（2022-JA-25MP-18）

JMP Pro 17ゲノム解析に関連した新機能紹介（JMP Genomicsの廃止に伴って）

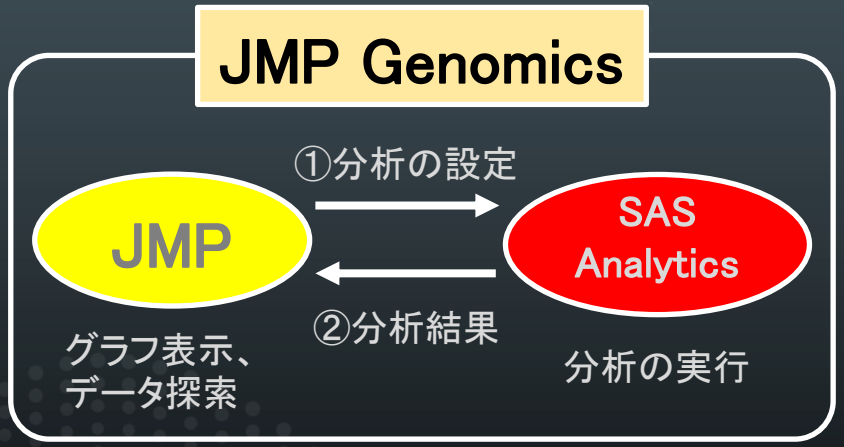
SAS Institute Japan株式会社
JMPジャパン事業部　大井英生

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

JMP Genomicsの廃止

- 2022年3月31日 現行JMP Genomicsの新規契約終了
- ただし一部のゲノム解析機能はJMP Pro 17に移行します。



現行JMP Genomics

JMP Pro 17

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION
Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

現行JMP GenomicsとJMP Proの比較

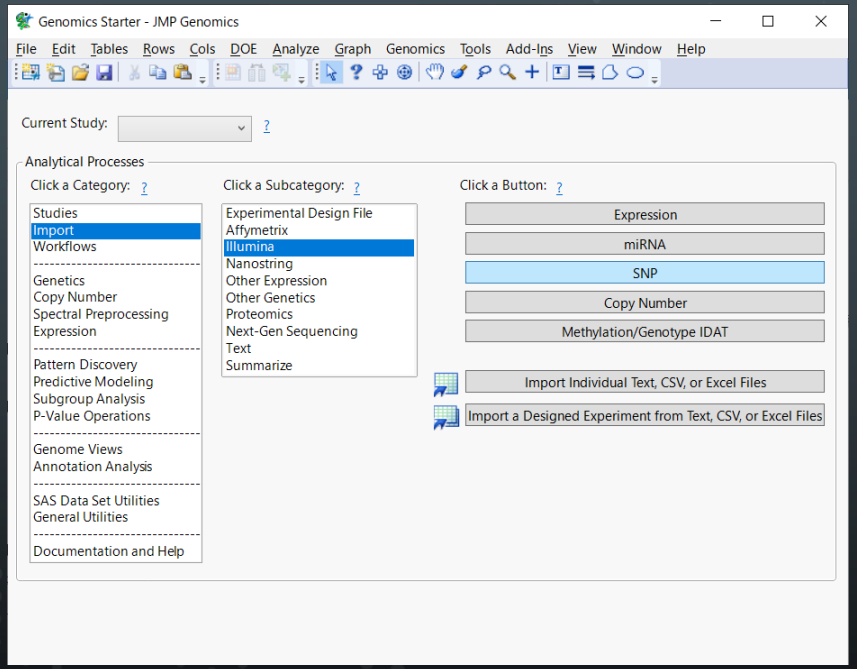
- JMP Pro上でゲノム解析機能の開発は継続され、今後追加/改善される可能性があります。

現行JMP Genomics	JMP Pro 17
SASを含むためインストールやシステムが複雑	JMPのみでコンパクトにインストールできる
対応OSはWindowsのみ（SASによる制約）	**Windows、Macどちらにも対応**
Genomics Starterから機能を選択・実行	Genomics Starterのようなメニューは無い
シーケンサからのデータを読み込むことができる	シーケンサからのフォーマットのデータを読み込むことができる
SASによる大規模データへの対応ができる	横長・大規模データに対応できるように改善
現行版までで新規機能開発はストップ	Genomics解析の新機能を開発・継続していく

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

現行JMP Genomics Starterからの機能

- 現行品では、Genomics Starterから多岐にわたるユーティリティや分析機能を実行できます。



1. シーケンサからのデータを読み込み、操作・処理して分析に使われる形式のデータを生成する

2. その生成したデータからゲノム配列マップを作成したり、SNP配列の検出やデータの質を評価したりする

3. 遺伝子型（マーカー）と形質型（物理的・性質的な特徴）の対応関係を分析する

JMP Pro 17には、Genomics Starterのような選択機能は移植されません。

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

JMP/JMP Pro 17に移行される機能

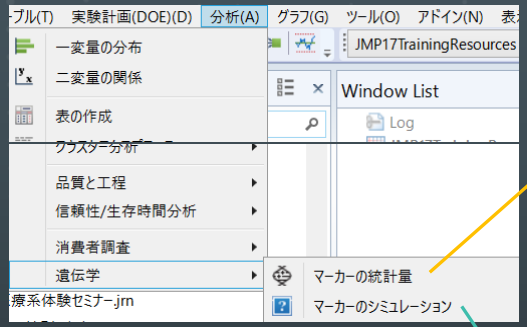
- SASに頼っていた機能も、JMP上のアルゴリズムや手法の改善で対応できるようになります。
  - ゲノム関連データの読み込み: (IDAT, *.idat) または (.bed, .gff, .gff3, .gtf, .mtx, .vcf)形式のデータファイル
  - ゲノム解析専用メニュー:[マーカーの統計量]、[マーカーのシミュレーション]
  - [多変量埋め込み]:高次元の多変量データを低次元で表示する機能
  - [主成分分析]の横長データへの対応:特異値分解を用いた反復回数の削減
  - [階層型クラスター分析]の高速化:アルゴリズムの改善より
  - ボルケーノプロットの作成:[応答のスクリーニング]の機能として組み込み

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

ゲノム解析用に追加されたメニュー（JMP Pro）

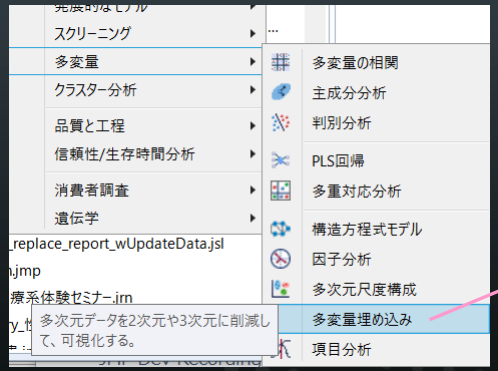
- 既存の分析機能の改善だけではなく、新規にGenomics解析専用のメニューが追加されました。

