

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. The main window is titled "HABBY 0.26 - DefaultProj" and shows a project management area with tabs for "Projet", "Hydraulique", and "Substrat". The "Projet" tab is active, showing a list of files and options to add models or create duplicates. Below this is the "Explorateur de modèles biologiques" (Biological Model Explorer) window, which lists 64 available models. The selected model is "Barbus barbus - juvenile - BAF01".

The HSI analysis results for "Barbus barbus - juvenile - BAF01" are shown in three charts:

- Top Chart:** HSI vs. Hauteur d'eau [m]. The HSI starts at 0.0 at 0.0m, rises to 0.8 at 0.5m, peaks at 1.0 at 0.7m, and then drops to 0.5 at 1.0m, remaining constant at 0.5 for higher water levels up to 3.0m.
- Middle Chart:** HSI vs. Velocity [m/s]. The HSI starts at 0.0 at 0.0m/s, rises to 0.8 at 0.5m/s, peaks at 1.0 at 1.0m/s, and then gradually decreases to 0.0 at 3.0m/s.
- Bottom Chart:** HSI vs. Substrat Dominant [Cemagref]. The HSI is 0.0 for substrates 1-4, increases to 0.4 for substrate 5, 0.5 for substrate 6, peaks at 1.0 for substrate 7, and decreases to 0.6 for substrate 8.

The "Habitat Suitability Index information" window is also visible, providing details for the selected model:

- Nom Latin:** Barbus barbus
- Code ONEMA:** BAF
- Description:** Origine: Traitement de la base de données des 1601 ambiances. Données récoltées sur le Rhône, l'Ain, l'Ardèche, la Drôme, la Loire et la Garonne. Référence: CEMAGREF, LHQ, Capra et al., 1998.

Buttons for "Afficher les courbes de préférences", "Montrer l'hydrosignature", "Valider les modèles sélectionnés", and "Fermer" are present. A small image of a fish is also shown.

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](#).

From: <https://habby.wiki.inrae.fr/lib/tpl/bootstrap3-multilang/> - **HABBY**

Permanent link: https://habby.wiki.inrae.fr/lib/tpl/bootstrap3-multilang/doku.php?id=fr:guide_utilisateur:modes_biologiques&rev=1619520498

Last update: **2021/04/27 12:48**

