

Cas test_1

Etape préalable : créer un répertoire de travail, par exemple /tmp/test_1

Remarque : quand rien n'est précisé, laisser la valeur par défaut

1 Création du cas

Menu HOMARD, onglet « New case »

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Directory : choisir le répertoire de travail créé au préalable
- Mesh : sélectionner le fichier test_1.00.med

Valider par le bouton « OK ».

L'arbre d'étude s'enrichit de Case_1 et de l'itération initiale MAILL. Dans le module SMESH, le maillage MAILL apparaît avec l'icône de maillage importé.

2 La première itération

Création d'une nouvelle itération

Désigner à la souris l'itération initiale MAILL, puis à la souris, onglet « Next iteration »

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Iteration Name : modifier la valeur par défaut en donnant I1
- Mesh n+1 : modifier la valeur par défaut en donnant M1
- Field File : sélectionner le fichier test_1.00.med
- Choisir 1 comme valeur pour Time Step
- Choisir 1 comme valeur pour Rank
- Cliquer sur Hypothesis / New

Création de la première hypothèse

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Field Name : sélectionner le champ RESU_____ERRE_ELEM_SIGM_____
- Choisir 10.1 comme valeur pour « Percentage of meshes »

Valider par le bouton « OK ». On retourne à la fenêtre de création d'une itération. La liste d'hypothèses s'est enrichie de Hypo_1.

Validation de l'itération

Valider par le bouton « OK ». Sous le cas Case_1, l'arbre d'étude s'est enrichi de l'itération I1, avec une icône signifiant que l'itération n'est pas calculée. L'arbre d'études s'est enrichi d'un onglet Hypotheses avec celle qui vient d'être créée, Hypo_1.

Calcul de l'itération

Désigner à la souris l'itération I1, puis à la souris, onglet « Compute ».

L'icône de l'itération I1 signifie désormais que l'itération est calculée. Sous l'itération, l'arbre d'étude s'est enrichi de trois fichiers : les deux premiers sont des fichiers texte, pouvant être visualisés par le choix « Show file » ; le troisième est le fichier med, contenant le maillage produit, pour information.

Dans le module SMESH, le maillage M1 apparaît avec l'icône de maillage produit.

3 La deuxième itération

Désigner à la souris l'itération I1, puis à la souris, onglet « Next iteration »

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Iteration Name : modifier la valeur par défaut en donnant I2
- Mesh n+1 : modifier la valeur par défaut en donnant M2
- Field File : sélectionner le fichier test_1.01.med
- Choisir 1 comme valeur pour Time Step
- Choisir 1 comme valeur pour Rank

Valider par le bouton « OK ». Sous le cas Case_1, l'arbre d'étude s'est enrichi de l'itération I2.

Désigner à la souris l'itération I2, puis à la souris, onglet « Compute ». Mêmes commentaires que pour I1.

4 La troisième itération

Création d'une nouvelle itération

Désigner à la souris l'itération I2, puis à la souris, onglet « Next iteration »

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Iteration Name : modifier la valeur par défaut en donnant I3
- Mesh n+1 : modifier la valeur par défaut en donnant M3
- Cliquer sur Hypothesis / New

Création d'une nouvelle hypothèse

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Name : modifier la valeur par défaut en donnant Zones_1_et_2
- Type of adaptation : sélectionner le bouton « with geometrical zones »

La liste « Area Management » apparaît, vide. Cliquer sur New.

Dans la fenêtre qui apparaît :

- X mini : modifier la valeur par défaut en donnant -0.01
- X maxi : modifier la valeur par défaut en donnant 1.01
- Y mini : modifier la valeur par défaut en donnant -0.01
- Y maxi : modifier la valeur par défaut en donnant 0.4
- Z mini : modifier la valeur par défaut en donnant -0.01

Valider par le bouton « OK ». On retourne à la fenêtre de création d'une hypothèse. La liste de zones s'est enrichie de Zone_1.

Cliquer à nouveau sur New.

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Sélectionner le bouton lié à la sphère
- Y centre : modifier la valeur par défaut en donnant 0.6
- Z centre : modifier la valeur par défaut en donnant 0.7
- Radius : modifier la valeur par défaut en donnant 0.75

Valider par le bouton « OK ». On retourne à la fenêtre de création d'une hypothèse. La liste de zones s'est enrichie de Zone_2.

Valider par le bouton « OK ». On retourne à la fenêtre de création d'une itération. La liste d'hypothèses s'est enrichie de Hypo_2, qui est sélectionnée.

Validation de l'itération

Valider par le bouton « OK ». Sous le cas *Case_1*, l'arbre d'étude s'est enrichi de l'itération *I3*, avec une icône signifiant que l'itération n'est pas calculée. L'onglet Hypotheses s'est enrichi avec celle qui vient d'être créée, *Hypo_2*.

Calcul de l'itération

Désigner à la souris l'itération *I3*, puis à la souris, onglet « Compute ». Mêmes commentaires que pour *I1*.

5 Vérifications

Date mise à part, le fichier produit `/tmp/test_1/I03/apad.03.bilan` doit être identique au fichier `test_1.apad.03.bilan` qui se trouve dans le répertoire des cas-tests.

Si on fait un dump python, le fichier produit doit être similaire au fichier `test_1.py` qui se trouve dans le répertoire des cas-tests.

Etat de la fenêtre Salome à la fin :

Name	Value
HOMARD	HOMARD
Hypotheses	
Hypo_1	HypoHomard
Zones_1_et_2	HypoHomard
* Zone_2	ZoneHomard
* Zone_1	ZoneHomard
Case_1	CasHomard
MAILL	IterationHomard
I1	IterationHomard_MAILL
* Hypo_1	HypoHomard
/tmp/test_1/I01/Liste.00.vers.01	Mess 1
/tmp/test_1/I01/apad.01.bilan	Summary 1
/tmp/test_1/maill.01.med	Iteration 1
I2	IterationHomard_I1
* Hypo_1	HypoHomard
/tmp/test_1/I02/Liste.01.vers.02	Mess 2
/tmp/test_1/I02/apad.02.bilan	Summary 2
/tmp/test_1/maill.02.med	Iteration 2
I3	IterationHomard_I2
* Zones_1_et_2	HypoHomard
/tmp/test_1/I03/Liste.02.vers.03	Mess 3
/tmp/test_1/I03/apad.03.bilan	Summary 3
/tmp/test_1/maill.03.med	Iteration 3
Zones	
Zone_1	ZoneHomard
Zone_2	ZoneHomard
Mesh	SMESH
MAILL	
M1	
M2	
M3	