遺伝学の分析メニュー



数十～数千の遺伝子マーカーのデータ分析前にデータの良し悪しを評価、悪いものを除外したり不均衡なペアの関連性を見出します

親の系統からの交配の評価に使用。シミュレーションされたマーカーの遺伝子型や予測した特徴を示すサマリーを表示します。



高次元のデータを2Dまたは3Dの低次元で可視化できるようにします。（t-SNE法による近傍点への集約）

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

マーカーの統計量の分析例

- 遺伝子マーカーのデータに注釈テーブルを加えて、対数価値などのプロットが表示されます。

	Pedigree	Sample	Father	Mother	Sex	Disease Status	Trait1	Trait2	Trait3	Trait4	CG1 SNP1	CG1 SNP2	CG1 SNP3
1	1	1	0	0	2	1	30.78521···	24.92250···	51.28203···	31.95044···	0	0	0
2	2	1	0	0	1	0	15.79655···	19.62462···	30.02030···	39.29415···	0	0	0
3	2	2	0	0	2	0	23.98078···	26.36733···	28.73063···	37.78139···	0	0	0
4	2	3	1	2	1	0	22.73115···	24.29383···	43.49922···	36.18064···	0	0	0
5	3	1	0	0	1	1	18.59753···	13.88122···	30.67184···	23.70649···	1	1	0
6	3	2	0	0	2	1	18.7983591	33.24379···	34.35422···	41.44296···	0	0	0
7	3	3	1	2	2	0	25.63462···	20.43677···	35.38292···	38.11127···	1	2	0
8	4	1	0	0	1	0	17.40248···	25.70469···	24.74999···	33.47363···	0	0	0
9	4	2	0	0	2	0	28.34585···	21.94079···	39.45835···	31.66384···	1	1	0
10	4	3	1	2	1	0	18.61376···	25.99895···	26.79025···	31.02638···	1	1	0
11	4	4	1	2	2	1	17.93591···	31.47503···	37.53793···	28.21662···	1	0	0
12	5	1	0	0	1	0	19.82712···	28.41597···	40.43189···	24.76502···	0	0	0
13	5	2	0	0	2	1	24.						
14	5	3	1	2	2	0	22.						
15	5	4	1	2	1	0	17.						
16	6	1	0	0	1	0	28.						

遺伝子マーカーデータ

Genotypes Pedigree Anno - JMP Pro [2]

Genotypes Pedigree Anno
Reference Simulated data

列(5/0)

Marker
Gene
Physical Position
Linkage Position
Step Linkage Position

	Marker	Gene	Physical Position	Linkage Position	Step Linkage Position
1	CG1 SNP1	1	996	0	0
2	CG1 SNP2	1	1745	11.43	11.43
3	CG1 SNP3	1	1876	22.67	11.24
4	CG1 SNP4	1	1988	40.28	17.61
5	CG1 SNP5	1	4404	65.61	25.33
6	CG1 SNP6	1	4855	78.62	13.01
7	CG1 SNP7	1	5020	87.67	9.05
8	CG1 SNP8	1	5663	100.97	13.3
9	CG1 SNP9	1	5764	118.27	17.3
10	CG1 SNP···	1	5773	130.89	12.62
11	CG1 SNP···	1	5906	144.84	13.95
12	CG1 SNP···	1	6807	157.34	12.5
13	CG1 SNP···	1	7066	168.08	10.74
14	CG1 SNP···	1	7336	178.5	10.42
15	CG1 SNP···	1	800		
16	CG1 SNP···	1	806		
17	CG1 SNP···	1	822		
18	CG1 SNP···	1	949		
19	CG1 SNP···	1	9614	248.9	13.54

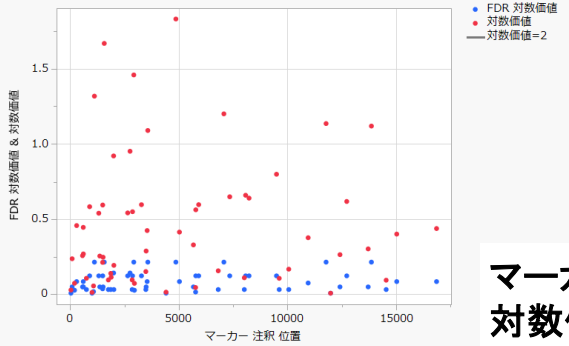
マーカー注釈テーブル

マーカーの統計量

結果の表

マーカー	マーカー 注釈 グループ	マーカー 注釈 位置	度数	欠測割合	遺伝子型数	アレル数	マイナーアレル	ゼロとコード化される最も一般的なアレル	マイナーア
CG1 SNP25	1	12724	1000	0	3	2	B	1	
CG1 SNP26	1	13711	1000	0	3	2	B	1	
CG1 SNP27	1	13861	1000	0	3	2	B	1	
CG1 SNP28	1	14540	1000	0	3	2	B	1	
CG1 SNP29	1	15027	1000	0	3	2	B	1	
CG1 SNP30	1	16861	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP1	2	24	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP2	2	78	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP3	2	187	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP4	2	285	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP5	2	556	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP7	2	591	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP6	2	595	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP8	2	736	1000	0	3	2	B	1	
CG2 SNP9	2	884	1000	0	3	2	B	1	

