

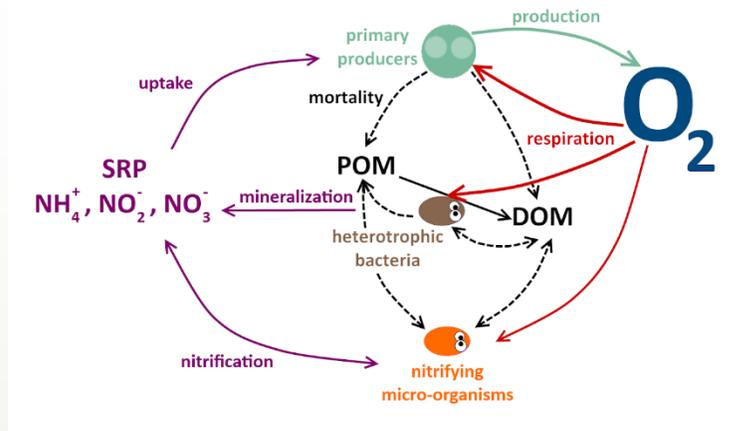
## Cœur biogéochimique des modèles du PIREN-Seine : RIVE unifié

Conceptualisation dans la colonne d'eau

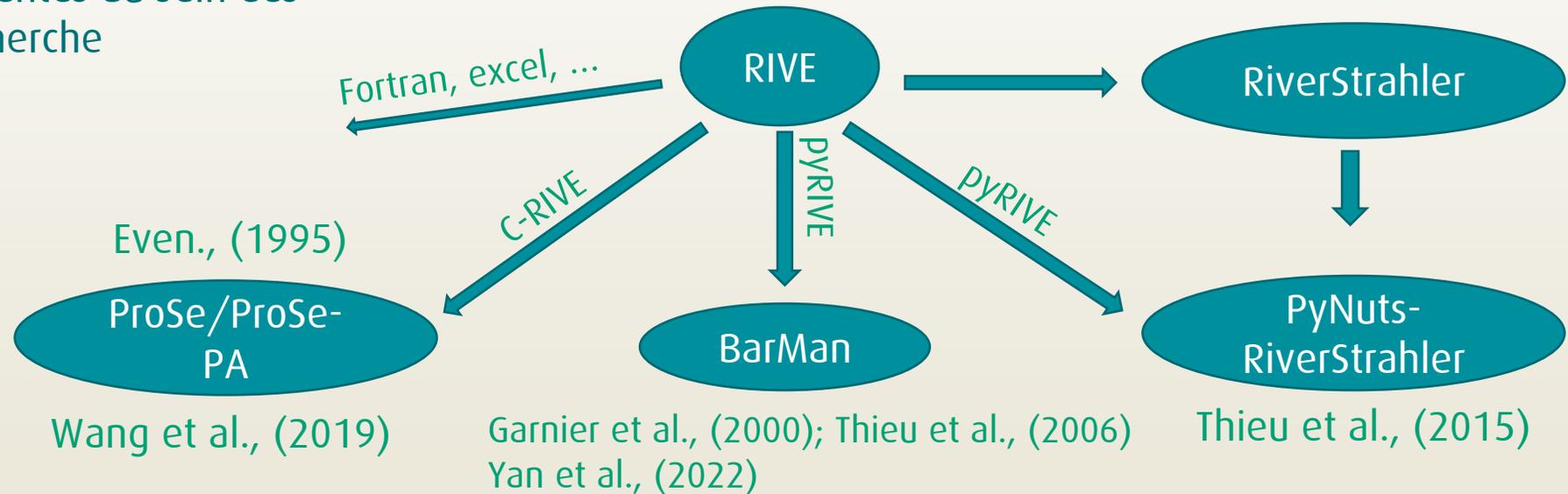
*Shuaitao Wang, Vincent Thieu, Gilles Billen, Marie Sylvestre, Lou Weidenfeld et Nicolas Flipo*

