

# 土壤汚染概況調査の5地点混合方式における 試料採取地点最適配置

米田稔<sup>1</sup>・森澤眞輔<sup>2</sup>・西村留美<sup>3</sup>

<sup>1</sup>正会員 工博 京都大学助手 工学研究科環境地球工学専攻 (〒 606-8501 京都市左京区吉田本町)

<sup>2</sup>正会員 工博 京都大学教授 工学研究科環境地球工学専攻 (〒 606-8501 京都市左京区吉田本町)

<sup>3</sup> (株)三菱総合研究所 (〒 100-0004 東京都千代田区大手町 2-3-6)

本研究では土壤汚染の概況調査において、5地点混合方式で得られる測定値の統計的性質について考察した。場の統計的性質として弱定常性と等方性を仮定し、指数型、ガウス型、球面型の3つの共分散関数について検討した。約1000m<sup>2</sup>の正方形領域について5地点混合方式で推定した場合の推定分散を理論的に求めるとともに、遺伝アルゴリズムを用いて、推定分散を最小にする試料採取地点の配置を求めた。その結果、推奨されているように中心1地点及び周辺4方位の5mから10mまでの間からそれぞれ1地点ずつとりより、中心から13m程度離れた地点にとる方が良いという結論を得た。

**Key Words :** soil contamination, 5-point mixture method, estimation variance, sampling point, optimal arrangement, genetic algorithm

## 1. 序論

環境庁監修の「土壤・地下水汚染対策ハンドブック」によれば、土壤汚染の概況調査におけるサンプリング密度は概ね1000m<sup>2</sup>につき1ヶ所、試料採取は1ヶ所につき、基本的には中心1地点及び周辺4方位の5mから10mまでの間からそれぞれ1地点の合計5地点で行い、混合することとなっている<sup>1)</sup>。これは、約1000m<sup>2</sup>の面積での平均土壤汚染濃度を、その領域内の5地点での測定値の平均値で代表することを意味するが、その理論的根拠についてはなんら述べられていない。本研究ではまず5地点混合方式による測定値の代表性について検討するため、1000m<sup>2</sup>の面積全体での平均濃度を、5地点混合方式で推定した場合の推定誤差をいくつかの統計構造を持つ場について理論的に求める。さらに近年様々な分野の最適化問題において利用されている遺伝アルゴリズムを用いて、正方形領域の面平均値を推定するための最適な試料採取地点の配置について検討する。

## 2. 仮定した推定条件

広大な領域の概況調査を行う場合、濃度分布などに

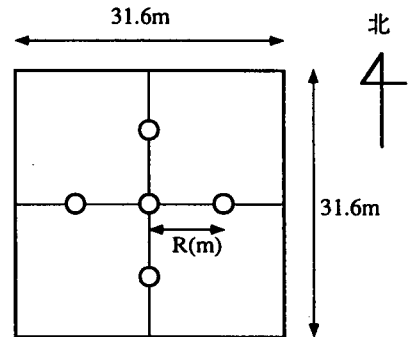


図-1 5地点混合方式における試料採取地点の配置

関する事前情報が無い場合には、領域全体を均等な正方形領域に分割しようとするのは妥当と考えられる。ここでは約1000m<sup>2</sup>の領域として一辺31.6mの正方形領域を考え、この領域での土壤汚染平均濃度を5地点混合方式で推定するものとする。この正方形領域の各辺がそれぞれ東西南北方向に平行しているとすると、5地点混合方式の試料採取地点は、図-1の白丸で示した5地点に配置される。図-1において中心以外の4地点は、それぞれ中心から等距離R(m)離れた位置にとるものとする。

なお本研究では水平2次元方向の濃度分布のみにつ

いて考え、垂直方向の濃度分布については考えないものとする。

### 3. 推定分散の評価

$Z(x)$ を水平2次元空間で分布する確率変数とする。ここで $x$ は2次元座標を表すベクトルである。今 $Z(x)$ に統計的弱定常性と等方性を仮定する。つまり $Z(x)$ の期待値 $m$ は場所によって変化せず、2地点 $x_1$ と $x_2$ での $Z(x)$ の値 $Z(x_1), Z(x_2)$ の共分散 $C(x_1, x_2)$ は、次式のように $x_1, x_2$ 間の距離 $h$ のみの関数とする。

$$C(x_1, x_2) = C(h) \quad (1)$$

このとき、 $Z_k = Z(x_{k,i})$  ( $i=1, 2, \dots, k$ )の $k$ 個の地点での算術平均、 $Z_n = Z(x_{n,j})$  ( $j=1, 2, \dots, n$ )の $n$ 個の地点での算術平均とする。 $Z_k$ を $Z_n$ で推定する場合、 $Z_n$ の期待値は $Z_k$ の期待値に一致する。つまり、

$$E[Z_n] = E\left[\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n Z_{n,j}\right] = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n E[Z_{n,j}] = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n m = m \quad (2)$$

同様に

$$E[Z_k] = m \quad (3)$$

よって

$$E[Z_n] = E[Z_k] \quad (4)$$

ここで $E[\ ]$ は期待値操作を意味する。

推定分散を真値と推定値の差の分散として定義すると、 $Z_k$ を $Z_n$ で推定する場合の推定分散は以下のように導かれる<sup>2)</sup>。まず $Z_k$ と $Z_n$ の期待値は共に $m$ であることから、

$$\sigma_E^2 = E\left[(Z_k - Z_n)^2\right] = E[Z_k^2] + E[Z_n^2] - 2E[Z_k Z_n] \quad (5)$$

