

Manuel d'Utilisation
Fascicule U7.0- : Echanges de données
Document : U7.04.01

Procédure IMPR_FICO_HOMA

1 But

Imprimer le fichier de configuration de HOMARD.

Cette procédure permet d'écrire l'ensemble des données nécessaires à l'exécution de HOMARD :

- type d'utilisation,
- seuils de raffinement et déraffinement de maillage,
- analyse du maillage.

Remarque :

*A priori, cette procédure ne devrait jamais être employée directement par un utilisateur final.
Elle est activée au travers des macro-commandes d'adaptation de maillage.*

2 Syntaxe

```

IMPR_FICO_HOMA (
  ♦ TRAITEMENT = _F (
    # choix d'un type de traitement

    ♦ / ADAPTATION = / 'RAFF_DERA' ,
                        / 'RAFFINEMENT' ,
                        / 'DERAFFINEMENT' ,
    / UNIFORME = / 'RAFFINEMENT' ,
                        / 'DERAFFINEMENT' ,
                        / 'RIEN' ,
    / INFORMATION = 'OUI' ,

    # Nom MED du maillage en entrée
    ◊ NOM_MED_MAILLAGE_N = nmmaillagen , [TXM]
    # Si ADAPTATION ou UNIFORME
    # nom MED du maillage en sortie
    ♦ NOM_MED_MAILLAGE_NP1 = nmmaillagenp1 , [TXM]
    # numéro de l'itération courante
    ♦ NITER = niter , [I]
        ◊ MAJ_CHAM = / 'OUI' ,
                    / 'NON' , [DEFAULT]

    # Finsi

    # Si ADAPTATION = 'RAFFINEMENT' ou ADAPTATION = 'RAFF_DERA'
    ♦ / CRIT_RAFF_PE = crp , [R]
        / CRIT_RAFF_ABS = cra , [R]
        / CRIT_RAFF_REL = crr , [R]
    # Finsi

    # Si ADAPTATION = 'DERAFFINEMENT' ou ADAPTATION = 'RAFF_DERA'
    ♦ / CRIT_DERA_PE = cdp , [R]
        / CRIT_DERA_ABS = cda , [R]
        / CRIT_DERA_REL = cdr , [R]
    # Finsi

    # Si raffinement, adaptatif ou uniforme
    ◊ NIVE_MAX = nivmax , [I]
    # Finsi

    # Si déraffinement, adaptatif ou uniforme
    ◊ NIVE_MIN = nivmin , [I]
    # Finsi

    # Si ADAPTATION, noms des champs MED liés à l'indicateur
    ♦ NOM_MED = nmindica , [TXM]
    ♦ COMPOSANTE = mcindica , [TXM]
    ◊ RESULTAT = nrindica , [TXM]
    ◊ NOM_CHAM = nhindica , [TXM]
    ◊ Sélection du paramètre temporel
        / NUME_ORDRE = noindica [I]
        / INST = inst [R]
            ◊ | PRECISION = / prec [R]
                        / 1.0E-3 [DEFAULT]
            | CRITERE = / 'RELATIF' [DEFAULT]
                        / 'ABSOLU'

    # Finsi
  )
  # Suivi d'une frontière
  ◊ NOM_MED_MAILLAGE_FRONTIERE = maf [TXM]
  ◊ GROUP_MA = l_grma [l_gr_maille]