# Contexte : modèle aquatique RIVE

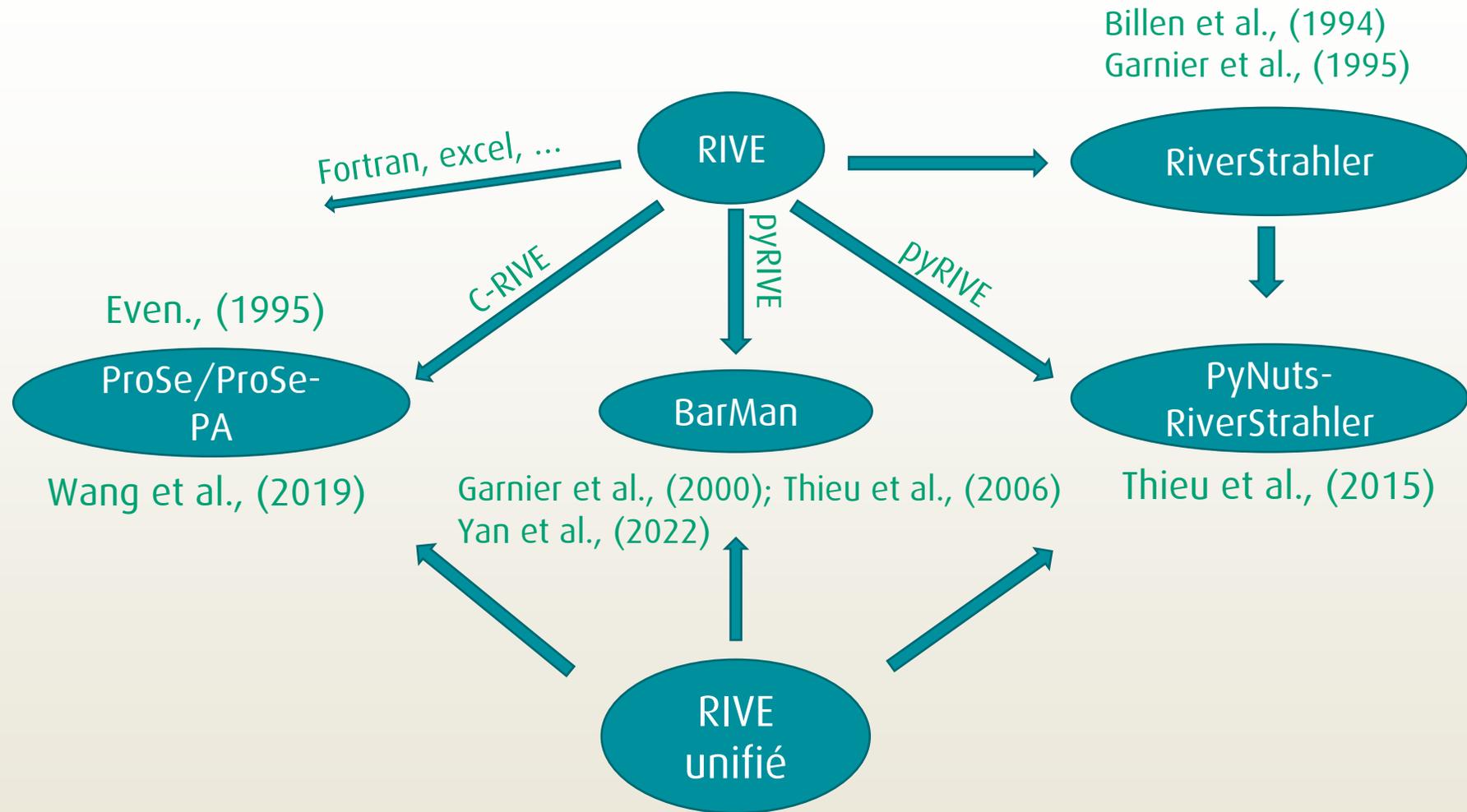
- Modèle RIVE centré sur les communautés de micro-organismes (Billen et al., 1994)
- Implémentation en plusieurs langages (Python, ANSI C, Fortran, ...)
- Cœur biogéochimique
- Évolution différentes au sein des équipes de recherche



