

LBRAI2219 - Modélisation des systèmes biologiques

Modèle APSIM pour deux cultures

Maxime CORNEZ

24/05/2024

Contents

1	Résumé	2
2	Introduction	3
2.1	État de l'art	3
2.2	Importance de l'approche par modélisation	4
3	Matériel et méthodes	5
3.1	Modèles	5
3.2	Packages et outils utilisés	5
3.3	Données d'entrée	7
3.4	Modèles utilisés	11
4	Résultats	20
4.1	Simulation des cultures	20
4.2	Modélisation de l'évolution de la culture	20
4.3	Analyse de sensibilité : modification de la densité	33
4.4	Relation entre les racines et la production de biomasse	35
5	Conclusion	41
6	Collaboration	43
	Références	44

1 Résumé

Cette étude présente le développement et l'évaluation d'un modèle dualisé basé sur APSIM pour simuler la co-culture de maïs et d'une seconde espèce (courge, haricot ou salade) sur un profil de sol en trois horizons. Partant d'un simulateur monoculture validé (vérification de la cohérence hydrique : transpiration offre en eau), nous avons étendu la procédure afin de répartir quotidiennement la ressource hydrique entre les deux cultures, proportionnellement à leurs demandes relatives, tout en conservant les dynamiques racinaires et foliaires propres à chaque espèce. Les simulations sur 30 jours (30–60 DAS) ont permis de comparer :

- les réserves d'eau résiduelles (horizons 1–3),
- le ratio Offre/Demande (O/D) journalier et le nombre de jours de stress hydrique ($O/D < 1$),
- la production de biomasse cumulée,
- l'efficacité d'usage de l'eau (WUE) pour chaque scénario.

Les résultats montrent qu'en monoculture, le maïs atteint $416 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ à J60 (pente de $12 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{j}^{-1}$) et une WUE de $5,48 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}/\text{mm}$. En interculture, la biomasse maïs chute de 33–58 % selon l'espèce associée, tandis que l'espèce secondaire capte jusqu'à $120\text{--}130 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$. La densité relative du maïs (0,1–0,9) et le choix de l'associé influencent significativement (ANOVA $p < 10^{-5}$) la biomasse finale. Les analyses de sensibilité révèlent qu'une faible densité de maïs limite modérément la perte de rendement (salade > haricot > courge).

2 Introduction

2.1 État de l'art

L'agriculture moderne est soumise à de nombreux défis à l'heure actuelle : elle se doit de produire assez pour nourrir la population mondiale, tout en respectant au mieux l'environnement et en s'adaptant aux changements climatiques. Or, les terres disponibles pour l'agriculture ne sont pas illimitées et la pression sur les ressources naturelles est de plus en plus forte. De plus, les ressources en eau et en terre ne sont pas distribuées de manière égale sur la planète, ce qui rend la tâche encore plus complexe (Dudgeon et al. 2006). L'agriculture dépend de ces deux ressources presque autant qu'elle dépend du soleil, or avec l'augmentation de la population mondiale et les changements climatiques, la disponibilité de l'eau et des terres agricoles est mise à rude épreuve.

Aujourd'hui, si l'on combine les terres arables et les prairies, ces deux biomes sont les plus présents à la surface de la Terre, occupant environ 40 % de la surface terrestre. En outre, les terres agricoles sont souvent utilisées de manière intensive, avec des pratiques telles que la monoculture, l'utilisation excessive d'engrais et de pesticides, et la déforestation pour créer de nouvelles terres agricoles. Ces pratiques ont des conséquences néfastes sur l'environnement, notamment la perte de biodiversité, la dégradation des sols et la pollution de l'eau (Foley et al. 2005).

La recherche agronomique s'est orientée vers des pratiques agricoles plus durables, telles que l'agroécologie, l'agriculture de conservation et la permaculture. Ces pratiques visent à réduire l'impact environnemental de l'agriculture tout en maintenant des rendements élevés. Elles reposent sur une meilleure compréhension des interactions entre les plantes, les sols et les écosystèmes, ainsi que sur l'utilisation de techniques de gestion intégrée des cultures (Bondeau et al. 2007).

Pour s'adapter aux épisodes de stress hydrique et thermique, les plantes déploient un éventail de réponses physiologiques coordonnées. D'une part, elles ferment partiellement, voire totalement, leurs stomates pour réduire les pertes d'eau, ajustent leur croissance, celle de leurs racines et celle de leur feuillage, pour limiter l'évapotranspiration et modifient l'orientation et la taille de leurs feuilles afin d'optimiser la capture de la lumière sans souffrir de surchauffe. D'autre part, elles optimisent l'efficacité de leur utilisation de l'eau par des ajustements biochimiques, comme l'accumulation d'osmolytes, et par des modifications de la composition de leur cuticule pour diminuer la perte d'eau.

Au cœur de ces stratégies, l'architecture racinaire joue un rôle décisif. Un enracinement profond permet d'accéder aux réserves hydriques des horizons profonds, tandis qu'une croissance rapide des racines favorise une exploration efficace du volume de sol. La capacité à répartir finement les racines dans les différents niveaux du sol accroît considérablement les probabilités de rencontrer des poches d'humidité. De plus, certaines plantes développent une plasticité racinaire importante, ajustant dynamiquement la ramification et l'élongation des racines selon la disponibilité locale de l'eau, et renforcent leurs interactions avec les champignons mycorhiziens pour améliorer l'absorption hydrique et minérale. Ces traits racinaires combinés forment un arsenal adaptatif essentiel pour maintenir la croissance et la productivité en conditions de déficit hydrique (Munns 2002).

Ce projet traitera plus spécifiquement de la permaculture et des intercultures, techniques visant à maximiser l'espace disponible et les ressources pour deux cultures ou plus occupant le même espace. Ces techniques sont de plus en plus populaires dans les systèmes agricoles durables, car elles permettent de diversifier les cultures, d'améliorer la santé des sols et de réduire les besoins en intrants chimiques (Brooker et al. 2015).

Le maïs (*Zea mays* L.) est l'une des céréales les plus cultivées au monde, environ 850 millions de tonnes produites par an sur approximativement 162 millions d'hectares (Yara 2018). Son métabolisme en C lui garantit une photosynthèse très efficace et une bonne tolérance aux fortes températures. Toutefois, il reste fortement dépendant de l'eau, en particulier durant la floraison et la pollinisation, lorsque le stress hydrique peut provoquer des pertes de rendement importantes. Son réseau racinaire dense et profond, pouvant aller jusqu'à 1m80, lui permet une captation efficace de l'eau et des nutriments (Barnabás, Jäger, and Fehér 2008).

Il serait intéressant d’optimiser ces surfaces de culture en alliant les plants de maïs avec d’autres plantes pouvant bénéficier de cet espace. La sélection des bonnes variétés de plante entrainera un symbiose, améliorant le rendement globale de production et permettant ainsi une meilleure valorisation de l’eau et des ressources. Les cultures le plus souvent associées au maïs sont souvent des espèces de petite taille, profitant de l’ombrage apporté par les feuilles du maïs ou de la structure de sa tige (Brooker et al. 2015; Dong et al. 2022; Nassary, Bajjukya, and Ndakidemi 2020; Zhang and Li 2003). On retrouve par exemple :

- des légumineuses comme les haricots (*Phaseolus vulgaris*) : ils fixent l’azote atmosphérique dans le sol, améliorant ainsi la fertilité du sol et réduisant le besoin en engrais azotés pour le maïs et se servent des tiges de maïs comme support pour leurs tiges (Mudare et al. 2022).
- des courges (*Cucurbita pepo*) : elles ont de grandes feuilles qui fournissent de l’ombre au sol, réduisant l’évaporation de l’eau et maintenant une température du sol plus fraîche, ce qui est bénéfique pour le maïs. Elles aident également à contrôler les mauvaises herbes en couvrant le sol (Cryan et al. 2025).
- des salades (*Lactuca sativa*) : elles ont une croissance rapide et peuvent être récoltées avant que le maïs ne devienne trop grand, permettant ainsi une utilisation efficace de l’espace. Elles protègent le sol et exploitent la strate inférieure (Brennan 2013).

2.2 Importance de l’approche par modélisation

Comme l’a dit Samuel P. Huntington “Nous avons besoin de modèles explicites ou implicites pour pouvoir ordonner et généraliser la réalité, comprendre les relations causales entre les phénomènes, anticiper et, si nous avons de la chance, prédire les développements futurs, distinguer l’essentiel de l’accessoire et nous indiquer les chemins à suivre pour atteindre nos objectifs”. Un modèle n’est jamais une parfaite représentation de la réalité, mais il permet de simplifier et d’organiser les connaissances pour mieux comprendre les systèmes complexes. En agronomie, la modélisation est un outil essentiel pour simuler le comportement des cultures et des systèmes agricoles, en tenant compte des interactions entre les plantes, le sol et l’environnement, sans devoir nécessairement passer par une étape expérimentale longue et coûteuse (Tremblay and Wallach 2004).

Le modèle APSIM (pour Agricultural Production Systems sIMulator) est un modèle de simulation de culture qui permet de simuler la croissance des cultures, la dynamique du sol et les interactions entre les plantes et l’environnement. Il a été développé en 1995 par une équipe multiuniversitaire et est encore utilisé et amélioré à ce jour. APSIM est un modèle modulaire, ce qui signifie qu’il peut être adapté à différents systèmes agricoles et à différentes conditions environnementales. Il est capable de simuler la croissance des cultures en tenant compte des facteurs climatiques, hydriques et nutritionnels, ainsi que des interactions entre les plantes et le sol (McCown et al. 1996; Keating et al. 2003).

3 Matériel et méthodes

3.1 Modèles

L'étude repose sur une modélisation d'APSIM en combinant deux cultures (maïs et autre) en interculture. Le modèle APSIM est utilisé pour simuler la croissance des cultures, la dynamique du sol et les interactions entre les plantes et l'environnement.

- **APSIM mono** : Ce modèle a pour but de simuler la production de biomasse chez le maïs en prenant en compte à la fois les contraintes hydriques et lumineuses. Il s'appuie d'une part sur les équations de Monteith, qui relient la croissance à la quantité de rayonnement intercepté, et d'autre part sur le concept d'efficacité de transpiration, qui traduit la conversion de l'eau prélevée en biomasse sous stress hydrique. Ensemble, ces deux approches permettent de quantifier l'impact combiné de la lumière et de la disponibilité en eau sur le développement de la culture. Hammer (2009)
La version présentée ici a été légèrement remise en forme par Alice Falzon et moi-même afin d'améliorer l'ergonomie et la facilité d'utilisation.
- **APSIM duo** : Ce modèle est une extension du modèle mono, qui permet de simuler la production de biomasse pour deux cultures en interculture. Il prend en compte les interactions entre les deux cultures pour l'eau et la profondeur des racines. Le modèle est capable de simuler la croissance des deux cultures en tenant compte des facteurs climatiques et hydriques, ainsi que des interactions entre les plantes et le sol. Le modèle inclut un "arbitre" déterminant quelle culture recevra prioritairement l'eau en cas de déficit hydrique, cet arbitre est inclus directement dans la fonction du modèle.
Par simplicité, l'hypothèse que les deux cultures n'ont pas d'interactions au niveau de la lumière a été faite, ce qui signifie que la lumière est répartie entre les deux cultures selon la disponibilité.
La conversion de APSIM mono vers duo a représenté la plus grande partie de ce projet.

Le plan de modélisation est structuré comme suit :

1. Obtention des paramètres de cultures pour chaque culture désirée. Puis des paramètres du sol et de l'expansion foliaire
2. Obtention des paramètres météo, soit via un jeu de données généré artificiellement, soit via un jeu de données réelles obtenu via Open-Meteo (" Free Open-Source Weather API | Open-Meteo.com" 2025)
; sélection de la source via le switch installé dans le code.
3. Fixation des densités de culture.
4. Simulation de la production de biomasse avec APSIM.
 1. Pour le maïs seul avec Apsim mono.
 2. En combinant le maïs avec une autre culture avec Apsim duo.
5. Analyse et comparaison des résultats.

3.2 Packages et outils utilisés

- **Importation et manipulation de données**
 - *readxl* : permet de lire directement des fichiers Excel (.xls, .xlsx) en important les feuilles de calcul sous forme de data frames.
 - *dplyr* et *tidyr* : offrent un ensemble de fonctions (p. ex. `filter()`, `select()`, `mutate()`) pour nettoyer, transformer et reformater les données de façon claire et fluide.

- *tibble* : fournit une version moderne des data frames, plus strictes et plus lisibles, avec un meilleur affichage dans la console.
- **Rapports et mise en forme**
 - *knitr* : facilite la génération de rapports dynamiques (R Markdown, LaTeX, HTML) en mélangeant code R et texte narratif.
- **Visualisation**
 - *ggplot2* : propose un système de grammaire graphique puissant pour créer des graphiques élégants et personnalisables (histogrammes, nuages de points, séries temporelles, etc.) à partir de data frames.
- **Accès et traitement de données web**
 - *httr* : facilite les requêtes HTTP (GET, POST, authentication) pour interagir avec des API ou récupérer des ressources distantes.
 - *jsonlite* : convertit des fichiers JSON en objets R (et inversement), ce qui rend l'exploitation des réponses d'API et le stockage des données JSON plus accessibles.
- **Programmation fonctionnelle**
 - *purrr* : offre un ensemble de fonctions pour la programmation fonctionnelle en R (p. ex. `map()`, `reduce()`) et le traitement vectorisé de listes.
- **Modélisation statistique**
 - *lme4* : permet d'ajuster des modèles linéaires et généralisés à effets mixtes (fonctions `lmer()`, `glmer()`, etc.) pour prendre en compte à la fois des effets fixes et des effets aléatoires.
 - *broom* : convertit les résultats de modèles statistiques en data frames « tidy » pour un traitement et un reporting facilités (`tidy()`, `glance()`, `augment()`).
 - *multcomp* : fournit des outils pour réaliser des comparaisons multiples (tests de Tukey, Dunnett, etc.) à partir de modèles linéaires et mixtes.

```
# Packages requis
library(readxl)
library(dplyr)
library(tidyr)
library(knitr)
library(tibble)
library(lme4)
library(ggplot2)
library(jsonlite)
library(httr)
library(broom)
library(purrr)
library(multcomp)
```

ChatGPT a été utilisé à des fins de reformulations de phrases, l'entièreté du texte a été relu, vérifié et approuvé.