ここで

$$E[Z_k^2] = \frac{1}{k^2} E\left[\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k Z_{k,i} Z_{k,j}\right] = \frac{1}{k^2} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k E[Z_{k,i} Z_{k,j}] \quad (6)$$

$$E[Z_{k,i} Z_{k,j}] = C\left(|x_{k,i} - x_{k,j}|\right) + m^2 \quad (7)$$

$|x_{k,i} - x_{k,j}|$ は $x_{k,i}, x_{k,j}$ 間の距離

だから

$$E[Z_k^2] = \frac{1}{k^2} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k C\left(|x_{k,i} - x_{k,j}|\right) + m^2 \quad (8)$$

同様に

$$E[Z_n^2] = \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n C\left(|x_{n,i} - x_{n,j}|\right) + m^2 \quad (9)$$

$$E[Z_k Z_n] = \frac{1}{kn} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^n C\left(|x_{k,i} - x_{n,j}|\right) + m^2 \quad (10)$$

よって

$$\sigma_E^2 = \frac{1}{k^2} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k C\left(|x_{k,i} - x_{k,j}|\right) + \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n C\left(|x_{n,i} - x_{n,j}|\right) - \frac{2}{kn} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^n C\left(|x_{k,i} - x_{n,j}|\right) \quad (11)$$

今、 $Z_{k,i}$  ( $i=1, 2, \dots, k$ )は領域全体に均等に分布しているとし、 $k \rightarrow \infty$ の極限を考えると、 $Z_k$ は領域全体 $S$ での空間平均と考えることができる。つまり

$$Z_k = \frac{1}{S} \int_S Z(x) dx \quad (12)$$

ここで積分は2次元空間での積分を表す。このとき式(11)は次式のようになる。

$$\sigma_E^2 = \frac{1}{S^2} \int_S \int_S C(|x - x'|) dx x' + \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n C\left(|x_{n,i} - x_{n,j}|\right) - \frac{2}{nS} \sum_{i=1}^n \int_S C(|x - x_{n,i}|) dx \quad (13)$$

式(13)で表される $\sigma_E^2$ が、5地点混合方式の場合のように、領域全体での空間平均値を有限個の観測値の平均値で推定した場合の推定分散となる。

式(13)において右辺第1項は場の相関構造のみに依存し、試料採取地点の取り方に関係しない。第2項は各試料採取地点間の相関が小さい程小さくなり、第3項の絶対値は各試料採取地点と領域全体との平均的相関が大きい程大きくなる。つまり通常考えられるように共分散関数が距離と共に減少する場合には、第2項は各試料採取地点ができるだけ離れた場合に小さくなり、第3項の絶対値は各試料採取地点が領域の中心に近い程大きくなると考えられる。よって式(13)は、各試料採取地点は領域内でできるだけ離れていて、それぞれの試料採取地点は領域の中心に近い程、推定分散は小さくなることを示している。

### 4. 推定分散の性質

式(1)の共分散関数 $C(h)$ の関数形としては、正定値性の条件<sup>3)</sup>を満たすものならば様々なものが考えられるが、ここでは代表的な関数形として、次に示す3つの共分散関数型について検討する。

$$\text{指数型} : C(h) = \sigma^2 \exp\left(-\frac{h}{L}\right) \quad (14)$$

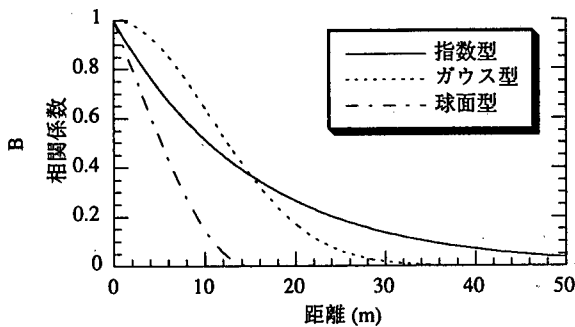


図-2 3つの相関関数型

$$\text{ガウス型} : C(h) = \sigma^2 \exp\left(-\left(\frac{h}{L}\right)^2\right) \quad (15)$$

$$\text{球面型} : C(h) = \begin{cases} \sigma^2 \left(1 - \frac{3h}{2L} + \frac{1}{2}\left(\frac{h}{L}\right)^3\right) & 0 \leq h \leq L \\ 0 & L \leq h \end{cases} \quad (16)$$

ここで $\sigma^2$ は分散で一定値、 $L$ は相関の強さを決定するパラメーターである。各共分散関数型を $L=15\text{m}$ の場合について示すと図-2のようになる。ただし、図-2は各式を $\sigma^2$ で割った相関係数型で示している。

図-2より、指数型は近距離において比較的急激に相関が小さくなるが、ある程度の相関が遠方まで続くような型、ガウス型はごく近距離は比較的大きな相関が続くが、ある程度離れると相関が急激に小さくなる型、球面型は近距離から比較的急激に相関は小さくなり、 $L$ 以上遠方においては相関がまったく無くなるような型であることがわかる。実データから得られる共分散と距離の関係が、これら3つの型のみで代表できるとは言えないが、これら3つの型で相関パラメーター $L$ の値を変化させれば、かなり様々な実データをこれらの共分散関数型で近似できると期待できる。