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



# Contexte : projet RIVE unifié

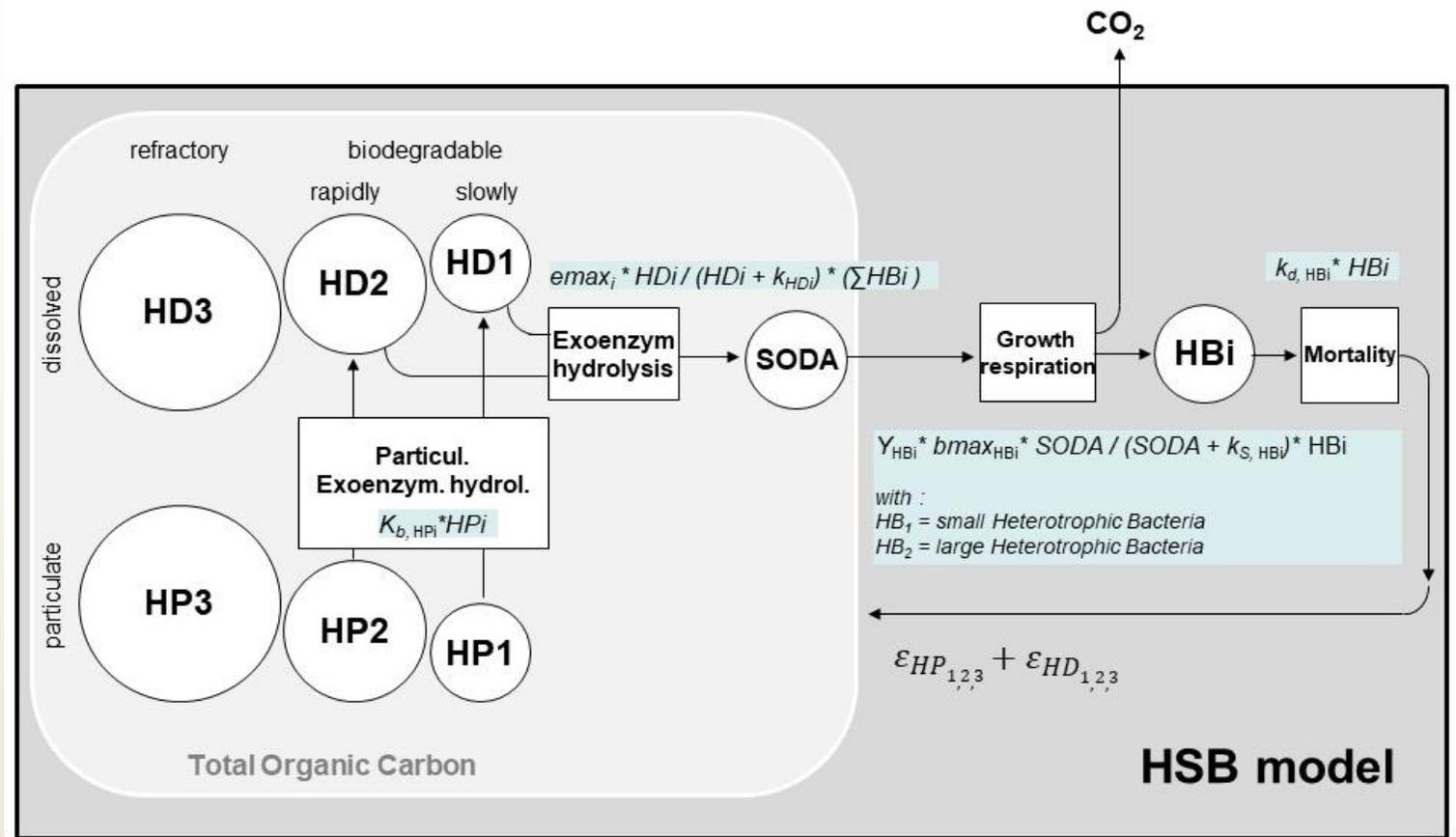


Objectif : exploiter les deux codes pyRIVE, C-RIVE, comparer les processus et proposer une version unifiée de RIVE

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

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

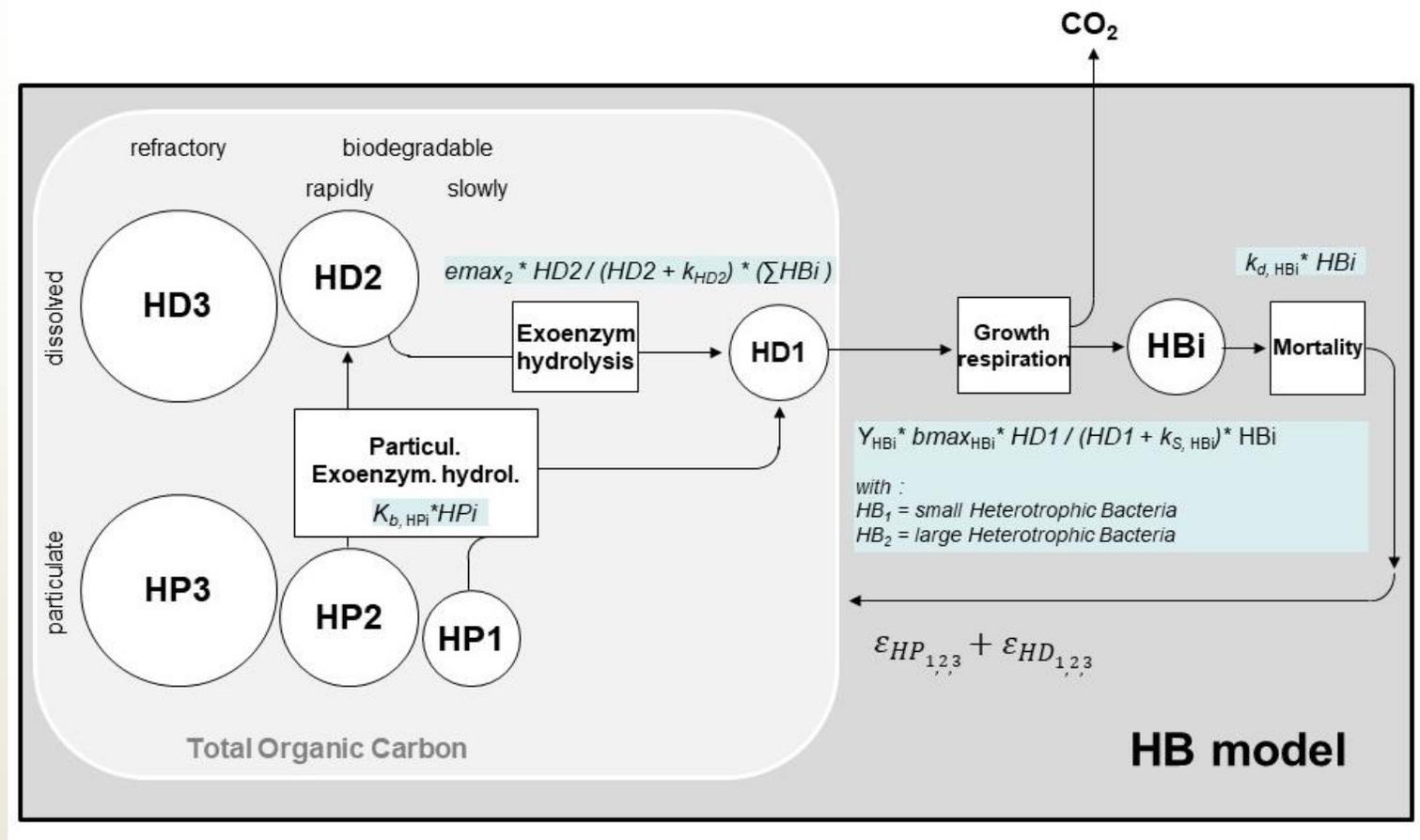
$$\mu = \mu_{max} \frac{SODA}{SODA + K_S}$$



