

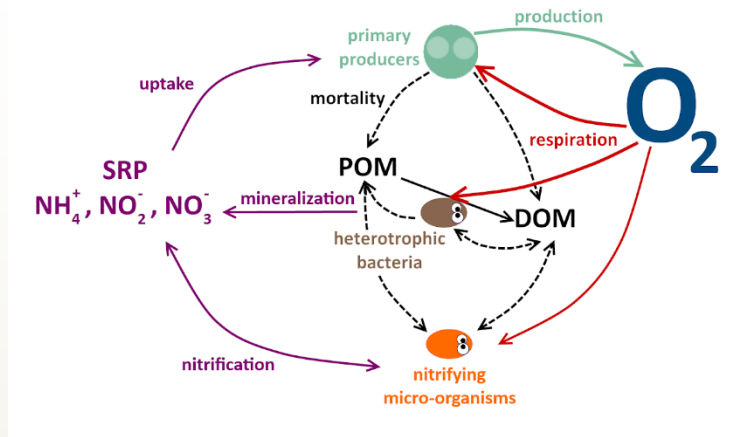
Cœur biogéochimique des modèles du PIREN-Seine : RIVE unifié

Conceptualisation dans la colonne d'eau

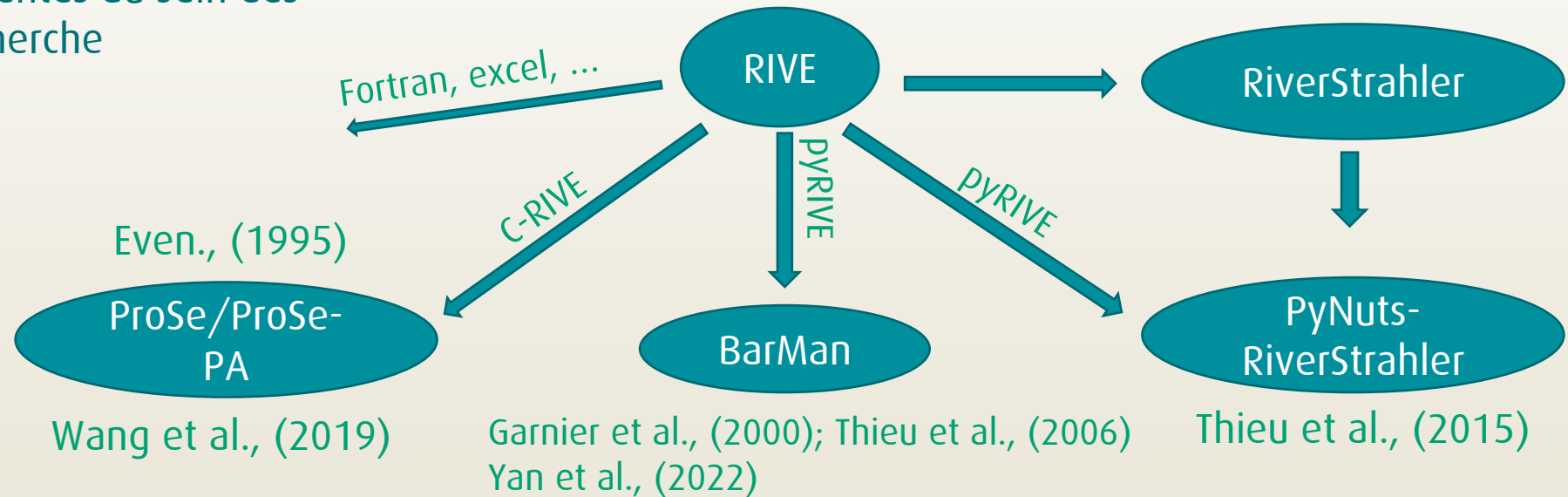
Shuaitao Wang, Vincent Thieu, Gilles Billen, Marie Sylvestre, Lou Weidenfeld et Nicolas Flipo

