Modèle biogéochimique RIVE unifié pour simuler la qualité des eaux de surface continentale

Shuaitao Wang[1*], Vincent Thieu[1], Marie Silvestre[2], Gilles Billen[1], Xingcheng Yan[1], Josette Garnier[1], Audrey Marescaux[1], Lou Weidenfeld[1], Nicolas Flipo[3]

[1] Sorbonne Université, CNRS, EPHE, UMR Metis, 75005 Paris, France
[2] Sorbonne Université, CNRS, FR3020 FIRE, 75005 Paris, France
[3] Mines Paris-PSL, Centre de Géosciences, 77300 Fontainebleau, France

[*] shuaitao.wang@sorbonne-université.fr

Résumé

Depuis ses premières publications en 1994, le modèle de biogéochimie aquatique RIVE a été implémenté dans plusieurs modèles du programme PIREN-Seine, notamment dans pyNuts-RiverStrahler, ProSe/ProSe-PA et Barman. Il est aujourd'hui codé en plusieurs langages : Python, ANSI C, Fortran, etc. Après plus de 30 ans de recherche au sein du PIREN-Seine, l'évolution parallèle de ces codes, les adaptations numériques inhérentes aux langages de programmation et l'ajout de nouvelles fonctionnalités posent la question de leur comparabilité et de leur compatibilité.

Lancé dès le début de la phase 8 du programme PIREN-Seine, le projet RIVE-unifié vise à harmoniser les processus biogéochimiques dans ces codes et à renforcer la collaboration des équipes de recherche impliquées dans le développement du modèle. Pour cela, la dégradation de la matière organique par les bactéries hétérotrophes a d'abord été révisée et est représentée par le modèle « HSB ». Ensuite, la dynamique des producteurs primaires dans les différents codes a été comparée. Le modèle RIVE unifié prend maintenant explicitement en compte l'effet nycthéméral pour les différents groupes du phytoplancton. Le module du carbone inorganique existant dans le code pyRIVE (Python) a été récemment implémenté dans le code C-RIVE (ANSI C).

Toutes ces dynamiques permettent de représenter les cycles du carbone, des nutriments et de l'oxygène dans le milieu aquatique. La comparaison des simulations produites par les deux codes (RIVE unifié en Python et RIVE unifié en ANSI C) montre que les résultats sont très similaires pour l'ensemble des variables biogéochimiques de la colonne d'eau. Pour le module de sédiment benthique, l'effet de la lumière sur les bactéries, les périphytons/macrophytes et le devenir des micropolluants devraient faire l'objet de futurs développements dans RIVE unifié.

Points clefs

- ✓ *RIVE unifié est prêt pour simuler la qualité des eaux de surface*
- ✓ *RIVE unifié est implémenté en Python (pyRIVE) et ANSI C (C-RIVE) et leur comparabilité est confirmée par les simulations d'un cas-type « bassine »*
- ✓ *L'harmonisation des modules benthiques fera l'objet de futurs développements pour RIVE unifié*

Abstract

Since its first publications in 1994, the aquatic biogeochemical model RIVE coexists in several models of the PIREN-Seine program, notably in pyNuts-RiverStrahler, ProSe/ProSe-PA and Barman. Its implementation is in several languages: Python, ANSI C, Fortran, etc. Nowadays, after more than 30 years of research within the PIREN-Seine program, the parallel evolution of these codes, the numerical adaptations inherent to the programming languages and the addition of new functionalities raise the question of their comparability/compatibility.

The unified RIVE project aiming at harmonizing the biogeochemical processes in these codes and at reinforcing the collaboration of the research teams involved in the development of the model was started at the beginning of Phase 8 of the PIREN-Seine program. For this purpose, the degradation of organic matter by heterotrophic bacteria was first revised and is represented by the "HSB" model. Then, the dynamics of primary producers and primary consumers in the different codes were compared. The unified RIVE model now takes into account the nycthemeral effect explicitly for phytoplankton. The existing inorganic carbon module in the pyRIVE (Python) code has recently been implemented in the C-RIVE code (ANSI C).

All these dynamics allow to represent the cycles of carbon, nutrients and oxygen in the water columns. From the results, both codes (unified RIVE in Python and unified RIVE in ANSI C) simulate very similar concentrations of biogeochemical variables. However, the sediment module, the effect of light on bacteria and the periphyton/macrophytes should be completed in the future development of unified RIVE.

Key points

- ✓ The unified RIVE is ready to simulate continental water quality of water columns
- ✓ The unified RIVE is implemented in Python (pyRIVE) and ANSI C (C-RIVE) and their similarity is confirmed by simulations of a basin case
- ✓ The sediment module remains to be harmonized in the future development of the unified RIVE

Introduction

Dès son premier développement en 1994, le modèle de biogéochimie aquatique RIVE (Billen et al., 1994 ; Garnier et Billen, 1994) devient le cœur biogéochimique de plusieurs modèles du programme PIREN-Seine. Ces modèles comprennent pyNuts-RiverStrahler (Billen et al., 1994, Thieu et al. 2022) pour décrire le fonctionnement biogéochimique des réseaux hydrographiques, Barman pour des milieux stagnants type barrage-réservoir (Garnier et al., 2000, Thieu et al., 2006, Yan et al., 2022), ou encore ProSe/ProSe-PA (Even et al., 1998 ; Flipo et al, 2004 ; Wang et al., 2019 ; Wang et al., 2022; Wang et al., 2022) pour le fonctionnement hydro-biodynamique du système Seine.

Depuis plus de 30 ans de recherche au sein du PIREN-Seine, le modèle RIVE est implémenté en différents langages de programmation (Python, ANSI C, Fortran, Qbasic et VB etc.) et évolue en fonction des besoins de différentes équipes de recherche. L'évolution parallèle de ces codes pose la question de leur comparabilité et de leur compatibilité.

Au début de la phase 8 du PIREN-Seine, le projet d'unification des codes de RIVE a été mis en place afin de créer une version « unifiée » de RIVE rassemblant l'ensemble des développements récents et visant à renforcer la collaboration des équipes de recherche impliquées dans le développement du modèle.