# 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)

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



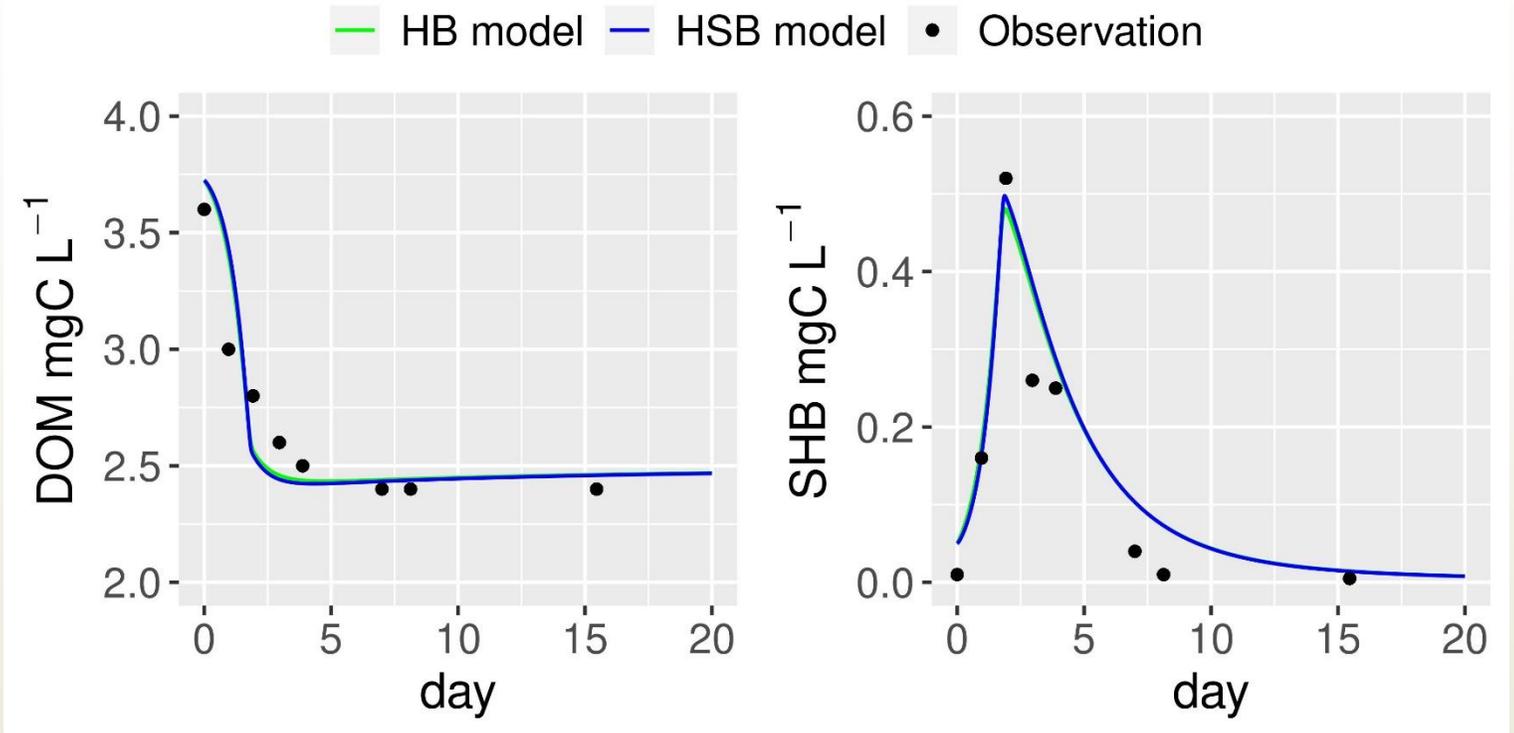
Quel modèle utiliser dans RIVE unifié ?

