

# Tutorial 02 PISCES

Sesiones práctica  
25 de enero 2021

Desarrollo: Odette Vergara – Universidad de Concepción  
Modificaciones: Andrés Sepúlveda – Universidad de Concepción

## 1.- Propósito

A través de este tutorial revisaremos las instrucciones básicas para trabajar en las sesiones prácticas 1 y 2 de CROCO/PISCES. Para esto, lo primero que deben hacer, es ingresar al servidor de cálculo que utilizaron en la primera semana de la Escuela de Verano donde configuraron y lanzaron una simulación simple del dominio de Benguela y siguieron instrucciones básicas del cluster NLHPC.

## 2.- Se ha configurado un servidor Discord para estas sesiones prácticas.

Los objetivos de este servidor son:

- a) Proponer una herramienta para que los participantes del curso interactúen fácil y rápidamente con los ayudantes/profesores y otros alumnos.
- b) Publicar figuras, scripts, y comentarios que puedan ser de interés para la sesión.
- c) Solicitar ayuda durante el trabajo práctico. Se han creado salas de Chat y salas vocales para esto.

Pueden unirse a este servidor mediante el siguiente enlace:

<https://discord.gg/PCB948Xa>

Durante cada sesión de trabajo personal, habrán ayudantes y profesores que responderán a sus preguntas o solicitudes de ayuda, ya sea por Chat o por intercambio de voz (con o sin compartir pantalla).

Podrá encontrar los archivos asociados a este tutorial en la carpeta

<http://mosa.dgeo.udec.cl/CROCO2021/Avanzado/Tutorial02>

## 3.- Práctica 1

Objetivo general:

Preparar los archivos de entrada CROCO-PISCES en la configuración del dominio Benguela y realizar dos test de sensibilidad (Fe y ríos) que les permitirán observar los cambios que ocurren en la zona de estudio cuando se alteran ciertos parámetros.

Versión 1.0 Actualizado 25 Enero 2021

a) Abrir Matlab de acuerdo a las instrucciones indicadas en el Tutorial\_01, sección 7.2.  
Luego escribir:

```
>> make_clim_pisces
```

Deberían obtener lo siguiente:

```
Add_po4: creating variables and attributes for the OA file
Add_po4: creating variables and attributes for the Climatology file
Add_sio3: creating variables and attributes for the OA file
Add_sio3: creating variables and attributes for the Climatology file
Add_o2: creating variables and attributes for the OA file
Add_o2: creating variables and attributes for the Climatology file
Add_dic: creating variables and attributes for the OA file
Add_dic: creating variables and attributes for the Climatology file
Add talk: creating variables and attributes for the OA file
```

```
>> make_ini_pisces
```

```
nitrate ...
```

```
Ext tracers: ro = 0 km - default value = NaN
  ext_tracers_ini: time index: 1 of total: 12
  ext_tracers_ini: horizontal interpolation of seasonal data
  ext_tracers_ini: vertical interpolation
```

```
phosphate ...
```

```
Ext tracers: ro = 0 km - default value = NaN
  ext_tracers_ini: time index: 1 of total: 12
  ext_tracers_ini: horizontal interpolation of seasonal data
  ext_tracers_ini: vertical interpolation
```

```
>> make_dust
```

Donde obtendrán lo siguiente:

```
Read in the grid...
Creating file
Getting dust for time index 1
Getting dust for time index 2
Getting dust for time index 3
Getting dust for time index 4
Getting dust for time index 5
Getting dust for time index 6
Getting dust for time index 7
Getting dust for time index 8
Getting dust for time index 9
Getting dust for time index 10
Getting dust for time index 11
Getting dust for time index 12
```

b) En su Configuración **Benguela\_LR** ir a *croctools\_param.m* y "activar" **makepisces=1**

```
% initial/boundary data options (1 = process)
% (used in make_clim, make_biol, make_bry,
% make_OGCM.m and make_OGCM_frcst.m)
%
makeini      = 1;    % initial data
makeclim     = 1;    % climatological data (for boundaries and nudging layers)
makebry      = 1;    % lateral boundary data
makepzd      = 0;    % initial and boundary data for NChlPZD and N2ChlPZD2 models
makebioebus  = 0;    % initial and boundary data for BioEBUS model
makepisces   = 1;    % initial and boundary data for PISCES model
```

c) Abrir *cppdefs.h* y editar "define BIOLOGY"

```
/* Applications */
# define  BIOLOGY
# undef  FLOATS
# undef  STATIONS
# undef  PASSIVE_TRACER
# undef  SEDIMENT
# undef  BBL
```

d) En *cppdefs.h* "define PISCES" y recuerde que hay que "undef BIO\_BioEBUS"

```
/* Choice of Biology models */
# ifdef  BIOLOGY
# define  PISCES
# undef  BIO_NChlPZD
# undef  BIO_N2ChlPZD2
# undef  BIO_BioEBUS
```

