

研究論文

系統樹による二値データの階層化と共通特性の算出

松森 智彦

本稿では、近代物産誌の村落ごとの産物記載の有無を 1・0 データとし、距離行列に基づいた系統樹を作成、産物構成から見た村落の階層化を行う。距離行列には Jaccard 距離を、系統樹の作成法には BME 基準による FastME を用いた。また、作成された系統樹の理解のために、得られた系統樹と入力データの属性を対応付ける方法（共通特性の算出）を考案した。これは、分岐点ごとに対象をグループ化している属性を明らかにするものであり、系統樹のエッジリストより得られる対象の包含関係を表した包含行列と、入力の 1・0 データより算出することができる。

1. はじめに

系統樹とは、生物系統学において系統推定を行う際に用いられるグラフである。系統樹の作成方法は多数あるが、本稿では距離行列に基づく方法について述べる。距離行列に基づく系統樹作成法とは、与えられた距離行列より想定される多数の樹形から、ある基準において最良の樹形を選択する方法である。これは、距離行列の最良の表現を目指すものであり、系統推定の概念は系統樹の解釈の際に持ち込まれる。距離行列に基づく系統樹作成法は、対象が生物であるか否かを区別していないため、生物系統学の他にも適用が可能である。得られた系統樹が示しているのは、全ての対象：端点¹を入れ子にした階層構造であり、系統樹を作るということは、具体的には対象の階層化を行うことを指す。本稿では、近代物産誌の村落ごとの産物記載の有無を 1・0 データとし、Jaccard 法により村落間の距離（非類似度）を算出する。そして、その距離行列を用いた系統樹を作成し、産物構成から見た村落の階層化を行う。また、作成

された系統樹の理解のために、得られた系統樹と入力の 1・0 データを対応付ける方法（共通特性の算出）を考案したため、これについて報告する。

2. 系統樹と系統樹作成法

系統樹には、対象が全て端点にある二分木（binary tree、ただし、分岐点の次数は 3 とする）が用いられる。これには、ただ一つの祖先を定義した有根系統樹と、定義しない無根系統樹の二つがある。無根系統樹において、4 つ以上の対象から系統樹を作った場合、その分岐パターンは複数考えられる。この系統樹の分岐パターンは樹形（topology）とよばれている（根井 1990, p.250）。 n 個の対象からなる樹形の数には次の式 (1) で与えられる（Desper and Gascuel 2005, p.20）。

$$(2n-5)!! = \frac{(2n-4)!}{(n-2)!2^{n-2}} \quad (1)$$

（ただし $n \geq 2$ ）

系統樹を作るということは、具体的にはこの複数ある樹形より最良のものを一つ選ぶことである。樹形の数、対象の数が増えると急激に増加する。5 つの対象から無根系統樹を作った場合は、

¹ 端点とは系統樹の末端に位置するノードである。端点以外のノードを分岐点という。本稿では端点を黒丸で、分岐点を白丸で示す。

樹形の数 は 15 である。10 の対象から無根系統樹を作った場合は、樹形の数 は 2,027,025 である。この複数ある樹形から、最良のものを選ぶ基準は、系統樹作成法によって異なる。今日、生物系統学において用いられている系統樹作成法は、最大節約法 (Maximum parsimony)、距離行列法、最尤法 (Maximum likelihood) の三つに大きく分けられる (根井・クマー 2006, p.94)。

3. 距離行列をもとにした系統樹の作成

距離行列法とは、対象間の全ての距離を計算した距離行列を元に、系統樹を作成する方法である。その方法には最小進化法 (Minimum Evolution: ME)、最小二乗法 (Ordinary Least Squares: OLS)、近隣結合法 (Neighbor-Joining: NJ) など多数ある (根井・クマー 2006, pp.99-130)。いずれの方法も多数ある樹形から、ある基準における樹長を最小化する樹形を選ぶことを目指している。本研究では、この距離行列法のうち、最小進化法、近隣結合法に関係のある²、BME 基準 (Balanced Minimum Evolution Criterion, Desper and Gascuel 2002) による FastME (Gascuel and Steel 2006) を用いて系統樹を作成する。

