

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 available models for *Barbus barbus*. The selected model is 'Barbus barbus - juvenile - BAF01'. Below the list, the 'Habitat Suitability Index information' is displayed, including the Latin name, ONEMA code, and a description of the data source. A button 'Afficher les courbes de préférences' (Show preference curves) is visible.

On the right, the 'HSI : Barbus barbus - juvenile - BAF01' window shows three graphs illustrating the preference curves for different habitat parameters:

- Top Graph:** HSI vs. Hauteur d'eau [m]. The curve shows a peak HSI of 1.0 at approximately 0.75m water depth.
- Middle Graph:** HSI vs. Velocity [m/s]. The curve shows a peak HSI of 1.0 at approximately 1.0 m/s velocity.
- Bottom Graph:** HSI vs. Substrat Dominant [Cemagref]. The bar chart shows HSI values for different substrate types, with the highest HSI (1.0) for substrate type 7.

At the bottom of the interface, there are buttons for 'Valider les modèles sélectionnés' (Validate selected models) and 'Fermer' (Close). A 'run' button is also visible on the right side of the interface.

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/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=1620134724

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

