

# 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 Models Explorer) window is open, showing a list of available models for *Barbus barbus*. The selected model is 'Barbus barbus - juvenile - BAF01'. Below the list, the 'Habitat Suitability Index information' section provides details: Nom Latin: *Barbus barbus*, Code ONEMA: BAF, and a description of the data source (1601 environments from the Rhône, Ain, Ardèche, Drôme, Loire, and Garonne rivers). A line drawing of a barbel is shown next to the text. Buttons for 'Afficher les courbes de préférences' (Show preference curves), 'Montrer l'hydrosignature' (Show hydrosignature), 'Valider les modèles sélectionnés' (Validate selected models), and 'Fermer' (Close) are visible.

On the right, the 'HSI : Barbus barbus - juvenile - BAF01' window displays three graphs showing the Habitat Suitability Index (HSI) for the selected model across different environmental parameters:

- Top Graph:** HSI vs. Hauteur d'eau [m]. The curve starts at 0.0 at 0.0m, rises to a peak of 1.0 at approximately 0.6m, and then remains constant at 1.0 up to 3.0m.
- Middle Graph:** HSI vs. Velocity [m/s]. The curve starts at 0.0 at 0.0 m/s, rises to a peak of 1.0 at 1.0 m/s, and then gradually decreases to 0.0 at 3.0 m/s.
- Bottom Graph:** HSI vs. Substrat Dominant [Cemagref]. This is a bar chart showing HSI values for different substrate types (1-8). The highest suitability is observed for substrate type 7.

At the bottom of the interface, a message reads: '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=1620134742](https://habby.wiki.inrae.fr/doku.php?id=fr:manuel_reference:modeles_biologiques&rev=1620134742)

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

