

WAKO

実験生物学者・
実験化学者のための
IT活用誌

Infomatic

World

August 2010

No. 21

Contents

システム生物学の勧め
第6回 がんのシステムの統合理解のための新たな研究への期待 …… 2

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター
教授 宮野 悟、助教 長崎 正朗、技術職員 斉藤 あゆむ

“Cell Illustrator” を使ってみよう
(6) Cell Illustrator Onlineのグラフィックアウト …… 4

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター
教授 宮野 悟、助教 長崎 正朗、技術職員 斉藤 あゆむ

システム生物学ソフトウェア
“Cell Illustrator Online 【セルイラストレータオンライン】” …… 6

Siyaku.Com化学構造式検索機能Online版
“Chemical Search Online” バージョンアップのご案内 …… 7

Spartan'08ワークショップ開催案内 …… 8

第6回 がんのシステムの統合理解のための新たな研究への期待

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター 教授 宮野 悟
 助教 長崎 正朗
 技術職員 斉藤あゆむ

1 従前のがん研究から若い研究者が離れていく

がん研究の権威であるRobert Weinberg (White Head Institute)とTodd Golub (Broad Institute)がNatureに、これからのがん研究のあり方について、“Point: Hypothesis first”と“Counterpoint: Data first”という形でそれぞれ意見をのせている [1, 2]。Weinbergは次のようなことを述べている：“Hypothesis-driven research”の支配的地位は危機に瀕している。これまでの分子生物学的ツールには限界があるが、新たな技術革新によりがん研究の風景は変わるだろう。しかし仮説の検証という“the old ways of business”は決して“anachronism”にはならない。しかし、研究費の配分がシフトしていき、“Running laboratories focused on small-scale, hypothesis-driven research has become unattractive for many young people because of the enormous difficulty of procuring enough money to launch and expand such a research programme.”そこには分子生物学者の哀愁が漂っているようにも感じられる。一方、Golubは、“Large, unbiased genomic surveys are taking cancer therapeutics in directions that could never have been predicted by traditional molecular biology”という意見を投げっており、分子生物学のツール以外のものが必要であることを述べている。

がん研究が半世紀その上に建ってきた岩盤の下のマグマが動きだしたように思われる。

2 米国にがんシステムズバイオロジーセンターが11誕生

がんの分子病態は、ゲノムに生じた複数の遺伝子異常に起因した制御異常が複雑に相互に影響し合った状況下で、システムとしての統合的制御から逸脱した状態であることが明らかにされてきた。そして、がんの分子レベルの研究は、次世代シーケンサーによる変異探索、DNAチップを用いたゲノムコピー数解析、網羅的遺伝子発現解析 (microRNA、noncoding RNA(ncRNA) を含むトランスクリプトーム)、質量分析装置による網羅的蛋白解析 (プロテオーム)、代謝物質解析 (メタボローム)、さらに、がん特異的糖鎖修飾 (グライコーム) など、オミックスデータ全体に兵站を広げている。しかし、ゲノム上の個人差やゲノム・エピゲノム異常とそれに起因するプロテオーム・メタボロームの変化が関わる、がん化に伴う細胞内プロセスについての基礎的な理解や多数の変異が累積して現れるがんの個性の理解は、これまでの分子生物学的な研究価値観に基づいたがん研究の方法とデータ解析の方法論では、大きな飛躍は望めず、閉塞感が漂っている。そのため、がんのシステムの統合理解に基づく戦略に期待が寄せられている。

拙著 [3] で、2003年に発表された米国NIHのヒトゲノム

解読後のBiomedical Researchのロードマップのメッセージ“Biology is changing fast into a science of information management”を紹介した。こうした背景から出てきているものの一つとして米国・国立衛生研究所 (NIH) のNational Cancer Institute (NCI) のプログラム“The Integrative Cancer Biology Program (ICBP)”がある。このプログラムにおいて、米国政府は年間22.5Mドルの巨額を投じる5年計画“Centers for Cancer Systems Biology (CCSB)”の公募を行った。これは、(i) 実験システム生物学、(ii) がんの基礎生物学及び臨床応用に焦点をおいた数理モデリング・コンピュータシミュレーション、(iii) アウトリーチ及び人材養成、の3つを主眼とするプロジェクトである。2010年2月に採択が決まり、全米に新たにCenter for Cancer Systems Biologyが11か所も誕生した。これらのセンターは、それぞれのセンターの研究者が得意とするものに基づいて作られている。その一つに、網羅的ゲノム解析法であるアレイCGH開発者のパークレーラボのJoe Gray博士も、このプログラムに採択され、UCパークレーのDepartment of Electrical Engineering and Computer ScienceのClair Tomlin教授と、乳がんシステム生物学に挑戦を始めた [4]。また、メルクのがん研究を牽引してきたStephen H. Friend博士とPacific BiosciencesのCSOのEric E. Schadt博士が作ったSage Bionetworksもこの公募に採択され、最先端シーケンサーを武器としたがんシステム研究のセンターをスタートさせた [5]。