Hardy-Weinberg 平衡 FDR 対数価値 プロット



マーカー位置による
対数価値プロット

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

マーカーのシミュレーションの分析例

- 親の系統からの交配の評価し、予測した形質を示すデータをサマリーとして示します。

モデルのあてはめより

	Pedigree	Sample	Father	Mother	Sex	Disease Status	Trait1	Trait2	Trait3	Trait4	CG1 SNP1	CG1 SNP2	CG1 SNP3	CG2 SNP27	CG2 SNP28	CG2 SNP29	CG2 SNP30	Pred Formula Trait1	Pred Formula Trait2	Pred Formula Trait3	Pred Formula Trait4	Probability(Disease Status=1)	Probability(Disease Status=0)	Most Likely Disease Status
1	1	1	0	0	2	1	30.78521···	24.92250···	51.28203···	31.95044···	0	0	0	1	0	1	1	19.049463239	25.8405074···	30.230290292	31.929024467	0.3292602491	0.6707397509	0
2	2	1	0	0	1	0	15.79655···	19.62462···	30.02030···	39.29415···	0	0	0	1	0	0	0	20.956296965	24.88117486	32.322471932	34.5122277[illegible]	0.3294089646	0.6705910354	0
3	2	2	0	0	2	0	29.98078···	26.36733···	28.73063···	37.781[illegible]	0	0	0	0	0	0	0	19.616587957	23.7511387···	29.131460206	32.68451[illegible]	0.1038789948	0.8961210052	0
4	2	3	2	1	0	0	22.73115···	24.2938[illegible]	43.49922···	36.18064···	0	0	0	1	0	0	0	23.508703292	24.6037[illegible]	24.475012839	33.050831458	0.2244752225	0.775[illegible]247775	0
5	3	1	0	0	1	1	18.59753···	13.88122···	30.67184···	23.70649···	1	1	0	1	1	1	1	21.80481338	26.8644659···	34.059506615	34.451382501	0.5319126502	0.[illegible]580873498	1
6	3	2	0	0	2	1	18.7983591	33.24379···	34.35422···	41.44296···	0	0	0	0	0	1	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]
7	3	[illegible]	[illegible]	[illegible]	2	0	25.63	[illegible]	[illegible]	11127···	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]
8	4	[illegible]	[illegible]	[illegible]	1	0	17.40	[illegible]	[illegible]	47363···	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]
9	4	[illegible]	[illegible]	[illegible]	2	0	28.34	[illegible]	[illegible]	66384···	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]
10	4	3	1	2	1	0	18.61376···	25.99895···	26.79025···	31.02638···	1	1	0	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]
11	4	4	1	2	2	1	17.93591···	31.47503···	37.53793···	28.21662···	1	0	0	1	0	2	1	24.90405396	27.27258996···	31.00171[illegible]886	32.0981[illegible]0538	0.4020687489	0.5979312511	0
12	5	1	0	0	1	0	19.82712···	28.41597···	40.43189···	24.76502···	0	0	0	0	0	1	0	19.11676433	23.9807433···	31.308781272	30.129631999	0.0841046608	0.9158953392	0
13	5	2	0	0	2	1	24.08978···	21.78846···	20.50497···	40.55851···	0	0	2	1	0	2	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	0.4169629541	0.5830370459	0
14	5	3	1	2	2	0	22.40445···	21.55858···	36.99423···	28.89538···	0	0	0	1	0	2	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	0.3933989059	0.6066010941	0
15	5	4	1	2	1	0	17.40413···	30.64621···	33.74896···	28.19823···	0	0	0	1	0	0	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	0.1506234605	0.8493765395	0
16	6	1	0	0	1	0	28.45638···	33.56183···	33.82923···	33.03859···	0	0	0	1	0	0	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	0.1326565398	0.8673434602	0

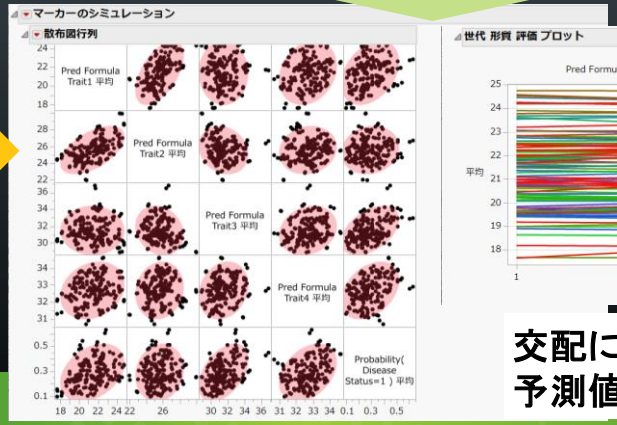
背景情報　形質データ　遺伝子マーカーデータ

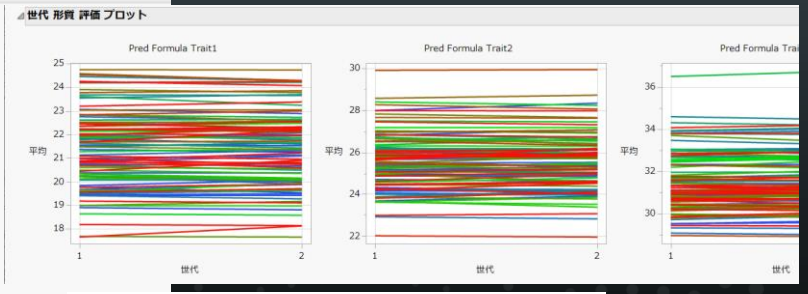
マーカーデータからの形質データ予測式

マーカーデータからのDesease予測式

	Marker	Gene	Physical Position	Linkage Position	Step Linkage Position
1	CG1 SNP1	1	996	0	0
2	CG1 SNP2	1	1745	11.43	11.43
3	CG1 SNP3	1	1876	22.67	11.24
4	CG1 SNP4	1	1988	40.28	17.61
5	CG1 SNP5	1	4404	65.61	25.33
6	CG1 SNP6	1	4855	78.62	13.01
7	CG1 SNP7	1	5020	87.67	9.05
8	CG1 SNP8	1	5663	100.97	13.3
9	CG1 SNP9	1	5764	118.27	17.3
10	CG1 SNP···	1	5773	130.89	12.62
11	CG1 SNP···	1	5906	144.84	13.95
12	CG1 SNP···	1	6807	157.34	12.5
13	CG1 SNP···	1	7066	168.08	10.74
14	CG1 SNP···	1	7336	178.5	10.42
15	CG1 SNP···	1	8007	193.19	14.69

マーカー注釈テーブル





交配による世代間の形質データ予測値のシミュレーション結果

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

jmp

多変量埋め込み（JMP Pro）

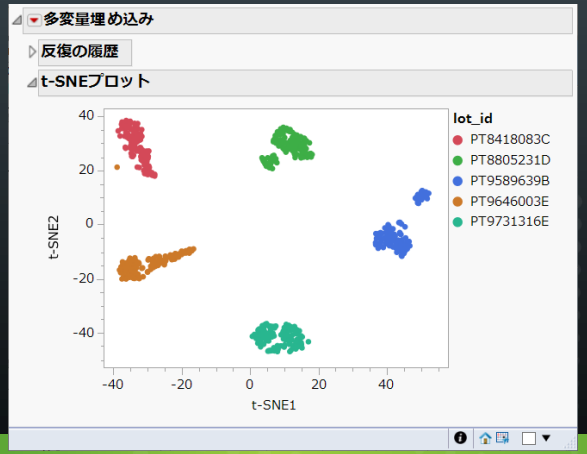
- 遺伝子マーカーのデータのような高次元の多変量データを、低次元（二次元または三次元）で表示する機能です。
- 主成分分析というよりは、最近傍法によるクラスター間の距離を一様にするような形です。
  - t-SNE method (van der Maaten and Hinton, 2008)

