

ライフサイエンスデータベース統合推進事業(統合化推進プログラム)

平成 28 年度 研究 開発 実施 報告 書

研究代表者 石濱 泰

京都大学 大学院薬学研究科 教授

「プロテオーム統合データベースの構築」

§1. 研究実施体制

(1) 石濱グループ(研究機関別)

① 研究代表者：石濱 泰（京都大学大学院薬学研究科 教授）

② 研究項目

- ・ プロジェクト全体の進行管理
- ・ キュレーションワークフロー開発(全体システム及び翻訳後修飾プロテオミクス)
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」の開発(主に翻訳後修飾プロテオミクス関連)
- ・ Cube集積データベース「Globe」の開発
- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」の開発

(2) 五斗グループ(研究機関別)

① 主たる共同研究者：五斗 進（京都大学化学研究所 准教授(H29.3 より情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター 教授)）

② 研究項目

- ・ 開発サーバー管理運用
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」開発
- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」開発

(3) 荒木グループ(研究機関別)

① 主たる共同研究者：荒木 令江（熊本大学大学院生命科学研究部 准教授）

② 研究項目

- ・ リポジトリシステム開発
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」構築(主にグローバルプロテオミクス関連)
- ・ Cube集積データベース「Globe」構築
- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」(主にヒト疾患対応)

(4) 松本グループ(研究機関別)

① 主たる共同研究者：松本 雅記（九州大学生体防御医学研究所 准教授）

② 研究項目

- ・ キュレーションシステム構築(主にターゲット・プロテオミクス関連)
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」構築(主にターゲット・プロテオミクス関連)
- ・ 集積データベース「Globe」構築

(5) 奥田グループ(研究機関別)

① 主たる共同研究者：奥田 修二郎（新潟大学大学院医歯学総合研究科 テニユア・トラック 准教授）

② 研究項目

- ・ 集積キューブ型データベース「Globe」の開発
- ・ リポジトリシステムの開発

- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」の開発

(6)河野グループ(研究機関別)

- ① 主たる共同研究者： 河野 信（情報・システム研究機構ライフサイエンス統合データベースセンター 特任准教授）
- ② 研究項目
 - ・ サーバー管理運用
 - ・ リポジトリ開発
 - ・ キュレーションワークフロー開発
 - ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」の開発

§2. 研究実施内容

(1) 通期及び本年度の研究開発計画と達成目標

様々な生物種の様々な状態の試料は、質量分析をはじめとする異なる platform で測定され、リポジトリを通じてメタデータとともに jPOST に格納される。格納されたデータはキュレーションワークフローに則って標準化され、プロジェクト毎に Cube に格納され、Globe に集積され、Slice に抽出される。Slice は汎用性の高いものをプリセット DB としてあらかじめセットし、それに加えてユーザーが自由にプロジェクト横断的に Globe をスライスし、目的情報 DB を作製できるようにする。以上のシステムを 3 年間で構築するため、以下の6つの項目を設定する。

- ① サーバー管理・運用
- ② リポジトリシステム構築
- ③ キュレーションワークフロー構築
- ④ プロジェクト別 DB(Cube)構築
- ⑤ 集積キューブ型 DB(Globe)構築
- ⑥ フォーカスト DB(Slice)構築

2 年目の本年度における計画と達成目標を以下に示す。

- (1) サーバーについては、前年度から引き続き、開発サーバーは五斗グループが担当し、運用サーバーは DBCLS 河野グループが管理する。ディスクを増設し、定期的にデータを運用サーバーに移行する。
- (2) リポジトリについては、4 月に国際標準である ProteomeXchange コンソーシアムに正式加入する。コアデータを格納してシステムをカスタマイズする。
- (3) 前年度に設定したリポジトリデータ再解析ワークフローを実装する。
- (4) プロジェクト別 Cube 開発においては、前年度に行った設計に基づき、様々な異なる測定プラットフォームデータ(具体的には、グローバル定量プロテオミクス、翻訳後修飾定量プロテオミクスおよびターゲット定量プロテオミクス)を実装する。
- (5) Globe および Slice 開発においては、設計した RDF スキーマ、オントロジーに基づき設計を行い、またビューワー開発をおこなう。

