

Opérateur CALC_CORR_SSD

1 But

Estimer la qualité des modèles réduits dans le cadre de l'analyse modale. Cette commande permet de calculer les travaux des efforts résiduels de couplage au niveau de chacune des interfaces, ainsi que les travaux des efforts résiduels sur les parties internes des sous structures.

Par ailleurs, sur la base de ces travaux, la commande calcul des termes d'enrichissements, basés sur :

- les travaux des efforts résiduels aux interfaces, pour chaque sous structure,
- les travaux des efforts résiduels sur les parties internes, pour chaque sous structure,
- les déplacements différentiels (décollement) pouvant apparaître aux interfaces entre les sous structures.

Table des Matières

1 But.....	1
2 Syntaxe.....	3
3 Opérandes.....	4
3.1 Mot clé MODELE_GENE.....	4
3.2 Mot clé RESU_GENE.....	4
3.3 Mot clé SHIFT.....	4
3.4 Mot clé UNITE.....	4
3.5 Mot clé VERIF.....	4
3.5.1 Opérande STOP_ERREUR.....	4
3.5.2 Opérande PRECISION / CRITERE.....	4

2 Syntaxe

```
TABLE [TABLE_CONTAINER] = CALC_CORR_SSD (

♦  MODELE_GENE   =   modele,                                [modele_gene]
♦  RESU_GENE     =   resu,                                    [mode_gene]
◇  SHIFT         =   /1.,                                     [DEFAULT]
                  /shift,                                    [R]
◇  UNITE         =   unite,                                    [I]
◇  VERIF         =_F(  ◇  STOP_ERREUR   =   /  'OUI',          [DEFAULT]
                  /  'NON',
                  ◇  PRECISION    =   /  1.E-3,              [DEFAULT]
                  /  r,                                                  [R]
                  ◇  CRITERE      =   /  'RELATIF',          [DEFAULT]
                  /  'ABSOLU',
                  )
◇  SOLVEUR       =_F( ... Voir mot clé SOLVEUR [U4.50.01])
)
```

3 Opérandes

3.1 Mot clé **MODELE_GENE**

◆ `MODELE_GENE`

Nom du modèle généralisé dont on souhaite vérifier la qualité. Les calculs réalisés sont détaillés dans la documentation [U2.06.04].

3.2 Mot clé **RESU_GENE**

◆ `RESU_GENE`

Nom du résultat généralisé sur la base duquel on vérifie la qualité du modèle généralisé, et qui permet ensuite de calculer des enrichissements.

3.3 Mot clé **SHIFT**

◇ `SHIFT`

Valeur du décalage de fréquence permettant de calculer les termes d'enrichissement pour les macros éléments dont la matrice de raideur serait singulière une fois libérées les conditions aux limites des interfaces.

C'est par exemple le cas dans le test SDLS122A, où on considère des macros éléments carrés, encastrés sur le bord associé à l'interface, et simplement appuyés sur les 2 autres coins libres. En libérant l'encastrement du bord d'interface, la structure devient articulée, et présente donc des modes de corps rigide. En l'absence de $SHIFT > 0$, la matrice est singulière et le calcul ne peut pas se dérouler correctement.

3.4 Mot clé **UNITE**

◇ `UNITE`

Précise l'unité du fichier dans lequel seront imprimés les résultats des calculs des travaux d'interface. Par défaut, les résultats sont imprimés dans l'unité 8.

3.5 Mot clé **VERIF**

◇ `VERIF`

Mot clé facteur hérité de la définition du modèle généralisé, afin d'en vérifier la cohérence. On détermine si la liaison est compatible ou non. Les nœuds des deux interfaces n'ont a priori pas à être ordonnés de telle sorte qu'ils soient deux à deux confondus. Si les nœuds des interfaces ne sont pas en vis-à-vis deux à deux, le code détecte cet état et réordonne les nœuds de façon à les remettre en vis-à-vis.

3.5.1 Opérande **STOP_ERREUR**

Permet d'effectuer ou non la vérification de cohérence du modèle généralisé.

3.5.2 Opérande **PRECISION / CRITERE**

Indique le seuil de précision au delà duquel les liaisons sont incompatibles. Il s'agit de la distance (relative ou absolue suivant `CRITERE`) au delà de laquelle les nœuds de liaison sont considérés comme trop éloignés pour être effectivement reliés.