

## 操作説明書

この説明書では、記事に書ききれなかった操作の詳細を記載しています。この説明書に従って操作することで記事の内容が再現できるようになっています。データをダウンロードしていただき、実際に操作していただければ、Accessの便利さが実感していただけるのではないかと思います。

とにかく具体的な便利さを体感していただきたいと考え、いきなり実践的な内容になっています。流れをつかんでいただく為に、理論的な話や細かい呼称についての説明は省略させていただいていることをご了承ください。

### 1. ダウンロードデータファイルについて

ここで使用されているデータは、練習用に作製されたデータであり、ダウンロードがしやすく、解析も試しやすいように簡略化された内容となっています。実際のマイクロアレイ発現解析などのデータとは異なりますのでご注意ください。

以下に各テーブルに含まれる項目（フィールド）の説明をします。

ファイル Gene.xls :	遺伝子情報のファイル
・ Gene_ID :	DNA マイクロアレイ上での遺伝子の ID
・ Gene_name :	遺伝子名
・ RefSeq_ID :	NCBI Reference Sequences (RefSeq)として登録されている遺伝子のアクセッション番号
・ LocusLink_ID :	NCBI LocusLink のアクセッション番号
ファイル Ratio.xls :	マイクロアレイの発現比のデータ
・ Gene_ID :	DNA マイクロアレイ上での遺伝子の ID
・ LogRatio1 :	コントロール試料と試料 1 の蛍光強度の Log 比
・ LogRatio2 :	コントロール試料と試料 2 の蛍光強度の Log 比
ファイル Primer.xls :	リアルタイム RT-PCR 用のプライマーリスト
・ RefSeq_ID :	NCBI Reference Sequences (RefSeq)として登録されている遺伝子のアクセッション番号
・ primer_set_ID :	タカラバイオが設計したリアルタイム RT-PCR 用のプライマー ( Perfect Real Time サポートシステム ) のプライマーセットの ID 番号

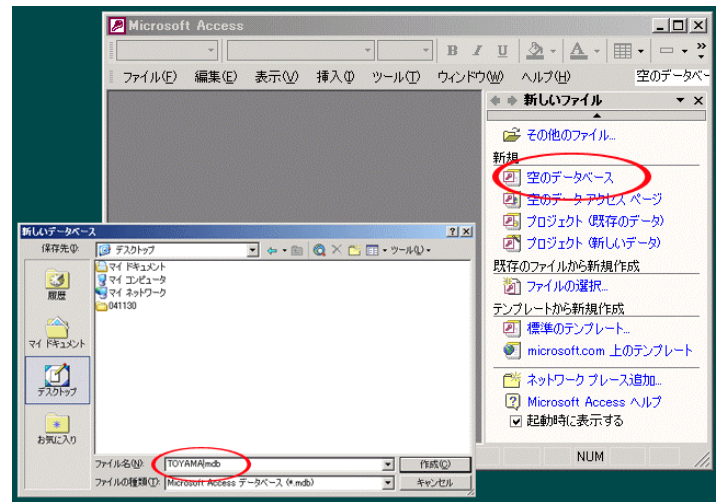
## 2 . Microsoft Access新規データベースの作成

Microsoft Access を起動すると、初期画面が開きます。

《新規》の《空のデータベース》をクリックし、適当なファイル名をつけて（ここでは TOYAMA.mdb）保存します。

これで、空のデータベースが作成されます。以降の作業はこのデータベース内で行います。

保存が完了すると、テーブルを表示するデータベースウィンドウが表示されます。

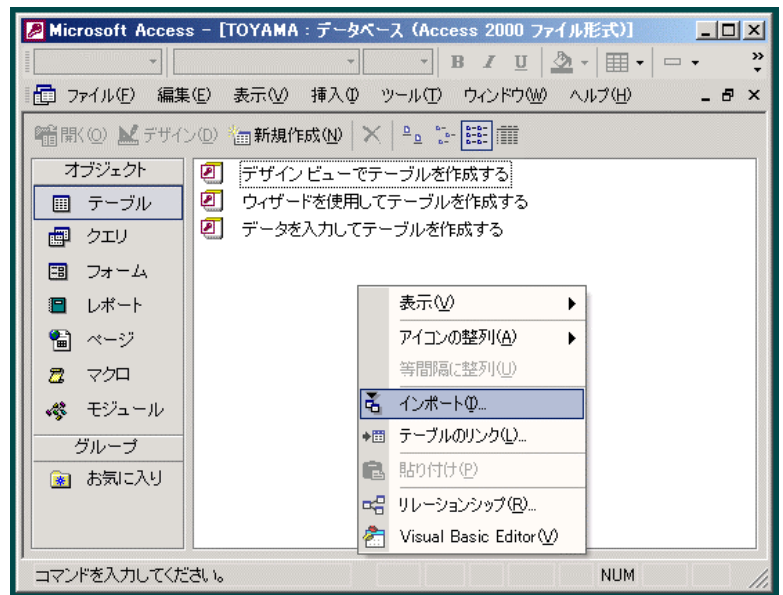


## 3 . Excelデータのインポート

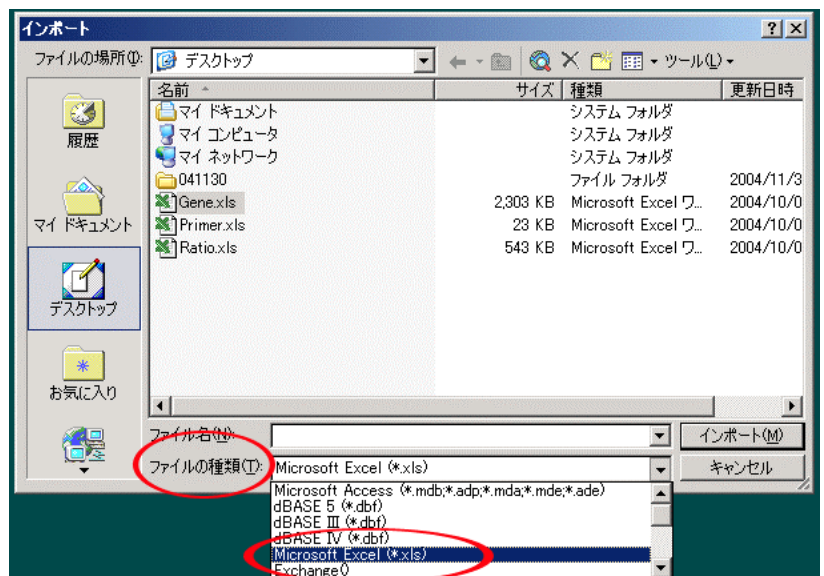
3つの Excel ファイル Gene.xls、Ratio.xls、Primer.xls のデータをテーブルとして取り込みます。