3.3 Données d'entrée

3.3.1 Paramètres des cultures

Dans la mesure du possible, les paramètres ont été extraits de la littérature. Lorsque certaines données faisaient défaut, des extrapolations ont été réalisées à partir des connaissances acquises au cours de ma formation, dans un but de différenciation de l'espèce par rapport au maïs. Seules les données relatives au maïs peuvent être considérées comme pleinement fiables, puisqu'elles proviennent d'un exercice pratique donné par le professeur Draye Rouphael and Colla (2005).

```
mais <- list(  
  RUE           = 1.6,    # Radiation Use Efficiency [g/MJ]  
  TEc           = 9,     # Coefficient d'efficience de la transpiration [Pa]  
  VPR           = 20,    # Vitesse production de racines [mm/jour]  
  CroissPotLAI  = 0.1,    # Croissance potentielle du LAI  
  k             = 0.45,   # Coefficient d'extinction de la lumière  
  LAI_initial   = 1.5,  
  Biomasse_initiale = 45  
)  
  
sorgho <- list(  
  RUE           = 1.25,   # Radiation Use Efficiency [g/MJ]  
  TEc           = 9,     # Coefficient d'efficience de la transpiration [Pa]  
  VPR           = 20,    # Vitesse production de racines [mm/jour]  
  CroissPotLAI  = 0.1,    # Croissance potentielle du LAI  
  k             = 0.45,   # Coefficient d'extinction de la lumière  
  LAI_initial   = 1.5,  
  Biomasse_initiale = 45  
)  
  
haricot <- list(  
  RUE           = 1.78,   # Radiation Use Efficiency [g/MJ]  
  TEc           = 4.9,    # Coefficient d'efficience de la transpiration [Pa]  
  VPR           = 13.5,   # Vitesse production de racines [mm/jour]  
  CroissPotLAI  = 0.1,    # Croissance potentielle du LAI  
  k             = 0.6,    # Coefficient d'extinction de la lumière  
  LAI_initial   = 1.0,  
  Biomasse_initiale = 20  
)  
  
courge <- list(  
  RUE           = 4.1,    # Radiation Use Efficiency [g/MJ]  
  TEc           = 2.9,    # Coefficient d'efficience de la transpiration [Pa]  
  VPR           = 15,    # Vitesse production de racines [mm/jour]  
  CroissPotLAI  = 0.12,   # Croissance potentielle du LAI  
  k             = 0.72,   # Coefficient d'extinction de la lumière  
  LAI_initial   = 0.8,  
  Biomasse_initiale = 35  
)  
  
salade <- list(  
  RUE           = 1.2,    # Radiation Use Efficiency [g/MJ]  
  TEc           = 3,     # Coefficient d'efficience de la transpiration [Pa]
```

```

VPR          = 8,      # Vitesse production de racines [mm/jour]
CroissPotLAI  = 0.15,   # Croissance potentielle du LAI
k            = 0.5,     # Coefficient d'extinction de la lumière
LAI_initial  = 0.6,
Biomasse_initiale = 15
)

```

3.3.2 Paramètres du sol

Paramètres générés artificiellement pour avoir un sol d' 1m d'épaisseur contenant un minimum de 40mm d'eau et un maximum de 100mm d'eau. Les scénarios envisagés ne prévoient pas de recharge des horizons par précipitation d'une quelconque autre façon.

L'hypothèse que le kl est une valeur propre au sol a été posée pour simplifier les calculs. En réalité, le kl est variable selon de nombreux critères propres au sol et aux plantes occupant le sol.

```

soil_params <- data.frame(
  Horizon      = c(1, 2, 3),
  Epaisseur    = c(300, 300, 400), # mm
  li           = c(40, 40, 40),    # Limite inférieure d'eau
  ls           = c(100, 100, 100), # Limite supérieure d'eau
  es           = c(100, 100, 100), # Eau disponible dans sol (= sw)
  es_h         = c(40, 30, 30),    # Eau disponible dans sol par horizon ; es_h1+es_h2+es_h3 = es
  kl           = c(0.06, 0.05, 0.05) # Taux d'extraction [mm/jour]
)

```

3.3.3 Expansion foliaire

```

# Culture 1
expansion_foliaire <- data.frame(
  OD = c(0.5, 1.5, 4), # Offre sur demande
  CEF = c(0, 1, 1) # Coefficient d'expansion foliaire
)

# Culture 2
expansion_foliaire2 <- data.frame(
  OD = c(0.4, 1.0, 3.5), # Offre sur demande
  CEF = c(0, 0.8, 1) # Coefficient d'expansion foliaire
)

```

3.3.4 Paramètres météo

```

# Données météo réelles
lat <- 50.666265; lon <- 4.622322 # Localisation de la zone d'étude : 50.666265 ; 4.622322 = bâtiment
start_date <- "2024-06-01"; end_date <- "2024-06-30" # Période de simulation
res <- GET("https://archive-api.open-meteo.com/v1/archive", # Obtention des données de la station météo
  query = list(latitude = lat, longitude = lon,
    start_date = start_date, end_date = end_date,
    daily = "temperature_2m_max,temperature_2m_min,shortwave_radiation_sum",

```



```

        timezone = "Europe/Brussels"))
meteo_data <- fromJSON(content(res, "text"))$daily           # Importation du fichier de données JSON

meteo_df <- as.data.frame(meteo_data) %>%
  rename(Date = time, Tmax = temperature_2m_max,
         Tmin = temperature_2m_min, Radiation = shortwave_radiation_sum) %>%

  mutate(Jours = 1:n(), # fonctions pour calculer vdp
         svpTmax = 6.1078 * exp(17.269 * Tmax / (237.3 + Tmax)) * 0.10,
         svpTmin = 6.1078 * exp(17.269 * Tmin / (237.3 + Tmin)) * 0.10,
         VPDcalc = 0.75 * (svpTmax - svpTmin) * 10)

# Génération de données artificielles

facteur_externe <- data.frame(
  # Durée de la simulation (jours)
  Jours = 30:60,

  # Radiation (MJ/m2)
  Radiation = c(
    27, 27, 14, 24, 23, 21,
    23, 25, 17, 14, 26, 26,
    10, 26, 30, 27, 27, 29,
    27, 26, 25, 23, 14, 25,
    22, 20, 22, 24, 28, 25, 25
  ),

  # Tmax (°C)
  Tmax = c(
    32.3, 31.0, 26.6, 26.0, 26.6, 29.5,
    30.8, 32.5, 32.3, 25.2, 27.8, 28.2,
    27.3, 28.6, 28.6, 28.3, 27.6, 31.0,
    35.0, 34.3, 31.2, 32.7, 29.9, 30.8,
    31.2, 28.4, 27.7, 31.4, 33.0, 33.2, 32.7
  ),

  # Tmin (°C)
  Tmin = c(
    16.4, 15.8, 15.6, 10.0, 11.7, 13.0,
    16.5, 13.8, 16.7, 16.7, 15.8, 12.8,
    17.3, 11.3, 13.7, 13.4, 13.7, 12.2,
    14.7, 20.4, 15.5, 17.9, 18.4, 16.0,
    16.1, 18.0, 14.9, 16.0, 16.2, 17.2, 18.3
  ),

  # VPDobs (hPa)
  VPDobs = c(
    19, 17, 16, 14, 12, 15,
    18, 19, 23, 21, 15, 14,
    20, 16, 17, 17, 15, 15,
    16, 17, 18, 21, 22, 17,
    18, 20, 18, 19, 19, 20, 21
  )
)

```

```

)

# Fonction pour calculer saturated vapour pressure (SVP)
svp <- function(T) { # satured vapour pressure [kPa]
  6.1078 * exp(17.269 * T / (237.3 + T)) * 0.10
}

# Application à Tmax
facteur_externes$svpTmax <- svp(facteur_externes$Tmax) # pression saturante à Tmax

# Application à Tmin
facteur_externes$svpTmin <- svp(facteur_externes$Tmin) # pression saturante à Tmin

VPDfrac <- 0.75 # par défaut on prend 0.75

# Fonction pour calculer VPDcalc
calc_VPDcalc <- function(svpTmax, svpTmin, VPDfrac) {
  VPDfrac * (svpTmax - svpTmin)*10
}

# Ajout de la colonne VPDcalc
facteur_externes$VPDcalc <- calc_VPDcalc(
  svpTmax = facteur_externes$svpTmax,
  svpTmin = facteur_externes$svpTmin,
  VPDfrac = VPDfrac
)

# Choix de la source de données : "reel" ou "artificiel" (switch)

data_source <- "artificiel" # mettre "artificiel" si on veut le jeu généré

if (data_source == "reel") {
  facteur_externes <- meteo_df %>%
    dplyr::select(Jours, Radiation, Tmax, Tmin, VPDcalc)
} else if (data_source == "artificiel") {
  facteur_externes <- facteur_externes %>%
    dplyr::select(Jours, Radiation, Tmax, Tmin, VPDcalc)
} else {
  stop("data_source doit être 'reel' ou 'artificiel'")
}

```

3.3.5 Densité des deux cultures

```

Densite1 <- 0.5 # Densité de la culture 1
Densite2 <- 1-Densite1 # Densité de la culture 2

```

3.4 Modèles utilisés

3.4.1 APSIM monoculture

```
# Ce script simule la croissance d'une culture en fonction de l'eau disponible et de la radiation solaire

simulate <- function(facteur_externe, soil_params, culture_params, expansion_foliaire) {
  n_days <- nrow(facteur_externe)

  # Vecteurs pour l'eau disponible par horizon
  ES1 <- numeric(n_days)
  ES2 <- numeric(n_days)
  ES3 <- numeric(n_days)

  # Initialisation des réserves d'eau pour chaque horizon
  ES1[1] <- soil_params$es_h[1]
  ES2[1] <- soil_params$es_h[2]
  ES3[1] <- soil_params$es_h[3]

  # Initialisation de la LAI dynamique
  LAI_dyn <- numeric(n_days)
  LAI_dyn[1] <- culture_params$LAI_initial

  # Préparation d'un data frame pour stocker les résultats totaux
  results <- data.frame(
    Jour = facteur_externe$Jours,
    Tot_ES = numeric(n_days),
    Pot_Supply = numeric(n_days),
    Pot_Demand = numeric(n_days),
    Transpiration = numeric(n_days),
    LAI = numeric(n_days),
    I = numeric(n_days),
    Biomasse_1 = numeric(n_days),
    Biomasse_2 = numeric(n_days),
    O_D = numeric(n_days),
    Biomasse_reelle = numeric(n_days),
    Biomasse_cum = numeric(n_days),
    ES1 = numeric(n_days),
    ES2 = numeric(n_days),
    ES3 = numeric(n_days),
    rdepth = numeric(n_days)
  )
  results$LAI[1] <- LAI_dyn[1]

  # Fonction pour calculer l'effet d'expansion foliaire
  leaf_exp_effect <- function(sdratio, expansion_foliaire) {
    # Si le ratio est en-deçà du premier seuil, on renvoie la première valeur,
    # si au-dessus du dernier, on renvoie la dernière,
    # sinon on effectue une interpolation linéaire.
    if(sdratio <= expansion_foliaire$OD[1]) {
      return(expansion_foliaire$CEF[1])
    } else if (sdratio >= tail(expansion_foliaire$OD,1)) {
      return(tail(expansion_foliaire$CEF,1))
    }
  }
}
```

```

} else {
  for(j in 1:(nrow(expansion_foliaire)-1)){
    if(sdratio >= expansion_foliaire$OD[j] && sdratio < expansion_foliaire$OD[j+1]){
      return(expansion_foliaire$CEF[j] +
              (sdratio - expansion_foliaire$OD[j]) *
              (expansion_foliaire$CEF[j+1] - expansion_foliaire$CEF[j]) /
              (expansion_foliaire$OD[j+1] - expansion_foliaire$OD[j]))
    }
  }
}
}

# Boucle de simulation pour chaque jour
for (i in 1:n_days) {
  DAS <- facteur_externe$Jours[i]
  # La profondeur racinaire effective est limitée par la somme des épaisseurs
  profondeur_totale <- sum(soil_params$Epaisseur)
  rdepth <- min(DAS * culture_params$VPR, profondeur_totale)
  results$rdepth[i] <- rdepth

  # Calcul des offres potentielles pour chaque horizon
  of1 <- ifelse(rdepth >= soil_params$Epaisseur[1], 1, rdepth / soil_params$Epaisseur[1]) * ES1[i] *
  of2 <- ifelse(rdepth <= soil_params$Epaisseur[1], 0,
               ifelse(rdepth > soil_params$Epaisseur[1] + soil_params$Epaisseur[2],
                      1, (rdepth - soil_params$Epaisseur[1]) / soil_params$Epaisseur[2])) * ES2[i] *
  of3 <- ifelse(rdepth <= (soil_params$Epaisseur[1] + soil_params$Epaisseur[2]), 0,
               (rdepth - soil_params$Epaisseur[1] - soil_params$Epaisseur[2]) / soil_params$Epaisseur[3]) * ES3[i]

  Pot_Supply <- of1 + of2 + of3

  # Calcul de l'effet lumineux :  $LI = 1 - \exp(-k * LAI_{dyn})$ 
  li <- 1 - exp(-culture_params$k * LAI_dyn[i])

  # Calcul de la demande potentielle
  rad <- facteur_externe$Radiation[i]
  VPDcalc <- facteur_externe$VPDcalc[i]
  Pot_Demand <- rad * li * culture_params$RUE * (VPDcalc / 10) / culture_params$TEc

  # Transpiration journalière
  transpiration <- min(Pot_Supply, Pot_Demand)

  # Stockage des résultats du jour
  results$Tot_ES[i] <- ES1[i] + ES2[i] + ES3[i]
  results$Pot_Supply[i] <- Pot_Supply
  results$Pot_Demand[i] <- Pot_Demand
  results$Transpiration[i] <- transpiration
  results$LAI[i] <- LAI_dyn[i]

  # Calcul du ratio offre/demande (si demande > 0)
  sdratio <- if (Pot_Demand > 0) Pot_Supply / Pot_Demand else 0
  # Calcul de l'effet d'expansion foliaire
  leaf_effect <- leaf_exp_effect(sdratio, expansion_foliaire)

```

```

# delta LAI = leaf_effect * CroissPotLAI
delta_LAI <- leaf_effect * culture_params$CroissPotLAI

# Mise à jour de LAI pour le jour suivant
if(i < n_days) {
  LAI_dyn[i + 1] <- LAI_dyn[i] + delta_LAI
}

# Mise à jour des réserves d'eau pour le jour suivant
if (i < n_days) {
  if(Pot_Supply > 0) {
    ES1[i + 1] <- ES1[i] - (of1 / Pot_Supply) * transpiration
    ES2[i + 1] <- ES2[i] - (of2 / Pot_Supply) * transpiration
    ES3[i + 1] <- ES3[i] - (of3 / Pot_Supply) * transpiration
  } else {
    ES1[i + 1] <- ES1[i]
    ES2[i + 1] <- ES2[i]
    ES3[i + 1] <- ES3[i]
  }
}
}

# Stockage des réserves d'eau dans le data frame des résultats
results$ES1 <- ES1
results$ES2 <- ES2
results$ES3 <- ES3

# Calcul des indices et biomasses après simulation
results$I <- 1 - exp(-culture_params$k * results$LAI)
results$Biomasse_1 <- (results$Pot_Supply * culture_params$TEc) / (facteur_externe$VPDcalc / 10)
results$Biomasse_2 <- facteur_externe$Radiation * culture_params$RUE * results$I
results$O_D <- ifelse(results$Pot_Demand == 0, 0, results$Pot_Supply / results$Pot_Demand)
results$Biomasse_reelle <- ifelse(results$O_D > 1, results$Biomasse_2, results$Biomasse_1)
results$Biomasse_cum <- culture_params$Biomasse_initiale + cumsum(results$Biomasse_reelle)

return(results)
}

```

Le modèle apsim mono simule jour après jour l'équilibre entre l'offre en eau du sol et la demande hydrique induite par la radiation solaire, pour en déduire la croissance foliaire (LAI) et la production de biomasse.

