

---

## Opérateur DEFI\_MODELE\_GENE

---

### 1 But

---

Créer la structure globale à partir des sous-structures en sous-structuration dynamique (cf [R4.06.02]).

Dans le cadre d'un calcul utilisant les méthodes de sous-structuration dynamique (analyse modale ou harmonique), l'opérateur `DEFI_MODELE_GENE` permet de décrire la structure globale à partir des macro-éléments issus de `MACR_ELEM_DYNA` [U4.65.01] et des différentes connexions qui lient les sous-structures les unes aux autres. Un macro-élément peut servir à la définition de plusieurs sous-structures, quelle que soit leur orientation dans le repère physique si le couplage s'effectue par des modes statiques (option `'CLASSIQUE'`). Cette possibilité permet de tenir compte de la répétition d'un composant dans la structure globale.

Produit une structure de données de type `modele_gene`.

## Table des matières

1But.....	1
2Syntaxe.....	3
3Opérandes.....	4
3.1Mot clé SOUS_STRUC.....	4
3.1.1Opérande NOM.....	4
3.1.2Opérande MACR_ELEM_DYNA .....	4
3.1.3Opérande ANGL_NAUT.....	4
3.1.4Opérande TRANS.....	4
3.2Mot clé LIAISON.....	4
3.2.1Opérande SOUS_STRUC_1.....	5
3.2.2Opérande INTERFACE_1.....	5
3.2.3Opérande GROUP_MA_MAIT_1, MAILLE_MAIT_1.....	5
3.2.4Opérande SOUS_STRUC_2.....	5
3.2.5Opérande INTERFACE_2.....	5
3.2.6Opérande GROUP_MA_MAIT_2, MAILLE_MAIT_2.....	5
3.2.7Opérande OPTION.....	6
3.3Mot clé VERIF.....	6
3.3.1Opérande STOP_ERREUR .....	6
3.3.2Opérandes PRECISION / CRITERE.....	6
3.4Mot clé INFO.....	6
4Phase d'exécution.....	6
5Matrices et conditions de liaisons calculées par DEFI_MODELE_GENE.....	7
5.1Dans le cas de l'option 'CLASSIQUE'.....	7
5.2Dans le cas de l'option 'REDUIT'.....	7

## 2 Syntaxe

```
mo_gene [modele_gene] = DEFI_MODELE_GENE(  
    ♦ SOUS_STRUC = _F( ♦ NOM = nom_sstruc, [Kn]  
        ♦ MACR_ELEM_DYNA = macro_dy, [macr_elem_dyna]  
        ♦ ANGL_NAUT = angl_naut, [l_R]  
        ♦ TRANS = trans, [l_R]  
    ),  
    ♦ LIAISON = _F( ♦ SOUS_STRUC_1 = 'nom_sstruc1', [Kn]  
        ♦ INTERFACE_1 = 'nom_int1', [Kn]  
        ♦ SOUS_STRUC_2 = 'nom_sstruc2', [Kn]  
        ♦ INTERFACE_2 = 'nom_int2', [Kn]  
        ♦ GROUP_MA_MAIT_1 = lgma1, [l_gr_maille]  
        ♦ MAILLE_MAIT_1 = lma1, [l_maille]  
        ♦ GROUP_MA_MAIT_2 = lgma2, [l_gr_maille]  
        ♦ MAILLE_MAIT_2 = lma2, [l_maille]  
        ♦ OPTION = / 'CLASSIQUE', [DEFAULT]  
        / 'REDUIT',  
    ),  
    ♦ VERIF = _F( ♦ STOP_ERREUR = / 'OUI', [DEFAULT]  
        / 'NON',  
        ♦ PRECISION = / prec, [R]  
        / 1.E-3, [DEFAULT]  
        ♦ CRITERE = / 'RELATIF', [DEFAULT]  
        / 'ABSOLU',  
    ),  
    ♦ INFO= / 1, [DEFAULT]  
        / 2,  
    )
```

## 3 Opérandes

### 3.1 Mot clé SOUS\_STRUC

♦ SOUS\_STRUC

Mot clé facteur permettant de définir toutes les sous-structures qui composent la structure globale. La définition d'une sous-structure se fait par la donnée de son nom, du macro-élément qui lui est associé et de son orientation dans le repère physique.