まず、Gene.xls のデータを取り込んでみましょう。

データベースウィンドウ上でマウスの右ボタンをクリックし、《インポート》を選択します。

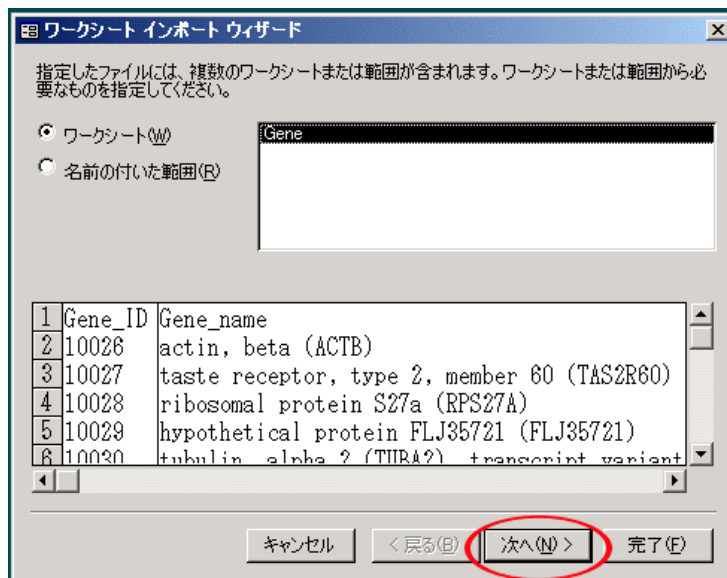


インポート画面が表示されるので、《ファイルの種類》で Microsoft Excel を選択し、表示された Excel ファイルより対象の Gene.xls をダブルクリックします。

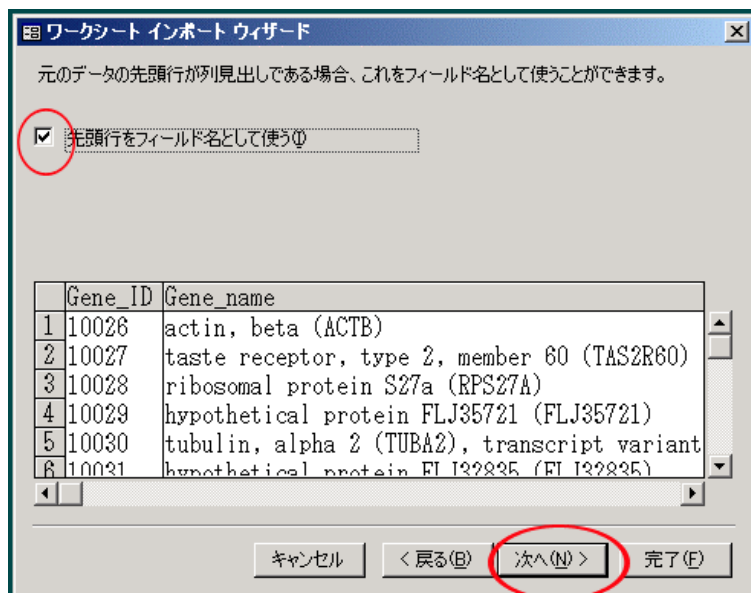


ワークシートインポートウィザード画面が立ち上がりますので、以降、画面の指示に従って作業を進めます。

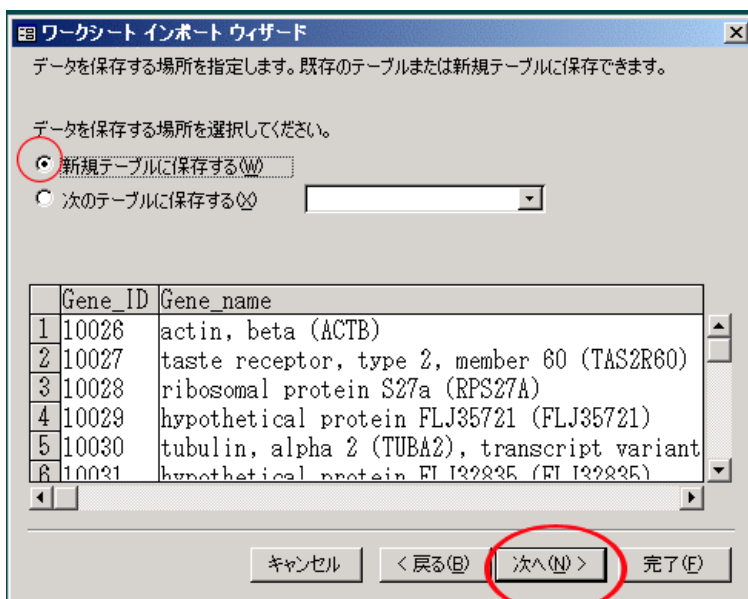
まず、指定した Excel のファイル（ブック）の中のシートを指定します。今回の場合はシートが一つしかありませんので、《次へ》ボタンをクリックします。