# 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



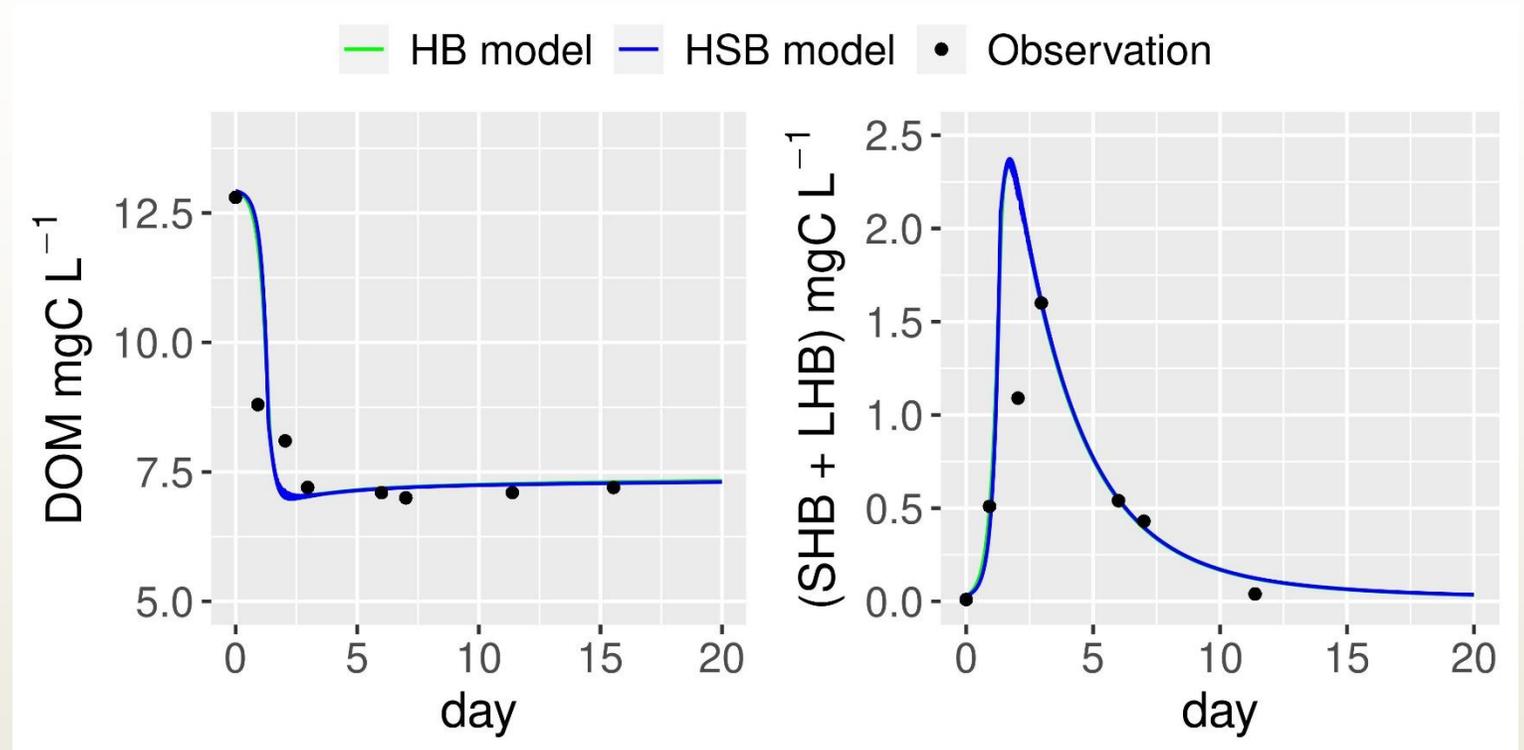
Données de Sevais et al., (1987) : l'eau prélevée dans la Meuse (Belgique). Wang et al., (en préparation)

