

Espace poral du sol : modélisation et simulation

Babacar Leye

Université Gaston Berger

Laboratoire LANI

leyebabacar@yahoo.fr

Ndeye Fatou NGOM

Ecole Polytechnique de Thies

Laboratoire LTISI

fngom@ept.sn

Olivier Monga

IRD Bondy

UMMISCO

olivier.monga@ird.fr

Patricia Garnier

INRA Grignon

UMR 1091 ECG

pgarnier@grignon.inra.fr

Abstract

This paper investigate the representation of 3D soil structures and the simulation of microbial decomposition of organic matter in pore space using geometrical primitives computed from CT images. The basic concept involves representing the volume shape by a piecewise approximation using simple volume primitives. The repartition of micro-organisms and organic matter is defined using these primitives. We present experimental results on real data that show clearly the influence of 3D soil structure on biological process.

Keywords : soil microstructure, computed tomography, pore space, Geometrical modeling, skeleton, Biological dynamic simulation.

Résumé

Nous présentons un modèle de représentation d'images volumiques de structures du sol avec une application à la simulation de la dynamique biologique. Notre modèle s'appuie sur une approximation par morceaux de la forme par des primitives simples. Cette dernière représentation est ensuite utilisée pour simuler de la répartition de la matière organique et des microorganismes sur dans le sol en utilisant des données réelles d'images tomographiques du sol. Les simulations et tests réalisés permettent d'affirmer l'existence de l'influence de la structure du sol sur les processus biologique.

Mots clés : structure du sol, images tomographiques, espace poral, Modélisation géométrique, squelette, simulation de la dynamique biologique.

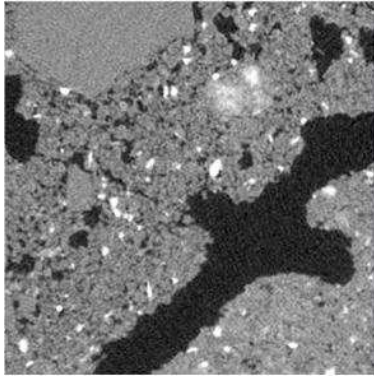
I. INTRODUCTION

L'ESPACE poral du sol est défini par la fraction, non occupée par les grains solides, qui permet le déroulement de processus de transfert et le développement d'organismes biologiques. La structure de cet espace a donc une forte influence sur l'ensemble des propriétés du sol (Monga et al, 2009; Blunt et 2013; Nguyen-Ngoc et al 2013; Vogel et al, 2015). Par conséquent, une analyse minutieuse de cette structure pourrait apporter des éléments de compréhension sur le fonctionnement hydrodynamique, biochimique et biologique du sol. Toutefois la description de la complexité de la structure du sol reste un problème ouvert. Deux approches sont généralement utilisées pour étudier directement la structure de l'espace poral du sol. La première consiste à analyser l'intrusion d'un fluide qui parcourt le réseau poreux c'est à dire analyser des courbes de rétention en eau ou des courbes de porosimètre à mercure sur des échan-