なお、2年目終了時には、jPOST 全体としてコアデータを格納したプロトタイプで稼働することを達成度の目安とする。

(2) 本年度の研究開発進捗状況

本年度における開発進捗状況の詳細を以下に示す。

- (1) サーバーについては、前年度から引き続き、開発サーバー(五斗グループ)および運用サーバー(DBCLS 河野グループ)を管理し、ディスクを増設した。www.ipost.org および www.ipostdb.org を運用し、リポジトリサイトを公開した。
- (2) リポジトリについては、5 月に公開をはじめ、7 月に国際標準である ProteomeXchange コンソーシアムに正式加入した。2017.3 時点で、コアデータセットを含む 174 プロジェ

クト、19026 ファイル、2.9TB、20 生物種のデータが集積している。リポジトリ部分について *Nucleic Acids Research* 誌に論文として公開した (Okuda et al., *Nucleic Acids Res.*, 45(D1): D1107-1111 (2017))。

- (3) 前年度に設定したリポジトリデータ再解析法(マルチピーク抽出・マルチ検索エンジンを用いる方法)について、結果を統合的にスコアリングする新たな方法を開発し、実装した。さらにスペクトルごとの偽陽性率に基づくフィルタリング法を開発し、Globe へ適用した。
- (4) プロジェクト別 Cube 開発においては、前年度に行った設計に基づき、様々な異なる測定プラットフォームデータ(具体的には、グローバル定量プロテオミクス、翻訳後修飾定量プロテオミクスおよびターゲット定量プロテオミクス)に対応する Cube を実装した。
- (5) Globe および Slice 開発においては、設計した RDF スキーマ、オントロジーに基づき設計を行い、Slice データベースのためのデータスライシング法およびビューワー開発を行った。

以上より、2年目終了時の達成目標である「jPOST 全体としてコアデータを格納したプロトタイプで稼働すること」を達成した。

§3. 成果発表等

(3-1) 原著論文発表

- ① 発行済論文数(国内(和文)0件、国際(欧文)3件):
- ② 未発行論文数(国内(和文)0件、国際(欧文)0件)
- ③ 論文詳細情報
 1. Okuda S, Watanabe Y, Moriya Y, Kawano S, Yamamoto T, Matsumoto M, Takami T, Kobayashi D, Araki N, Yoshizawa AC, Tabata T, Sugiyama N, Goto S, Ishihama Y.: “jPOSTrepo: an international standard data repository for proteomes”, *Nucleic Acid Research, Database Issue*, 45 (D1): D1107-D1111, 2017 (DOI: 10.1093/nar/gkw1080)
 2. Deutsch EW, Csordas A, Sun Z, Jarnuczak A, Perez-Riverol Y, Ternent T, Campbell DS, Bernal-Llinares M, Okuda S, Kawano S, Moritz RL, Carver JJ, Wang M, Ishihama Y, Bandeira N, Hermjakob H, Vizcaíno JA.: “The ProteomeXchange Consortium in 2017: supporting the cultural change in proteomics public data deposition”, *Nucleic Acid Research, Database Issue*, 45 (D1): D1100-D1106, 2017 (DOI: 10.1093/nar/gkw936)
 3. Matsumoto M, Matsuzaki F, Oshikawa K, Goshima N, Mori M, Kawamura Y, Ogawa K, Fukuda E, Nakatsumi H, Natsume T, Fukui K, Horimoto H,

Nagashima T, Funayama R, Nakayama K, Nakayama KI.: Development of large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome. Nature Methods 14, 251-258 (2017):(DOI: 10.1038/nmeth.4116)

(3-2) データベースおよびウェブツール等の構築と公開

別紙1参照。

(3-3) その他の著作物(総説、書籍など)

1. 吉沢明康、どのデータベースを使うか ～データベース検索と配列解析・誤解と難題～、Proteome Letters, 1 (2):63-80, 2016
2. Kobayashi D, Araki N. Cellular biological validation of proteomics data. Proteome Letters 1, 37-43, 2016

(3-4) 国際学会および国内学会発表

① 招待講演 (国内 21 件、国際 3 件)

(国内)