本稿では 1・0 の二値データを入力として扱う。これからの距離行列の算出には、Jaccard 法を用いる (附録 A 参照)。FastME により作成される系統樹は無根系統樹である。次項で示す共通特性の算出のために、無根系統樹より端点の一つ選んで外群とし、有根系統樹を作ることとする³。外群選択にあたっては作成された無根系統樹の、最近隣の分岐点からの枝長が最長の端点を、外群とみなすことにした⁴。

4. 共通特性の算出

出力された有根系統樹を理解するために、得られた系統樹と入力データの属性を対応付ける方法を考えた。有根系統樹のそれぞれの分岐点は、その下に 2 つ以上の端点を含む⁵。これらの端点をグループ化している属性⁶を、分岐点ごとに明らかにする。具体的には、前項のように系統樹に根を付けた後、分岐点ごとに共通特性の算出を行う。算出方法は以下である。

有根系統樹の分岐点のうち、ある一つの分岐点に含まれる端点の集合を S 、端点全体から S を除いた端点の集合を T とする。 S が持つ 1・0 の属性データ表のうち、ある任意の 1 列を列 a とする。 S の持つ属性データ表より列 a を取り出したものを Sa 、同様に T の列 a を取り出したものを Ta とする。 Sa の算術平均を \overline{Sa} 、 Ta の算術平均を \overline{Ta} とすると、 S の共通特性 Ra は以下のように求められる。

$$Ra = \overline{Sa} - \overline{Ta} \quad (2)$$

(ただし Sa の和は Ta の和より大とする⁷)

上記の共通特性算出の概念を図 1 に示す。図では分岐点 b_1 に含まれる端点の集合を S としている。

本研究では、ある列 a について共通特性 Ra を全ての分岐点において計算し、その値が最大となる分岐点に、列 a の名前を配している。そして、この分岐点上への列名の配置を、全ての列に対し行なっている。図 1 の例であれば、分岐点 b_2 において共通特性 $Ra=1$ と最大になるため、列 a の名前は分岐点 b_2 に配置される。

なお、その際 Ra の値が 0.5 以下のものは表記しない。これは、いずれの分岐点においても低い

² 近隣結合法 (NJ) と FastME との関係については Gascuel and Steel 2006 を参照。NJ が BME 基準に基づいていることに触れ、その上で FastME の優位性について示している (p.1999)。

³ 外群 (outgroup) に接続するエッジを折り、その折れ点にエッジを一本足して根 (root) とする。

⁴ 無根系統樹より外群を選択すると、その外群が含まれるクラスターが壊れる。外群が含まれるクラスターが、根に繋がるいわば幹 (trunk) の部分となるためである。しかし、枝長が最も長い外群となった端点は、全体の傾向から一番外れた端点である。そして、外群が含まれるクラスターも、全体の傾向から最も外れたクラスターである。そのため、共通特性を計算することを優先し、このクラスターの破棄はやむを得ないこととする。

⁵ 有根系統樹は階層構造を示しているため、根を上位とし、端点を下位とした場合に、各分岐点はその下位の端点を含んでいるとみる事ができる。

⁶ ある分岐点を含む端点の集合をグループとみた際に、そのグループに共通の属性 (分岐点に含まれる端点の大多数に共通して 1 である属性) が見つかる事がある。その属性は、分岐点に含まれる端点のグループ化に貢献している属性と解釈することができる。

⁷ 仮に、 S が端点を 2 つ含み、 T が 40 含んでいたと仮定する。そして、 $Sa=2$ で $Ta=10$ とする。その場合、 $Ra=2/2-10/40$ となり、 $Ra=0.75$ となる。この共通特性の値は小さくないが、この結果をもって a を S の特徴的な属性と見做すことはできない。この問題は、 S が小さく、 T が大きく、そして Sa が Ta より小さい時に発現する。この問題を回避するために、 Sa の総和は Ta の総和より大という制約が必要になる。