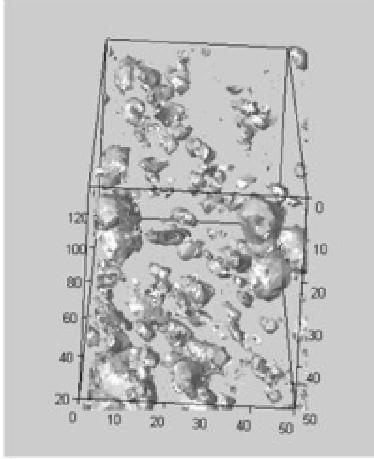
tillons non perturbés. La seconde consiste à décrire et quantifier son organisation par une analyse d'une représentation du réseau poreux à travers des images tridimensionnelles de l'échantillon. La première approche est assez délicate et les résultats ne sont pas souvent satisfaisants. Tandis que la seconde est moins contraignante, nécessite peu de moyens et permet par exemple d'observer directement l'écoulement de l'eau dans les macro-pores. Les capteurs actuel d'imagerie tomographique (Scanners X, résonance magnétique nucléaire) permettent l'obtention d'images volumiques de la structure tridimensionnelle du sol jusqu'au niveau microscopique (Monga et al, 2007; Peth et al, 2008, Ngom et al, 2012). L'espace poral peut être ensuite extraire par seuillage. Puis, une triangulation de Delaunay (Attali et al, 2007) est souvent utilisée pour décrire la forme de l'espace. Toutefois, nous sommes parfois amené à utiliser des millions de polygones dans le maillage afin de cerner la géométrie. Ainsi, des modèles volumiques sont souvent développés pour la description de l'espace poral. Les modèles réseaux par exemple permettent de représenter un objet volumique avec un ensemble de primitives géométriques distinctes liées par des relations d'adjacences (Vogel et al, 2001, Delerue et al, 2002; Monga et al, 2007).

Nous décrivons dans ce papier une méthode de description volumique d'un espace poral sur lequel nous pouvons nous appuyer pour mener des simulations dans le réseau poreux. La construction du modèle intègre une phase d'approximation de l'espace poral par un nombre minimum de boules suivie d'une procédure de segmentation en sous ensembles de boules simplement connexes. Cette caractérisation volumique est ensuite utilisée pour simuler la décomposition de la matière organique. Une représentation volumique similaire couplé à un modèle à base d'agents a été utilisé, dans (Monga et al, 2008), pour étudier la décomposition de la matière organique. Toutefois, le modèle résultant ne permettait pas de prendre en compte les processus de diffusion. Cette lacune est résolu avec une approche à base d'équations aux dérivées partielles. Ainsi, dans ce papier la simulation de l'interaction entre la matière organique du sol, les microorganismes et la structure du sol est guidée par un système d'équations aux dérivées partielles de réaction diffusion. Le modèle de représentation volumique et de simulation dynamique est appliqué à des données réelles d'images tomographiques du sol.

La section II présente les données à la base des illustrations de ce papier. La section III introduit le modèle de représentation volumique. La section IV présente



(a) Image tomographique 2D



(b) Superposition de 100 coupes de Grassland

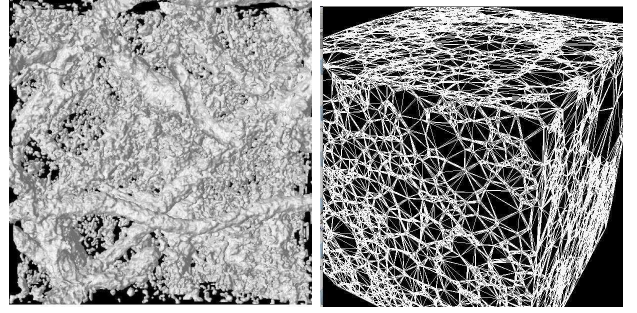
FIGURE 1. Reconstruction sous forme d'un ensemble de voxels

le modèle de répartition de la matière organique et des micro-organismes. La section V expose les résultats expérimentaux. La section VI donne une conclusion et fournit quelques perspectives.

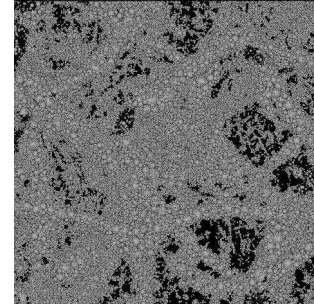
II. LES DONNÉES

Nous avons travaillé sur des images tomographiques de deux échantillons de sol réels qui ont des caractéristiques différentes (Peth et al, 2008). Le premier est un échantillon de sol de labour, que nous nommons *ConvT*, et le second un échantillon de sol de prairie que nous nommons *Grassland*.

