

Tutorial 03 PISCES

Sesiones práctica
26 de enero 2021

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

1.- Práctica 2

Objetivo general:

Realizar experimentos de sensibilidad cambiando los valores de algunos parámetros de PISCES y observar como estas modificaciones, afectan a las distintas variables en el modelo.

I) Actividad 1:

Experimento1, cambio de parámetro **pislopen** (pendiente inicial de la curva PI en nanofitoplancton)

a) Para desarrollar esta actividad, abrir *namelist_pisces_ref* y aumentar valor en 50%. El valor de referencia es 2, por lo tanto su nuevo valor debe ser 3.

```
-----  
&namelist4zprod      ! parameters for phytoplankton growth for PISCES std - ln_p4z  
-----  
!  
!  pislopen  =  2.      ! P-I slope  
!  pisloped  =  2.      ! P-I slope for diatoms  
!  xadap     =  0.      ! Adaptation factor to low light  
!  excretn   =  0.05    ! excretion ratio of phytoplankton  
!  excretd   =  0.05    ! excretion ratio of diatoms  
!  bresp     =  0.033   ! Basal respiration rate  
!  chlcnm    =  0.033   ! Maximum Chl/C in nanophytoplankton  
!  chlcdm    =  0.05    ! Maximum Chl/C in diatoms  
!  chlcmn    =  0.004   ! Minimum Chl/c in phytoplankton  
!  fecnm     =  80E-6   ! Maximum Fe/C in nanophytoplankton  
!  fecdm     =  80E-6   ! Maximum Fe/C in diatoms  
!  grosip    =  0.159   ! mean Si/C ratio  
/
```

b) 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

c) Obtendrán nuevamente los archivos:

- [croco_avg.nc](#)
- [croco_his.nc](#)
- [croco_rst.nc](#)

Versión 1.0 Actualizado 25 Enero 2021

- *croco_diabio_avg.nc*
- *croco_diabio.nc*

d) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco_avg.nc** y realizar las siguientes figuras en el campo superficial con t=30:

- Clorofila pislopen (+)/ Clorofila pislopen(+) - Clorofila estándar (diferencia).
- Nitrato pislopen (+)/ Nitrato pislopen(+) - Nitrato estándar (diferencia).
- Figura que deberían obtener (script: comp_nofesed_surf_run1_run2.jnl):

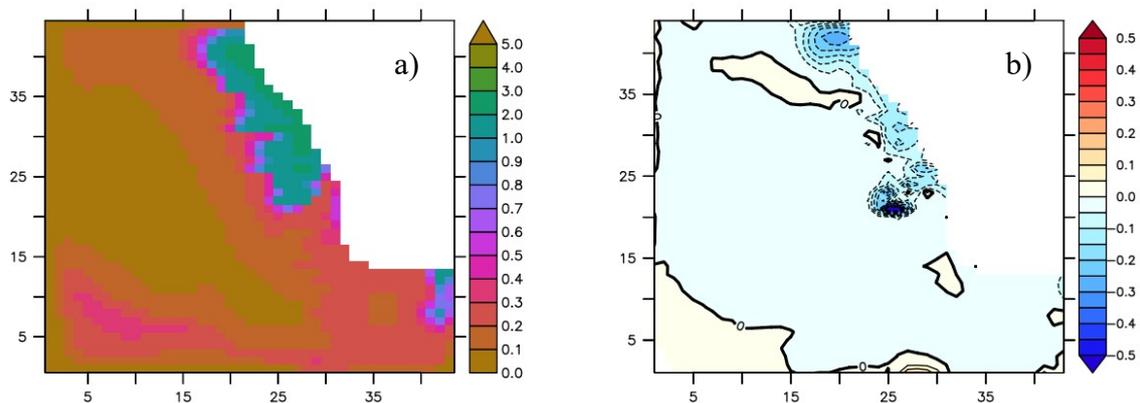


Figura 10: Clorofila pislopen (+) (a) y Clorofila pislopen (+) - Clorofila estándar (diferencia) (b)

e) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco_avg.nc** y realizar las siguientes secciones en 30°S con t=30:

- Clorofila estándar/ Clorofila pislopen (+)/ Clorofila pislopen (+) - Clorofila estándar (diferencia)