5地点混合方式によると、図-1において $R$ は5~10mとなる。今、 $R$ の値と $L$ の値を変えた場合の推定分散の変化を見るため、式(13)にそれぞれ式(14)、式(15)、式(16)を代入し、 $R$ の値を5、7.5、10、13、15mとして計算した場合の推定分散の変化を、 $L$ の関数として図-3、図-4、図-5に示す。ただし $\sigma^2=1$ と仮定している。これは式(13)の両辺を $\sigma^2$ で割って $\sigma_E^2/\sigma^2$ の値を計算していると考えられることもでき、 $\sigma^2=1$ と仮定しても $\sigma_E^2$ の変化を見るという点では一般性を失わないからである。よって、本研究では全て $\sigma^2=1$ と仮定することとする。なお、式(13)の計算は台形法を用いた数値計算によった。

図-3、図-4、図-5より、どの共分散関数型にお

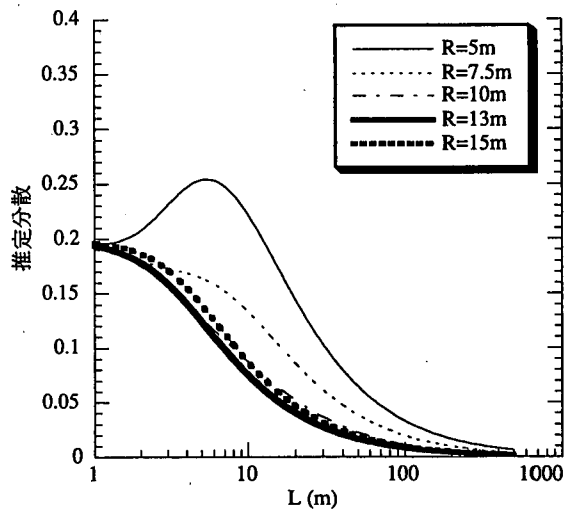


図-3 相関パラメーター $L$ の関数としての推定分散の変化 (指数型共分散関数)

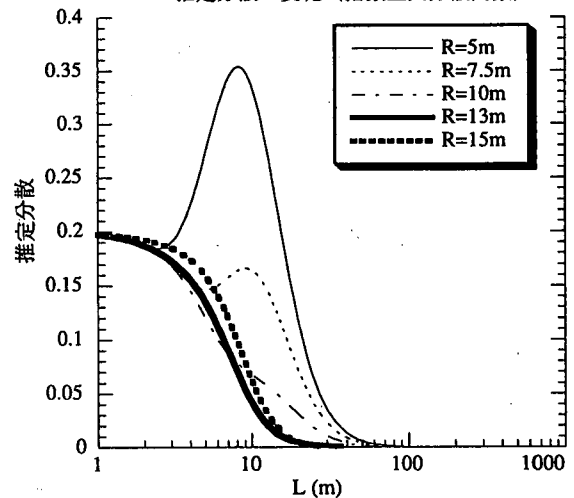


図-4 相関パラメーター $L$ の関数としての推定分散の変化 (ガウス型共分散関数)

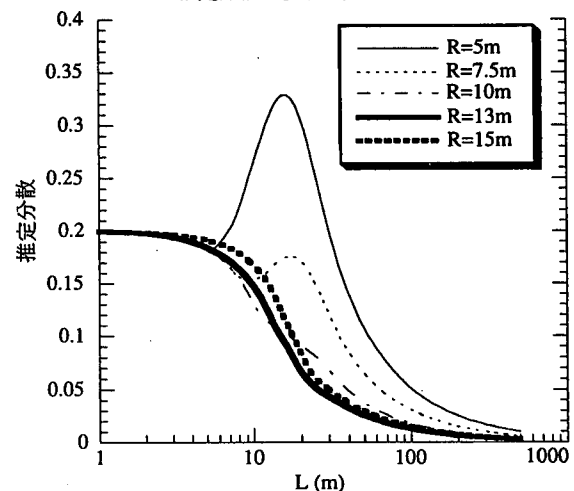


図-5 相関パラメーター $L$ の関数としての推定分散の変化 (球面型共分散関数)

いてもR=5mの場合はLの値によっては他の場合に比べ推定分散がかなり大きくなる場合があり、また相関パラメーターLのほとんどの値においてR=5~10mよりR=13mの場合の方が、推定分散は小さいことがわかる。よって5地点混合方式で推奨するR値より、大きなR値を用いた方が推定分散が小さい、つまり5地点混合方式による測定値の代表性が良くなることがわかる。ただし、R=15mではR=13mの場合に比べ悪化しており、Rは大きいほどよいというわけではないことがわかる。なお、図-3、図-4、図-5の各図においてLが小さい場合にはRの値に関係なく推定分散の値は0.2に近づいている。これはLが小さくなると各試料採取地点間の値がほぼ無相関になるため、5地点混合方式は単に5つの独立変数の平均値を求めていることになる。このような場合には1000m<sup>2</sup>に1ヶ所というサンプリングパターンを見直すべきと考えられ、土壤汚染概況調査の結果から相関パラメーターLの値がかなり小さいことが推定された場合は、汚染状況を精度よく推定するためにはサンプリング密度をより高くしてサンプリングし直すなどの手続きが必要になると考えられる。