# 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)

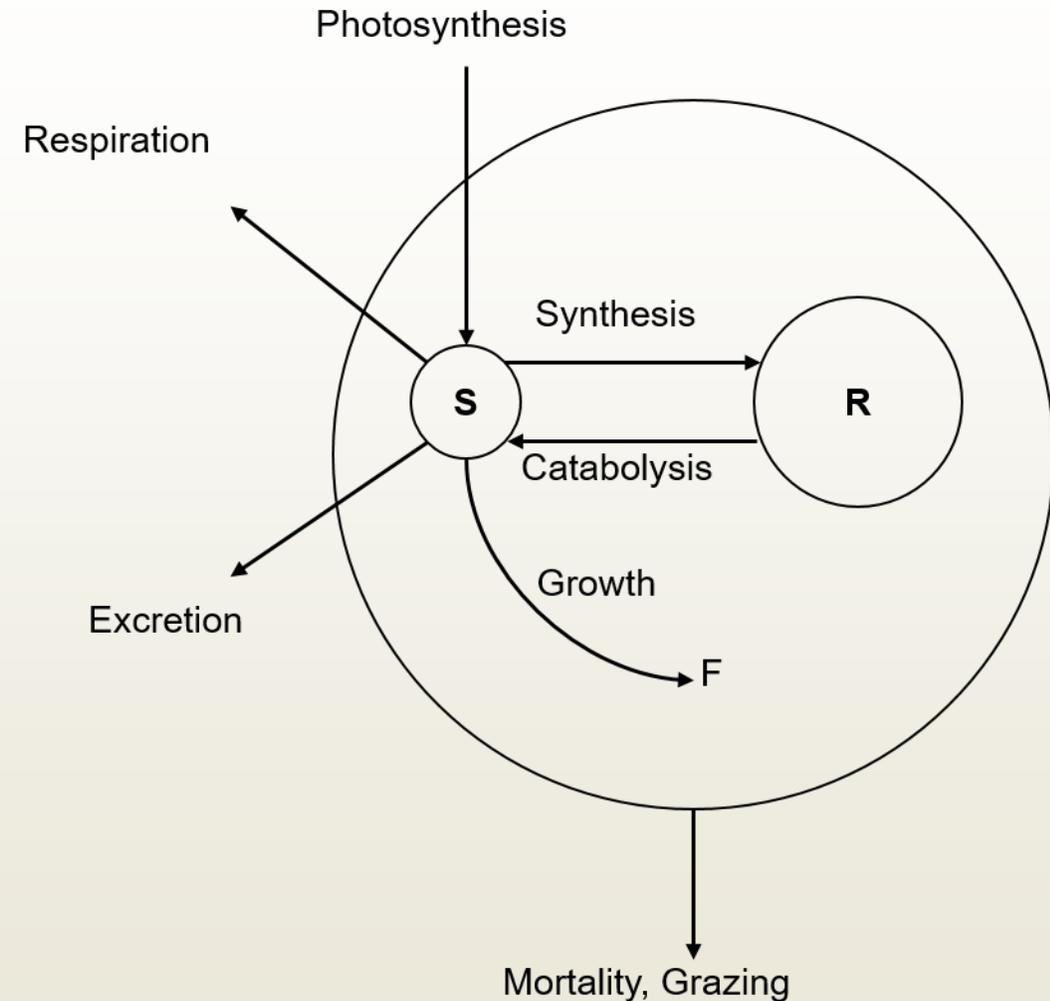


Données de Sevais et al., (1987) : l'eau prélevée dans le système de collection des eaux usées (Belgique). Wang et al., (en préparation)

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.

