

Cas : test_1

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

Remarque : quand rien n'est précisé, laisser les valeurs par défaut.

1 Création du cas

Menu HOMARD, onglet « Nouveau cas »

Dans la fenêtre qui apparaît :

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

Valider la création du cas par le bouton « Appliquer et fermer ».

L'arbre d'étude s'enrichit de Case_1 et de l'itération initiale MAILL. Dans le module Mesh, 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 « Nouvelle itération »

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Nom de l'itération : modifier la valeur par défaut en donnant I1
- Maillage n+1 : modifier la valeur par défaut en donnant M1
- Fichier des champs : sélectionner le fichier test_1.00.med
- Cocher le bouton « Pas de temps choisi »
- Choisir 1 comme valeur pour « Pas de temps »
- Choisir 1 comme valeur pour « Numéro d'ordre »
- Cliquer sur « Hypothèse / Nouveau »

Création de la première hypothèse

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Nom du champ : sélectionner le champ RESU_____ERRE_ELEM_SIGM_____
- Choisir 10.1 comme valeur pour « Pourcentage de mailles »
- Dans le bloc « Interpolation des champs », cocher le bouton « Choisi »
- Cocher le champ « RESU_____DEPL_____ »
- Cocher le champ « RESU_____ERRE_ELEM_SIGM_____ »

Valider la création de l'hypothèse par le bouton « Appliquer et fermer ». 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 la création de l'itération par le bouton « Appliquer et fermer ». 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 Hypothesis 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 « Calculer ».

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 « Afficher le fichier » ; le troisième est le fichier med, contenant le maillage produit, pour information.

Dans le module Mesh, 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 « Nouvelle itération »

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Nom de l'itération : modifier la valeur par défaut en donnant I2
- Maillage n+1 : modifier la valeur par défaut en donnant M2
- Fichier des champs : sélectionner le fichier test_1.01.med
- Cocher le bouton « Pas de temps choisi »
- Choisir 1 comme valeur pour « Pas de temps »
- Choisir 1 comme valeur pour « Numéro d'ordre »

Valider la création de l'itération par le bouton « Appliquer et fermer ». 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 « Calculer ». 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 « Nouvelle itération »

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Nom de l'itération : modifier la valeur par défaut en donnant I3
- Maillage n+1 : modifier la valeur par défaut en donnant M3
- Cliquer sur « Hypothesis / Nouveau »

Création d'une nouvelle hypothèse

Dans la fenêtre qui apparaît :

- Nom : modifier la valeur par défaut en donnant Zones_1_et_2
- Type d'adaptation : sélectionner le bouton « Selon des zones géométriques »

La liste « Gestion des zones » apparaît, vide. Cliquer sur Nouveau.

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

Cliquer à nouveau sur Nouveau.

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
- Rayon : modifier la valeur par défaut en donnant 0.75

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

Valider la création de l'hypothèse par le bouton « Appliquer et fermer ». 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 la création de l'itération par le bouton « Appliquer et fermer ». 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 Hypothesis s'est enrichi avec celle qui vient d'être créée, *Hypo_2*.

Calcul de l'itération

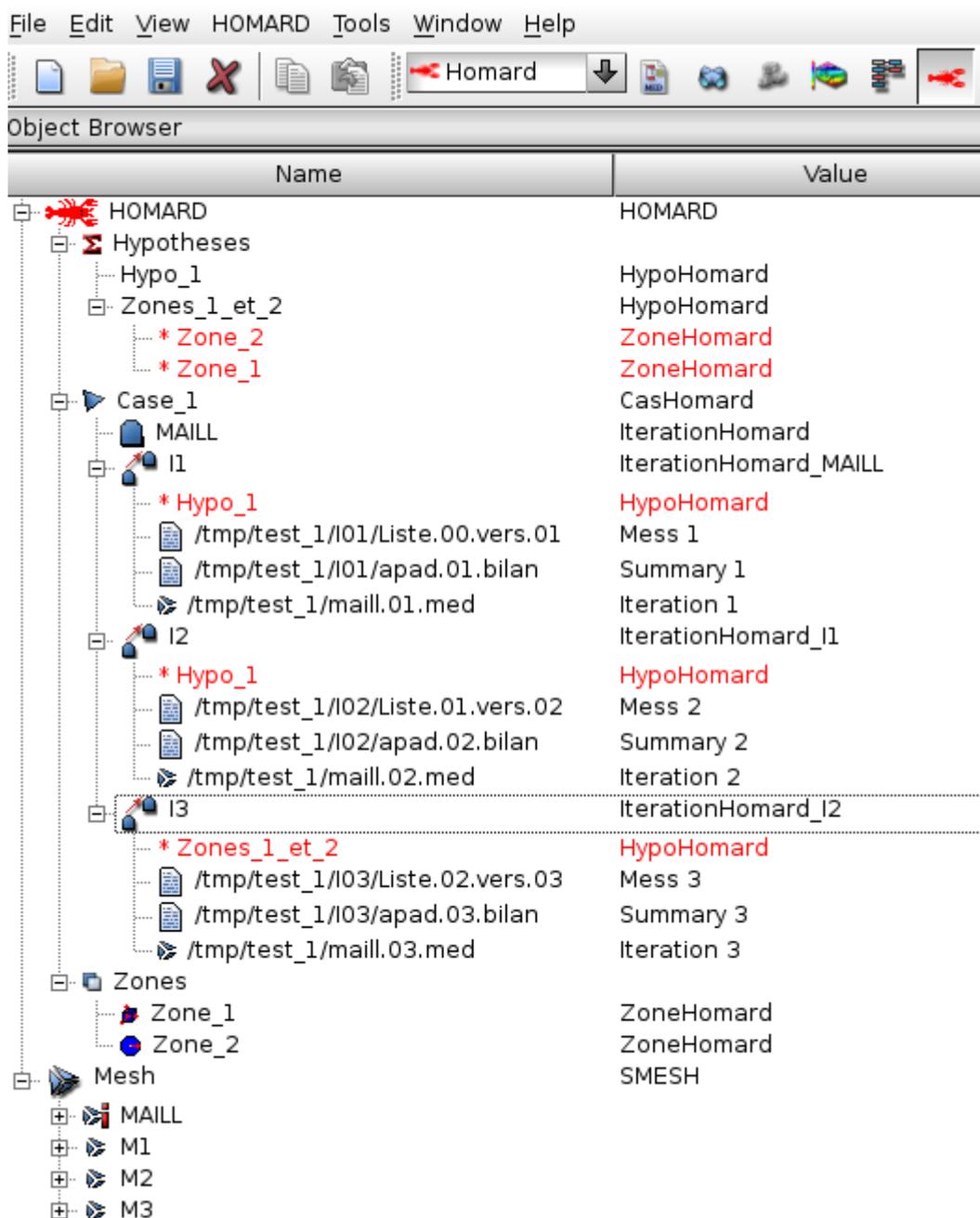
Désigner à la souris l'itération *I3*, puis à la souris, onglet « Calculer ». Mêmes commentaires que pour *I1*.

5 Vérifications

Date mise à part, le fichier produit dans le répertoire de travail *I03/apad.03.bilan* doit être identique au fichier *test_1.apad.03.bilan* qui se trouve dans le répertoire de référence 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 de référence 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 | |