Contexte : modèle aquatique RIVE

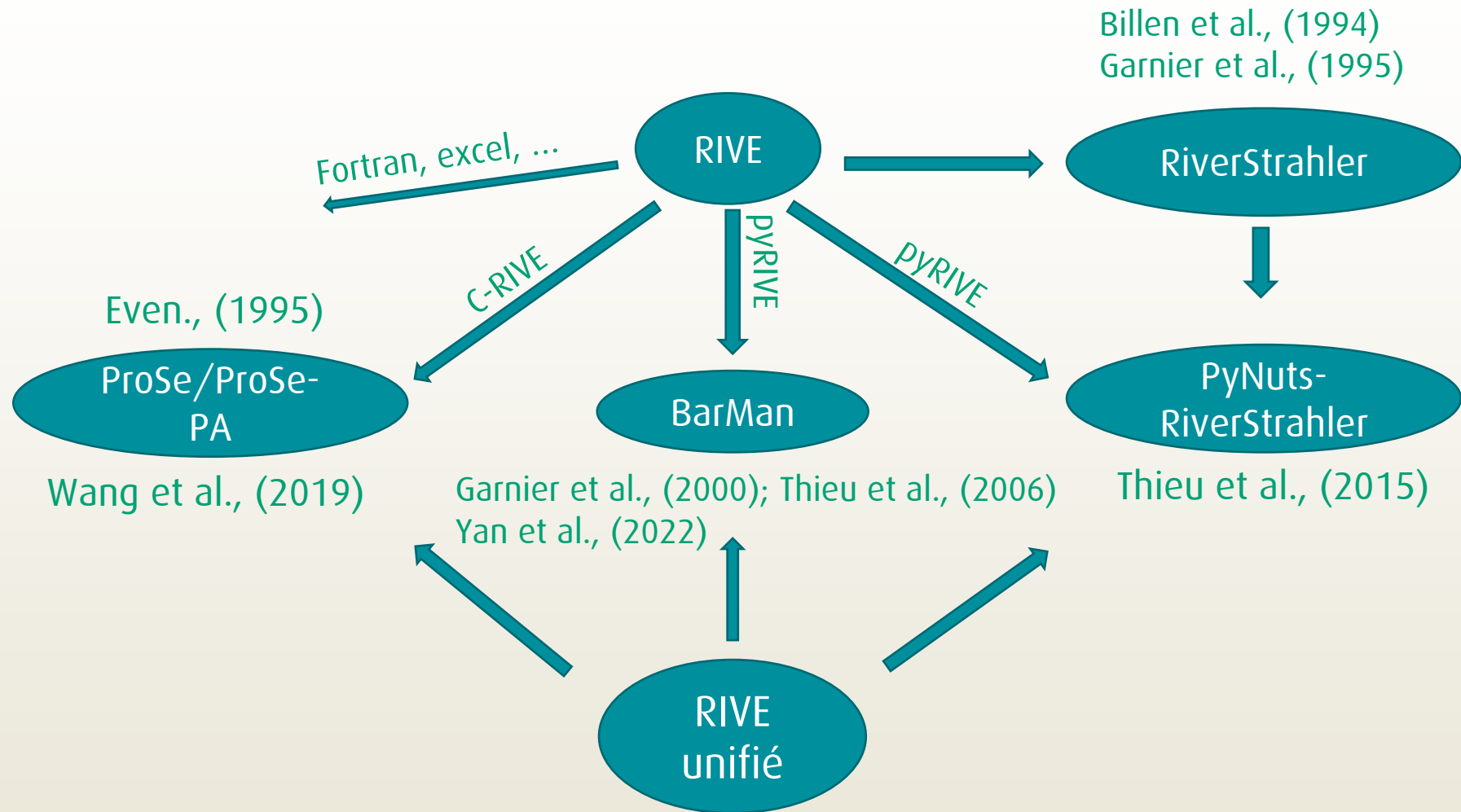
- Modèle RIVE centré sur les communautés de micro-organismes (Billen et al., 1994)
- Implémentation en plusieurs langages (Python, ANSI C, Fortran, ...)
- Cœur biogéochimique
- Évolution différentes au sein des équipes de recherche



Billen et al., (1994)
Garnier et al., (1995)



