Structure de données sd_nume_ddl_gene, sd_vect_asse_gene et sd_matr_asse_gene

Résumé :

Ce document décrit les structures de données associées à la projection sur une base modale de type mode_meca ou bien établies à partir d'un concept modele_gene issu de la sous_structuration, c'est à dire : nume_ddl_gene, vect_asse_gene et matr_asse_gene.

Document diffusé sous licence GNU FDL (http://www.gnu.org/copyleft/fdl.html)

Table des matières

1 Généralités....3
2 Arborescence....3
4
2.1 NUME_DDL_GENE....4
2.2 PROF_GENE....4
2.2.1 '.DESC' S V I long = 1....4
2.2.2 '.LILI' S N K24 long = 2....4
2.2.3 '.PRNO' XC V I NOM ($.LILI) LONG = 2....4
2.2.4 '.ORIG' XC V I NOM ($.LILI) LONG = 2....4
2.2.5 '.NEQU' S V I long = 1....5
2.2.6 '.NUEQ' S V I long = neq....5
2.2.7 '.DEEQ' S V I long = 2*neq....5
2.2.8 '.DELG' S V I long = neq....5
2.2.9 '.REFN' S V K8 long = 4....5
2.3 ELIMINATION....6
2.4 VECT_ASSE_GENE....6
2.5 MATR_ASSE_GENE....6

Document diffusé sous licence GNU FDL (http://www.gnu.org/copyleft/fdl.html)

1 Généralités

Un nume_ddl_gene sert à définir la numérotation des coordonnées généralisées d'un système associé à une base de projection de type mode_meca ou bien à partir d'un concept modele_gene issu de la sous_structuration.

La projection de vecteurs ou matrices, assemblés selon ce nume_ddl_gene sur les modes de la base de projection ou sur ceux du modele_gene, issu de la sous_structuration crée respectivement des concepts de vecteurs ou matrices généralisés (vect_asse_gene resp. matr_asse_gene)

Le nombre de termes ou d'équations des vecteurs ou matrices généralisés dépend du nombre de modes pris en compte dans le concept nume_ddl_gene.

Les matrices généralisées sont stockées en un seul bloc selon un stockage diagonal (dans ce cas, autant de termes que de modes) ou plein (dans ce cas, ses termes sont rangés comme une demi matrice symétrique dans son objet '.VALM').

2 Arborescence

```
NUME_DDL_GENE (K14) ::=record
       (o) '.NUME'  :  PROF_GENE
       (o) '$VIDE'  :  STOCKAGE
       (f) '.ELIM'  :  ELIMINATION

PROF_GENE (K19) ::=record
       (o) '.DESC'  :  OJB  S   V  I  long = 1
       (o) '.NEQU'  :  OJB  S   V  I
       (o) '.REFN'  :  OJB  S   V  K24
       (o) '.DEEQ'  :  OJB  S   V  I
       (o) '.DELG'  :  OJB  S   V  I
       (o) '.LILI'  :  OJB  S   N  K24
       (o) '.NUEQ'  :  OJB  S   V  I
       (o) '.PRNO'  :  OJB  XC  V  I  NOM($.LILI)  LONG(2)
       (o) '.ORIG'  :  OJB  XC  V  I  NOM($.LILI)  LONG(2)

STOCKAGE (K14) ::=record
       (o) '.SLCS'  :  STOC_LCIEL (voir D4.06.07)
       (o) '.SMOS'  :  STOC_MORSE (voir D4.06.07)

ELIMINATION (K19) ::=record
       (o) '.BASE'  :  OJB  S   V  R
       (o) '.NOMS'  :  OJB  S   V  K8
       (o) '.TAIL'  :  OJB  S   V  I




VECT_ASSE_GENE (K19) ::=record
       (o) '.DESC'  :  OJB  S  V  I
       (o) '.REFE'  :  OJB  S  V  K24
       (o) '.VALE'  :  OJB  S  V  R

MATR_ASSE_GENE (K19) ::=record
       (o) '.DESC'  :  OJB  S  V  I
       (o) '.REFE'  :  OJB  S  V  K24
       (o) '.VALM'  :  OJB  S  V  R
```


Document diffusé sous licence GNU FDL (http://www.gnu.org/copyleft/fdl.html)

2.1 NUME_DDL_GENE

2.2 PROF_GENE

2.2.1 '.DESC' S V I long = 1

V(1) : 2

2.2.2 '.LILI' S N K24 long = 2

C'est le pointeur de noms de '.PRNO'. Il contient les ligrels de sous-structures et de liaisons '&SOUSSTR' et 'LIAISONS'. Si la numérotation généralisée est associée à une base de projection de type mode_meca, on considère qu'il y a une seule sous-structure et aucune liaison.

La collection '.PRNO' contient donc 2 objets :

- PRNO (1) : numéros des premiers modes des sous-structures de nom '&SOUSSTR'
- PRNO (2) : numéros des premiers Lagranges des liaisons de nom 'LIAISONS'

2.2.3 '.PRNO' XC V I NOM ($.LILI) LONG = 2

Cette collection décrit les numéros des modes (resp. des lagranges) portés par les sous-structures (resp. les liaisons).