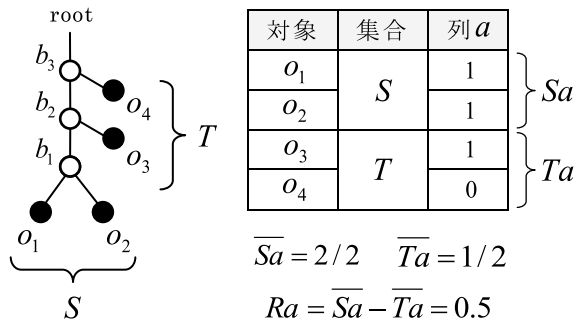


図 1. 共通特性の算出

共通特性を示す属性、すなわち対象のグループ化にあまり寄与していない属性を、最終的な出力から除外するためである。

結果として、対象をグループ化している属性(列)について、分岐点ごとに明らかにすることができる。この分岐点ごとに検出された属性を、分岐点に含まれる対象の特徴的な属性と呼称する。

5. 共通特性の一括算出

前項で示した共通特性の計算を、全ての分岐点について一度に算出するために、行列による一括計算の方法を考えた。例として、図 1 に示されている系統樹を用いる。まず、1・0 の属性を持つ入力データの行列を A と定める。ここでは a_1, a_2, a_3 の属性を列に、対象 o_1, o_2, o_3, o_4 を行に持つ 4 行 3 列の入力データを A とする。また、分岐点ごとの端点の包含関係を表現した行列を作る。図 1 の例より、対象 o_1, o_2, o_3, o_4 と、分岐点 b_1, b_2, b_3 の包含関係を表現した 4 行 3 列の行列を包含行列 C とする。

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad C = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}.$$

次に、包含行列 C の列和の逆数を対角に取った対角行列を N とする。また、包含行列 C のビット反転を C' とする。

$$N = \begin{bmatrix} 1/2 & 0 & 0 \\ 0 & 1/3 & 0 \\ 0 & 0 & 1/4 \end{bmatrix}, \quad C' = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \end{bmatrix}.$$

さらに C' の列和の逆数を対角に取った対角行

列を N' とする。ただし 0 除算の結果については 0 に置き換える。また F は式 (2) の制約である。ある分岐点において、 Sa の和が Ta の和以下である場合、算出される共通特性の値を 0 に書き換えるフィルタである。 F の行は属性 a_1, a_2, a_3 であり、列は分岐点 b_1, b_2, b_3 である。

$$N' = \begin{bmatrix} 1/2 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad F = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}.$$

式 (2) は特定の列 a の共通特性の算出式であった。全ての属性についての共通特性を一括算出する行列 R は次のように求められる。

$$R = A^T(CN - C'N') * F \quad (3)$$

(ただし $*$ は行列積ではなく成分同士の積を、添字 T は行列の転置を指す)

このとき $A^T C N$ が式 (2) での \overline{Sa} に、 $A^T C' N'$ が \overline{Ta} に対応し、 F が制約となる。統計解析パッケージ R での、一連の処理の実装例を附録 B に示す。なお本稿の例では、共通特性 R は次のように求まる。 R の行は属性 a_1, a_2, a_3 であり、列は分岐点 b_1, b_2, b_3 である。

$$R = \begin{bmatrix} 1/2 & 1 & 3/4 \\ 1 & 2/3 & 1/2 \\ -1 & -2/3 & 1/2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1/2 & 1 & 3/4 \\ 1 & 2/3 & 1/2 \\ 0 & 0 & 1/2 \end{bmatrix}$$

分岐点 b_1 での特徴的な属性は b_1 においてその最大値(行の最大値)を取る属性 a_2 である。同様に分岐点 b_2 での特徴的な属性は a_1 である。分岐点 b_3 では属性 a_3 が最大値を取るが、0.5 以下であるため特徴的な属性とは見做さない。

6. 人文学研究での活用例

ここでは、前項で示した方法について、人文学研究での活用例を示す。対象とするデータは、岐阜県飛騨地方の明治初期の物産誌『斐太後風土記』の産物記載である⁸。この資料に記載されている 415 村落のうち、大野郡白川郷地域に含ま

