



NWChem

基礎編

V11.9.5

2024年12月10日 株式会社クロスアビリティ

本書について

- 本書はWinmostar V11の使用例を示すチュートリアルです。
- 初めてWinmostar V11をお使いになる方は[ビギナーズマニュアル](#)を参照してください。
- 各機能の詳細を調べたい方は[ユーザマニュアル](#)を参照してください。
- 本書の内容の実習を希望される方は、講習会を受講ください。
 - [Winmostar導入講習会](#)：基礎編チュートリアルの操作方法のみ紹介します。
 - [Winmostar基礎講習会](#)：理論的な背景、結果の解釈の解説、基礎編チュートリアルの操作方法、基礎編以外のチュートリアルの一部の操作方法を紹介します。
 - [個別講習会](#)：ご希望に応じて講習内容を自由にカスタマイズして頂けます。
- 本書の内容通りに操作が進まない場合は、まず[よくある質問](#)を参照してください。
- よくある質問で解決しない場合は、情報の蓄積・管理のため、[お問合せフォーム](#)に、不具合の再現方法とその時に生成されたファイルを添付しご連絡ください。
- 本書の著作権は株式会社クロスアビリティが有します。株式会社クロスアビリティの許諾なく、いかなる形態での内容のコピー、複製を禁じます。

概要

- 気相中の孤立したプロピレン分子の分子軌道、静電ポテンシャル、振動スペクトル（IR（+ラマン））及びGibbs自由エネルギー、UV-Visスペクトル、NMRスペクトルをNWChemによる量子化学計算（B3LYP/6-31G*）から取得します。

手順の概要：

I. 系のモデリング

II. 計算の実行

構造最適化+振動計算→TDDFT計算
→NMR計算

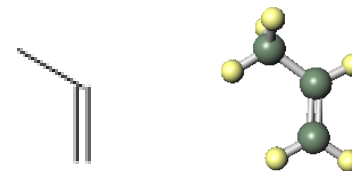
※TDDFT計算はUV-Visの表示に必要

III. 結果解析

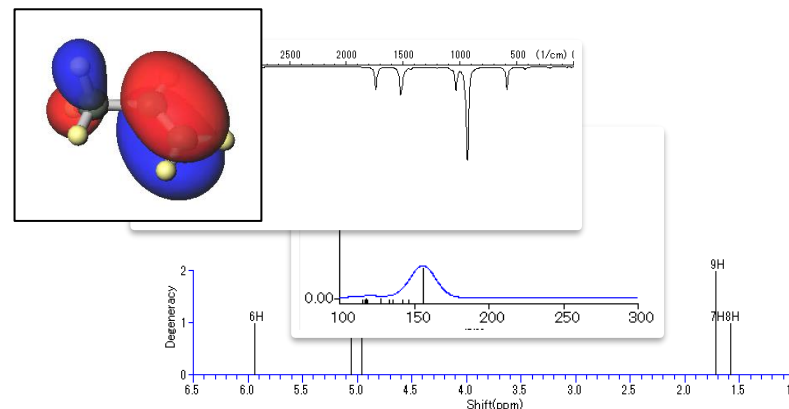
分子軌道、静電ポテンシャル、
IR(+ラマン)、自由エネルギー、
UV-Vis、NMR化学シフト

注意点：

- ESPの表示には時間が掛かるため、ここでは静電ポテンシャルとして、簡易的に得られる電荷解析(ラベル/電荷で指定していなければMulliken電荷)の結果を基にしたポテンシャル分布を表示します。



(構造式) (3次元構造)
プロピレン分子

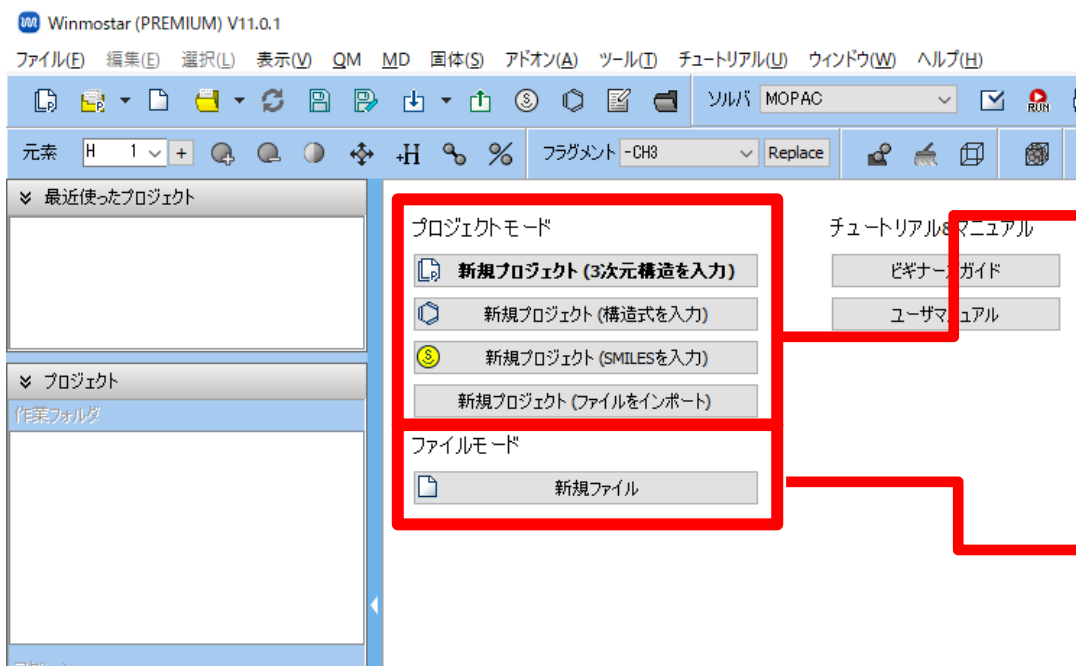


Winmostar V11の動作モード

V11には**プロジェクトモード**と**ファイルモード**の2つの動作モードが用意されています。

本書ではプロジェクトモードでの操作方法を解説します。

ファイルモードの操作方法は[V10のNWChemチュートリアル](#)を参照してください。



プロジェクトモード **V11新機能**

ユーザは個々のファイルを意識することなくジョブを管理できます。
基本的にこのモードを推奨します。

ファイルモード

ユーザは個々のファイルを明示的に作成、管理します。操作方法はV10以前と一緒です。

継続ジョブを作成するときに、ファイルモードまたはV10以前では都度継続元ジョブの最終構造を表示する必要がありますが、プロジェクトモードでは自動で最終構造が引き継がれます。

環境設定

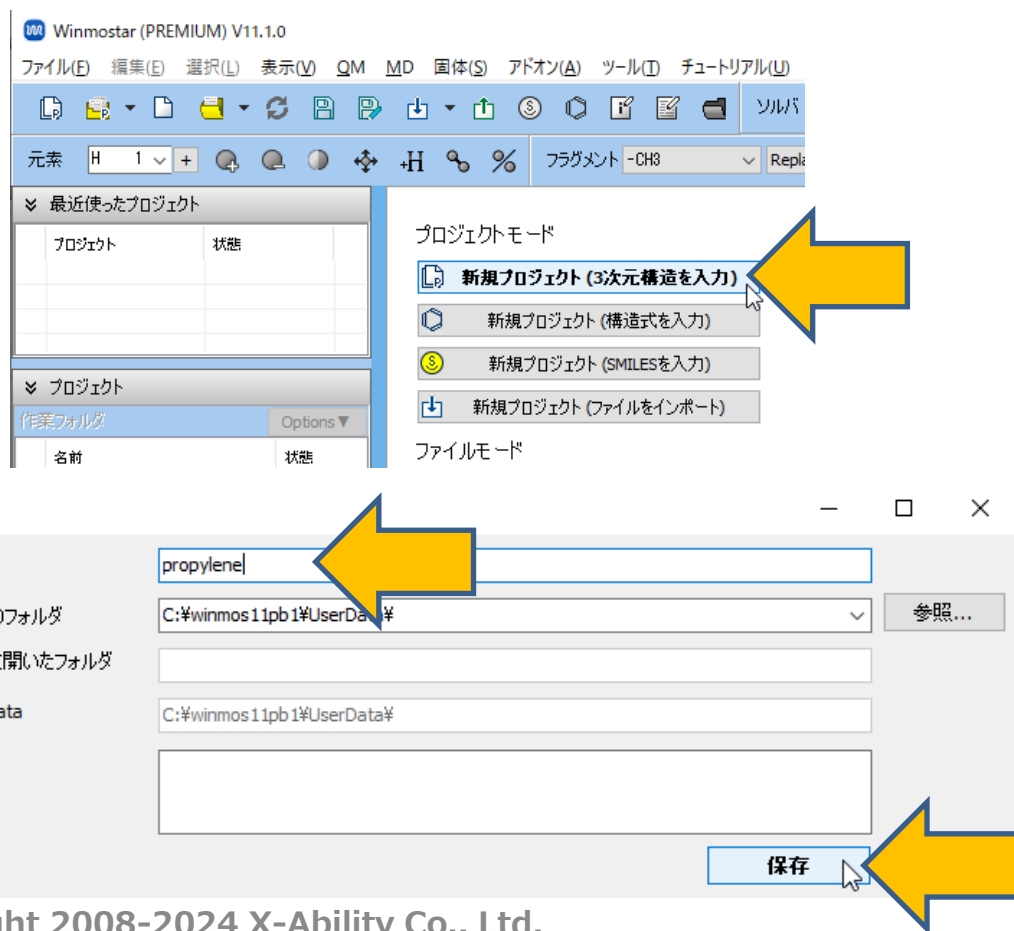
64bit環境でWinmostar V11.5.0以降をご使用の方は、以下のリンクから最新のCygwinWMのインストーラをダウンロードしてください。NWChemはCygwinWMの中に同梱されています。

[Winmostar用Cygwin環境 CygwinWM | Winmostar\(TM\)](#)

それ以外の方（32bit環境またはWinmostar V11.4.X以前の方）は、[Windows版NWChemインストールマニュアル](#)に従ってNWChemをセットアップしてください。