Ahora compilemos el modelo con:

```
ml purge
ml intel/2019b
ml netCDF-Fortran/4.4.4
./jobcomp
```

e) Lanzar la simulación de acuerdo con las instrucciones del Tutorial\_01, sección 8. Escribir desde el escritorio de trabajo **BENGUELA\_LR**

```
sbatch run_nlhpc.bash
```

f) Archivos de salida:

```
croco_avg.nc
croco_his.nc
croco_rst.nc
```

Versión 1.0 Actualizado 25 Enero 2021

*croco\_diabio\_avg.nc*  
*croco\_diabio.nc*  
*croco\_frcbio.nc*

g) Para visualizar las salidas seguir instrucciones indicadas en Tutorial\_01, sección 10:

- **ncdump**, podremos ver la información en el archivo **croco\_avg.nc**

```
ml purge  
ml netCDF-Fortran/4.4.4  
ncdump -h CROCO_FILES/croco_avg.nc | less
```

- **ncview**, podremos hacer una visualización previa de **croco\_avg.nc**

```
ml purge  
ml icc/2019.2.187-GCC-8.2.0-2.31.1 impi/2019.2.185 ncview/2.1.7  
ncview CROCO_FILES/croco_avg.nc
```

h) Si abrimos **croco\_avg.nc** con **ncview**, deberían ver lo siguiente:

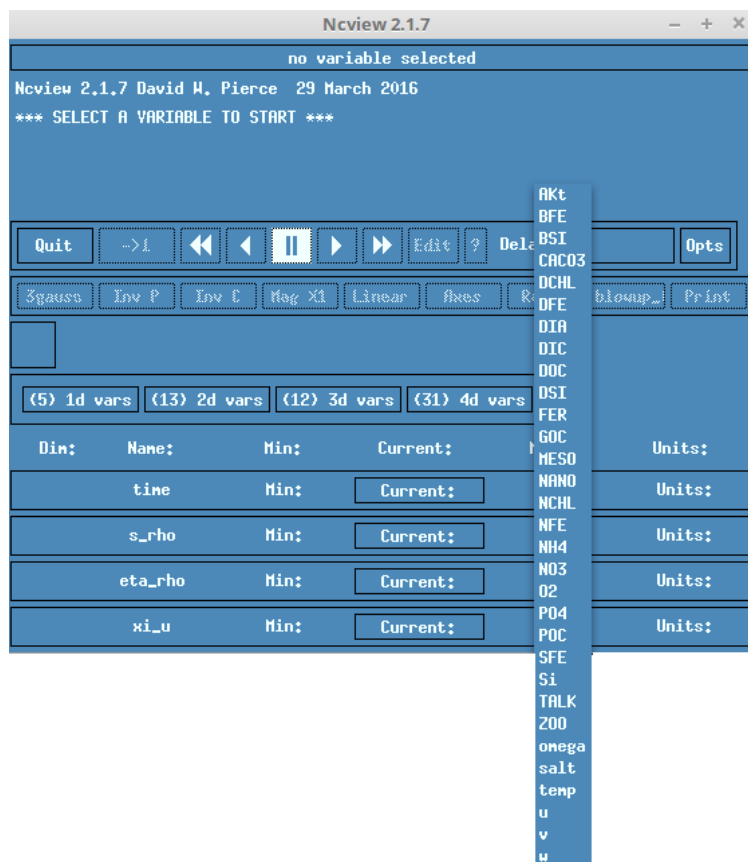


Figura 1: Interfaz gráfica de ncview señalando las variables obtenidas de croco-pisces (temp, salt, u, v y w) y variables biogeoquímicas de pisces (CaCO<sub>3</sub>, DCHL, NO<sub>3</sub>, DFE, etc).