《先頭行をフィールド名として使う》にチェックをつけ、《次へ》ボタンをクリックします。

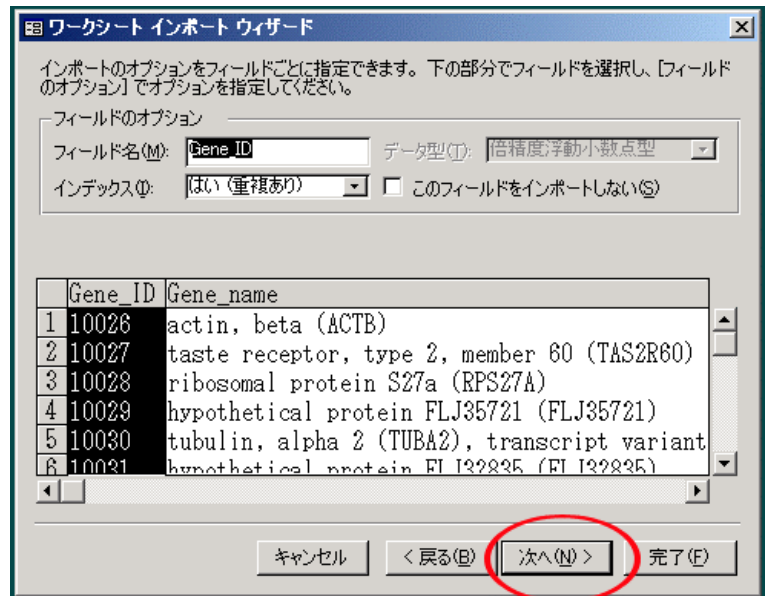


《新規テーブルに保存する》を選択し、《次へ》ボタンをクリックします。



本来、この画面でインデックスに関する情報を指定するのですが、今回は作業を簡略化するためデフォルトの設定のまま進めます。

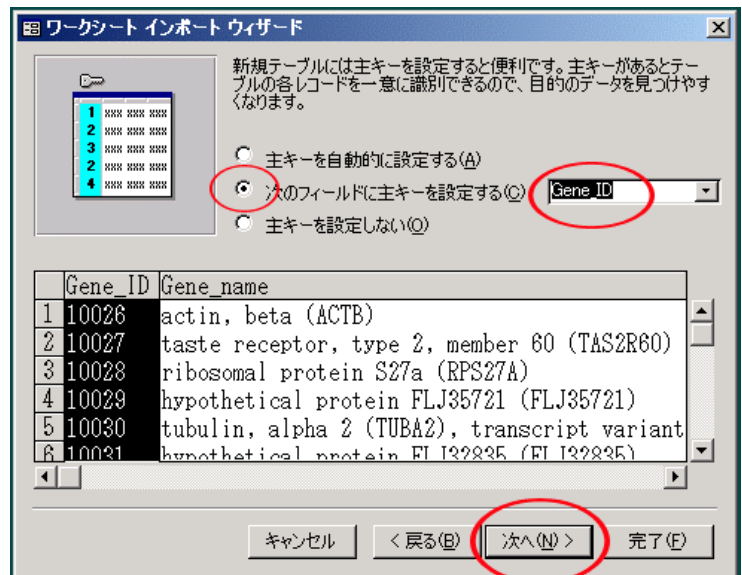
インデックスはデータベースの解析処理速度に影響を与えますが、今回の作業ではほとんど問題になりません。



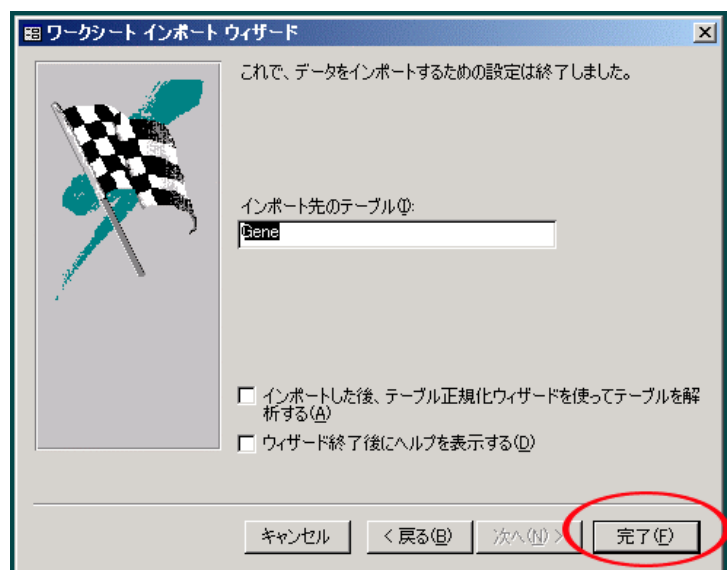
《次のフィールドに主キーを設定する》を選択し、「Gene\_ID」を選択します。

データベース テーブルには、テーブル内の各行 (レコード) を一意に識別する列 (フィールド) があります。行を識別するこのような列を、主キーと呼びます。

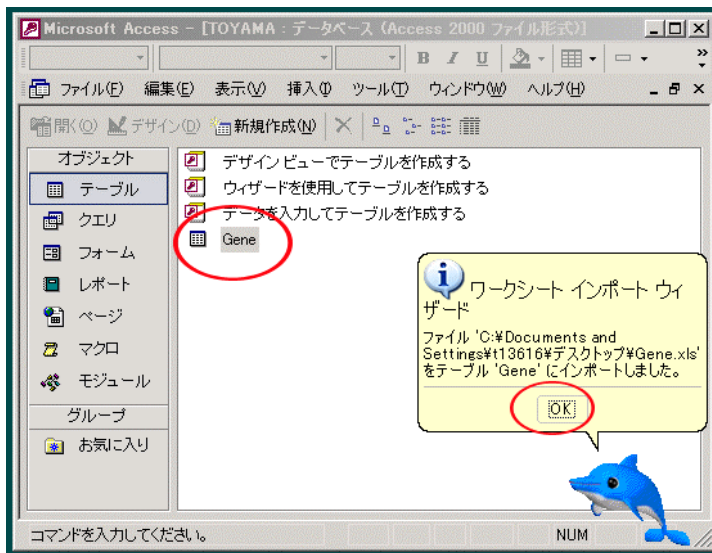
主キーに設定された項目 (フィールド) は一意性を保証するために、重複する値や Null (空白) 値を入力できなくなります



