

# Les modèles biologiques

## Généralités

Le logiciel contient une base de donnée de modèles biologiques d'un grand nombre d'espèces piscicoles.

The screenshot displays the HABBY 0.26 software interface. On the left, the 'Explorateur de modèles biologiques' (Biological Model Explorer) is open, showing a list of 64 models. The selected model is 'Barbus barbus - juvenile - BAF01'. Below the list, there is a section for 'Habitat Suitability Index information' with fields for 'Nom Latin' (Barbus barbus), 'Code ONEMA' (BAF), and a 'Description' (Origin: Treatment of the base data of 1601 environments. Data collected on the Rhône, Ain, Ardèche, Drôme, Loire and Garonne. Reference: CEMAGREF, LHQ. Capra et al., 1998.). A button 'Afficher les courbes de préférences' (Show preference curves) is visible. Below the text is a line drawing of a fish. At the bottom of the explorer, there are buttons for 'Valider les modèles sélectionnés' (Validate selected models) and 'Fermer' (Close).

On the right, three graphs are displayed for the selected model:

- Graph 1:** HSI vs Hauteur d'eau [m]. The curve starts at 0.0, rises to a peak of 1.0 at approximately 0.7m, and then remains constant at 1.0 up to 3.0m.
- Graph 2:** HSI vs Velocity [m/s]. The curve starts at 0.0, rises to a peak of 1.0 at 1.0 m/s, and then gradually decreases to 0.0 at 3.0 m/s.
- Graph 3:** HSI vs Substrat Dominant [Cemagref]. This is a bar chart with 8 categories. The HSI values are approximately: 0.1 for category 1, 0.1 for category 2, 0.1 for category 3, 0.1 for category 4, 0.4 for category 5, 0.5 for category 6, 1.0 for category 7, and 0.6 for category 8.

At the bottom of the software window, there is a text instruction: 'Sélectionnez vos modèles par glisser-déposer, puis cliquez sur le bouton "Valider les modèles sélectionnés".'

## Ajout de modèle supplémentaires

L'utilisateur a la possibilité d'ajouter ses propres modèles biologiques sous la forme de fichiers .xml dans le répertoire :

“C:\Users\USERNAME\AppData\Local\INRAE\_EDF\_OFB\HABBY\user\_settings\biology\user\_models”

Ces fichiers .xml doivent respecter la norme HABBY. Cette dernière est décrite dans [le manuel de référence](#).

## Caractéristiques des fichiers de modèle biologique

### Généralité

1. Extension : .xml

### Balises xml

1. CdBiologicalModel : code unique pour la base de donnée HABBY
  1. valeur : valeur du code (BAF01, ...)
2. CdAlternative : utilisé dans le tris de l'explorateur de modèle biologique
  1. attribut : OrgCdAlternative : type de code (ONEMA, ...)
  2. valeur : valeur du code (BAF, ...)
3. ModelType :
  1. valeur : nom du modèle (“univariate suitability index curves” et “bivariate suitability index models”)
4. Country :
  1. valeur : Nom du pays
5. MadeBy :
  1. valeur : Nom de l'organisme qui a créé le modèle biologique

From:  
<https://habby.wiki.inrae.fr/> - **HABBY**

Permanent link:  
[https://habby.wiki.inrae.fr/doku.php?id=fr:manuel\\_reference:modeles\\_biologiques&rev=1620134724](https://habby.wiki.inrae.fr/doku.php?id=fr:manuel_reference:modeles_biologiques&rev=1620134724)

Last update: **2021/05/04 15:25**