1. Réserves d'eau par horizon

On initialise trois stocks d'eau (ES1, ES2, ES3) correspondant aux horizons du sol. À chaque pas de temps, la profondeur racinaire (rdepth) — croissante linéairement avec le jour après semis jusqu'à une limite totale — détermine la fraction de chaque horizon accessible à la plante. La « pot_supply » journalière est la somme des extractions potentielles sur chacun des trois horizons, calculées proportionnellement à la réserve restante et au coefficient d'extraction kl.

2. Demande hydrique potentielle

L'effet lumineux (LI) est obtenu par la loi de Beer-Lambert ($LI = 1 - \exp(-k \times LAI)$), puis la demande potentielle d'eau est calculée en combinant la radiation incidente (Rad), l'efficacité d'usage de la radiation RUE, l'effet de la VPD et le coefficient de transpiration TEc.

3. Transpiration réelle et mise à jour du sol

La transpiration quotidienne est le minimum entre l'offre et la demande. On retire alors de chaque

horizon la fraction de cette transpiration proportionnelle à l'offre que cet horizon a contribué à la `pot_supply`, garantissant que l'on n'extrait jamais plus d'eau que disponible.

4. Expansion foliaire

Le ratio offre/demande (O/D) donne un indicateur de stress hydrique. Il alimente une table d'expansion foliaire (OD vs CEF) pour calculer le gain de LAI potentiel (`delta_LAI`). Le LAI est ainsi mis à jour pour le pas suivant, fermant la boucle rétroactive entre disponibilité en eau et surface foliaire.

Production de biomasse

En post-traitement, deux biomasses journalières sont calculées :

1. **Biomasse à l'eau** : proportionnelle à la transpiration et à l'efficacité TE_c,

2. **Biomasse à la lumière** : proportionnelle à la radiation et à RUE.

La biomasse « réelle » retenue à chaque jour est choisie selon le ratio O/D (si > 1 , production illimitée par l'eau, sinon limitée par la transpiration). Enfin, la biomasse cumulée est obtenue par somme des productions journalières à partir de la biomasse initiale.

Grâce à cette architecture, le modèle relie explicitement (1) la dynamique racinaire et la déplétion des réserves du sol, (2) l'arbitrage offre/demande hydrique via l'extension foliaire, et (3) la conversion de l'eau et de la lumière en biomasse, offrant ainsi un outil simple mais fidèle pour étudier la croissance sous contrainte hydrique.

3.4.2 APSIM combinant deux cultures

Apsim duo est une extension du modèle mono, permettant de simuler la croissance de deux cultures en interculture. Il prend en compte les interactions entre les deux cultures pour l'eau et la profondeur des racines. Le modèle est capable de simuler la croissance des deux cultures en tenant compte des facteurs climatiques et hydriques, ainsi que des interactions entre les plantes et le sol. Le modèle inclut un "arbitre" déterminant quelle culture recevra prioritairement l'eau en cas de déficit hydrique, cet arbitre est inclu directement dans la fonction du modèle.

```
# Ce script simule la croissance de deux cultures en interculture en tenant compte de l'eau disponible

# Densité des deux cultures
Densite1 <- 0.5 # Densité de la culture 1
Densite2 <- 1-Densite1 # Densité de la culture 2

simulate_two <- function(facteur_externe, soil_params, culture_params, culture2_params, expansion_foliai
  n_days <- nrow(facteur_externe)

  # Initialisation du sol (réserves d'eau pour chaque horizon)
  ES1 <- numeric(n_days)
  ES2 <- numeric(n_days)
  ES3 <- numeric(n_days)
  ES1[1] <- soil_params$es_h[1]
  ES2[1] <- soil_params$es_h[2]
  ES3[1] <- soil_params$es_h[3]

  # Initialisation des profondeurs racinaires
  rdepth <- numeric(n_days)
  rdepth2 <- numeric(n_days)
```

```

# Initialisation des LAI dynamiques pour chaque culture
LAI1 <- numeric(n_days)
LAI2 <- numeric(n_days)
LAI1[1] <- culture_params$LAI_initial
LAI2[1] <- culture2_params$LAI_initial

# Initialisation de la biomasse pour chaque culture
Biomasse1 <- numeric(n_days)
Biomasse2 <- numeric(n_days)
Biomasse1[1] <- culture_params$Biomasse_initiale
Biomasse2[1] <- culture2_params$Biomasse_initiale

# Initialisation des vecteurs de biomasse cumulée
Biomasse_cum1 <- numeric(n_days)
Biomasse_cum2 <- numeric(n_days)
Biomasse_cum1[1] <- culture_params$Biomasse_initiale
Biomasse_cum2[1] <- culture2_params$Biomasse_initiale

# Préparation d'un data frame pour stocker les résultats quotidiens
results <- data.frame(
  Jour = facteur_externe$Jour,
  Tot_ES = numeric(n_days),           # Eau totale dans le sol
  Pot_Supply = numeric(n_days),       # Offre potentielle globale du sol
  Pot_Demand1 = numeric(n_days),      # Demande potentielle culture 1
  Pot_Demand2 = numeric(n_days),      # Demande potentielle culture 2
  sdratio1 = numeric(n_days),         # Offre/Demande culture 1
  sdratio2 = numeric(n_days),         # Offre/Demande culture 2
  Transpiration1_loc = numeric(n_days), # Transpiration culture 1 si elle était seule
  Transpiration2_loc = numeric(n_days), # Transpiration culture 2 si elle était seule
  Transpiration1 = numeric(n_days),   # Transpiration journalière culture 1 avec arbitrage
  Transpiration2 = numeric(n_days),   # Transpiration journalière culture 2 avec arbitrage
  LAI1 = numeric(n_days),             # LAI culture 1
  LAI2 = numeric(n_days),             # LAI culture 2
  rdepth = numeric(n_days),           # Profondeur racinaire culture 1
  rdepth2 = numeric(n_days),          # Profondeur racinaire culture 2
  Biomasse1 = numeric(n_days),        # Biomasse journalière culture 1
  Biomasse2 = numeric(n_days),        # Biomasse journalière culture 2
  ES1 = numeric(n_days),              # Eau disponible horizon 1
  ES2 = numeric(n_days),              # Eau disponible horizon 2
  ES3 = numeric(n_days),              # Eau disponible horizon 3
)

results$LAI1[1] <- LAI1[1]           # Initialisation du LAI1
results$LAI2[1] <- LAI2[1]           # Initialisation du LAI2
results$Biomasse1[1] <- Biomasse1[1] # Initialisation de la biomasse journalière culture 1
results$Biomasse2[1] <- Biomasse2[1] # Initialisation de la biomasse journalière culture 2

# Fonction pour calculer l'effet d'expansion foliaire (interpolation sur la table OD/CEF)
leaf_exp_effect <- function(sdratio, expansion_foliaire) {
  if(sdratio <= expansion_foliaire$OD[1]) {
    return(expansion_foliaire$CEF[1])
  } else if (sdratio >= tail(expansion_foliaire$OD,1)) {
    return(tail(expansion_foliaire$CEF,1))
  }
}

```

```

} else {
  for(j in 1:(nrow(expansion_foliaire)-1)){
    if(sdratio >= expansion_foliaire$OD[j] && sdratio < expansion_foliaire$OD[j+1]){
      return(expansion_foliaire$CEF[j] +
              (sdratio - expansion_foliaire$OD[j]) *
              (expansion_foliaire$CEF[j+1] - expansion_foliaire$CEF[j]) /
              (expansion_foliaire$OD[j+1] - expansion_foliaire$OD[j]))
    }
  }
}
}

# Boucle de simulation quotidienne
for (i in 1:n_days) {
  ## 1) Profondeurs racinaires
  DAS      <- facteur_externes$Jours[i]
  max_root <- sum(soil_params$Epaisseur)
  rdepth   <- min(DAS * culture_params$VPR, max_root)
  rdepth2  <- min(DAS * culture2_params$VPR, max_root)
  results$rdepth[i] <- rdepth
  results$rdepth2[i] <- rdepth2

  ## 2) Offres potentielles par horizon [1 à 3], par culture [c1 ; c2]
  of1_c1 <- ifelse(rdepth >= soil_params$Epaisseur[1], 1, rdepth / soil_params$Epaisseur[1]) * ES1[i]
  of2_c1 <- ifelse(rdepth <= soil_params$Epaisseur[1], 0,
                  ifelse(rdepth > soil_params$Epaisseur[1]+soil_params$Epaisseur[2],
                          1, (rdepth - soil_params$Epaisseur[1]) / soil_params$Epaisseur[2])) * ES2[i]
  of3_c1 <- ifelse(rdepth <= sum(soil_params$Epaisseur[1:2]), 0,
                  (rdepth - sum(soil_params$Epaisseur[1:2])) / soil_params$Epaisseur[3]) * ES3[i] *

  of1_c2 <- ifelse(rdepth2 >= soil_params$Epaisseur[1], 1, rdepth2 / soil_params$Epaisseur[1]) * ES1[i]
  of2_c2 <- ifelse(rdepth2 <= soil_params$Epaisseur[1], 0,
                  ifelse(rdepth2 > soil_params$Epaisseur[1]+soil_params$Epaisseur[2],
                          1, (rdepth2 - soil_params$Epaisseur[1]) / soil_params$Epaisseur[2])) * ES2[i]
  of3_c2 <- ifelse(rdepth2 <= sum(soil_params$Epaisseur[1:2]), 0,
                  (rdepth2 - sum(soil_params$Epaisseur[1:2])) / soil_params$Epaisseur[3]) * ES3[i] *

  Pot_Supply1 <- (of1_c1 + of2_c1 + of3_c1) # offre potentielle culture 1
  Pot_Supply2 <- (of1_c2 + of2_c2 + of3_c2) # offre potentielle culture 2
  Pot_Supply  <- Pot_Supply1 + Pot_Supply2 # totale

  ## 3) Effet lumineux
  li1 <- 1 - exp(-culture_params$k * LAI1[i])
  li2 <- 1 - exp(-culture2_params$k * LAI2[i])

  results$li1[i] <- li1; results$li2[i] <- li2

  ## 4) Demandes potentielles
  rad      <- facteur_externes$Radiation[i]
  VPDcalc  <- facteur_externes$VPDcalc[i]
  Pot_Demand1 <- rad * li1 * culture_params$RUE * (VPDcalc/10) / culture_params$TEc
  Pot_Demand2 <- rad * li2 * culture2_params$RUE * (VPDcalc/10) / culture2_params$TEc

```



```

results$Pot_Demand1[i] <- Pot_Demand1
results$Pot_Demand2[i] <- Pot_Demand2

## 5) Transpiration journalière par culture
TT1 <- min(Pot_Supply1, Pot_Demand1) # Transpiration locale de la culture 1
TT2 <- min(Pot_Supply2, Pot_Demand2) # Transpiration locale de la culture 2
transp1 <- if (Pot_Demand1 > 0) TT1 * (Pot_Demand1 * Densite1) / (Pot_Demand1 * Densite1 + Pot_Demand2 * Densite2)
transp2 <- if (Pot_Demand2 > 0) TT2 * (Pot_Demand2 * Densite2) / (Pot_Demand1 * Densite1 + Pot_Demand2 * Densite2)

results$Transpiration1_loc[i] <- TT1
results$Transpiration2_loc[i] <- TT2
results$Transpiration1[i] <- transp1
results$Transpiration2[i] <- transp2

# Stockage de l'eau totale du sol
results$Pot_ES[i] <- ES1[i] + ES2[i] + ES3[i]
results$Pot_Supply[i] <- Pot_Supply

# Mise à jour des LAI pour chaque culture
# On calcule le ratio offre/demande pour chaque culture
sdratio1 <- if (Pot_Demand1 > 0) Pot_Supply1 / Pot_Demand1 else 0 # =O/D culture 1
sdratio2 <- if (Pot_Demand2 > 0) Pot_Supply2 / Pot_Demand2 else 0 # =O/D culture 2

leaf_effect1 <- leaf_exp_effect(sdratio1, expansion_foliaire)
leaf_effect2 <- leaf_exp_effect(sdratio2, expansion_foliaire2)

delta_LAI1 <- leaf_effect1 * culture_params$CroissPotLAI
delta_LAI2 <- leaf_effect2 * culture2_params$CroissPotLAI

# Mise à jour du LAI pour chaque culture
if(i < n_days) {
  LAI1[i + 1] <- LAI1[i] + delta_LAI1
  LAI2[i + 1] <- LAI2[i] + delta_LAI2
}

# Mise à jour des résultats
results$sdratio1[i] <- sdratio1
results$sdratio2[i] <- sdratio2
results$LAI1[i] <- LAI1[i]
results$LAI2[i] <- LAI2[i]

# Mise à jour de la biomasse pour chaque culture
# Calcul de la biomasse journalière pour chaque culture
Biomasse_calc1 <- if (sdratio1 > 1) rad * li1 * culture_params$RUE else transp1 * (culture_params$RUE / rad)
Biomasse_calc2 <- if (sdratio2 > 1) rad * li2 * culture2_params$RUE else transp2 * (culture2_params$RUE / rad)

# Mise à jour de la biomasse cumulée pour chaque culture
if(i < n_days) {
  Biomasse_cum1[i + 1] <- Biomasse_cum1[i] + Biomasse_calc1
  Biomasse_cum2[i + 1] <- Biomasse_cum2[i] + Biomasse_calc2
}
results$Biomasse1[i] <- Biomasse_calc1 # biomasse produite au jour i par la culture 1

```

```

results$Biomasse2[i] <- Biomasse_calc2      # biomasse produite au jour i par la culture 2
results$Biomasse_cum1[i] <- Biomasse_cum1[i] # biomasse cumulée au jour i par la culture 1
results$Biomasse_cum2[i] <- Biomasse_cum2[i] # biomasse cumulée au jour i par la culture 2

## 9) Mise à jour des ES horizon par horizon
if (i < n_days) {
  if (Pot_Supply1 + Pot_Supply2 > 0) {
    ES1[i+1] <- ES1[i] - ((of1_c1 / Pot_Supply1) * transp1 + (of1_c2 / Pot_Supply2) * transp2)
    ES2[i+1] <- ES2[i] - ((of2_c1 / Pot_Supply1) * transp1 + (of2_c2 / Pot_Supply2) * transp2)
    ES3[i+1] <- ES3[i] - ((of3_c1 / Pot_Supply1) * transp1 + (of3_c2 / Pot_Supply2) * transp2)
  }
  else {
    ES1[i+1] <- ES1[i]
    ES2[i+1] <- ES2[i]
    ES3[i+1] <- ES3[i]
  }
}
}

# Stockage des réserves d'eau dans le data frame des résultats
results$ES1 <- ES1
results$ES2 <- ES2
results$ES3 <- ES3

return(results)
}

```

Le schéma général du modèle « mono » reste le même en version « duo », mais on y superpose deux jeux de variables (racines, LAI, biomasse, offre, demande, transpiration) et on ajoute une étape d'arbitrage de l'eau entre les deux cultures :

1. Profondeur racinaire

- Mono : on calcule une seule profondeur maximale r en fonction du temps et de la vitesse de production racinaire.
- Duo : on en calcule deux (r_{depth} , r_{depth2}), une pour chaque espèce, à partir de leurs vitesses de production racinaires respectives (v_{pr}).