#### 3.1.1 Opérande NOM

♦ NOM = 'nom\_sstruc'

Nom de 8 caractères maximum qui permettra par la suite de désigner la sous-structure dans :

- opérateur : DEFI\_MODELE\_GENE [U4.65.02], opérandes : LIAISON et SOUS\_STRUC\_1,
- opérateur : DEFI\_SQUELETTE [U4.24.01], opérande : SOUS\_STRUC,
- opérateur : ASSE\_VECT\_GENE [U4.65.05], opérande : SOUS\_STRUC,
- opérateur : REST\_SOUS\_STRUC [U4.63.32], opérande : SOUS\_STRUC.

#### 3.1.2 Opérande MACR\_ELEM\_DYNA

♦ MACR\_ELEM\_DYNA = macro\_dyna

Nom du concept `macr_elem_dyna` issu de l'opérateur MACR\_ELEM\_DYNA [U4.65.01] qui désigne le modèle condensé de la sous-structure. On rappelle qu'un macro-élément peut servir à la définition de plusieurs sous-structures.

#### 3.1.3 Opérande ANGL\_NAUT

♦ ANGL\_NAUT = angl\_naut

Liste des 3 angles nautiques, en degrés, qui permettent de passer de l'orientation du modèle ayant donné naissance au macro-élément à celle de la sous-structure.

On se rapportera à l'opérateur AFPE\_CARA\_ELEM [U4.42.01] : Opérande ORIENTATION pour la définition et l'utilisation des angles nautiques.

#### 3.1.4 Opérande TRANS

♦ TRANS = trans

Liste de 3 composantes de translation qui permettent de construire une nouvelle sous-structure à partir du modèle ayant donné naissance au macro-élément, en appliquant une translation d'ensemble.

### 3.2 Mot clé LIAISON

♦ LIAISON

Mot clé facteur permettant de définir toutes les interfaces de liaison entre sous-structures. Une liaison est définie par les noms des deux sous-structures en vis à vis, et pour chacune d'entre elles, le nom de l'interface correspondante.

Dans le cas d'une incompatibilité de maillage entre les deux sous-structures en vis à vis, il est nécessaire d'indiquer celle des deux dont l'interface sera considérée comme maître (mots clés GROUP\_MA\_MAÎT\* et/ou MAILLE\_MAÎT\*). Les nœuds esclaves qui sont projetés sur l'interface maître sont définis au préalable par DEFI\_INTERF\_DYNA [U4.64.01]. Le "recollement" des 2 interfaces se fera par écriture de relations linéaires entre les ddls des 2 faces.

Les déplacements des nœuds de la face esclave seront reliés aux déplacements de leurs projections sur la face maître. Pour chaque nœud de la face esclave, on écrira 2 (en 2D) ou 3 (en 3D) relations linéaires.

Une application de cette fonctionnalité est par exemple le recollement d'un maillage formé d'éléments linéaires (P1) sur un autre maillage quadratique (P2). Dans ce cas il est plutôt conseillé de choisir comme face "esclave" la face quadratique.

Il est possible de définir une liaison par modes réduits (ou modes d'interface) par le mot clé `OPTION`.

## 3.2.1 Opérande `SOUS_STRUC_1`

- ◆ `SOUS_STRUC_1 = 'nom_sstruc1'`

Nom de la première des sous-structures mises en jeu de part et d'autre de la liaison. Elle doit avoir été définie au préalable par le mot clé : `SOUS_STRUC`.

## 3.2.2 Opérande `INTERFACE_1`

- ◆ `INTERFACE_1 = 'nom_int1'`

Nom de l'interface de la première sous-structure intervenant dans la liaison. Elle doit avoir été définie au préalable par l'opérateur `DEFI_INTERF_DYNA` [U4.64.01] pour le macro-élément support de la sous-structure.

## 3.2.3 Opérande `GROUP_MA_MAIT_1, MAILLE_MAIT_1`

- ◇ `GROUP_MA_MAIT_1 = lgma1`
- ◇ `MAILLE_MAIT_1 = lma1`

Ces mots-clés permettent de définir l'ensemble des mailles de l'interface de la première sous-structure considérée comme maître où l'on cherchera les vis-à-vis des nœuds de la face esclave appartenant à la deuxième sous-structure.

### Attention :

*En 3D, il ne faut pas donner des mailles de surface, mais les mailles volumiques adjacentes à la face. Les mailles spécifiées sont des "candidates" pour la recherche des points vis-à-vis. On peut en donner trop, cela n'est pas gênant.*

De la même façon, en 2D, les mailles "maîtres" doivent être surfaciques (`QUAD`, `TRIA`) et non linéiques

## 3.2.4 Opérande `SOUS_STRUC_2`

- ◆ `SOUS_STRUC_2 = 'nom_sstruc2'`

Nom de la deuxième des sous-structures mises en jeu de part et d'autre de la liaison. Elle doit avoir été définie au préalable par le mot-clé `SOUS_STRUC`.