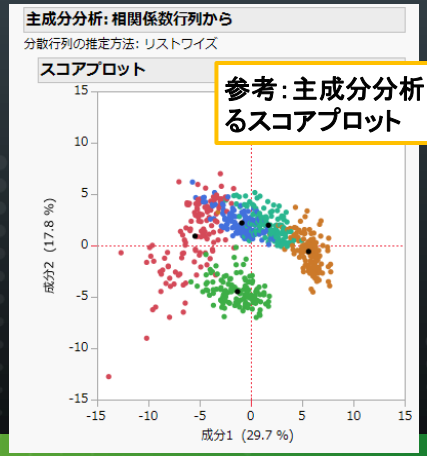
■ 高次元データを低次元で可視化

	lot_id	Fab	device	site	hard_bin	soft_bin	cont_boot (mV)	cont_vdd (mV)	stress_gate (v)	stress_boot (v)	stress_vdd (v)
1	PT9731316E	Fab-1B	82	0	1	1	205.59999084	209.6000061	3.5957500935	3.5977499485	2.0325000286
2	PT9731316E	Fab-1B	132	0	1	1	206.59999084	211	3.5962500572	3.5975000858	2.0350000858
3	PT9731316E	Fab-1B	140	0	1	1	208.19999695	212	3.5962500572	3.5975000858	2.0202500[illegible]
4	PT9731316E	Fab-1B	240	0	1	1	[illegible]	[illegible]	3.5964999924	3.5977499485	2.0274999142
5	PT9731316E	Fab-1B	590	0	1	1	207[illegible]	[illegible]	[illegible]2500572	3.5977499485	2.0174999237
6	PT9731316E	Fab-1B	690	0	1	1	20[illegible]	[illegible]	[illegible]2500572	3.5975000858	2.0447499752
[illegible]	[illegible]	[illegible]1B	840	0	1	1	207[illegible]	[illegible]	[illegible]2500572	3.5975000858	2.0399999619
[illegible]	[illegible]	[illegible]1B	1040	0	1	1	206.19999695	210.09999084	3.5964999199	3.5977499485	2.037250042
[illegible]	[illegible]	[illegible]1B	1240	0	1	1	206.59999084	211	3.596750021	3.5975000858	2.0307500362
10	PT9731316E	Fab-1B	1290	0	1	1	203.79998779	207.3999939	3.5957500935	3.5977499485	2.042249918
11	PT9731316E	Fab-1B	1590	0	1	1	205.40000916	209.09999084	3.5962500572	3.5975000858	2.0350000858
12	PT9731316E	Fab-1B	1640	0	1	1	206.30000305	210.09999084	3.5962500572	3.5977499485	2.0274999142
13	PT9731316E	Fab-1B	1740	0	1	1	208.1000061	212	3.5964999199	3.5975000858	2.0272500515
14	PT9731316E	Fab-1B	1790	0	1	1	206.8999939	211	3.5964999199	3.5980000496	2.0274999142
15	PT9731316E	Fab-1B	1940	0	1	1	205.59999084	209.80000305	3.5957500935	3.5977499485	2.0385000706
16	PT9731316E	Fab-1B	1990	0	1	1	208.1000061	212	3.5962500572	3.5975000858	2.0274999142
17	PT9731316E	Fab-1B	2040	0	1	1	207	211.09999084	3.596750021	3.5977499485	2.039249897

グループを示す変数

多項目のデータ（例：58個のパラメータ





JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

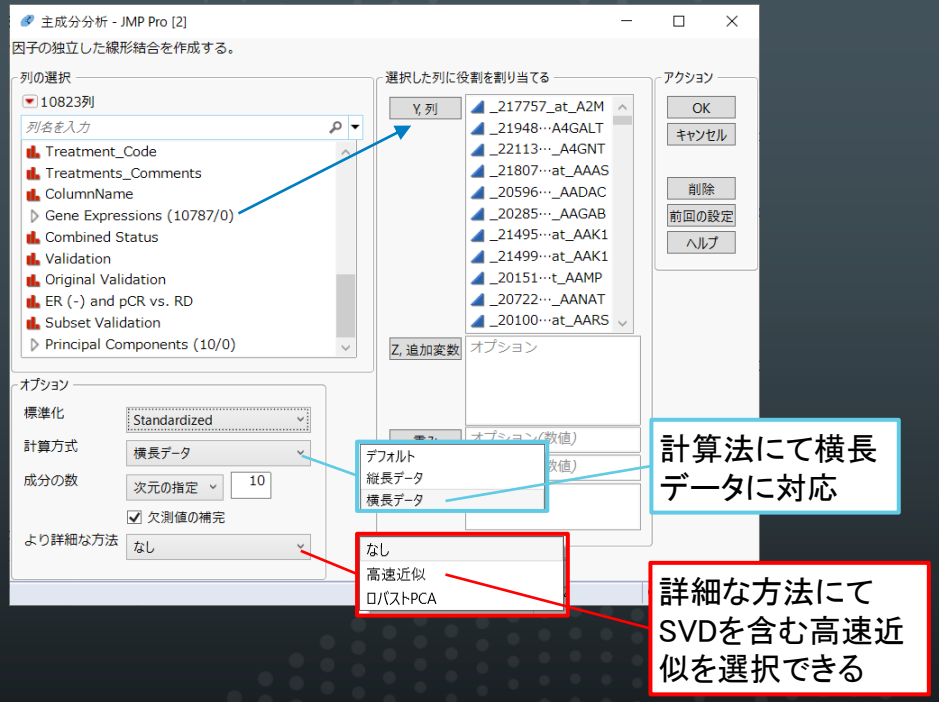
Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

jmp

主成分分析の改善

- 横長・大規模なデータへの主成分分析は従来の方法では時間がかかります。
- そこで、分析時間短縮のために、大規模データに対応した手法を追加しました。
- [力任せだけど繊細なアルゴリズムについて _John Sall(2021-JA-Plenary01) - JMP User Community]
- 横長データを選択し、特異値分解を併用する高速近似を選択します。

JMP 17に含まれる改善機能(1)