最後にテーブルとして保存する為にテーブル名をつけます。今回は「Gene」とします。《完了》をクリックします。



これで Gene.xls のデータをインポートし、テーブル[Gene]を作成することができました。

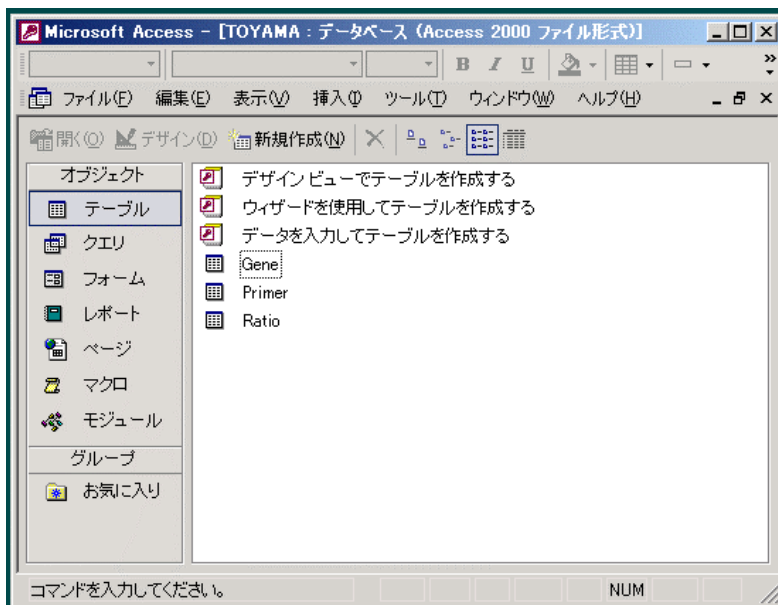


同様の手順で、Ratio.xls のデータをテーブル[Ratio]としてインポートします。

この時、「Gene\_ID」を主キーとして設定します。

また、Primer.xls のデータをテーブル[Primer]としてインポートします。

この時、「RefSeq\_ID」を主キーとして設定します。



#### 4 . 選択クエリの作製

テーブルに格納されているデータに対して、どのように抽出するかを指定する（問い合わせる）のが「クエリ」です。また、テーブル間の関係を定義し、共通項目で結合することで、複数のテーブルをあたかも大きなテーブルであるかのように扱うことができます。

ここでは記事にあるように、テーブル[Ratio]の情報に、テーブル[Primer]とテーブル[Gene]の情報を合わせた、新しい表を作成していきます。

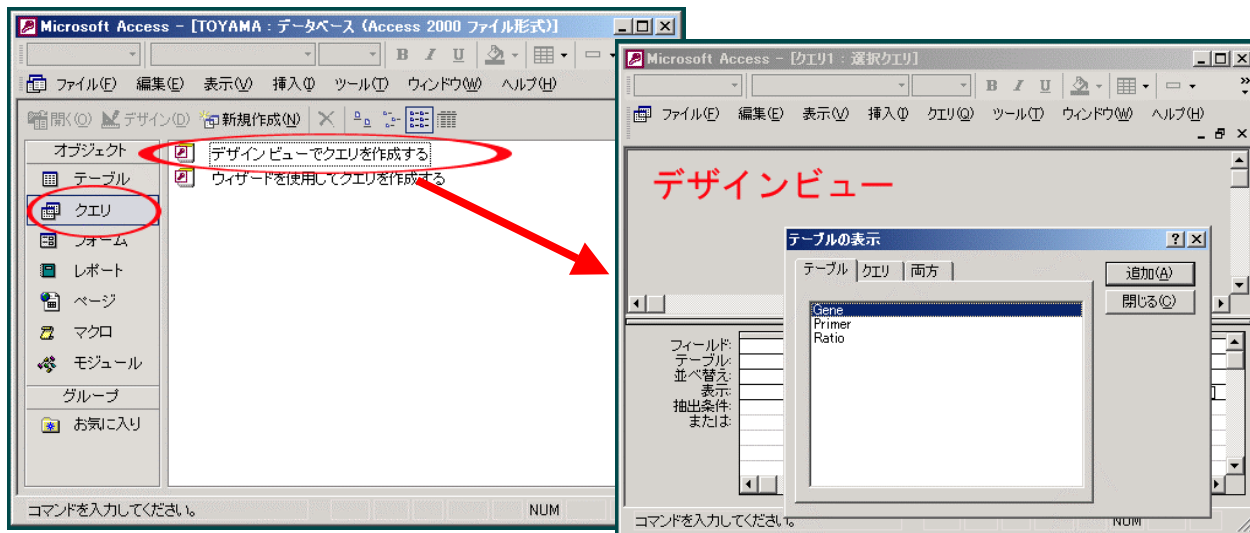
更に、そのテーブルから特定の条件にあったデータだけを抽出し、新しい表を作成します。

## 4-1 . テーブルの追加

データベース ウィンドウで《オブジェクト》の下の《クエリ》をクリックします。

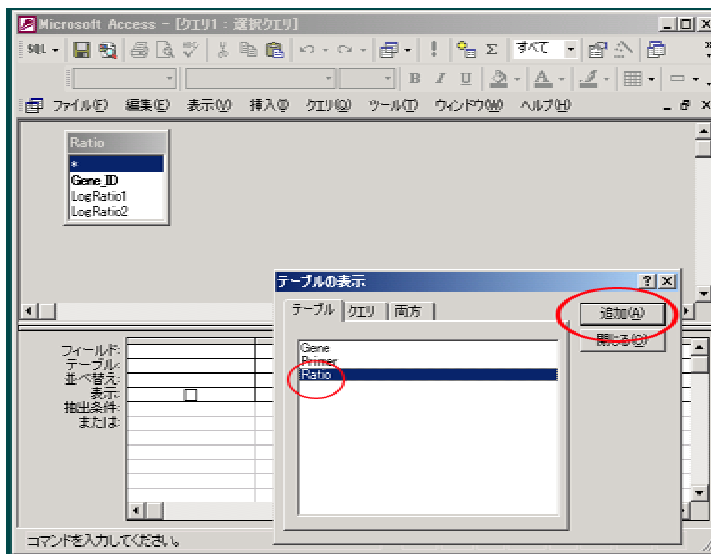
《デザインビューでクエリを作製する》をダブルクリックしてください。デザインビューと《テーブルの表示》ダイアログボックスが表示されます。

