

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.

2 Syntaxe

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

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

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.

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]

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'instant `linst`.

Le mot-clé `LIST_INST` indique que l'on veut imprimer les champs correspondant à une liste d'instant `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 UNITE

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

8.4 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,...).

8.5 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.

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