La première étape du projet a été de comparer les cinétiques de dégradation de la matière organique implémentées dans les codes de RIVE en Python et ANSI C (Wang et al., 2020). Cette étape a permis de choisir le modèle de dégradation de la matière organique le plus réaliste et pertinent, dit « HSB » (Billen et Servais, 1989 ; Wang et al., 2020). La seconde étape du projet a été d'étudier la dynamique des producteurs primaires (Wang et al., 2021). Ce rapport présente les travaux récents, notamment l'implémentation d'un module de carbone inorganique dans le code de RIVE unifié codé en ANSI C et une comparaison complète avec le code de RIVE unifié en Python à l'aide d'un cas-type « bassine ».

1. Description du modèle RIVE unifié

Le modèle RIVE unifié est un modèle centré sur les communautés qui simule explicitement les activités des micro-organismes (phytoplancton, bactéries hétérotrophes, bactéries nitrifiantes, zooplancton, etc.). Les cycles du carbone, de l'oxygène et des nutriments sont associés aux dynamiques des micro-organismes. Les formalismes des dynamiques ne sont pas présentés ici, ayant déjà été décrits dans les rapports précédents (Wang et al., 2020 ; Wang et al., 2021).

1.1. Dégradation de la matière organique

Dans le modèle RIVE unifié, la cinétique de la dégradation de la matière organique est représentée par le modèle « HSB » (Fig. 1), nommé d'après ses trois variables : H, les polymères de **H**aut poids moléculaire qui forment la majeure partie de la matière organique dissoute et particulaire, mais qui doivent être hydrolysés de manière exoenzymatique pour être accessibles aux micro-organismes ; S, les petits **S**ubstrats monomères, directement accessibles à l'absorption microbienne ; B, la biomasse **B**actérienne qui se développe et respire sur les substrats organiques.

Les formalismes du modèle « HSB » permettant de décrire cette dégradation sont exhaustivement présentés dans le rapport PIREN Seine (Wang et al., 2020).

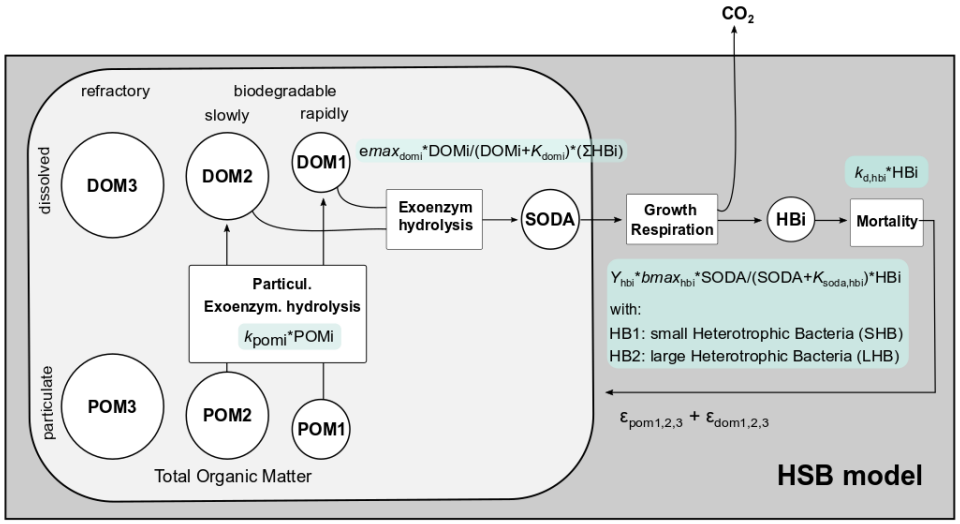

Figure 1. Le modèle HSB de la dégradation de la matière organique

1.2. Dynamiques des producteurs primaires

Le comportement des producteurs primaires est décrit à l'aide du modèle AQUAPHY (Lancelot et al., 1991). Les biomasses phytoplanctoniques sont représentées par trois constituants cellulaires différents (Fig. 2) :

- Les protéines, qui sont les macromolécules constitutives de la cellule, F ;
- Les glucides et les lipides jouant le rôle de produits de réserve, R ;

- Les acides aminés, petites molécules précurseurs de la synthèse des protéines, S.

À tout moment, la biomasse totale d'une cellule phytoplanctonique *p* est égale à la somme des trois constituants internes (Eq. 1).

$$[PHY]_p = [F]_p + [R]_p + [S]_p \quad (1)$$

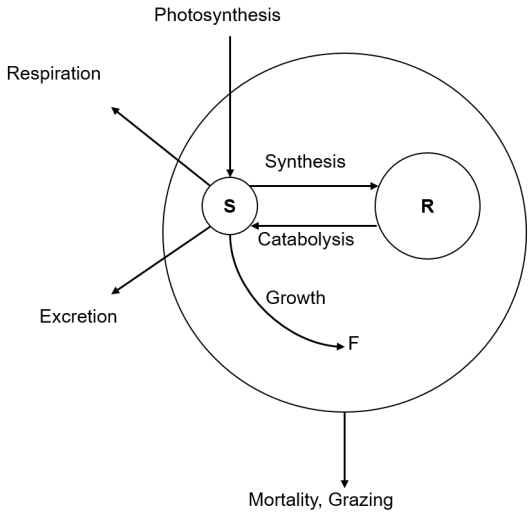

Figure 2. Composition du phytoplancton et processus relatifs aux producteurs primaires.

Les processus ainsi que les équations associées aux producteurs primaires (Fig. 2) sont détaillés dans un précédent rapport PIREN-Seine (Wang et al., 2021).

