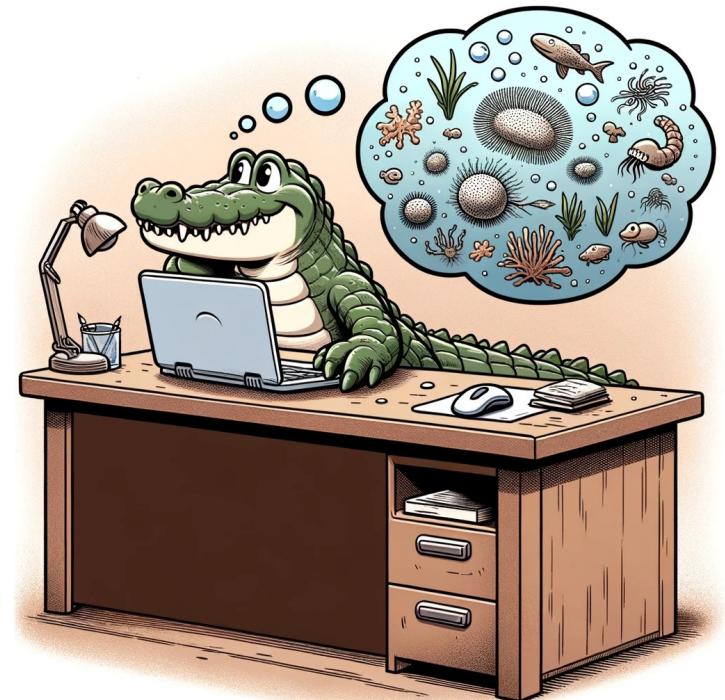


Couplage entre modèles hydrodynamiques et biogéochimiques via BIOLink

Camille Mazoyer et Melika Baklouti, juin 2024

Collaboration BIOLink avec M. Plus, S. Legac
Interface créée par B. Thouvenin, Ifremer



Qu'est ce que BIOLink ?

Couplage de codes biogéochimiques avec code hydrodynamique

- PEPTIC, BLOOM, ECO3M
 - tout autre code biogéochimique
- => multi codes biogéochimique

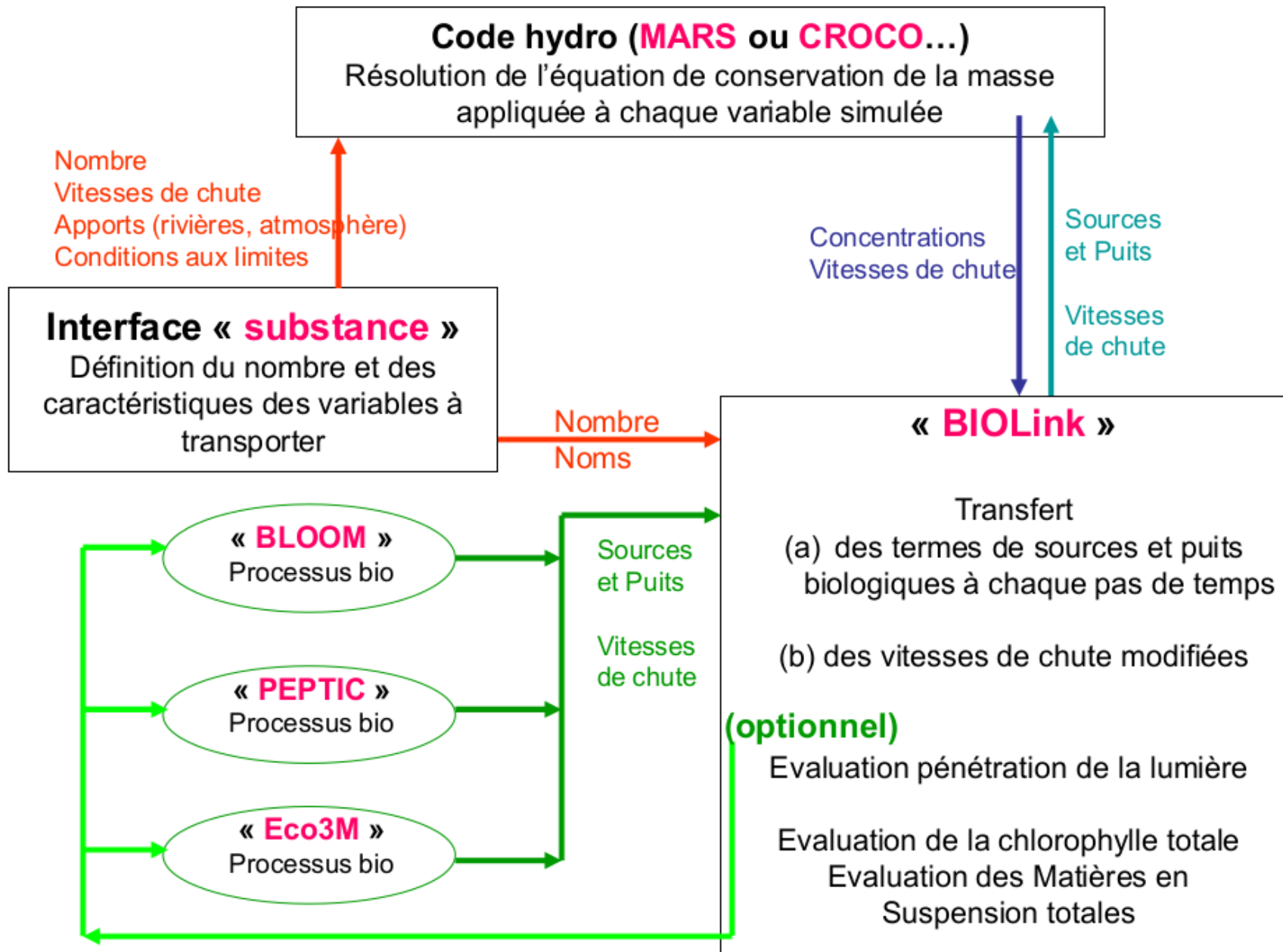
Guichet unique pour tous les codes, uniformisation des codes