1. 石濱泰、リン酸化プロテオミクスを駆使した創薬キノームプロファイリング、第 371 回 CBI 学会講演会、グランフロント大阪ナレッジキャピタル(大阪市)、2016 年 4 月 22 日
2. 石濱泰、プロテオーム間引き解析と SWATH、第 64 回質量分析総合討論会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪府吹田市)、2016 年 5 月 19 日
3. 石濱泰、高分離能 LC と高分解能 MS のハイファネーションによる超高分離分析システムの実現とその応用、第 76 回分析化学討論会、岐阜大学(岐阜市)、2016 年 5 月 28 日
4. 吉沢明康、ポストだけれど葉書じゃない、タンパクだけれど淡泊じゃない、第 2 回バイオインフォマティクスアゴラ、東京工業大学くらまえホール、2016 年 7 月 15 日
5. 小林大樹、jPOST リポジトリーデータの登録、jPOST workshop 2016、北里大学(東京)
2016 年 7 月 27 日
6. 五斗進、奥田修二郎、渡邊由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、プロテオームデータベース jPOST の開発、日本プロテオーム学会 2016 年大会、北里大学、2016 年 7 月 29 日
7. 荒木令江 “プロテオミクスを基盤としたシステムズバイオロジーの腫瘍研究への応用” 日本プロテオーム学会 2016 年大会 (学会賞受賞講演)、北里大学、2016 年 7 月 29 日
8. 石濱泰、キナーゼ収斂型リン酸化プロテオミクスを用いたシグナルネットワーク解析と分子標的創薬、第 31 回京都がん研究会、京都教育文化センター(京都市)、2016 年 9 月 16 日
9. 石濱泰、キナーゼ収斂型リン酸化プロテオミクスによるシグナルネットワーク解析、第 89 回日本生化学会大会、仙台国際センター(仙台市)、2016 年 9 月 27 日
10. 吉沢明康、実はタンパク質は測定していない ～ プロテオミクスと質量分析法 ～、IIBMP2016(第 5 回生命医薬情報学連合大会)(JSBi(日本バイオインフォマティクス学

- 会)年会)BoF『質量分析インフォマティクス』、東京・台場、2016年9月30日
11. 松本雅記、定量プロテオミクスプラットフォームのためのインフォマティクス、質量分析インフォマティクス研究会・第1回ワークショップ、JST 東京本部(サイエンスプラザ)、東京、2016年10月7日
 12. 奥田修二郎、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST:リポジトリの開発と今後、質量分析インフォマティクス研究会・第1回ワークショップ、JST サイエンスプラザ、2016年10月7日
 13. 荒木令江 病態プロテオミクスの基礎と応用 口腔ブレインサイエンスセミナー2016、九州大学、2016年10月19日
 14. 石濱泰、ヒトプロテオーム解明に向けたプロテオーム 解析法の開発、 第36回キャピラリー電気泳動シンポジウム、徳島大学常三島キャンパス工業会館(徳島市)、2016年11月11日
 15. 石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST の構築、第39回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜(横浜市)、2016年11月30日
 16. 松本雅記、iMPAQT: 組換えタンパク質を利用したタンパク質絶対定量プラットフォーム～がん代謝研究への応用～第4回次世代がんインフォマティクス研究会、岡山大学工学部、2016年12月16日
 17. Masaki Matsumoto, iMPAQT: A platform for large scale targeted proteomics based on in vitro human proteome. 1st-International Symposium of the Kyoto Biomolecular Mass Spectrometry Society. 京都大学、平成29年2月7日
 18. 荒木令江、プロテオミクスを基盤とした統合オミクスによる新規腫瘍マーカーと治療標的の同定、熊本震災復興フォーラム、富士ソフトアキバプラザ(東京)、2017年03月02日
 19. 石濱泰、分離分析の最新技術—high resolution LC-MS/MS をもちいたプロテオーム解析、日本農芸化学会2017年度大会、京都女子大学(京都市)、2017年3月18日
 20. 石濱泰、鞠小路プロテオミクスでつなぐゲノムと疾病、第2回臨床薬学懇話会、京都大学医学部附属病院先端医療機器開発・臨床研究センター(京都市)、2017年3月21日
 21. 石濱泰、Technology-Driven Proteomics、第二回京都皮膚基礎研究会、京都大学医学部臨床研究棟(京都市)、2017年3月31日

