

pyNuts-Riverstrahler : modéliser le fonctionnement hydroécologique des réseaux hydrographiques



En bref

PyNuts-Riverstrahler est une plateforme de modélisation développée au sein de l'UMR METIS (Sorbonne Université, CNRS, EPHE) et de la fédération FIRE (CNRS, Sorbonne Université). Elle a pour but de simuler le fonctionnement hydro-écologique des réseaux hydrographiques à différentes échelles spatiales et temporelles. Cette plateforme est basée sur le langage de programmation Python et intègre différents modules pour l'analyse et la modélisation des hydrosystèmes.

pyNuts-Riverstrahler

La plateforme pyNuts, intègre en son sein l'actualisation des codes du modèle Rive et de l'approche Riverstrahler dans une version harmonisée et modulaire. Elle est associée à un système de gestion des informations requises pour la modélisation ainsi que du stockage des simulations produites.

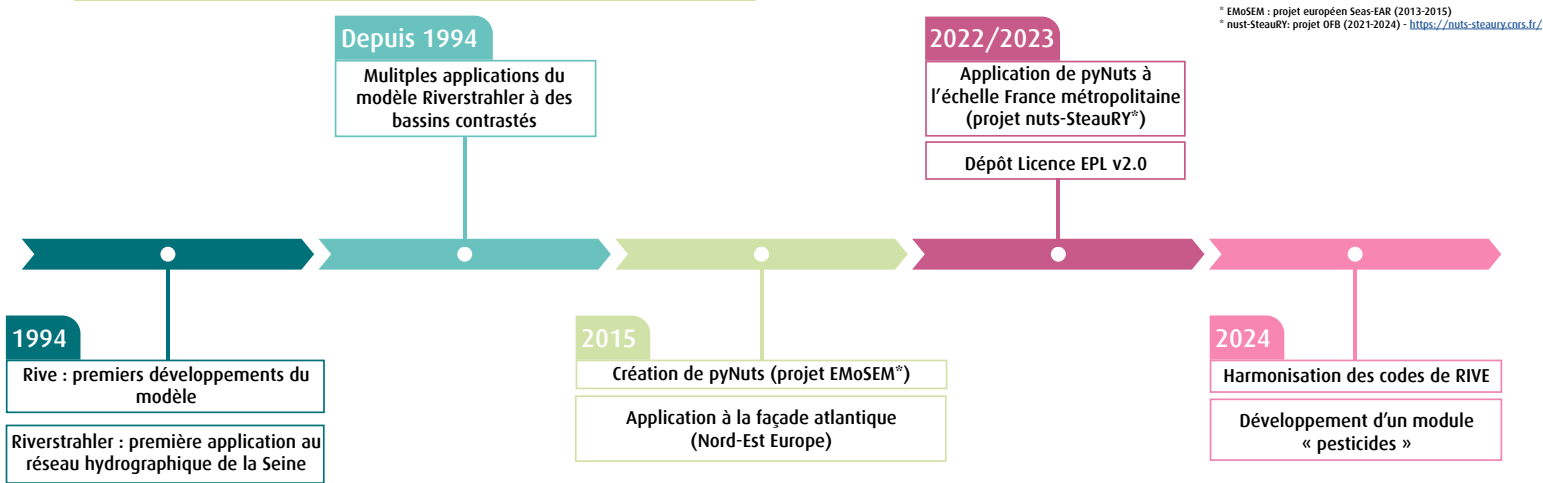
Ainsi, la plateforme permet de modéliser de façon générique les principaux processus biogéochimiques caractérisant le fonctionnement des écosystèmes aquatiques, grâce au modèle RIVE, depuis les développements planctoniques, la dégradation des matières organiques au travers des différentes boucles bactériennes, et les échanges aux interfaces benthique et atmosphérique. Les simulations sont produites en tout point d'un réseau hydrographique idéalisé, grâce à l'approche Riverstrahler, depuis les têtes de bassin versant jusqu'aux exutoires fluviaux. Elles proposent d'évaluer la qualité des eaux pour l'oxygène, le carbone et les nutriments au travers de ses différentes formes : organique, inorganique, dissoute, particulaire ou gazeuse. Des développements sont en cours pour l'intégration des pesticides.

L'originalité de la plateforme pyNuts-Riverstrahler réside dans la possibilité de concevoir et d'assembler de façon illimitée des contraintes spatialement explicites s'appliquant à la modélisation des réseaux hydrographiques. Parmi ces contraintes figurent par exemple : les propriétés morphologiques des rivières, les apports d'eau superficiels et phréatiques ou encore les contaminations terrestres diffuses en lien avec l'usage des sols et les pratiques agricoles.

Au-delà de la simple validation d'un état de référence des cours d'eau, la plateforme offre des possibilités d'exploration et de couplage puissants, dans le cadre de reconstruction de trajectoires historiques ou de perspectives, comme des plans d'action réglementaire ou le changement climatique, à des échelles pluriannuelles. Initialement déployée sur le bassin versant de la Seine depuis les années 90, le développement de la plateforme pyNuts-Riverstrahler a permis d'étendre les travaux de recherche et de modélisation à des échelles plurirégionales allant de la France métropolitaine à la façade atlantique.