2. Offre potentielle d'eau par horizon

Dans les deux versions, pour chaque horizon $h \in \{1,2,3\}$ on évalue la fraction de racine active ou la proportion dans l'horizon multipliée par la réserve d'eau disponible ES_i et le coefficient d'extraction kl .

- Mono additionne simplement ces trois offres en une offre totale unique O .
- Duo calcule deux offres totales $O_{_1}$ et $O_{_2}$, chacune pondérée par la densité de la culture ($Densité1$ ou $Densité2$), puis les somme pour obtenir l'offre globale.

3. Demande potentielle d'eau

- Pour chaque culture, on calcule $Demande = \frac{Radiation \times LI \times RUE \times (VPD/10)}{TE_c}$ où $LI = 1 - e^{-k \times LAI}$.
- Mono n'a qu'une seule demande, duo en a deux.

4. Transpiration journalière

- Mono : $Transpiration = \min(Offre, Demande)$.
- Duo : on commence par la transpiration « locale » de chaque culture si elle était seule $\min(O_i, Demande_i)$, puis on répartit la ressource limitée à partir d'un arbitrage proportionnel aux demandes pondérées par densité :

$$T_i = TT_i \times \frac{Demande_i \cdot Densit_i}{\sum_j Demande_j \cdot Densit_j}$$

5. Mise à jour des réserves d'eau (ES)

1. On peut définir, pour chaque horizon h , la fonction récursive des réserves d'eau

$$ES_h : \{0, 1, \dots, n\} \rightarrow \mathbb{R}, \text{ ici } n=3$$

$$\text{par } ES_h(t+1) = ES_h(t) - \sum_{c=1}^2 \frac{of_h^{(c)}(t)}{O_c(t)} T_c(t)$$

avec :

- $of_h^{(c)}(t)$: offre potentielle de l'horizon h pour la culture c au jour t ,
- $O_c(t) = \sum_h of_h^{(c)}(t)$: offre totale de la culture c au jour t ,
- $T_c(t)$: transpiration finale de la culture c au jour t .

Cette formule garantit que chaque espèce ne prélève que dans les horizons qu'elle atteint et ne dépasse pas son offre.

6. Croissance foliaire et biomasse

1. On calcule pour chaque culture son ratio offre/demande $SD_i = O_i/Demande_i$, on en déduit l'effet d'expansion foliaire, puis on met à jour le LAI $\Delta LAI_i = \text{Leaf effect}_i(SD_i) \times \text{CroissPotLAI}_i$
2. La production de biomasse journalière combine un terme hydrique T_i et un terme lumineux $\text{Radiation} \times LI \times RUE$, selon que $SD_i \geq 1$ (lumière limitante) ou < 1 (eau limitante).

En résumé, la version duo reproduit les mêmes étapes qu'en mono, appliquées séparément à chaque culture. Elle ajoute :

- deux profondeurs racinaires et deux offres par horizon,
- deux demandes potentielles,
- un arbitrage fin de la transpiration quand l'eau devient limitante,
- deux mises à jour de LAI et de biomasse,
- Et une mise à jour conjointe des réserves du sol qui tient compte de la contribution de chaque espèce.

4 Résultats

4.1 Simulation des cultures

```
resultat_mais <- simulate(facteur_externe, soil_params, mais, expansion_foliaire) # simulation mais seu
#print(resultat_mais)
resultat_mais$Pot_Supply >= resultat_mais$Transpiration
```

```
## [1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [16] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [31] TRUE
```

```
resultats_mais_haricot <- simulate_two(facteur_externe, soil_params, mais, haricot, expansion_foliaire, e
#print(resultats_mais_haricot)
resultats_mais_haricot$Pot_Supply >= resultats_mais_haricot$Transpiration1 + resultats_mais_haricot$Transp
```

```
## [1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [16] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [31] TRUE
```

```
resultats_mais_courge <- simulate_two(facteur_externe, soil_params, mais, courge, expansion_foliaire, e
#print(resultats_mais_courge)
resultats_mais_courge$Pot_Supply >= resultats_mais_courge$Transpiration1 + resultats_mais_courge$Transp
```

```
## [1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [16] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [31] TRUE
```

```
resultats_mais_salade <- simulate_two(facteur_externe, soil_params, mais, salade, expansion_foliaire, e
#print(resultats_mais_salade)
resultats_mais_salade$Pot_Supply >= resultats_mais_salade$Transpiration1 + resultats_mais_salade$Transp
```

```
## [1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [16] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [31] TRUE
```

La transpiration totale doit systématiquement être limitée à l'offre en eau disponible afin de préserver la cohérence physique du modèle et d'éviter toute instabilité ou erreur mathématique lors des calculs des jours suivants.

4.2 Modélisation de l'évolution de la culture

4.2.1 Évolution des réserves en eau du sol

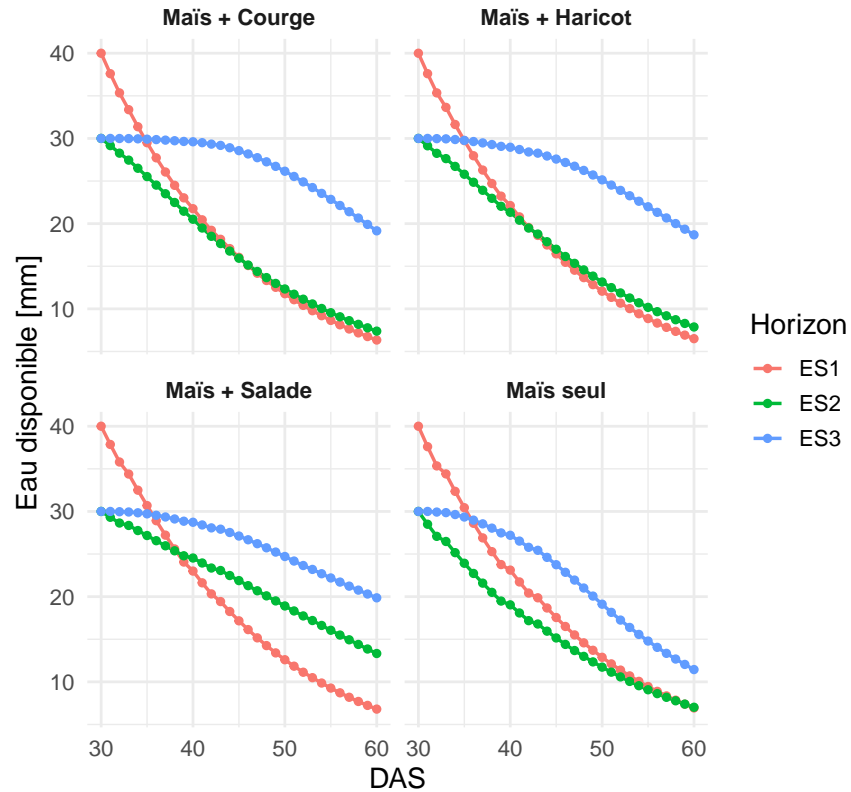
```

# 1) Concaténation de toutes les simulations en ajoutant une colonne Culture
df_water_all <- bind_rows(
  resultat_mais           %>% mutate(Culture = "Maïs seul"),
  resultats_mais_haricot  %>% mutate(Culture = "Maïs + Haricot"),
  resultats_mais_courge   %>% mutate(Culture = "Maïs + Courge"),
  resultats_mais_salade   %>% mutate(Culture = "Maïs + Salade")
) %>%
# 2) Sélection et mise en format long
dplyr::select(Culture, Jour, ES1, ES2, ES3) %>%
pivot_longer(
  cols      = starts_with("ES"),
  names_to  = "Horizon",
  values_to = "Eau_mm"
)

# 3) Tracé en facettes
ggplot(df_water_all, aes(x = Jour, y = Eau_mm, color = Horizon)) +
  geom_line(size = 0.8) +
  geom_point(size = 1.5) +
  facet_wrap(~ Culture, ncol = 2) +
  labs(
    title = "Évolution des réserves d'eau par horizon",
    x      = "DAS",
    y      = "Eau disponible [mm]",
    color  = "Horizon"
  ) +
  theme_minimal(base_size = 14) +
  theme(strip.text = element_text(face = "bold"))

```

Évolution des réserves d'eau par horizon



```
# 4) Table pour connaître les niveaux d'eau à J60
table_end60 <- df_water_all %>%
  filter(Jour == 60) %>%
  dplyr::select(Culture, Horizon, Eau_mm) %>%
  pivot_wider(
    names_from = Horizon,
    values_from = Eau_mm
  )

# Affichage de la table
knitr::kable(
  table_end60,
  col.names = c("Scénario", "Horizon 1 (mm)", "Horizon 2 (mm)", "Horizon 3 (mm)"),
  caption = "Eau disponible à J60 par horizon et par scénario"
)
```

Table 1: Eau disponible à J60 par horizon et par scénario

Scénario	Horizon 1 (mm)	Horizon 2 (mm)	Horizon 3 (mm)
Maïs seul	6.938496	7.020214	11.44389
Maïs + Haricot	6.504094	7.874594	18.68976
Maïs + Courge	6.344074	7.385780	19.15622
Maïs + Salade	6.804305	13.327646	19.86248

- Épuisement prioritaire de l'horizon 1 :
Dans tous les scénarios, c'est l'horizon superficiel (ES1) qui est le plus fortement vidé (de ~40 mm à ~6–7 mm entre J30 et J60). Les différences entre monoculture et intercultures sont faibles ici : ES1 résiduel compris entre 6,3 mm pour « Maïs+Courge » et 6,9 mm pour le maïs seul, ce qui montre que quel que soit le voisin, le maïs exploite d'abord la couche 1.
- Comportement divergent en horizon 2:
En monoculture, ES2 passe de ~30 mm à seulement 7 mm résiduels à J60, alors que dans l'association maïs-salade, on observe 13,3 mm dans le deuxième horizon. Les intercultures « maïs+haricot » et « maïs+courge » conservent quant à elles ~7,4–7,9 mm. Cela suggère que la salade, vraisemblablement par un schéma racinaire plus superficiel ou une moindre demande transpiratoire, limite l'extraction dans la zone médiane.
- Réserve profonde dans l'horizon 3 :
Quantité d'eau résiduelle beaucoup plus élevée en interculture
 - Maïs seul : 11,4 mm résiduels
 - Maïs+Haricot : 18,7 mm
 - Maïs+Courge : 19,2 mm
 - Maïs+Salade : 19,9 mm
 - Le maïs en monoculture puise donc beaucoup plus profondément (ne laissant que ~11 mm) que lorsqu'il est associé à un autre couvert. Les intercultures conservent presque 2× plus d'eau dans le dernier horizon, signe d'une compétition réduite ou d'une complémentarité racinaire (chaque espèce « se partage » moins la ressource profonde).
- Implications agronomiques :
 - Monoculture : extraction forte et uniforme sur tout le profil, risque de stress plus précoce si la recharge est limitée.
 - Intercultures : moindre exploitation des horizons moyens et profonds par le maïs, avec une conservation potentielle de la ressource en eau pour les stades ultérieurs ou pour l'autre espèce. L'association maïs-salade est la plus économe en eau médiane et profonde, ce qui peut être recherché dans des systèmes à faible pluviométrie ou pour limiter le risque d'assèchement rapide.

En résumé, si l'horizon 1 est systématiquement drainé en priorité, les intercultures modulent sensiblement l'exploitation des horizons 2 et 3 : la monoculture creuse le profil jusqu'au profond, alors que les coproductions – et tout particulièrement maïs-salade – laissent une part significative de ressource en eau dans les couches moyennes et profondes.

```
# Calcul des statistiques descriptives par culture et horizon
df_stats <- df_water_all %>%
  group_by(Culture, Horizon) %>%
  summarise(
    mean_Eau = mean(Eau_mm),
    sd_Eau    = sd(Eau_mm),
    .groups   = "drop"
  )
print(df_stats)
```

```
## # A tibble: 12 x 4
##   Culture      Horizon mean_Eau sd_Eau
##   <chr>         <chr>      <dbl> <dbl>
## 1 Maïs + Courge ES1         18.5  10.0
## 2 Maïs + Courge ES2         17.1   7.17
## 3 Maïs + Courge ES3         26.9   3.49
## 4 Maïs + Haricot ES1         18.7   9.96
## 5 Maïs + Haricot ES2         17.7   6.99
```

##	6	Maïs + Haricot	ES3	26.3	3.64
##	7	Maïs + Salade	ES1	19.3	10.0
##	8	Maïs + Salade	ES2	21.7	5.03
##	9	Maïs + Salade	ES3	26.2	3.37
##	10	Maïs seul	ES1	19.4	9.85
##	11	Maïs seul	ES2	16.2	6.88
##	12	Maïs seul	ES3	22.4	6.36

L'analyse des statistiques descriptives montre que, quel que soit le scénario, l'horizon 3 (ES3) conserve systématiquement les volumes d'eau les plus élevés (26–27 mm) et les variations les plus faibles (3–4 mm), ce qui reflète son rôle de réserve profonde moins exploitée par les racines au cours de la simulation.

En surface (ES1), les moyennes oscillent entre 18,5 mm (Maïs + Courge) et 19,4 mm (Maïs seul), avec des écarts-types relativement importants (10 mm) traduisant une forte variabilité journalière due aux fluctuations climatiques et à l'intensité d'extraction racinaire.

Pour l'horizon intermédiaire (ES2), on observe un léger gain d'eau disponible dans le scénario Maïs + Salade (=21,7 mm) par rapport aux autres (17 mm), suggérant une complémentarité racinaire qui réduit la concurrence sur ce niveau.