〈国際〉

1. Yasushi Ishihama, High Resolution Shotgun Proteomics for Kinome Profiling, 44th international symposium on high performance liquid phase separations and related techniques, Marriott San Francisco Marquis (San Francisco, CA, USA), 2016/06/22
2. Yasushi Ishihama, Slicing Proteomics to Unveil the Human Proteome, 21st International Mass Spec Conference, Metro Toronto Convention Centre (Toronto, ON, Canada), 2016/08/22
3. Yasushi Ishihama, Kinase-centric pharmacoproteomics for molecular-targeting

② 口頭講演 (国内 6件、国際 4件)

〈国内〉

1. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、五斗進、石濱泰、質量スペクトルはデータベース検索“グレーゾーン”を明瞭化するか、第64回質量分析総合討論会、ホテル阪急エキスポパーク、2016年5月18-20日
2. 河野信、荒木令江、プロテオームインフォマティクス&システムズバイオロジー研究への招待、日本プロテオーム学会2016年大会、北里大学、2016年7月28-29日
3. 岡西 広樹、小林 大樹、荒木令江、増井良治、倉光 成紀、生物に広く存在するアシル化修飾の働き:アセチル化、プロピオニル化、スクシニル化日本プロテオーム学会2016年大会、北里大学、2016年7月28-29日
4. 松本雅記、中山敬一、iMAQT: 組換えタンパク質を利用したタンパク質絶対定量プラットフォーム、日本プロテオーム学会2016年大会、北里大学、2016年7月28-29日
5. 奥田修二郎、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、jPOST: リポジトリ、第39回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016年11月30日-12月2日
6. 河野信、生命システムを俯瞰するための質量分析情報解析技術とデータベースの活用、第39回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016年11月30日-12月2日

〈国際〉

1. Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Yuki Moriya, Shin Kawano, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, jPOST for Asia and Oceania: Repository Opened, The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization (AOHUPO) Congress, Sun Moon Lake, 22-23 September 2016
2. Norie Araki, Akiko Niibori-Nambu Silsirivanit A, Yoshimune Yamasaki, Hirokazu Toubou, Hiroki Okanishi, Daiki Kobayashi, “A novel "glyco-niche" signaling as a regulator of the maintenance and differentiation of cancer stem cells was identified by integrated proteomics” The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization (AOHUPO) Congress, Sun Moon Lake, Taiwan, 22-23 September 2016
3. Atit Silsirivanit, Akiko Niibori-Nambu, Minako Nagai, Daiki Kobayashi, Megumi Nagayama, Norie Araki. “O-GlcNAcylation regulates stemness-maintenance and differentiation of glioma stem cells” The 5th International Biochemistry and Molecular Biology Conference 2016 Songkhla, Thailand, May 26-27, 2016

4. Norie Araki, Daiki Kobayashi, Akiko Niibori-Nambu, Hideo Nakamura, Hirokazu Ihn, Jun-ichi Kuratsu, Identification of novel biological targets for NF1-associated tumors by functional integrated-omics and systemsbiology. International Session in The 75th Annual Meeting of the Japanese Cancer Association, Yokohama Japan, 6-8, Oct. 2016,

③ ポスター発表（国内 10 件、国際 14 件）

〈国内〉

1. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡邊由、山本格、松本雅記、高見知世、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、五斗進、石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST: 再解析プロトコルの開発、日本プロテオーム学会 2016 年大会、北里大学、2016 年 7 月 28-29 日
2. Yuki Moriya, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Shin Kawano, Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto and Yasushi Ishihama, jPOST: repository and re-analysis protocol, 第 5 回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2016)、東京国際交流館、2016 年 9 月 29 日-10 月 1 日
3. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、jPOST: 今こんな感じです、トーゴの日シンポジウム 2016、東京大学弥生講堂、2016 年 10 月 5-6 日
4. 奥田修二郎、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、jPOST: リポジトリ始めました、トーゴの日シンポジウム 2016、東京大学弥生講堂、2016 年 10 月 5-6 日
5. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡邊由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、五斗進、石濱泰、jPOST: 再解析考え中です、トーゴの日シンポジウム 2016、東京大学弥生講堂、2016 年 10 月 5-6 日
6. 河野信、守屋勇樹、Tobias Ternent、Juan Antonio Vizcaino、Eric Deutsch、プロテオームメタデータの RDF 化、トーゴの日シンポジウム 2016、東京大学弥生講堂、2016 年 10 月 5-6 日
7. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、jPOST: プロテオームデータベースプロジェクト、第 39 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016 年 11 月 30 日-12 月 2 日
8. 奥田修二郎、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、jPOST: リポジトリ、第 39 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016 年 11 月 30 日-12 月 2 日
9. 吉沢明康、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、jPOST: 再解析プロトコルの開発、第 39 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016 年 11 月 30 日-12 月 2 日