i) Si marcamos NO<sub>3</sub>, veríamos lo siguiente

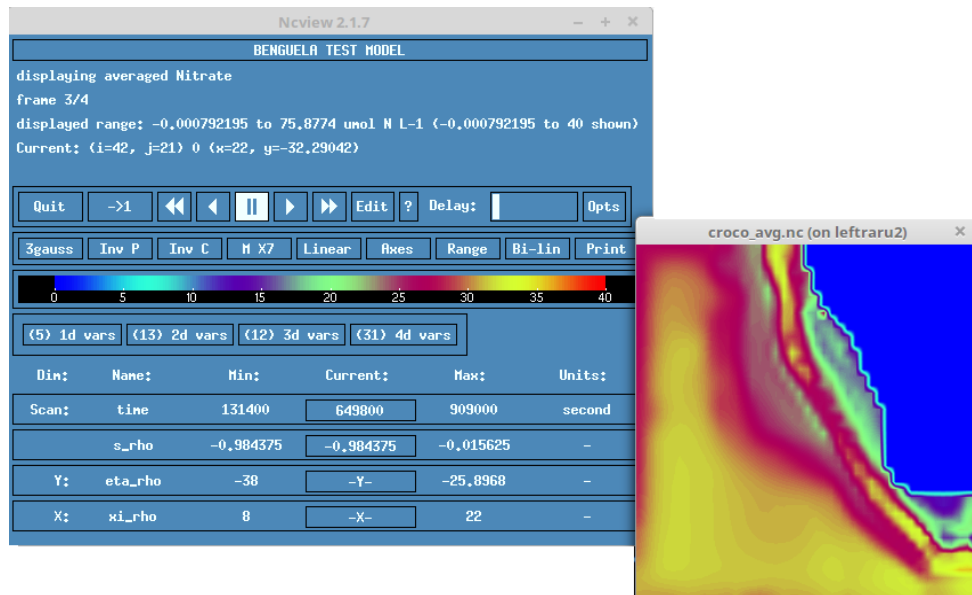


Figura 2: Nitrato a nivel superficial (niveles sigma).

j) Si abrimos **croco\_diablo\_avg.nc** con ncview, deberían ver lo siguiente:

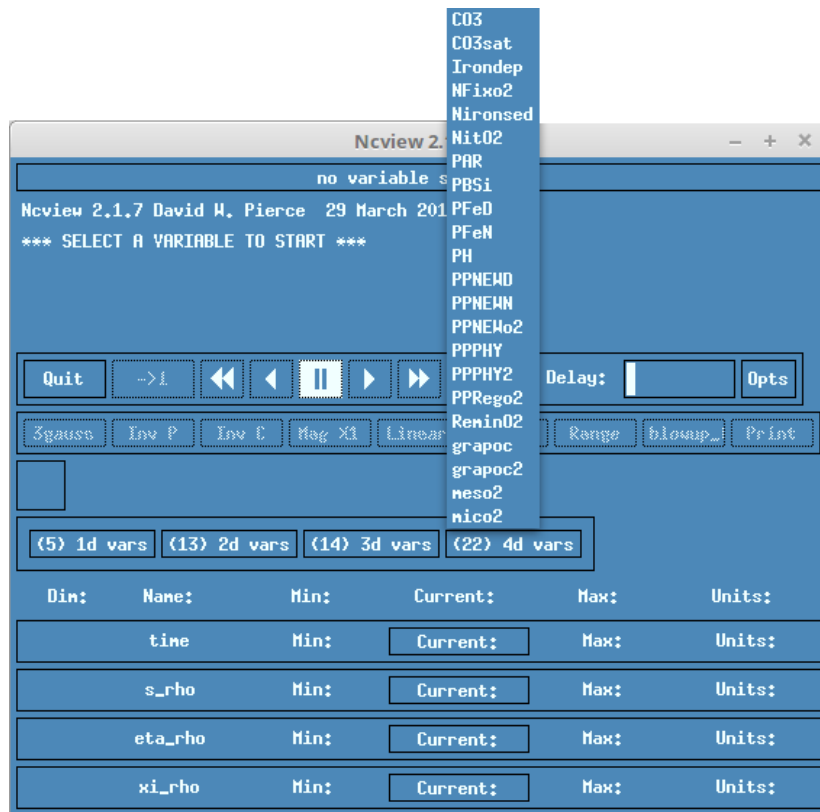


Figura 3: Interfaz gráfica de ncview señalando las variables Diagnósticas obtenidas de PISCES.