- pas de call de chaque code bio dans le code

Un couplage interne intégré dans CROCO

- compilation avec CROCO
 - module Fortran 90
- => facile pour les utilisateurs

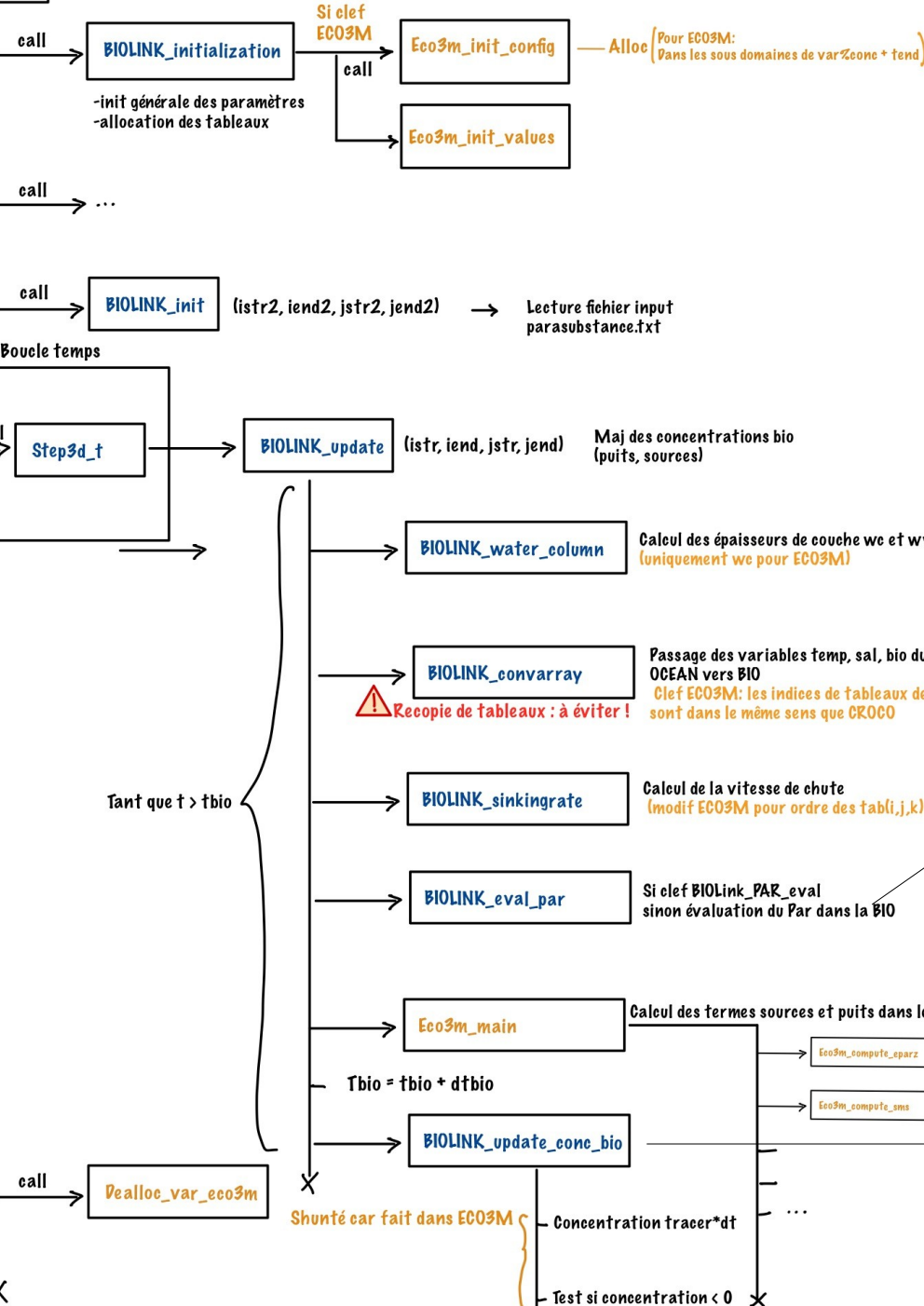
Qu'est ce que BIOLink ?