図-6、図-7、図-8にLの値が3, 7, 15, 30, 60, 100, 200 mの場合の推定分散の変化を、Rの関数として示す。図-6の場合、L=3 mの場合はR=9~13 mくらいの範囲での推定分散の変化は小さく、その値も小さい。L=7 mでは11~13 mくらいで最小、L=15 mではR=13 mくらいで最小、L=60 m以上においては推定分散の値自体が小さく図-6からはわかりにくい、やはりR=13 m付近で最小値をとっている。以上のことから図-6の指数型共分散関数の場合はR=13 mくらいの値を採用するのが良いと考えられる。同様に考えて図-7のガウス型共分散関数の場合はR=11~13 m、図-8の球面型共分散関数の場合はR=12~13 mにとるのが、任意のLの値に対し推定分散を小さくできて良いと考えられる。よって通常、真の共分散関数型を知らないときに行う5地点混合方式におけるRの値としては、推奨されている5~10 mより長めに、12~13 m程度の値を採用した方が良いと考えられる。

## 5. 遺伝アルゴリズムを用いた最適試料採取地点の選択

### (1) 用いた遺伝アルゴリズム

4.で行った解析では図-1に示すように試料採取地点を配置しているが、このような配置が推定分散を小さくするという意味で最適かどうかかわからない。このため図-1の正方形領域について、推定分散を最小にする5個の試料採取地点の取り方について遺伝アルゴリズムを用いて解析した。遺伝アルゴリズムは解くべき

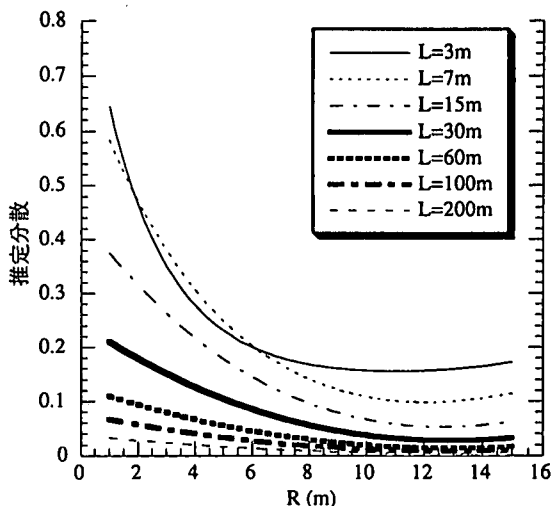


図-6 試料採取地点の領域中心からの距離Rの関数としての推定分散の変化(指数型共分散関数)

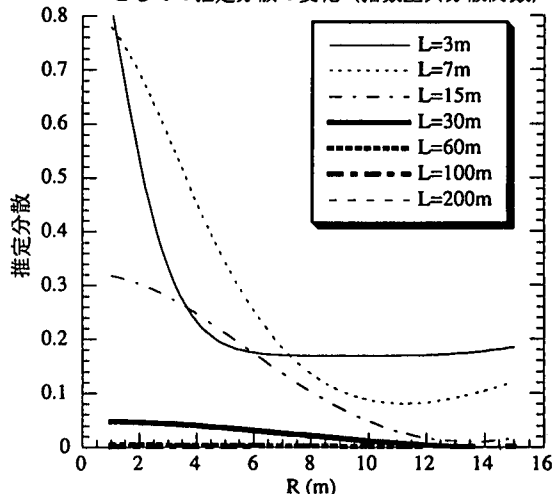


図-7 試料採取地点の領域中心からの距離Rの関数としての推定分散の変化(ガウス型共分散関数)

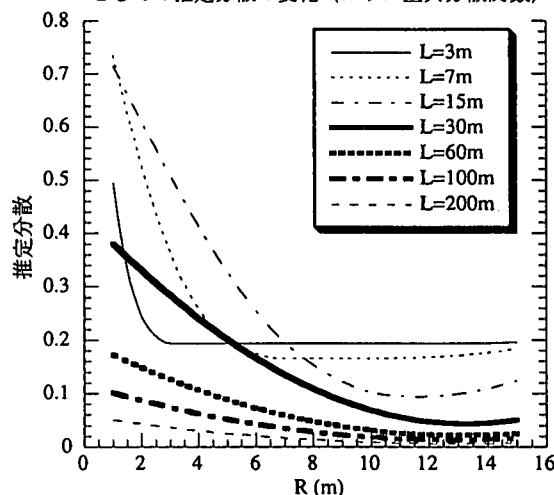


図-8 試料採取地点の領域中心からの距離Rの関数としての推定分散の変化(球面型共分散関数)

最適化問題の解を遺伝子の染色体の形でコード化し、評価関数の値を規準として優秀なものが残って子孫を増やしていくという生態系での進化の過程をコンピューター上で模倣することによって最適解に至ろうとする手法である<sup>9)</sup>。いまだ最良の遺伝アルゴリズムといったものは確立されておらず、まだまだ発展途上にある最適化手法と言えるが、その特徴として極めて広い範囲の問題に適用可能であるという利点を持っている。近年、サンプリング地点の選択手法として遺伝アルゴリズムを用いた研究もいくつか出てきており、例としては地下水水質監視のための井戸の最適配置問題に適用した Wagner の研究<sup>9)</sup>や Cieniawski et al の研究<sup>6)</sup>などがある。本研究では図-9 に示すフローチャートの遺伝アルゴリズムを採用した。以下に図-9 中の操作のいくつかについて簡単に説明を加える。

