Utilisation en ligne de commande

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'hydrosginature 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_CLI
```

```
CREATE_HYD model=TELEMAC inputfile="input_file.txt" cut=True
outputfilename=cli_test.hyd
path_prj=C:\Users\user.name\Documents\HABBY_projects\DefaultProj_CLI
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_CLI
```

```
CREATE_SUB substrate_mapping_method=polygon
inputfile=sub_durance_PolygonCemagrefPercent_gpkg\sub_durance_PolygonCemagre
fPercent_gpkg.gpkg
path_prj=C:\Users\user.name\Document\HABBY_projects\DefaultProj_CLI
```

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

```
RUN_HABITAT hab=a1_a5_a9_sub_durance_PolygonCemagrefPercent_gpkg.hab
pref_file_list=biology\models\ABL01.xml,biology\models\ABL01.xml,biology\mod
els\ABL01.xml,biology\models\BAM01b.xml,biology\models\BAM01b.xml,biology\mo
dels\BAM01b.xml,biology\models\BAM01.xml,biology\models\BAM01.xml,biology\mo
dels\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_CLI
```

```
RUN_ESTIMHAB 0.09 1.5 9.26 12.42 0.23 0.37 1.5 0.04 1.2,2.6,0.1
path_prj="C:\Users\user.name\Documents\HABBY_projects\DefaultProj_CLI"
RUN_ESTIMHAB 0.09 1.5 9.26 12.42 0.23 0.37 1.5 0.04
"...\discharge_chronicle_date.txt"
path_prj="C:\Users\user.name\Documents\HABBY_projects\DefaultProj_CLI"
```

2021/03/01 16:37 · qroyer

Avec Python



En travaux ..


Lien vers docstring Sphinx

2021/03/01 16:37 · qroyer

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:develop:utilisation&rev=1619527483

Last update: **2021/04/27 14:44**