

# 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 « 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 la création du cas 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
- Cocher le bouton « Chosen time step »
- 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 »
- Dans le bloc « Field Interpolation », cocher le bouton « Chosen »
- Cocher le champ « RESU\_\_\_\_\_DEPL\_\_\_\_\_ »
- Cocher le champ « RESU\_\_\_\_\_ERRE\_ELEM\_SIGM\_\_\_\_\_ »

Valider la création de l'hypothèse 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 la création de l'itération 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
- Cocher le bouton « Chosen time step »
- Choisir 1 comme valeur pour « Time Step »
- Choisir 1 comme valeur pour « Rank »

Valider la création de l'itération 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 la création de la zone 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 la création de la zone 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 la création de l'hypothèse 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 la création de l'itération 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

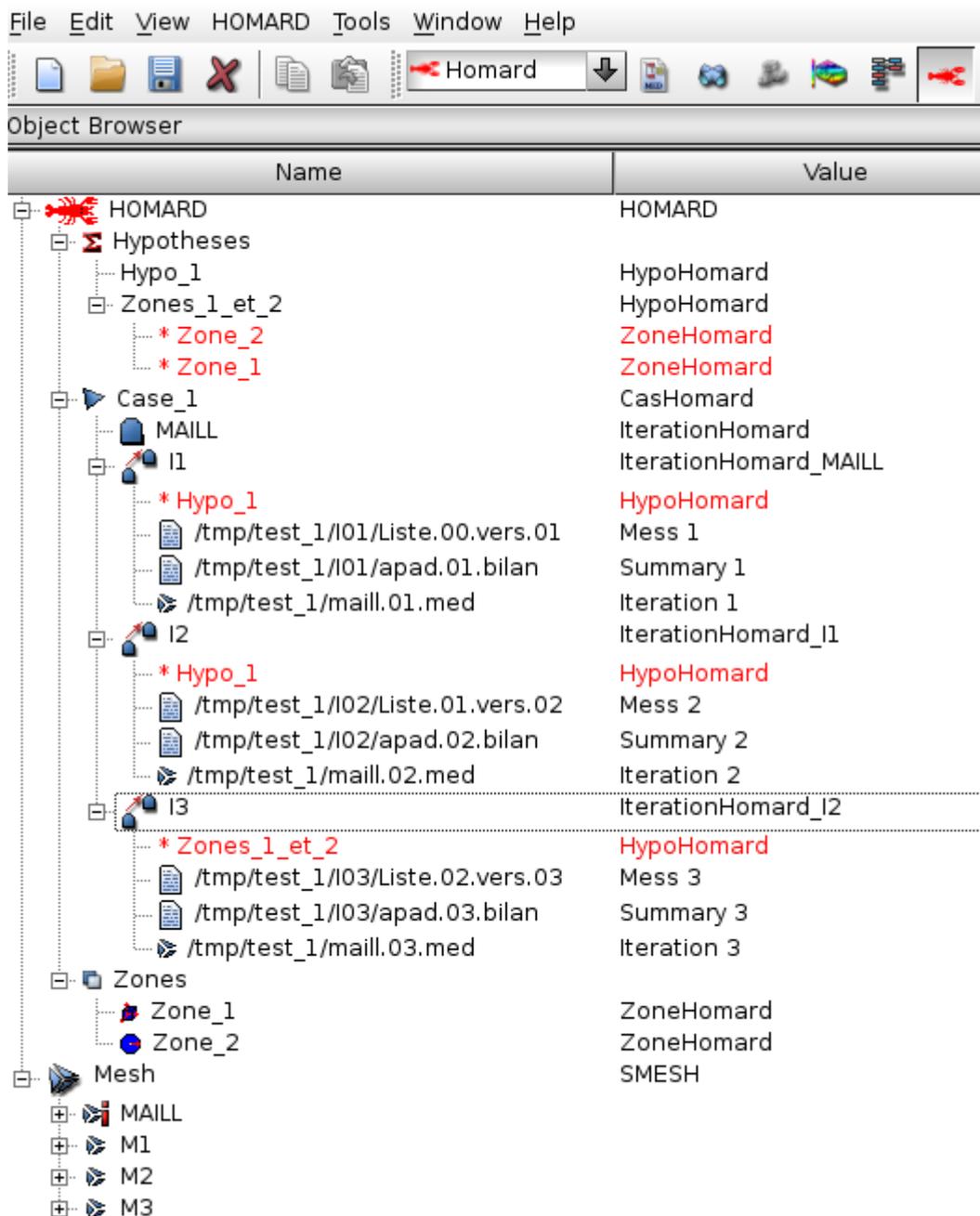
Désigner à la souris l'itération I3, puis à la souris, onglet « Compute ». Mêmes commentaires que pour I1.

## 5 Vérifications

Date mise à part, le fichier produit 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 :



The screenshot shows the Salome software interface with the Object Browser window open. The window title is "Homard" and it contains a table with two columns: "Name" and "Value". The tree view on the left shows the following structure:

- HOMARD
  - Hypotheses
    - Hypo\_1
      - Zones\_1\_et\_2
        - \* Zone\_2
        - \* Zone\_1
  - Case\_1
    - MAILL
      - I1
        - \* Hypo\_1
        - /tmp/test\_1/I01/Liste.00.vers.01
        - /tmp/test\_1/I01/apad.01.bilan
        - /tmp/test\_1/maill.01.med
      - I2
        - \* Hypo\_1
        - /tmp/test\_1/I02/Liste.01.vers.02
        - /tmp/test\_1/I02/apad.02.bilan
        - /tmp/test\_1/maill.02.med
      - I3
        - \* Zones\_1\_et\_2
        - /tmp/test\_1/I03/Liste.02.vers.03
        - /tmp/test\_1/I03/apad.03.bilan
        - /tmp/test\_1/maill.03.med
    - Zones
      - Zone\_1
      - Zone\_2
    - Mesh
      - MAILL
      - M1
      - M2
      - M3

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	