k) Si abrimos **croco\_frcbio\_avg.nc** con ncview, deberían ver lo siguiente:

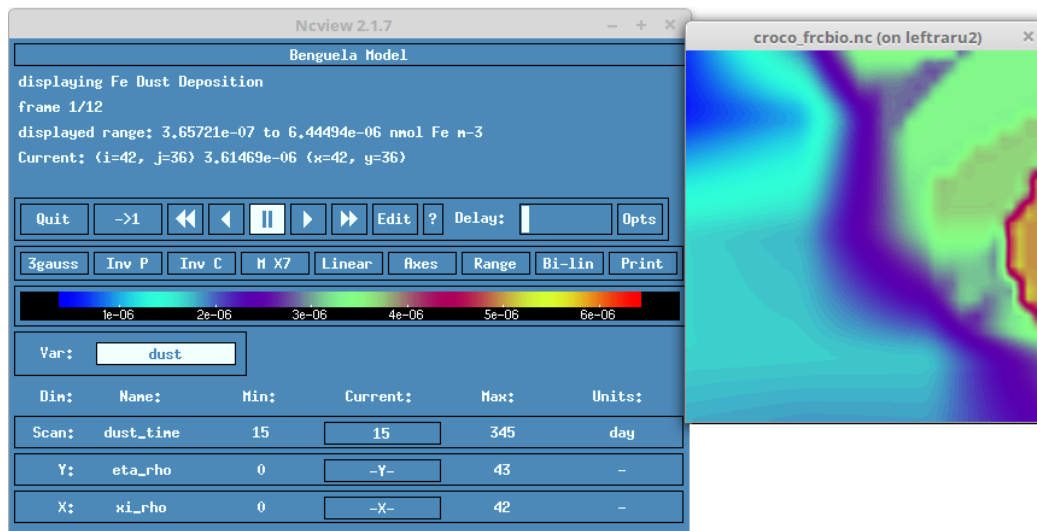


Figura 4: Deposición de Fe atmosférico

**\*\* croco\_frcbio\_avg.nc es un forzante (archivo de entrada) de deposición atmosférica de Fe (no es una salida de PISCES) \*\***

### 3.1.- Visualización de las salidas

#### Objetivo general:

Para visualizar los resultados de las simulaciones que realizarán a lo largo de esta sesión, pueden utilizar el producto Ferret (PyFerret v7.63).

Este ambiente de visualización es particularmente conveniente y rápido para explorar las variables generadas en los archivos netcdf.

Para cargar Ferret, debemos escribir:

`ml Miniconda3/4.5.12`

`conda activate FERRET`

`conda init bash`

*\*Cerrar sesión y loguearse nuevamente con el usuario\**

Ejecutar: `conda activate FERRET`

Ejecutar: `pyferret`

Deberán ver lo siguiente:

```
(FERRET) student12@leftraru2:~/croco/croco/BENGUELA_LR/ferret_scripts$ conda activate FERRET
(FERRET) student12@leftraru2:~/croco/croco/BENGUELA_LR/ferret_scripts$ pyferret
NOAA/PMEL TMAP
PyFerret v7.63 (optimized)
Linux 4.15.0-1096-azure - 10/13/20
13-Jan-21 19:05
yes? 
```

#### I) Actividad 1

##### a) Análisis exploratorio de variables superficiales:

- A partir del archivo `croco_avg.nc` obtenido desde la simulación CROCO-PISCES en la Configuración BENGUELA\_LR, realizar las siguientes figuras para el tiempo  $t=1d$  y  $t=30d$ :  $NO_3$ , Clorofila total, Diatomeas, Nanofitoplancton, Mesozooplancton, Microzooplancton,  $PO_4$  y Oxígeno.
- Ejemplo de figura a obtener (script: `comp_varsurf_run1_run2.jnl`)

a)

\_\_\_\_\_

b)

