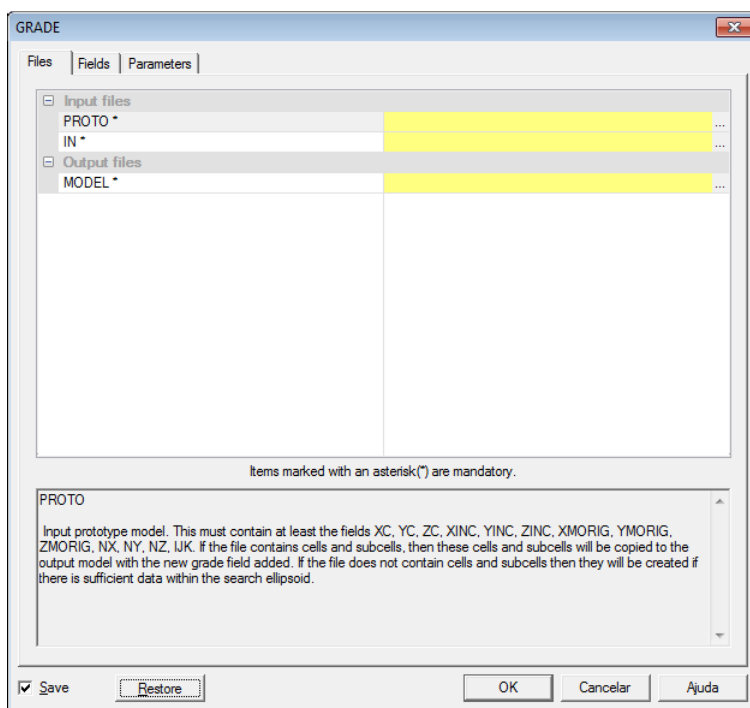


Interpolação de Teores

O processo DATAMINE para interpolação básica de teores é chamado de **GRADE**, o processo interpola teores dentro de um modelo de blocos, sendo que esse modelo de blocos pode ser um protótipo vazio ou um modelo de blocos/sub-blocos pré-existente o qual será interpolado e atribuído teor aos respectivos blocos/sub-blocos presentes no modelo.

Os parâmetros exigidos pelo processo são os seguintes:



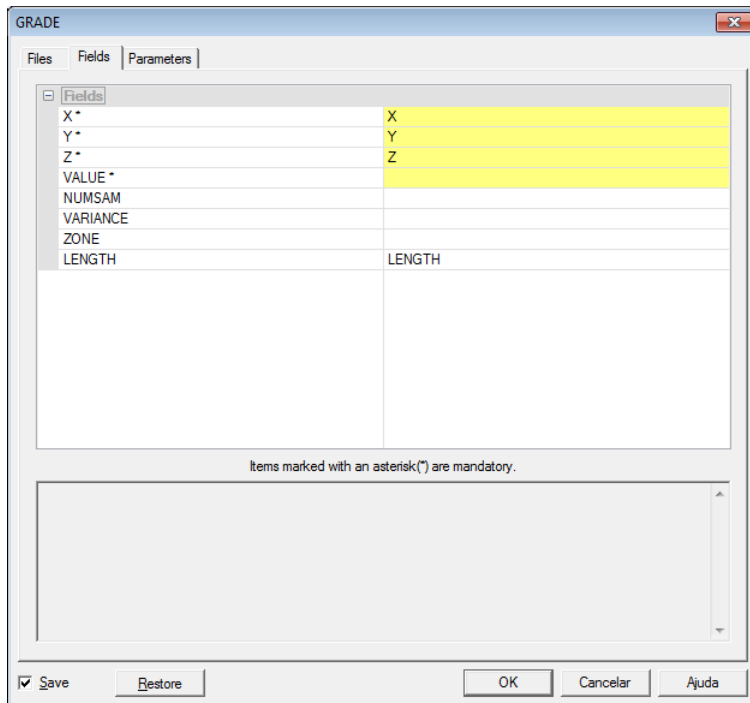
Janela de arquivos do processo GRADE

PROTO: Arquivo de entrada, podendo ser um protótipo vazio ou um modelo de células/sub-células pré-existente. Se o modelo não contiver células/sub-células o arquivo interpolado terá as células criadas dentro segundo os parâmetros de busca e interpolação (raio de busca, número de dados, etc.). Este arquivo deve conter pelo menos os campos básicos de definição do modelo XC, YC, ZC, XINC, YINC, ZINC, XMORIG, YMORIG, ZMORIG, NX, NY, NZ, IJK.

IN: Arquivo de dados de entrada. Deve conter as coordenadas X, Y, Z para cada amostra e o campo a ser estimado especificado no parâmetro **VALUE**. Em geral o arquivo utilizado é um arquivo de furos de sondagem, mas nada impede que seja qualquer arquivo contendo os quatro campos requeridos.