CROCO

main.F

— Spécifique ECO3M



Evaluation de la pénétration de la lumière

Evaluation de : - la chlorophylle totale
- Matières en Suspension (MES) totales

Transfert des termes de sources et puits biologiques à chaque pas de temps

38 variables, 7 compartments, 16 sous compartments

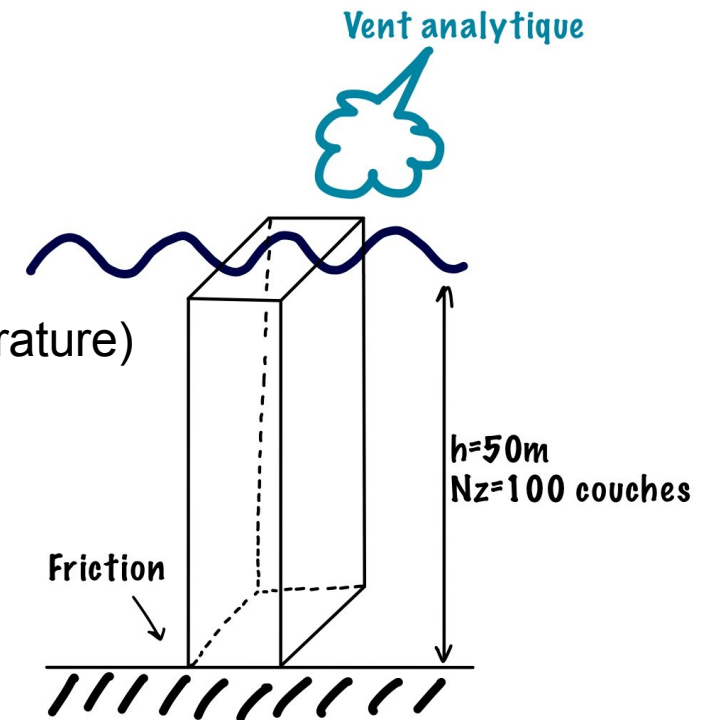


But de ce cas test : étudier la déstratification d'une colonne d'eau par un vent constant, refroidissement en surface

Cas test analytique DE BASE

- champ de vent uniquement zonal constant
- undef SALINITY – colonne d'eau stratifiée à $t = 0$ (température)
- Flux de chaleur au fond
($\text{btflix}(i,j,\text{itemp}) = -1.0\text{e-}5 \cdot (0.01)^2 / (g \cdot \text{Tcoef} / \text{rho0})$)
- $N \sim 100$ couches verticales
- CROCO 1D avec en réalité 7×7 cellules horizontale

