

## 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',
                                     / 'OUI',        [DEFAULT]
      / 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 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.

## 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_MODEALE | TYPE_MODE      | FREQUENCE   | APPLICATION |    |
| 1        | 1.00000E+00 | BAM01_CL     | PROPRE         | 2.25079E-01 |             |    |
| 2        | 5.00000E-01 | BAM01_CL     | CONSTRAINT     | 0.00000E+00 | N03         | DX |
| 3        | 0.00000E+00 | BAM02_CL     | PROPRE         | 2.25079E-01 |             |    |
| 4        | 0.00000E+00 | BAM02_CL     | CONSTRAINT     | 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,      [DEFAULT]
```

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),
```

```
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].