結果としては似たり寄ったりですが、SVDの前処理により反復回数が削減される分高速になります

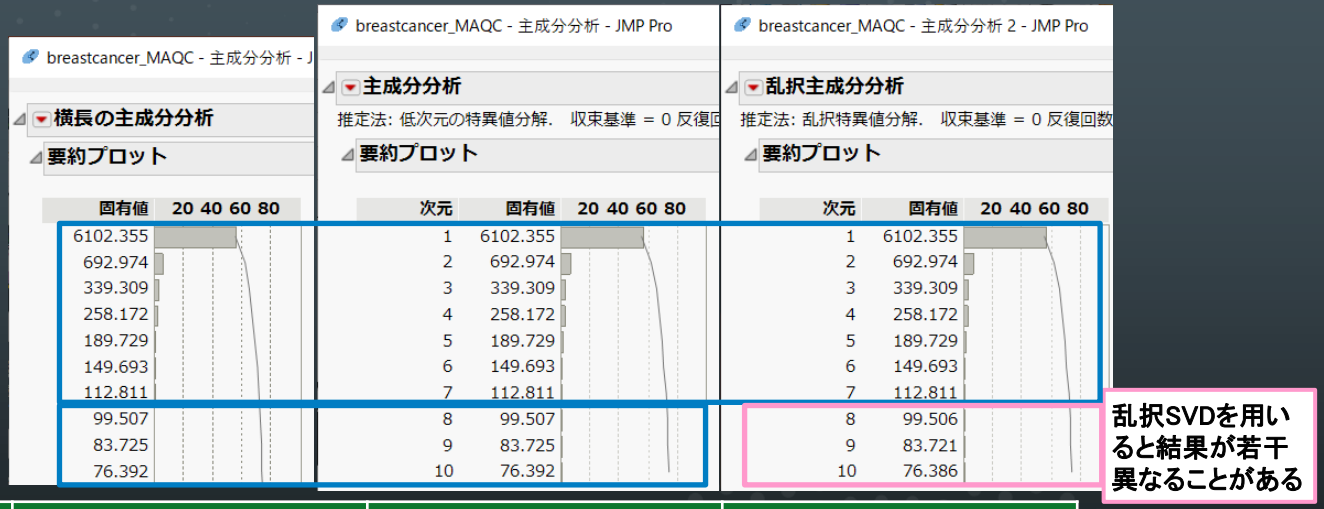
JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

横長データへの主成分分析の実行時間

- 特異値分解を用いると実行時間が短縮されます。ただし、結果が若干異なることがあります。

サンプルデータ:
breastcancer_MAQC.jmp



乱択SVDを用いると結果が若干異なることがある

JMPバージョン	JMP Pro 16	JMP Pro 17	JMP Pro 17
推定法/計算方法	横長	横長データ	横長データ
より詳細な方法		低次元特異値分解	乱択特異値分解
10787列への実行時間	約15秒	約2秒	約2秒

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

特異値分解による欠測値補完した主成分分析

- データに欠測値があっても特異値分解による補完を行い、主成分分析を実行してくれます。

breastcancer_MAQC - 主成分分析 - JMP Pro

主成分分析

推定法: 低次元の特異値分解. 収束基準 = 0 反復回

要約プロット

次元	固有値	20 40 60 80
1	6102.355	
2	692.974	
3	339.309	
4	258.172	
5	189.729	
6	149.693	
7	112.811	
8	99.507	

サンプルデータ:
breastcancer_MAQC.jmp

欠測値無し

breastcancer_MAQC - with missing - 主成分分析 -

主成分分析

推定法: 低次元の特異値分解. 収束基準 = 0 反復回

要約プロット

次元	固有値	20 40 60 80
1	6193.937	
2	676.749	
3	436.260	
4	336.611	
5	252.910	
6	242.847	
7	216.972	
8	185.476	
9	178.054	
10	161.570	

breastcancer_MAQC - with missing - 主成分分析 2

主成分分析

推定法: 低次元の特異値分解. 497個の欠測値補完

要約プロット

次元	固有値	20 40 60 80
1	6102.427	
2	692.965	
3	339.326	
4	258.091	
5	189.679	
6	149.656	
7	112.760	
8	99.477	
9	83.6	
10	76.3	

サンプルデータ:breastcancer_MAQC-with missing.jmp

breastcancer_MAQC - with missing - 主成分分析 3

主成分分析

推定法: 低次元の特異値分解. 収束基準 = 0 反復回

要約プロット

次元	固有値	20 40 60 80
1	6102.536	
2	693.030	
3	339.350	
4	258.199	
5	189.759	
6	149.669	
7	112.773	
8	99.475	
9	83.707	
10	76.384	

欠測値を調べる

コマンド

欠測値レポート

欠測値のクラスター分析

欠測値のスナップショット

多変量正規分布による補完

多変量の特異値分解補完

補完後、
主成分分析

欠測値パターン表示 - JMP Pro

ファイル(F) 編集(E) テーブル(T) 行(R) 列(C) 実験計画(

欠測値パター…

ソース

ツリーマップ

セルプロット

	度数
1	34
2	1
3	1
4	1

列(10790/0)

オプション

標準化 標準

計算方式 横長

成分の数 次元 定 10

欠測値の補完

より詳細な方法 なし

オプション

標準化 標準

計算方式 横長

成分の数 次元の 10

欠測値の補完

より詳細な方法 なし

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA
INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

階層型クラスター分析の高速化

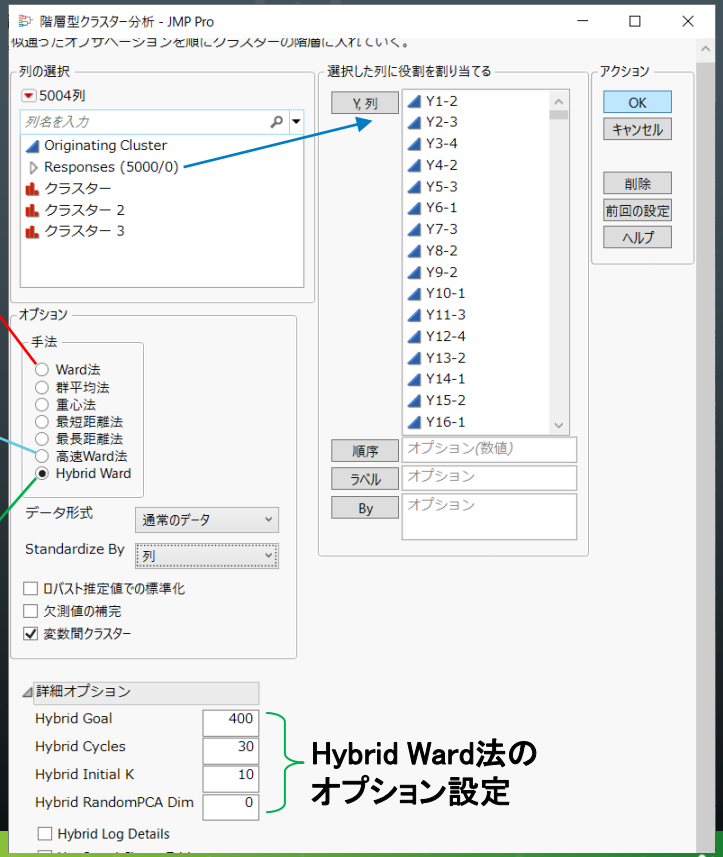
- 大規模データへの階層型クラスター分析は従来の方法では時間がかかります。
- そこで、分析時間短縮のために、大規模データに対応した手法を追加しました。
- [力任せだけど繊細なアルゴリズムについて _John Sall(2021-JA-Plenary01) - JMP User Community]
- また、列クラスターや分析の履歴を保存するオプションなどが追加されました。

JMP 17に含まれる改善機能(2)