La taille de l'image qui a été extraite du tomographe est de $400 * 400 * 400$ voxels. La résolution des images est de $3.214\mu m$ pour le *ConvT* et $5.403\mu m$ pour le *Grassland*. Le rapport de la longueur sur le volume de l'image est de $1.286 * 10^{-3}m / 2.13 * 10^{-9}m^3$ pour le *ConvT* et $2.161 * 10^{-3}m / 10.1 * 10^{-9}m^3$ pour le *Grassland*. Les images tomographiques sont illustrées par la figure 1.



(a) Voxels de l'échantillon Grassland (b) Vue en perspective d'une représentation de Grassland obtenue avec 11089294 tétraèdres calculés sur 1756017 voxels



(c) Boules de l'échantillon de sol Grassland

FIGURE 2. Espace poral et triangulation de Delaunay

III. APPROXIMATION D'UNE FORME VOLUMIQUE PAR DES BOULES MAXIMALES RECOUVRANT SON SQUELETTE

Le squelette fournit une représentation simplifiée et compacte des objets. Blum (Blum, 1967) le compare au lieu d'extinction des fronts enflammé, si simultanément au départ tous les points qui constituent les contours avaient été enflammés. Formellement, le squelette est défini comme l'ensemble des centres des boules maximales. Une boule maximale est une boule incluse dans la forme et qui n'est incluse dans aucune autre boule incluse dans la forme. Cependant une boule maximale peut être incluse dans l'union de plusieurs autres boules incluses dans la forme. Ainsi, on peut enlever les boules qui n'influencent pas sur la topologie afin d'avoir un ensemble minimum de boules maximales qui caractérisent cette topologie. Nous chercherons dans cette section à trouver une approximation par un ensemble boules maximales recouvrant le squelette de la forme telle que chaque boule soit tangente aux boules voisines.

A. Existence d'un recouvrement minimal

Comme nous travaillons avec données discrètes, il est toujours possible d'extraire un ensemble fini de boules recouvrant le squelette. Cependant, l'ensemble minimal peut ne pas être unique. Néanmoins l'ensemble des recouvrements minimum sont homéomorphes (Attali et al, 2007). De plus, en cherchant toujours les recouvrements avec les

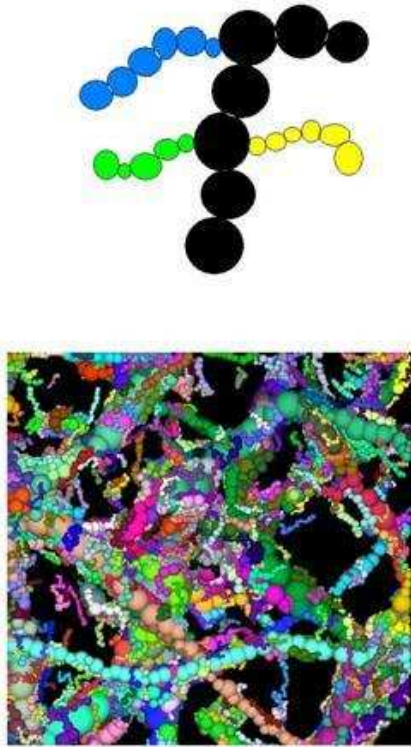


FIGURE 3. Illustration des chaînes de boules : les chaînes de boules sont les boules qui ont la même couleur (Ngom et al, 2012)

plus grosses boules, on peut avoir un recouvrement optimal par des boules maximales de la forme.

B. Calcul des boules maximales

Les boules maximales d'une forme volumique sont obtenues à partir de la triangulation de Delaunay (Figure II) des points de sa frontière. En effet, chaque tétraèdre de cette triangulation est associé à une boule passant par ses quatre sommets. Cette boule appelé souvent boule de Delaunay est une boule maximale. L'ensemble des centres des boules maximales obtenues représente le squelette.