《テーブルの表示》ダイアログボックスは、クエリの基になるテーブルを選択する為の画面です。テーブルの一覧が表示されています。



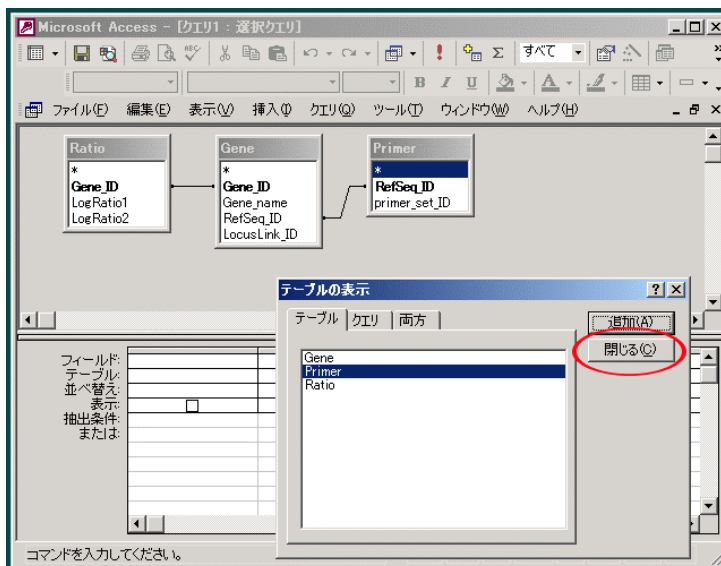
クエリで使用したいテーブルを選択し、《追加》ボタンをクリックすると、クエリウィンドウに選択したテーブルが表示されます。まず、テーブル[Ratio]を選択し、《追加》ボタンをクリックしてみましょう。

テーブル[Ratio]がデザインビュー上に追加されます。



続いて残りの、テーブル[Gene]、テーブル[Primer]も同様に追加します。

《閉じる》で《テーブルの表示》ダイアログボックスが閉じます。



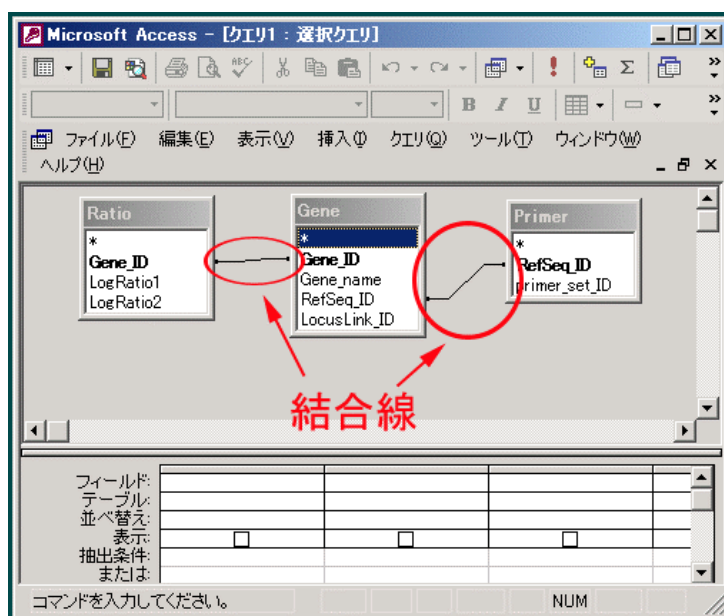
## 4-2 . テーブルの関連付け (結合線について)

各テーブルを共通する項目で関連付けます。例えば、テーブル[Ratio]とテーブル[Gene]を「Gene\_ID」で関連付ける (結合する) と[Ratio]テーブルの「LogRatio1」の値とテーブル[Ratio]の「Gene\_name」を同時に見ることができるようになります。

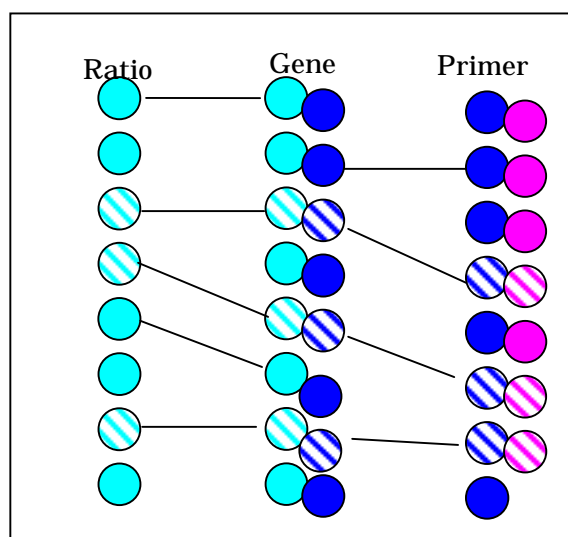
関連付けは結合線で共通する項目を結ぶことを行います。

今、主キーとなっている項目に対して、自動的に結合線が引かれています。

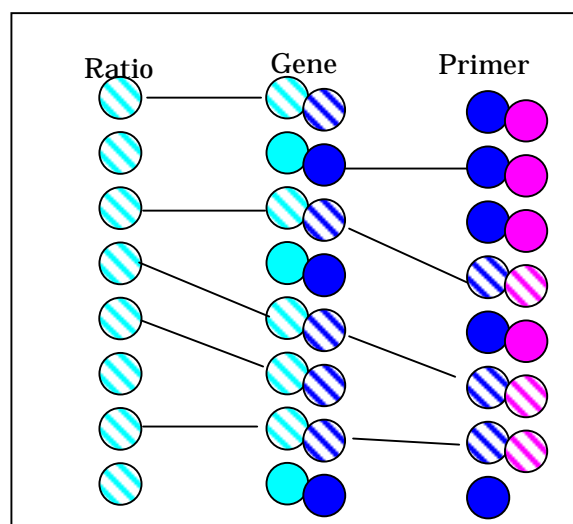
この結合線の状態では、各テーブルで結合に使用した項目の値が共通する内容だけが表示されます。