距離行列から近い2点の結合を反復処理する手法

最近傍法を用いて計算回数を減らすコンガライン法

下層では大雑把に、上層では厳密に最近傍法を用いる

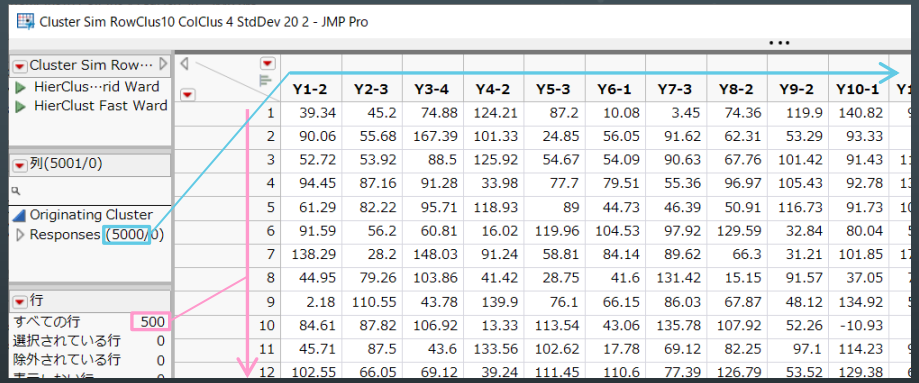


Hybrid Ward法のオプション設定

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION
Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.
jmp

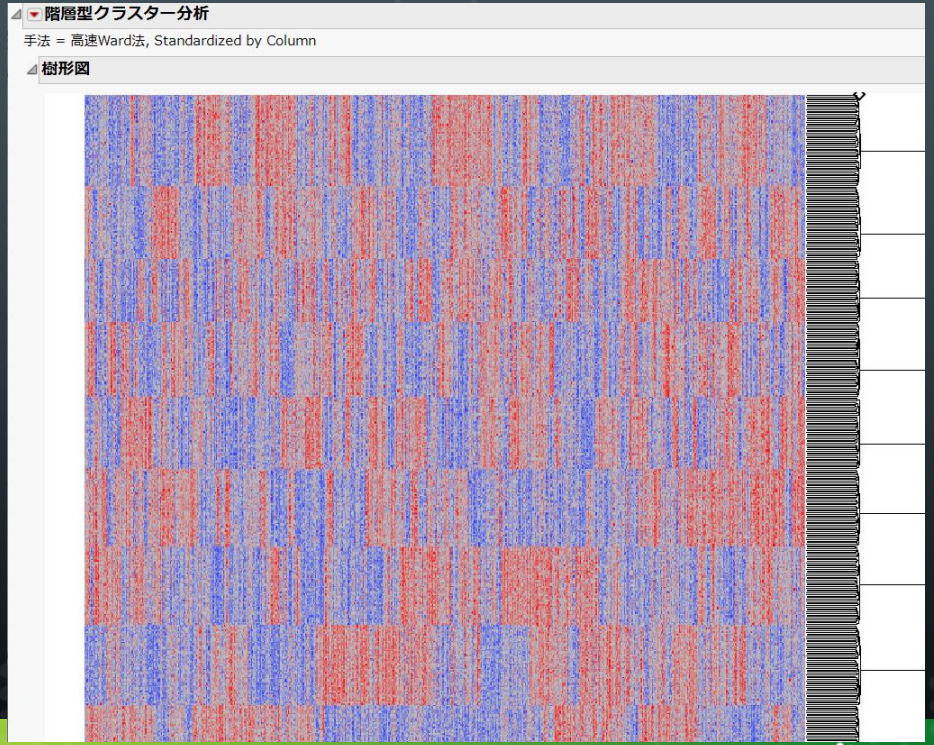
手法によるクラスター分析時間の短縮

- 比較的横長の大きなデータに対して、Hybrid Ward法では通常のWard法より数倍早くなります。



	Y1-2	Y2-3	Y3-4	Y4-2	Y5-3	Y6-1	Y7-3	Y8-2	Y9-2	Y10-1
1	39.34	45.2	74.88	124.21	87.2	10.08	3.45	74.36	119.9	140.82
2	90.06	55.68	167.39	101.33	24.85	56.05	91.62	62.31	53.29	93.33
3	52.72	53.92	88.5	125.92	54.67	54.09	90.63	67.76	101.42	91.43
4	94.45	87.16	91.28	33.98	77.7	79.51	55.36	96.97	105.43	92.78
5	61.29	82.22	95.71	118.93	89	44.73	46.39	50.91	116.73	91.73
6	91.59	56.2	60.81	16.02	119.96	104.53	97.92	129.59	32.84	80.04
7	138.29	28.2	148.03	91.24	58.81	84.14	89.62	66.3	31.21	101.85
8	44.95	79.26	103.86	41.42	28.75	41.6	131.42	15.15	91.57	37.05
9	2.18	110.55	43.78	139.9	76.1	66.15	86.03	67.87	48.12	134.92
10	84.61	87.82	106.92	13.33	113.54	43.06	135.78	107.92	52.26	-10.93
11	45.71	87.5	43.6	133.56	102.62	17.78	69.12	82.25	97.1	114.23
12	102.55	66.05	69.12	39.24	111.45	110.6	77.39	126.79	53.52	129.38

5000列x500行のデータ



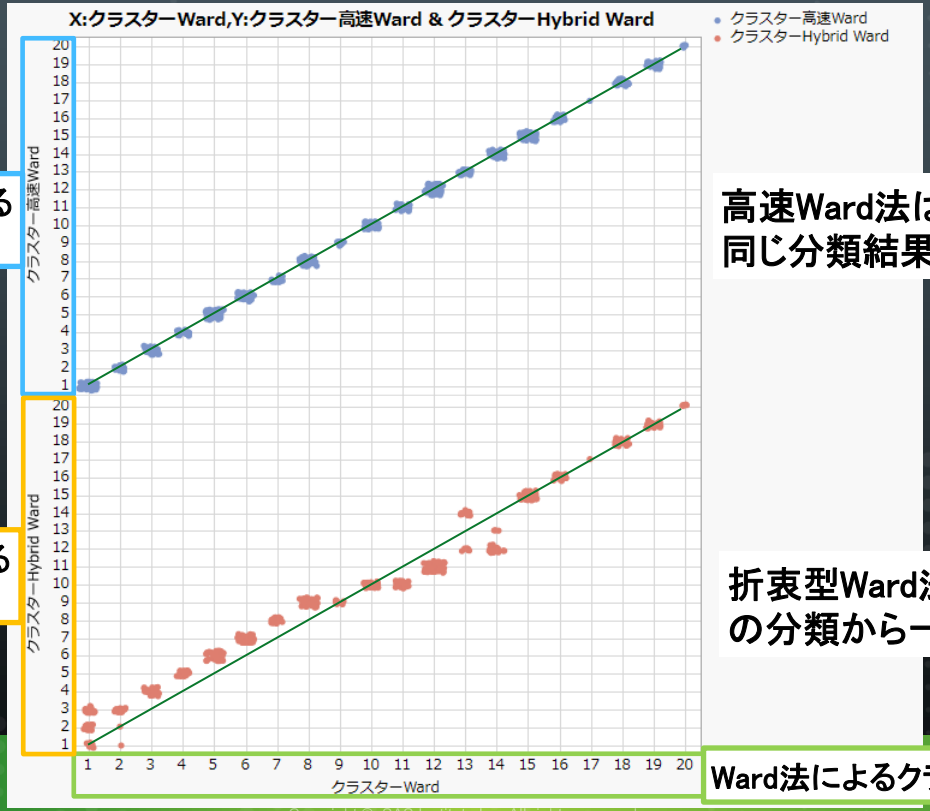
分析時間の例
（変数間クラスターも含めて）
- 通常のWard法：28秒
- 高速Ward法：28秒
- Hybrid Ward：約10秒

