Procédure IMPR_GENE

1 But

Ecrire le résultat d'un calcul dynamique en variables généralisées sur un fichier, au format 'RESULTAT'.

Actuellement cette procédure permet d'écrire des résultats en variables généralisées issus des concepts suivants :

- tran_gene ,
- vect_asse_gene ,
- harm_gene,
- mode_gene.

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

2 Syntaxe

```
IMPR_GENE (
   ◊  FORMAT    =  /  'RESULTAT',                          [DEFAUT]
   ◊  UNITE     =  / unit,                                 [I]
                   / 8,                                    [DEFAUT]
   ♦  GENE   =  _F(
# Si RESU_GENE = [vect_asse_gene]
             /  ♦  RESU_GENE =  tg,                        [vect_asse_gene]
                ◊  /  TOUT_CMP_GENE=  /  'OUI',            [DEFAUT]
                                      /  'NON',
                   /  NUME_CMP_GENE=  lordre ,             [l_I]
# Si RESU_GENE = [harm_gene] ou [mode_gene]
             /  ♦  RESU_GENE =  tg,                        [harm_gene]
                                                           [mode_gene]
                ◊     /  TOUT_CHAM    =  /  'NON',
                                         /  'OUI',         [DEFAUT]
                      /  NOM_CHAM     =  l_cham,          [l_Kn]
                ◊     /  TOUT_PARA    =  /  'OUI',        [DEFAUT]
                                         /  'NON',
                      /  NOM_PARA     =  lnomsymb,        [l_Kn]
                ◊     /  TOUT_CMP_GENE=  /  'OUI',        [DEFAUT]
                                         /  'NON',
                      /  NUME_CMP_GENE=  lordre ,         [l_I]
                ◊  /  ◊  /  TOUT_ORDRE   =  'OUI',        [DEFAUT]
                         /  NUME_ORDRE   =  lordre,       [l_I]
                         /  LIST_ORDRE   =  lent,         [listis]
                   /  ◊  /  TOUT_MODE    =  'OUI',       [DEFAUT]
                         /  NUME_MODE    =  lmode,       [l_I]
                   /  ◊  /  FREQ         =  lfreq,       [l_R]
                         /  LIST_FREQ    =  lreel,       [listr8]
                         ◊  CRITERE   =  /  'ABSOLU',
                                         /  'RELATIF',   [DEFAUT]
                         ◊  PRECISION =  /  prec,        [R]
                                         /  1.E-06,      [DEFAUT]
# Si RESU_GENE = [tran_gene]
             /  ♦  RESU_GENE =  tg,                        [tran_gene]
                ◊     /  TOUT_CHAM    =  'OUI',           [DEFAUT]
                      /  NOM_CHAM     =  l_cham,          [l_Kn]
                ◊     /  TOUT_CMP_GENE=  /  'OUI',
                                         /  'NON',
                      /  NUME_CMP_GENE=  lordre,          [l_I]
                ◊  /  ◊  /  TOUT_ORDRE   =  'OUI',        [DEFAUT]
                         /  NUME_ORDRE   =  lordre,       [l_I]
                         /  LIST_ORDRE   =  lent,         [listis]
                   /  ◊  /  INST         =  linst,       [l_R]
                         /  LIST_INST    =  lreel,       [listr8]
                         /  TOUT_INST    =  'OUI',       [DEFAUT]
                         ◊  CRITERE   =  /  'ABSOLU',
                                         /  'RELATIF',   [DEFAUT]
                         ◊  PRECISION =  /  prec,        [R]
                                         /  '1.E-03',    [DEFAUT]

                ◊  INFO_CMP_GENE    =    /  'OUI',        [DEFAUT]
                                         /  'NON',
                ◊  SOUS_TITRE    =  txt,                  [Kn]
```


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

```
        ◊  INFO_GENE     =  'OUI',
                            'NON',
        ),
)
```


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

3 Mot clé GENE

Ce mot-clé facteur permet de spécifier les résultats à imprimer. Au moins un bloc facteur du mot clé est nécessaire pour chaque résultat que l'on souhaite imprimer.

4 Opérande RESU_GENE

Ce mot-clé permet de spécifier le nom utilisateur du concept de type tran_gene, vect_asse_gene, harm_gene ou mode_gene à imprimer.