## 3.2.5 Opérande `INTERFACE_2`

- ◆ `INTERFACE_2 = 'nom_int2'`

Nom de l'interface de la deuxième sous-structure intervenant dans la liaison. Elle doit avoir été définie au préalable par l'opérateur `DEFI_INTERF_DYNA` [U4.64.01] pour le macro-élément support de la sous-structure.

## 3.2.6 Opérande `GROUP_MA_MAIT_2, MAILLE_MAIT_2`

- ◇ `GROUP_MA_MAIT_2 = lgma2`
- ◇ `MAILLE_MAIT_2 = lma2`

Ces mots-clés permettent de définir l'ensemble des mailles de l'interface de la deuxième sous-structure considérée comme maître où l'on cherchera les vis-à-vis des nœuds de la face esclave appartenant à la première sous-structure.

### Attention :

*En 3D, il ne faut pas donner des mailles de surface, mais les mailles volumiques adjacentes à la face. Les mailles spécifiées sont des "candidates" pour la recherche des points vis-à-vis. On peut en donner trop, cela n'est pas gênant.*

De la même façon, en 2D, les mailles "maîtres" doivent être surfaciques (QUAD, TRIA) et non linéiques

### 3.2.7 Opérande OPTION

◇ OPTION = / 'CLASSIQUE',  
              / 'REDUIT',

Permet de choisir entre une sous-structuration classique par modes statiques (méthode Mac-Neal, Craig-Bampton harmonique ou non) ou par modes d'interface.

### 3.3 Mot clé VERIF

◇ VERIF

Mot clé facteur permettant de vérifier la cohérence du modèle généralisé : on vérifie que la liaison est compatible avec les orientations et les translations affectées aux sous-structures. 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.

#### 3.3.1 Opérande STOP\_ERREUR

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

#### 3.3.2 Opérandes 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.

### 3.4 Mot clé INFO

Mot clé permettant de préciser de niveau d'impression.

## 4 Phase d'exécution

---

L'opérateur procède à un certain nombre de vérifications sur la cohérence des liaisons si la liaison ne présente pas d'incompatibilité de maillage :

- nombre de nœuds identique de part et d'autre de la liaison,
- cohérence, en chaque nœud, après orientation des degrés de liberté actifs de part et d'autre de la liaison.

## 5 Matrices et conditions de liaisons calculées par DEFI\_MODELE\_GENE

### 5.1 Dans le cas de l'option 'CLASSIQUE'

L'opérateur calcule les matrices de liaison orientée intervenant dans le modèle généralisé :

$$L_{j \text{ orientee}}^k = B_j^k R^k \Phi^k$$

où : l'exposant  $k$  caractérise la sous-structure,

l'indice  $j$  caractérise l'interface de liaison,

$B_j^k$  est la matrice d'extraction des ddl de la liaison  $j$ ,

$R^k$  est la matrice de rotation qui permet de passer de l'orientation du modèle ayant donné naissance au macro-élément à celle de la sous-structure,

$\Phi^k$  est la matrice colonne des vecteurs propres de la sous-structure  $k$ .

Les conditions de liaison entre les sous-structures 1 et 2 s'écrivant :

$$q_{j \text{ orientee}}^1 = q_{j \text{ orientee}}^2, \text{ avec } q_{j \text{ orientee}}^k = L_{j \text{ orientee}}^k \eta^k$$

où :  $q_j^k$  est le vecteur colonne des coordonnées physiques de la liaison  $j$  de la sous-structure  $k$ ,

$\eta^k$  est le vecteur colonne des coordonnées généralisées de la sous-structure  $k$ .

### 5.2 Dans le cas de l'option 'REDUIT'

L'opérateur calcule les matrices de liaison orientée intervenant dans le modèle généralisé :

$$L_{j \text{ orientee}}^k = B_j^k I^k$$

où : l'exposant  $k$  caractérise la sous-structure,

l'indice  $j$  caractérise l'interface de liaison,

$B_j^k$  est la matrice d'extraction des ddl de la liaison  $j$ ,

$I^k$  est la matrice identité

Dans le cas de l'option 'REDUIT', il n'est donc pas possible d'appliquer des changements de repères ce qui est normal car les modes d'interfaces pour les deux sous-structures sont identiques à l'interface.