C. Calcul du recouvrement minimal

Ayant obtenu l'ensemble des boules maximales, le recouvrement minimum du squelette s'obtient de la manière suivante : (1) retenir les boules de Delaunay dans une liste S , (2) trier les boules dans un ordre décroissant en fonction de leur rayon, (3) faire tendre t vers 0 où t est un seuil définissant la valeur maximale de l'intersection entre deux boules (4) sortir de S la tête de la liste ie la boule de rayon maximale M , (5) calculer l'intersection de M avec toutes les boules de S . Soit l la valeur maximale de cette intersection de M avec les boules de S , (6) si l est inférieur à t , mettre M dans la liste finale des boules de S , (7) si la liste S n'est pas vide, aller à 4, (7) si l'union de tous les boules contient tous les points du squelette, alors arrêter le processus, (8) sinon, poser $t = t + 1$ et aller à 4.

Cet algorithme calcule une approximation acceptable du recouvrement du squelette. La liste finale contient au moins 90% des points du squelette.

D. Décomposition en ensemble de boules simplement connexes

Dans la section précédente nous avons décrit une manière d'ajuster une forme par un nombre minimum de boules recouvrant son squelette. Dans cette partie, nous allons segmenter cet ensemble de boules par des chaînes de boules simplement connexes. Nous appelons chaîne de boules simplement connexe un ensemble C de boules telle que : (i) chaque boule de C a au plus deux voisins dans C , (ii) il y a uniquement deux boules de C qui ont un voisin, (ii) si une boule est retiré de C , alors C n'est plus une composante connexe. L'idée principale pour le calcul des chaînes consiste à former les chaînes suivant un critère de voisinage et de rayon des boules comme illustré par la figure 3.

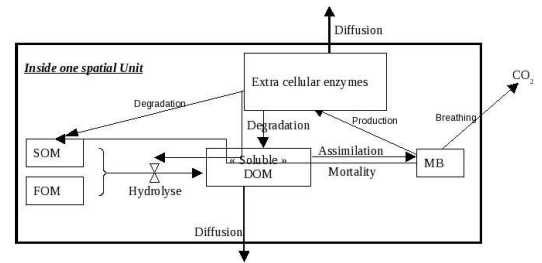


FIGURE 4. Schema de décomposition biologique (Schimel and Weintraub, 2002)

IV. SIMULATION DYNAMIQUE

Dans cette section nous décrivons une manière de s'appuyer sur le modèle volumique pour réaliser la simulation de la dynamique biologique de manière holistique.

A. Hypothèses

Nous supposons que l'espace poral $\Omega \subset \mathbb{R}^3$ est un ensemble de boules calculé à partir du modèle décrit dans la section III.

Les différentes étapes du processus biologiques sont résumées par la Figure 4. La construction du modèle de décomposition s'appuie sur les hypothèses suivantes

- le processus de décomposition fait intervenir six paramètres : les micro-organismes (MB), la matière organique dissoute (DOM), la matière organique fraîche (FOM), la matière organique du sol (SOM), les enzymes (ENZ) et le CO₂.
- les micro-organismes secrètent les enzymes (ENZ) ; la FOM a une décomposition très rapide contrairement à celle de la SOM ; la SOM et la FOM produisent la DOM qui diffuse à travers l'eau dans le sol et qui est indispensable à la croissance des micro-organismes ; les enzymes dégradés et les micro-organismes morts sont transformés en SOM et DOM ; la respiration des

MB produit du CO2 (Schimel et al., 2002).