I. 系のモデリング

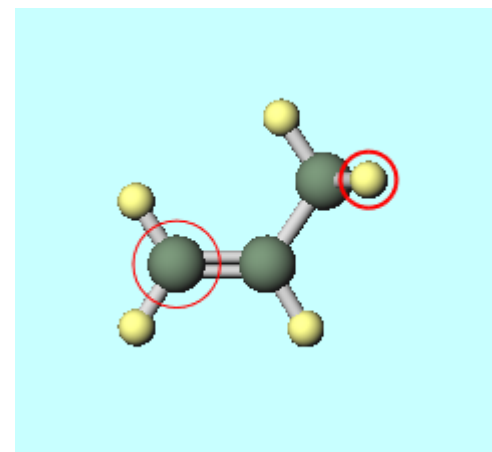
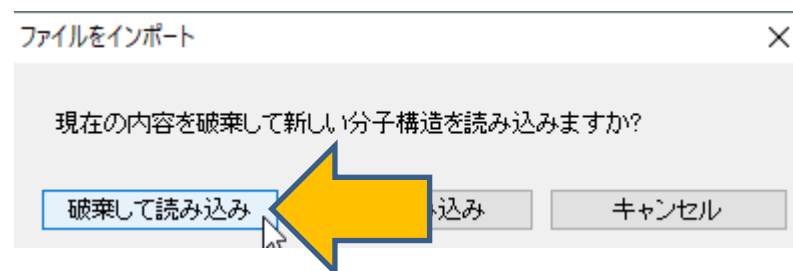
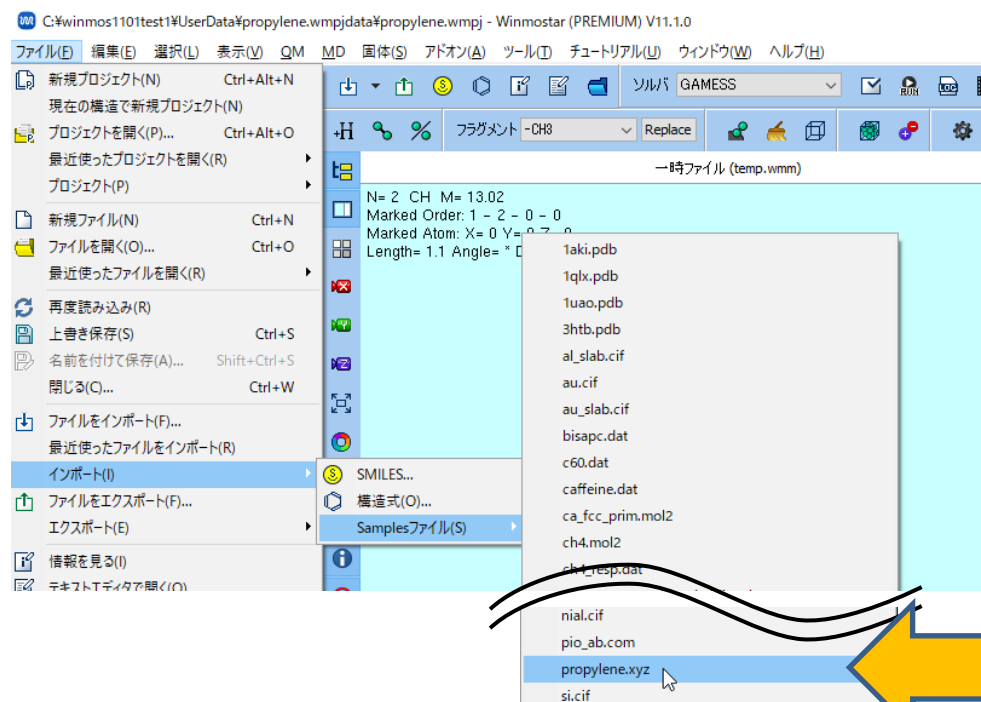
1. Winmostarを起動し、**新規プロジェクト（3次元構造を入力）**をクリックします。（すでに起動している場合は先に**ファイル | 閉じる**をクリックします。）
2. **プロジェクト名**に「propylene」と入力し**保存**をクリックします。



I. 系のモデリング

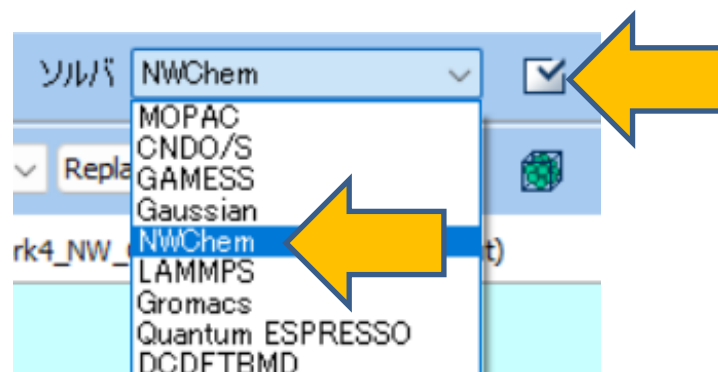
初期構造の作成方法の詳細は[分子モデリング有機分子編チュートリアル](#)を参照してください。ここでは既存の分子構造ファイルを読み込ませます。

1. **ファイル | インポート | Samplesファイル | propylene.xyz**をクリックします。
 - 任意のファイルを読み込む場合はこの段階で代わりに**ファイル | ファイルをインポート**を使います。
2. **ファイルをインポート**ダイアログで**破棄して読み込み**をクリックします。
3. 分子表示エリアに所望の分子が出現することを確認します。