3 がんシステム研究のデジタル兵器

がんの本態解明を目指した医学・生物学研究には、大規模データ解析 (計算) と数理モデリング (シミュレーション) によりゲノム・エピゲノムからメタボロームまでを一気通貫にシステムとして理解・解析するための計算プラットフォームが必要となる。また、大規模なデータ解析やモデリング・シミュレーションには、数百コア程度のPCクラスターから構成される数テラFLOPSのコンピュータでは不可能または数年かかってしまうようなものもあり、次世代スーパーコンピュータに象徴されるようなペタスケールのスパコンに期待が寄せられている。

Weinbergが [1] の冒頭で語っているように、20世紀の生物学は“descriptive science”であり、複雑な生命システムを解体し、その解体された断片システムを別々に調べることによって生命は理解可能とする、いわゆる“reductionism”が学問の柱となっている。物理学に基づいた予測科学とはほど遠いものである。一方、昔は「権威」や「経験」、そして「勘」にたよっていた気象学や経済学は、数学による複雑なシステムの数理モデリングとコンピュータ

によるシミュレーションにより、すでに予測科学へと画期的変貌を遂げている。リーマンショックのような社会を破綻に導くような行為や外れてしまった気象予報に怒り悲しむことはあるが、その方法論は社会的にサポートされている。そして、金融工学を操るものが巨額の報酬を与えられ、また、だれもが気象衛星のデータ以上に権威にたよることはなくなり、気象予報士と呼ばれる人たちが勝手に気象予報をする時代になっている。

著者らのグループは、このInfomatic Worldで紹介してきたCell Illustratorの他、これまでに生命システムとその計測データに特有の様々な困難を克服し、気象学や経済学で威力を発揮している状態空間モデル、データ同化、ベイジアンネットワークなどを駆使した新たな数理モデリングの方法を開発し、ヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータ（6000コア、75TFLOPS、1PBディスク、Lustreファイルシステム：2009年11月の時点で世界84位、ライフサイエンス利用に特化したスパコンとしては世界第2位）（図1）を活用して、予測能力をもった数千の分子のネットワーク（予測する地図）をデータから構築するための数理的方法とそのための計算技術を開発・実用化してきた。それはがん研究に特化したものではなく、広く生命システムの解析に用いることができるものである。Cell Illustratorはこのような解析結果を可視化するツールとして活用されている。



図1 ヒトゲノム解析センターのスーパーコンピュータシステム

では、がんシステムを計算によって「見える化」するには一体どのようにしたらよいのだろうか。著者らはこのために、以下の解析を可能にするソフトウェア群を開発してきた。

- ①がんシステムのダイナミズムを追跡する—SiGN(サイン)：ベイジアンネットワークと非線形回帰を融合したプログラムパッケージで、マイクロRNAを取り込んだ遺伝子ネットワークを計算。

