

---

## Opérateur LIRE\_MAILLAGE (FORMAT='MED')

---

### 1 But

---

Lire un maillage dans un fichier au format MED. Les mots-clés sont extraits de la commande LIRE\_MAILLAGE [U4.21.01]. Au même titre que dans un fichier au format « ASTER », la lecture d'un maillage dans un fichier au format MED, permet de constituer un concept de type `maillage`.

MED (Modélisation et Echanges de Données) est un format de données neutre développé par EDF R&D et le CEA pour les échanges de données entre codes de calcul. Les données que l'on peut échanger selon ce format sont les maillages et les champs de résultats : champs aux nœuds, champs par élément. Les fichiers MED sont des fichiers binaires et portables (s'appuyant sur la bibliothèque HDF, Hierarchical Data Format). La lecture d'un fichier MED par LIRE\_MAILLAGE, permet de récupérer un maillage produit par tout autre code capable de créer un fichier MED.

## 2 Syntaxe

---

```
ma [maillage] = LIRE_MAILLAGE (  
    ◇ UNITE          = / 20,          [DEFAULT]  
                      / i,          [I]  
    ◇ FORMAT        = / 'MED',  
    ◇ NOM_MED       = nomamd,        [TXM]  
    ◇ INFO_MED      = / 1,          [DEFAULT]  
                      / 2,  
    ◇ RENOMME       = ( _F(  
        ◆ NOM_MED   = nom-gr-med,    [TXM]  
        ◆ NOM       = nom-gr,        [TXM]  
        ), ),  
    ◇ INFO          = / 1,          [DEFAULT]  
                      / 2,  
    )
```

## 3 Opérandes

### 3.1 Opérande UNITE

◇ UNITE = i

Numéro d'unité logique du fichier maillage au format med. La valeur par défaut est 20 qui est utilisée pour le format Aster.

**Attention :**

Astk positionne à 21 le numéro associé à un fichier de maillage MED (type mmed). Il faut veiller à la cohérence.

### 3.2 Opérande FORMAT

◇ FORMAT = / 'MED'

L'opérande FORMAT permet de spécifier le format du fichier à lire. Le format 'MED' signifie à la procédure LIRE\_MALLAGE que le maillage à lire se trouve dans un fichier au format MED.

Au même titre que pour un fichier au format ASTER, les données lues sont :

- la liste des nœuds numéro, nom, coordonnées,
- la liste des mailles numéro, nom, type, nom des nœuds,
- la liste des groupes de nœuds numéro, nom, nombre de nœuds, noms des nœuds,
- la liste des groupes de mailles numéro, nom, nombre de mailles, noms des mailles.

**Nota :**

Dans un fichier MED, il y a partition des nœuds et des mailles en fonction des groupes. Une partition correspond à une famille MED. Dans un fichier MED, les groupes sont répartis au sein des familles : on y trouve donc des familles de nœuds et des familles de mailles. Lors de la lecture d'un fichier MED, les listes des groupes de nœuds et de mailles sont constituées à la volée par décomposition des familles.

### 3.3 Opérande NOM\_MED

◇ NOM\_MED = nomamd

Un fichier MED peut contenir plusieurs maillages. Chaque maillage est repéré par son nom. Pour lire un maillage en particulier, il faut fournir son nom en argument de ce mot clé NOM\_MED. En l'absence de mot-clé, le premier maillage trouvé dans le fichier sera lu. C'est la solution confortable quand on sait que le fichier ne contient qu'un maillage.

### 3.4 Opérande INFO\_MED

◇ INFO\_MED = / 1 [DEFAULT]  
/ 2

Niveau d'impression dans le fichier 'MESSAGE'. Cette opérande complète l'opérande INFO de la commande LIRE\_MALLAGE et fournit des informations spécifiques au format MED.

INFO\_MED : 1 aucune impression  
INFO\_MED : 2 impression dans le fichier 'MESSAGE' :

correspondance entre les familles du fichier MED et les groupes de nœuds et de mailles.

**Remarque :**

*Il arrive fréquemment que le nom du maillage imprimé par la bibliothèque med comporte un caractère non ascii ce qui peut corrompre le diagnostic affiché par le suivi des jobs d'astk (diagnostic '?').*

## 3.5 Opérande RENOMME

Au format MED, les noms de groupes de groupes de mailles ou de nœuds peuvent contenir jusqu'à 32 caractères. Or, au format 'ASTER', les noms des groupes sont limités à 8 caractères.

Le mot-clé facteur RENOME permet d'éviter les conflits potentiels si l'on se constate de tronquer les noms à 8 caractères :

- NOM\_MED est le nom de groupe MED à renommer
- NOM est le nom (maximum 8 caractères) qu'il aura dans le maillage ASTER.

## 3.6 Opérande INFO

Niveau d'impression.

Si : INFO : 2 :

- titre du maillage,
- nombre de nœuds,
- nombre de mailles de chaque type,
- nombre de groupes de nœuds, noms des groupes,
- nombre de groupes de mailles, noms des groupes,
- impression de tous les éléments de chaque liste :

liste des nœuds	numéro, nom, coordonnées,
liste des mailles	numéro, nom, type, nom des nœuds,
liste des groupes de nœuds	numéro, nom, nombre de nœuds, noms des nœuds,
liste des groupes de mailles	numéro, nom, nombre de mailles, noms des mailles.

## 4 Exemple

```
MAILLAGE = LIRE_MALLAGE
(
  FORMAT      = 'MED',
  UNITE       = 21,
  NOM_MED     = 'MAILLAGE_COMMUN',
  INFO_MED    = 2
)
```

## 5 Quel est l'intérêt du format MED ?

MED est un format de fichier pour les échanges de données entre codes. Tout code de calcul disposant d'une interface MED est capable d'échanger des informations avec tout autre code disposant de cette même interface.

La lecture d'un fichier MED par LIRE\_MALLAGE permet de récupérer un maillage produit par un autre code interfacé avec MED. Ce format de données est notamment utilisé pour les échanges de fichiers de maillages et de résultats entre ASTER et la plate-forme SALOME (pour le pré/post-traitement) ou l'outil de raffinement de maillage HOMARD.

On peut trouver de la documentation sur le format de données MED sur le site [code-aster.org](http://code-aster.org), page Produit.

