

チャンネル数の異なるFCSファイルを Rで書き換える方法

背景

フローサイトメーターでファイルを出力した際、染色パネルは同じにもかかわらずチャンネル数の異なるFCSファイルが出力されてしまうことがよくあります。同じパネルを使っているにもかかわらずファイル間でチャンネル数が異なると、下流の解析、特にマシンラーニング（機械学習）アルゴリズムの高度解析において、問題となります。本テクニカルノートは、パネルとチャンネルの不一致を、RのcytofCoreパッケージを使って修正する方法についての手順を説明します。

目的

- チャンネル数の異なるFCSファイルを書き換える方法を知る

Rスクリプト実行のための準備ステップ

1. Rの最新版をコンピュータにインストールします。 <http://www.r-project.org/>
2. RStudioをインストールします。 <http://www.rstudio.com/>
3. flowCore libraryをインストールします。 <http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/flowCore.html>
4. cytofCore libraryをインストールします。 <https://github.com/nolanlab/cytofCore#Installation>
5. Mac OSでは、ソフトウェアをインストールした後、使用開始するには、いったんアカウントからログアウトし、再度ログインする必要があります。 <http://xquartz.macosforge.org/landing/>

チャンネル数の異なるFCSファイルを書き換える方法

チャンネル数の異なるFCSファイルをお持ちで、チャンネル数を統一したい時は、後記のスクリプトを実行するとよいでしょう。望むチャンネル数と並び順になっているテンプレートファイルを元に、チャンネルの追加または削除ができます。既存のFCSファイルをテンプレートファイルとすることも可能です。

まず、チャンネルの書き換えが必要な全てのファイルは1つのフォルダにまとめ、テンプレートファイルは別のパスに保存しなければなりません。次のステップのコマンドの最後の行を実行すると、テンプレートファイルとファイルのディレクトリの選択を求められます（図1aおよび1b）。テンプレートファイルを選択し、openをクリックします。次に書き換えが必要なFCSファイルのディレクトリを選択します。ディレクトリフォルダを選択するには、OKをクリックする前に選択ウインドでそのフォルダを開く必要があります。選択したフォルダ内に「Relabeled」という名前のサブフォルダが作成され、書き換えられたFCSファイルがここに書き込まれます。

