

## 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',           [DEFAULT]
                                     / 'RELATIF',
      ◇ 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',           [DEFAULT]
                                     / 'RELATIF',
      ◇ 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'      )
                )
```