Contexte : projet RIVE unifié

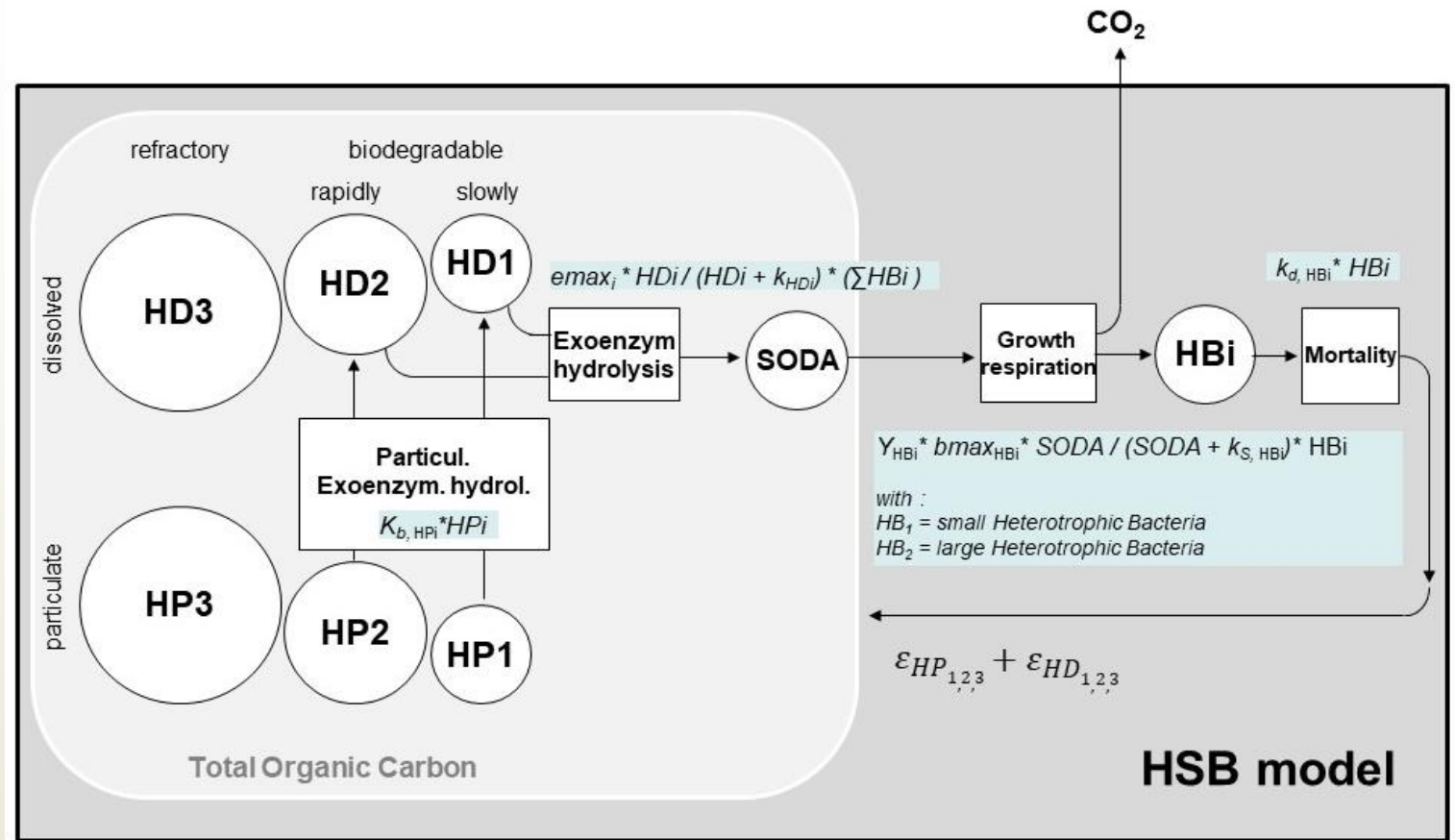


Objectif : exploiter les deux codes pyRIVE, C-RIVE, comparer les processus et proposer une version unifiée de RIVE

Dégradation de la matière organique: HSB (pyRIVE) vs HB (C-RIVE)

- Modèle HSB (pyRIVE)
- 7 pools matières organiques
- Substrat SODA
- Croissance (Equation de Monod)

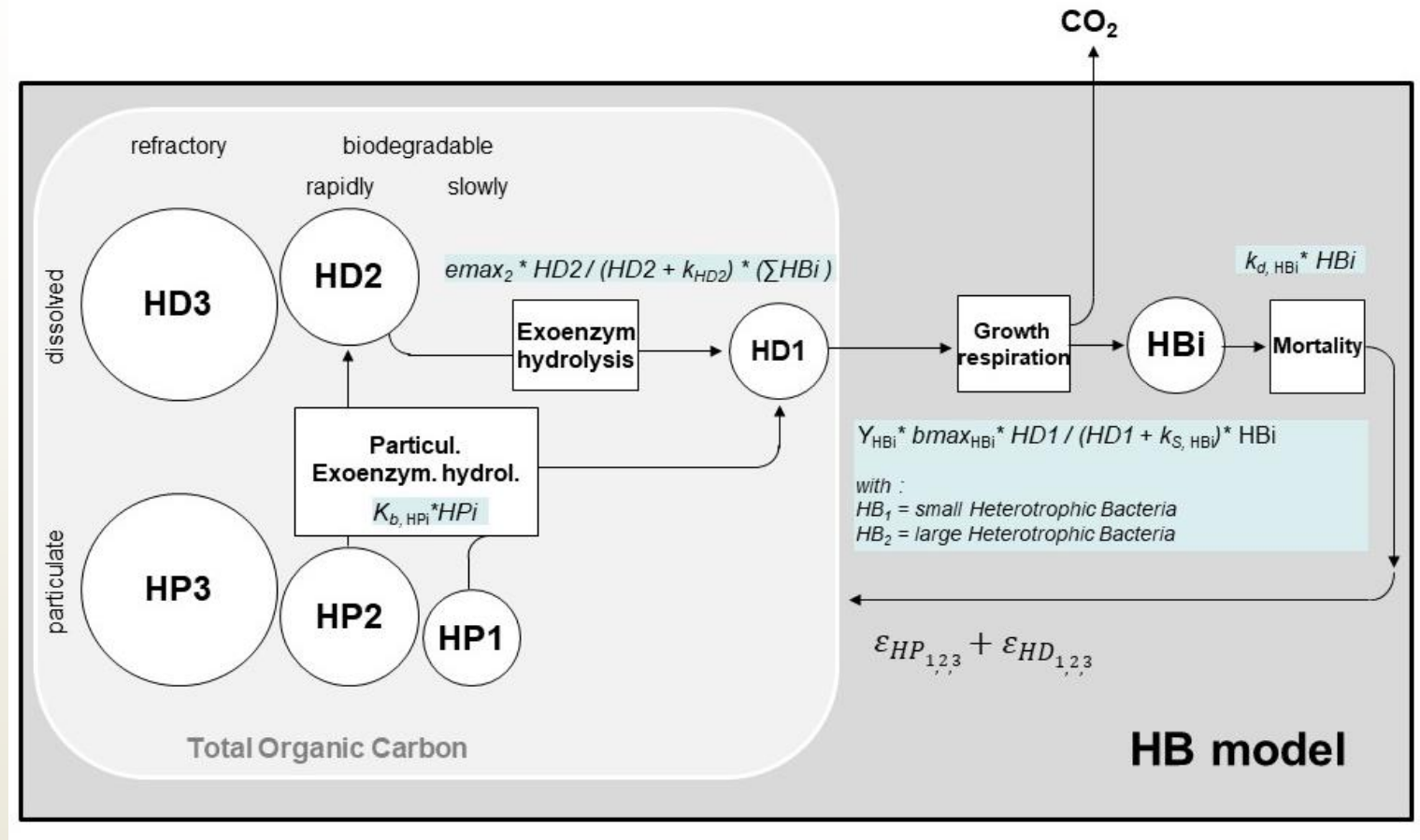
$$\mu = \mu_{max} \frac{SODA}{SODA + K_S}$$