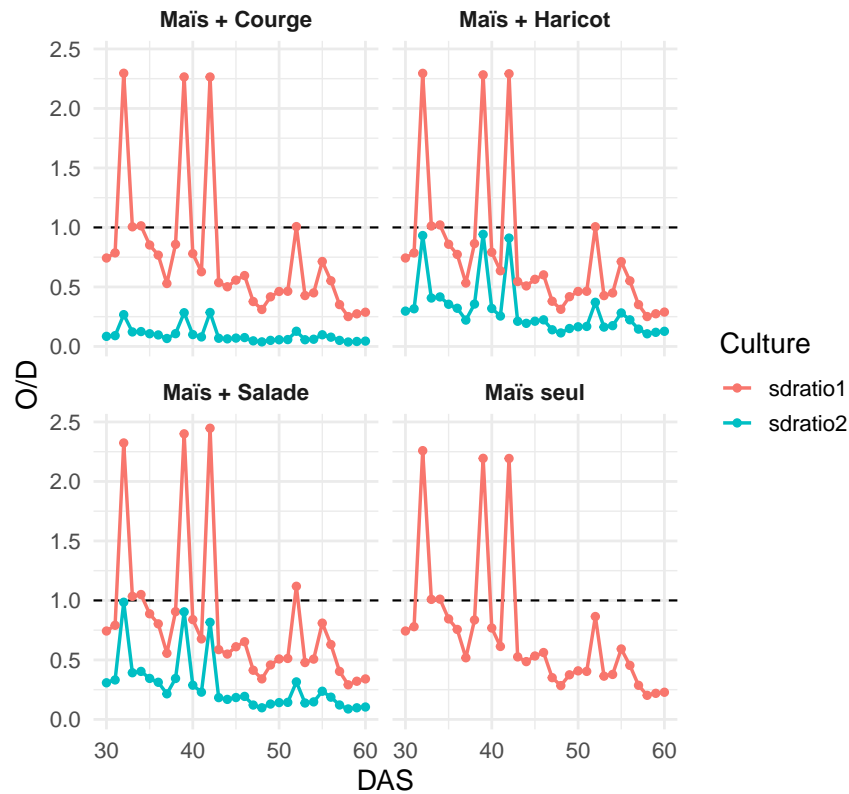
Enfin, le scénario Maïs seul présente la plus faible réserve moyenne en ES2 (16,2 mm), signe qu'en monoculture le sol intermédiaire est plus fortement exploité. Ces résultats confirment l'impact des associations culturales sur la distribution spatiale de l'extraction racinaire et mettent en évidence une meilleure préservation des ressources en interculture, notamment pour les horizons moyens et profonds.

4.2.2 Évolution du ratio Offre/Demande (O/D)

```
# 1) Concaténation de tous les scénarios
df_od_all <- bind_rows(
  resultat_maïs %>% mutate(Scenario = "Maïs seul") %>% rename(sdratio1 = O_D),
  resultats_maïs_haricot %>% mutate(Scenario = "Maïs + Haricot"),
  resultats_maïs_courge %>% mutate(Scenario = "Maïs + Courge"),
  resultats_maïs_salade %>% mutate(Scenario = "Maïs + Salade")
) %>%
  pivot_longer(
    cols = c(starts_with("sdratio")),
    names_to = "Culture",
    values_to = "OD",
    values_drop_na = TRUE
  )

# 3) Tracé en facettes
ggplot(df_od_all, aes(x = Jour, y = OD, color = Culture)) +
  geom_hline(yintercept = 1, linetype = "dashed", color = "black") +
  geom_line(size = 0.8) +
  geom_point(size = 1.5) +
  facet_wrap(~ Scenario, ncol = 2) +
  labs(
    title = "Évolution des ratios Offre/Demande (O/D)",
    x = "DAS",
    y = "O/D",
    color = "Culture"
  ) +
  theme_minimal(base_size = 14) +
  theme(strip.text = element_text(face = "bold"))
```


Évolution des ratios Offre/Demande (O/D)



Il est visible que, dans tous les scénarios, le ratio O/D pour la culture principale (courbe « sdratio1 », en rouge) démarre souvent au-dessus de 1 (offre abondante), mais chute plusieurs fois en dessous de 1 à partir du stade intermédiaire (DAS 35–40), témoignant d'épisodes transitoires de stress hydrique. La culture associée (courbe « sdratio2 », en bleu) reste presque toujours en dessous de 1, soulignant sa pression compétitive plus faible ou son enracinement plus superficiel. Il y a peu de différences entre les scénarios, cela est sûrement dû à l'hypothèse que les deux cultures n'entrent pas en compétition pour la lumière, de fait elles suivent la même dynamique de O/D en fonction de la météo.

Table 2: Tableau 1 : Jours où le ratio Offre/Demande (O/D) est inférieur à 1

Scénario	Nombre de jours de stress hydrique
Maïs seul	26
Maïs + Haricot	31
Maïs + Courge	31
Maïs + Salade	31

Dans les trois intercultures, la répartition de l'eau entre les deux espèces conduit à un léger surcroît de jours de déficit pour le maïs (et globalement pour le système), car chacune prélève dans le même profil. L'interaction racinaire diminue l'offre relative disponible, même si le sol contient encore de l'eau. Cependant, cinq jours de déficit supplémentaires sur une période d'étude de soixante jours ne sont pas significatifs.

4.2.3 Évolution de la biomasse

```
# 1) Concaténation de tous les scénarios
df_biom_all <- bind_rows(
  resultat_mais           %>% mutate(Scenario = "Maïs seul") %>% rename(Biomasse_cum1 = Biomasse_cum),
  resultats_mais_haricot %>% mutate(Scenario = "Maïs + Haricot"),
  resultats_mais_courge  %>% mutate(Scenario = "Maïs + Courge"),
  resultats_mais_salade  %>% mutate(Scenario = "Maïs + Salade")
) %>%
# 2) Pivot_longer sur les colonnes de biomasse cumulée
pivot_longer(
  cols           = starts_with("Biomasse_cum"),
  names_to       = "Culture",
  values_to      = "Biomasse_gm2",
  values_drop_na = TRUE    # on ne garde que les valeurs existantes
)

# 3) Tracé en facettes
ggplot(df_biom_all, aes(x = Jour, y = Biomasse_gm2, color = Culture)) +
  geom_line(size = 0.8) +
  geom_point(size = 1.5) +
  facet_wrap(~ Scenario, ncol = 2) +
  labs(
    title = "Évolution de la biomasse cumulée selon le scénario",
    x      = "DAS",
    y      = "Biomasse cumulée (g·m2)",
    color  = "Culture"
  ) +
  theme_minimal(base_size = 14) +
  theme(strip.text = element_text(face = "bold"))
```

Évolution de la biomasse cumulée selon le scénario

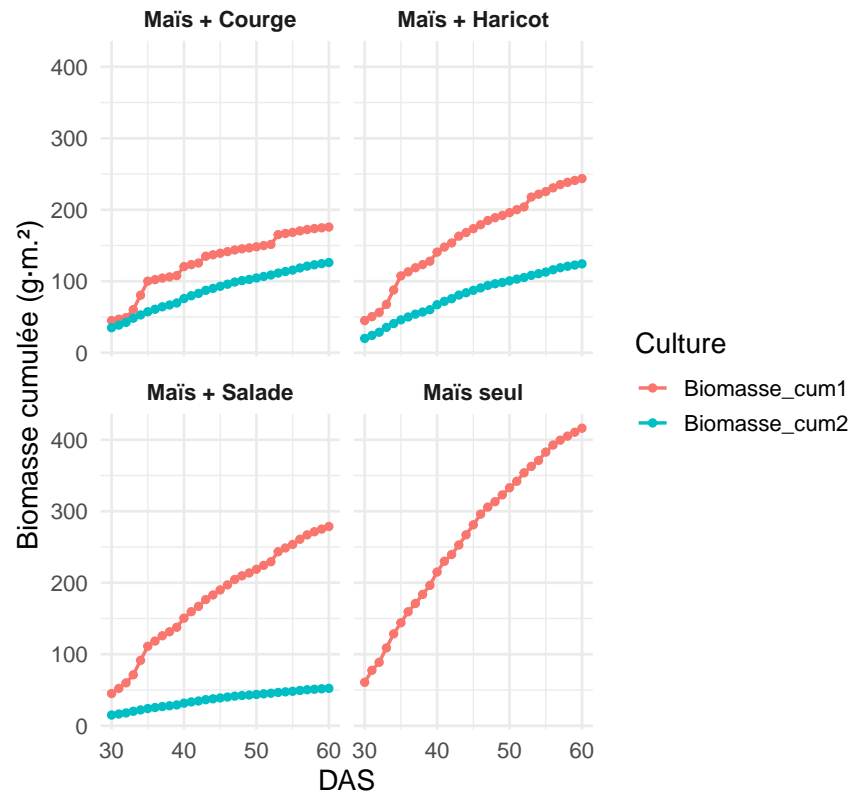


Table 3: Tableau : biomasse à J60 et pentes journalières, par scénario

Scénario	Biomasse maïs à J60 (g · m ²)	Biomasse totale à J60 (g · m ²)	Pente maïs (g · m ² · j ⁻¹)	Pente totale (g · m ² · j ⁻¹)
Maïs + Courge	175.8	302.0	4.169	7.188
Maïs + Haricot	243.6	367.9	6.513	9.974
Maïs + Salade	278.7	331.0	7.696	8.943
Maïs seul	416.2	416.2	11.978	11.978

- **Monoculture de maïs :**

La production cumulée atteint **416,2 g · m²** à 60 DAS, avec une pente journalière de **11,978 g · m² · j⁻¹**, la plus forte de tous les scénarios. En l'absence de compétition racinaire et foliaire, toute la radiation et l'eau disponible profitent exclusivement au maïs, lui permettant de synthétiser plus et plus rapidement de la biomasse.

- **Maïs + Courge:**

- Maïs : **175,8 g · m²** à J 60, pente = 4,169 g · m² · j⁻¹ => **-57,8 %** par rapport à la monoculture
- Courge : 302,0–175,8 = 126,2 g · m², pente = 7,188–4,169 = 3,019 g · m² · j⁻¹

La courge capte une part significative des ressources (30 % de la biomasse totale), au prix d'une réduction d'environ 58 % de la production de maïs.

- **Maïs + Haricot**

- Maïs : $243,6 \text{ g} \cdot \text{m}^2$ à J 60, pente = $6,513 \text{ g} \cdot \text{m}^2 \cdot \text{j}^{-1} \Rightarrow -41,5 \%$ par rapport monoculture
- Haricot : $367,9 - 243,6 = 124,3 \text{ g} \cdot \text{m}^2$, pente = $9,974 - 6,513 = 3,461 \text{ g} \cdot \text{m}^2 \cdot \text{j}^{-1}$

Le haricot capte moins de ressources de la maïs du fait de son VPR plus faible, cependant pour produire une biomasse égale à celle du maïs, il a besoin de plus d'eau en raison de son TEc

- **Maïs + Salade**

- Maïs : $278,7 \text{ g} \cdot \text{m}^2$ à J 60, pente = $7,696 \text{ g} \cdot \text{m}^2 \cdot \text{j}^{-1} \Rightarrow -33,1 \%$ par rapport à la monoculture
- Salade : $331,0 - 278,7 = 52,3 \text{ g} \cdot \text{m}^2$, pente = $8,943 - 7,696 = 1,247 \text{ g} \cdot \text{m}^2 \cdot \text{j}^{-1}$

La salade, avec un VPR faible, prélève peu d'eau : elle limite donc modérément la croissance du maïs (-33,1 %), mais sa propre biomasse reste très réduite.

En résumé :

- **Le rendement maximum** : en monoculture, le maïs montre la plus forte pente et la plus grande biomasse ($416 \text{ g} \cdot \text{m}^2$).
- **Les compromis de l'interculture** : toute espèce associée capte une part non négligeable des ressources, diminuant la production du maïs :
 1. **Salade** : moindre prélèvement (-33 % de maïs), mais biomasse associative très faible.
 2. **Haricot** : biomasse associative $124 \text{ g} \cdot \text{m}^2$, réduction du maïs 42 %.
 3. **Courge** : biomasse associative $126 \text{ g} \cdot \text{m}^2$, réduction du maïs 58 %.

Le choix de l'associé :

Le choix de la stratégie culturale doit avant tout être guidé par l'objectif agronomique et économique recherché. Si l'enjeu principal est **de maximiser le rendement de la sole de maïs**, la monoculture ou l'association avec une culture de faible compétition hydrique, comme la salade, se révèle la plus efficace : la courbe de croissance du maïs y conserve la pente la plus élevée, et la biomasse cumulée à 60 DAS est maximale, garantissant un gain de matière sèche par unité de surface optimal.

En revanche, si l'on vise un **rendement global du système plus équilibré**, incluant la production de la culture secondaire, alors des couvertures interculturelles plus vigoureuses – haricot ou courge – deviennent pertinentes. Ces associations réduisent certes la production de maïs de 40 à 60 %, mais elles augmentent la productivité totale de la parcelle, diversifient les débouchés (graines, légumes, fourrage...) et apportent des **services écosystémiques** précieux. Par exemple, le haricot, en tant que légumineuse, contribue à la **fixation atmosphérique d'azote**, réduisant les besoins en fertilisation et améliorant la fertilité du sol pour les cultures suivantes. De même, la courge, par son feuillage étalé et son système racinaire complémentaire, peut limiter l'érosion et maintenir l'humidité du sol en période chaude.

Ainsi, la décision revient à arbitrer entre l'intensification de la production de maïs (mono ou avec salade) pour maximiser le rendement unitaire et la rentabilité à court terme et l'optimisation du rendement de système (maïs + haricot ou courge) pour valoriser des coproduits, améliorer la durabilité des sols et réduire l'empreinte environnementale, au détriment d'une baisse partielle du rendement maïs.

Dans tous les cas, il convient d'intégrer ces choix dans une rotation culturale plus large, tenant compte des besoins en azote, de la structure du sol, des conditions climatiques et des objectifs économiques de la ferme.