コード化：まず問題を、図-1 の領域を多くの小さなメッシュに分割し、各節点に番号をつけ、これらの節点の中から5つの試料採取地点を選択することとし、この試料採取地点番号の並びを遺伝子とした。

選択方法：遺伝子プールの中から親を選択するには、各遺伝子の評価関数の値（今の場合、推定分散）を計算し、これを小さい順に並べ、一様乱数を用いて等差的に、順位が前のものほど大きな確率で親として選択されるようにした。よって推定分散が小さいほど確率的に多くの子孫を残せることになる。

交叉：2つの単一染色体生物間の生殖を模倣したものであり、両親の遺伝子の遺伝物質を再結合して2つの子をつくる機構である。本研究では両親の遺伝子の5つの数値の並びを、ランダムに選択した点の後部で交換する操作を確率  $P_c$  で行う。

突然変異：各遺伝子について確率  $P_m$  で、ランダムな位置の値がランダムな値に変化する。

本研究では領域を節点数  $63 \times 63$  の正方形領域（一辺の長さ  $0.5\text{m}$ ）に分割した。よって試料採取地点の配置の対称性を無視すれば、 ${}_{3969}C_5 = 8.187 \times 10^{15}$ 通りの組み合わせの中から1つの最適解を選ぶ問題となる。遺伝子プールの遺伝子の数  $N_p = 10000$ 、交叉確率  $P_c = 0.8$ 、突然変異確率  $P_m = 0.5$ 、世代数（図-9の外側の繰り返しの数）を300とした。さらに、図-9に示した操作とは別に、各世代において最良の遺伝子2つを交叉や突然変異することなく次の世代へ受け渡していくエリート主義を採用した。また最初の世代の遺伝子は乱数を用いてランダムに発生するが、その中に図-1に示す配置で  $R=13\text{m}$ とした遺伝子を1つ入れて置いた。これは悪くとも図-1で  $R=13\text{m}$ としたものより良い試料採取地点の配置を求めるためである。本研究では300世代後の遺伝子のなかで最も推定分散の小さいものを最適解として採用した。本研究で採用した突然変異確率は通常