\_\_\_\_\_

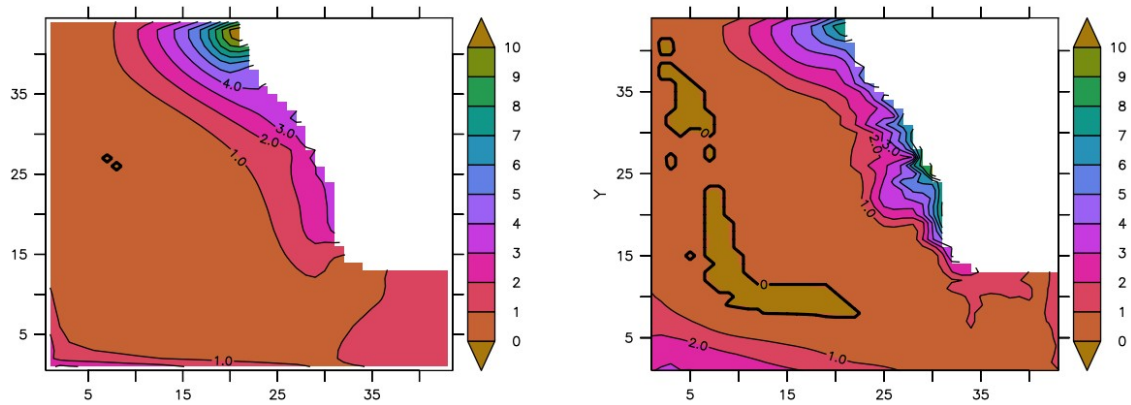


Figura 5: Nitrato superficial t=1 (a) y t=30 (b)

b) Análisis exploratorio de secciones longitudinales en 30°S (fig. 5 señala transecta)

- A partir del archivo croco\_avg.nc obtenido desde la simulación CROCOPISCES en la Configuración BENGUELA\_LR, realizar las siguientes figuras para el tiempo t=30d: NO<sub>3</sub>, Clorofila total (DCHL+NCHL), Clorofila en nanofitoplancton (NCHL), Clorofila en diatomeas (DCHL), Diatomeas y nanofitoplancton.
- Ejemplo de figuras a obtener (script: sect\_xz\_var\_croco.jnl)

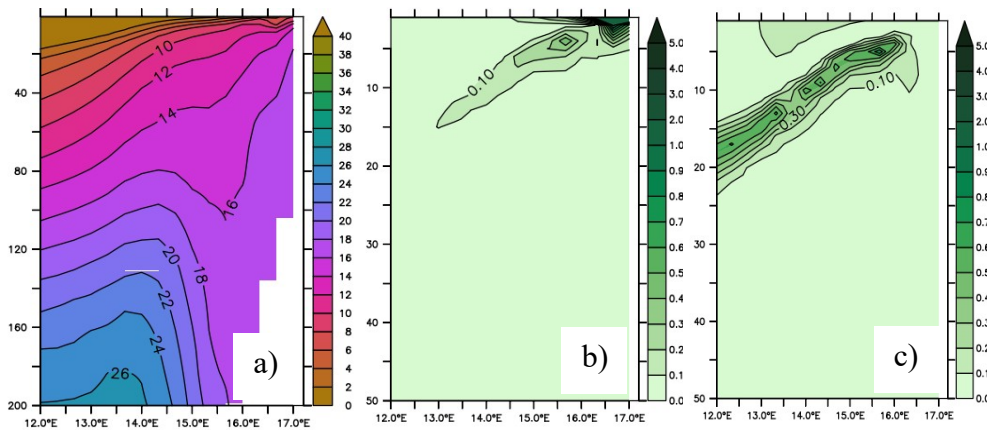


Figura 6: Sección en 30°S, Nitrato (a), DCHL (b) y NCHL (c) en t=30.

II) Actividad 2:

a) Test de sensibilidad con Fe:

- Abrir namelist\_pisces\_ref y modificar **ln\_ironsed =.false.** (ref=.true.)

```

!
&namlistbc      ! parameters for inputs deposition
!
! ,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,
ln_dust         = .true.   ! boolean for dust input from the atmosphere
ln_river        = .false.  ! boolean for river input of nutrients
ln_ndepo        = .false.  ! boolean for atmospheric deposition of N
ln_ironsed      = .true.   ! boolean for Fe input from sediments
sedfeinput      = 2E-9     ! Coastal release of Iron
dustsolub       = 0.014    ! Solubility of the dust
mfrac           = 0.035    ! Fe mineral fraction of dust
wdust           = 2.0      ! Dust sinking speed

```



- correr la simulación nuevamente
- sbatch run\_nlhpc.bash**

b) Obtendrán nuevamente los archivos:

- [croco\\_avg.nc](#)
- [croco\\_his.nc](#)
- [croco\\_rst.nc](#)
- [croco\\_diabio\\_avg.nc](#)
- [croco\\_diabio.nc](#)