B. Présentation du modèle de décomposition

Soient $t \geq 0$ un paramètre temps et $x = (x_1, x_2, x_3)^t \in \Omega$ un point de l'espace. Soient $b(x, t)$, la densité des MB, $n(x, t)$ la densité de la DOM, $m_1(x, t)$ la densité de la SOM, $m_2(x, t)$ la densité de la FOM, $e(x, t)$ la densité d'enzymes et $c(x, t)$ la densité de CO2. Posons $\Omega_T = \Omega \times [0, T]$ avec $T > 0$ un paramètre temps. On déduit de la loi de conservation des masses et des hypothèses de la section précédente le système suivant :

$$\begin{cases} \text{variation de } b = \text{diffusion de } b + \text{croissance de } b - \text{mortalité} \\ \text{variation de } n = \text{diffusion de } n - \text{croissance de } b \\ \text{variation de } m_1 = \text{partie de mortalité de } b \\ \text{variation de } m_2 = \text{diffusion de } m_2 + \text{partie de mortalité de } b \\ \text{variation de } e = \text{diffusion de } e + \text{production de } e \\ \text{variation de } c = \text{diffusion de } c + \text{production de } c \end{cases} \quad (1)$$

Il découle de l'équation 1 le système aux dérivées partielles suivant

$$\begin{cases} \frac{\partial b}{\partial t} = D_b \Delta b + \left(\frac{k n}{K_b + n} - \mu - r - \nu \right) b, \\ \frac{\partial n}{\partial t} = D_n \Delta n + \frac{e}{K_m + e} (c_1 m_1 + c_2 m_2) - \frac{k n}{K_b + n} b + \alpha_1(\zeta) e + \alpha_2(\mu) b, \\ \frac{\partial m_1}{\partial t} = -\frac{c_1 e}{K_m + e} m_1 + (1 - \alpha_1(\zeta)) e + (1 - \alpha_2(\mu)) b, \\ \frac{\partial m_2}{\partial t} = -\frac{c_2 e}{K_m + e} m_2, \\ \frac{\partial e}{\partial t} = D_e \Delta e + \nu b - \zeta e, \\ \frac{\partial c}{\partial t} = D_c \Delta c + r b \end{cases} \quad (2)$$

Où D_b, D_n, D_e et D_c sont les coefficients de diffusions, k est la vitesse maximale de croissance, μ est la vitesse de mortalité, r est la vitesse de respiration des MB, K_b est la saturation, ν la vitesse de production d'enzymes, c_1 et c_2 la vitesse de transformation de la FOM en SOM, K_m est la constante de saturation de cette transformation. ζ est la vitesse de dégradation des enzymes. Nous avons ajouté les conditions d'homogénéités au bord de Neumann et les conditions initiales de Ω .

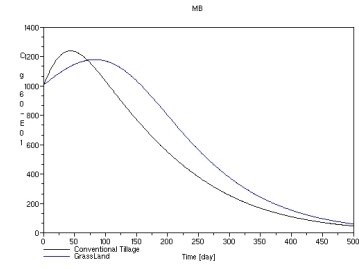
C. Résolution numérique

Après une simplification du système sous forme matricielle, la formulation variationnelle est résolue sur l'espace discret construit à partir du modèle volumique. La résolution du schéma numérique inclue une phase de discrétisation du problème par la méthode des éléments finis et une implémentation à l'aide du solver Freefem3D (<http://www.freefem.org/ff3d/>).

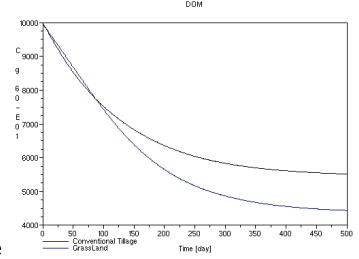
V. RÉSULTATS EXPÉRIMENTAUX

1 Modèles de représentation volumiques

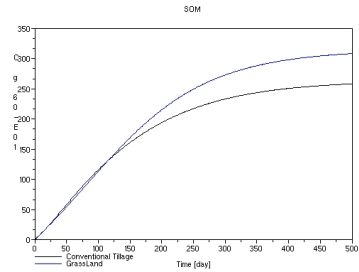
Le modèle a été testé sur des images tomographiques de données réelles de sols. Nous avons effectué un seuillage pour extraire l'espace poral. Nous avons ensuite calculé la triangulation 3D des points de la surface (Figure