1.3. Module carbone inorganique

Un module carbone inorganique a été nouvellement implémenté dans RIVE unifié (Fig. 3). Le dioxyde de carbone aqueux (CO_2 (aq)) est dérivé de l'équilibre chimique des carbonates en utilisant le DIC (carbone inorganique dissous) et le pH (Marescaux et al., 2020 ; Yan et al., 2022). Le calcul du pH est dérivé de Culberson (1980) prenant en compte l'alcalinité (TA) et le DIC. Le flux de CO_2 à l'interface eau-air est ensuite calculé à l'aide de la vitesse de transfert des gaz (k_{600}) (Wilke et Chang, 1955 ; O'Connor et Dobbins, 1958 ; Alin et al., 2011 ; Ho et al., 2016). Ce module a été validé avec le code pyRIVE sur l'ensemble du réseau hydrographique du bassin de la Seine (Marescaux et al., 2020) et plus récemment sur les trois réservoirs de Champagne : Marne, Aube, Seine (Yan et al., 2022). Ce module a également été implémenté dans le code de RIVE unifié en ANSI C. Plus de détails sur les formalismes du module sont consultables dans Yan et al., (2022).

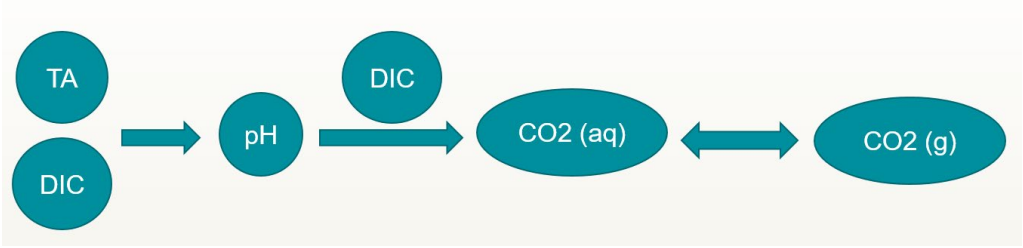

Figure 3. Processus relatifs au carbone inorganique.

2. Modélisation d'un cas-type « bassine » en conditions contrôlées : code Python *vs* code ANSI C

Après avoir harmonisé les processus biogéochimiques mentionnés ci-dessus pour une colonne d'eau, on implémente le modèle RIVE unifié en deux langages : Python et ANSI C. Afin de comparer les processus simulés par les deux codes, un cas-type « bassine » a été construit (Fig. 4).

2.1. Description du cas bassine

Ce cas-type « bassine » représente un réservoir d'une longueur de 10 000 mètres et d'une largeur de 2 985 mètres (Fig. 4). La hauteur d'eau dans le réservoir est fixée à 4,66 mètres. Un apport avec un débit de 230 m^3/s correspondant à un temps de résidence de 7 jours est imposé à l'amont du réservoir. Afin d'assurer un volume d'eau constant dans le réservoir, un débit de sortie de 230 m^3/s est également imposé.

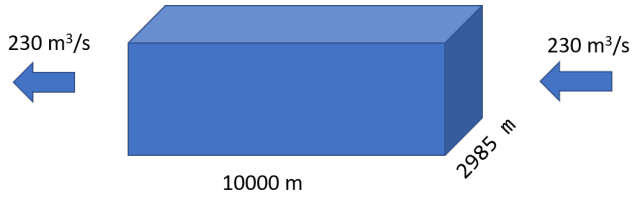

Figure 4. Cas-type « bassine » en conditions contrôlées.

Tableau 1. Concentrations initiales et dans le flux d'entrée des variables biogéochimiques simulées

Variables	Description	C_{init}	C_{lat}	Unité
SHB	Bactérie hétérotrophe (petite)	0.005	0.005	mgC L^{-1}
LHB	Bactérie hétérotrophe (grosse)	0.004	0.004	mgC L^{-1}
AOB	Bactérie nitrosante	0.001	0.001	mgC L^{-1}
NOB	Bactérie nitratante	0.0002	0.0002	mgC L^{-1}
DIA	Diatomée	0.447	0.447	mgC L^{-1}
GRA	Chlorophycée (algue verte)	0.539	0.539	mgC L^{-1}
CYA	Cyanobactérie (algue bleue)	0.662	0.662	mgC L^{-1}
SODA	Substrat assimilable par les bactéries hétérotrophes	0.036	0.036	mgC L^{-1}
DOM1	Matière organique dissoute rapidement biodégradable	0.022	0.022	mgC L^{-1}
DOM2	Matière organique dissoute lentement biodégradable	0.174	0.174	mgC L^{-1}
DOM3	Matière organique dissoute réfractaire	1.625	1.625	mgC L^{-1}
POM1	Matière organique particulaire rapidement biodégradable	0.005	0.005	mgC L^{-1}
POM2	Matière organique particulaire lentement biodégradable	0.021	0.021	mgC L^{-1}
POM3	Matière organique particulaire réfractaire	0.107	0.107	mgC L^{-1}
NH4	Ammonium	1.5	1.5	mgN L^{-1}
NO2	Nitrite	0.016	0.016	mgN L^{-1}
NO3	Nitrate	0.941	0.941	mgN L^{-1}
PO4	Phosphate	0.2	0.2	mgP L^{-1}
DSI	Silice dissoute	3.090	3.090	mgSi L^{-1}
SPM	Matière en suspension	2.611	2.611	mg L^{-1}
OXY	Oxygène dissous	9.446	9.446	mgO_2 L^{-1}

2.2. Configuration de la simulation et stratégie d'évaluation des codes

Les concentrations initiales des variables du système et les concentrations des flux latéraux d'entrée des espèces biogéochimiques sont considérées comme identiques et constantes (Tab. 1). Les données météorologiques (la température de l'eau et l'irradiance) sont calculées par les fonctions sinusoïdales implémentées de façon similaire dans les deux codes. Pour l'instant, les processus biogéochimiques sont uniquement harmonisés pour la colonne d'eau, les effets sédimentaires ne sont donc pas pris en compte dans ce cas-type « bassine ». Les simulations sont réalisées pour 365 jours avec un pas de temps de simulation de 6

min. Pour comparer les concentrations simulées par les deux codes, seules les concentrations simulées à minuit (00:00) sont seulement visualisées dans les figures.