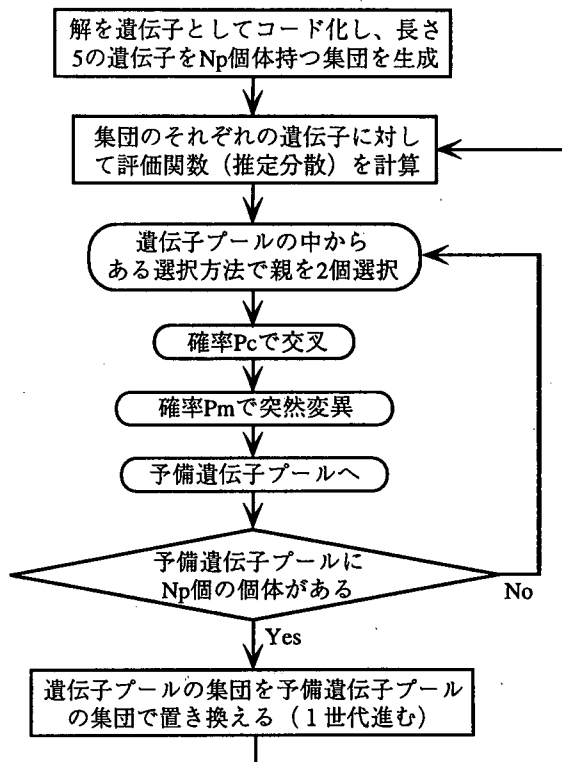


図-9 本研究で用いた遺伝アルゴリズム

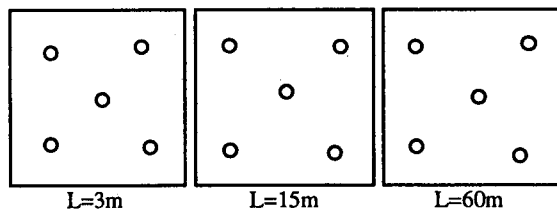


図-10 遺伝アルゴリズムによる最適解（指数型共分散関数）

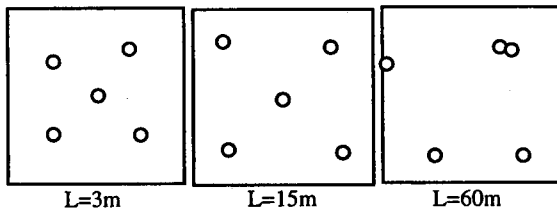


図-11 遺伝アルゴリズムによる最適解（ガウス型共分散関数）

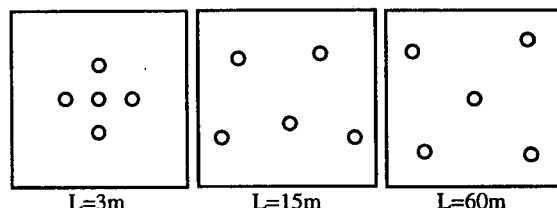


図-12 遺伝アルゴリズムによる最適解（球面型共分散関数）

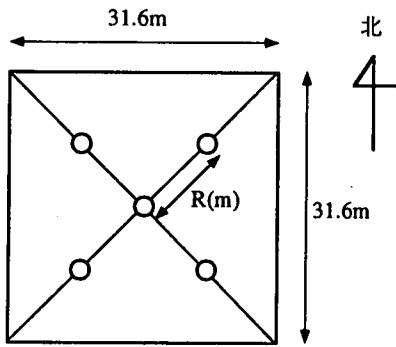


図-13 対角線上への試料採取地点の配置

の遺伝アルゴリズムで用いられるものよりかなり大きな値であるが、この値は1つの標準的な問題で、いくつかの突然変異確率の値に対する推定分散の最小値の世代変化速度を比較することによって決定した。突然変異確率が大きくなったのは、本研究の問題には交叉による解の進化があまり有効でなかったためと考えられる。

(2) 推定結果

式(14)、式(15)、式(16)の共分散関数型を仮定したときに、遺伝アルゴリズムで得られた最適配置を、相関パラメーター $L=3, 15, 60m$ の場合についてそれぞれ図-10、図-11、図-12に示す。ガウス型共分散関数の $L=60m$ 、球面型共分散関数の $L=3m$ と $L=15m$ の場合以外は、ほぼ中心に1点、対角線上の対称な位置に残りの4点が配置されていることがわかる。遺伝アルゴリズムで求めた最適配置は、まだ真の最適配置に到達していない可能性があるため、図-10、図-11、図-12に示す結果より、領域の中心に1点、対角線上の対称な位置に残りの4点を配置した時に推定分散は最小になると考えた。図-13に示すように試料採取地点を配置した場合に、相関スケールを変えた場合の推定分散の変化を、それぞれの共分散関数ごとに距離 $R$ の関数として図-14、図-15、図-16に示す。図-14では $L=3m$ の場合を除く全ての相関スケールにおいて、最適となる $R$ の値は12.5~13.5mぐらいの距離であることがわかる。また推定分散の最小値は図-6での最小値に比べ、それぞれ小さくなっているが、大きな差ではない。図-15の場合は、図-14の場合より $R$ に対する推定分散の変化が大きく、推定分散の最小値はほぼ同じ値となる $L=3m$ の場合を除いて、図-14の場合より一般に小さい。またやはり推定分散の最小値は図-7での最小値に比べ、それぞれ小さくなっているが大きな差ではない。また最適となる $R$ の値は12.0~14.0m程度の値である。図-16の場合は図-14や図-15と比較して、 $L=3m$ や $7m$ の場合に $R$ とともに推

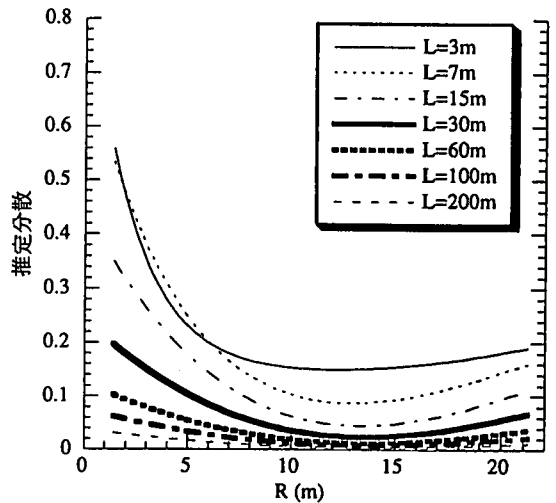


図-14 対角線上に試料採取地点を配置した場合の推定分散の変化 (指数型共分散関数)

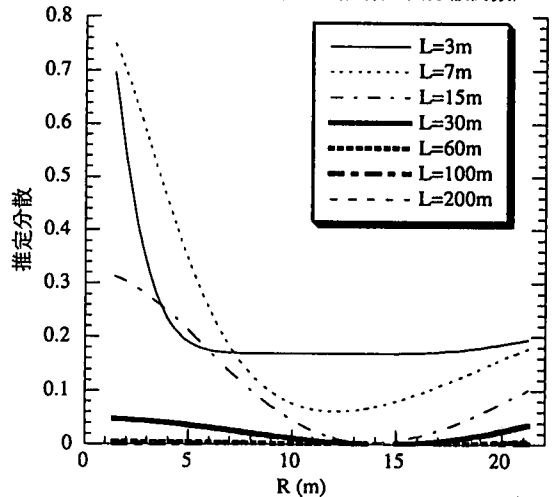


図-15 対角線上に試料採取地点を配置した場合の推定分散の変化 (ガウス型共分散関数)