⁸ 蘆田 1915 の pp.248-311 よりデータを作成した。

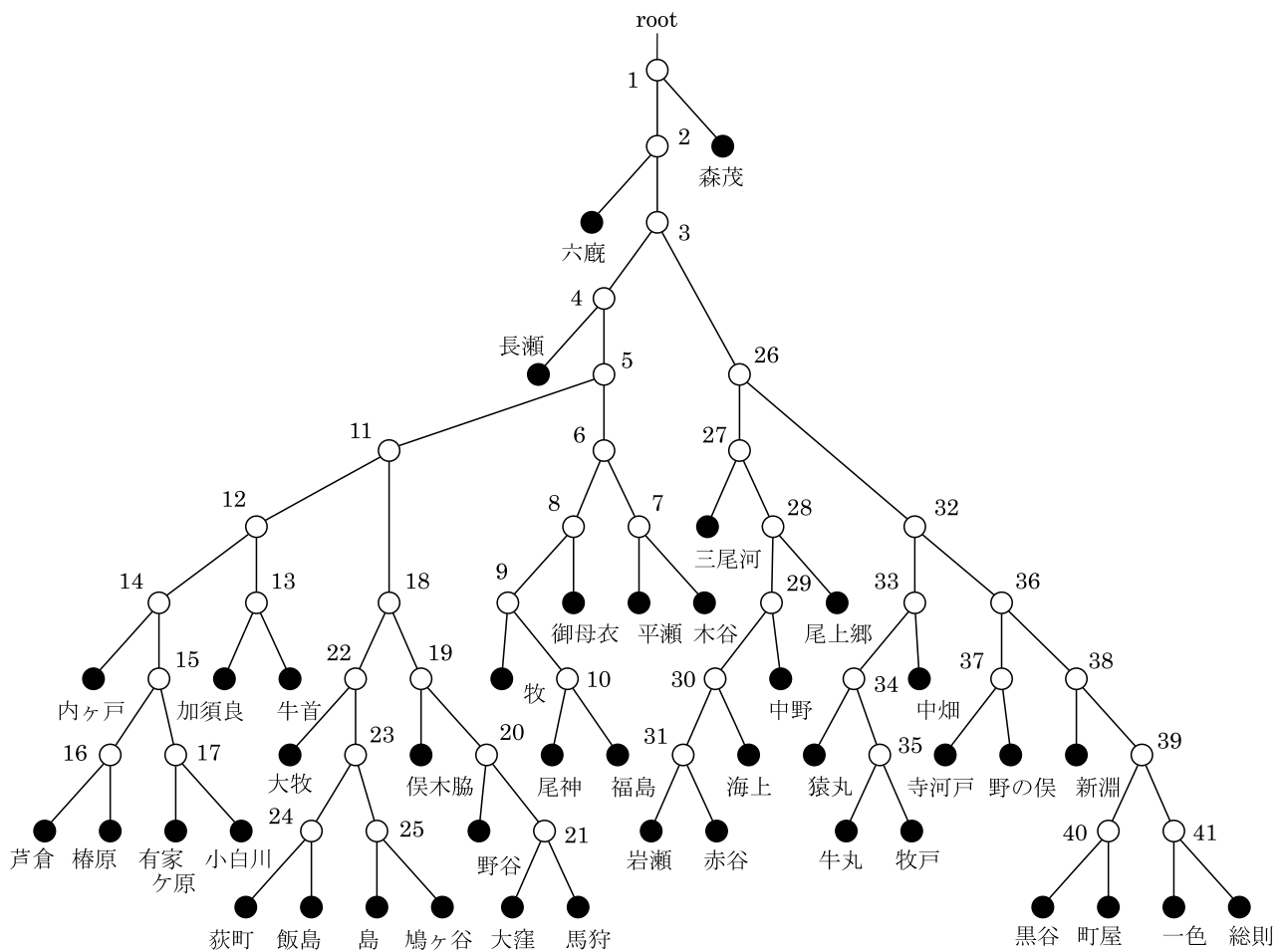


図 2. 白川郷地域村落の有根系統樹

表 1. 分岐点ごとの特徴的な産物

分岐点	特徴的な産物
全村記載	桑, 稗, 布, 小繭, 大繭
1	大豆, 粟, 小豆, 麻, 栃, 大麥, 米, 檜, 梨, 蕎麦
2	ハエ, 粟, 岩魚, 山鳥
3	大根, 蕪, 白芋, 南瓜, 茄子, 牛蒡, 稲席, 餅草, 藁蓑, 煙草
4	ひよび, カマシシ
5	大角豆, シケ, 畑芋, ヤマアザミ, 葱
6	鮎
7	草茸, 熊, 狐
11	葛粉
15	キビ, 獨活
18	人參
22	柿, 大薊
23	令法, 豌豆, 蠟燭
24	榎梓
26	李, 蒲ハバキ, 鱒, 木綿, 菜種, 干蕨, 百合
32	荏, キジ
36	筍
38	蔴, 木綿縞