4.2.4 Évolution de la quantité d'eau transpirée

```

# 1) Préparer chaque scénario avec deux colonnes Transpiration1_cum et Transpiration2_cum

#   Maïs seul : une seule culture + Transpiration2_cum = NA
df_mais_seul <- resultat_mais %>%
  mutate(
    Transpiration1_cum = cumsum(Transpiration),
    Transpiration2_cum = NA_real_,
    Scenario = "Maïs seul"
  ) %>%
  dplyr::select(Scenario, Jour, Transpiration1_cum, Transpiration2_cum)

#   Maïs + Haricot
df_mais_haricot <- resultats_mais_haricot %>%
  mutate(
    Transpiration1_cum = cumsum(Transpiration1),
    Transpiration2_cum = cumsum(Transpiration2),
    Scenario = "Maïs + Haricot"
  ) %>%
  dplyr::select(Scenario, Jour, Transpiration1_cum, Transpiration2_cum)

#   Maïs + Courge
df_mais_courge <- resultats_mais_courge %>%
  mutate(
    Transpiration1_cum = cumsum(Transpiration1),
    Transpiration2_cum = cumsum(Transpiration2),
    Scenario = "Maïs + Courge"
  ) %>%
  dplyr::select(Scenario, Jour, Transpiration1_cum, Transpiration2_cum)

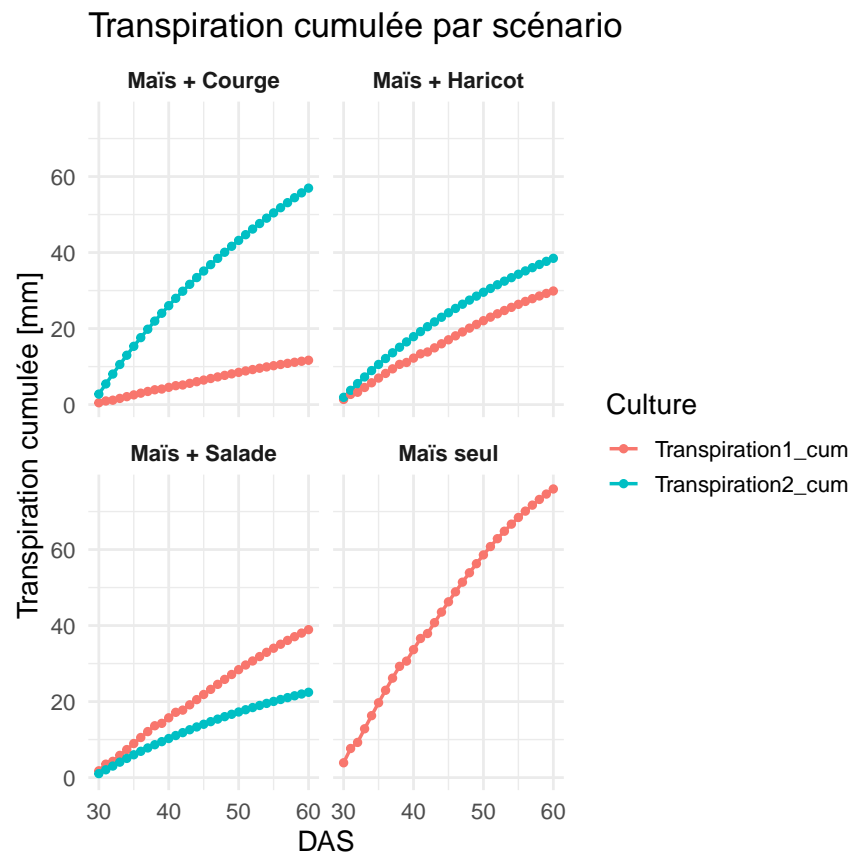
#   Maïs + Salade
df_mais_salade <- resultats_mais_salade %>%
  mutate(
    Transpiration1_cum = cumsum(Transpiration1),
    Transpiration2_cum = cumsum(Transpiration2),
    Scenario = "Maïs + Salade"
  ) %>%
  dplyr::select(Scenario, Jour, Transpiration1_cum, Transpiration2_cum)

# 2) Concaténer et passer en format long, en supprimant les NA
df_transpi_all <- bind_rows(
  df_mais_seul,
  df_mais_haricot,
  df_mais_courge,
  df_mais_salade
) %>%
  pivot_longer(
    cols          = c(Transpiration1_cum, Transpiration2_cum),
    names_to      = "Culture",
    values_to     = "Transpiration_cum",
    values_drop_na = TRUE
  )

# 3) Tracé en facettes

```

```
ggplot(df_transpi_all, aes(x = Jour, y = Transpiration_cum, color = Culture)) +
  geom_line(size = 0.8) +
  geom_point(size = 1.5) +
  facet_wrap(~ Scenario, ncol = 2) +
  labs(
    title = "Transpiration cumulée par scénario",
    x = "DAS",
    y = "Transpiration cumulée [mm]",
    color = "Culture"
  ) +
  theme_minimal(base_size = 14) +
  theme(strip.text = element_text(face = "bold"))
```



```
# 1) Préparer WUE (Water Use Efficiency) cumulée pour chaque scénario
make_wue_df <- function(df, scenario, is_duo=FALSE) {
  if (!is_duo) {
    df2 <- df %>%
      mutate(
        Biomasse_cum = Biomasse_cum,
        Transp_cum = cumsum(Transpiration)
      ) %>%
      dplyr::select(Jour, Biomasse_cum, Transp_cum) %>%
      mutate(Scenario = scenario)
  } else {
```

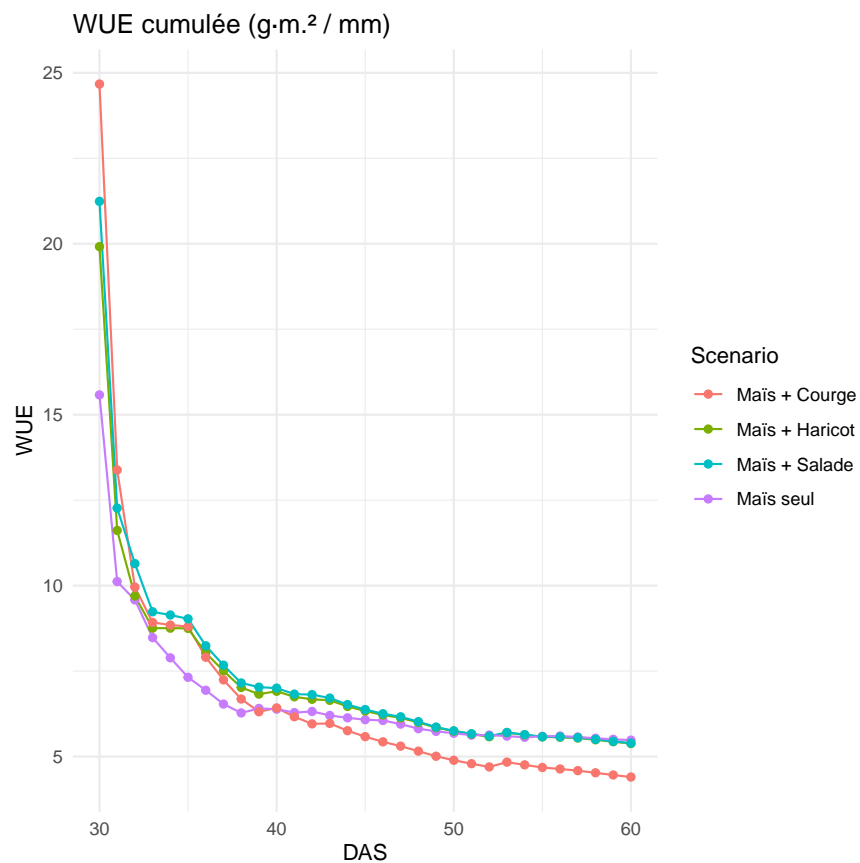
```

df2 <- df %>%
  mutate(
    Biomasse_cum = Biomasse_cum1 + Biomasse_cum2,
    Transp_cum   = cumsum(Transpiration1) + cumsum(Transpiration2)
  ) %>%
  dplyr::select(Jour, Biomasse_cum, Transp_cum) %>%
  mutate(Scenario = scenario)
}
df2 %>%
  mutate(WUE = Biomasse_cum / Transp_cum)
}

wue_all <- bind_rows(
  make_wue_df(resultat_mais,           "Maïs seul",      FALSE),
  make_wue_df(resultats_mais_haricot,  "Maïs + Haricot", TRUE),
  make_wue_df(resultats_mais_courge,   "Maïs + Courge",  TRUE),
  make_wue_df(resultats_mais_salade,   "Maïs + Salade",  TRUE)
)

# a) WUE au cours du temps
ggplot(wue_all, aes(x = Jour, y = WUE, color = Scenario)) +
  geom_line() + geom_point() +
  labs(title="WUE cumulée (g·m2 / mm)", x="DAS", y="WUE") +
  theme_minimal()

```



```
# b) table des valeurs de WUE à J60
wue_J60 <- wue_all %>%
  filter(Jour == 60) %>%
  dplyr::select(Scenario, WUE) %>%
  arrange(desc(WUE))

knitr::kable(
  wue_J60,
  col.names = c("Scénario", "WUE à J60 (g·m2/mm)",
  caption = "Tableau : Water Use Efficiency cumulée au jour 60"
)
```

Table 4: Tableau : Water Use Efficiency cumulée au jour 60

Scénario	WUE à J60 (g · m ² /mm)
Maïs seul	5.480513
Maïs + Salade	5.392999
Maïs + Haricot	5.381363
Maïs + Courge	4.400653

Le Water Use Efficiency (WUE) est défini comme le rapport entre la biomasse cumulée produite et l'eau transpirée : $WUE = \frac{\sum_T B}{T}$ (Rouphael and Colla 2005)

On distingue deux phases dans l'évolution du WUE en fonction du DAS :

1. Phase initiale (30–35 DAS)

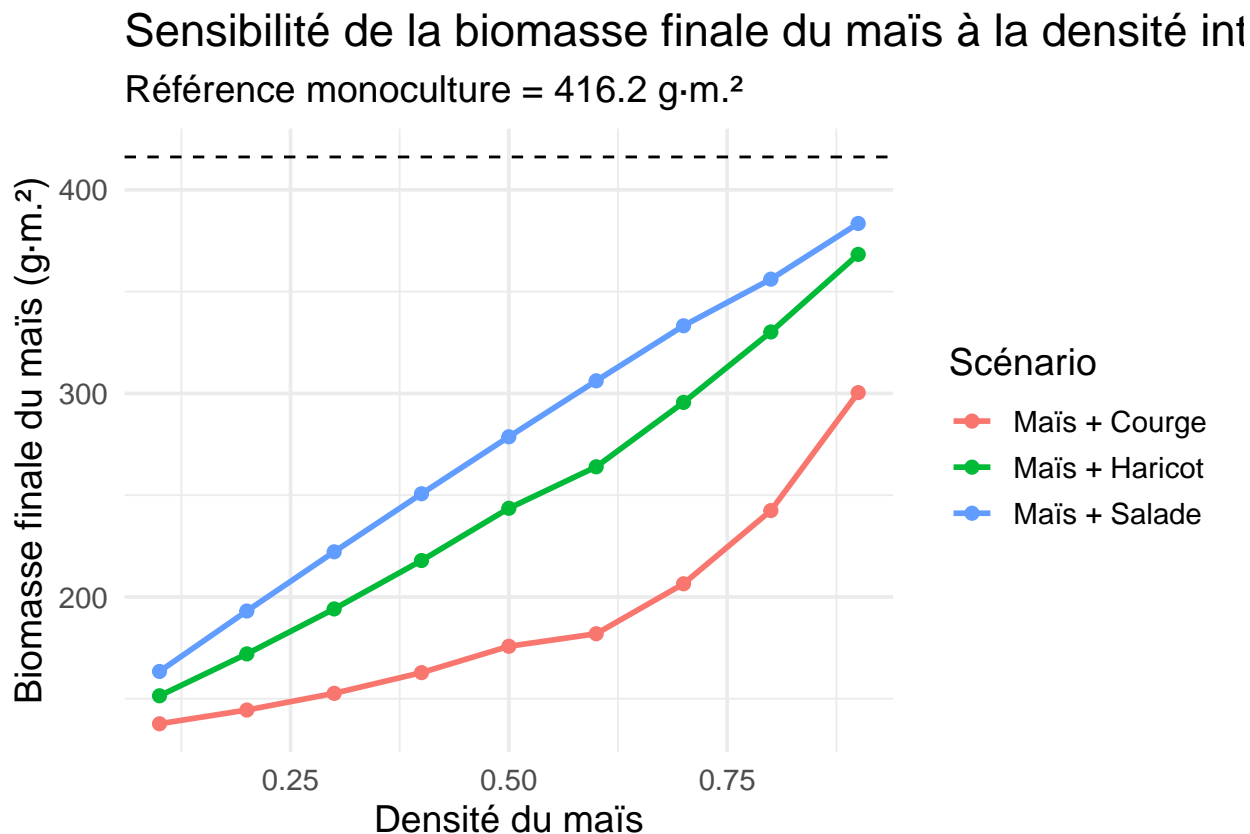
Toutes les courbes démarrent à des valeurs élevées (jusqu'à $\sim 25 \text{ g} \cdot \text{m}^2/\text{mm}$) et chutent rapidement, car la biomasse augmente rapidement alors que l'extraction d'eau reste faible lors des premiers jours de simulation.

2. Stabilisation progressive

Après environ 35 jours, la WUE tend vers un plateau situé entre 4,5 et 6 $\text{g} \cdot \text{m}^2/\text{mm}$, reflet d'un équilibre entre accroissement de la biomasse et hausse de la transpiration quotidienne. Ceci est dû au faible ralentissement de la production de biomasse et à la constante augmentation de la transpiration quotidienne due à cette production de biomasse et aux conditions de températures.

La monoculture (Maïs seul) obtient la WUE la plus élevée (5,48) grâce à l'absence de concurrence : toute l'eau consommée est valorisée en biomasse de maïs, l'Interculture avec salade (5,39) et avec haricot (5,38) présentent une WUE très proche de la monoculture, signe que ces associations préservent assez bien l'efficacité hydrique du système, alors que l'interculture avec courge chute nettement (4,40), la courge mobilisant beaucoup d'eau pour un gain de biomasse moindre, d'où une moindre efficacité.

4.3 Analyse de sensibilité : modification de la densité



Une analyse de sensibilité sur l'impact de la densité de culture sur la production de biomasse du maïs a été effectuée pour chaque scénario d'interculture. La densité varie de 0,1 à 0,9 par pas de 0,1.

Le graphique issu de l'analyse de sensibilité met en lumière plusieurs tendances clés quant à l'effet de la densité de maïs sur sa production finale en interculture :

- **Progression quasi-linéaire de la biomasse avec la densité**

Pour les trois scénarios d'interculture, la biomasse finale du maïs augmente de manière approximativement linéaire lorsque sa densité évolue de 0,1 à 0,9. Cette pente positive traduit le fait qu'un peuplement plus serré de maïs concentre davantage de surface foliaire et de racines par unité de surface, ce qui accroît l'absorption de lumière et d'eau — et donc la fixation de carbone — jusqu'à 60 DAS.

- **Effet de la concurrence par scénario :**

- **Position de la référence monoculture**

La ligne en pointillés (416 g·m.²) permet de visualiser l'écart maximal : aucun scénario interculture n'atteint la production de la monoculture, même à densité 0,9. L'écart relatif diminue légèrement aux densités élevées, suggérant qu'un maïs très dense compense partiellement la compétition, mais sans jamais l'éliminer.

- **Maïs + Salade (courbe bleue)**

C'est le scénario où le maïs conserve la production la plus élevée à chaque densité : par exemple, à densité 0,5 le maïs produit ~280 g·m.², contre ~250 g·m.² en haricot et ~170 g·m.² en courge. La salade, à enracinement superficiel limité, exerce une concurrence modérée et permet au maïs de capter la majeure partie des ressources.

– **Maïs + Haricot (courbe verte)**

L'association haricot-maïs se situe en position intermédiaire : la biomasse maïs est inférieure d'environ 15 % à celle obtenue avec salade à densité 0,5 (240 vs 280 g · m²). Le haricot, grâce à son développement racinaire et à une RUE comparable, prélève une part non négligeable de l'eau et de la lumière, ce qui se traduit par une pente légèrement plus faible que pour le maïs seul.

– **Maïs + Courge (courbe rouge)**

La courbe la plus plate : à densité 0,5 le maïs plafonne autour de 170–180 g · m² (–60 % par rapport à la monoculture), signe d'une forte compétition hydrique et lumineuse exercée par le couvert dense de courge. La pente de cette courbe est nettement la plus faible, surtout aux faibles densités, ce qui confirme le pouvoir concurrentiel de la courge.

• **Optimisation de la densité :**

– **Faibles densités (< 0,3)** : la production est très réduite pour tous les scénarios, le maïs ne formant pas assez de biomasse totale malgré l'absence de concurrence.