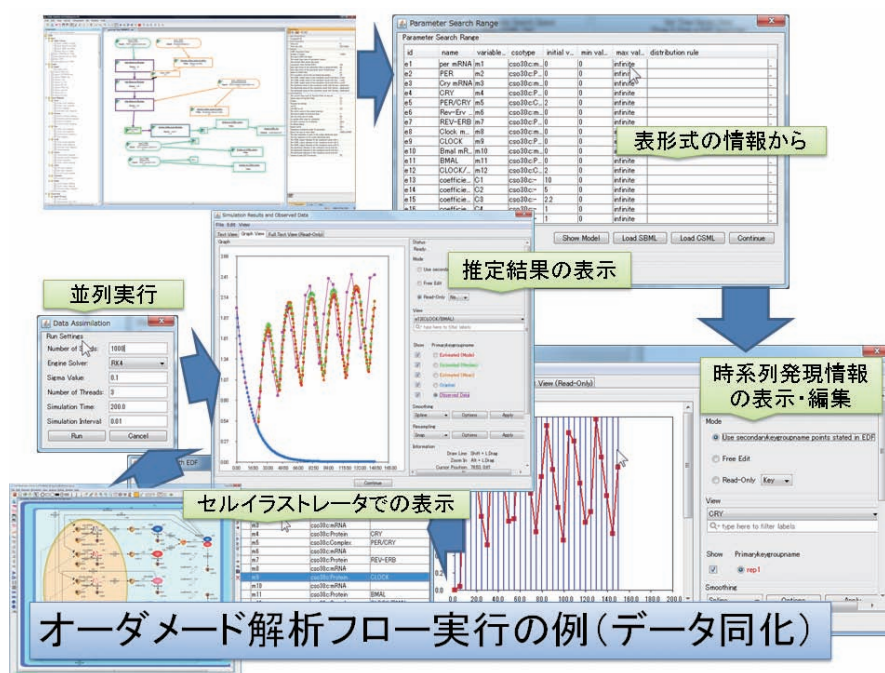


図2 CSML PipelineとCell Illustratorを使ってデータ解析のフローを作成して実行している様子。

- ②がんシステムを比較する—NetComparator(ネットコンパレータ)：Regularized Weighted Recursive Elastic Net (RW-RENET) 法により、薬剤応答等の時系列データから、システムの動的変化を描出。
- ③がんシステムの予測シミュレーションモデルをつくる—SSM(エスエスエム)：状態空間モデル(State Space Model)と次元圧縮法。シミュレーションによりがんシステムの異常さを暴く。
- ④がんシステムの機能モジュールを描出する—EEM(イーム)：Extraction of Expression Module法によりドライバー遺伝子座候補の探索。
- ⑤がんシステムの個性・多様性をデジタル化する—Network Profiler(ネットワーク・プロファイラー)：構造方程式モデルにより、がんの大量サンプルの個性・多様性を焙り出す。
- ⑥これらを自在につないで作戦をつくる—CSML Pipeline：可視化・シミュレーションなどのデータ解析の流れをグラフィカルに自在に組み立てることができるソフトウェア(図2)。

次回以降、これらのがんシステム研究のデジタル兵器について、その実践とともに解説する。

参考文献

- [1] Weinberg, R. Opinion - Point: Hypothesis first. Nature 464, 678, 2010.
- [2] Golub, T. Opinion - Counterpoint: Data first. Nature 464, 679, 2010.
- [3] 宮野 悟・長崎正朗・斉藤あゆむ. システム生物学の勧め, Infomatic World, No. 13, 2-3, 2008.
- [4] <http://newscenter.lbl.gov/news-releases/2010/03/22/center-for-cancer-systems-biology/>
- [5] Sage Bionetworks. <http://www.sagebase.org/>

(6) Cell Illustrator Onlineのグラフィックレイアウト

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター


教授 宮野 悟

助教 長崎 正朗

技術職員 斉藤あゆむ

セルイラストレータオンライン (Cell Illustrator Online : CIO) 4.0 では、グラフィックレイアウト機能が強化されています。この機能は、CIOのキャンバス上のエレメントを一括して自動的に配置し直す機能です。作成しているモデルが大きくなってくると、エンティティの置き場に困ったり、コネクタの重なりを解消することに悩むことがあります。あるいは、位置情報を持っていない、グラフ構造のみの外部データを読み込んだ場合には、初めにノード (エンティティなど) を適当に並べなければ、とてもキャンバスの上で見られる表示ではありません。グラフィックレイアウト機能はこのような場面で使うこととなります。一つ一つのエレメントを手作業で並べるより先に、まずはこの機能を使うことを勧めます。

グラフィックレイアウト機能の基本的な使い方



グラフィックレイアウトは、Optimize Layoutダイアログで行います。このダイアログは、右ツールバーのアイコンで開きます。Optimize Layoutダイアログの上半分がレイアウトエリアになり、ここでレイアウトのプレビュー (や編集) を行います。ダイアログを開いたばかりのときには、このエリアには何も表示がありません。下半分にはボタンがたくさん並び、それぞれが、レイアウトアルゴリズムの適用ボタンになっています。例えば“SCCB”というボタンを押すと、SCCBレイアウトアルゴリズムがレイアウトエリアのグラフに対して実行されます。レイアウト適用ボタンの他に“Option”、“Import”、“Export”、“Close” ボタンなどがあります。