5 Variables d'accès si concept de type vect_asse_gene

5.1 Opérandes TOUT_CMP_GENE / NUME_CMP_GENE

Le mot-clé TOUT_CMP_GENE indique que l'on veut ou non imprimer les champs pour tous les numéros de composantes généralisées (sauf celles qui correspondent à des ddl de Lagrange).

Le mot-clé NUME_CMP_GENE indique que l'on veut imprimer les champs qui correspondent à une liste de numéros de composantes généralisées.

6 Variables d'accès si concept de type mode_gene ou harm_gene

6.1 Extraction d'un champ de résultat : opérandes TOUT_CHAM / NOM_CHAM

Le mot-clé TOUT_CHAM indique que l'on veut imprimer tous les champs effectivement calculés.

Le mot-clé NOM_CHAM permet de choisir une liste de noms symboliques de champs parmi l'ensemble des possibles.

6.2 Extraction d'un paramètre : opérandes TOUT_PARA / NOM_PARA

Le mot-clé TOUT_PARA indique que l'on veut ou non imprimer toutes les valeurs des paramètres attachés au concept considéré.

Le mot-clé NOM_PARA permet de choisir une liste de noms symboliques de paramètres parmi l'ensemble des possibles.

Ces mots-clés ne sont disponibles que pour le concept de type mode_gene.

6.3 Opérandes TOUT_CMP_GENE / NUME_CMP_GENE

Le mot-clé TOUT_CMP_GENE indique que l'on veut imprimer les champs pour tous les numéros de composantes généralisées (sauf celles qui correspondent à des ddl de Lagrange).

Le mot-clé NUME_CMP_GENE indique que l'on veut imprimer les champs qui correspondent à une liste de numéros de composantes généralisées.

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

6.4 Opérandes TOUT_ORDRE / NUME_ORDRE / LIST_ORDRE

Le mot-clé TOUT_ORDRE indique que l'on veut imprimer les champs pour tous les numéros d'ordre.

Les mot-clés NUME_ORDRE et LIST_ORDRE permettent de n'imprimer que les champs correspondant à une liste de numéros d'ordre lordre ou lent définie par DEFI_LIST_ENTI [U4.34.02] (lent est donc un concept de type listis).

6.5 Opérandes TOUT_MODE / NUME_MODE

Le mot-clé TOUT_MODE indique que l'on veut imprimer les champs pour tous les numéros de mode.

Le mot-clé NUME_MODE indique que l'on veut imprimer les champs correspondant à une liste de numéros de mode lmode. Ces numéros sont ceux affectés par l'algorithme de calcul.

Ce mot-clé n'est utilisable que pour un concept de type mode_gene.

6.6 Opérandes FREQ / LIST_FREQ

Le mot-clé FREQ indique que l'on veut imprimer les champs correspondant à une liste de fréquence lfreq.

Le mot-clé LIST_FREQ indique que l'on veut imprimer les champs correspondant à une liste de fréquences lreel, définie par l'opérateur DEFI_LIST_REEL [U4.34.01] (lreel est donc un concept de type listr8).

Ce mot-clé est utilisable pour un concept de type harm_gene, et éventuellement mode_gene.

6.7 Opérandes CRITERE / PRECISION

Le mot-clé PRECISION indique avec quelle précision on doit effectuer la recherche de la fréquence de calcul.

Le mot-clé CRITERE indique avec quel type d'intervalle de précision la recherche de la fréquence d'interpolation doit s'effectuer :

'ABSOLU' : intervalle de recherche [fr-prec, fr+prec]
'RELATIF' : intervalle de recherche [(1-prec)fr, (1+prec)fr]

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

7 Variables d'accès si concept de type tran_gene

7.1 Extraction d'un champ de résultat

- Opérandes TOUT_CHAM / NOM_CHAM
  Voir [§6.1].
- Opérandes TOUT_CMP_GENE / NUME_CMP_GENE
  Voir [§6.3]
- Opérandes TOUT_ORDRE / NUME_ORDRE / LIST_ORDRE
  Voir [§6.4].

7.2 Opérandes INST / LIST_INST / CRITERE / PRECISION

Le mot-clé INST indique que l'on veut imprimer les champs correspondant à une liste d'instants linst.