例えば、線で結ばれた値が共通しているとする、斜線で表示されたデータだけが表示されることとなります。



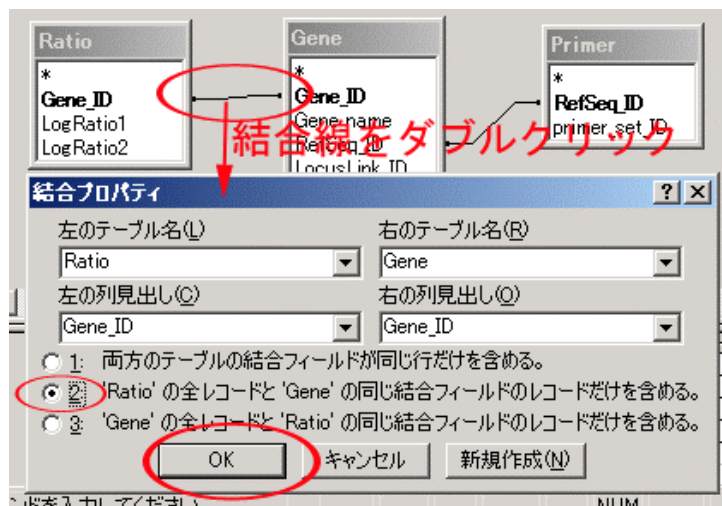
今回求められているのは、Ratio の全てのデータとそれに関連する、Gene と primer のデータを表示することです。



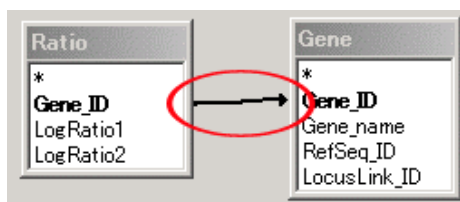
結合線をダブルクリックすると、《結合プロパティ》ダイアログボックスが表示されます。

《2: Ratio の全レコードと Gene の同じ結合フィールドのレコードだけを含める。》を選択し OK をクリックします。

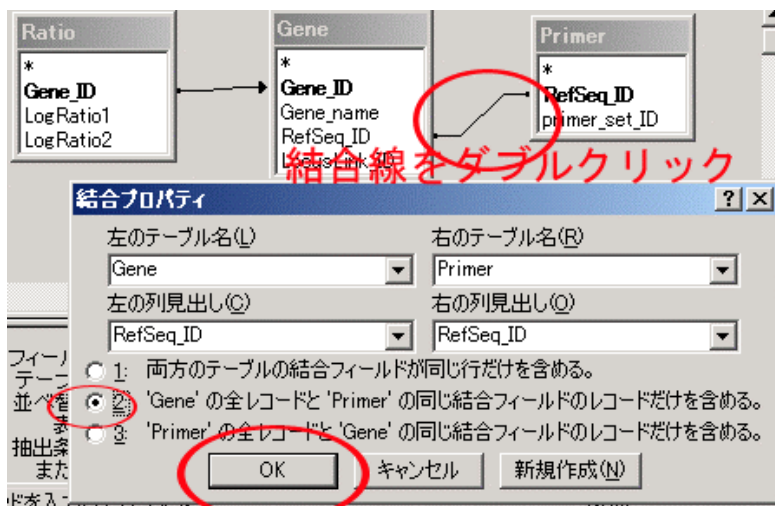
この操作により、Ratio の全データが表示されるようになり、Gene は Gene\_ID が Ratio と共通に存在したデータだけが表示されるようになります。