普段の手順は、“キャンバスからモデルの構造の読み込み”

→ “レイアウトの適用” → “レイアウトした構造をキャンバスのグラフへ反映” という流れになります。つまり、Optimize Layout ダイアログを開いた後は、1. “Import” ボタンを押してモデルのグラフ構造をレイアウトエリアに読み込み、2. 好みのレイアウトボタンを押してレイアウトを適用、3. “Export” ボタンを押してレイアウトエリアのグラフ構造をモデルに反映、という操作になります。

グリッド系グラフィックレイアウト

Optimize Layout ダイアログのボタン群の内、左上の“BLK”から“Adjustment”までの6個は、グリッドレイアウトと呼ばれるレイアウトアルゴリズムです。どれも格子点上にノードを並べることが特徴です。“SCCB” [1]をはじめとするグリッドレイアウトはバイオロジカルロケーションの局在情報 (Location) を考慮しつつレイアウトを実行します。セルイラストレータで作成したモデルは、プロセスの起こっている場所やエンティティの存在している場所を表現できます。細胞などのセルコンポーネントの背景があれば、その上に置かれたプロセス (やエンティティ) はその場所で起こっている (に存在している)、というLocationが入ります。たとえば、細胞膜の上にレセプターのエンティティを置けば、そのエンティティは細胞膜の上に存在している物としての局在情報が入力されています。グリッドレイアウトでは、このLocation局在情報を使用し細胞膜にあるべきレセプターは必ず細胞膜に配置することができます。

ところで、エンティティとプロセスのLocationには、初めにエレメントが置かれたバイオロジカルロケーションが入力されています。エレメントは編集集中に移動させることもありますので、キャンバス表示上の見た目の場所とLocation情報には相違があるかもしれません。これを是正するためには、エレメントのLocation情報を更新することになります。Locationを更新したいエレメントを選択し、メニューバーから [Element] → [Update Location] とすることで、現在のキャンバスの表示状態でのLocation情報が、選択中のエレメントに入力されます (全てのエレメントを選択すれば、一度に全ての [Update Location] が行えます)。また、“Import” のときにそのボタンの横にある“Update Location” チェックボックスをオンにしておくと、自動的にすべてのエレメントの [Update Location] が行われながらのImportがされるようになります。なお、Location情報は、Element Settingsダイアログ  のBiologicalタブか、Element Listsダイアログ  で確認・逐一変更することができます。

このように、SCCBをはじめとするグリッドレイアウトは、エレメントの局在情報を考慮しながらのレイアウトを行

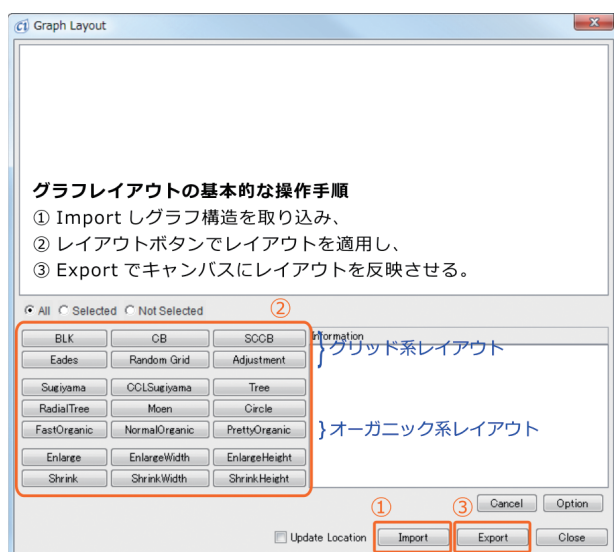


図1 Optimize Layout ダイアログ

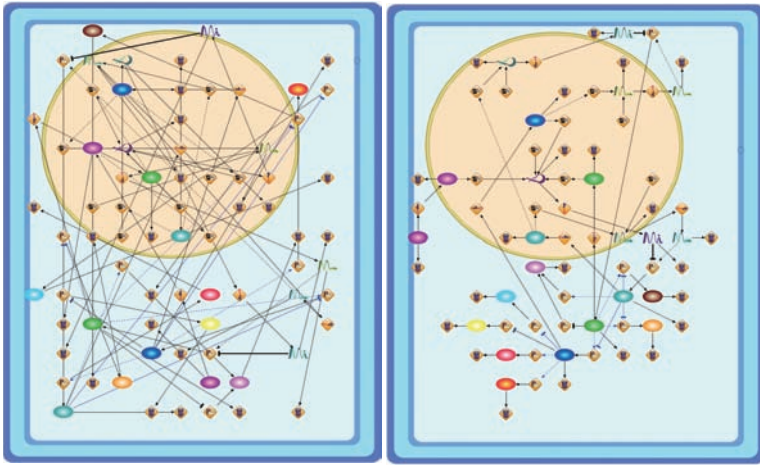


図2 グリッド系グラフィレイアウトのSCCBを適用したモデル(右)とそれの適用前(左)