* EMOSEM : projet européen Seas-EAR (2013-2015)
* nuts-SteauRY: projet OFB (2021-2024) - <https://nuts-steauRY.cnrs.fr/>

- Réseau hydrographique
- Apports quantitatifs et qualitatifs à la rivière
→ Débit et qualité de la masse d'eau spatialisés
- Du petit bassin versant au bassin continental
De l'année au siècle, pas de temps décadaire
- Linux, Mac OS, Windows
- Licence libre (Eclipse Public License v2.0)



Description technique

Le challenge est de proposer une gestion modulaire et efficiente des données d'entrée et de sortie, à des résolutions spatiales et temporelles différentes et pour un grand nombre de variables d'intérêts. L'une des caractéristiques de pyNuts-Riverstrahler est d'adapter sa résolution spatiale en fonction des objectifs de modélisation, de la connaissance du territoire d'étude ou de la résolution spatiale des données décrivant les contraintes terrestres s'appliquant aux hydrosystèmes.

- Trois types d'objets peuvent être assemblés dans un hydrosystème :
- les « axes » décrits avec une résolution kilométrique ;
 - les bassins où les tributaires d'un même ordre de Strahler sont décrits à partir de caractéristiques moyennes ;
 - les barrages-réservoirs décrits comme des mélangeurs parfaits.

- Deux résolutions temporelles sont emboîtées :
- le calcul lagrangien décrivant la circulation des masses d'eau dans les réseaux hydrographiques assume des conditions permanentes de débit décadaire ;
 - les processus biogéochimiques opérant le long des objets simulés sont décrits avec une résolution infra-horaire.

Afin de stocker de manière efficiente et pérenne les données d'entrée et de résultats ainsi que de concevoir et gérer des scénarios de modélisation composites sans produire de redondances, pyNuts-Riverstrahler s'appuie sur différents choix techniques :

- bancarisation des scripts de prétraitement des données brutes spatialement explicites décrivant les contraintes naturelles et anthropiques permettant le calcul des entrées et de reproduire la création de ces données sur n'importe quel territoire ;
- utilisation de protocoles de sérialisation et désérialisation d'objets Python (module pickle) pour stocker et accéder instantanément aux résultats produits durant les simulations ;
- utilisation d'un système de gestion de base de données relationnelles PostgreSQL – PostGIS pour archiver l'ensemble des contraintes, méthodes de calculs et résultats de modélisation.

Le stockage structuré des informations offre de grandes possibilités d'analyses (programmation SQL) et de partage (serveur). Le développement d'un service de visualisation est prévu en phase 9 du PIREN-Seine, dès 2025.

Ressources

Billen G., Garnier J. et Hanset P. Modelling phytoplankton development in whole drainage networks: the RIVERSTRAHLER Model applied to the Seine river system. Hydrobiologia 289, no 1 3 (1994): 119 37. <https://doi.org/10.1007/BF00007414>.

Thieu V., Silvestre M., Garnier J. et Billen G. Introducing the biogeochemical pynuts-riverstrahler model to assess prospective scenario impact along the aquatic continuum in western e-rivers. (2017). <https://www.sgmeet.com/aslo/honolulu2017/viewabstract.asp?AbstractID=28904>

Desmit X., Thieu V., Billen G., Campuzano F., Dulière V., Garnier J., Lassaletta L., et al. Reducing marine eutrophication may require a paradigmatic change. Science of the Total Environment 635 (2018). <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.04.181>.

Wang S., Thieu V., Billen V., Garnier J., Silvestre M., Marescaux A., Yan X., et Flipo N. The Community-Centered Freshwater Biogeochemistry Model Unified RIVE v1.0: A Unified Version for Water Column. Geoscientific Model Development 17, no 1 (16 janvier 2024): 449 76. <https://doi.org/10.5194/gmd-17-449-2024>.

Thieu V., Casquin A., Laruelle G., Silvestre M., Garnier J., et al. Projet nuts-STeauRY: Inventaire des données d'entrée à la chaîne de modélisation rivière-estuaire et premiers résultats - Modélisation intégrée rivière-estuaire | rapport méthodologie. Office Français de la Biodiversité. (2023). <hal-04342295>

Contacts

Pour toutes questions concernant ce logiciel, vous pouvez vous adresser à :

vincent.thieu@sorbonne-universite.fr
marie.silvestre@sorbonne-universite.fr

Accès au code

Le dépôt GitLab de développement est accessible ici : <https://gitlab.in2p3.fr/rive/pynuts>

En savoir plus sur le PIREN-Seine : <https://www.piren-seine.fr/>



Les partenaires opérationnels de la phase 8 du PIREN-Seine



Les partenaires scientifiques de la phase 8 du PIREN-Seine



Crédits photos : p.1 IGN, BD ORTHO®, p. 2 PIREN-Seine ; p. 2 illustration, Vincent Thieu
Edition : ARCEAU-IdF 2024
Version 1 : juin 2024

www.arceau-idf.fr