Les deux codes diffèrent par leur manière d'intégrer les cycles nycthéméraux dans le calcul : ceux-ci ne sont pris en compte dans pyRIVE que pour définir un taux de croissance algal moyen journalier utilisé pour le reste des calculs, alors qu'ils sont traités explicitement dans le code C-RIVE. Cette différence est due au contexte du calcul des systèmes aquatiques réalisés dans les deux codes : en lagrangien dans pyNuts (suivi d'une masse d'eau de l'amont vers l'aval), en eulérien dans C-RIVE (bilan de masse entrée-sortie d'un bief élémentaire fixe dans l'espace).

Trois critères statistiques ont été définis afin d'évaluer la similarité des résultats des deux codes : PBIAS (pourcentage de biais), MAD (différence absolue moyenne), MaAD (différence absolue maximale). PBIAS mesure la tendance moyenne des concentrations simulées à être plus grandes ou plus petites que les concentrations observées (Eq. (2)). Plus les critères sont proches de 0, plus les concentrations simulées par les deux codes sont similaires.

$$PBIAS = 100\frac{\sum_{i=1}^{N} Py_i - C_i}{\sum_{i=1}^{N} C_i} \quad (2)$$

$$MAD = \frac{\sum_{i=1}^{N} |Py_i - C_i|}{N} \quad (3)$$

$$MaAD = \max\left(|Py_i - C_i|\right) \quad (4)$$

Avec Py_i représentant les concentrations simulées par Python (pyRIVE) et C_i celles simulées par ANSI C (C-RIVE). N désigne le nombre de valeurs, ici le nombre de pas de temps de calcul.

2.3. Résultats : variables simulées par les deux codes

Les deux codes simulent des concentrations/valeurs des variables très similaires (Fig. 5 à 10). La différence absolue maximale (MaAD) la plus importante est obtenue pour le groupe des cyanobactéries (CYA), avec une valeur de 0.0321 mgC L-1 (Tab. 2), mais reste faible en pourcentage (Fig. 7). Le PBIAS correspondant au groupe des cyanobactéries est de 1.2% (Tab. 2). En effet, cette petite différence est due à l'autocorrection en cas de concentrations négatives dans C-RIVE. La concentration de la composante S (les petites molécules précurseurs, Fig. 2) devient négative entre le jour 10 et le jour 85 (Fig. 7), ce qui implique une différence de concentration pour la composante F (Fig. 2 et Fig. 7). Pour les autres variables, le PBIAS est inférieur à 0.6%, ce qui confirme la similarité des simulations produites par les deux codes unifiés (RIVE unifié en Python et RIVE unifié en ANSI C).

Le cas test bassine permet de comparer les deux versions de RIVE unifié dans des conditions contrastées i) entre communautés d'espèces, et ii) temporellement pour chaque communauté d'espèces. Les dynamiques spécifiques de chaque espèce dépendent de différentes limitations. Le calcul de la photosynthèse des phytoplanctons (diatomées, chlorophycée, cyanobactéries) prend en compte la lumière qui présente naturellement une variation jour/nuit. Le développement des diatomées prend spécifiquement en compte la silice dissoute dans le milieu aquatique simulé. La croissance de chaque communauté d'espèces dépend de la quantité des nutriments (producteur primaire, bactérie nitrifiante) et du substrat organique (bactérie hétérotrophe). En outre, l'effet de la température de l'eau est également pris en compte pour les activités des communautés d'espèces (photosynthèse, croissance, respiration, mortalité). Ce cas-type « bassine » simule ainsi les situations dynamiques transitoires.

2.3.1. Température de l'eau et irradiance

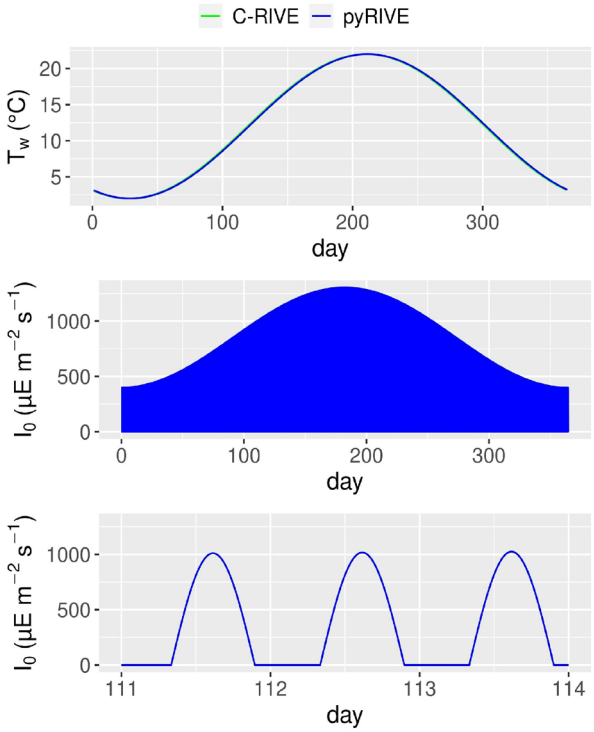

Figure 5. Température de l'eau et irradiance (avec focus sur une période de 3 jours) simulées par Python (pyRIVE, bleu) et ANSI C (C-RIVE, vert).