Dégradation de la matière organique: HSB (pyRIVE) vs HB (C-RIVE)

- ➔ Modèle HB (C-RIVE)
- ➔ 6 pools matières organiques
- ➔ Pas de concept SODA
- ➔ Croissance (Equation de Monod)

$$\mu = \mu_{max} \frac{HD1}{HD1 + K_s}$$



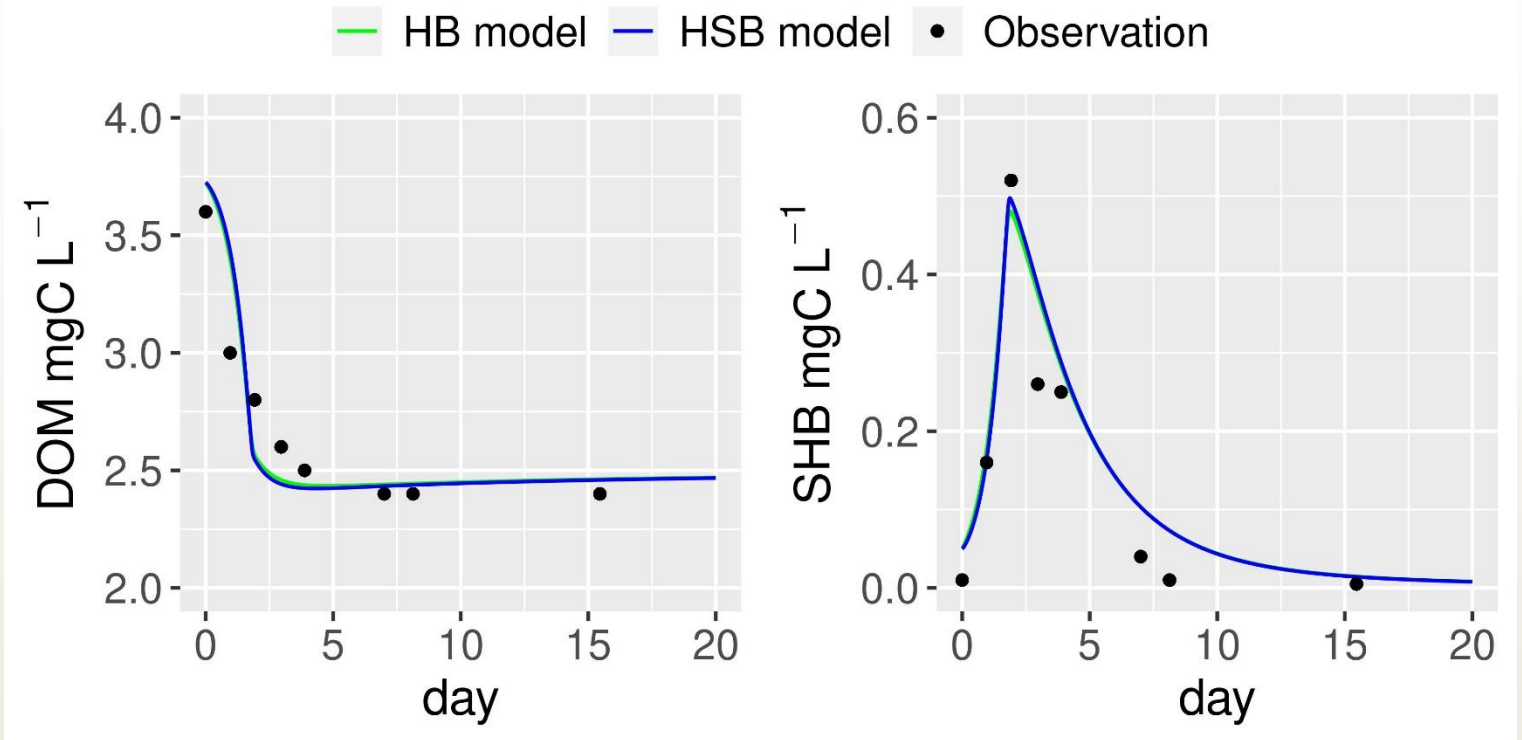
Quel modèle utiliser dans RIVE unifié ?