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

手法によるクラスター分類の比較

- 折衷型Ward法では、大雑把にして高速化した分通常のWard法による分類から一部ずれます。



高速Ward法による
クラスター分類

高速Ward法は通常のWard法と
同じ分類結果

折衷型Ward法による
クラスター分類

折衷型Ward法では通常のWard法
の分類から一部ずれている

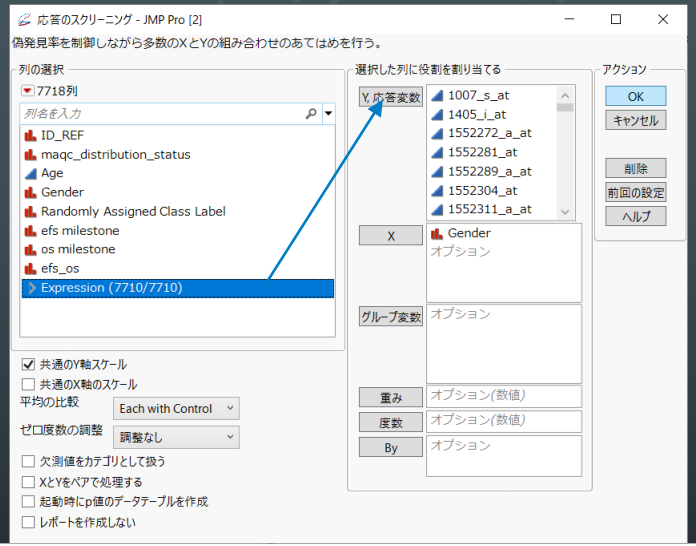
Ward法によるクラスター分類

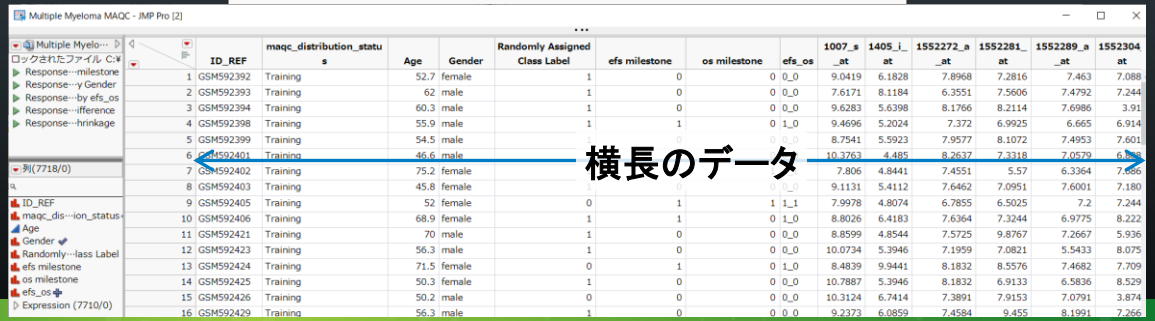
JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION
Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.
jmp

応答のスクリーニングの改善

- JMP17では、因子による応答の差を可視化するボルケーノプロットが表示されるようになりました。
- これまでのJMPでは、マニュアルで数ステップの操作が必要でした。
- [How to Build a Volcano Plot in JMP! - JMP User Community]
- また、横長・大規模データにも対応できるようになりました。

JMP 17に含まれる改善機能(3)





	ID_REF	maqc_distribution_status	Age	Gender	Randomly Assigned Class Label	efs milestone	os milestone	efs_os	1007_s_at	1405_i_at	1552272_a_at	1552281_at	1552289_a_at	1552304_at
1	GSM592392	Training	52.7	female	1	0	0	0_0	9.0419	6.1828	7.8968	7.2816	7.463	7.088
2	GSM592393	Training	62	male	1	0	0	0_0	7.6171	8.1184	6.3551	7.5606	7.4792	7.244
3	GSM592394	Training	60.3	male	1	0	0	0_0	9.6283	5.6398	8.1766	8.2114	7.6986	3.91
4	GSM592398	Training	55.9	male	1	1	0	1_0	9.4696	5.2024	7.372	6.9925	6.665	6.914
5	GSM592399	Training	54.5	male	1	0	0	0_0	8.7541	5.5923	7.9577	8.1072	7.4953	7.601
6	GSM592401	Training	46.6	male	1	0	0	0_0	10.3763	4.485	8.2637	7.3318	7.0579	6.798
7	GSM592402	Training	75.2	female	1	0	0	0_0	7.806	4.8441	7.4551	5.57	6.3364	7.686
8	GSM592403	Training	45.8	female	1	0	0	0_0	9.1131	5.4112	7.6462	7.0951	7.6001	7.180
9	GSM592405	Training	52	female	0	1	1	1_1	7.9978	4.8074	6.7855	6.5025	7.2	7.244
10	GSM592406	Training	68.9	female	1	1	0	1_0	8.8026	6.4183	7.6364	7.3244	6.9775	8.222
11	GSM592421	Training	70	male	1	0	0	0_0	8.8599	4.8544	7.5725	9.8767	7.2667	5.936
12	GSM592423	Training	56.3	male	1	0	0	0_0	10.0734	5.3946	7.1959	7.0821	5.5433	8.075
13	GSM592424	Training	71.5	female	0	1	0	1_0	8.4839	9.9441	8.1832	8.5576	7.4682	7.709
14	GSM592425	Training	50.3	female	1	0	0	0_0	10.7887	5.3946	8.1832	6.9133	6.5836	8.529
15	GSM592426	Training	50.2	male	0	0	0	0_0	10.3124	6.7414	7.3891	7.9153	7.0791	3.874
16	GSM592429	Training	56.3	male	1	0	0	0_0	9.2373	6.0859	7.4584	9.455	8.1991	7.266