2.3.2.Concentrations des communautés biologiques

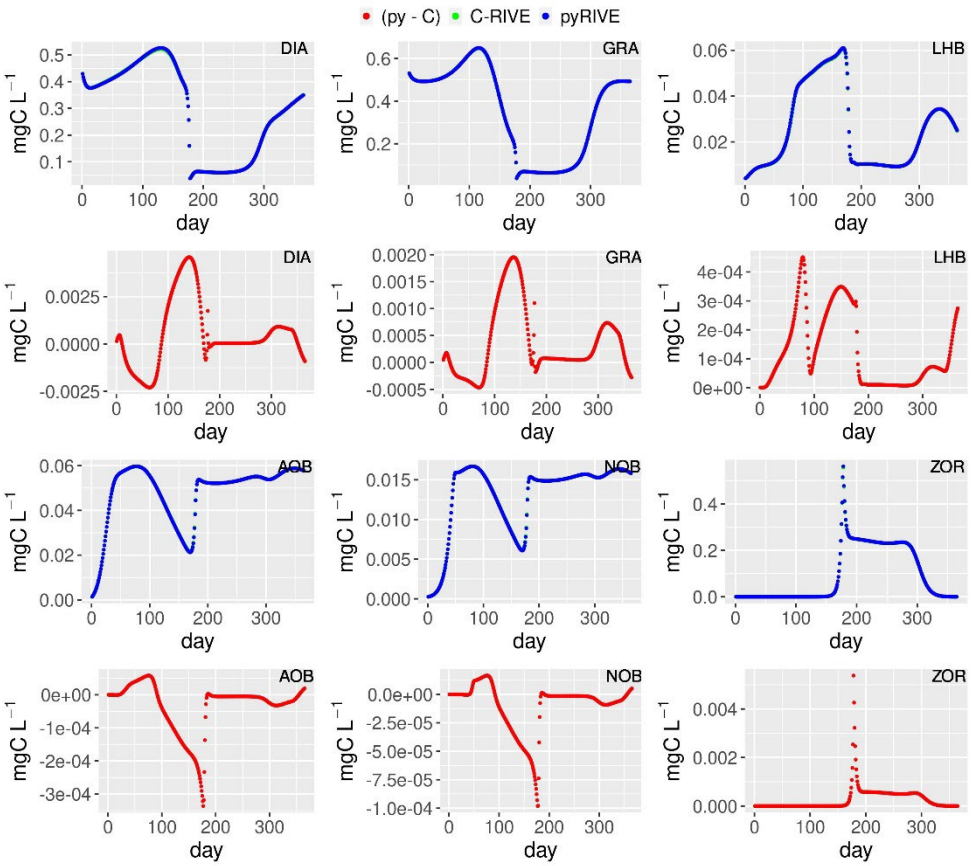

Figure 6. Concentrations des communautés biologiques simulées par Python (pyRIVE, bleu) et ANSI C (C-RIVE, vert). Les écarts entre les deux sont représentés par les courbes rouges.

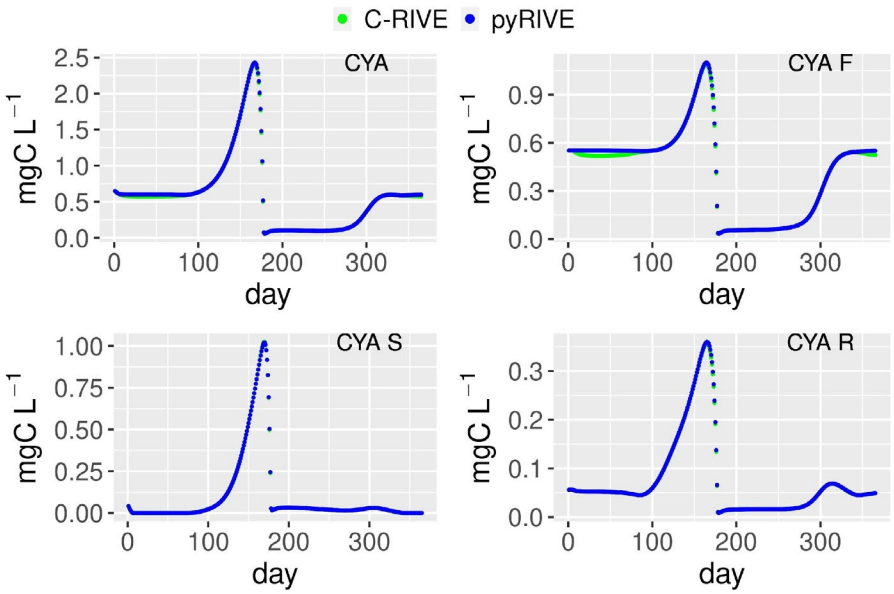

Figure 7. Concentrations des constituants cellulaires du groupe des cyanobactéries simulées par Python (pyRIVE, bleu) et ANSI C (C-RIVE, vert). L'écart s'explique par une spécificité dans C-RIVE (correction automatique en cas de concentration négative, ici CYA S entre le jour 15 et le jour 85 par exemple).