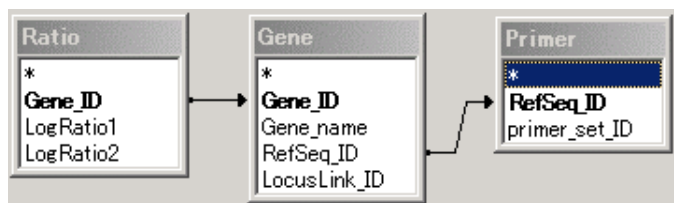
結合線は、左から右への矢印に変わります。



同様にテーブル[Gene]とテーブル[Primer]の間の結合線のプロパティを変更します。

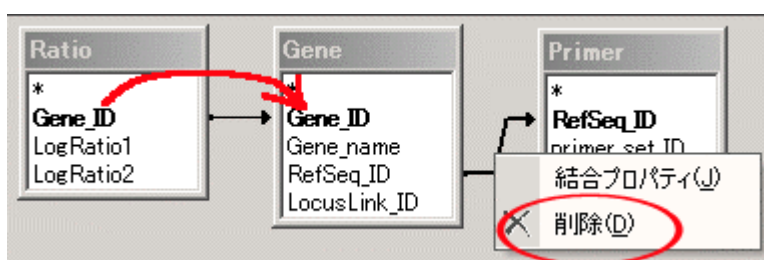


これでテーブルの関連付け(結合線)は完了です。



結合線を右クリックすると削除することができます。

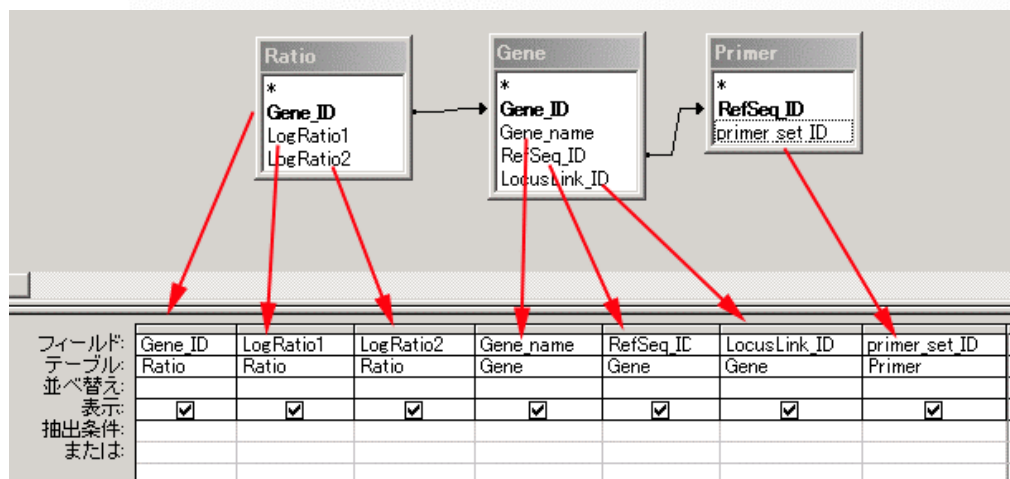
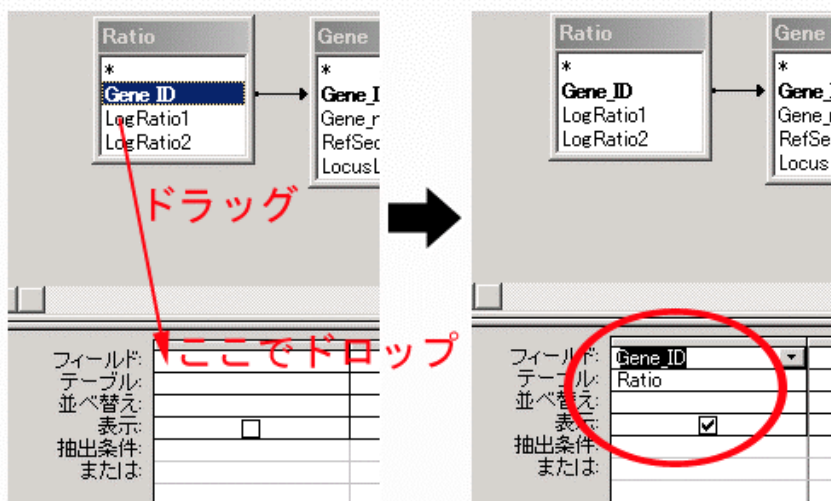
また、記事の図5にあるようにドラッグで結合線を引くこともできます。



### 4-3 . フィールドの追加

テーブルに表示する項目をフィールドとして追加します。

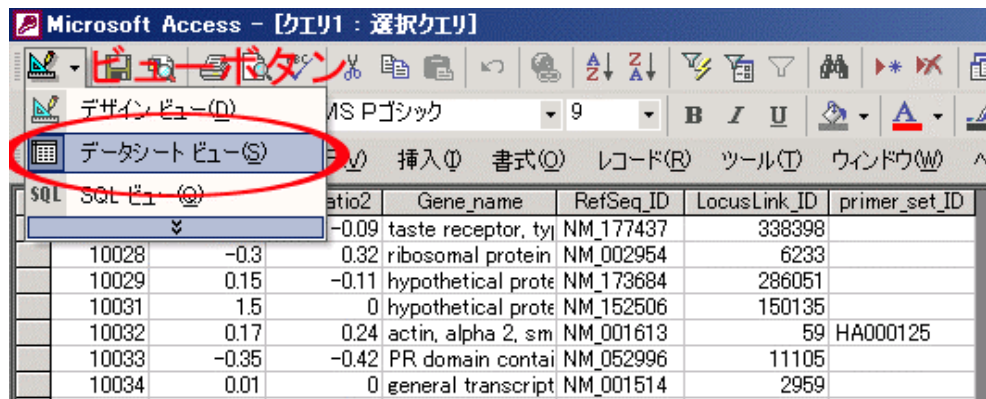
表示したい項目を選択し、表示したい順(位置)にドラッグ&ドロップし、フィールドに追加します。



### 4-4 . クエリの実行と表示

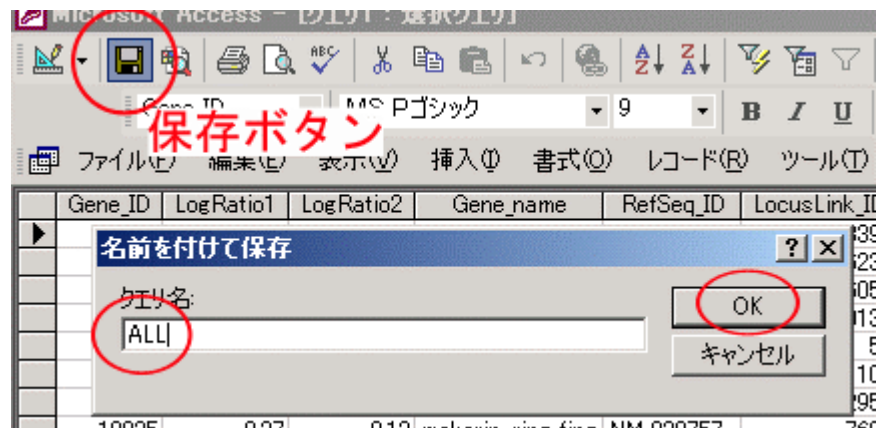
ビューボタンよりデータシートビューを選択すると、クエリが実行され、データが表示されます。