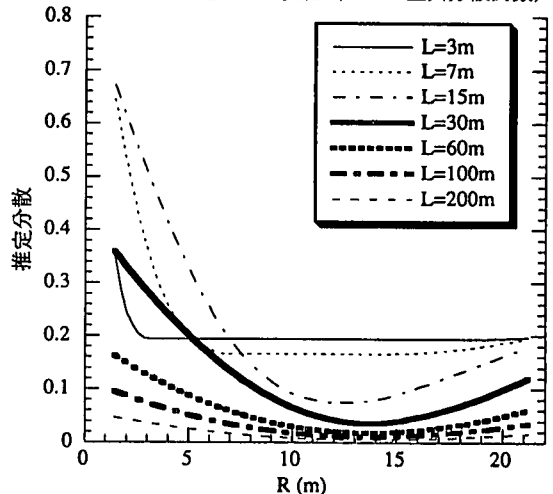


図-16 対角線上に試料採取地点を配置した場合の推定分散の変化 (球面型共分散関数)

定分散は速く減少し、広いRの範囲に渡って推定分散が最小値に近い値をとることが大きな特徴である。この特徴は球面型共分散関数の場合、共分散がL以上で完全に0となる性質に起因していると考えられる。Lの値が領域の大きさとほぼ等しくなるL=30m以上では推定分散の値が広いRの範囲に渡って最小値近くの値をとるような傾向は見られなくなり、やはりRの値としては12.0~14.0m程度の値が最適であると考えられる。また、やはり推定分散の最小値は図-8での最小値に比べ、それぞれ小さくなっているが大きな差ではない。

ガウス型共分散関数のL=60mの場合と、球面型共分散関数のL=3mとL=15mの場合に、図-11、図-12に示す遺伝アルゴリズムで得られた最適配置のもとでの推定分散の値と、図-15、図-16に示す図-13型配置での推定分散の最小値を比較すると、表-1のようになる。まず球面型共分散関数の場合は、確かに遺伝アルゴリズムで得られた値は図-16の場合と等しいかそれより小さくなっている。このことから共分散関数型によっては図-13に示す対角線上に試料採取地点を配置するよりも良い配置が存在することがわかる。またガウス型共分散関数のL=60mの場合の推定分散の値は、図-13型配置での推定分散の最小値に比べかなり大きく、遺伝アルゴリズムでの最適解の探索に失敗していると言える。図-17に、図-13型配置の下でのL=60mでの推定分散のRによる変化を対数スケールで、3つの共分散関数型について示す。図-17においてガウス型の場合は、他の2つの場合に比べR=14.4付近を中心に急激に落ち込んでおり、R=14.4からどちらかへ0.5もずれば、むしろ遺伝アルゴリズムで得られた解での推定分散値の方が小さい。このように極めて限られたRの範囲のみで推定分散値が小さくなるのが、遺伝アルゴリズムによる最適解の探索を困難にしたと考えられる。しかしガウス型共分散関数でL=60mの場合、領域の幅の半分離れた地点間でも相関係数0.93もあり、このことは、汚染濃度の分散に比べ、平均化しようとしている領域内での汚染濃度のばらつきは微小であることを意味し、実際の現場では領域内での汚染濃度の値が、実際上ほぼ一定値とみなせることを意味する。よって、Rの任意の値において推定分散の値は十分小さいと考えられ、場の相関がこのように強い場合には、5地点混合方式における試料採取地点の配置は現実的には問題ではないと考えられる。

表-1において、球面型共分散関数における、遺伝アルゴリズムによる最適配置での推定分散と、図-13型配置における推定分散の最小値の差は小さく、現実上概況調査の段階でははっきりと共分散関数型を同定することは不可能であることを考えると、実際に試料採取地点の配置を計画する場合には、本研究で採用した3

表-1 推定分散値の比較

	図1 3型配置での最小値	遺伝アルゴリズムによる解
ガウス型： L=60m	2.7496x10 <sup>-7</sup>	1.2421x10 <sup>-5</sup>
球面型： L=3m	1.9405x10 <sup>-1</sup>	1.9405x10 <sup>-1</sup>
球面型： L=15m	7.4476x10 <sup>-2</sup>	7.4023x10 <sup>-2</sup>

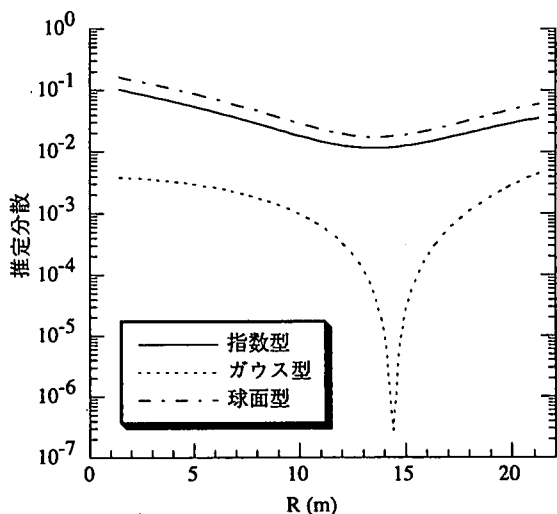


図-17 共分散関数型の違いによる推定分散の変化の違い (L=60m)

つの共分散関数型のどの型においても比較的小さな推定分散が得られる、図-13のような配置を採用するのが良いと考えられる。また、図-1の配置でも図-13の配置でも、推定分散の最小値は大きくは変わらないことから、5地点混合方式における試料採取地点の配置は、図-1のような試料採取地点の配置にし、図-13のような配置にし、中心に1点と、そのまわりの対称な位置に13mほど離して他の4点を取るのが現実問題として妥当であると考えられる。