うため、セルコンポーネントを背景に利用したリアルなモデルが破綻することなくレイアウトできます。シグナル伝達経路のようなモデルでは人の目に見やすいレイアウトが得られるはずですが、パラメータの調節は“Option”ボタンで開くダイアログでできます。Edge-Node Cross Weightを極端に大きな値にすると一般的な見やすいレイアウトができる傾向があります。

オーガニック系グラフィレイアウト

Optimize Layoutダイアログのボタンの“FastOrganic”から“PrettyOrganic”までの3個は、オーガニックレイアウトと呼ばれるレイアウトアルゴリズムです。オーガニックレイアウトは計算が速いことが特長で、局在情報を必要としない例えば遺伝子ネットワークのレイアウトに最適な手法です。CIOのGene Net Mode(メニューバーの[View]の[Gene Net Mode]が有効になっている状態)では、[File]→[Import]→[GN Text File]からGene Network Text Fileを読み込むことができます。このファイルは、遺伝子の制御関係をテキストで記述した次のような単純なファイルです。

```
die-1    lsy-6
lsy-6    cog-1    1.0    Type 1
cog-1    cog-1    1.0    Type 0
```

1行ごとが1つの制御関係に対応し、各行は、最大で4項

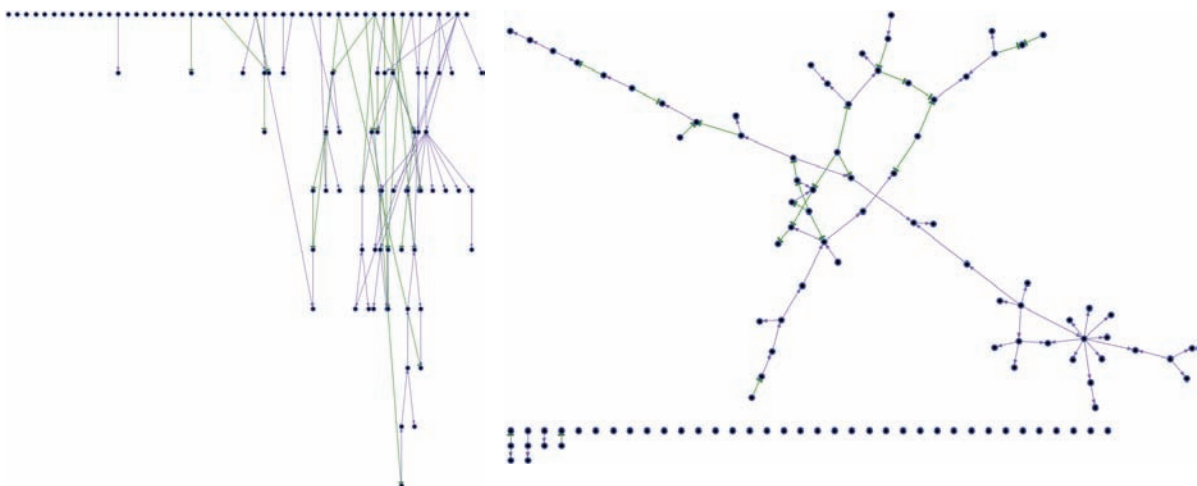


図3 オーガニック系グラフィレイアウトのPrettyOrganicを適用したモデル(右)とそれの適用前(左)

目がタブ記号で区切られています。基本的には、1項目目の遺伝子が2項目目の遺伝子を制御しているという表現になります。3項目目には、関係の確からしさのスコアが存在すればそれを書くことが、4項目目には、必要ならばコネクタの形を指定できます。“Type 0”が普通のコネクタ、“Type 1”が抑止タイプのコネクタになります。Gene Network Text Fileは手軽で便利ですが、ファイルには、各遺伝子のキャンバス上で場所の情報はなく、これを読み込んだCIOでは、適当なレイアウトを行う必要があります。このときにPrettyOrganicが活躍します。他のモデル形式からインポートしたときの初期レイアウトとしても便利です。