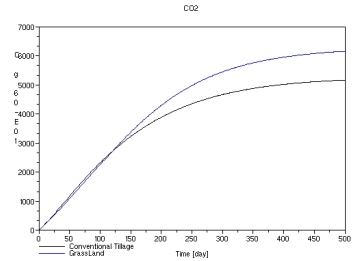
(a) Evolution de la croissance des microorganismes



(b) Evolution de la matière organique dissoute



(c) Evolution de SOM



(d) Evolution du CO2

FIGURE 5. Courbe d'évolution des microorganismes et de la matière organique dissoute

II) à l'aide de version simplifiée du code Tetmesh-GHS3D (George, 2004). Ensuite nous avons utilisé l'algorithme décrit dans la deuxième section pour calculer le recouvrement du squelette par des boules maximales. Les chaînes simplement connexes qui en résulte sont illustrées par la figure 3 (b).

A. Simulation dynamique

L'espace poral est supposé être totalement rempli d'eau afin que les réactions biologiques puissent avoir dans tout l'espace. Nous avons introduit initialement $1000\mu g$ de carbon-MB et $10000\mu g$ de carbon-DOM. Nous avons sup-

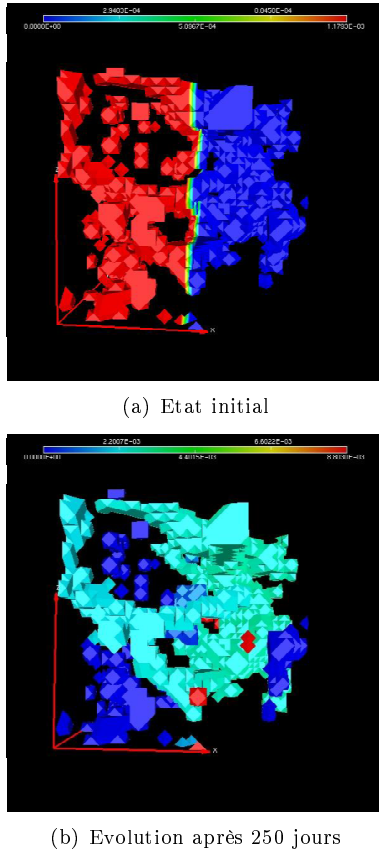


FIGURE 6. Courbe d'évolution spatiale du sol prairie

posé qu'il n'y avait pas initialement d'enzymes, de SOM, de FOM et de CO₂. Les microorganismes morts sont transformés en SOM et non en DOM. Les paramètres des microorganismes (Monga et al., 2008) sont $k = 0.7$ /par jour, $Kb = 0.264$ mg C /g, $\mu = 0.001$ /par jour, $r = 0.02$ /par jour. Le pas de temps dt a été fixé à 1 jour.

La distribution des microorganismes et de la matière organique a été initialement effectuée en fonction de la taille des pores. La matière organique dissoute a été mis dans les pores de rayons compris entre 5 et 10 μm et les microorganismes ont été mis dans les pores de rayons supérieur à 10 μm . La matière organique dissoute diffuse dans l'espace poral et est consommé par les microorganismes lorsqu'il est en contact avec eux.

Les résultats de l'évolution des paramètres du modèle sont illustrés par la Figure 5. La dynamique de croissance des microorganismes n'est pas la même pour les types de sol. La croissance est maximum vers 75 jours. Il n'y a plus de décomposition après 90 jours. Avec les mêmes conditions initiales, la décomposition de la matière organique est plus importante avec le sol de prairie (Grassland).

L'évolution spatiale de la décomposition de la matière organique après 250 jours est illustrée par la figure 6. La structure du sol et la distribution des microorganismes dans le sol jouent un rôle fondamentale dans la décomposition microbiologique de la matière organique.

