

---

## 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

1 But.....	1
2 Syntaxe.....	3
3 Opérandes.....	4
3.1 Mot clé SOUS_STRUC.....	4
3.1.1 Opérande NOM.....	4
3.1.2 Opérande MACR_ELEM_DYNA.....	4
3.1.3 Opérande ANGL_NAUT.....	4
3.1.4 Opérande TRANS.....	4
3.2 Mot clé LIAISON.....	4
3.2.1 Opérande SOUS_STRUC_1.....	5
3.2.2 Opérande INTERFACE_1.....	5
3.2.3 Opérande GROUP_MA_MAIT_1.....	5
3.2.4 Opérande SOUS_STRUC_2.....	5
3.2.5 Opérande INTERFACE_2.....	5
3.2.6 Opérande GROUP_MA_MAIT_2.....	6
3.2.7 Opérande OPTION.....	6
3.3 Mot clé VERIF.....	6
3.3.1 Opérande STOP_ERREUR.....	6
3.3.2 Opérandes PRECISION / CRITERE.....	6
3.4 Mot clé INFO.....	6
4 Phase d'exécution.....	6
5 Matrices et conditions de liaisons calculées par DEFI_MODELE_GENE.....	7
5.1 Dans le cas de l'option 'CLASSIQUE'.....	7
5.2 Dans 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]
                  ♦ GROUP_MA_MAIT_2 = lgma2, [l_gr_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 `AFFE_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_MAIT*`). 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 degrés de liberté des 2 faces.

## Remarque :

*Il est recommandé que, dans le cas d'interfaces incompatibles, l'interface maîtresse soit l'interface dont la discrétisation est la plus grossière. Dans le cas de l'utilisation de modes statiques classiques (autant que de degrés de liberté), il convient donc d'utiliser l'interface avec le plus petit nombre de degrés de liberté comme interface maîtresse. Dans le cas de l'utilisation de modes de couplages, ce choix peut être plus délicat. Le choix de l'interface maîtresse peut impacter nettement la qualité du résultat si les deux modèles présentent des discrétisations très différentes. Voir la discussion à ce sujet dans la section 5.2.*

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.

## Remarque :

*Dans le cas de l'utilisation de modes de couplages (opérateur `MODE_STATIQUE`) avec le mot-clé `MODE_INTERF`, il est indispensable que l'interface dynamique soit de type `CRAIGB`.*

### 3.2.3 Opérande `GROUP_MA_MAIT_1`

- ◇ `GROUP_MA_MAIT_1 = lgamma1`

Ce mot-clé permet de désigner la sous structure maître, indépendamment du groupe de mailles spécifié en entrée. L'opérateur `DEFI_MODELE_GENE` prend en charge la recherche des mailles en vis-à-vis dans tous les cas, en s'appuyant sur la définition des interfaces en regard (opérateur `DEFI_INTERF_DYNA` – U4.64.01). Si l'interface est incompatible, et que le mot-clé n'est pas renseigné, c'est la sous structure 1 qui est définie comme maîtresse.

### 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.

**Remarque :**

Dans le cas de l'utilisation de modes de couplages (opérateur `MODE_STATIQUE`) avec le mot-clé `MODE_INTERF`, il est indispensable que l'interface dynamique soit de type `CRAIGB`.

### 3.2.6 Opérande `GROUP_MA_MAIT_2`

◇ `GROUP_MA_MAIT_2 = lgamma2`

Ce mot-clé permet de désigner la sous structure maître, indépendamment du groupe de maille spécifié en entrée. L'opérateur `DEFI_MODELE_GENE` prend en charge la recherche des mailles en vis-à-vis dans tous les cas, en s'appuyant sur la définition des interfaces en regard (opérateur `DEFI_INTERF_DYNA` – U4.64.01). Si l'interface est incompatible, et que le mot-clé n'est pas renseigné, c'est la sous structure 1 qui est définie comme maîtresse.

### 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 DEF1\_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 degrés de liberté 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 :

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

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 degrés de liberté 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  $k$ .

Dans le cas de l'option 'REDUIT', on recolle les mouvements généralisés des deux interfaces. On assure :

$$[\Phi_{\text{esclave}}]^T q_{j\text{ orientee}}^1 = [\Phi_{\text{esclave}}]^T q_{j\text{ orientee}}^2, \text{ avec } q_{j\text{ orientee}}^k = L_{j\text{ orientee}}^k \eta^k$$

En effet, dans le cas de l'option « CLASSIQUE », le choix des degrés de liberté maître et esclave revient à écrire l'équation de liaison sous la forme

$$y_{\text{esclave}} - C y_{\text{maître}} = 0,$$

où  $y$  correspond aux degrés de liberté. Or, l'utilisation d'un espace de dimension réduite pour l'écriture de la relation revient à imposer les contraintes suivantes :

$$\Phi_{\text{esclave}} q_{\text{esclave}} - C \Phi_{\text{maître}} q_{\text{maître}} = 0 .$$

On a, de ce fait, plus d'équations que d'inconnues, le nombre de degrés de liberté généralisés  $q_{\text{esclave}}$  étant nettement inférieur au nombre de degrés de liberté physiques de l'interface  $y_{\text{esclave}}$ . Pour assurer le bon conditionnement des conditions de raccord, on projette donc cette relation sur la restriction à l'interface des modes de la sous structure esclaves, et la relation à vérifier devient alors :

$$\Phi_{\text{esclave}}^T \Phi_{\text{esclave}} q_{\text{esclave}} - \Phi_{\text{esclave}}^T C \Phi_{\text{maître}} q_{\text{maître}} = 0$$

Le choix de la sous structure maître conditionne donc la qualité du recollement dans le cas d'interfaces fortement incompatibles.

**Remarque :**

*Il convient, dans le cas de l'utilisation de l'option de faire particulièrement attention aux choix des interfaces maîtresses et esclave, dans la mesure où la relation cinématique entre les interfaces est écrite sur les degrés de liberté physiques, mais que la relation est ensuite projetée sur les modes de l'interface esclave. Si les deux modélisations sont identiques (3D - 3D, ou 2D-2D), et les discrétisations équivalentes, alors l'interface maîtresse sera l'interface présentant le plus grand nombre de modes. Dans le cas de modélisations différentes, il faudra s'assurer que l'on dispose d'un nombre équivalent de modes d'interface pour chacune des sous structures, idéalement un peu moins pour la sous structure esclave, et choisir comme interface maître celle présentant la discrétisation la plus grossière. Dans tous les cas, en attendant le développement d'outils permettant d'évaluer la qualité du recollement, il faudra procéder à une vérification visuelle des résultats.*