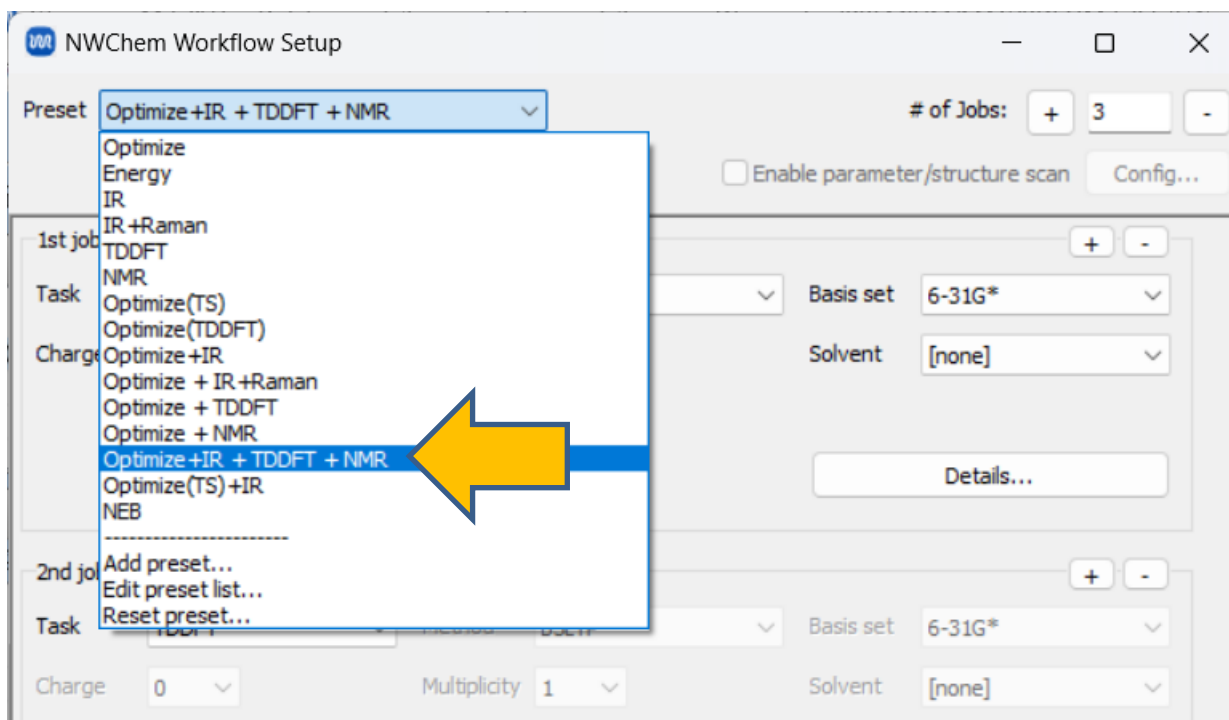
II. 計算の実行

1. ソルバー一覧から**NWChem**を選択します。
2. ☒ (**ワークフロー設定**) をクリックします。



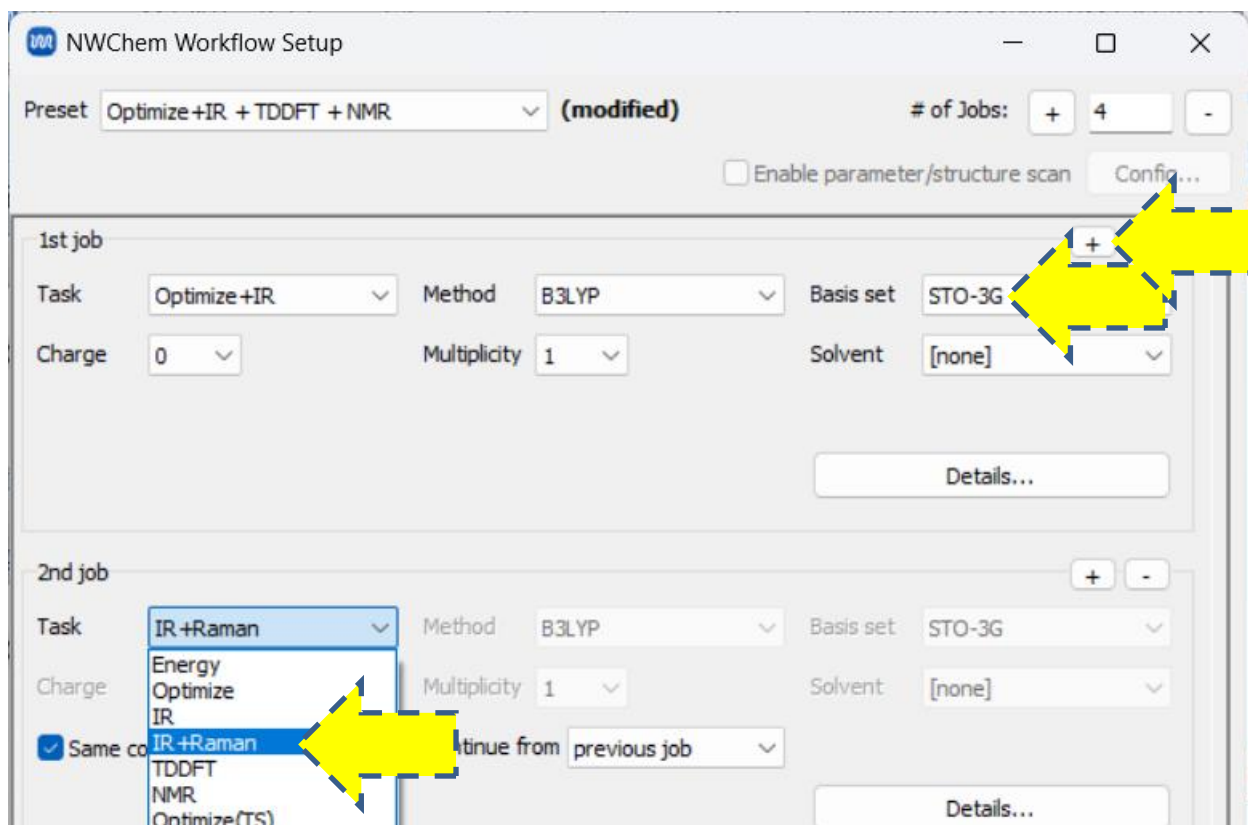
II. 計算の実行

1. NWChem Workflow SetupウィンドウのPresetから「Optimize+IR + TDDFT + NMR」を選択します。



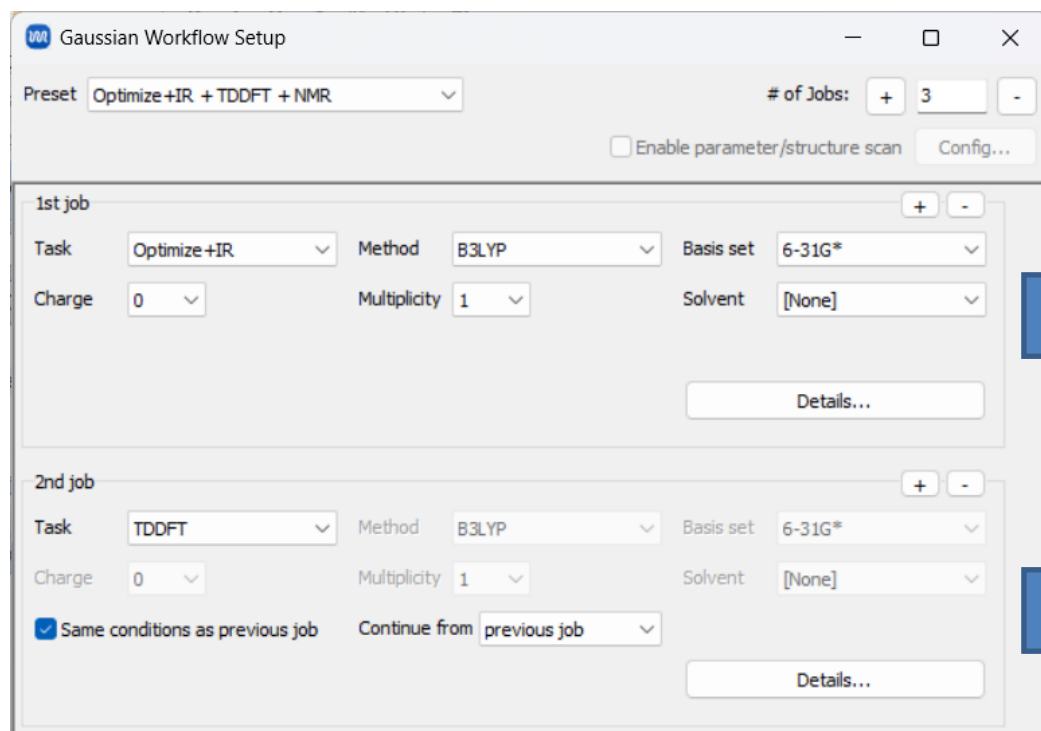
II. 計算の実行

- 計算精度を落として計算を早く終了させたい場合は、**1st job**の**Basis set**を「**STO-3G**」に変更します。**2nd job**以降も自動的に**STO-3G**に変更されます。ラマンスペクトルも計算する場合は、**1st job**の枠右上の+ボタンをクリックして新たに**2nd job**を追加して、**Task**を「**IR+Raman**」に変更します。そうでない場合は次のページに進みます。



補足 計算実行の流れ

今回のケースでは、①Optimize+IRの計算が実行された後に②TDDFTの計算が実行されます。連続して実行される計算の間で原子座標の情報は自動で引き継がれ、①の最終構造は②の初期構造と一致します。各計算は個別の作業フォルダの中で実行されます。



作業フォルダ



work1_NW_OPT-IR

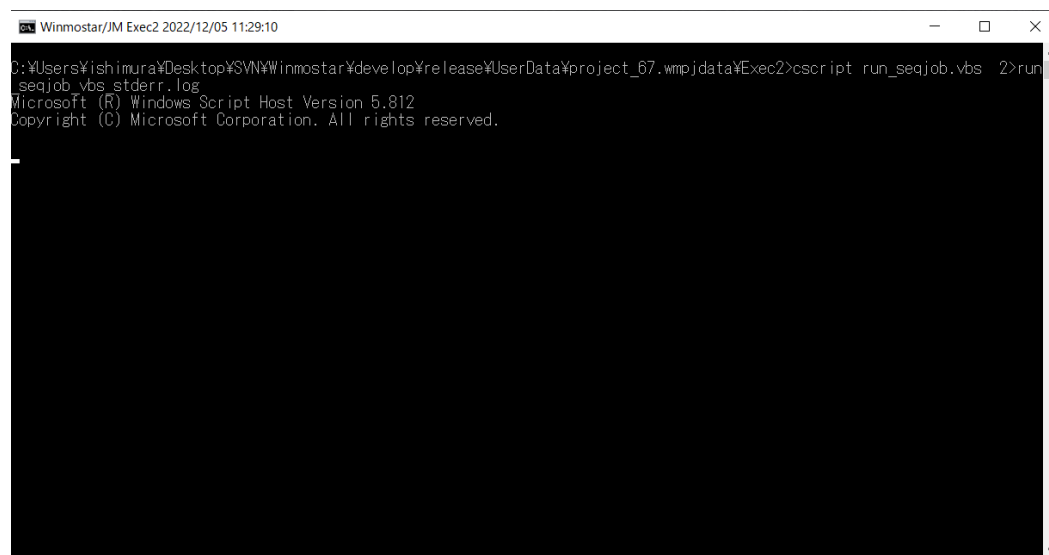
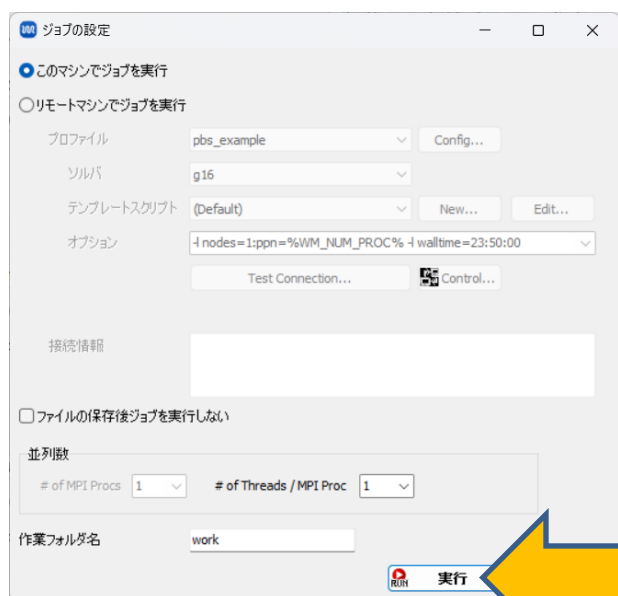


work2_NW_TDDFT

II. 計算の実行

(リモートジョブの場合は先に[こちら](#)に進んでください。)

1. **NWChem Workflow Setup**ウィンドウ右下の**OK**をクリックします。
2. **ジョブの設定**ウィンドウで**実行**をクリックします。バックグラウンドで**Winmostar Job Manager**が起動し、右図のような黒いコンソールウィンドウが出現し、計算が開始されます。



補足：入力ファイルを自分で修正したい場合やリモートサーバに自分でコピーして使用したい場合は、**ジョブの設定**ウィンドウで**ファイルの保存後ジョブを実行しない**にチェックを入れ**実行**をクリックします。保存後に計算を実行したい場合は**ファイル | プロジェクト | 選択された作業フォルダ | Run**をクリックします。

II. 計算の実行

1. メインウィンドウに戻ると（計算実行中でも構いません）、**プロジェクト表示エリア**に**NWChem Workflow Setup**ウィンドウの各ジョブに対応する3つの作業フォルダの親子関係がツリー状に表示されます。
2. 分子表示エリアには自動的に最初の作業フォルダ（work1_NW_OPT-IR）の入力ファイルの構造が表示されます。**分子表示エリア**の上部でもそのことを確認できます。

The screenshot displays the NWChem Workflow Setup interface. The top menu bar includes options like 'ファイル(E)', '編集(E)', '選択(L)', '表示(V)', 'QM', 'MD', '国体(S)', 'アドオン(A)', 'ツール(T)', 'チュートリアル(U)', 'ウィンドウ(W)', and 'ヘルプ(H)'. Below the menu is a toolbar with various icons. The main window is divided into several sections:

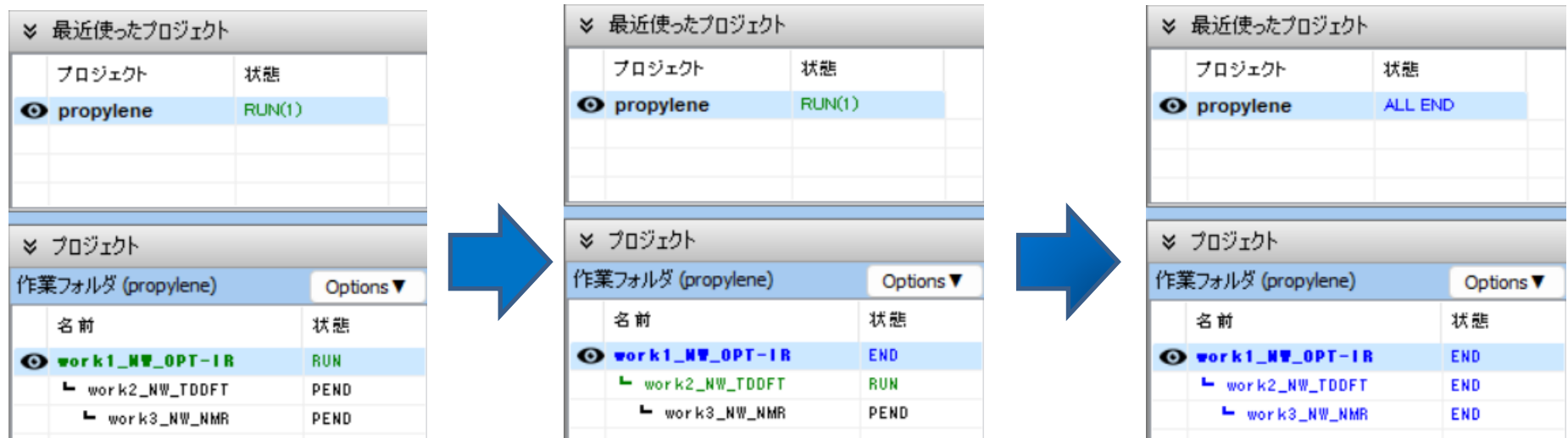
- 最近使ったプロジェクト (Recently Used Projects):** A table showing the 'propylene' project in a 'RUN(1)' state.
- プロジェクト (Project):** A section containing a tree view of the project hierarchy. The '作業フォルダ (propylene)' (Working Folder) is expanded, showing a list of folders and their states:

名前 (Name)	状態 (Status)
work1_NW_OPT-IR	RUN
work2_NW_TDDFT	PEND
work3_NW_NMR	PEND

- 分子表示エリア (Molecular Display Area):** The top of this area shows the selected folder 'work1_NW_OPT-IR' and its input file 'nw.nw'. Below this, molecular parameters are listed: N= 9, C3H6, M= 42.08, Marked Order: 9 - 1 - 2 - 5, Marked Atom: X= 2.816047 Y= 1.239451 Z= 0.908002, Length= 3.207932 Angle= 28.61726 Dihedral= -36.2459 Lper= 0.54564. A 3D ball-and-stick model of the propylene molecule is shown at the bottom right.

II. 計算の実行

1. 計算の進行状況に応じて、プロジェクト表示エリアで各作業フォルダの状態が**PEND（黒）** → **RUN（緑）** → **END（青）** と変化します。
2. 全ての作業フォルダの状態が**END（青）**に変化するまで待ちます。この際**最近使ったプロジェクト**の「propylene」の状態も**ALL END（青）**に変化します。



II. 計算の実行

1. 各計算のログの主要な内容を見たい場合は、**プロジェクト表示エリア**の**作業フォルダ**で対象となる計算の作業フォルダをクリックして選択し、**アクション**の**Log (Extracted)**をクリックします。（プロフェッショナル版プレミアム限定の機能です）
2. 完全なログを見たい場合は**Log**をクリックします。

The screenshot displays the Winmostar software interface. On the left, the '最近使ったプロジェクト' (Recently used projects) panel shows a project named 'propylene' with status 'ALL END'. Below it, the 'プロジェクト' (Project) panel shows the '作業フォルダ (propylene)' (Working folder (propylene)) with a list of folders: 'work1_NW_OPT-IR', 'work2_NW_TDDFT', and 'work3_NW_NMR'. The 'アクション (work1_NW_OPT-IR)' (Action (work1_NW_OPT-IR)) panel shows a list of actions: 'Coordinate (Initial)', 'Coordinate (Final), Charge & Dipole', 'Log', 'Log (Extracted)', 'Animation', 'MO & Charge', 'IR/Raman', and 'Show in Explorer'. A yellow arrow points from the 'Log (Extracted)' action to the 'work1_NW_OPT-IR' folder. Another yellow arrow points from the 'Log (Extracted)' action to the 'Log (Extracted)' button. The main window displays the 'Extracted Log (C:\winmos11.5.0\UserData\propylene.wmpjdata\work1_NW_OPT-IR\nw.out)' for the 'work1_NW_OPT-IR' project. The log content includes the following information:

```
Northwest Computational Chemistry Package (NWChem) 7.0.2
hostname = LAPTOP-RIPU9306
date = Wed Apr 12 11:10:35 2023
nproc = 2
total = 104857595 doubles = 800.0 Mbytes
Summary of "ao basis" -> "" (cartesian)

Tag          Description          Shells  Functions and Types
-----
*            6-31G*                on all atoms
Wavefunction type: closed shell.
No. of atoms : 9
No. of electrons : 24
Alpha electrons : 12
Beta electrons : 12
Spin multiplicity: 1
AO basis - number of functions: 57
XC Information
B3LYP Method XC Potential
Hartree-Fock (Exact) Exchange 0.200
Slater Exchange Functional 0.800 local
Becke 1988 Exchange Functional 0.720 non-local
Lee-Yang-Parr Correlation Functional 0.810
VWN I RPA Correlation Functional 0.190 local
Total DFT energy = -117.905749020098
charge = 0.00
@ Step Energy Delta E Gmax Grms Xrms Xmax Walltime
@ 0 -117.90574902 0.0D+00 0.01761 0.00574 0.00000 0.00000 24.6
Total DFT energy = -117.907522828273
Total DFT energy = -117.907522828273
Step Energy Delta E Gmax Grms Xrms Xmax Walltime
```

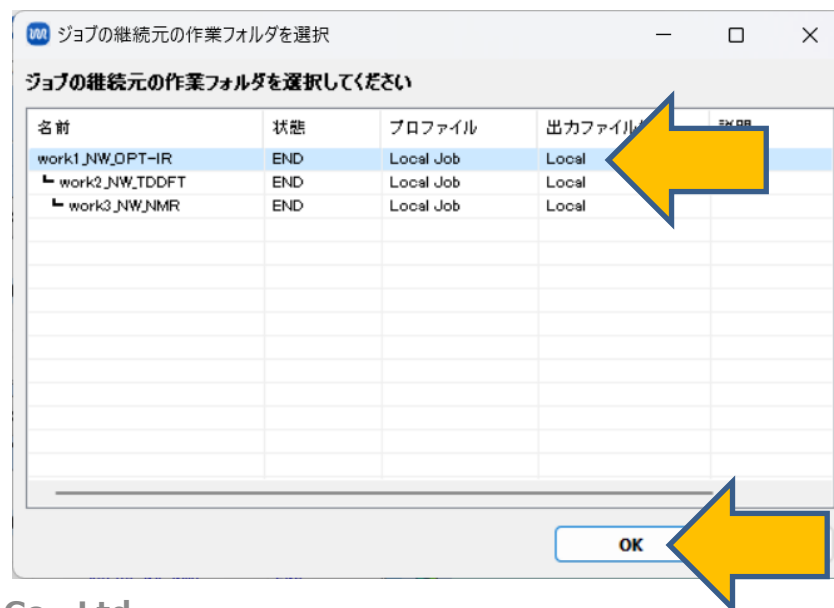
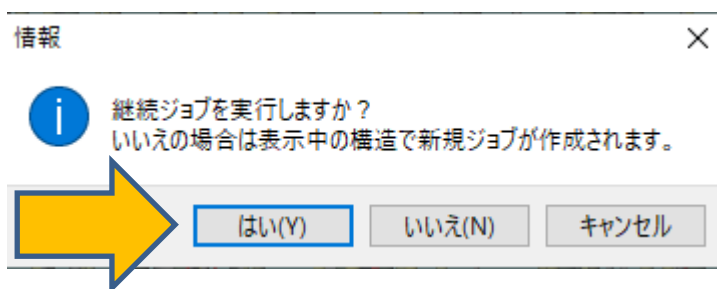
The log window also includes an 'Export...' button at the bottom left and a 'Close' button at the bottom right.

補足 計算の継続

本書では本ページの操作は不要です。

1. **すでに完了した計算から最終状態の原子座標を引き継いで計算を開始したいときは、まず (ワークフロー設定) をクリックします。**
2. **情報**ダイアログでは**はい**をクリックします。
3. **ジョブの継続元の作業フォルダを選択**で継続元の作業フォルダを選択してから**OK**をクリックします。
4. **NWChem Workflow Setup**ウィンドウでP.9-10と同様に設定を行い計算を開始します。

※ファイルモードのように継続元ジョブの最終構造をメインウィンドウに表示しておく必要はありません。



補足 計算の継続

本書では本ページの操作は不要です。

すでに完了した計算の最終状態の分子構造を編集してから計算を開始する方法を紹介します。

1. **プロジェクト表示エリアの作業フォルダ**で編集元構造の作業フォルダをクリックし、**アクション**で**Coordinate (Initial)**（初期構造を編集する場合）または**Coordinate (Final)**（最終構造を編集する場合）をクリックします。
2. 各種ツールボタンや**編集メニュー**以下の機能を利用して分子構造を編集します。「…出力可能なファイル形式に編集し続行しますか？」と表示されたら**はい**をクリックします。
 - 一旦作業を中断したい場合は、（**上書き保存**）ボタンをクリックすると構造が保存され、Winmostarの再起動後でもプロジェクトを開きなおすと編集中の構造が再び出現します。または、（**ファイルをエクスポート**）をクリックし構造ファイルとして保存し、必要な段階で（**ファイルをインポート**）をクリックして保存した構造ファイルの構造を読み込みます。
3. 分子構造の編集が終わり、同一プロジェクト内で計算を実行する場合は、（**ワークフロー設定**）をクリックし「継続ジョブを実行しますか」と表示されたら**いいえ**をクリックします。新しいプロジェクトを作成して計算を実行する場合は、**ファイル | 現在の構造で新規プロジェクト**をクリックしてから （**ワークフロー設定**）をクリックします。

III. 結果解析 構造最適化アニメーション

以降、確認したい解析項目以外はスキップ可能です。

1. プロジェクト表示エリアの作業フォルダで構造最適化計算の作業フォルダ (work1_NW_OPT-IR) をクリックします。
2. アクションでAnimationをクリックすると、メインウィンドウ右側にアニメーション操作エリアが出現します。▶ ボタンをクリックすると、構造最適化の過程がアニメーション表示されます。
3. アニメーション表示エリア下部には、その上のリスト内のColumnで選ばれた列の値がグラフで表示されます。

The screenshot displays the winmostar software interface for animation. On the left, the 'プロジェクト' (Project) panel shows the '作業フォルダ (propylene)' (Working Folder) with 'work1_NW_OPT-IR' selected. Below it, the 'アクション (work1_NW_OPT-IR)' (Action) panel shows 'Animation' selected. The main window shows a 3D molecular model of propylene. On the right, the 'アニメーション' (Animation) panel shows controls for playing the animation, including a play button, speed slider, and a table of optimization steps. The table shows the following data:

Step	Energy	Grad
Step= 1	-117.90752283	0.00142
Step= 2	-117.90755603	0.00069
Step= 3	-117.90755763	0.00008
Step= 4	-117.90755767	0.00001

The graph at the bottom shows the energy values for the selected column (4) over the steps, with the value -117.90755767 highlighted.