2.3.3.Concentrations des matières organiques

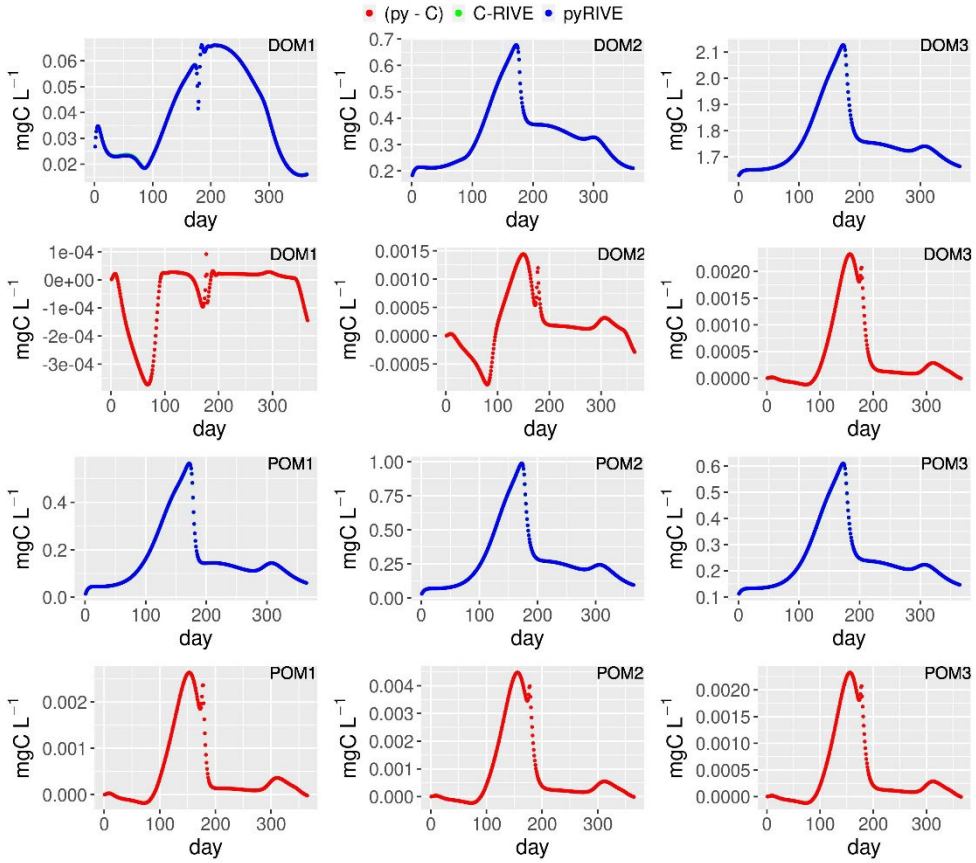

Figure 8. Concentrations des matières organiques simulées par Python (pyRIVE, bleu) et ANSI C (C-RIVE, vert). Les écarts entre les deux sont représentés par les courbes rouges.

2.3.4.Concentrations des nutriments

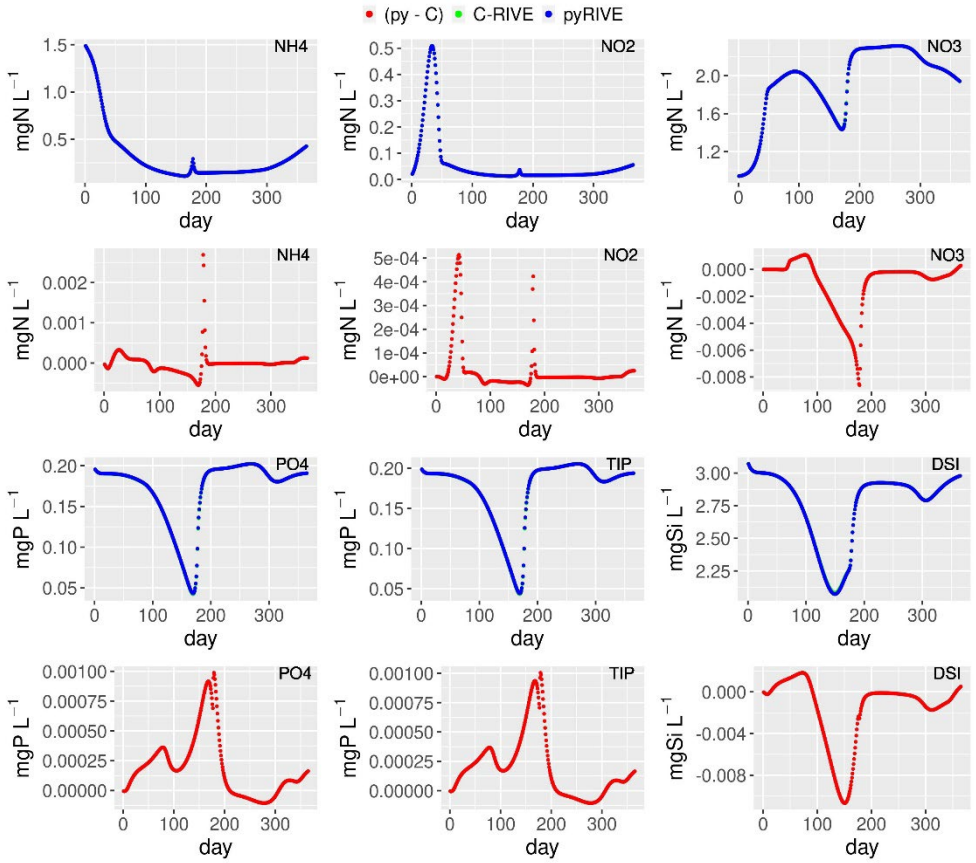

Figure 9. Concentrations des nutriments simulées par Python (pyRIVE, bleu) et ANSI C (C-RIVE, vert). Les écarts entre les deux sont représentés par les courbes rouges.

