

# 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 drawing of a barbel fish is shown next to the information.

On the right, the 'HSI : Barbus barbus - juvenile - BAF01' window shows three graphs illustrating the Habitat Suitability Index (HSI) for this model. The top graph shows HSI vs. Water Height [m], the middle graph shows HSI vs. Velocity [m/s], and the bottom graph shows HSI vs. Substrate Dominant [Cemagref].

Parameter	Value	HSI
Hauteur d'eau [m]	0.0	0.0
	0.2	0.1
	0.5	0.8
Velocity [m/s]	0.0	0.1
	0.2	0.4
	0.5	0.7
Substrat Dominant [Cemagref]	1	0.1
	2	0.1
	3	0.1
	4	0.1
	5	0.4
	6	0.5
	7	1.0
	8	0.6

Buttons for 'run', 'Afficher les courbes de préférences', 'Montrer l'hydrosignature', 'Valider les modèles sélectionnés', and 'Fermer' are visible.

## 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](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**