表 2. 記載が一村のみの産物

村落	固有の産物
森茂 1	黄綿, 茶, 蕨, 鹽
六廐 2	ブタウハバキ
木谷 7	平茸
芦倉 16	舞茸
大窪 21	アジカ
萩町 24	ウグヒ, 串柿, 木茸
鳩ヶ谷 25	鮎
三尾河 27	鹿
尾上郷 28	木皮蓑
海上 30	カラミノ, 鴨
岩瀬 31	芥子菜
牧戸 35	縄
野の俣 37	ワラナハ
町屋 40	麥李, 黄蓮, 川芎
一色 41	木賊

(村落列右端の数字は、
村落の接続する分岐点番号を示す)

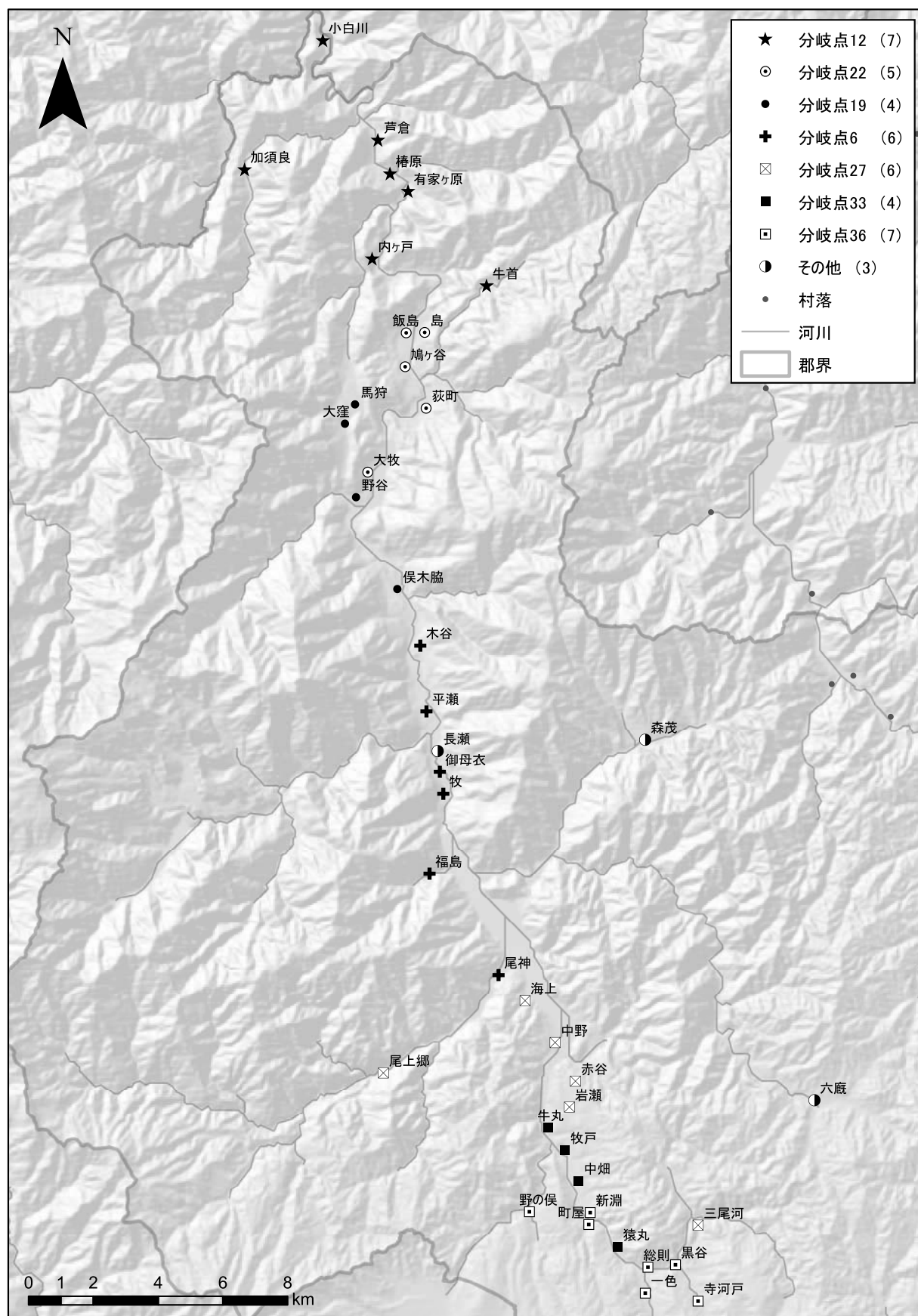


図 3. 分岐点ごとの村落分布 (凡例の括弧内は村数を示す)

表 3. 分岐点に含まれる産物の共通特性

分岐点	産物名	記載 村数	含む 記載	共通 特性	含む 村数	含む 割合 (%)
全村 記載	桑	42	42	1.00	42	100
	稗	42	42	1.00		
	布	42	42	1.00		
	小繭	42	42	1.00		
	大繭	42	42	1.00		
1	大豆	41	41	0.98	42	100
	小豆	39	39	0.93		
	栗	39	39	0.93		
	麻	39	39	0.93		
	栃	35	35	0.83		
	大麥	33	33	0.79		
	檜	32	32	0.76		
	米	32	32	0.76		
	梨	32	32	0.76		
2	蕎麦	22	22	0.52		
	ハエ	38	38	0.93	41	98
	栗	33	33	0.80		
	岩魚	31	31	0.76		
3	山鳥	26	26	0.63		
	大根	38	38	0.95	40	95
	蕪	37	37	0.93		
	白芋	36	36	0.90		
	南瓜	35	35	0.88		
	茄子	31	31	0.78		
	稲席	30	30	0.75		
	牛蒡	30	30	0.75		
	餅草	27	27	0.68		
	藁蓑	26	26	0.65		