2.3.5. Variables concernant le module carbone inorganique

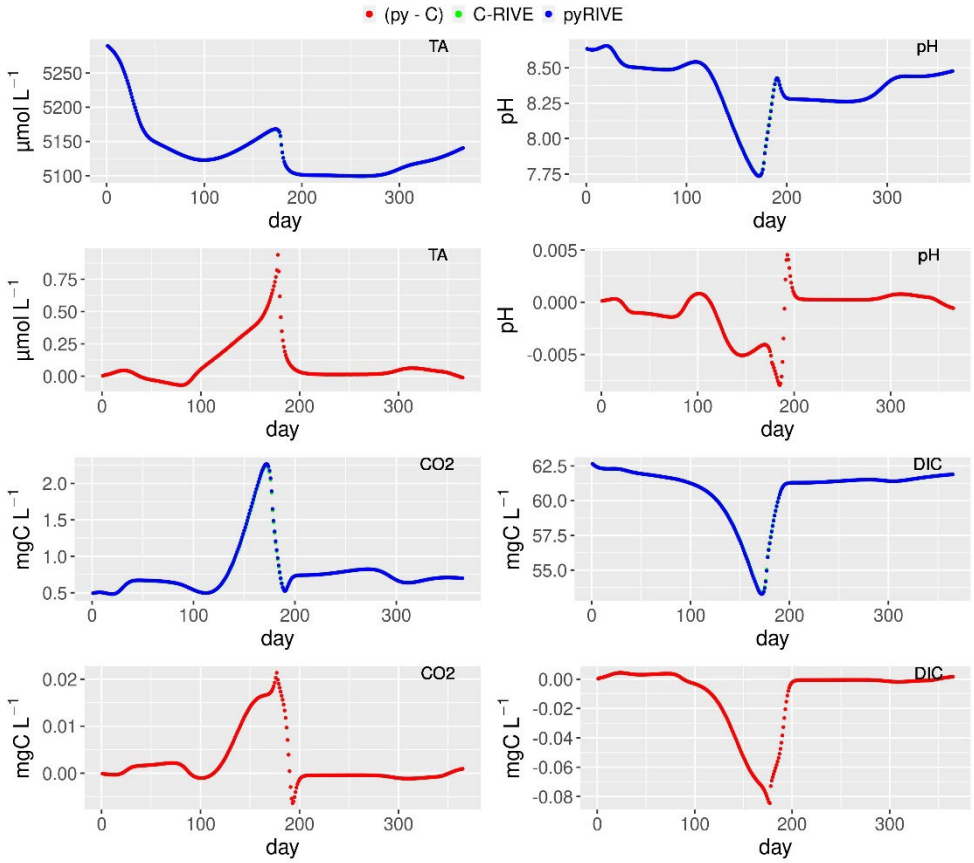

Figure 10. Variables concernant le module carbone inorganique simulées par Python (pyRIVE, bleu) et ANSI C (C-RIVE, vert). Les écarts entre les deux sont représentés par les courbes rouges.

Tableau 2. Critères statistiques estimés avec les concentrations simulées par la version unifiée du code RIVE en Python et ANSI C

Variables	PBIAS	MAD	MaAD	Variables	PBIAS	MAD	MaAD
SHB	-0.4	$2.15\ 10^{-5}$	$1.47\ 10^{-4}$	**LHB**	-0.5	$1.23\ 10^{-4}$	$4.51\ 10^{-4}$
AOB	0.1	$1.23\ 10^{-5}$	$4.51\ 10^{-5}$	**NOB**	0.1	$1.32\ 10^{-5}$	$9.81\ 10^{-5}$
DIA	-0.2	$1.21\ 10^{-3}$	$5.50\ 10^{-3}$	**GRA**	-0.1	$4.87\ 10^{-4}$	$1.47\ 10^{-3}$
CYA	1.2	$1.33\ 10^{-3}$	$3.21\ 10^{-2}$	**ZOR**	-0.3	$2.66\ 10^{-4}$	$5.38\ 10^{-3}$
ZOC	0	$6.82\ 10^{-9}$	$3.64\ 10^{-7}$	**SODA**	-0.6	$6.82\ 10^{-4}$	$4.42\ 10^{-3}$
DOM1	0.1	$7.04\ 10^{-5}$	$3.73\ 10^{-3}$	**DOM2**	-0.1	$4.01\ 10^{-4}$	$1.44\ 10^{-3}$
DOM3	0	$4.52\ 10^{-4}$	$2.33\ 10^{-3}$	**OXY**	-0.1	$8.53\ 10^{-3}$	$4.79\ 10^{-3}$
POM1	-0.3	$5.20\ 10^{-4}$	$2.64\ 10^{-3}$	**POM2**	-0.3	$8.68\ 10^{-4}$	$4.47\ 10^{-3}$
POM3	-0.2	$4.52\ 10^{-4}$	$2.32\ 10^{-3}$	**NH4**	0	$1.28\ 10^{-4}$	$2.69\ 10^{-3}$
NO2	0	$3.50\ 10^{-5}$	$5.14\ 10^{-4}$	**NO3**	0	$1.18\ 10^{-3}$	$8.61\ 10^{-3}$
TIP	-0.1	$2.27\ 10^{-4}$	$1.00\ 10^{-3}$	**DSI**	0.1	$2.08\ 10^{-3}$	$1.07\ 10^{-2}$

Conclusion

Les processus biogéochimiques de la colonne d'eau comme la dégradation de la matière organique, la dynamique des producteurs primaires, la dissociation des carbonates, etc. ont été révisés et harmonisés. Les formalismes plus pertinents ont été choisis pour le modèle RIVE unifié (voir Wang et al., (2020) et Wang et al., (2021)). RIVE unifié est implémenté en Python (pyRIVE) et ANSI C (C-RIVE). Un cas-type « bassine » est construit pour comparer les concentrations simulées par les deux codes. Ce cas-type permet de confronter les deux versions dans leur capacité à représenter les dynamiques spécifiques de chaque espèce, ainsi que leurs limitations par la lumière, les substrats organiques et les nutriments. Les résultats et les critères statistiques

montrent que les deux codes simulent les concentrations des variables biogéochimiques de manière très similaire.

Jusqu'à présent, les processus biogéochimiques ne sont harmonisés que pour la colonne d'eau. Le choix d'un module sédimentaire parmi les modules existants dans les différentes versions de RIVE est un préalable à la suite du projet RIVE unifié. Ce module sédimentaire devra prendre en compte non seulement les échanges dissous entre la colonne d'eau et le sédiment, mais aussi la remise en suspension des espèces particulaires.

En outre, certaines limitations existent encore dans le modèle RIVE unifié. L'effet de la photoinhibition est pris en compte pour la photosynthèse alors qu'aucune attention n'est portée aux effets de la lumière solaire sur les bactéries (bactéries hétérotrophes, nitrifiantes et bactéries indicatrices fécales) qui est probablement plus prononcée pendant les périodes de basses eaux. Il est recommandé d'implémenter cet effet de la lumière, car il endommage l'acide désoxyribonucléique (ADN) des bactéries et influence de fait leur croissance (Matallana-Surget and Wattiez, 2013, Hasanyar et al., subm.). De plus, RIVE unifié simule la dynamique du phytoplancton, mais le développement du périphyton ou des macrophytes n'est pas implémenté dans les versions courantes. Flipo et al., (2004) ont montré que le périphyton jouait un rôle majeur sur le cycle du carbone (productivité primaire) dans les petits cours d'eau, non seulement sur le stock de carbone fixé au fond de la rivière, mais aussi sur l'enrichissement en carbone en aval de la rivière. Par ailleurs, un module des macrophytes a été développé (Dufayt, 2000) et intégré dans RIVE pour le bassin de la Marne (Garnier et al., 2001).

Un article pour valoriser ces travaux d'unification est en cours de préparation et sera soumis dans la revue internationale *Geoscientific Model Development* (GMD).