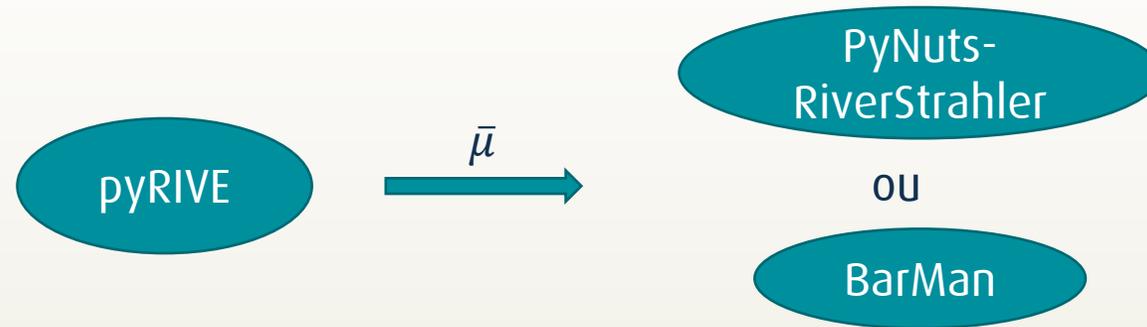


Composition du phytoplancton et processus relatifs

# 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

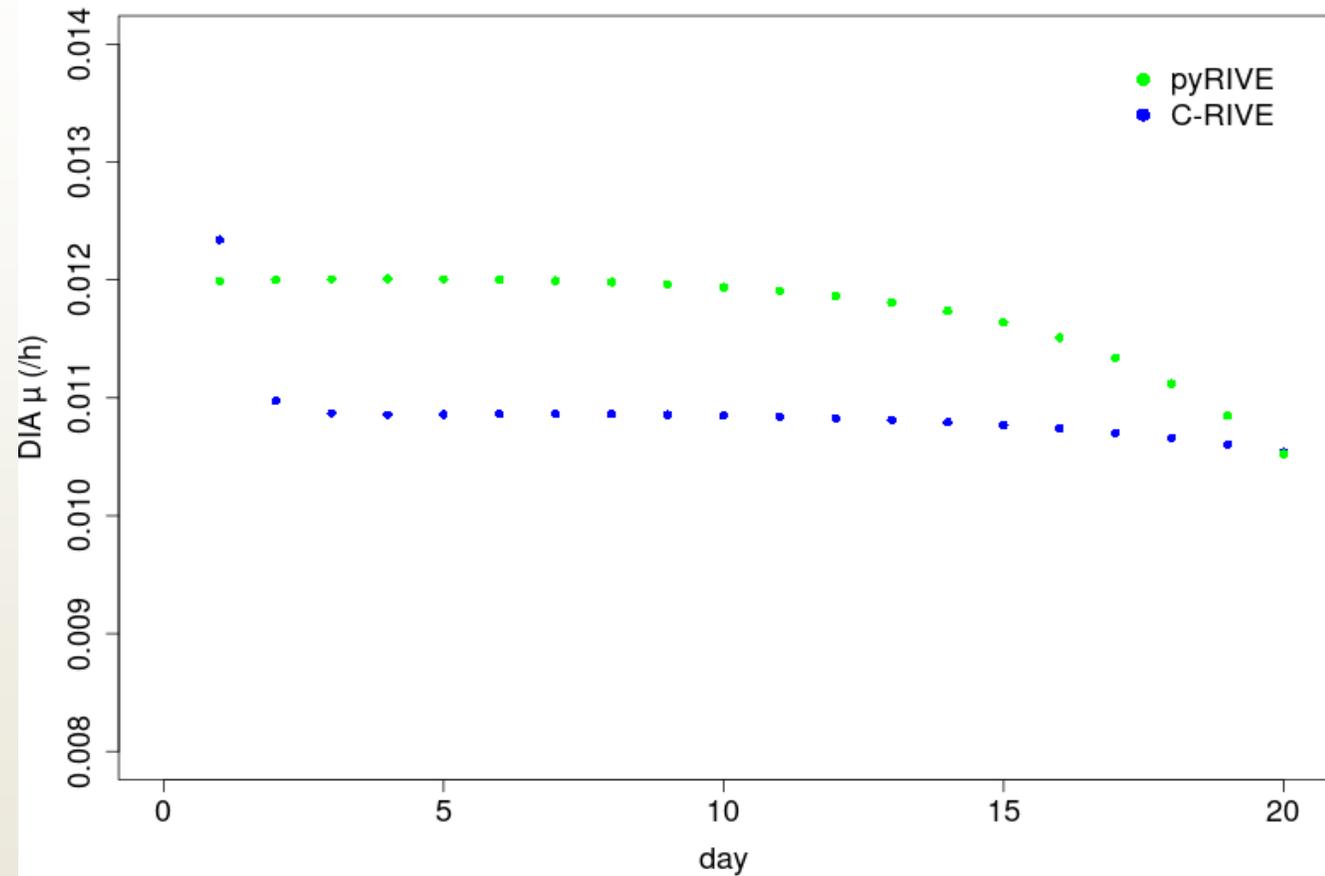


Quel taux de croissance utiliser dans RIVE unifié ?

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

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

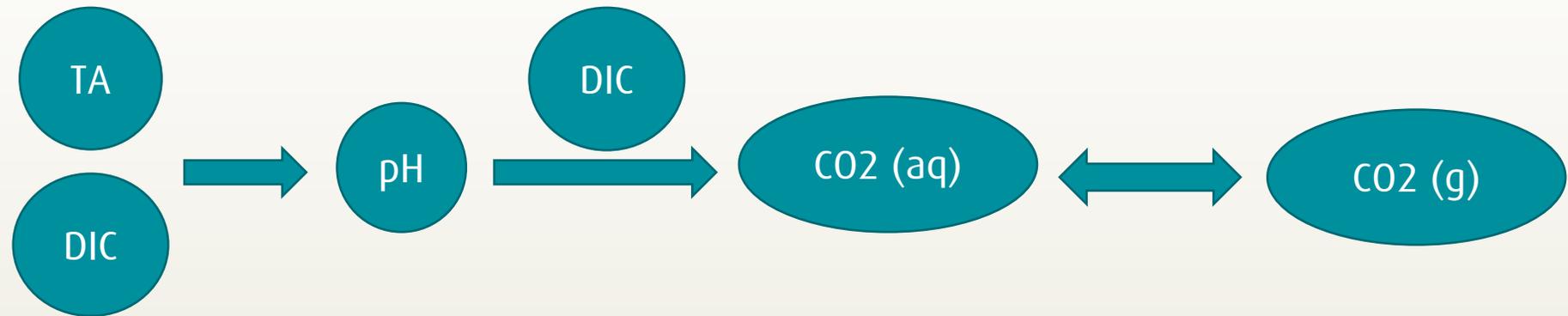
Calcul de  $\mu_t$  à l'instant  $t$  choisi dans RIVE unifié