**\*\*No olviden respaldar primera simulación\*\***

c) A partir de los archivos obtenidos al desactivar el input de Fe desde los sedimentos, realizar los siguientes gráficos superficiales para t=30:

- 1.- Clorofila simulación estándar/ Clorofila nueva simulación - Clorofila estándar (diferencia)
- 2.- Fe simulación estándar/ Fe nueva simulación-Fe estándar (diferencia)
- 3.- Diatomeas nueva simulación-Diatomeas estándar (diferencia)
- 4.- Nanofitoplancton nueva sim-Nanofitoplancton estándar (diferencia)
- 5.- Mesozooplancton nueva sim-Mesozooplancton estándar (diferencia)
- 6.- Microzooplancton nueva sim-Microzooplancton estándar (diferencia)

- Ejemplo de figura a obtener (script: comp\_nofesed\_surf\_run1\_run2.jnl)

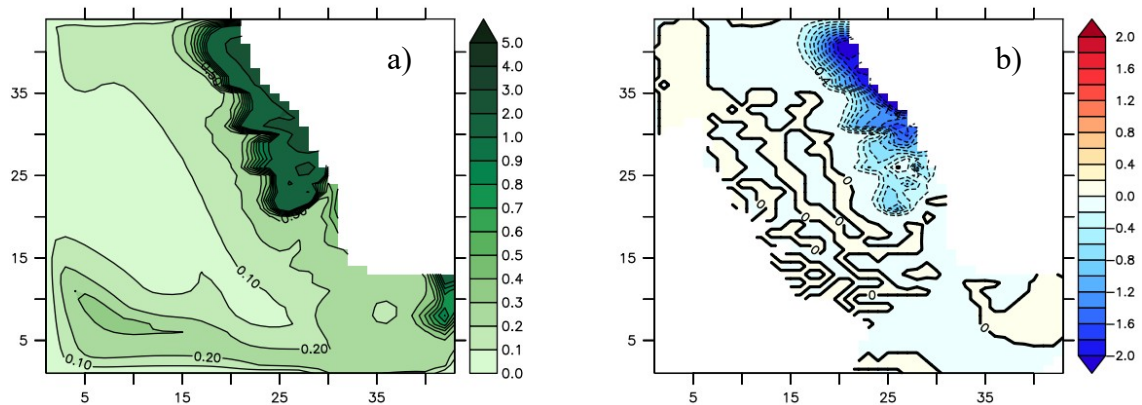


Figura 7: Clorofila estándar (a) y Clorofila nueva simulación - Clorofila estándar (b)

**\*\* No olviden respaldar esta simulación \*\***

### III) Actividad 3

a) Test de sensibilidad: Input de ríos (Nitrato y Salinidad)

- A través de este ejercicio utilizaremos una prueba “extrema” en la cual las descargas de los ríos de la zona se han multiplicado por 1000, los valores de nitrato por 100 y los valores de salinidad de los ríos = 0. Observaremos que se



6) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco\_avg.nc** y realizar las siguientes figuras en el campo superficial con  $t=30$

- SSS simulación estándar/SSS (runoff) - SSS simulación estándar (diferencia)
- SSS simulación estándar con vectores de velocidad/SSS (runoff) con vectores-SSS simulación estándar con vectores (diferencia)
- $\text{NO}_3$  simulación estándar/  $\text{NO}_3$  (runoff) –  $\text{NO}_3$  simulación estándar (diferencia)
- Clorofila total simulación estándar/ Clorofila (runoff) – Clorofila simulación estándar (diferencia)
- DCHL simulación estándar/ DCHL (runoff) – DCHL simulación estándar (diferencia)
- NCHL simulación estándar/ NCHL (runoff) – NCHL simulación estándar (diferencia)
- Sílice simulación estándar/ Sílice (runoff) – Sílice simulación estándar (diferencia)
- Mesozooplankton simulación estándar/ Mesozoo (runoff) – Mesozoo simulación estándar (diferencia)
- Microzooplankton simulación estándar/ Microzoo (runoff) – Microzoo simulación estándar (diferencia)
- Ejemplo de figura a obtener (scripts: comp\_varsurf\_runoff\_run1\_run2.jnl y plot\_xy\_varuvsurf.jnl)