```

Titre : Procédure IMPR_FICO_HOMA
Auteur(s) : G. NICOLAS

Date : 03/02/05
Clé : U7.04.01-C Page : 3/10

```
# Mise à jour de champs sur le nouveau maillage
◇ MAJ_CHAM = _F (

    ◆ NOM_MED      = nmchamp                [TXM]
    ◆ Sélection du paramètre temporel
      / RESULTAT    = resu                  [evol_elas]
                                          [evol_noli]
                                          [evol_ther]
                                          [evol_thme]

      ◆ NOM_CHAM    = nomsymb              [K16]
      / NUME_ORDRE = ordre                  [I]
      / INST = instant                      [R]
      ◇ | PRECISION = / prec                [R]
                                          / 1.0E-3 [DEFAULT]
          | CRITERE  = / 'RELATIF'          [DEFAULT]
                                          / 'ABSOLU'
      )

# Gestion des types d'éléments
◇ NON_SIMPLEXE = / 0                      [DEFAULT]
                  / 1
                  / 2

◇ ANALYSE      = _F (

    ◆ / NOMBRE      = / 'OUI' ,            [DEFAULT]
      /             / 'NON' ,
      / QUALITE     = / 'OUI' ,
      /             / 'NON' ,            [DEFAULT]
      / INTERPENETRATION = / 'OUI' ,
      /             / 'NON' ,            [DEFAULT]
      / CONNEXITE   = / 'OUI' ,
      /             / 'NON' ,            [DEFAULT]
      / TAILLE      = / 'OUI' ,
      /             / 'NON' ,            [DEFAULT]
      /             / 'NON' ,
    )

◇ LANGUE = / 'FRANCAIS' ,                [DEFAULT]
           / 'FRENCH' ,
           / 'ANGLAIS' ,
           / 'ENGLISH' ,

◇ INFO    = / 1 ,                      [DEFAULT]
           / 2 ,

# Nom symbolique des fichiers nécessaires à HOMARD

◆ FICHIER_CONF = f_conf                [TXM]
◇ FICHIER_DONN = f_donn                [TXM]

)
```

3 Opérandes

3.1 Mot-clé TRAITEMENT

- ♦ `TRAITEMENT = _F (`

Cet opérande permet de choisir le mode d'utilisation de HOMARD. La sélection se fait d'abord parmi trois rubriques : adaptation libre d'un maillage, adaptation uniforme d'un maillage, information sur un maillage.

3.1.1 Opérande ADAPTATION

- ♦ `/ ADAPTATION = / 'RAFF_DERA' ,
/ 'RAFFINEMENT' ,
/ 'DERAFFINEMENT' ,`

Cet opérande est employé pour faire de l'adaptation libre d'un maillage. En d'autres termes, la décision de (dé) raffiner un élément se prend en fonction de la valeur d'un indicateur d'erreur calculé auparavant.

Le choix peut se faire entre trois variantes :

- `'RAFF_DERA'` : le maillage est raffiné et déraffiné en fonction de l'indicateur d'erreur,
- `'RAFFINEMENT'` : seule la fonction de raffinement est activée. Les éléments à faible niveau d'erreur ne sont pas déraffinés,
- `'DERAFFINEMENT'` : c'est l'inverse, seule la fonction de déraffinement est activée. Les éléments à haut niveau d'erreur ne sont pas raffinés.

3.1.2 Opérande UNIFORME

- `/ UNIFORME = / 'RAFFINEMENT' ,
/ 'DERAFFINEMENT' ,
/ 'RIEN' ,`

Cet opérande est employé pour faire une adaptation uniforme d'un maillage. En d'autres termes, tous les éléments du maillage sont traités de la même manière, sans tenir compte d'un indicateur d'erreur. Le choix peut se faire entre trois variantes :

- `'RAFFINEMENT'` : tous les éléments sont raffinés,
- `'DERAFFINEMENT'` : tous les éléments sont déraffinés,
- `'RIEN'` : tous les éléments sont conservés ; le maillage est le même à la sortie qu'à l'entrée.

3.1.3 Opérande INFORMATION

- `/ INFORMATION = 'OUI'`

Dans ce cas, HOMARD n'adapte pas le maillage mais délivre des informations sur son contenu.

3.1.4 Opérande NOM_MED_MAILLAGE_N

- ♦ `NOM_MED_MAILLAGE_N = nmmaillagen`

C'est le nom selon les conventions MED sous lequel est connu le maillage d'entrée dans le fichier transféré entre *Code_Aster* et HOMARD.

3.1.5 Opérande NOM_MED_MAILLAGE_NP1

♦ `NOM_MED_MAILLAGE_NP1 = nmmaillagenp1`

C'est le nom selon les conventions MED sous lequel sera enregistré le maillage de sortie dans le fichier transféré entre HOMARD et *Code_Aster*. Cette donnée est obligatoire quand on fait une adaptation, libre ou uniforme.