**** No olvide guardar la simulación con cambios en pislopen (+ 50%) ****

II) Actividad 2:

Experimento 2, cambio de parámetro **pislopen** (pendiente inicial de la curva PI en nanofitoplancton)

a) Para desarrollar esta actividad, abrir *namelist_pisces_ref* y disminuir el valor en 50%. El valor de referencia es 2, por lo tanto su nuevo valor debe ser 1.

```

!-----!
&name4zprod      ! parameters for phytoplankton growth for PISCES std - ln_p4z
!-----!
pislopen  = 2.      ! P-I slope
pisloped  = 2.      ! P-I slope for diatoms
xadap     = 0.      ! Adaptation factor to low light
excretn   = 0.05   ! excretion ratio of phytoplankton
excreted  = 0.05   ! excretion ratio of diatoms
bresp     = 0.033  ! Basal respiration rate
chlcnm    = 0.033  ! Maximum Chl/C in nanophytoplankton
chlcdm    = 0.05   ! Maximum Chl/C in diatoms
chlcmin   = 0.004  ! Minimum Chl/c in phytoplankton
fecnm     = 80E-6  ! Maximum Fe/C in nanophytoplankton
fecdm     = 80E-6  ! Maximum Fe/C in diatoms
grosip    = 0.159  ! mean Si/C ratio
/

```

b) 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

c) Obtendrán nuevamente los archivos:

- [croco_avg.nc](#)
- [croco_his.nc](#)
- [croco_rst.nc](#)
- [croco_diabio_avg.nc](#)
- [croco_diabio.nc](#)

d) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco_avg.nc** y realizar las siguientes figuras en el campo superficial con t=30:

- Clorofila pislopen (-) / Clorofila pislopen(-) - Clorofila estándar (diferencia).
- Nitrato pislopen (-) / Nitrato pislopen(-) - Nitrato estándar (diferencia).
- DCHL pislopen (-) / DCHL pislopen(-) - NCHL estándar (diferencia).
- NCHL pislopen (-) / NCHL pislopen(-) - NCHL estándar (diferencia).

e) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco_avg.nc** y realizar las siguientes secciones en 30°S con t=30:

- Clorofila estándar/Clorofila pislopen (-)/Clorofila pislopen (-) - Clorofila estándar (diferencia)
- NO₃ estándar/ NO₃ pislopen (-)/ NO₃ pislopen (-) - NO₃ estándar (diferencia)
- GOC estándar/ GOC pislopen (-)/ GOC pislopen (-) - GOC estándar (diferencia)
- POC estándar/ POC pislopen (-)/ POC pislopen (-) - POC estándar (diferencia)
- O₂ estándar/ O₂ pislopen (-)/ O₂ pislopen (-) - O₂ estándar (diferencia)

**** No olvide guardar la simulación con cambios en pislopen (- 50%) ****

III) Actividad 3:

Experimento 3, cambio de parámetro **concdno3** (constante de saturación media para Nitrato en diatomeas)

a) Para desarrollar esta actividad, abrir *namelist_pisces_ref* y disminuir el valor en 50%. El valor de referencia es 3.E-6, por lo tanto su nuevo valor debe ser 2.E-6.

```
&nam4zlim      !   parameters for nutrient limitations
!,,,,,,,,,,,,,
concnno3      = 1.e-6   ! Nitrate half saturation of nanophytoplankton
concdno3      = 3.E-6   ! Nitrate half saturation for diatoms
concnnh4      = 1.E-7   ! NH4 half saturation for phyto
concdnh4      = 3.E-7   ! NH4 half saturation for diatoms
```

b) 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

c) Obtendrán nuevamente los archivos:

- *croco_avg.nc*
- *croco_his.nc*
- *croco_rst.nc*
- *croco_diablo_avg.nc*
- *croco_diablo.nc*

d) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco_avg.nc** y realizar las siguientes figuras en el campo superficial con t=30:

- Clorofila concdno3 (-) / Clorofila concdno3 (-) - Clorofila estándar (diferencia).
- Nitrato concdno3 (-) / Nitrato concdno3 (-) - Nitrato estándar (diferencia).
- DCHL concdno3 (-) / DCHL concdno3 (-) - NCHL estándar (diferencia).

e) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco_avg.nc** y realizar las siguientes secciones en 33°S con t=30:

- Clorofila estándar/Clorofila concdno3 (-)/ Clorofila concdno3 (-) - Clorofila estándar (diferencia)
- NO₃ estándar/ NO₃ concdno3 (-)/ NO₃ concdno3 (-) - NO₃ estándar (diferencia)

**** No olvide guardar la simulación con cambios en concdno3 (- 50%) ****

IV) Actividad 4:

Experimento 4, cambio de parámetro **grazrat2** (grazing de mesozooplancton)

a) Para desarrollar esta actividad, abrir *namelist_pisces_ref* y disminuir el valor en 50%. El valor de referencia es 0.75, por lo tanto su nuevo valor debe ser 0.4.

```
-----  
&name4zmes      !   parameters for mesozooplankton for PISCES std      - ln_p4z  
-----  
part2           = 0.75      ! part of calcite not dissolved in mesozoo guts  
grazrat2        = 0.75      ! maximal mesozoo grazing rate  
resrat2         = 0.005     ! exsudation rate of mesozooplankton  
mzrat2          = 0.03      ! mesozooplankton mortality rate  
xpref2d         = 1.        ! mesozoo preference for diatoms  
xpref2n         = 0.3       ! mesozoo preference for nanophyto.  
xpref2z         = 1.        ! mesozoo preference for microzoo.
```

b) 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

c) Obtendrán nuevamente los archivos:

- [croco_avg.nc](#)
- [croco_his.nc](#)
- [croco_rst.nc](#)
- [croco_diabio_avg.nc](#)
- [croco_diabio.nc](#)

d) A partir de los nuevos archivos netcdf obtenidos, utilizar **croco_avg.nc** y realizar las siguientes figuras en el campo superficial con t=30:

- Diatomeas grazrat2 (-) / Diatomeas grazrat2 (-) - Diatomeas estándar (diferencia).
- Nitrato grazrat2 (-) / Nitrato grazrat2 (-) - Nitrato estándar (diferencia).
- Mesozooplancton grazrat2 (-) / Mesozooplancton grazrat2 (-) - Mesozooplancton estándar (diferencia).
- Microzooplancton grazrat2 (-) / Microzooplancton grazrat2 (-) - Microzooplancton estándar (diferencia).
- Ejemplo de figura a obtener (script: comp_nofesed_surf_run1_run2.jnl):

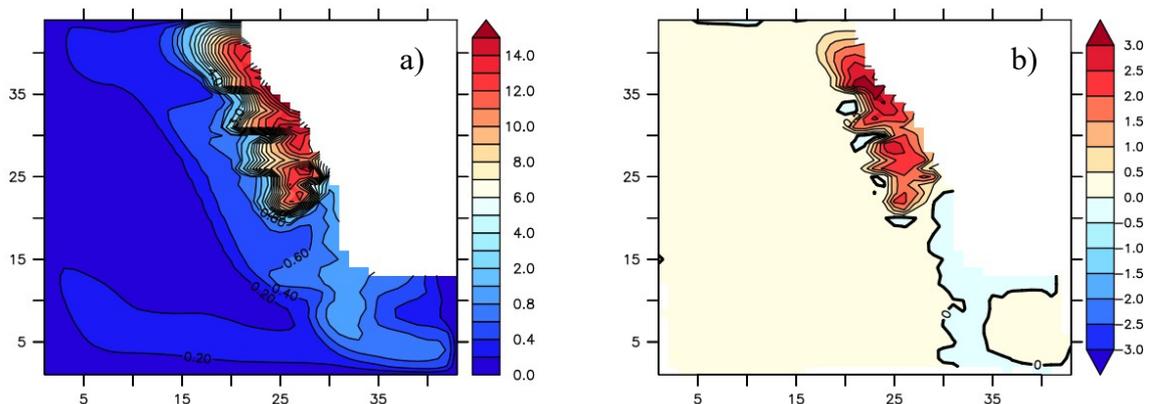


Figura 11: Diatomeas grazrat2 (a) y Diatomeas grazrat2- Diatomeas estándar (diferencia) (b)

*** No olvide guardar la simulación con cambios en grazrat2 (- 50%) ***