III.結果解析 分子軌道

1. プロジェクト表示エリアの作業フォルダで構造最適化計算の作業フォルダ (work1_NW_OPT-IR) をクリックします。
2. アクションでMO & Chargesをクリックすると、Energy Level DiagramウィンドウとSurface Setupウィンドウが表示されます。Energy Level Diagramウィンドウでは各分子軌道のエネルギーやHOMO-LUMOギャップを確認できます。(STO-3Gの場合は値が異なります)

補足1：イオン化ポテンシャルの簡便な近似値は、HOMOエネルギーの符号を反対にした値となります。

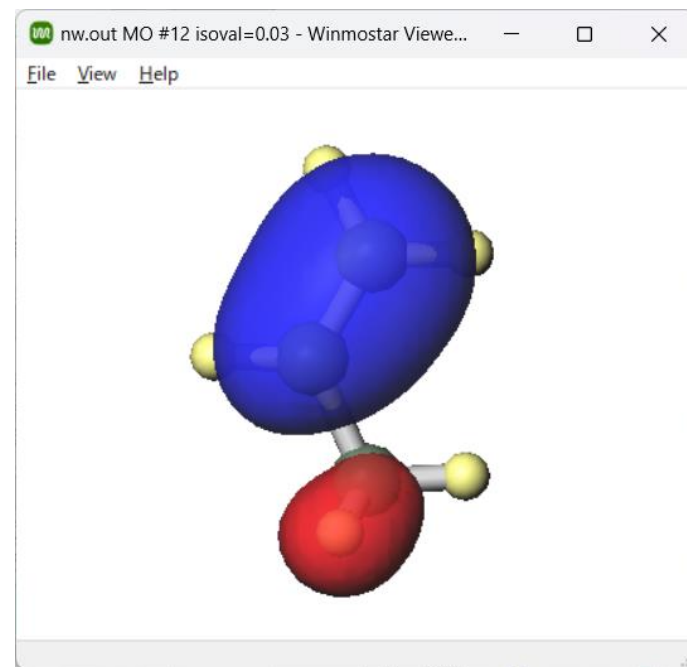
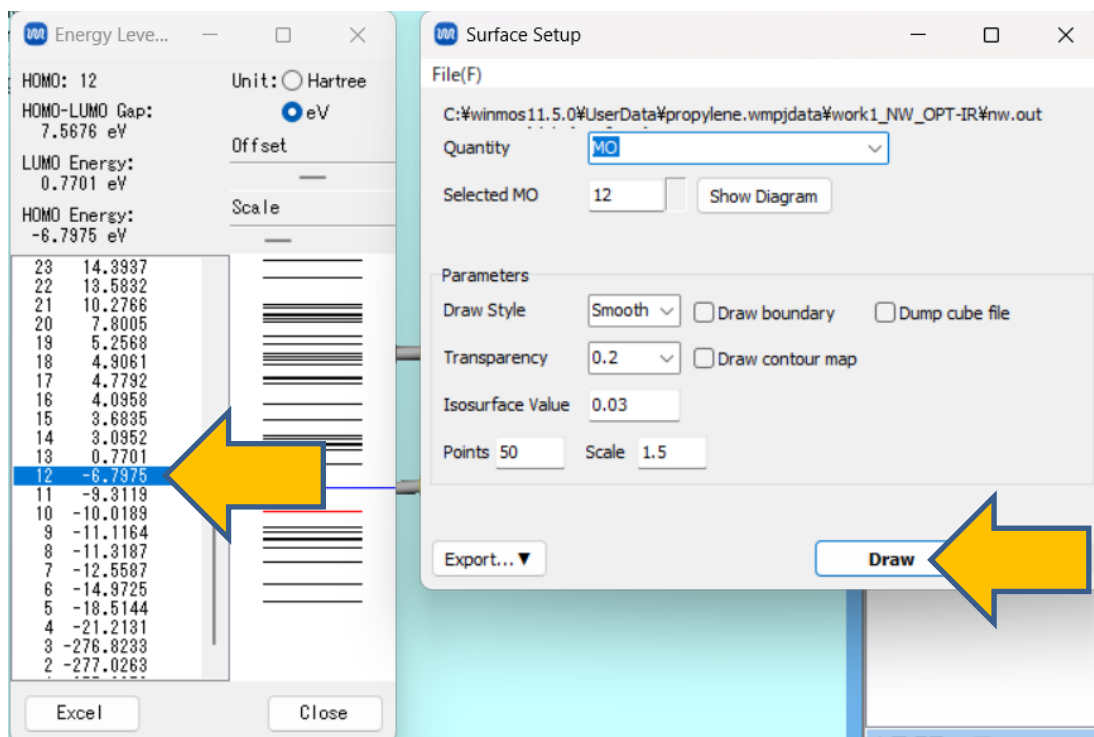
補足2：XPSのピークの簡便な近似値は、内殻の軌道エネルギーの符号を反対にした値となります。どの原子のピークであるかは、次のページの手順で分子軌道を図示して確認してください。

The first screenshot shows the 'プロジェクト' (Project) window. Under '作業フォルダ (propylene)', 'work1_NW_OPT-IR' is selected. Under 'アクション (work1_NW_OPT-IR)', 'MO & Charge' is selected. The second screenshot shows the 'Energy Level Diagram' window. It displays orbital energies in eV. The HOMO is at -6.7975 eV, and the LUMO is at 0.7701 eV. The HOMO-LUMO gap is 7.5676 eV. The third screenshot shows the 'Surface Setup' window. The 'Quantity' is set to 'MO', and the 'Selected MO' is 12.

Orbital Index	Energy (eV)
33	24.3307
32	23.8182
31	23.3834
30	21.1937
29	19.9709
28	18.4763
27	17.9104
26	17.2916
25	16.5884
24	14.5676
23	14.3937
22	13.5832
21	10.2766
20	7.8005
19	5.2568
18	4.9061
17	4.7792
16	4.0958
15	3.6835
14	3.0952
13	0.7701
12	-6.7975

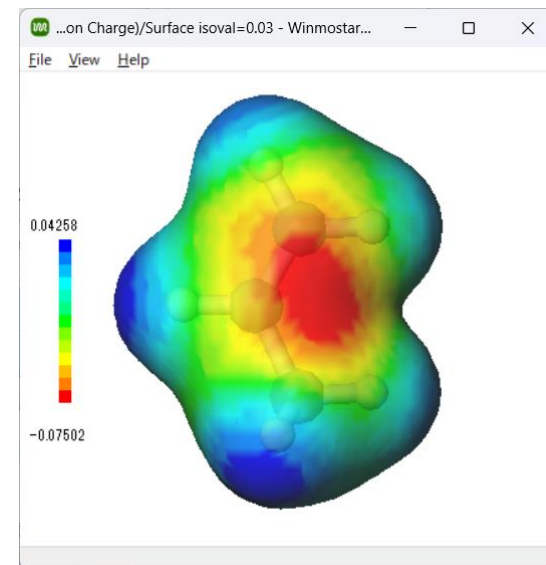
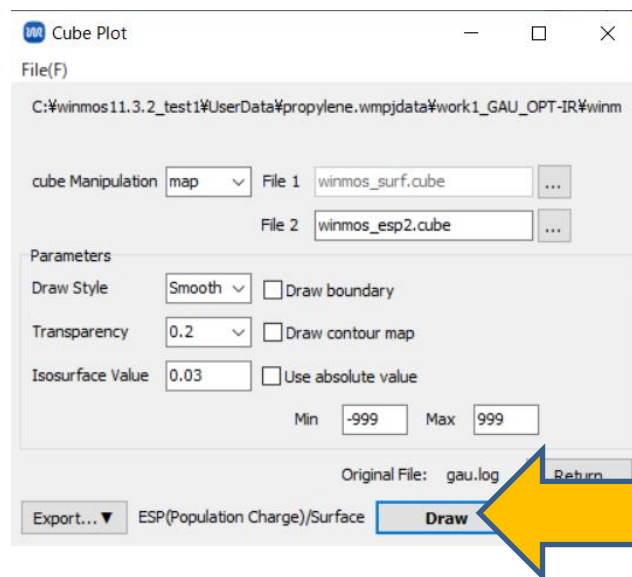
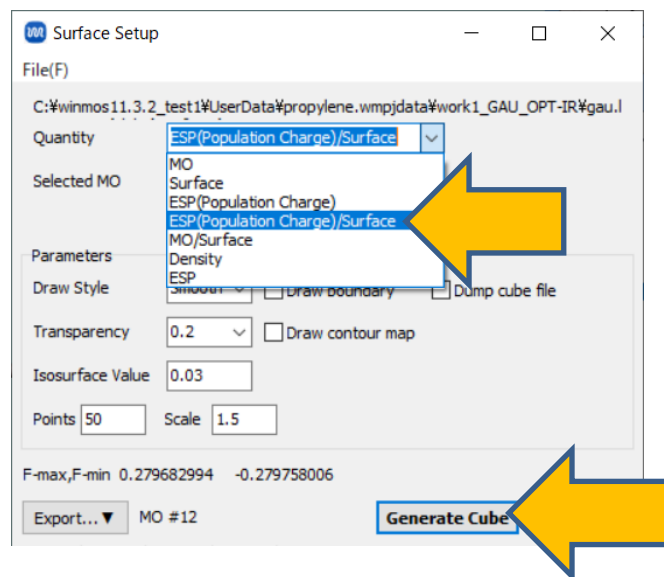
III.結果解析 分子軌道

1. **Energy Level Diagram**ウィンドウで3D表示したい軌道をクリックして選択し（デフォルトでは電子が入っている軌道の中で最もエネルギーが高いHOMOが選択されます）、**Surface Setup**ウィンドウの**Draw**ボタンをクリックします。
2. **Winmostar Viewer**が起動し、1で選択された分子軌道が3D表示されます。