グラフィレイアウト機能は時間の節約をしながらの表現力の向上を目指す道具

今回は二つのレイアウトアルゴリズムの図を掲載しました。職人的な手が並べた結果よりは劣っていますが、どちらも計算機が短い時間で導き出した結果としてはきれいにレイアウトができていないのでしょうか。このような計算によるレイアウト結果を元に、そこから手作業でのレイアウトを開始することで随分と楽ができます。自動レイアウトはボタンを押すだけです。ランダム系レイアウトと今回取り上げたようなレイアウトを何度か繰り返し、おおよそ満足できる結果が出てくれば、しめたものです。人の目には明らかに不適當に見えるところや満足のできないところを手作業で完成させてください。レイアウトは、モデルをひと目見たときの印象を変える大きな要素になっています。モデルには目的に応じた見やすいレイアウトを求められますが、モデルの数や大きさ次第では、グラフィレイアウト機能なしには、応じることができなくなっているのが昨今の状況です。

参考文献

- [1] Kojima K, Nagasaki M, Miyano S. Fast grid layout algorithm for biological networks with sweep calculation. *Bioinformatics*. 24 (12):1433-41. 2008.

“Cell Illustrator Online【セルイラストレータオンライン】” ～ パスウェイ作成からシミュレーション解析まで ～



生命システムを構成する複雑なパスウェイ（代謝経路、遺伝子制御ネットワーク、シグナル伝達経路、細胞間の制御反応など）をPC上でまるで絵を描くように作成できるシステム生物学のためのソフトウェアです。

作成したパスウェイはPC上でそのまま簡単にシミュレーションすることができ、生体内の動的な振る舞いを観察・検証できます。

ドイツのC. A. Petri（ペトリ博士）が考案した情報・制御システムの記述・設計・解析・検証に有用なモデル化手法「ペトリネット」をベースに、東京大学が独自に開発した高機能ビジュアル・モデリング・アーキテクチャを使用しています。

セルイラストレータオンライン4.0は、大学や研究所、製薬会社などで活躍するライフサイエンス研究者のために開発されたものですが、豪州クイーンズランド大学の分子生物科学研究所（IMB）とARCバイオインフォマティクスセンターで行われているVisible Cell™プロジェクトでも既に使用されるなど、専門家がその有用性を実証しています。

※本製品は東京大学医科学研究所で開発されたものです。

機能	セルイラストレータ・プロフェッショナル	セルイラストレータ・スタンダード/クラスルーム	セルイラストレータ・プレイヤー※
パスウェイの表示（CSML ファイルの読み込み）	○	○	○
パスウェイの作成	○	○	×
パスウェイのシミュレーション	○	○	×
ファイルのインポート（SBML, CellML, KEGG）	○	○	○
エレメントの検索	○	○	○
シミュレーション用のサンプル	○	○	○
モデルの印刷	○	○	○
グラフィックアウト	○	○	○
遺伝子ネットワークモード	○	○	○
・遺伝子マイニング	○	○	×
・遺伝子ネットワークの比較	○	○	×
・経路検索	○	○	×
・発現プロット	○	○	×
・遺伝子ネットワークのサンプルファイル	○	○	○
プロジェクト管理モジュール	○	○	×
パスウェイデータベース検索モジュール	○	○	×
TRANSPATH®データベース	○	○	×
高速シミュレーションモジュール	○	×	×
シミュレーションモデルパラメータ探索モジュール	○	×	×
シミュレーションモデル多言語出力モジュール （Java, Fortran, C++, C, Perl, Python）	○	×	×