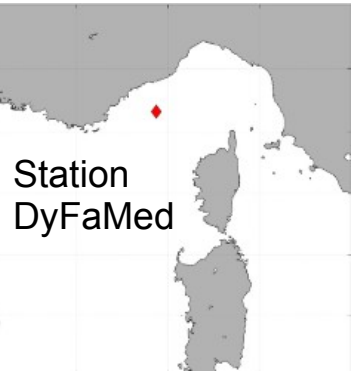
SINGLE_COLUMN + KATO_PHILIPS



➔ Fonctionne sur quelques pas de temps

Configuration physique+bio SINGLE_COLUMN + KATO_PHILIPS+DYFAMED

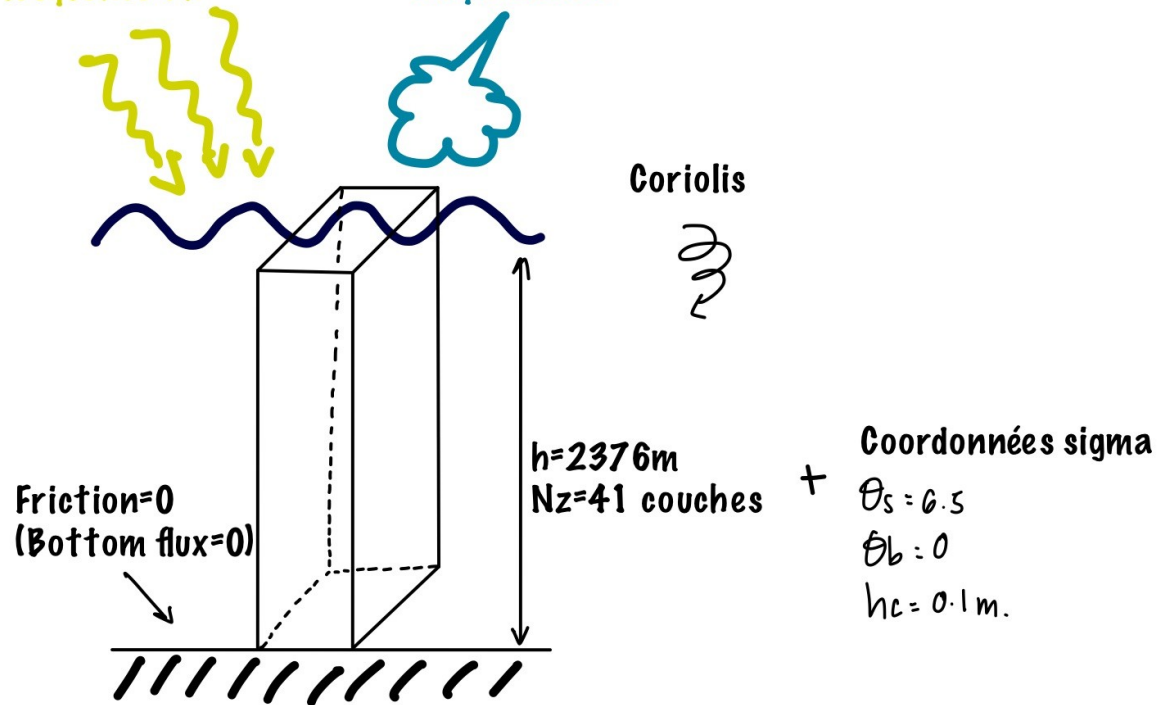
Description du cas test : <https://gitlab.inria.fr/croco-ocean/croco/-/issues/85> => branche BIOLink



SINGLE_COLUMN + KATO_PHILIPS + DYFAMED

Flux solaire : chaleur
sensible, shortwave,
longwave (fichier txt),
fréquence 3h

Stress de vent (fichier txt),
fréquence 3h



Define SALINITY

vitesse de chute

```
graph TD; A[vitesse de chute] --> B[Utilisé pour BIOLink ECO3M]; A --> C[intégrée dans le module SEDIMENT standard];
```

Utilisé pour BIOLink ECO3M

Comme pour **MUSTANG**

prise en compte explicite de la chute verticale qui nécessite des sous pas de temps pour respecter le critère de stabilité CFL. Ça fonctionne mais pour les fortes vitesses de chute c'est très coûteux en temps de calcul.

(dans t3dmix_tridiagonal_settling.h appelé dans step3d_t.F)
(clef TS_MIX_IMP)

intégrée dans le module **SEDIMENT** standard (par Rachid)

schéma semi lagrangien. stable et très efficace (selon Patrick)

Cette technique reprise par PISCES par Christian Ethé.

Temps de calcul avec grille 5x5 et UVADV

croco physique

~ 14min / an

(avec une sortie instantanée / 6h)



Amélioration possible ?

croco biolink eco3m

~ 2h10/an

38 variables bio

(avec une sortie instantanée / 6h)



Optimisation du temps
de calcul dans BIOLink
- recopie de tableaux, ...

=> comment optimiser le temps ?

Milestones BIOLink

Validation / Cas test



création d'un cas test pour valider BIOLink-ECO3M : DYFAMED

Implémentation dans CROCO



Sorties via XIOS



conditions initiales bio (actuellement parasubstances.txt soit .dat)
=> input via netcdf

Améliorations de BIOLink



vitesse de chute sans MUSTANG ou schéma semi lagrangien
=> fonctionne comme pour MUSTANG



optimisation du temps de calcul dans BioLink et/ou ECO3M



Pas modulaire, Simplification de BIOLink : déplacement du code vers les codes de biogéochimie (ECO3M, PEPTIC, BLOOM)

documentation



Doc à écrire

Code BIOLink actuel peu lisible => **PRIORITE**

Mais des avantages certains :

- permet d'interfacer plusieurs codes de biogéochimie
- guichet unique vers ces codes
- vers une facilité d'utilisation pour les utilisateurs