Dégradation de la matière organique: Batch experiment

► Calibration des deux modèles

K_s (HSB) = 0,025
mgC/L

K_s (HB) = 0,05 mgC/L



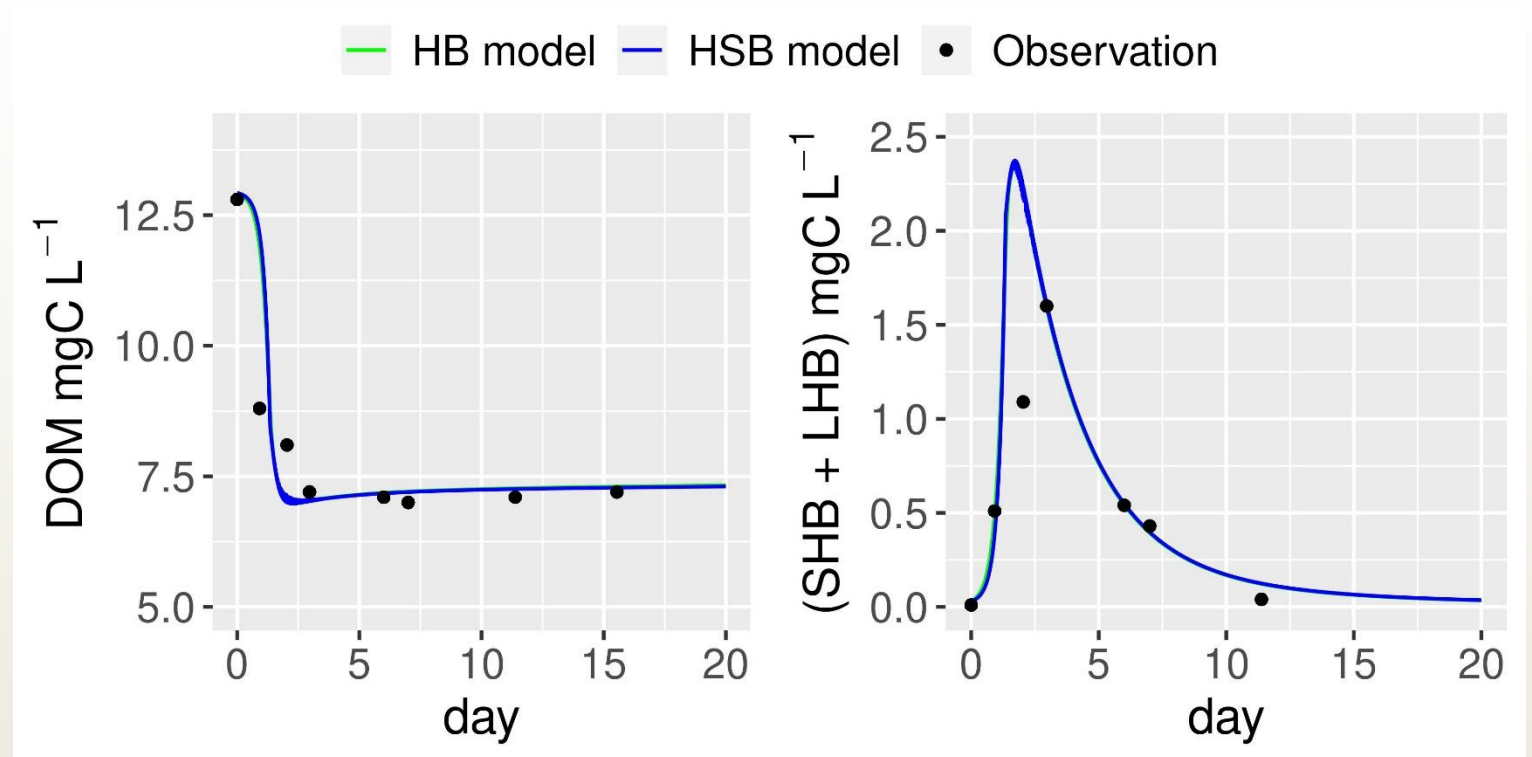
Données de Sevais et al., (1987) : l'eau prélevée dans la Meuse (Belgique). Wang et al., (en préparation)

Dégradation de la matière organique: Batch experiment

► Calibration des deux modèles

K_s (HSB) = 0,025
mgC/L

K_s (HB) = 0,4 mgC/L,
dépend de la
concentration en DOM
(matière organique
dissoute)