	煙草	22	22	0.55		
4	ひよび	17	17	0.74	23	55
	カマシシ	16	16	0.70		

分岐点	産物名	記載 村数	含む 記載	共通 特性	含む 村数	含む 割合 (%)
5	シケ	21	21	0.95	22	52
	大角豆	25	20	0.66		
	畑芋	14	14	0.64		
	ヤマアザミ	13	13	0.59		
	葱	12	12	0.55		
6	鮎	6	5	0.81	6	14
7	草茸	3	2	0.98	2	5
	熊	3	2	0.98		
11	狐	3	2	0.98	16	38
	葛粉	15	13	0.74		
15	キビ	4	4	1.00	4	10
	獨活	4	4	1.00		
18	人參	11	8	0.80	9	21
22	柿	9	5	0.89	5	12
	大薊	4	4	0.80		
23	蠟燭	4	4	1.00	4	10
	豌豆	4	4	1.00		
	令法	5	4	0.97		
24	楡梓	3	2	0.98	2	5
26	木綿	17	17	1.00	17	40
	蒲ハバキ	19	17	0.92		
	鱒	17	16	0.90		
	李	22	16	0.70		
	菜種	13	12	0.67		
	干蕨	12	10	0.51		
32	百合	9	9	0.53	11	26
	荳	15	11	0.87		
	キジ	15	9	0.62		
36	筍	12	7	0.86	7	17
38	蓴	6	5	0.97	5	12
	木綿縞	5	4	0.77		

(各項目の説明)

[記載村数] はその産物が記載されている村落数を示す。

[含む記載] はその産物が記載されている村落のうち、その分岐点に含まれる村落数を示す。本文の Sa の要素和である。[共通特性] は本文の Ra である。すなわち $\overline{Sa} - \overline{Ta}$ である。[含む村数] はその分岐点が含む村の数を示す。本文の S の対象数にあたる。