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

# Module carbone inorganique dissous (DIC)

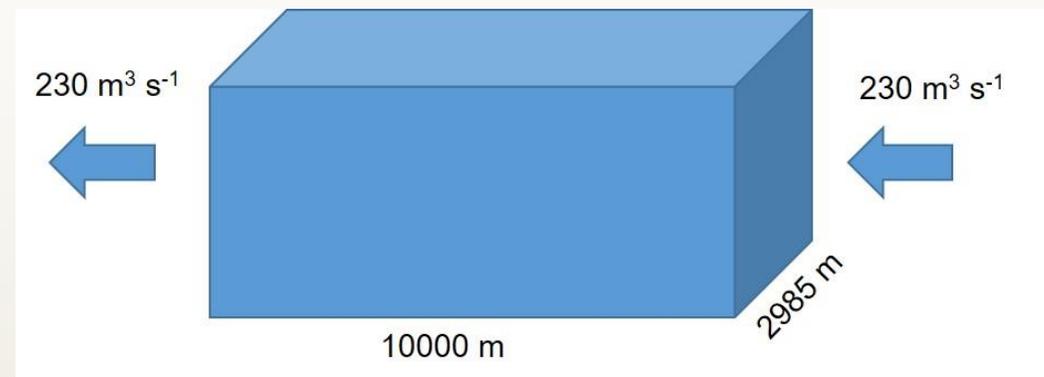
- ➔ Dans pyRIVE, TA, pH, CO<sub>2</sub>, DIC sont simulé par un module carbone inorganique dissous (Marescaux et al., 2020; Yan et al., 2022)



- ➔ Implémentation de ce module dans C-RIVE

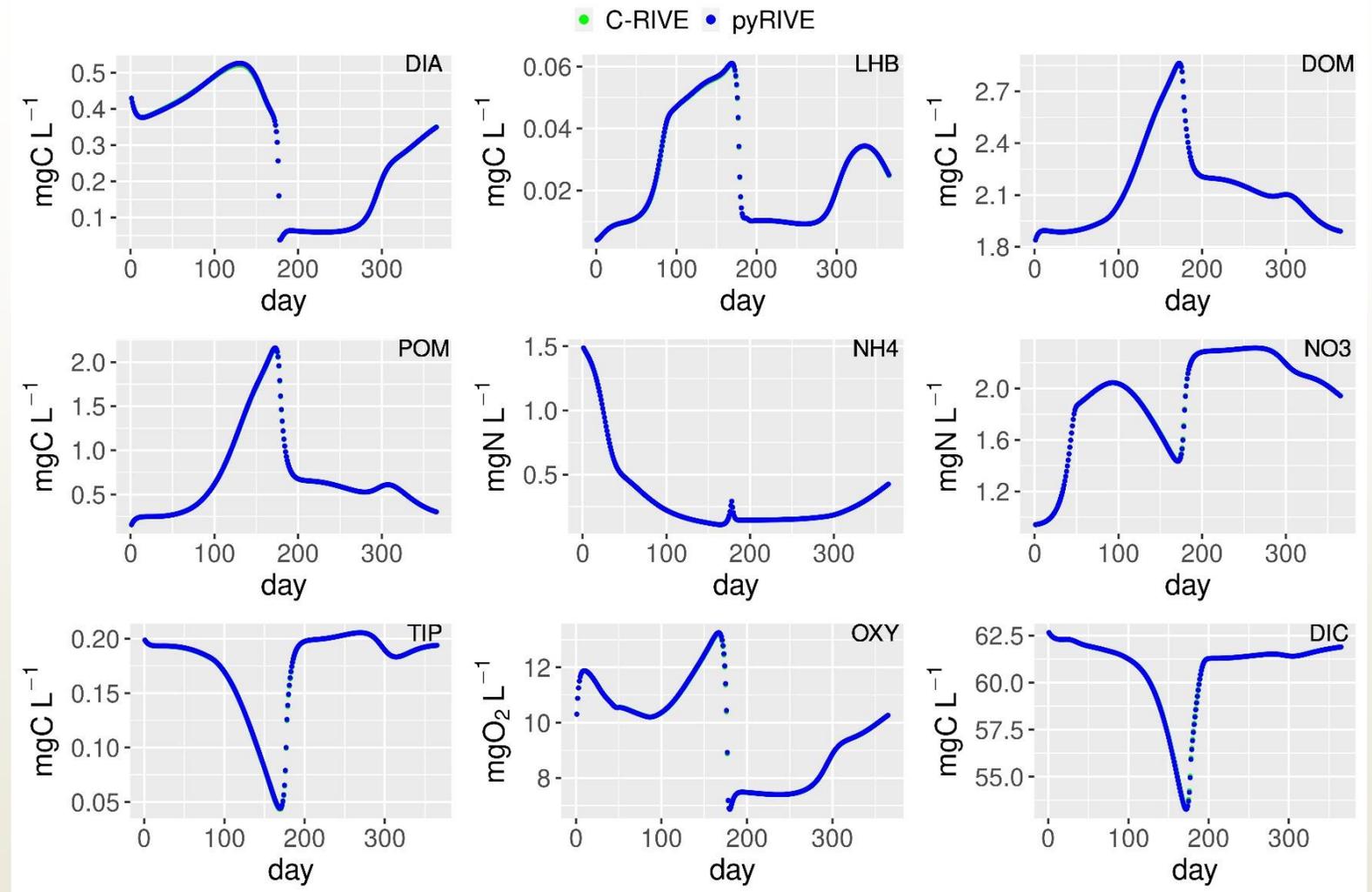
# Cas bassin : comparaison de RIVE unifié codé en Python et ANSI C

- 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 !