double	mgC / l	-1	
NH4	numérique	double	mgNH4 / l	-1	
NO2	numérique	double	mgNO2 / l	-1	
NO3	numérique	double	mgNO3 / l	-1	
SIO	numérique	double	mgSiO2 / l	-1	
OXY	numérique	double	mgO2 / l	-1	
PTO	numérique	double	mgP / l	-1	
PIT	numérique	double	mgP / l	-1	
PO4	numérique	double	mgPO4 / l	-1	
PHY	numérique	double	µgChla / l	-1	
COP	numérique	double	mgC / l	-1	
PHEO	numérique	double	µg / l	-1	
SI	numérique	double	mgSi / l	-1	
HEURE	texte	5	23H59	-	

10.2. Erreurs et messages d'erreurs

Le module Barman étant encore en cours de développement, certaines erreurs peuvent survenir. La plus la plus courante est la suivante (figure 33).

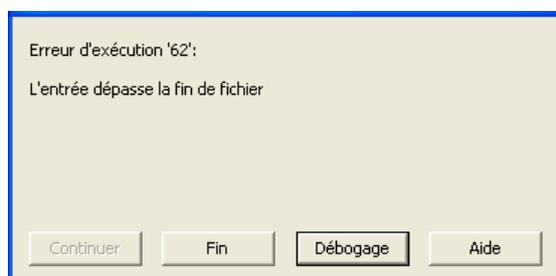


Figure 33 : message d'erreur type : « L'entrée dépasse la fin du fichier »

Ce type de message survient suite à une spécification erronée sur le fichier donné en entrée du module, et peut donc être corrigé par l'utilisateur. En effet, il est plusieurs fois demandé dans le module Barman de spécifier un nombre de lignes d'entête qui seront passées afin d'atteindre la première ligne à lire dans le fichier. Si le nombre de lignes spécifiées par l'utilisateur n'est pas exact, le message présenté (figure 33) sera spécifié.

Une autre erreur généralement recensée, concerne l'affichage des graphiques dans le module Barman (figure 34). Si l'aspect des courbes n'est pas satisfaisant, il est nécessaire de vérifier quel séparateur est indiqué dans les « options régionales » de votre système (Paramètres / Panneau de configuration / Options régionales). Dans le cas où le type de séparateur est une virgule, le module n'arrivera pas à reconnaître le séparateur de décimale et affichera des courbes complètement erronées.

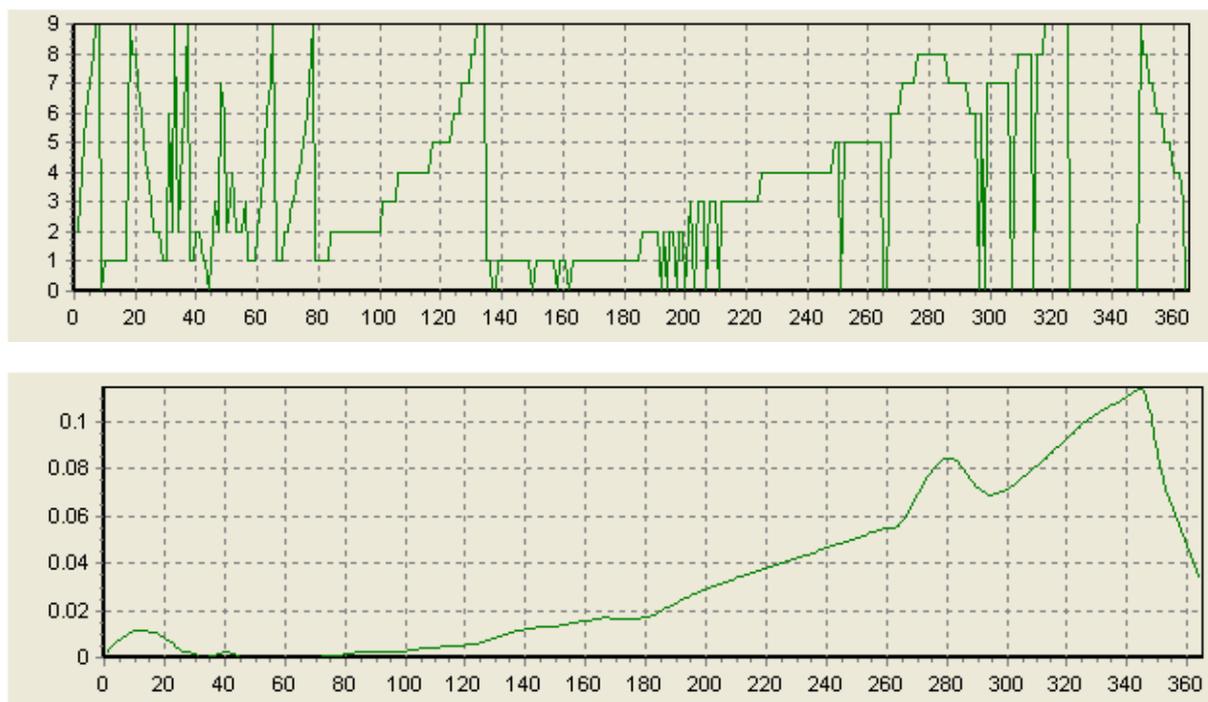


Figure 34 : différence d'affichage fonction du type de séparateur décimale spécifié dans les « options régionales » du système.

Il est donc nécessaire d'avoir défini dans les options régionales du système le « point » comme séparateur de décimale.

10.3. Désinstallation du module Barman

Pour désinstaller complètement le module Barman, l'utilisateur peut soit passer par le panneau de configuration de son système, soit utiliser le fichier exécutable prévu à cet effet, disponible depuis la barre de lancement classique de Windows, ou depuis « Program Files\Barman\ ».