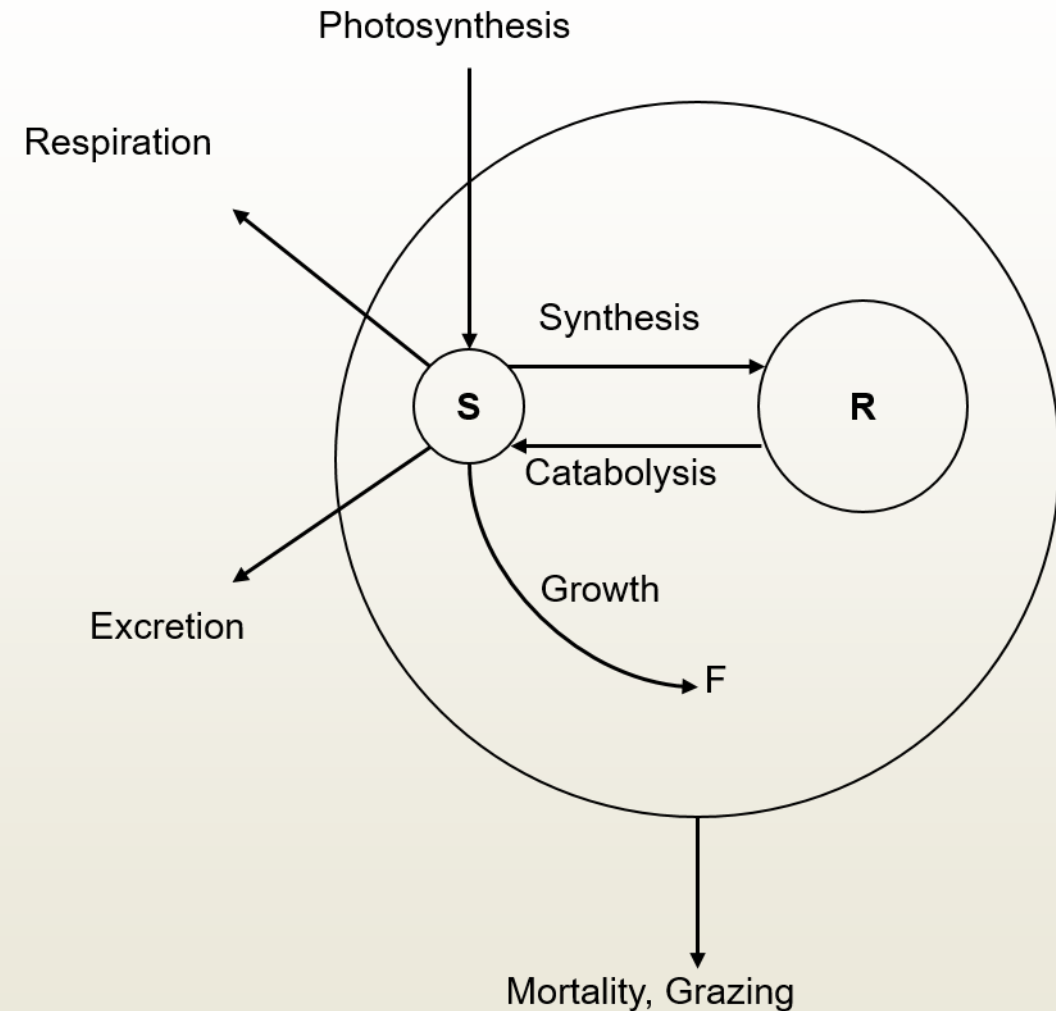


Données de Sevais et al., (1987) : l'eau prélevée dans le système de collection des eaux usées (Belgique). Wang et al., (en préparation)

Modèle HSB choisi dans RIVE unifié

Dynamique des producteurs primaires

- Un phytoplankton = $S + R + F$
 - S : Petit métabolites
 - R : Produit de réserve
 - F : Macromolécule fonctionnelle
- Croissance, respiration, photosynthèse, mortalité etc.