※セルイラストレータ・プレイヤーは、パスウェイの閲覧・シミュレーション結果の再生専用の無償ダウンロードソフトウェアです。

コードNo.	メーカーコード	品名	容量	希望納入価格 （円）*	備考
300-89071	CIO40-PC01	Cell Illustrator Online 4.0 Professional Corporate Edition セルイラストレータオンライン4.0プロフェッショナル コーポレート版	1セット	1,500,000	プロフェッショナル・ユーザー向け
304-89091	CIO40-SC01	Cell Illustrator Online 4.0 Standard Corporate Edition セルイラストレータオンライン4.0スタンダード コーポレート版	1セット	500,000	一般ユーザー向け
303-89061	CIO40-PAC1	Cell Illustrator Online 4.0 Professional Academic Edition セルイラストレータオンライン4.0プロフェッショナル アカデミック版	1セット	150,000	教育機関のプロフェッショナル・ユーザー向け
307-89081	CIO40-SAC1	Cell Illustrator Online 4.0 Standard Academic Edition セルイラストレータオンライン4.0スタンダードアカデミック版	1セット	50,000	教育機関の一般ユーザー向け
307-89101	CIO40-SS01	Cell Illustrator Online 4.0 Standard Student Edition セルイラストレータオンライン4.0スタンダード 学生版	1セット	12,000	学生向け
302-89031	CIO40-CA01	Cell Illustrator Online 4.0 Classroom Single Pack セルイラストレータオンライン4.0クラスルーム1ライセンス	1セット	21,000	教育機関向け バック製品
309-89041	CIO40-CA10	Cell Illustrator Online 4.0 Classroom 10 License Pack セルイラストレータオンライン4.0クラスルーム10ライセンス	1セット	105,000	教育機関向け バック製品
306-89051	CIO40-CA50	Cell Illustrator Online 4.0 Classroom 50 License Pack セルイラストレータオンライン4.0クラスルーム50ライセンス	1セット	490,000	教育機関向け バック製品

*：年間のライセンス料となります。

“Chemical Search Online” バージョンアップのご案内

2009年4月のオープン以来、“Chemical Search Online” は多くの皆様にご利用いただくとともに、多数の貴重なご意見・ご要望をいただいております。

これらを踏まえ、より快適な構造検索環境をご提供するため”バージョンアップ”を実施いたしました。

分子量（昇順）による並べ替え表示機能を追加

Chemical Search Onlineは、「クエリ（部分）構造」を入力すると、瞬時に「ヒット化合物」が一覧表示される化学構造式検索システムです。

これまで、この最大の特徴であるリアルタイム性に重点をおいておりましたため、規則性よりスピードを重視し、順番にはこだわらずヒット化合物を表示してまいりました。

この度、化合物を取り扱う上で基本的かつ重要な物理量の一つである分子量による並べ替え(昇順)ができる機能を追加しました。追加された「分子量ソート（昇順）」のチェックボックスにチェックを入れる事により、容易に並び替えが可能です。

●従来



- ①構造を入力すると……
- ②瞬時にヒット化合物が表示されます
(表示順に規則性はありません)。

●新機能



- ③「分子量ソート(昇順)」のチェックボックスに
チェックを入れる事により……
- ④分子量順に検索結果が表示されます。

構造式をより見やすく

これまで、ヒット化合物の構造式はデジタル画像特有のジャギー現象によりギザギザが生じ、粗さが見られました。この度、色を滑らかに変化させるアンチエイリアス処理を行うことにより、構造式のラインなどを滑らかに表示するようにしました。

ちらつきを解消

インターネット接続速度が遅いコンピュータ環境におきましては、ヒット化合物がパラパラと表示され、ちらつきが発生することがありました。

しかしこの度、ヒット化合物画像の表示方法の改良や表示に関わるデータ量の低減などにより、ちらつきの解消を実現しました。

ご利用はこちらから <http://www.wako-chem.co.jp>

分子モデリングソフト「Spartan」 —— 体験型ワークショップ開催のお知らせ ——

Spartanの操作の基礎を体験、演習いただける午後半日のコースです。少人数制ですので、個別のご質問にも可能な限り対応させていただきます。

コース名	ワークショップ「Spartanを用いた計算化学実験」ショートコース [定員 20名]
使用ソフトウェア	Spartan'08 for Windows 最先端の分子モデリングパッケージ
日 時	①2010年8月26日(木) 13:00~16:30 和光純薬工業(株) 東京支店6F セミナー室 [〒103-0023 東京都中央区日本橋本町4-5-13; TEL: 03-3270-8243 (学術部)] ②2010年9月28日(火) 13:00~16:30 和光純薬工業(株) 本社6F セミナー室 [〒540-8605 大阪府大阪市中央区道修町3-1-2; TEL: 06-6203-1788 (学術部)]
内 容	•13:00~14:30 インTRODクシヨン [分子力学と量子力学] どんな計算ができますか [①平衡構造、遷移構造 ②配座解析 ③反応/活性化エネルギー ④スペクトル ⑤エネルギープロファイル] •14:40~16:00 グラフィックスをつくってみましょう [①電子密度面 ②静電ポテンシャルマップ ③分子軌道マップ] •16:00~16:30 Q&A、自由演習
費 用	無 料
お申し込み方法	下記URLより、必要事項をご入力の上お申し込み下さい。 http://www.wako-chem.co.jp/siyaku/seminar.htm