3.1.6 Opérande NITER

♦ `NITER = niter`

Numéro de l'itération du maillage d'entrée dans HOMARD.

Ce numéro vaut 0 pour un maillage n'ayant subi aucune adaptation. Il vaut `n` pour un maillage obtenu après `n` adaptations. Cette donnée est obligatoire quand on fait une adaptation, libre ou uniforme.

3.1.7 Opérande MAJ_CHAM

◇ `MAJ_CHAM = / 'OUI' ,
/ 'NON' ,`

Si 'OUI', la fonction de mise à jour de champs sur le nouveau maillage sera activée dans HOMARD.

Si 'NON', rien n'est fait.

3.1.8 Opérandes de l'indicateur

Il faut transmettre à HOMARD les caractéristiques de l'indicateur d'erreur. Il est obligatoire de préciser sous quel nom de champ et quel nom de composante l'indicateur est stocké dans le fichier MED. Ensuite l'alternative est la suivante :

- soit le numéro d'ordre a été fourni dans les options de `MACR_ADAP_MAIL` ; il faut alors renseigner `NUME_ORDRE`,
- soit un instant a été fourni dans les options de `MACR_ADAP_MAIL` ; il faut alors renseigner le mot-clé `INST`,
- soit rien n'a été fourni ; Aster choisira celui qui existe pour le champ spécifié par `RESULTAT` et `NOM_CHAM`.

3.1.8.1 Opérande NOM_MED

◇ `NOM_MED = nmindica`

Nom selon les conventions MED du champ de l'indicateur d'erreur tel qu'il a été écrit dans le fichier transféré entre *Code_Aster* et HOMARD. C'est une chaîne de 32 caractères.

3.1.8.2 Opérande COMPOSANTE

◇ `COMPOSANTE = ncindica`

Nom de la composante du champ de l'indicateur d'erreur qui sera effectivement utilisée pour adapter le maillage. C'est une chaîne de 8 caractères.

3.1.8.3 Opérande NUME_ORDRE

◇ `NUME_ORDRE = noindica`

C'est le numéro d'ordre du champ d'indicateur d'erreur dans son fichier MED.

3.1.8.4 Opérande INST

◇ `INST = inst`

C'est l'instant où l'indicateur d'erreur est retenu.

3.1.8.5 Opérande PRECISION

◇ PRECISION = prec

Permet de tester l'égalité entre la valeur réelle de l'instant demandé et celle présente dans le fichier.

3.1.8.6 Opérande CRITERE

◇ CRITERE = crit

Précise si le test d'égalité a lieu en absolu ou en relatif.

3.1.8.7 Opérande RESULTAT

◇ RESULTAT = nrindica

C'est le nom du concept résultat associé à l'indicateur d'erreur.

3.1.8.8 Opérande NOM_CHAM

◇ NOM_CHAM = nhindica

C'est le nom de champ symbolique associé à l'indicateur d'erreur.

3.1.9 Opérande CRIT_RAFF_xxxx

Dans le cas d'adaptation libre impliquant du raffinement de maillage, il faut définir un critère haut d'erreur. Tous les éléments dont l'erreur est supérieur à ce critère seront raffinés. Trois variantes sont possibles :

3.1.9.1 Opérande CRIT_RAFF_PE

◇ / CRIT_RAFF_PE = crp

Le critère est défini par une proportion d'éléments à raffiner. C'est un nombre réel compris entre 0 et 1. Le processus est le suivant :

- calcul du nombre d'éléments n correspondant à la proportion définie par crp soit $n = crp \times \text{nombre total d'éléments}$,
- les n éléments avec la plus forte erreur seront raffinés.

3.1.9.2 Opérande CRIT_RAFF_ABS

/ CRIT_RAFF_ABS = cra

Le critère est défini par une valeur absolue de l'erreur. Tous les éléments avec une erreur supérieure à cette valeur seront raffinés.