Elle contient 2 vecteurs pointés respectivement par les noms '&SOUSSTR' et 'LIAISONS'. Soit :

```
V = PRNO(1)
V(2*(isst-1)+1) = imod
V(2*(isst-1)+2) = nb_mod
```

.imod est le numéro du premier mode de la $isst^{ième}$ sous-structure.
.nb_mod est le nombre de modes de la $isst^{ième}$ sous-structure.

```
V = PRNO(2)
V(2*(ilia-1)+1) = ilag
V(2*(ilia-1)+2) = nb_lag
```

.ilag est le numéro d'équation du premier lagrange de la $ilia^{ième}$ sous-structure.
.nb_lag est le nombre de lagranges de la $ilia^{ième}$ liaison.

2.2.4 '.ORIG' XC V I NOM ($.LILI) LONG = 2

Cette collection décrit les numéros des sous-structures (resp. les liaisons) portant les modes (resp. les lagranges).

Elle contient 2 vecteurs pointés respectivement par les noms '&SOUSSTR' et 'LIAISONS'. Soit :

```
V = PRNO(1)
V(imod) = isst
V = PRNO(2)
V(ilag) = ilia
```


Document diffusé sous licence GNU FDL (http://www.gnu.org/copyleft/fdl.html)

.isst est le numéro de sous-structure du imod^{ième} mode.
.ilia est le numéro de liaison du ilag^{ième} lagrange.

2.2.5 '.NEQU' S V I long = 1

V(1) : nombre total d'équations (neq)

2.2.6 '.NUEQ' S V I long = neq

C'est un vecteur contenant les numéros des équations.
V(ieq)=ieq
Ce vecteur est « prévisible », il est inutile.

2.2.7 '.DEEQ' S V I long = 2*neq

Si ieq est un numéro d'équation (i.e. adresse dans l'objet .VALE).

```
V ((ieq-1)*2+1) : imod
V ((ieq-1)*2+2) : isst
```

- Si imod > 0 et isst > 0
  nueq est l'équation associée au imod^{ième} mode de la isst^{ième} sous-structure.
- Si imod = 1 et isst < 0
  nueq est une équation de la isst^{ième} liaison.

2.2.8 '.DELG' S V I long = neq

```
V (ieq) : 0
Cet objet est inutile.
```

2.2.9 '.REFN' S V K8 long = 4

V(1) : nom du modèle généralisé (s'il y a lieu).
V(2) : 'DEPL_R'
V(3,4) : ' '

Document diffusé sous licence GNU FDL (http://www.gnu.org/copyleft/fdl.html)

2.3 ELIMINATION

Il s'agit d'un ensemble d'objets facultatif, créé lorsque NUME_DDL_GENE est appelé avec la méthode 'ELIMINE'. On créé et on stocke les objets pour l'assemblage des matrices généralisées, et la restitution sur base physique.

.BASE		Matrice permettant de réaliser l'élimination des contraintes (cf. la section dédiée dans la documentation de référence R4.06.02)
.NOMS		Noms des sous structures, classés dans l'ordre correspondant au stockage dans la matrice .BASE
.TAIL		Nombre de DDL généralisé des sous structures, dans l'ordre donné par .NOMS

Par exemple, si on a 3 sous structures nommées « SST1 », « SST2 » et « SST3 », comptant respectivement N1, N2 et N3 degrés de libertés, la matrice .BASE aura N1+N2+N3 lignes, et autant de colonnes que de degrés de libertés indépendants. Les N1 premières lignes sont associés à la sous structure « SST1 », les N2 lignes suivantes à la sous structure « SST2 », et les N3 dernières lignes à la sous structure « SST3 ».

2.4 VECT_ASSE_GENE

.REFE	(1) (2)	nom de la base de projection : type mode_meca nom du concept nume_ddl_gene ayant servi pour la projection
.DESC	(1) (2) (3)	= 1 car vecteur nombre de vecteurs utilisés dans la base : n_vect type de stockage : = 1 si diagonal, = 2 si plein
.VALE		S V I dim = n_vect
.VALE	(i)	valeur du i^{ème} terme stocké

2.5 MATR_ASSE_GENE

.REFE	(1) (2)	nom de la base de projection : type mode_meca nom du concept nume_ddl_gene ayant servi pour la projection
.DESC	(1) (2) (3)	= 2 car matrice nombre de vecteurs utilisés dans la base : n_vect type de stockage : = 1 si diagonal, = 2 si plein, =3 si quelconque
.VALM		S V I dim = n_termes, n_termes vaut n_vect si stockage diagonal et n_vect*(n_vect +1)/2 si stockage plein
.VALM	(i)	valeur du i^{ème} terme stocké

Document diffusé sous licence GNU FDL (http://www.gnu.org/copyleft/fdl.html)