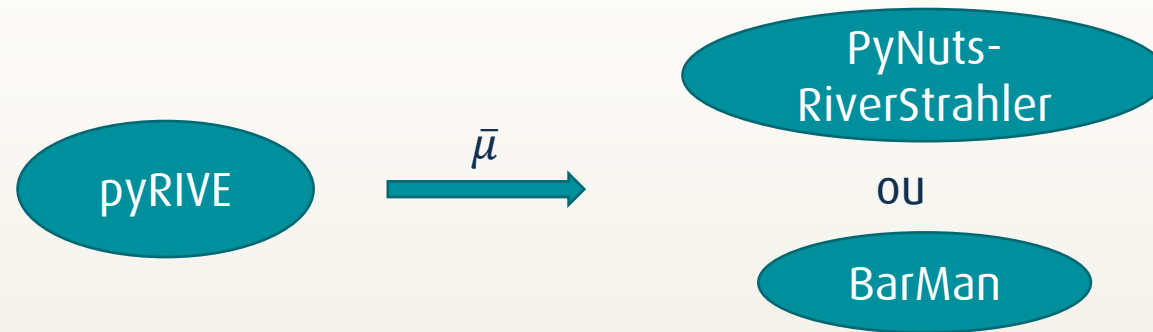


Composition du phytoplancton et processus relatifs

Dynamique des producteurs primaires

- ➔ Différence principale entre pyRIVE et C-RIVE

Taux de croissance moyen journalier calculé dans pyRIVE



Taux de croissance calculé à l'instant t dans C-RIVE

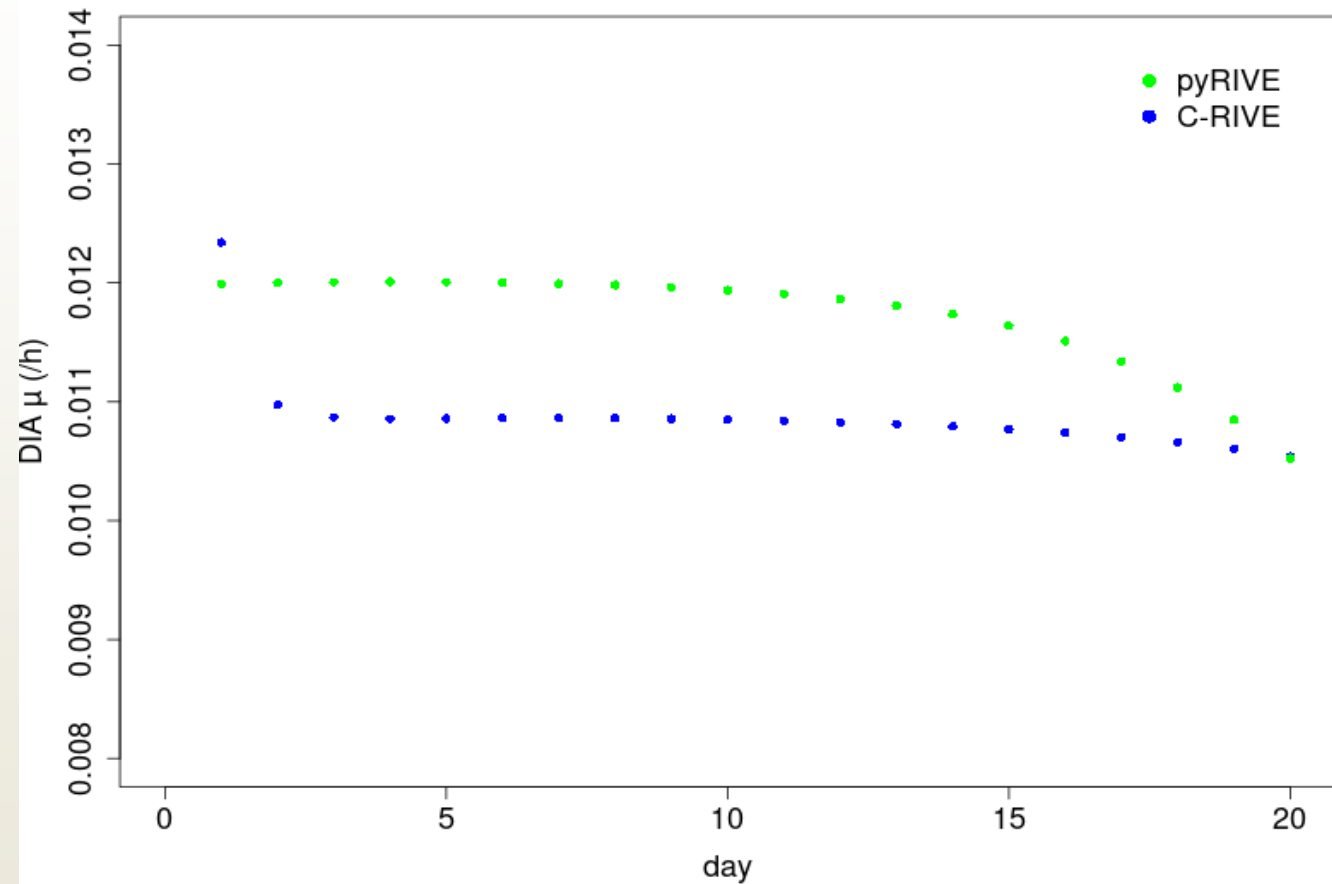


Quel taux de croissance utiliser dans RIVE unifié ?

Dynamique des producteurs primaires : $\bar{\mu}$ simulé par pyRIVE et C-RIVE

► Une surestimation légère de $\bar{\mu}$ par pyRIVE

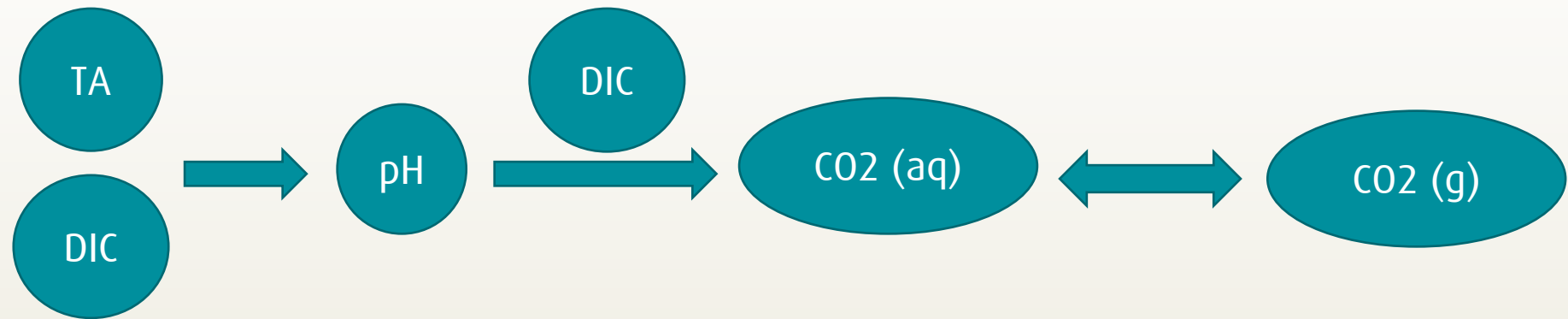
Calcul de μ_t à l'instant t choisi dans RIVE unifié



Wang et al., (2021) rapport PIREN-Seine

Module carbone inorganique dissous (DIC)

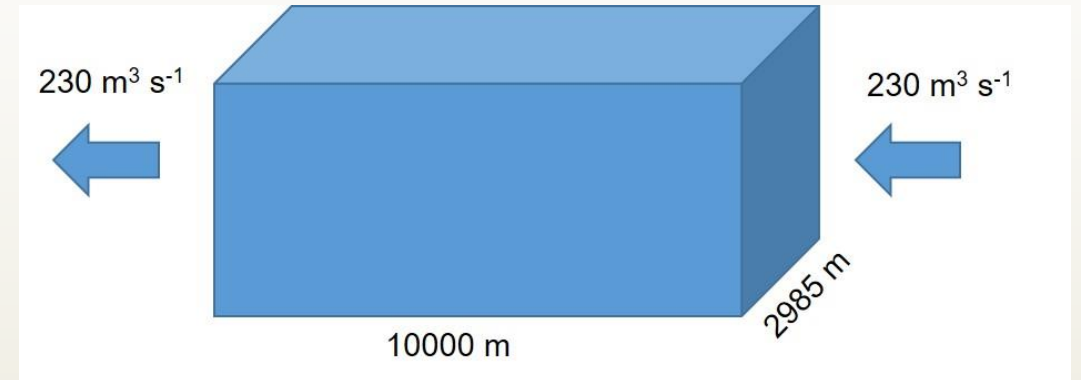
- ➔ Dans pyRIVE, TA, pH, CO₂, DIC sont simulé par un module carbone inorganique dissous (Marescaux et al., 2020; Yan et al., 2022)