コードNo.	メーカーコード	品 名	容 量	希望納入価格 (円)
303-88081	S8F-CW	Spartan'08 Full Edition for Corporate (Windows) スパルタン'08 フル、企業向け (ウィンドウズ版)	1セット	600,000
302-88051	S8E-CW	Spartan'08 Essential Edition for Corporate (Windows) スパルタン'08 エssenシャル、企業向け (ウィンドウズ版)	1セット	360,000
303-88101	S8F-GW	Spartan'08 Full Edition for Government (Windows) スパルタン'08 フル、政府系機関向け (ウィンドウズ版)	1セット	444,000
306-88071	S8E-GW	Spartan'08 Essential Edition for Government (Windows) スパルタン'08 エssenシャル、政府系機関向け (ウィンドウズ版)	1セット	288,000
300-88091	S8F-EW	Spartan'08 Full Edition for Education (Windows) スパルタン'08 フル、教育機関向け (ウィンドウズ版)	1セット	240,000
309-88061	S8E-EW	Spartan'08 Essential Edition for Education (Windows) スパルタン'08 エssenシャル、教育機関向け (ウィンドウズ版)	1セット	138,000
300-88111	S8SA-PW01	Spartan Student Edition, Single Pack Access Code (Windows) スパルタン、学生向け、1ライセンス (ウィンドウズ版)	1セット	12,000
307-88121	S8SU-DW01	Spartan Student Edition, Single Pack USB Dongle Set (Windows) スパルタン、大学向け、1ライセンス (ウィンドウズ版)	1セット	72,000
304-88131	S8SU-DW10	Spartan Student Edition, 10 License Pack (Windows) スパルタン、大学向け、10ライセンスパック (ウィンドウズ版)	1セット	照 会
301-88141	S8SU-DW30	Spartan Student Edition, 30 License Pack (Windows) スパルタン、大学向け、30ライセンスパック (ウィンドウズ版)	1セット	照 会
308-88151	S8SU-DW50	Spartan Student Edition, 50 License Pack (Windows) スパルタン、大学向け、50ライセンスパック (ウィンドウズ版)	1セット	照 会
303-88341	SMD0-CW	Spartan Molecular Database Option for Corporate (Windows) スパルタン モレキュラー データベース オプション、企業向け (ウィンドウズ版)	1セット	75,000
307-88361	SMD0-GW	Spartan Molecular Database Option for Government (Windows) スパルタン モレキュラー データベース オプション、政府系機関向け (ウィンドウズ版)	1セット	56,000
300-88351	SMD0-EW	Spartan Molecular Database Option for Education (Windows) スパルタン モレキュラー データベース オプション、教育機関向け (ウィンドウズ版)	1セット	28,000

- 本文に記載しております試薬は、試験・研究の目的にのみ使用されるもので、「医療品」、「食品」、「家庭用品」などとして使用できません。
- 希望納入価格には消費税等が含まれておりません。

和光純薬工業株式会社

本 社 ☎540-8605 大阪府中央区道修町三丁目1番2号 ☎(06)6203-1788(試薬学術部)
東京支店 ☎103-0023 東京都中央区日本橋本町四丁目5番13号 ☎(03)3270-8243(試薬学術部)
●九州営業所 ☎(092)622-1005(代) ●中国営業所 ☎(082)285-6381(代)
●東海営業所 ☎(052)772-0788(代) ●横浜営業所 ☎(045)476-2061(代)
●筑波営業所 ☎(029)858-2278(代) ●東北営業所 ☎(022)222-3072(代)
●北海道営業所 ☎(011)271-0285(代)

フリーダイヤル: 0120-052-099 フリーファックス: 0120-052-806

● Wako Chemicals USA, Inc.
http://www.wakousa.com
Head Office (Richmond, VA)
Tel: +1-804-714-1920
Los Angeles Sales Office
Tel: +1-949-679-1700
Boston Sales Office
Tel: +1-617-354-6772

● Wako Chemicals GmbH (Neuss)
http://www.wako-chemicals.de
Tel: +49-2131-311-0

■ご意見・お問合せ、本誌のDM新規登録・変更等については、

E-mail: org@wako-chem.co.jpまで

URL: <http://www.wako-chem.co.jp>