MODEL: Modelo de saída interpolado. O arquivo irá conter todos os campos do arquivo protótipo especificado em PROTO, mais o campo do teor estimado (VALUE). Além disso, se

especificado, serão criados campos contendo o número de amostras utilizado na estimativa do bloco (NUMSAM) e a variância de estimativa (VARIANCE) se o método de krigagem for selecionado.



Janela de especificação de campos do processo GRADE.

X: Nome do campo que contém a coordenada X da amostra.

Y: Nome do campo que contém a coordenada Y da amostra.

Z: Nome do campo que contém a coordenada Z da amostra.

VALUE: Nome do campo contendo o teor a ser estimado.

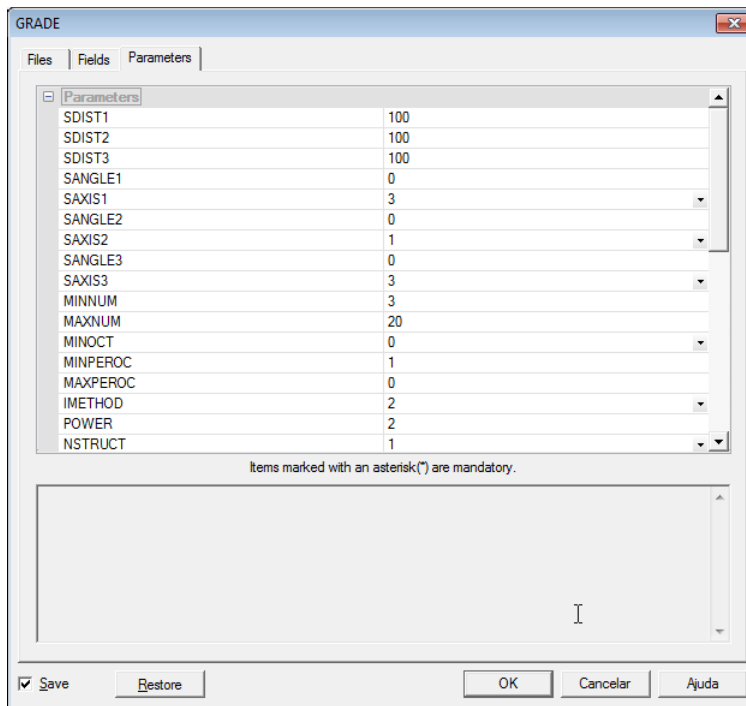
NUMSAM: Nome do campo a ser criado no arquivo de saída, utilizado para registrar o número de amostras utilizadas para a estimativa de cada célula. Se um nome de campo não é especificado o número de amostras utilizadas não será gerado.

VARIANCE: Nome do campo a ser criado no arquivo de saída, usado para registrar a variância de krigagem da estimativa. Isso só pode ser usado se krigagem ordinária (IMETHOD = 3) foi selecionado. Se um nome de campo não é especificado, então a variância não será gerada.

ZONE: Nome do campo contendo a informação para interpolação zonal. O campo pode ser numérico ou alfanumérico com até 20 caracteres. O campo deve existir em ambos os

arquivos de entrada, no protótipo de modelo (PROTO) e no arquivo de dados para interpolação (IN).

LENGTH: Nome do campo utilizado para ponderação pelo comprimento das amostras. Esse parâmetro somente é utilizado se o método de interpolação inverso da potência da distância for selecionado (**IMETHOD=2**).



Janela de parâmetros do processo GRADE.

SDIST1: Comprimento do eixo do elipsóide de busca na direção X.

SDIST2: Comprimento do eixo do elipsóide de busca na direção Y.

SDIST3: Comprimento do eixo do elipsóide de busca na direção Z.

SANGLE1: Primeiro ângulo de rotação (em graus) para o elipsóide de busca. A rotação é realizada em torno do eixo definido no parâmetro **SAXIS1**.

SAXIS1: Eixo sobre o qual a rotação **SANGLE1** é aplicada. Especifique 1 para o eixo X, 2 para o eixo Y, ou 3 para o eixo Z.

SANGLE2: Segundo ângulo de rotação (em graus) para o elipsóide de busca. A rotação é realizada em torno do eixo definido no parâmetro **SAXIS2**.

SAXIS2: Eixo sobre o qual a rotação **SANGLE2** é aplicada. Especifique 1 para o eixo X, 2 para o eixo Y, ou 3 para o eixo Z.

SANGLE3: Terceiro ângulo de rotação (em graus) para o elipsóide de busca. A rotação é realizada em torno do eixo definido no parâmetro **SAXIS3**.

SAXIS3: Eixo sobre o qual a rotação **SANGLE3** é aplicada. Especifique 1 para o eixo X, 2 para o eixo Y, ou 3 para o eixo Z.