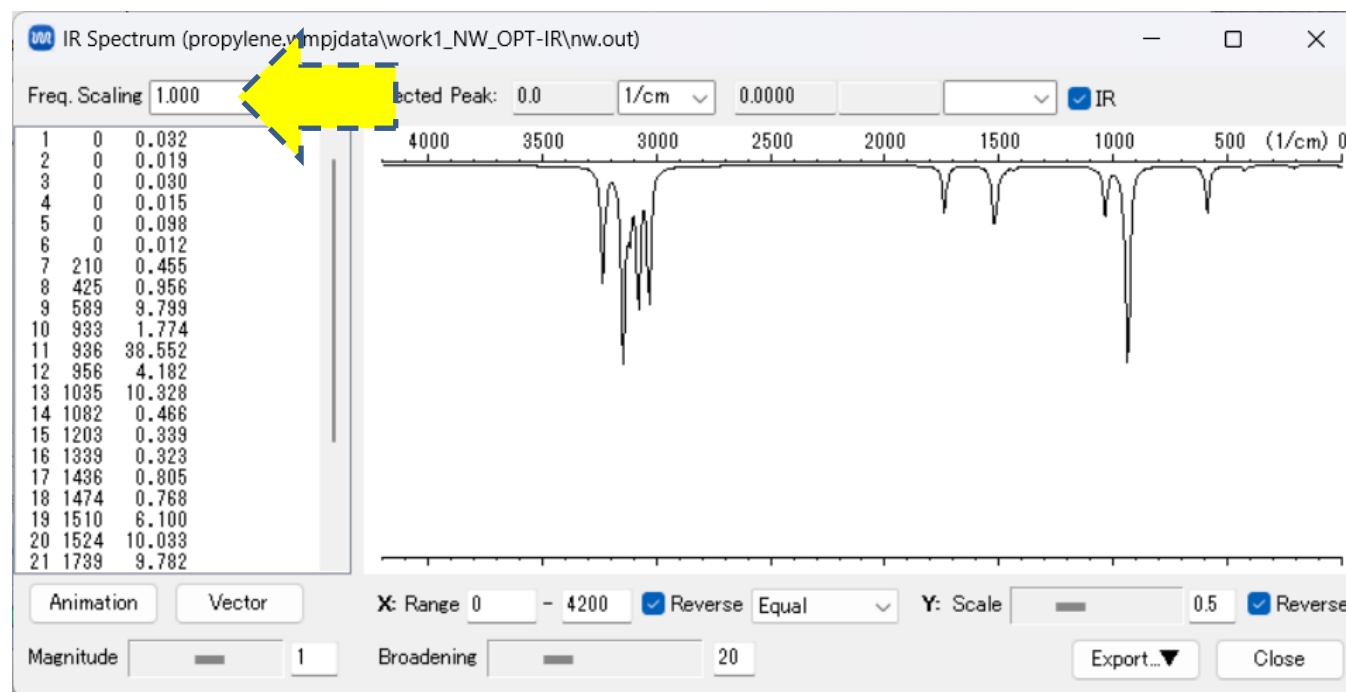
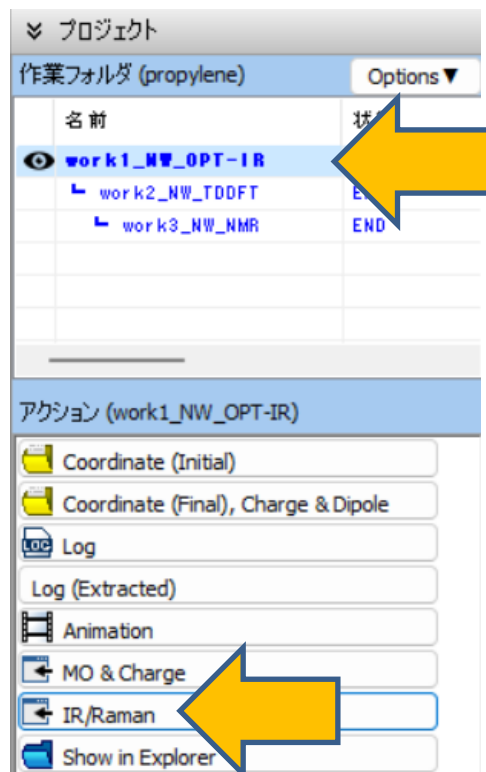
III. 結果解析 静電ポテンシャル

1. **Surface Setup**ウィンドウの**Quantity**で**ESP(Population Charge)/Surface**を選択し、右下の**Generate Cube**をクリックします。
2. **Cube Plot**ウィンドウが出現したら**Draw**をクリックします。**Winmostar Viewer**が起動し、Mulliken電荷から計算された近似的な静電ポテンシャルを分子表面にマッピングした様子が表示されます。



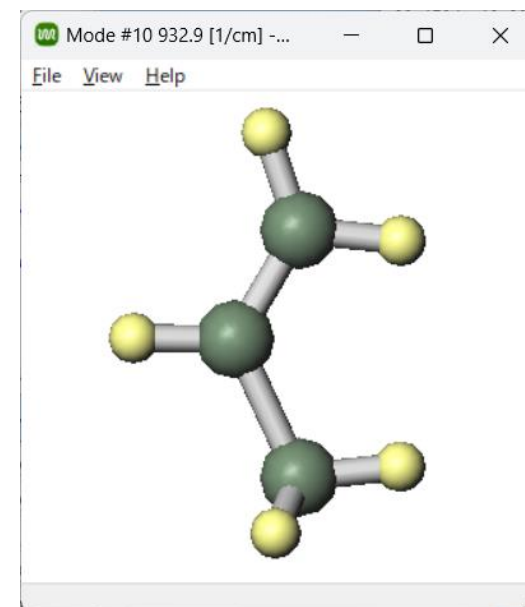
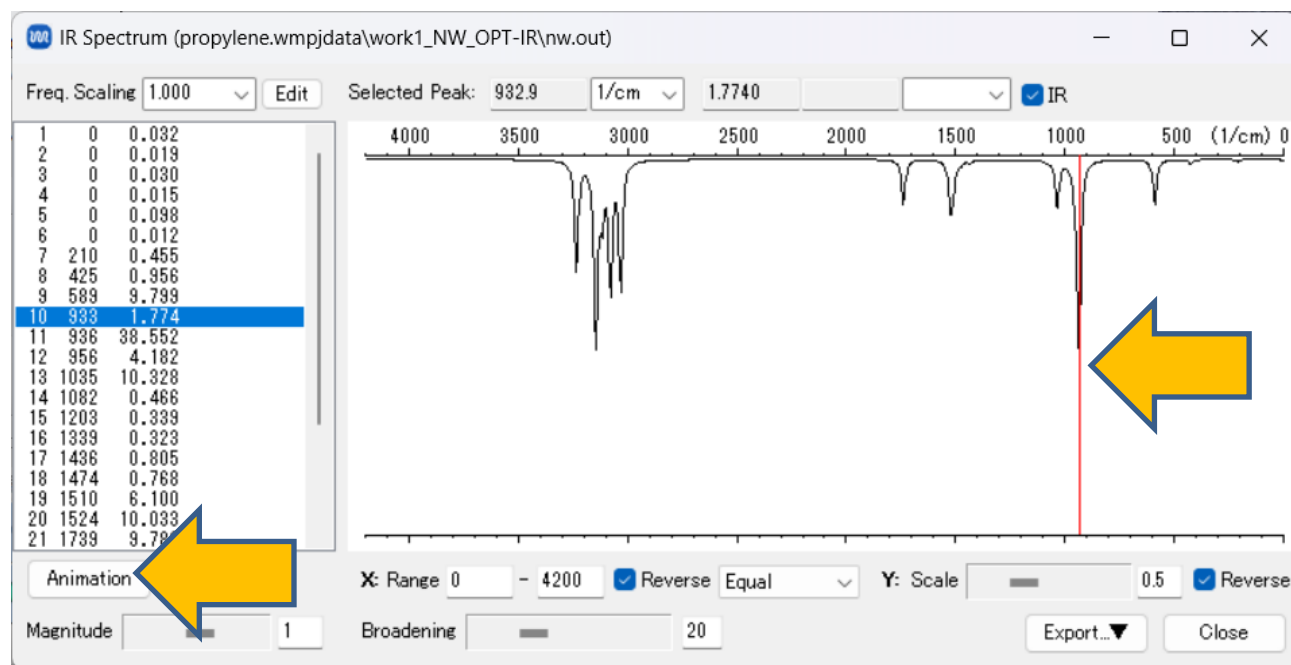
III.結果解析 IR/ラマンスペクトル

1. プロジェクト表示エリアの作業フォルダで振動計算の作業フォルダ (work1_NW_OPT-IR) をクリックします。(ラマンの時はwork2_NW_IRRAMAN)
2. アクションでIR/Ramanをクリックすると、スペクトルが出現します。
 - 計算手法と基底関数に応じた波数のスケーリングを行う場合は、**Freq. Scaling**から該当するものを選択してください。



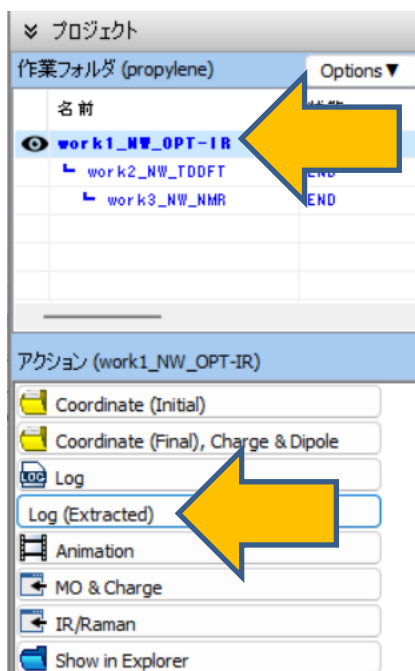
III.結果解析 IR/ラマンスペクトル

1. 振動モードを可視化する場合は、可視化したいピークをグラフ中でクリックし、**Animation** ボタンをクリックしてください。**Winmostar Viewer**が起動し、対応する振動モードのアニメーションが表示されます。
2. アニメーションを確認した後は、**Winmostar Viewer**をxボタンで終了し、**IR Spectrum** ウィンドウを**Close**ボタンで閉じてください。