3.1.9.3 Opérande CRIT_RAFF_REL

/ CRIT_RAFF_REL = crr

Le critère est défini par une valeur relative de l'erreur. C'est un nombre compris entre 0 et 1. Le processus est le suivant :

- calcul des valeurs minimales et maximales de l'indicateur d'erreur,
- calcul de la valeur correspondant à la proportion d'erreur : $v = v_{min} + crr (v_{max} - v_{min})$,
- tous les éléments dont l'erreur est supérieure à cette valeur seront raffinés.

3.1.10 Opérande CRIT_DERA_xxxx

Dans le cas d'adaptation libre impliquant du déraffinement, il faut définir un critère bas d'erreur. Tous les éléments dont l'erreur est inférieure à ce critère seront déraffinés. Trois variantes sont possibles.

3.1.10.1 Opérateur CRIT_DERA_PE

◇ / CRIT_DERA_PE = cdp

Le critère est défini par une proportion d'éléments à déraffiner. C'est un nombre compris entre 0 et 1. Le processus est le suivant :

- calcul du nombre d'éléments n correspondant à la proportion définie par cdp soit $n = cdp \times \text{nombre total d'éléments}$
- les n éléments avec la plus faible erreur seront déraffinés.

3.1.10.2 Opérateur CRIT_DERA_ABS

/ CRIT_DERA_ABS = cda

Le critère est défini par une valeur absolue de l'erreur. Tous les éléments avec une erreur inférieure à cette valeur seront déraffinés.

3.1.10.3 Opérateur CRIT_DERA_REL

/ CRIT_DERA_REL = cdr

Le critère est défini par une valeur relative de l'erreur. C'est un nombre compris entre 0 et 1. Le processus est le suivant :

- calcul des valeurs minimales et maximales de l'indicateur d'erreur,
- calcul de la valeur d'erreur V correspondant à la proportion d'erreur cdr telle que : $v = v_{min} + cdr (v_{max} - v_{min})$,
- tous les éléments dont l'erreur est inférieure à cette valeur seront déraffinés.

3.1.11 Opérateur NIVE_MAX

◇ NIVE_MAX = nivmax

C'est le niveau maximal de raffinement du maillage. Autrement dit un élément du maillage initial ne pourra pas être divisé plus de $nivmax$ fois dans l'ensemble du processus.

3.1.12 Opérateur NIVE_MIN

◇ NIVE_MIN = nivmin

C'est le niveau minimal de déraffinement du maillage. C'est-à-dire que seuls les éléments issus d'au moins $nivmin$ découpages de maillage peuvent être déraffinés.

3.1.13 Opérateur NOM_MED_MAIILLAGE_FRONTIERE

◇ NOM_MED_MAIILLAGE_FRONTIERE = nmmaf

C'est le nom sous lequel est connu le maillage de la frontière dans le fichier MED.

3.1.14 Opérateur GROUP_MA

◇ GROUP_MA = l_grma

Donne la liste des groupes de mailles définissant la frontière.

3.2 Mot clé MAJ_CHAM

◇ MAJ_CHAM = _F (

Ce mot-clé est à employer autant de fois que l'on a de champs à mettre à jour entre l'ancien maillage et le maillage adapté.

3.2.1 Opérande **NOM_MED**

- ♦ `NOM_MED = nmchamp`
Nom MED du champ à mettre à jour.

3.2.2 Sélection du paramètre temporel

La sélection du numéro d'ordre associé au champ à interpoler se fait par la désignation d'un numéro d'ordre ou d'une valeur d'instant ou en repérant le champ dans la structure de résultat.

3.2.2.1 Opérande **RESULTAT**

- ♦ `/ RESULTAT = resu`
Nom du concept [`resultat`] contenant le champ à mettre à jour.

3.2.2.2 Opérande **NOM_CHAM**

- `NOM_CHAM = nomch`
Nom symbolique du champ à mettre à jour.

3.2.2.3 Opérande **NUME_ORDRE**

- `/ NUME_ORDRE = nochamp`
C'est le numéro d'ordre du champ à mettre à jour dans son fichier MED.