## 6. 平均化領域の大きさとの関係

図-1の一辺の長さを $2\alpha$ とする。このとき $x = \alpha\xi$  ( $x$ と $\xi$ はそれぞれ領域の中心を原点とする2次元ベクトル)とすると $\xi$ は一辺の長さが2の正方形領域 $\omega$ 内のベクトルとなり、式(13)は $\xi$ を用いて次式のように書き直せる。

$$\sigma_e^2 = \frac{1}{16} \int_{\omega} d\xi \int_{\omega} C(\alpha|\xi - \xi'|) d\xi' + \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n C(\alpha|\xi_{N_i} - \xi_{N_j}) - \frac{1}{2n} \sum_{i=1}^n \int_{\omega} C(\alpha|\xi - \xi_{N_i}) d\xi \quad (17)$$

ここで総和も $\omega$ 内のベクトルに対してとられることになる。式(17)中の共分散関数が式(14), 式(15), 式(16)で与えられる場合には, それぞれこれらの共分散関数を代入して得られる式(17)中の $L/\alpha$ を $L$ で置き換えてやれば, それぞれ式(13)において $S$ が一辺の長さ2の正方形領域である場合に一致する。つまり一辺の長さ2の正方形領域での推定分散の値は, 相関パラメーター $L$ の大きさを $\alpha$ 倍してやれば, 領域の大きさや試料採取地点の原点からの距離を全て $\alpha$ 倍した場合の推定分散の値に一致する。よって本研究で解析した図-1の場合のように一辺の長さ31.6mの正方形領域で,  $R=13m$ で推定分散が最小になる場合, 一辺の長さ $\beta m$ の正方形領域では相関パラメーター $L$ の値を $\beta/31.6$ 倍した共分散関数の下で $R=13 \times \beta/31.6 m$ で推定分散は最小になる。また, 5.の最後に述べたように, 最適な $R$ の値が相関パラメーターの値によらず決まる場合には, 平均化する領域の大きさに最適な $R$ の値は比例することになり, 本研究での解析結果を任意の大きさの正方形領域に適用することができる。つまり5地点混合方式における $R$ の値は, どの程度の大きさの領域の平均値を推定したいかによって, ほぼ最良の値を選択できることになる。

## 7. 結論

本研究では土壤汚染の概況調査において, 5地点混合方式で得られる測定値の統計的性質について考察した。場の統計的性質として弱定常性と等方性を仮定し, 指数型, ガウス型, 球面型の3つの共分散関数を仮定した。遺伝アルゴリズムなどを用いた解析の結果, 推定分散を最小にするという点では, 面積 $1000m^2$ の正方形領域においては, 推奨されているように中心1地点及び周辺4方位の5mから10mまでの間からそれぞれ1地点ずつと

るより, 対角線上に中心から13m程度離れた地点にとる方が良いという結果が得られた。ただし, 中心1地点と周辺4方位から4点を取る場合でも中心から13mほど離して他の4点を取れば, ほぼ同様の良い結果が得られることがわかった。また領域の大きさが異なる場合には, 領域の大きさに比例して領域中心からの距離をとれば良いことがわかった。これらのことから5地点混合方式で推奨する試料採取地点の配置については, 再検討する必要があると考えられる。

本研究で得られた結果はあくまで場が統計的構造として弱定常性と等方性を持つ場合の結果である。汚染のホットスポットがある場合など不均質性の高い場での最適な試料採取地点を決定するためには, 他の共分散関数型を用いることが適当な場合も含め, 弱定常性や等方性がなりたない他の多くの場合について検討してみる必要があると考えられる。

## 参考文献

- 1) 環境庁水質保全局水質管理課土壤農薬課監修: 土壌・地下水汚染対策ハンドブック, p.114, 公害研究対策センター, 1996.
- 2) Journel, A.G. and Huijbregts, CH.J. : *Mining Geostatistics*, p.54, Academic Press, 1978.
- 3) Journel, A.G. and Huijbregts, CH.J. : *Mining Geostatistics*, p.35, Academic Press, 1978.
- 4) デービス L. 編: 遺伝アルゴリズムハンドブック, 森北出版, 1994.
- 5) Wagner, B.J. : Sampling design methods for groundwater modeling under uncertainty, *Water Resour. Resear.*, Vol.31, pp. 2581-2591, 1995.
- 6) Cieniawski, S.E., Eheart, J. W. and Ranjithan, S. : Using genetic algorithms to solve a multiobjective groundwater monitoring problem, *Water Resour. Resear.*, Vol.31, pp. 399-409, 1995.

(1998. 4. 22 受付)

## OPTIMAL ALLOCATION OF SAMPLING POINTS IN THE 5-POINT MIXTURE METHOD FOR A SURVEY OF SOIL CONTAMINATION

Minoru YONEDA, Shinsuke MORISAWA and Rumi NISHIMURA

The 5-point mixture method is used in a survey of the general situation of soil contamination. Its stochastic characteristics were analyzed. Weak stationarity, isotropy, and three types of covariance functions, exponential, Gaussian, and spherical type, were assumed for the stochastic characters of a field to be analyzed. The genetic algorithm was used to find the best arrangement of sampling points that minimize the estimation variance in a  $1000m^2$  square area. The results show that sampling points should be on the center of the area and about 13m apart from it, although it has been recommended for the standard method that they should be on the center and from 5 to 10m apart from it.