III.結果解析 Gibbs自由エネルギー

1. プロジェクト表示エリアの作業フォルダで振動計算の作業フォルダ (work1_NW_OPT-IR) をクリックし、アクションでLog(Extracted)をクリックします。
2. $G = H - TS$ の式からGibbs自由エネルギー値を求めます。Hは(最後のTotal DFT energyの値 (単位はHartree)) + (Thermal correction to Enthalpyの値(a.u.(Hartree)の値))、TSは (Temperatureの値) x (Total Entropyの値) x 1.5936×10^{-6} (Hartreeへの単位変換)です。
 $-117.907558 + 0.085055 - 298.15 \times 63.163 \times 1.5936 \times 10^{-6} = -117.852514$ がGibbs自由エネルギー値(単位はHartree)となります。

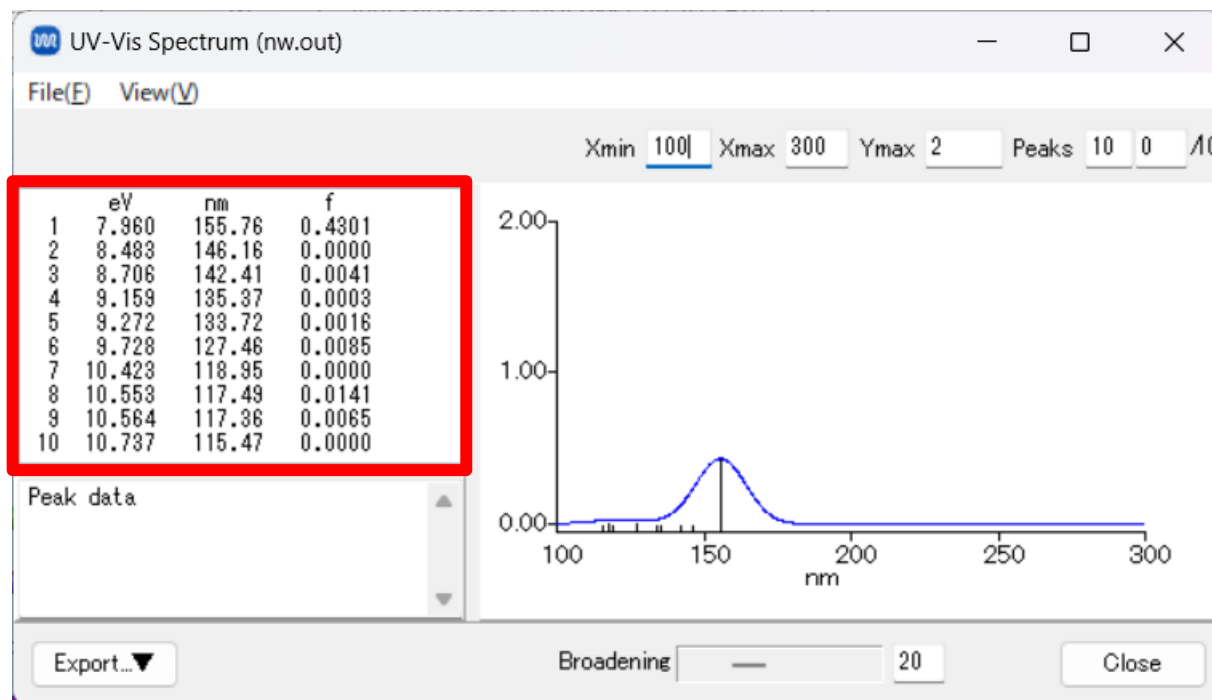
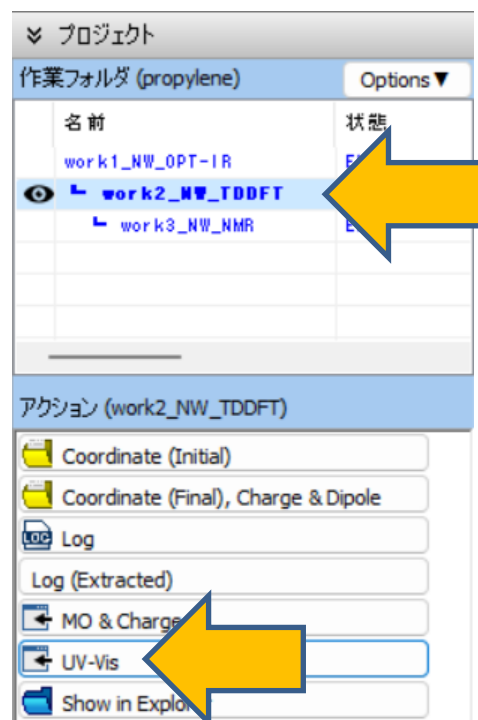


The screenshot shows the 'Extracted Log' window for the file 'C:\winmos11.5.0\UserData\propylene.wmpjdata\work1_NW_OPT-IR\nw.o...'. The window displays the following data:

Step	Energy	Delta E	Gmax	Grms	Xrms	Xmax	Walltime
@ 3	-117.90755763	-1.6D-06	0.00008	0.00002	0.00073	0.00286	90.7
Total DFT energy = -117.907557674992							
Total DFT energy = -117.907557674992							
@ 4	-117.90755767	-4.4D-08	0.00001	0.00000	0.00016	0.00042	102.7
Optimization converged							
@ 4	-117.90755767	-4.4D-08	0.00001	0.00000	0.00016	0.00042	102.7
Total DFT energy = -117.907558667223							
Center of charge (in au) is the expansion point							
X = 0.0014045 Y = 0.0057552 Z = 0.0000304							
Total DFT energy = -117.907558294307							
Temperature = 298.15K							
Zero-Point correction to Energy = 50.224 kcal/mol (0.080037 au)							
Thermal correction to Energy = 52.781 kcal/mol (0.084112 au)							
Thermal correction to Enthalpy = 53.373 kcal/mol (0.085055 au)							
Total Entropy = 63.163 cal/mol-K							
Cv (constant volume heat capacity) = 12.911 cal/mol-K							
Total times cpu: 921.0s wall: 921.0s							

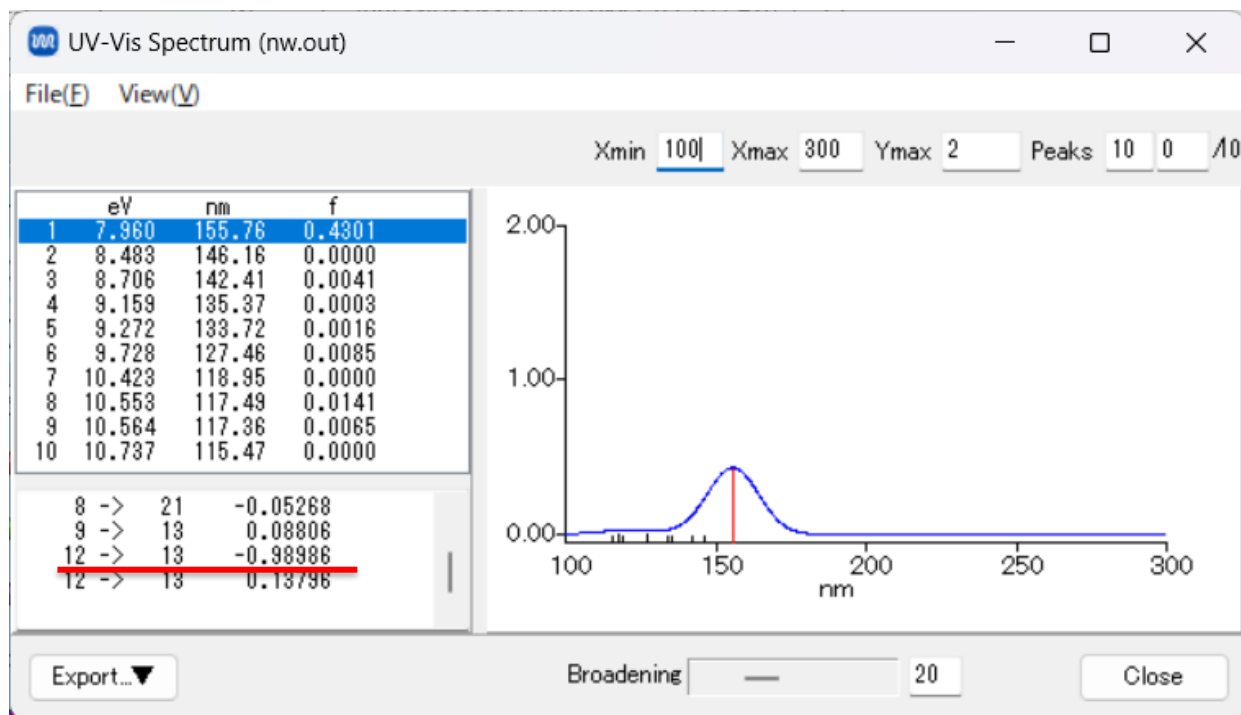
III.結果解析 UV-Visスペクトル

1. プロジェクト表示エリアの作業フォルダでTDDFT計算の作業フォルダ (work2_NW_TDDFT) をクリックします。
2. アクションで**UV-Vis**をクリックすると、UV-Visスペクトルが表示されます。左上の欄には、各ピークの吸収エネルギー(eV)、吸収波長(nm)、強度が表示されます。(B3LYP/STO-3Gの場合は値が異なります)