3.2.2.4 Opérande **INST**

- `/ INST = inst`
C'est l'instant où le champ est retenu.

3.3 Mot clé **NON_SIMPLEXE**

- ♦ `NON_SIMPLEXE = / 0 [DEFAULT]`
1
2

Dans sa version actuelle, HOMARD sait lire tous les types d'éléments mais ne fait porter l'analyse que sur certains : mailles-points, segments, triangles, quadrangles et tétraèdres.

En retenant l'option 0, la transmission d'un maillage contenant autre chose que des simplexes entraînera un arrêt en erreur.

En choisissant l'option 1, on pourra transmettre un maillage comportant n'importe quel type d'élément. L'analyse ne portera que sur la zone en simplexes ou en quadrangles.

Avec l'option 2, on n'autorise l'analyse que pour un maillage qui contient exclusivement des éléments que sait traiter HOMARD : segments, triangles, quadrangles et tétraèdres. La présence d'hexaèdres ou de pentaèdres entraînera un arrêt en erreur. C'est l'option par défaut.

3.4 Mot clé **ANALYSE**

- ♦ `ANALYSE = _F (`
Permet de préciser le type d'analyse souhaité pour le maillage.

3.4.1 Opérande **QUALITE**

- ♦ `/ QUALITE = / 'OUI' , [DEFAULT]`
/ 'NON' ,

Si 'OUI', un récapitulatif de la qualité des éléments du maillage sera édité.

Si 'NON', rien n'est fait.

3.4.2 Opérande INTERPENETRATION

```
/ INTERPENETRATION = / 'OUI' ,  
                      / 'NON' , [DEFAULT]
```

Si 'OUI', HOMARD teste si les éléments du maillage ne se recouvrent pas.
Si 'NON', rien n'est fait.

3.4.3 Opérande NOMBRE

```
/ NOMBRE = / 'OUI' , [DEFAULT]  
           / 'NON' ,
```

Si 'OUI', un récapitulatif des nombres de nœuds et d'éléments est imprimé.
Si 'NON', rien n'est fait.

3.4.4 Opérande CONNEXITE

```
/ CONNEXITE = / 'OUI' ,  
              / 'NON' , [DEFAULT]
```

Si 'OUI', une information sur la connexité des éléments du maillage est imprimée.
Si 'NON', rien n'est fait.

3.4.5 Opérande TAILLE

```
/ TAILLE = / 'OUI' ,  
           / 'NON' , [DEFAULT]
```

Si 'OUI', les tailles des différents sous-domaines sont imprimées.
Si 'NON', rien n'est fait.

3.5 Opérande LANGUE

```
◇ LANGUE = 'FRANCAIS' , [DEFAULT]  
           'FRENCH' ,  
           'ANGLAIS' ,  
           'ENGLISH' ,
```

L'opérande définit la langue utilisée pour les messages issus de HOMARD.

3.6 Opérande FICHIER_CONF

◆ FICHIER_CONF = f_conf

Nom symbolique du fichier de configuration pour HOMARD qui sera écrit par cette procédure.

3.7 Opérande FICHIER_DONN

◇ FICHIER_DONN = f_donn

Nom symbolique du fichier de données pour HOMARD qui sera écrit par cette procédure.

3.8 Opérande INFO

```
◇ INFO = / 1 ,  
         / 2 ,
```

Si INFO vaut 2, quelques impressions de débogage ont lieu.
Sinon, rien n'a lieu.

4 Exemple

```
IMPR_FICO_HOMA (  TRAITEMENT = _F(NOM_MED_MALLAGE_N='MZERO', INFORMATION='OUI' ),  
                  ANALYSE    = _F(QUALITE = 'OUI',  
                                   INTERPENETRATION = 'OUI' ),  
                  REP = 'MZERO_INFO' )
```

Cette commande entraînera l'écriture d'un fichier de configuration demandant à HOMARD d'analyser un maillage. Ce fichier résidera dans le sous-répertoire `MZERO_INFO` du répertoire courant.