

Avec un terminal (CLI)



En travaux ..



Dans un terminal Windows, tapez : 'habby.exe' ou 'python.exe habby.py' suivis de la commande souhaitée.

- LIST_COMMAND : liste toutes commandes disponibles ;
 - CREATE_PROJECT : création d'un projet ;
 - CREATE_HYD : création d'un fichier hydraulique .hyd ;
 - CREATE_SUB : création d'un fichier substrat .sub ;
 - MERGE_GRID_SUB : création d'un fichier habitat .hab ;
 - RUN_HABITAT : calcul des valeurs d'habitat à partir d'un fichier .hab ;
 - RUN_HS : calcul l'hydrosignature d'un fichier .hyd ou .hab ;
 - EXPORT : lancer les exports à partir d'un fichier .hyd ou .hab ;
 - RUN_ESTIMHAB : lance le calcul Estimhab ;
 - RUN_STATHAB : lance le calcul Stathab ;
 - RUN_FSTRESS : lance le calcul FStress.

Lien vers la doc sphinx

Quelques exemples :

CREATE_PROJECT
path prj=C:\Users\user.name\Documents\HABBY projects\DefaultProj

```
CREATE_HYD model=TELEMAC inputfile="input_file.txt" cut=True  
outputfilename=cli_test.hyd  
path_prj=C:\Users\user.name\Documents\HABBY_projects\DefaultProj  
CREATE_HYD model=TELEMAC inputfile="input_file.slf" unit_list=5400.0,7200.0  
cut=True outputfilename=cli_test.hyd outputfilename=input_file_spe.hyd  
path_prj=C:\Users\user.name\Document\HABBY_projects\DefaultProj
```

```
CREATE_SUB substrate_mapping_method=polygon  
inputfile=sub_durance_PolygonCemagrefPercent_gpkg\sub_durance_PolygonCemagre  
fPercent_gpkg.gpkg  
path pri=C:\Users\user.name\Document\HABBY_projects\DefaultProj
```

```
MERGE_GRID_SUB hyd=input_file_spe.hyd  
sub=sub_durance_PolygonCemagrefPercent_gpkg\sub_durance_PolygonCemagrefPercent_gpkg.sub  
outputfilename=a1_a5_a9_sub_durance_PolygonCemagrefPercent_gpkg.hab  
path_prj=C:\Users\user.name\Document\HABBY_projects\DefaultProj
```

```
RUN_HABITAT hab=a1_a5_a9_sub_durance_PolygonCemagrefPercent_gpkg.hab  
pref_file_list=biology\models\ABL01.xml,biology\models\ABL01.xml,biology\models\ABL01.xml,biology\models\ABL01.xml,biology\models\BAM01b.xml,biology\models\BAM01b.xml,biology\models\BAM01b.xml,biology\models\BAM01b.xml,biology\models\BAM01.xml,biology\models\BAM01.xml,biology\models\BAM01.xml
```

```
deles\BAM01.xml
stage_list=adult,fry,juvenile,[0,45],[120,270],[45,120],adult,fry,juvenile
hyd_opt=HV,HV,HV,HV,HV,HV,HV,HV,HV
sub_opt=Dominant,Dominant,Dominant,Coarser,Coarser,Coarser,Coarser,Coarser,C
oarser path_prj=C:\Users\user.name\Document\HABBY_projects\DefaultProj
```

From:

<https://habby.wiki.inrae.fr/> - **HABBY**



Permanent link:

<https://habby.wiki.inrae.fr/doku.php?id=fr:develop:utilisation:cli&rev=1621519969>

Last update: **2021/05/20 16:12**