[含む割合] は [含む村数] を入力データの全村数で除算し 100 を掛けたものを示す。

れる 42 村を対象とする。記載される産物の種類は 110 種類であり、記載数は 1,544 件である。これらの村落を行に、産物を列にとった 1・0 表を作成した。これを附録 C に示す。ただし、全ての村で記載のある 5 品目、また一村のみの記載である 23 品目については、村落の階層化のための情報にはならないため、入力データより除外した。そのため、入力データは 42 行、82 列である。この 1・0 の入力データを行列 A とする。

この行列 A をもとに、Jaccard 距離を算出し、BME 基準による FastME を用いて、無根系統樹を作成する。最近隣の分岐点からの枝長が最長の端点は森茂村であるため、これを外群とみなし、系統樹を有根とした。有根系統樹のエッジリストを探索し、包含行列 C を作成する。これをもとに、 C' 、 N 、 N' 、 F を算出し、式 (3) より共通特性 R を求めた。

図 2 に作成した有根系統樹⁹を、表 1 に分岐点ごとに共通特性が 0.5 を超える産物を示した。あわせて全村に記載のある産物を示している。表 2 には記載が一村のみの産物を示した。表 1 に示される産物は、その分岐点を含む村落を束ねている属性と言える。これを、分岐点ごとの特徴的な産物とみなしている。なお、共通特性の値は産物により多様であるため、共通特性の実際の数値については、表 3 に示している。また、出力された系統樹の分岐点と、村落の地理分布との対応関係について、図 3 に示した¹⁰。

白川郷地域では、系統樹は大きく上・下白川で分かれるようである。古くより森茂村を除く尾神村以北の 23 村を下白川、それ以外の 19 村を上白川という。分岐点 4 が下白川に、分岐点 26 が上白川に対応する。下白川では北より分岐点 12, 22, 19, 6 と 4 つの小群を見ることができる。また分岐点 4, 5, 6, 7, 11, 15, 18, 22, 23, 24 において計 21 品目の特徴的な産物が検出されている。上白川では、南より分岐点 36, 33, 27 と 3 つの小群を見ることができる。分岐点 26, 32, 36, 38 では計

12 品目の特徴的な産物が検出されている。

入力データの属性 82 列のうち、特徴的な産物として抽出されたのは 57 品目であり¹¹、属性の 7 割について分岐点との対応付けを行うことができた。これから漏れた 25 品目は、分岐点に対応する明確なパターンを持たない属性である。数が多くないため、必要があれば地理的分布など個別に検討することも可能である。

7. おわりに

本稿では 1・0 データをもとに有根系統樹を作成し、入力 1・0 データと出力の系統樹を対応付ける方法を示した。結果として、入力の各属性(列)は系統樹のいずれかの分岐点に「特徴的な属性」として配置される¹²。本稿の方法により、系統樹の分岐点と入力 1・0 データとの対応関係が明らかとなり、系統樹の解釈が行い易くなる。前項の例では入力属性の 7 割について分岐点との対応付けが行われており、本方法の有効性が示されている。また、本方法の入力データは 1・0 であり、尺度水準が低いいため、汎用性が高い。多分野での利用が可能であろう¹³。

本稿の方法は系統樹の研究利用を支援するものであり、系統学的手法の多分野での活用を促すものである。分類(排他的)と階層化は本質的に異なるものであるが、研究手法としての階層化は、分類ほど知られてはいない。系統学的手法により得られる対象の階層構造は、分岐点により示される多数の群の入れ子表現している。これは分類とは異なる研究アプローチであり、多くの分野において研究活用が期待される。本稿がその活用の一助となれば幸甚である。

末筆となったが、同志社大学文化情報学部の矢野環教授には、本研究課題について 4 年間に渡

⁹ 図 2 の有根系統樹は階層構造のみを表現しており、枝長は表現されていない。

¹⁰ 地点の記号は分岐点と対応している。系統樹は分類ではなく、階層構造を保持しているため、一度に地図に表すことは難しい。本稿では、主観的に群としてまとまっていると思われるものを地図化した。地図上に表現されている階層より、上位の階層を考える際は、記号を併合し、下位の階層を考える際には記号の中で分割すれば良い。