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

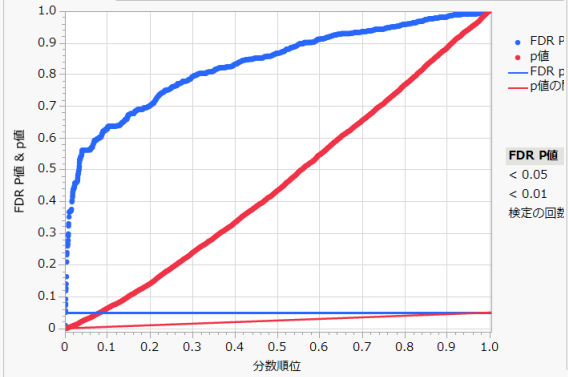
応答のスクリーニングレポートの改善

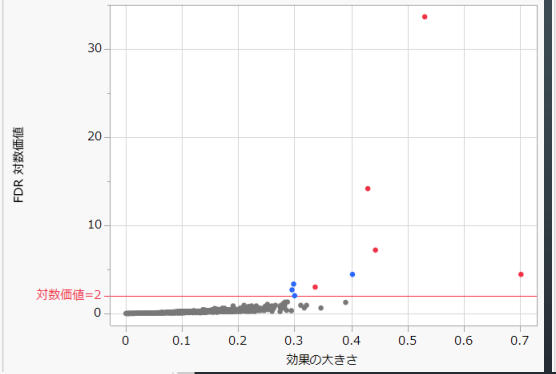
- タブ形式で複数種類のグラフや表を表示することで、大きな差を示す応答が可視化されます。

Multiple Myeloma MAQC - Genderによる応答のスクリーニング - JMP Pro [2]

応答のスクリーニング

FDR P値 プロット | FDR 対数価値 By 効果の大きさ | FDR 対数価値 By R2乗 | 対数価値 By 差





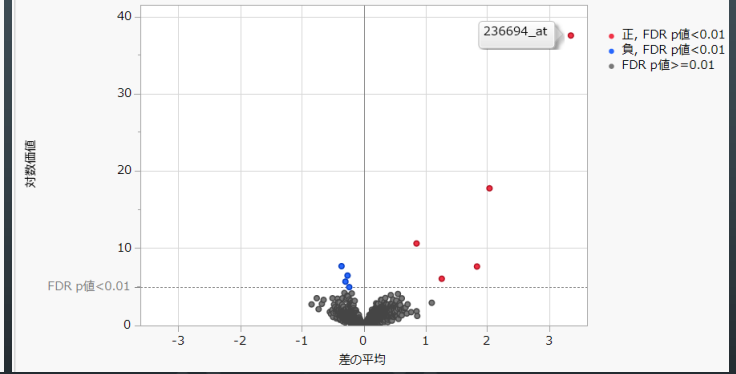
結果の表 | 平均の差

X=Gender

Y	度数	p値	対数価値	FDR P値	FDR 対数価値	効果の大きさ	R2乗
236694_at	220	3.1e-38	37.5125	2.37e-34	33.6255	0.53085	0.5363
244482_at	220	1.8e-18	17.7341	7.11e-15	14.1481	0.42969	0.2976
1570360_s_at	220	2.5e-11	10.5937	6.55e-8	7.1837	0.44326	0.1850
203992_s_at	220	2.19e-8	7.6591	3.748e-5	4.4262	0.40244	0.1341
207918_s_at	220	2.43e-8	7.6143	3.748e-5	4.4262	0.70176	0.1333

ボルケーノプロット

FDR P値 プロット | FDR 対数価値 By 効果の大きさ | FDR 対数価値 By R2乗 | 対数価値 By 差



結果の表 | 平均の差

X=Gender male-female

Y	差	FDR P値	FDR 対数価値
236694_at	3.3518	2.4e-34	33.6255
244482_at	2.03503	7.1e-15	14.1481
1570360_s_at	0.85299	6.55e-8	7.18373
203992_s_at	-0.3614	3.75e-5	4.42625
207918_s_at	1.83171	3.75e-5	4.42625
201210_at	-0.2638	0.00046	3.33401
207912_s_at	1.26141	0.00103	2.98821
201019_s_at	-0.2977	0.00212	2.67435
223037_at	-0.2364	0.0097	2.01342
215735_s_at	-0.3151	0.05011	1.30007
226883_at	-0.1954	0.05216	1.28263
218183_at	0.55175	0.05581	1.25326

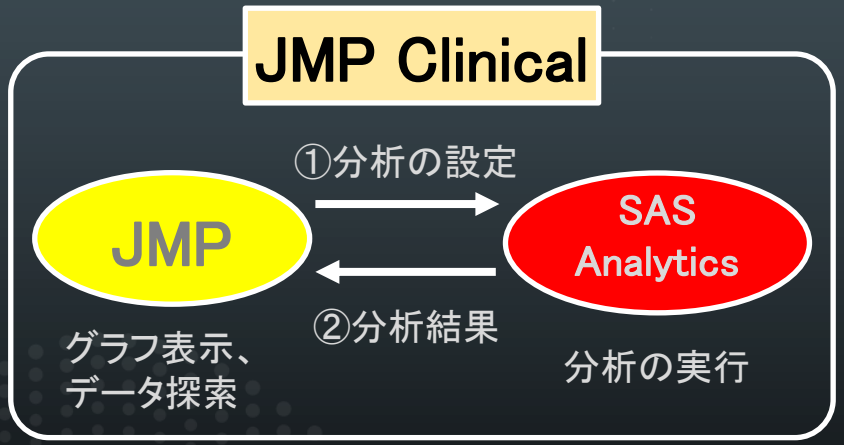
フォレストプロットにより
有意で大きな差の応答が
分かりやすくなりました

JAPAN DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA INSPIRING INNOVATION

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

現行JMP Clinical から JMP Clinical 17への移行

- 現行のSASを伴ったJMP Clinicalは、JMP ProベースのJMP Clinical 17に移行します。
- JMP Clinical 17を使えば、臨床試験データの分析と被験者の遺伝子情報を組み合わせた分析が可能になるかもしれません。



現行JMP Clinical 8.1

JMP Clinical 17

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

まとめ

- JMP Genomicsは廃止されましたが、そのゲノム関連の分析機能の一部は専用メニューまたは現行の分析機能の改善により、JMP/JMP Pro 17に移しこまれました。
- 特に、SAS無しで横長データに対応すべく改善された主成分分析や階層型クラスター分析は、アルゴリズムによる高速処理も実現しました。
- また、JMP Clinical 17もJMP Proベースとなるため、臨床試験データの分析と被験者の遺伝子情報を組み合わせた分析が可能になるかもしれません。

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.

JAPAN
DISCOVERY SUMMIT
EXPLORING DATA
INSPIRING INNOVATION

ご視聴いただきありがとうございました。

https://www.jmp.com/

jmp

Copyright © SAS Institute Inc. All rights reserved.