Bibliographie

Alin, S. R., F. L. de Fátima, M. Rasera, C. I. Salimon, J. E. Richey, G. W. Holtgrieve, A. V. Krusche and A. Snidvongs (2011). Physical controls on carbon dioxide transfer velocity and flux in low-gradient river systems and implications for regional carbon budgets. *Journal of Geophysical Research: Biogeosciences*, 116, https://doi.org/10.1029/2010JG001398.

Billen, G., J. Garnier and P. Hanset (1994). Modelling phytoplankton development in whole drainage networks: the Riverstrahler model applied to the Seine river system. *Hydrobiologia*, 289: 119-137.

Billen, G., Servais P. (1989). Modélisation des processus de dégradation bactérienne de la matière organique en milieu aquatique. In Micro-organismes dans les écosystèmes océaniques. *Bianchi et coli (eds) Masson*: 219–245.

Culberson, C. H. (1980). Calculation of the in situ pH of seawater1. *Limnology and Oceanography*, 25, 150–152. https://doi.org/10.4319/lo.1980.25.1.0150.

Dufayt, O. (2000). Etude expérimentale et modélisation du développement de la Renoncule flottante dans la Semois. *Thèse*. Fondation Universitaire Luxembourgeoise. Arlon (Belgique).

Even, S., M. Poulin, J. Garnier, G. Billen, P. Servais, A. Chesterikoff and M. Coste (1998). River ecosystem modelling: Application of the PROSE model to the Seine river (France). *Hydrobiologia*, 373, 27–37.

Flipo, N., S. Even, M. Poulin, M. H. Tusseau-Vuillemin, T. Améziane and A. Dauta (2004). Biogeochemical Modelling at the River Scale: Plankton and Periphyton Dynamics - Grand Morin case study, France. *Ecol. Model.*, 176, 333–347.

Garnier, J., Billen, G. (1994). Ecological interactions in a shallow sand-pit lake (Lake Créteil, Parisian Basin, France): a modelling approach. *Developments in Hydrobiology*, 94,. https://doi.org/10.1007/978-94-017-2460-9_9

Garnier, J., G. Billen, N. Sanchez and B. Leporcq (2000). Ecological Functioning of the Marne Reservoir (Upper Seine Basin, France). *Regulated Rivers-research & Management - REGUL RIVER* 16, 51-71.

Garnier, J., Billen, G., Akopian, M., Némery, J., Pinault, S., Desruelle, M., Dufayt, O. Flipo, N., Even, S., Poulin, M. (2001). Développement des peuplements végétaux dans le Bassin de la Marne: Dynamique des

nutriments et eutrophisation. Contrôle par les organismes filtreurs. *Rapport de synthèse, PIREN-Seine Phase 3*, 43pp.

Hasanyar, M., T. Romary, S. Wang, and N. Flipo (2022). How much do bacterial growth properties and biodegradable dissolved organic matter control water quality at low flow ? *Biogeosciences Discussions 2022*, 1–33

Ho, D. T., N. Coffineau, B. Hickman, N. Chow, T. Koffman, and P. Schlosser (2016). Influence of current velocity and wind speed on air-water gas exchange in a mangrove estuary. *Geophysical Research Letters*, 43, 3813–3821, https://doi.org/10.1002/2016GL068727.

Lancelot, C., C. Veth and C. Mathot (1991). Modelling ice-edge phytoplankton bloom in the Scotia-Weddell sea sector of the Southern Ocean during spring 1988. *Journal of Marine Systems* 2 (3-4), 333-346.

Marescaux, A., V. Thieu, N. Gypens, M. Silvestre and J. Garnier (2020). Modeling inorganic carbon dynamics in the Seine River continuum in France. *Hydrology and Earth System Sciences*, 24, 2379–2398, https://doi.org/10.5194/hess-24-2379-2020, 2020.

Matallana-Surget, S. and R. Wattiez (2013). Impact of Solar Radiation on Gene Expression in Bacteria. *Proteomes*, 1, 70–86, https://doi.org/10.3390/proteomes1020070.

O'Connor, D. J. and W. E. Dobbins (1958). Mechanism of Reaeration in Natural Streams. *Transactions of the American Society of Civil Engineers*, 123, 641–666, https://doi.org/10.1061/TACEAT.0007609.

Thieu, V., Guillon, T., Billen, G., Garnier, J., Thouvenot, M., 2006. Applicatif BARMAN Notice d'utilisation-Juillet 2006. Rapp. Annu. 2006 PIREN-Seine.

Thieu V., Silvestre M., Casquin A., Garnier J., Billen G. (2022) Modelling of carbon and nutrient transfers in French rivers: First step of a national generic land to sea modelling chain to fight against coastal eutrophication. *4th Int. Conf. Integr. Sci. Sustain. Dev. Rivers*. 4-8 july, Lyon-France.

Wang, S., N. Flipo and T. Romary, (2018). Time-dependent global sensitivity analysis of the C-RIVE biogeochemical model in contrasted hydrological and trophic contexts. *Water Research* 144, 341–355.

Wang, S., N. Flipo and T. Romary, (2019). Oxygen data assimilation for estimating micro-organism communities' parameters in river systems. *Water Research* 165, 115021.

Wang, S., N. Flipo and T. Romary, (2021). Particle filter for high frequency oxygen data assimilation in river systems. Environmental Modelling & Software, under revision.

Wang, S., V. Thieu, N. Flipo, M. Silvestre, Lou. Weidenfeld and G. Billen (2020). Dégradation de la matière organique dans le modèle de biogéochimie aquatique RIVE : exploration des codes et expérimentation numérique en conditions contrôlées. *Rapport annuel du PIREN-Seine*.

Wilke, C. R. and P. Chang (1995). Correlation of diffusion coefficients in dilute solutions. *AIChE Journal*, 1, 264–270. https://doi.org/10.1002/aic.690010222.

Yan, X., J. Garnier, G. Billen, S. Wang and V. Thieu (2022). Unravelling nutrient fate and CO2 concentrations in the reservoirs of the Seine Basin using a modelling approach. *Water Research*, 225, 119135, https://doi.org/10.1016/j.watres.2022.119135.