¹¹ 全村記載の産物、一村のみ記載の産物は除外している。

¹² ただし、共通特性の最大値が 0.5 以下の属性は、表示されない。表示の煩雑さを避けるためである。

¹³ 本稿の方法での、入力データの制約については以下が考えられる。ただし、これらは系統樹を用いた方法一般に指摘される問題点であり、本稿の式 (2) および式 (3) の制約ではない。① 行の数が多すぎると、式 (1) に示されるように、樹形の数が増えすぎるため、系統樹の作成が困難となる。② 行の数に対し、列の数が少なすぎる場合、多数の分岐点に対し少数の属性を配置する事となり、有益な結果が得られない場合がある。なお①については、近隣結合法を用いることにより、回避可能である。

り充実した議論の機会を頂いた。系統学的手法、数理的手法など多分野に渡り専門的な指導を受けた。記して感謝します。

引用文献

- Desper R, Gascuel O. 2002. Fast and accurate phylogeny reconstruction algorithms based on the minimum-evolution principle. *J Comput Biol* 9: pp.687-705.
- Desper R, Gascuel O. 2005. The minimum evolution distance based approach to phylogenetic inference. In: Gascuel O, editor. *Mathematics of evolution & phylogeny*. Oxford, UK: Oxford University Press. pp.1-32.
- Gascuel O. and Steel M. 2006. Neighbor-Joining Revealed. *Mol Biol Evol* 23, pp.1997-2000.
- 蘆田 伊人編 1915 『大日本地誌大系 第七冊 斐太後風土記 上』大日本地誌大系刊行會
- 根井 正利著, 五条堀 孝・斎藤 成也訳 1990 『分子進化 遺伝学』培風館
- 根井 正利・S. クマー著, 大田 竜也・竹崎 直子訳 2006 『分子進化と分子系統学』培風館

```

} else {
  if (length(s) == 1) {} # do nothing
  else if (min(s[1:2]) <= n)
  {
    res[min(s[1:2]), max(s[1:2]) - n] <- 1;
  }
  else
  {
    res[s[2] - n] <- res[s[2] - n] + res[s[1] - n];
  }
  s <- s[-1];
}
}
return(res);
}
library(vegan);
library(ape);
A <- matrix(c(1,1,1,0,1,1,0,0,0,0,1,1), 4);
res <- fastme.bal(vegdist(A, "jaccard"));
outgroup <- 4;
C <- C(res$edge, outgroup);
N <- diag(1/colSums(C));
Cd <- 1 - C;
Nd <- diag(c(1/colSums(Cd[, ncol(Cd) - 1], 0), 0));
F <- (t(A) %*% C * 2 - colSums(A) > 0) * 1;
(R <- t(A) %*% (C %*% N - Cd %*% Nd)) * F;

```

附録 A. Jaccard 距離の算出

二値データをもとに、対象間の距離を求める際には、Jaccard 距離がよく用いられる。同じ長さの 1・0 データ配列 A と B があるとき、Jaccard 距離は次の式で定義される。

$$J = \frac{M_{01} + M_{10}}{M_{01} + M_{10} + M_{11}}$$

(ただし A と B が共に 1 であるときの列数を M_{11} 、
A が 0、B が 1 のときの列数を M_{01} 、
A が 1、B が 0 のときの列数を M_{10} とする。)

附録 B. 共通特性算出のプログラム

```

C <- function(list, s) {
  n <- max(list)/2 + 1;
  t <- list[list[, 2] == s, 1];
  list[list[, 2] == s, 1] <- n * 2 - 1;
  list <- rbind(list, c(t, n * 2 - 1));
  res <- matrix(0, n, n - 1);
  while (length(s) > 0) {
    o <- matrix(
      list[list[, 1] == s[1] | list[, 2] == s[1], , ncol = 2];
    if (length(o) > 0) {
      cn <- o[o != s[1]][1];
      s <- c(cn, s);
      list <- matrix(list[which(list[, 1] == o[1, 1] &
        list[, 2] == o[1, 2]) * -1, , ncol = 2];
    }
  }
}

```

[illegible][illegible]

(110品目・1,544記載)