MINNUM: Mínimo número de amostras que devem estar contidas no elipsóide de busca para que a célula seja estimada. Se houver menos amostras do que o mínimo especificado, e o modelo de protótipo contiver células na posição a ser estimada, então será atribuído o valor de "absent data" representado por "-" no campo estimado (definido em VALUE) do arquivo de modelo de saída do processo. De outra maneira se o mínimo número de amostras considerado não for atingido, e se o arquivo de protótipo não contiver células pré-existentes, então não serão criadas células nessa posição no modelo de saída.

MAXNUM: Máximo número de amostras a serem utilizados na estimativa de uma célula. Se forem encontrados dentro do elipsóide de busca mais dados do que o máximo especificado, então o elipsóide de busca será reduzido concentricamente até que o parâmetro seja respeitado. O máximo número de amostras não pode exceder 1400.

MINOCT: Mínimo número de octantes a ser preenchido antes que um bloco seja interpolado. Se aplicado o valor "0", o parâmetro não será utilizado.

MINPEROC: Número mínimo de amostras em um octante para interpolação.

MAXPEROC: Máximo número de amostras em um octante a ser utilizado na interpolação. Se houver mais amostras do que o máximo número de amostras especificado, então as amostras mais próximas do centróide do bloco são selecionadas. Se aplicado o valor "0", o parâmetro não será utilizado.

IMETHOD: Define o método de interpolação a ser utilizado no processo de estimativa, uma série de outros parâmetros estão vinculados à escolha do método de interpolação, uma vez que quanto mais sofisticado o método mais parâmetros de controle são exigidos. Estão disponíveis três métodos de interpolação pelo processo GRADE:

1: Nearest Neighbour: Amostra mais próxima (polígono de influência) – (IMETHOD=1);

2: Inverse Power of Distance: Inverso da potência da distância – (IMETHOD=2);

3: Ordinary Kriging: Krigagem ordinária, usando o modelo de variograma esférico com uma ou duas estruturas – (IMETHOD=3).

POWER: Potência de ponderação se o Inverse Power of Distance é selecionado (IMETHOD = 2).

NSTRUCT: Número de estruturas do modelo do variograma. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**).

NUGGET: Efeito pepita (C_0) do modelo do variograma esférico. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**).

ST1VAR: Variância espacial (patamar ou sill) da primeira estrutura do modelo de variograma esférico. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**).

ST1RANG1: Alcance da primeira estrutura do variograma (range) na direção X. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**).

ST1RANG2: Alcance da primeira estrutura do variograma (range) na direção Y. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**).

ST1RANG3: Alcance da primeira estrutura do variograma (range) na direção Z. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**).

ST2VAR: Variância espacial (patamar ou sill) da segunda estrutura do variograma esférico. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**) e duas estruturas foram especificadas (**NSTRUCT = 2**).

ST2RANG1: Alcance da segunda estrutura do variograma (range) na direção X. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**) e duas estruturas foram especificadas (**NSTRUCT = 2**).

ST2RANG2: Alcance da segunda estrutura do variograma (range) na direção Y. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**) e duas estruturas foram especificadas (**NSTRUCT = 2**).

ST2RANG3: Alcance da segunda estrutura do variograma (range) na direção Z. Este parâmetro é usado somente se a krigagem ordinária está marcada (**IMETHOD = 3**) e duas estruturas foram especificadas (**NSTRUCT = 2**).

PARENT: Controla a maneira como será estimada a célula original e suas respectivas sub-células.

0 – estima um valor para cada sub-célula individual.

1 – estima um valor para a célula original e atribui o teor para todas as sub-células geradas a partir da célula original.

XPOINTS: Número de pontos de discretização na direção X. Pontos de discretização são usados para simular cada célula ou subcélula com a proposta de estimativa. Eles serão usados somente para o Inverse Power of Distance (**IMETHOD = 2**) e krigagem ordinária (**IMETHOD =**

3). Se o Inverse Power of Distance (**IMETHOD = 2**) é usado então XPOINTS, YPOINTS e ZPOINTS podem ser igual a 1 e a sub-célula é representada por um único valor no seu centro. Se krigagem ordinária (**IMETHOD = 3**) é usado, então o número total de pontos de discretização (XPOINTS, YPOINTS e ZPOINTS) deve ser maior ou igual a 2.

YPOINTS: Número de pontos de discretização na direção Y.

ZPOINTS: Número de pontos de discretização na direção Z.

XSUBCELL: Número de sub-células por célula original a serem criadas na direção X. O parâmetro somente se aplica se não houver células no protótipo de modelo (PROTO). Assim as células (e respectivas sub-células) são criadas pelo processo GRADE.

YSUBCELL: Número de sub-células por célula original a serem criadas na direção Y. O parâmetro somente se aplica se não houver células no protótipo de modelo (PROTO). Assim as células (e respectivas sub-células) são criadas pelo processo GRADE.

ZSUBCELL: Número de sub-células por célula original a serem criadas na direção Z. O parâmetro somente se aplica se não houver células no protótipo de modelo (PROTO). Assim as células (e respectivas sub-células) são criadas pelo processo GRADE.