Le mot-clé LIST_INST indique que l'on veut imprimer les champs correspondant à une liste d'instants lreel, définie par l'opérateur DEFI_LIST_REEL [U4.34.01] (lreel est donc un concept de type listr8).

Pour CRITERE / PRECISION voir [§6.7] (en remplaçant fréquence par instant).

8 Paramètres d'impression des résultats

8.1 Opérande SOUS_TITRE

Cet argument permet d'imprimer un titre de commentaires.

8.2 Opérande FORMAT

Format d'impression des résultats dans le fichier de sortie.

Pour l'instant seul le format RESULTAT est disponible.

8.3 Opérande INFO_GENE

Lors de l'impression d'un concept généralisé, on peut avoir oublié le contenu exact de la structure de données. L'opérande INFO_GENE permet d'imprimer ce contenu (nombre de numéros d'ordre, liste des noms symboliques des champs effectivement calculés, liste des noms symboliques des paramètres effectivement calculés,...).

8.4 Extraction d'une généalogie du modèle généralisé : opérande INFO_CMP_GENE

Ce mot-clé indique que l'on veut ou non imprimer pour chaque composante généralisée le nom du concept base_modale ou mode_meca dont le mode correspondant à cette composante est issu, son type (propre ou contraint), sa fréquence et le nœud d'application de ce mode s'il est contraint.

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

8.5 Phase d'exécution

Pour les concepts tran_gene et harm_gene, on vérifie que les instants (fréquences) d'extraction demandés par les opérandes NUME_ORDRE, LIST_ORDRE, INST, LIST_INST, (FREQ, LIST_FREQ) sont dans le domaine de définition du concept. On vérifie également que les champs stipulés par les mots-clés TOUT_CHAM, NOM_CHAM, ont bien été calculés.

Pour le concept mode_gene, on vérifie que les noms des paramètres spécifiés par le mot-clé NOM_PARA sont bien admissibles. Si le numéro du mode est sélectionné par l'opérande NUME_MODE, on vérifie que ce nombre est inférieur au nombre total de modes qui définissent le mode_gene.

9 Exemples

9.1 Impression d'un vect_asse_gene

```
IMPR_GENE     ( GENE =      _F(RESU_GENE     = fgen,
                                NUME_CMP_GENE= 'OUI'       ),
                            _F(RESU_GENE     = fgen,
                                INFO_CMP_GENE= 'NON',
                                NUME_CMP_GENE= 1       )
                  )
```

On obtient l'impression suivante :

```
CONCEPT   FGEN          DE TYPE VECT_ASSE_GENE

NUME_CMP  VALEUR        BASE_MODALE  TYPE_MODE     FREQUENCE     APPLICATION
    1     1.00000E+00   BAM01_CL     PROPRE        2.25079E-01
   2      5.00000E-01   BAM01_CL     CONTRAINT     0.00000E+00   N03    DX
   3      0.00000E+00   BAM02_CL     PROPRE        2.25079E-01
   4      0.00000E+00   BAM02_CL     CONTRAINT     0.00000E+00   N01    DX

CONCEPT   FGEN          DE TYPE VECT_ASSE_GENE

NUME_CMP  VALEUR
   1      1.00000E+00
```

9.2 Opérande UNITE

```
◊  UNITE     =   / unit,                                    [I]
                 / 8,                                       [DEFAUT]
```

Les résultats sont écrits, par défaut, sur le fichier d'unité logique 8. L'utilisateur peut définir un autre fichier de sortie dont il indique l'unité logique.

9.3 Impression d'un mode_gene

```
     IMPR_GENE    ( GENE =  _F(RESU_GENE     = resgen,
                               INFO_GENE     = 'OUI',
                               NUME_ORDRE    = 1,
                               NOM_PARA  = ('FREQ','MASS_GENE','RIGI_GENE'),
                               INFO_CMP_GENE= 'NON'    ),
                             _F(   RESU_GENE     = resgen,
                                NUME_CMP_GENE   = (1, 3),
```


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

```
                                NUME_ORDRE = 1,
                                NOM_PARA  = ('FREQ','MASS_GENE','RIGI_GENE'),
                                 INFO_CMP_GENE   = 'OUI'   )
                    )
```

Les résultats sont écrits, par défaut, sur le fichier associé à l'unité logique 8. Mais l'utilisateur peut définir un autre fichier de sortie dont il indique l'unité logique. [U4.12.01].

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