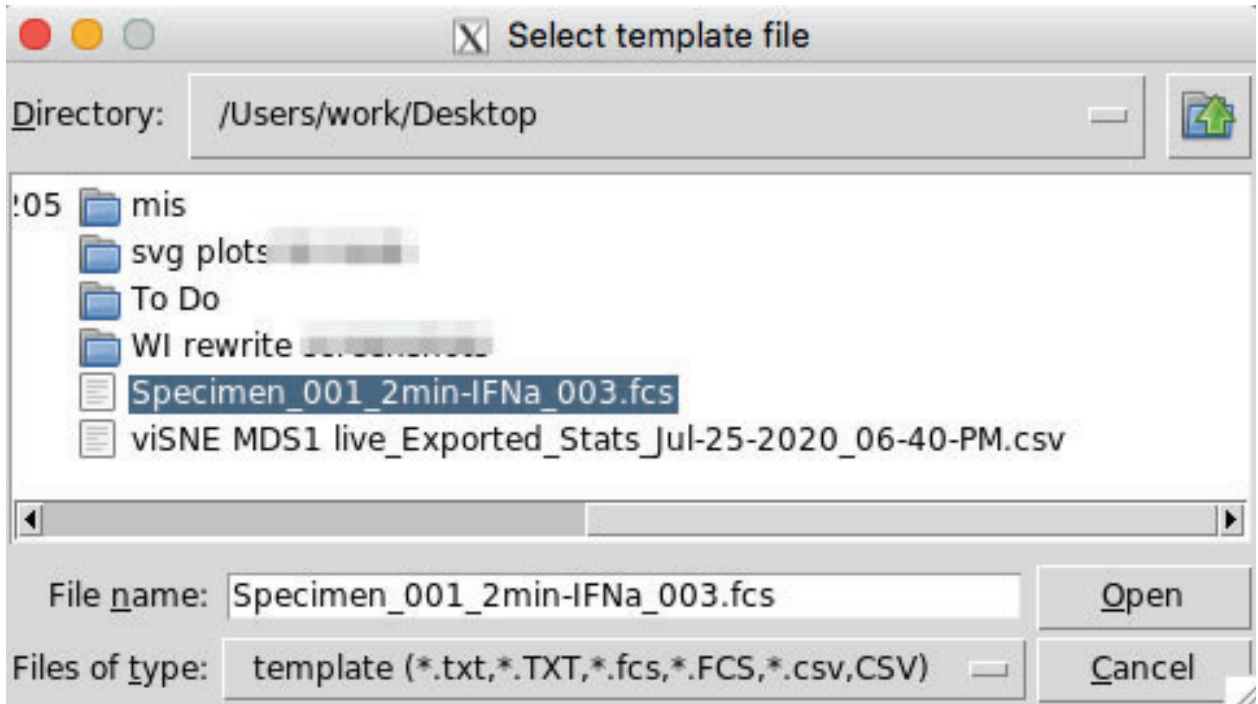


図1a. テンプレートファイルの選択画面

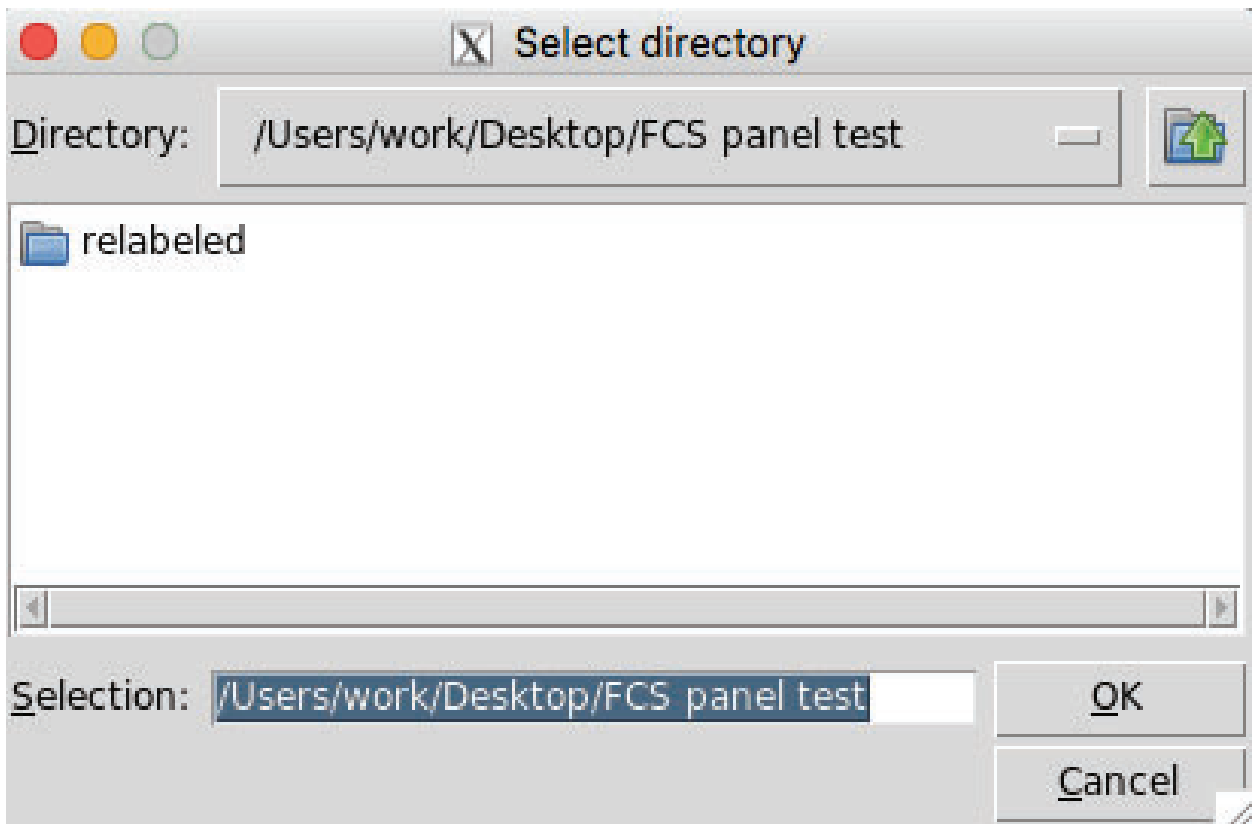


図1b. 書き換えファイルのディレクトリフォルダ選択画面

次に、準備のコンピュータにインストールしたRStudioを開き、以下のコマンドを実行します。上述のテンプレートファイルと書き換えたいファイルをご準備ください。

```
install.packages( "devtools" )  
  
install.packages( "XML" )  
  
library( "devtools" )  
  
if (!requireNamespace( "BiocManager" , quietly = TRUE))  
install.packages( "BiocManager" )  
  
BiocManager::install(version = "3.12" )  
  
BiocManager::install( "flowCore" )  
  
install_github( "nolanlab/cytofCore" )  
  
library( "cytofCore" )  
  
cytofCore.updatePanel()  
  
#これでテンプレートファイルの選択、次に書き換えるFCSファイルのフォルダ選択を求めるウインドが立ち  
#上がります。  
  
#フォルダを選択する際、OKをクリックする前に選択ウインドでフォルダの内に入らなければなりません。  
  
#チャンネルの書き換えが必要な全てのファイルを1つのフォルダにまとめ、テンプレートファイルは別のパスに  
#保存しておきます。
```

Tips for success

- このスクリプトはFCSファイルからコンペンセーションマトリックスを削除します。フローサイトメトリーのデータ解析している場合は、次の解析に進む前に必ずコンペンセーションをデータに再適用してください。コンペンセーションをCytobankにインポートする方法はCytobank簡易マニュアル(日本語)をご覧ください。または、Kaluzza解析ソフトウェアをお持ちの場合は、Kaluzzaでチャンネルを編集し、Kaluzza-Cytobank Pluginで新規FCSファイルをエクスポートする方が簡単です。詳しくはテクニカルノート「フローサイトメトリー解析のKaluzzaとCytobankの組み合わせ活用法」をご覧ください。
- ご不明点などは cytobank_support@beckman.com へご連絡ください。
- 本テクニカルノートではR 4.0.3とBioconductor 3.12を用いています。

References

<http://www.r-project.org/>

<http://www.rstudio.com/>

<http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/flowCore.html>

<https://github.com/nolanlab/cytofCore#Installation>

研究用のみ使用できます。診断目的での使用はできません。
Beckman CoulterおよびBeckman Coulterロゴは、Beckman Coulter, Inc.の登録商標です。

ベックマン・コールター株式会社

本社：〒135-0063 東京都江東区有明3-5-7 TOC有明ウエストタワー

お客様専用 ☎ 0120-566-730 ☎ 03-6745-4704 FAX 03-5530-2460
✉ bckkcas@beckman.com URL <https://www.beckman.jp>

本内容は予告なく変更する場合がありますのでご了承ください。