VI. CONCLUSION

Nous avons présenté un modèle de représentation d'images volumiques par primitives géométriques simples. C'est une représentation hiérarchique qui fournit une description d'images tridimensionnelles. Elle préserve aussi la plupart des propriétés topologiques et géométriques. Nous avons appliqué à la caractérisation par des boules un modèle de simulation dynamique. La simulation nous a permis d'affirmer l'impact de la structure du sol sur l'activité biologique.

Comme perspectives nous travaillons à la généralisation du modèle avec l'utilisation d'autres primitives qui épousent plus la forme des galeries du sol. Ensuite nous envisageons d'utiliser cette représentation pour la simulation de l'activité biologique et des propriété hydro-chimique du sol à l'intérieur du réseau poreux à différents échelles.

RÉFÉRENCES

- [1] Attali, D., Boissonnat, J.-D., Edelsbrunner, H., 2007. *Stability and Computation of Medial Axes : a State of the Art Report*. In : Hamann, B., Moller, T., Russell, B. (Eds.), *Mathematical Foundations of Scientific Visualization, Computer Graphics, and Massive Data Exploration*. Springer
- [2] Blum, H., 1967. *A transformation for extracting new descriptors of shape*. In W. Wathen-Dumn, editor, *Models for the Perception of Speech and Visual Form*, pages 362-380, Cambridge, MA, MIT Press.
- [3] Blunt, J.M., Bijeljic, B., Dong, H., Gharbi, O., Iglauer, S., Mostaghimi, P., Paluszny, A., Pentland, C. Pore Scale imaging and modelling. *Advances in water resources*, 51 :197-216, 2013.
- [4] Moorehead Daryl L. and Sinsabaugh Robert L.S. A theoretical model of litter decay and microbial interaction. *Ecological Monographs*, 76(2) :151-174, 2006.
- [5] Delerue, J.F., Perrier, E.. *DXSoil, a library for 3D image analysis in soil science*. *Computers and Geosciences* 28 :1041-1050, 2002.
- [6] George, P.L., 2004. *Tetmesh-GHS3D, Tetrahedral Mesh Generator*. INRIA User's Manual, INRIA (Institut National de Recherche en Informatique et Automatique), Rocquencourt, France.
- [7] Monga, O., Bousso, M., Garnier, P., POT, V. 3d geometrical structures and biological activity : application to microbial soil organic matter decomposition in pore space. *Ecological Modelling*, 291-302, 2008.
- [8] Monga, O., Ngom, N.F., Delerue, J.F. Representing geometric structures in 3D tomography soil images : application to pore space modeling. *Computers and Geosciences*, 33 :1240-1161, 2007.
- [9] Ngom, N.F., Monga, O., Mahmoud, M.O.M, Garnier, P. 3D shape extraction segmentation and representation of soil microstructures using generalized cylinders, *J. Computer and Geosciences*. **39** :50-63, 2012.
- [10] Nguyen-Ngoc, D., Leye, B., Monga, O., Garnier, P., Nunan, N. Modeling Microbial Decomposition in Real 3D Soil Structures Using Partial Differential Equations *International Journal of Geosciences* 4 :15-26, 2013.
- [11] Schimel Joshua P. and Weintraub Michael N. The implications of exoenzyme activity on microbial carbon and nitrogen limitation in soil : a theoretical model. *Soil Biology and Biochemistry*, 35(4) :549-563, 2002.
- [12] Vogel, H.J., Roth, K.I. *Quantitative morphology and network representation of soil pore structure*. *Advances in Water Resources* 24 :233-242, 2001.
- [13] Vogel, L.E., Makowski, D., Garnier, P., Vieuble-Gonod, L., Coquet, Y., Raynaud, X., Nunan, N., Chenu, C., Falconer, R., Pot, V. Modeling effect of soil meso and macropores topology on the biodegradation of a soluble carbon substrate. *Advances in water resources*, 83 :123-136, 2015.