また、デザインビューを選択すると、クエリ作成画面に戻ることができます。

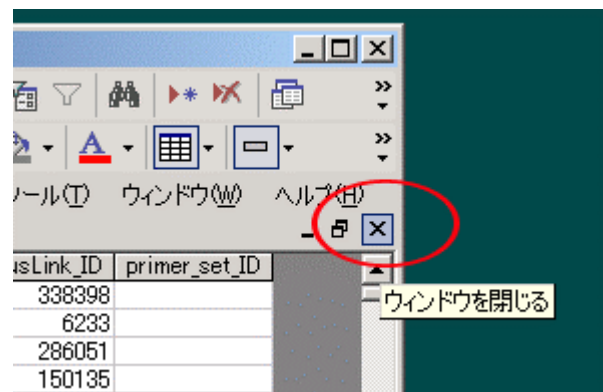


## 4-5 . クエリの保存

保存ボタンを押し、クエリに名前「ALL」をつけ保存します。



データシートビューを閉じ、データベースウィンドウのクエリ画面に戻ります。

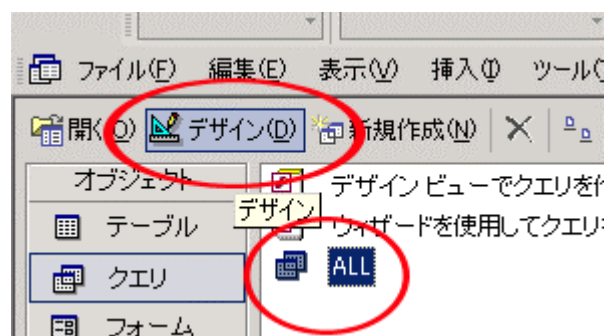


## 5 . 抽出条件設定

発現比とプライマー情報の有無によるデータの抽出を行います。  
データの抽出は選択クエリを使って行います。

まず、先ほど作製したクエリ[ALL]をデザインビュー画面で開きます。

[ALL]を選択し、デザインビューボタンをクリックしてください。



デザインビュー画面で抽出条件の欄に、条件を書きます。

条件は項目ごとに設定できます。同じ行に書かれた条件は、AND(かつ)の意味を持ち、異なる行に書かれた条件はOR(または)の意味を持ちます。

したがって、「LogRatio1」が2以上(>=2)でなおかつ「Primer\_set\_ID」が存在しない(空白、Null)であるデータまたは「LogRatio2」が2.5以上(>=2.5)でなおかつ「Primer\_set\_ID」が存在しない(空白、Null)であるデータが抽出されて表示されます。

フィールド:	Gene ID	LogRatio1	LogRatio2	Gene name	RefSeq ID	LocusLink ID	primer_set ID
テーブル:	Ratio	Ratio	Ratio	Gene	Gene	Gene	Primer
並べ替え:	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
表示:							
抽出条件:		>=2					
または:			>=2.5				Is Null Is Null

ちなみに、「Primer\_set\_ID」を「Not Is Null」とすると、「Primer\_set\_ID」が存在するデータが抽出されることになります。

ビューボタンをクリックして、抽出結果を表示させてみましょう。

確かに「LogRatio1」が2以上、  
もしくは「LogRatio2」が2.5  
以上になっており、  
「primer\_set\_ID」がないことが  
確認できます。

Gene_ID	LogRatio1	LogRatio2	Gene_name	RefSeq_ID	LocusLink_ID	primer_set_ID
10486	2.32	-0.12	methionine adeno	NM_000429	4143	
10509	2.31	0.21	likely ortholog of	XM_210022	26134	
11339	2.31	0.52	LOC145652 (LOC:	XM_096827	145652	
11947	0.73	2.91	calcium channel,	NM_000726	785	
12520	-0.85	3.27	LOC284044 (LOC:	XM_211310	284044	
12640	2.32	0	KIAA0469 gene pi	NM_014851	9903	
12858	2.22	0.22	LOC284928 (LOC:	XM_211693	284928	
13098	-0.43	2.58	KIAA0844 protein	NM_014951	22891	
13577	3.04	1.5	eukaryotic transla	NM_001418	1982	
13736	2.54	0.07	F-box only protei	XM_098421	64839	
14142	-0.76	3.27	similar to KIAA06	XM_085489	146506	
14956	2.45	-0.00	hypothetical prot	NM_173586	283238	

名前 (Select) を付けて保存します。

名前を付けて保存

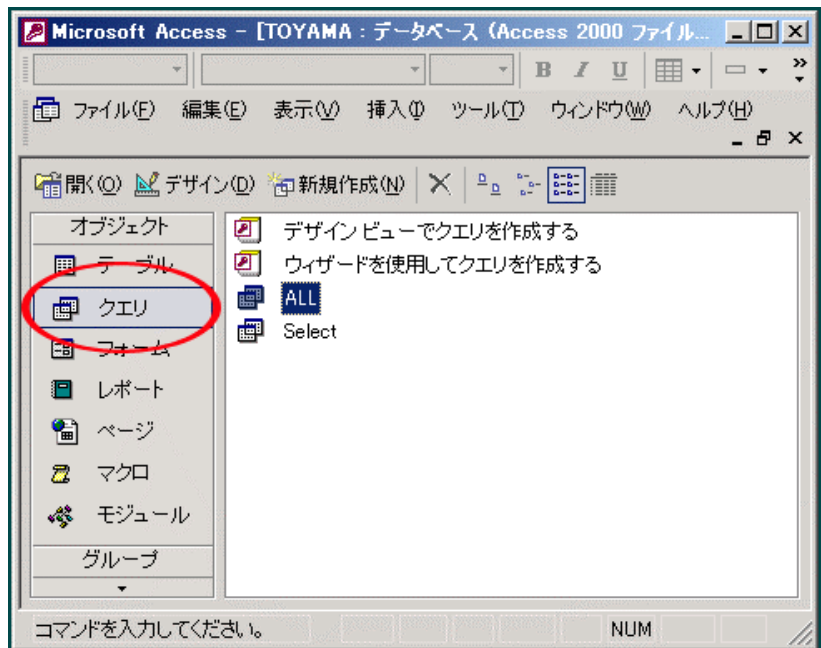
名前を付けて保存先: Select

貼り付ける形式(A): クエリ

OK キャンセル

ウィンドウを閉じるとデータベースビュー画面で作製した、[ALL]と[Select]のアイコンが確認できます。

クエリはテーブルと同じように扱うことができます。



## 6 . まとめ

以上、BIOVEIW 47号 基礎講座の記事の内容に沿って、マイクロアレイのデータに情報付加する手順をご説明いたしました。ここで行った程度の内容なら、記事中のサエ先輩と同様10分もかからず仕上げることができます。

マイクロアレイのデータに限らず、複数のデータを統合したり、複雑な条件でデータを抽出したりといったことを行いたい場面は頻繁にあります。そのような時に、ここでご紹介した Access を使った方法はお役に立つことと思います。