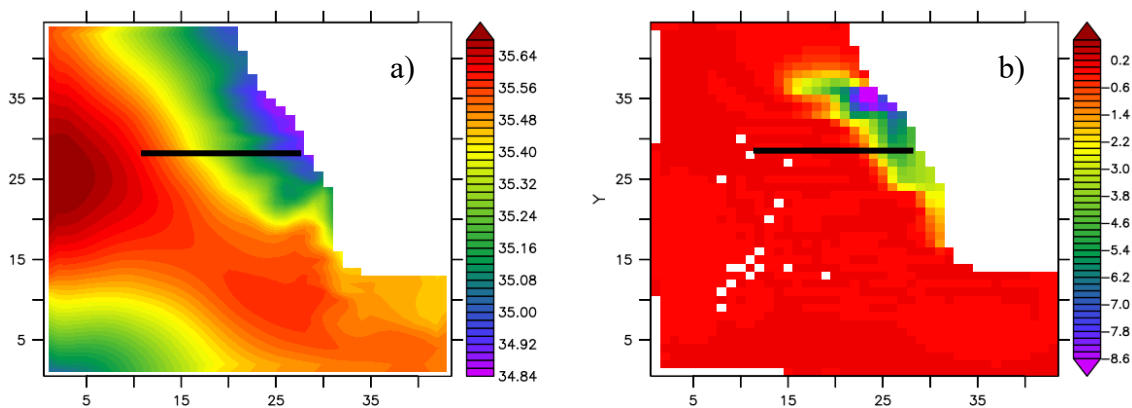


Figura 8: SSS simulación estándar (a) y SSS (runoff)-SSS estándar (b)

7) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco\_avg.nc** y realizar las siguientes secciones longitudinales en  $30^\circ\text{S}$  con  $t=30$

- Salinidad estándar/Salinidad runoff/Salinidad runoff – Salinidad estándar (diferencia)
- Nitrato estándar/Nitrato runoff/Nitrato runoff – Nitrato estándar (diferencia)

- Ejemplo de la figura a obtener (script: sect\_xz\_dif\_var\_croco.jnl)

a)

b)

c)

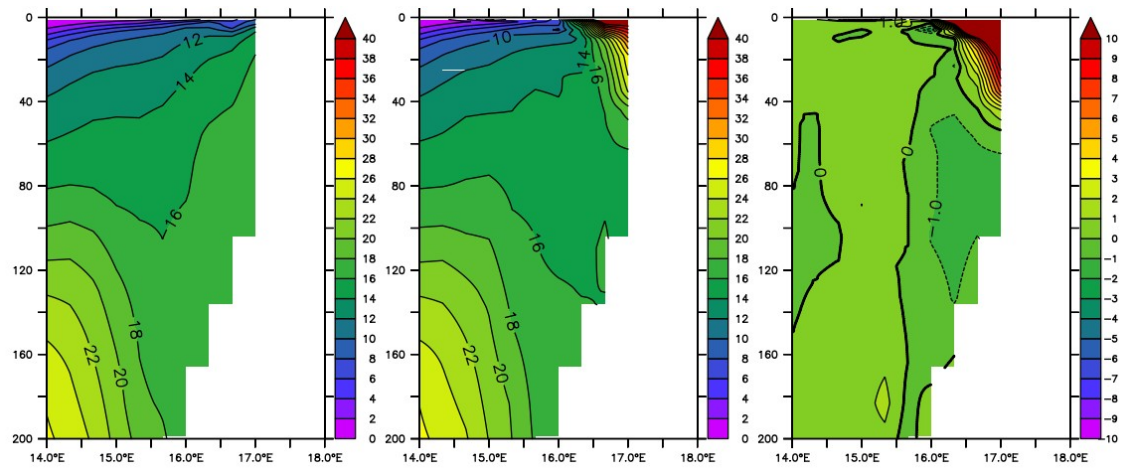


Figura 9: Sección en 30°S de NO<sub>3</sub> estándar (a), NO<sub>3</sub> runoff (b) y NO<sub>3</sub> runoff-NO<sub>3</sub> estándar (c)

8) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco\_avg.nc** y realizar las siguientes secciones longitudinales en 29°S con t=30

- V estándar/V runoff/ V runoff – V estándar (diferencia)
- DCHL estándar/DCHL runoff/DCHL runoff – DCHL estándar (diferencia)
- Sílice estándar/Sílice runoff/Sílice runoff – Sílice estándar (diferencia)