– **Intermédiaires (0,4–0,6)** : zone de rendement “optimal” en interculture, où la pente reste forte pour salade et haricot, mais chute beaucoup pour courge.

– **Densités proches de l'équilibre (0,7–0,9)** : les gains marginaux de biomasse diminuent, signe d'une saturation des ressources (lumière/le sol) et d'effets d'ombrage entre maïs eux-mêmes.

• **Recommandations agronomiques** : pour maximiser la production de maïs, privilégier la monoculture ou l'association avec salade à densité 0,6. Pour un système plus équilibré et durable (rendement total + services écosystémiques), un compromis autour de densité 0,5–0,7 en interculture maïs–haricot peut être optimal.

```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Scenario      2   35489   17744    56.96 1.23e-09 ***
## Density       1  103169  103169   331.15 3.75e-15 ***
## Residuals    23    7166     312
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

##
## Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
##
##
## Fit: aov(formula = Biomasse_final ~ Scenario + Density, data = sens_stats)
##
## Linear Hypotheses:
##
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## Maïs + Courge - Maïs + Haricot == 0   -59.156      8.321   -7.110 < 0.001 ***
## Maïs + Salade - Maïs + Haricot == 0    27.782      8.321    3.339  0.00763 **
## Maïs + Salade - Maïs + Courge == 0     86.938      8.321   10.449 < 0.001 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)
```

L'ANOVA à deux facteurs met en évidence que le scénario interculture a un effet hautement significatif sur la biomasse finale du maïs (F , $= 56.96$, $p = 1.23 \times 10^{-9}$) et que la densité joue également un rôle majeur (F , $= 331.15$, $p = 3.75 \times 10^{-15}$).

Le test de Tukey post-hoc révèle trois contrastes tous significatifs après correction :

- Maïs + Courge vs Maïs + Haricot : la production de maïs est en moyenne $59.2 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ inférieure en présence de courge qu'avec haricot ($p < 0.001$).
- Maïs + Salade vs Maïs + Haricot : le maïs produit $27.8 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ de plus associé à la salade qu'avec le haricot ($p = 0.0078$).
- Maïs + Salade vs Maïs + Courge : la salade permet au maïs de gagner $86.9 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ de biomasse de plus que la courge ($p < 0.001$).

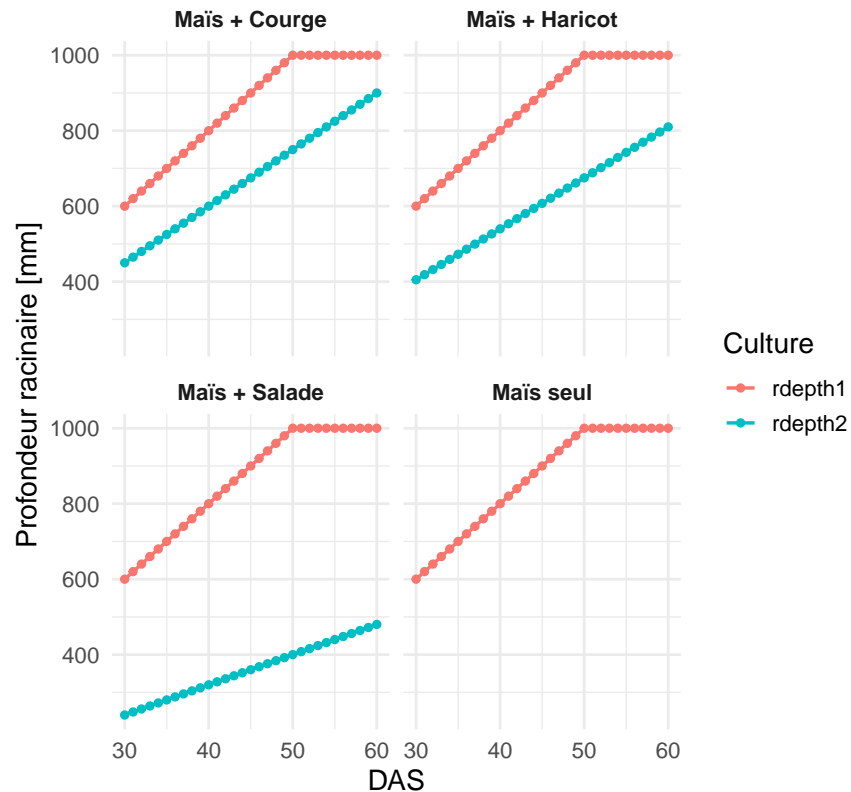
On peut donc classer l'impact des intercultures sur la biomasse du maïs dans l'ordre décroissant :
Salade > Haricot > Courge avec des différences de l'ordre de $30\text{--}90 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ selon les associations.

4.4 Relation entre les racines et la production de biomasse

```
# 1) Concaténation et mise en long des profondeurs racinaires
df_root_all <- bind_rows(
  resultat_maïs %>% mutate(Scenario = "Maïs seul") %>% rename(rdepth1 = rdepth),
  resultats_maïs_haricot %>% mutate(Scenario = "Maïs + Haricot") %>% rename(rdepth1 = rdepth),
  resultats_maïs_courge %>% mutate(Scenario = "Maïs + Courge") %>% rename(rdepth1 = rdepth),
  resultats_maïs_salade %>% mutate(Scenario = "Maïs + Salade") %>% rename(rdepth1 = rdepth)
) %>%
  pivot_longer(
    cols = starts_with("rdepth"),
    names_to = "Culture",
    values_to = "Racine_mm",
    values_drop_na = TRUE
  )

# 2) Tracé en facettes
ggplot(df_root_all, aes(x = Jour, y = Racine_mm, color = Culture)) +
  geom_line(size = 0.8) +
  geom_point(size = 1.5) +
  facet_wrap(~ Scenario, ncol = 2) +
  labs(
    title = "Évolution de la profondeur racinaire",
    x = "DAS",
    y = "Profondeur racinaire [mm]",
    color = "Culture"
  ) +
  theme_minimal(base_size = 14) +
  theme(strip.text = element_text(face = "bold"))
```

Évolution de la profondeur racinaire



Dans ce modèle minimaliste, la dynamique de développement racinaire n'est pas affectée par la présence d'une seconde espèce : chaque culture voit sa racine progresser linéairement jusqu'à une profondeur maximale (1000 mm) définie a priori, indépendamment de la compétition interculture. En réalité, on observe que :

- **Le maïs** (courbe rouge) atteint la profondeur maximale la plus élevée et rapidement (vers 50 DAS),
- **La courge** (courbe bleue, haut-gauche) suit avec un enracinement proche mais légèrement retardé,
- **Le haricot** (courbe bleue, haut-droite) affiche une progression similaire à celle de la courge,
- **La salade** (courbe bleue, bas-gauche) reste nettement plus superficielle, plafonnant autour de 500 mm à 60 DAS.

Cette uniformité de la croissance racinaire à la monoculture et à l'interculture résulte de l'absence, dans le modèle, de feedbacks liant compétition pour l'eau et extension racinaire. Pourtant, c'est précisément ce potentiel de profondeur qui dicte la capacité d'exploration des horizons les plus profonds et, par conséquent, l'accès à l'eau stockée dans le sol : la salade, dont le système racinaire reste très peu développé, ne peut pas puiser dans les réserves profondes et dépend presque exclusivement des premières dizaines de centimètres de terrain, tandis que maïs, courge et haricot bénéficient de l'apport hydrique plus stable des couches plus basses.

Il serait grandement profitable de lier le modèle APSIM à un modèle de modélisation racinaire comme CRootBox afin de mieux développer le feedback entre la production racinaire et la quantité d'eau disponible.

```

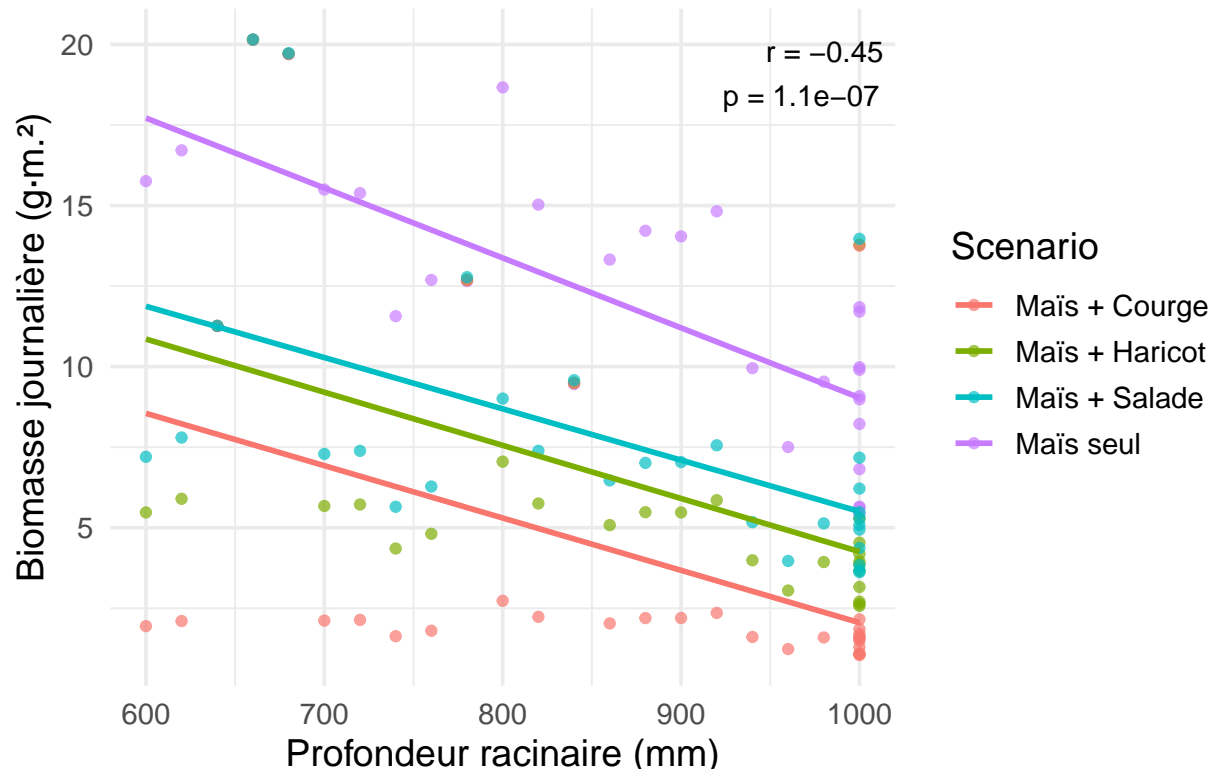
# 1) Concaténer les données racines vs biomasse journalière
df_root_biom <- bind_rows(
  resultat_maïs %>%
    transmute(
      Scenario = "Maïs seul",
      rdepth   = rdepth,
      biomasse  = Biomasse_reelle
    ),
  resultats_maïs_haricot %>%
    transmute(Scenario = "Maïs + Haricot", rdepth = rdepth, biomasse = Biomasse1),
  resultats_maïs_courge %>%
    transmute(Scenario = "Maïs + Courge", rdepth = rdepth, biomasse = Biomasse1),
  resultats_maïs_salade %>%
    transmute(Scenario = "Maïs + Salade", rdepth = rdepth, biomasse = Biomasse1)
)

# 2) Test de corrélation de Pearson
cor_test <- cor.test(df_root_biom$rdepth, df_root_biom$biomasse)
r_val    <- round(cor_test$estimate, 2)
p_val    <- signif(cor_test$p.value, 2)
corr_label <- paste0("r = ", r_val, "\n", "p = ", p_val)

# 3) Nuage de points + droite de régression + annotation
ggplot(df_root_biom, aes(x = rdepth, y = biomasse, color = Scenario)) +
  geom_point(alpha = 0.7) +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE) +
  annotate(
    "text",
    x = Inf, y = Inf,
    label = corr_label,
    hjust = 1.1, vjust = 1.5,
    size = 4,
    color = "black"
  ) +
  labs(
    title = "Relation profondeur racinaire vs biomasse journalière",
    x      = "Profondeur racinaire (mm)",
    y      = "Biomasse journalière (g·m-2)"
  ) +
  theme_minimal(base_size = 14)

```

Relation profondeur racinaire vs biomasse journalière



```
# 1) Préparer la liste des modèles
models <- list(
  "Maïs seul" = lm(Biomasse_reelle ~ rdepth, data = resultat_mais),
  "Maïs + Haricot" = lm((Biomasse1 + Biomasse2) ~ rdepth + rdepth2, data = resultats_mais_haricot),
  "Maïs + Courge" = lm((Biomasse1 + Biomasse2) ~ rdepth + rdepth2, data = resultats_mais_courge),
  "Maïs + Salade" = lm((Biomasse1 + Biomasse2) ~ rdepth + rdepth2, data = resultats_mais_salade)
)

# 2) Extraire coefficients et statistiques de chaque modèle
reg_coefs <-
  imap_dfr(models, ~ tidy(.x) %>%
    filter(term != "(Intercept)") %>%
    dplyr::select(term, estimate, std.error, p.value) %>%
    mutate(Scenario = .y),
    .id = NULL)

# 3) Extraire R² ajusté et p-value globale
reg_glance <-
  imap_dfr(models, ~ glance(.x) %>%
    dplyr::select(r.squared, adj.r.squared, p.value) %>%
    mutate(Scenario = .y),
    .id = NULL)

# 4) Combiner en un seul tableau
reg_summary <-
  left_join(reg_coefs, reg_glance, by = "Scenario") %>%
```

```

dplyr::select(
  Scenario, term,
  slope      = estimate,
  `Std. Error` = std.error,
  `p-value slope` = p.value.x,
  `R²`        = r.squared,
  `R² ajusté`  = adj.r.squared,
  `p-value global` = p.value.y
)

# 5) Afficher
knitr::kable(
  reg_summary,
  caption = "Synthèse des régressions linéaires par scénario"
)

```

Table 5: Synthèse des régressions linéaires par scénario

Scenario	term	slope	Std. Error	p-value slope	R ²	R ² ajusté	p-value global
Maïs seul	rdepth	- 0.0217042	0.0035793	0.0000013	0.5590641	0.5438594	0.0000013
Maïs + Haricot	rdepth	- 0.0108070	0.0218842	0.6252806	0.3674232	0.3222392	0.0016428
Maïs + Haricot	rdepth2	- 0.0157989	0.0247684	0.5287444	0.3674232	0.3222392	0.0016428
Maïs + Courge	rdepth	- 0.0155261	0.0266741	0.5651794	0.2502924	0.1967419	0.0177209
Maïs + Courge	rdepth2	- 0.0074706	0.0271706	0.7853721	0.2502924	0.1967419	0.0177209
Maïs + Salade	rdepth	- 0.0069045	0.0178072	0.7011426	0.3416076	0.2945796	0.0028760
Maïs + Salade	rdepth2	- 0.0231687	0.0340101	0.5013215	0.3416076	0.2945796	0.0028760

Dans toutes les situations, on observe une pente négative de la relation entre profondeur racinaire et production journalière de biomasse : plus les racines s'allongent, moins la plante produit de biomasse chaque jour. Cette « corrélation » n'est pas un effet causal direct, mais traduit simplement que, dans notre modèle, l'augmentation linéaire de la profondeur racinaire survient en fin de cycle, alors que la croissance foliaire tend naturellement à ralentir.