- ➔ Implémentation de ce module dans C-RIVE

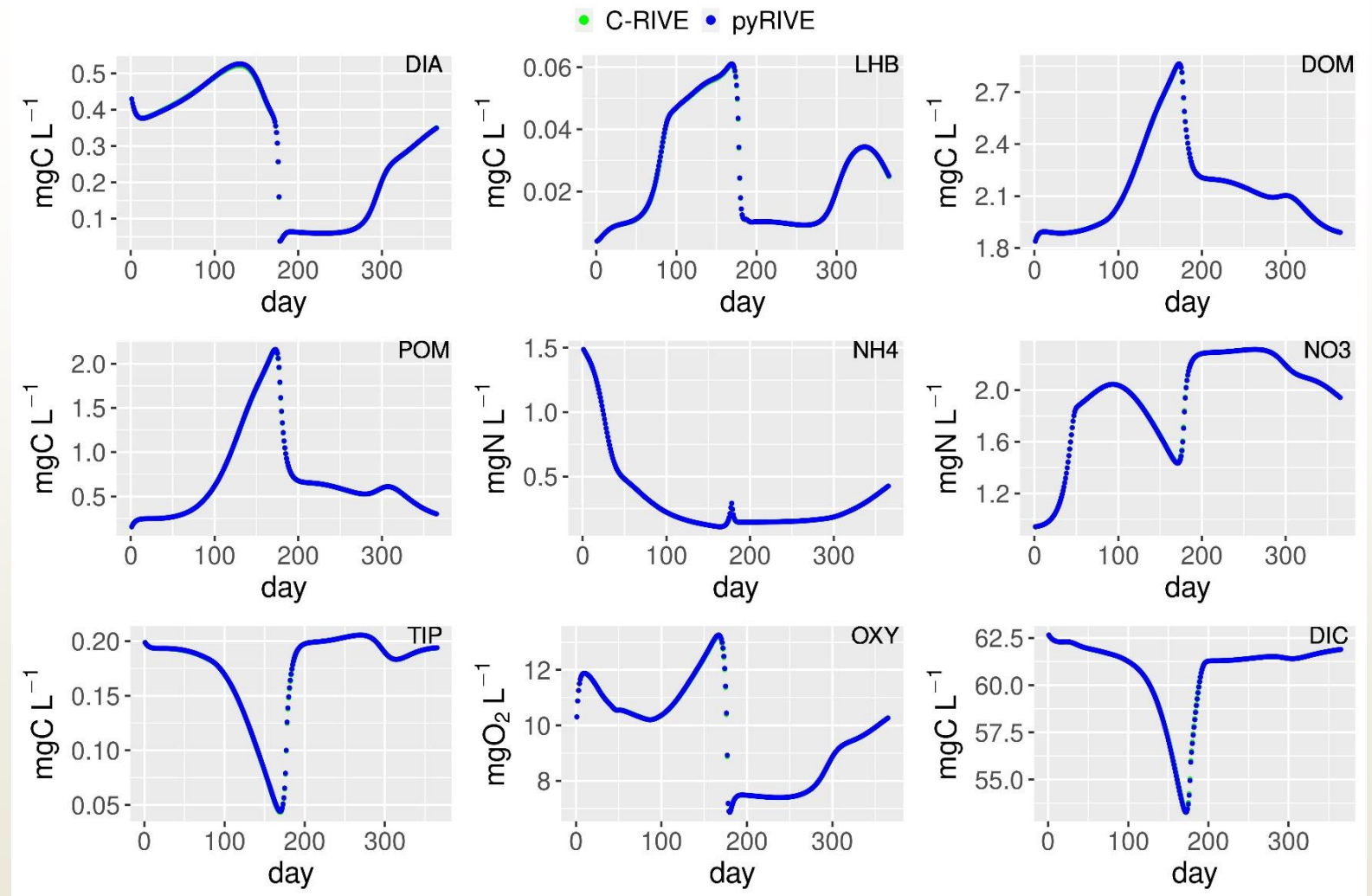
Cas bassin : comparaison de RIVE unifié codé en Python et ANSI C

- Débit constant à $230 \text{ m}^3 \text{ s}^{-1}$
- Temps de séjour de 7 jours
- Conditions aux limites constantes
- Données météorologiques (température, irradiance) simulées par les deux codes



Cas bassin : concentrations simulées

➔ Concentrations simulées par le code Python et le code ANSI C sont très similaires



Wang et al., (en préparation)

Conclusions : RIVE unifié disponible pour la colonne d'eau

- Exploitation des modules : dégradation matière organique, dynamique producteur primaire et carbone inorganique dissous
- RIVE unifié implémenté en deux langages : Python et ANSI C
- Concentrations simulées très similaires par code Python et code ANSI C
- Dépôt Gitlab disponible (<https://gitlab.in2p3.fr/rive>)
- Site web (<https://www.federation-fire.cnrs.fr/rive/>)

Module
sédimentaire ?

Merci de votre attention !