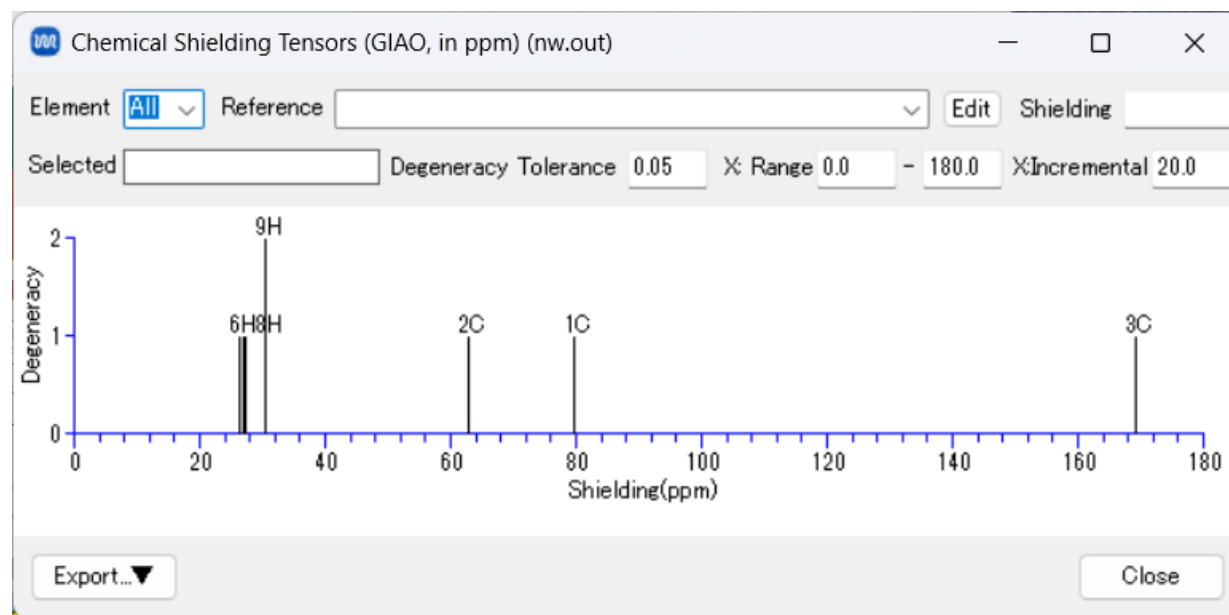
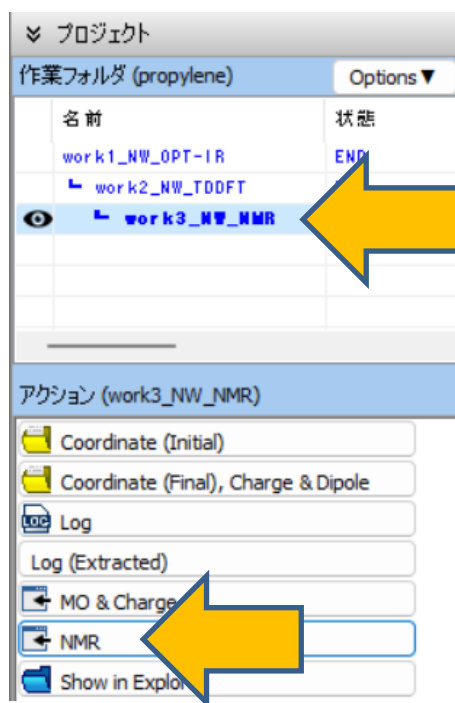
III.結果解析 UV-Visスペクトル

1. グラフ表示部上のピーク、もしくは左上欄のリスト中のピークをクリックすると、そのピークの励起の内容（励起元と励起先の軌道番号とその係数）が左下欄に表示されます。係数の絶対値が大きいほど重要な励起配置となります。12、13番目の軌道はHOMOとLUMOであることから（P.19参照）、第1ピークはHOMOからLUMOへの励起であることがわかります。
2. **UV-Vis Spectrum**ウィンドウも**Close**ボタンをクリックして閉じます。



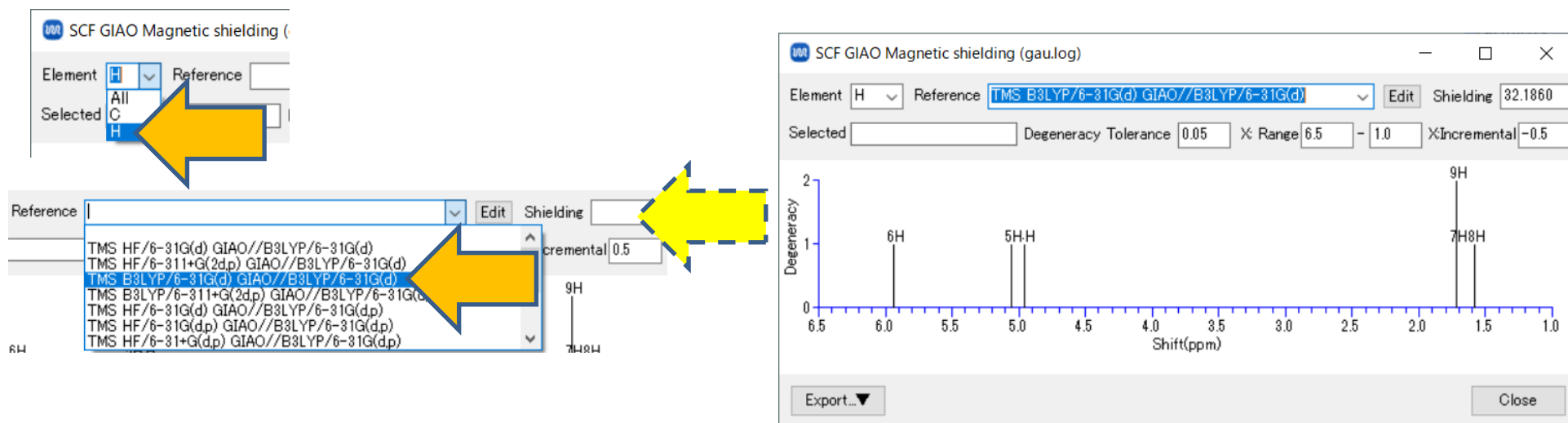
III.結果解析 NMRスペクトル

1. プロジェクト表示エリアの作業フォルダでNMR計算の作業フォルダ（work3_NW_NMR）をクリックします。
2. アクションでNMRをクリックすると、**Magnetic Shielding**ウィンドウが開きます。この時点では全原子の核磁気遮蔽定数が表示されます。（B3LYP/STO-3Gの場合は値が異なります）



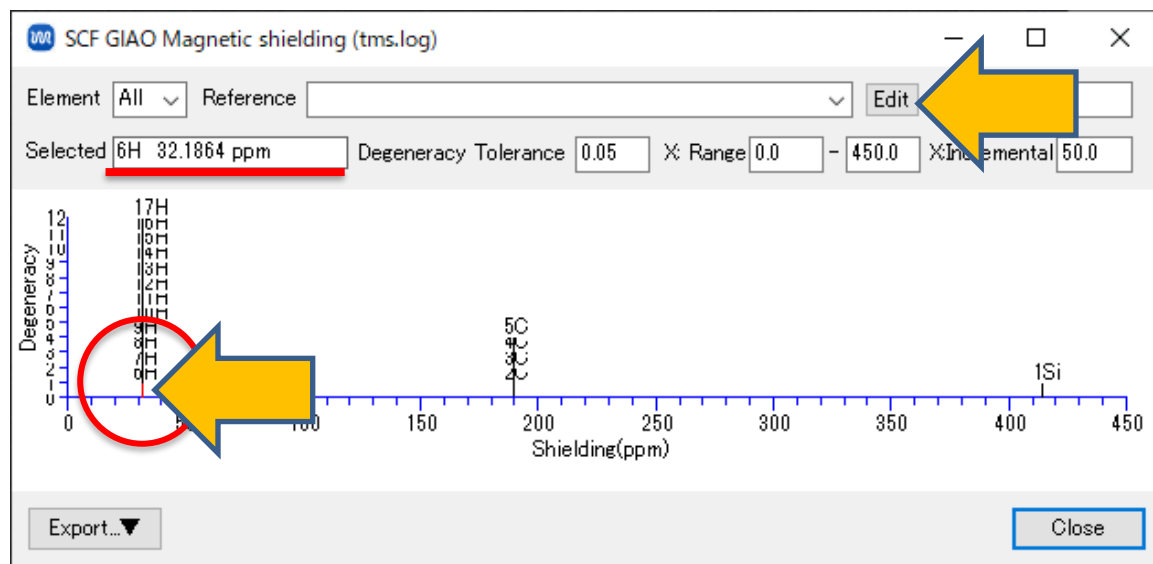
III.結果解析 NMRスペクトル

1. NMR化学シフトを表示する場合は、**Element**で注目したい元素を選択します。
2. **Reference**で参照データを選択するか、**Shielding**に参照となる遮蔽定数を入力すると、横軸が変化し選択した元素の化学シフトが表示されます。B3LYP/6-31G*で計算を行っている場合、**Reference**のTMS B3LYP/6-31G(d) GIAO//B3LYP/6-31G(d)を選択します。
3. 確認後、同ウィンドウを閉じます。



補足 NMR参照データ

1. 基準にしたい分子(TMSなど)、計算方法で構造最適化、NMR計算を行います。
2. **Magnetic Shielding**ウィンドウを開きます。
3. 参照元にしたいピークをクリックすると、**Selected**に「6H 32.1864 ppm」などとそのピークの核磁気遮蔽定数が表示されます。
4. **Edit**をクリックすると**UserPref**フォルダ内の**wm_nmr.ref**が開かれます。
5. 「(元素名) (上で取得したShielding定数) ”(Winmostarで表示されるときの名前)” という行を追加すると、**Reference**でその遮蔽定数を選択できるようになります。



wm_nmr.ref - メモ帳

ファイル(F) 編集(E) 書式(O) 表示(V) ヘルプ(H)

NMR Shielding

C	200.003	"TMS HF/6-31G(d) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
C	192.618	"TMS HF/6-311+G(2d,p) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
C	189.696	"TMS B3LYP/6-31G(d) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
C	182.502	"TMS B3LYP/6-311+G(2d,p) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
C	249.429	"TMS HF/STO-3G GIAO//HF/STO-3G"
C	199.049	"CH4 HF/6-31G(d) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
#		
H	32.597	"TMS HF/6-31G(d) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
H	32.073	"TMS HF/6-311+G(2d,p) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
H	32.186	"TMS B3LYP/6-31G(d) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
H	31.822	"TMS B3LYP/6-311+G(2d,p) GIAO//B3LYP/6-31G(d)"
H	32.637	"TMS HF/6-31G(d) GIAO//B3LYP/6-31G(d,p)"
H	32.057	"TMS HF/6-31G(d,p) GIAO//B3LYP/6-31G(d,p)"

9 行、52 列 100% Windows (CRLF) UTF-8

最後に

- 各機能の詳細を調べたい方は[ユーザマニュアル](#)を参照してください。



[ユーザマニュアル](#)



[Winmostar 講習会](#)の風景

- 本書の内容の実習を希望される方は、[Winmostar導入講習会](#)、[Winmostar基礎講習会](#)、または[個別講習会](#)の受講をご検討ください。（詳細はP.2）
- 本書の内容通りに操作が進まない場合は、まず[よくある質問](#)を参照してください。
- よくある質問で解決しない場合は、情報の蓄積・管理のため、[お問合せフォーム](#)に、不具合の再現方法とその時に生成されたファイルを添付しご連絡ください。

以上