- **Maïs seul** : la régression donne une pente de $-0,0217 \text{ g} \cdot \text{m}^2 \cdot \text{mm}^{-1}$ ($p < 10^{-5}$, $R^2_{\text{ajusté}} = 0,54$). Autrement dit, pour chaque millimètre de racine supplémentaire, la biomasse journalière diminue de $\sim 0,02 \text{ g} \cdot \text{m}^2$, ce qui reflète plutôt le déclin de la croissance vers la fin de la simulation.
- **Maïs + Haricot** : pente maïs $-0,0108$ ($p = 0,63$, $R^2_{\text{ajusté}} = 0,32$) et pente haricot $-0,0160$ ($p = 0,53$). La relation est encore négative mais non significative, montrant que la compétition hydrique et lumineuse entre deux espèces efface l'effet temporel simple observé en monoculture.
- **Maïs + Courge** : pente maïs $-0,0155$ ($p = 0,57$, $R^2_{\text{ajusté}} = 0,20$) et pente courge $-0,0075$ ($p = 0,79$). Même constat : l'extension racinaire ne suffit plus à expliquer la production quotidienne de biomasse.

- **Maïs + Salade** : pente maïs $-0,0069$ ($p = 0,70$, $R^2_{\text{ajusté}} = 0,29$) et pente salade $-0,0232$ ($p = 0,50$). La courbe salade, aux racines peu profondes, montre un léger déclin quotidien, mais là encore non significatif.

En conclusion, dans ce cadre purement « racine linéaire \rightarrow eau \rightarrow biomasse », la profondeur n'est qu'un proxy du temps et ne pilote pas directement la production journalière. Seule la monoculture révèle une relation significative (pente et R^2 élevées).

5 Conclusion

Dans cette étude, nous avons prolongé le cadre classique d'APSIM monoculture pour développer un modèle duo capable de simuler la co-culture de deux espèces (maïs + plante associée) sur un profil de sol à trois horizons, en intégrant la compétition hydrique via un arbitrage de la transpiration. La transition du modèle mono au modèle duo s'appuie sur trois étapes clés :

1. **Reproduction du module monoculture** : nous avons d'abord implémenté et validé le simulateur mono-culture (maïs seul), en vérifiant que, pour chaque jour, la transpiration réelle ne dépasse jamais l'offre potentielle en eau du sol ($\text{Pot_Supply} - \text{Transpiration}$), garantissant la cohérence physique des calculs et la stabilité numérique.
2. **Extension au duo-culture** : chaque espèce conserve sa propre dynamique racinaire (croissance linéaire avec VPR), sa demande hydrique (liée au LAI et à la radiation) et sa production organique, mais la distribution journalière de l'eau est partagée proportionnellement aux demandes relatives. Cette approche simple mais robuste préserve l'intégrité des mécanismes fondamentaux (extraction, transpiration, biomasse) tout en autorisant des scénarios d'association variés.
3. **Vérifications de sensibilité et de plausibilité** :

- **Transpiration** ne dépasse pas l'offre, la validation des simulations a montré que, quel que soit le scénario, l'offre en eau du sol (Pot_Supply) reste systématiquement supérieure à la demande réelle de transpiration, garantissant la cohérence physique du modèle.
- **Réserves en eau** : l'analyse des stocks restants à J60 révèle qu'en interculture, chaque scénario retient davantage d'eau profonde (jusqu'à +10 mm dans l'horizon 3 vs monoculture), confirmant une exploitation plus équilibrée du profil.
Le maïs exploite profondément le profil (horizon 3 laissé à seulement ~11 mm à J60), alors qu'en interculture l'eau profonde est mieux préservée (jusqu'à ~20 mm résiduels), signe d'une répartition racinaire plus complémentaire ou d'une moindre demande globale.
- **Ratio Offre/Demande (O/D)** : le nombre de jours de stress hydrique ($\text{O/D} < 1$) passe de 26 en mono à 31 en interculture, soulignant un léger accroissement des épisodes de tension, mais laissé à un niveau acceptable pour la période simulée (30 jours).
- **Production de biomasse** :
 - *Monoculture* : le maïs atteint $416 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ à J60 ($\text{pente} = 12 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{j}^{-1}$).
 - *Maïs + Courge* : $176 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ pour le maïs (−58 %), $126 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ pour la courge,
 - *Maïs + Haricot* : $244 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ pour le maïs (−41 %), $124 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ pour le haricot,
 - *Maïs + Salade* : $279 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ pour le maïs (−33 %), $49 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ pour la salade.

Ces résultats montrent que chaque plante associée capte un volume d'eau et de lumière capable de réduire significativement la croissance du maïs, illustrant le compromis classique entre rendement de la culture principale et valeur ajoutée de la culture secondaire.

4. **Analyse de sensibilité** : en faisant varier la densité relative du maïs (0,1 à 0,9) dans les intercultures, nous avons observé une décroissance quasi-linéaire de la biomasse finale du maïs à J60 en présence d'une interculture. Chaque espèce associée affichant une pente caractéristique : la salade réduit le moins la production (pente modérée), tandis que la courge et le haricot exercent une pression plus forte. La valeur de référence en monoculture ($416 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$) a été tracée pour visualiser la perte/addition relative. Un test ANOVA a confirmé que la densité ($p < 10^{-1}$) et le scénario interculture ($p < 10^{-1}$) influencent significativement la biomasse du maïs, et un test de Tukey a montré des différences marquées entre chaque couple de scénarios (toutes $p < 0,01$).
5. **Perspectives** : plusieurs axes d'enrichissement du modèle méritent d'être explorés :

1. **Compétition lumineuse** : coupler l'interaction des LAI pour mieux simuler l'ombrage mutuel et les effets de concurrence foliaire.
2. **Dynamique azotée** : introduire le module N d'APSIM pour quantifier l'apport fertilisant des légumineuses (fixation symbiotique) et ses retombées sur la croissance du maïs.
3. **Plasticité racinaire** : substituer la croissance linéaire par une répartition adaptative des racines, modulée par l'humidité locale des horizons et la densité de peuplement.
4. **Validation terrain** : confronter les simulations à des jeux de données expérimentales (flux de transpiration, mesures de biomasse, observations racinaires), afin d'ajuster et calibrer les coefficients d'extraction (kl), d'expansion foliaire (CEF) et de conversion (RUE, TEC).

En somme, le passage du modèle mono au modèle duo, validé par des tests de cohérence hydrique et agronomique, offre un outil versatile pour étudier les compromis agro-écologiques en interculture. Il permet d'informer la conduite de cultures associées, que ce soit pour maximiser la production de maïs (monoculture ou intercalée avec salade) ou pour équilibrer les rendements de systèmes maïs-légumineuse (haricot, courge), tout en préparant le terrain pour intégrer d'autres services écosystémiques (fertilité, biodiversité).

6 Collaboration

Lors de ce projet j'ai eu l'occasion de collaborer avec plusieurs collègues autant pour améliorer mon projet que pour les aider avec le leur.

Je tiens à remercier tout particulièrement Alice Falzon avec qui j'ai travaillé à l'élaboration du modèle APSIM_2025, qui est la base de ce projet, elle m'a aussi fourni le code pour obtenir les données météo réelles via Open-Meteo et pour ses retours concernant mon rapport.

En retour j'ai pu l'aider à améliorer quelques points de son modèle et j'ai aussi relu son rapport.

Nous avons partagé notre code avec le reste de la classe, mais je ne saurais dire précisément qui l'a utilisé.

Je remercie aussi Ismael Peeters pour son aide sur la théorie lié au kl.

J'ai pu aider Emile Davio et Zoé Saintrain sur des points relatifs à la théorie et au code d'APSIM.

Références

- “Free Open-Source Weather API | Open-Meteo.com.” 2025. <https://open-meteo.com/>.
- Barnabás, Beáta, Katalin Jäger, and Attila Fehér. 2008. “The Effect of Drought and Heat Stress on Reproductive Processes in Cereals.” *Plant, Cell & Environment* 31 (1): 11–38. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2007.01727.x>.
- Bondeau, Alberte, Pascale C. Smith, Sönke Zaehle, Sibyll Schaphoff, Wolfgang Lucht, Wolfgang Cramer, Dieter Gerten, et al. 2007. “Modelling the Role of Agriculture for the 20th Century Global Terrestrial Carbon Balance.” *Global Change Biology* 13 (3): 679–706. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2006.01305.x>.
- Brennan, Eric B. 2013. “Agronomic Aspects of Strip Intercropping Lettuce with Alyssum for Biological Control of Aphids.” *Biological Control* 65 (3): 302–11. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2013.03.017>.
- Brooker, Rob W., Alison E. Bennett, Wen-Feng Cong, Tim J. Daniell, Timothy S. George, Paul D. Hallett, Cathy Hawes, et al. 2015. “Improving Intercropping: A Synthesis of Research in Agronomy, Plant Physiology and Ecology.” *New Phytologist* 206 (1): 107–17. <https://doi.org/10.1111/nph.13132>.
- Cryan, Ty, Olivia Musselman, Aaron W. Baumgardner, Sadie Osborn, Caroline J. Beuscher, Caitlin Stehn, Ariane Burt, et al. 2025. “Yield, Growth, and Labor Demands of Growing Maize, Beans, and Squash in Monoculture Versus the Three Sisters.” *PLANTS, PEOPLE, PLANET* 7 (1): 204–14. <https://doi.org/10.1002/ppp3.10576>.
- Dong, Qiqi, Xinhua Zhao, Dongying Zhou, Zhenhua Liu, Xiaolong Shi, Yang Yuan, Peiyan Jia, et al. 2022. “Maize and Peanut Intercropping Improves the Nitrogen Accumulation and Yield Per Plant of Maize by Promoting the Secretion of Flavonoids and Abundance of Bradyrhizobium in Rhizosphere.” *Frontiers in Plant Science* 13 (August). <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.957336>.
- Draye, Xavier. n.d. “Practical Notes.”
- Dudgeon, David, Angela H. Arthington, Mark O. Gessner, Zen-Ichiro Kawabata, Duncan J. Knowler, Christian Lévêque, Robert J. Naiman, et al. 2006. “Freshwater Biodiversity: Importance, Threats, Status and Conservation Challenges.” *Biological Reviews* 81 (2): 163–82. <https://doi.org/10.1017/S1464793105006950>.
- Foley, Jonathan A., Ruth DeFries, Gregory P. Asner, Carol Barford, Gordon Bonan, Stephen R. Carpenter, F. Stuart Chapin, et al. 2005. “Global Consequences of Land Use.” *Science* 309 (5734): 570–74. <https://doi.org/10.1126/science.1111772>.
- Ghavidel, Raheleh, Ghorban Asadi, Mohammad Naseri, Pour Yazdi, Reza Ghorbani, and Surur Khorramdel. 2016. “Evaluation of Radiation Use Efficiency of Common Bean (*Phaseolus Vulgaris* L.) Cultivars as Affected by Plant Density Under Mashhad Climatic Conditions.” *J. BioSci. Biotechnol.* 5 (2): 145–50.
- Hammer, G. 2009. “Computer Session: Yield Prediction, Simulation of the Genotype X Environment Interaction with an Excel Version of APSIM.”
- Keating, B. A., P. S. Carberry, G. L. Hammer, M. E. Probert, M. J. Robertson, D. Holzworth, N. I. Huth, et al. 2003. “An Overview of APSIM, a Model Designed for Farming Systems Simulation.” *European Journal of Agronomy, Modelling Cropping Systems: Science, Software and Applications*, 18 (3): 267–88. [https://doi.org/10.1016/S1161-0301\(02\)00108-9](https://doi.org/10.1016/S1161-0301(02)00108-9).
- Lin, Kuan-Hung, Meng-Yuan Huang, Wen-Dar Huang, Ming-Huang Hsu, Zhi-Wei Yang, and Chi-Ming Yang. 2013. “The Effects of Red, Blue, and White Light-Emitting Diodes on the Growth, Development, and Edible Quality of Hydroponically Grown Lettuce (*Lactuca Sativa* L. Var. *Capitata*).” *Scientia Horticulturae* 150 (February): 86–91. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2012.10.002>.
- McCown, R. L., G. L. Hammer, J. N. G. Hargreaves, D. P. Holzworth, and D. M. Freebairn. 1996. “APSIM: A Novel Software System for Model Development, Model Testing and Simulation in Agricultural Systems Research.” *Agricultural Systems* 50 (3): 255–71. [https://doi.org/10.1016/0308-521X\(94\)00055-V](https://doi.org/10.1016/0308-521X(94)00055-V).
- Mudare, Shingirai, Jasper Kanomanyanga, Xiaoqiang Jiao, Stanford Mabasa, Jay Ram Lamichhane, Jingying Jing, and Wen-Feng Cong. 2022. “Yield and Fertilizer Benefits of Maize/Grain Legume Intercropping in China and Africa: A Meta-Analysis.” *Agronomy for Sustainable Development* 42 (5): 81. <https://doi.org/10.1007/s13593-022-00816-1>.
- Munns, R. 2002. “Comparative Physiology of Salt and Water Stress.” *Plant, Cell & Environment* 25 (2): 239–50. <https://doi.org/https://doi.org/10.1046/j.0016-8025.2001.00808.x>.

- Nassary, Eliakira Kisetu, Frederick Baijukya, and Patrick Alois Ndakidemi. 2020. “Productivity of Intercropping with Maize and Common Bean over Five Cropping Seasons on Smallholder Farms of Tanzania.” *European Journal of Agronomy* 113 (February): 125964. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2019.125964>.
- Ogindo, H. O., and S. Walker. 2004. “The Determination of Transpiration Efficiency Coefficient for Common Bean.” *Physics and Chemistry of the Earth, Parts A/B/C*, Water, Science, Technology and Policy Convergence and Action by All (A Meeting Point for Action leading to Sustainable Development), 29 (15): 1083–89. <https://doi.org/10.1016/j.pce.2004.09.025>.
- Rouphael, Youssef, and Giuseppe Colla. 2005. “Radiation and Water Use Efficiencies of Greenhouse Zucchini Squash in Relation to Different Climate Parameters.” *European Journal of Agronomy* 23 (2): 183–94. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2004.10.003>.
- Tremblay, Marie, and Daniel Wallach. 2004. “Comparison of Parameter Estimation Methods for Crop Models.” *Agronomie* 24 (6-7): 351–65. <https://doi.org/10.1051/agro:2004033>.
- Yara, France. 2018. “Panorama de La Culture Du Maïs.” *Yara France*. <https://www.yara.fr/fertilisation/solutions-pour-cultures/mais/panorama-culture-mais/>.
- Zhang, Fusuo, and Long Li. 2003. “Using Competitive and Facilitative Interactions in Intercropping Systems Enhances Crop Productivity and Nutrient-Use Efficiency.” *Plant and Soil* 248 (1): 305–12. <https://doi.org/10.1023/A:1022352229863>.