

# 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 visible, 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' is provided, including the Latin name, ONEMA code, and a description of the data source.

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

- Top Graph:** HSI vs. Hauteur d'eau [m]. The HSI starts at 0.0 at 0.0m, rises to a peak of 1.0 at approximately 0.6m, and then remains at 1.0 up to 3.0m.
- Middle Graph:** HSI vs. Velocity [m/s]. The HSI 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]. The HSI is 0.0 for substrates 1-4, increases to approximately 0.4 for substrate 5, 0.5 for substrate 6, 1.0 for substrate 7, and 0.6 for substrate 8.

At the bottom of the interface, there are buttons for 'run', 'Afficher les courbes de préférences', 'Montrer l'hydrosignature', 'Valider les modèles sélectionnés', and 'Fermer'. A note at the bottom states: '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
2. CdAlternative : utilisé dans le tris de l'explorateur de modèle biologique
  1. attribut : OrgCdAlternative : type de code (ex : ONEMA)
  2. valeur : valeur du code (BAF)
3. ModelType : “univariate suitability index curves”, “bivariate suitability index models”

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:manuel\\_reference:modeles\\_biologiques&rev=1620134502](https://habby.wiki.inrae.fr/lib/tpl/bootstrap3-multilang/doku.php?id=fr:manuel_reference:modeles_biologiques&rev=1620134502)

Last update: **2021/05/04 15:21**