10. 岡西 広樹, 小林 大樹, 荒木令江, 増井良治, 倉光 成紀、バクテリアにおける翻訳後修飾アシル化プロテオミクス、第 39 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016 年 11 月 30 日-12 月 2 日

〈国際〉

1. Yuki Moriya, Shin Kawano, Yu Watanabe, Shujiro Okuda, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, “jPOST: Current Status in 2016”, 15th Human Proteome Organization World Congress, Taipei, 18-21 September 2016
2. Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Yuki Moriya, Shin Kawano, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, “jPOST: Repository Opened”, 15th Human Proteome Organization World Congress, Taipei, 18-21 September 2016
3. Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Yuki Moriya, Shin Kawano, Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, “jPOST: Re-analysis Protocol”, 15th Human Proteome Organization World Congress, Taipei, 18-21 September 2016
4. Shin Kawano, Yuki Moriya, Tobias Ternent, Juan Antonio Vizcaino, Eric Deutsch, “Implementation of flexible search for proteomics metadata”, 15th Human Proteome Organization World Congress, Taipei, 18-21 September 2016
5. Yoshimune Yamasaki, Akiko Nambu, Atit Silsirivanit, Daiki Kobayashi, Akiyasu C. Yoshizawa, Shin Kawano, Norie Araki, “Analysis of the specific molecular networks of cancer stem cells using a novel data integration tool iPEACH”, 15th Human Proteome Organization World Congress, Taipei, 18-21 September 2016
6. Norie Araki, Akiko Niibori-Nambu Silsirivanit A, Yamasaki Y, Toubou H, Okanishi H, Kobayashi D, Functional integrated proteomics identified "glyco-niches" signaling as a regulator of the maintenance and differentiation of cancer stem cells. 15th Human Proteome Organization World Congress, Taipei, 18-21 September 2016
7. Daiki Kobayashi, Takaho Tokuda, Sato Kyosuke, Megumi Nagayama, Mio Hirayama, Sumio Ohtsuki, Norie Araki Interactome analysis identified the specific interaction of TCTP and EF1A2 in Neurofibromatosis type 1 (NF1)-associated tumors 15th Human Proteome Organization World Congress, Taipei, 18-21 September 2016

8. Hiroki Okanishi, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Kim K., Masui R., Kuramitsu, S. A novel post-translational modification: lysine propionylation was identified in bacterial species. 15th Human Proteome Organization World Congress, Taipei, 18-21 September 2016
9. Yuki Moriya, Shin Kawano, Yu Watanabe, Shujiro Okuda, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, “jPOST for Asia and Oceania”: Current Status in 2016, The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization (AOHUPO) Congress, Sun Moon Lake, 22-23 September 2016
10. Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Yuki Moriya, Shin Kawano, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, “jPOST for Asia and Oceania: Repository Opened”, The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization (AOHUPO) Congress, Sun Moon Lake, 22-23 September 2016
11. Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Yuki Moriya, Shin Kawano, Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, “jPOST for Asia and Oceania: Re-analysis Protocol”, The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization (AOHUPO) Congress, Sun Moon Lake, 22-23 September 2016
12. Yoshimune Yamasaki, Akiko Nambu, Atit Silsirivanit, Daiki Kobayashi, Akiyasu C. Yoshizawa, Shin Kawano, Norie Araki, “A Novel Data Integration Tool iPEACH Identified the Specific Molecular Networks of Cancer Stem Cells” The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization (AOHUPO) Congress, Sun Moon Lake, 22-23 September 2016
13. Daiki Kobayashi, Takaho Tokuda, Sato Kyosuke, Megumi Nagayama, Mio Hirayama, Sumio Ohtsuki, Norie Araki, Interactome analysis identified a novel binding manner of TCTP-translation elongation factors in Neurofibromatosis type 1 (NF1)-associated tumors. The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization (AOHUPO) Congress, Sun Moon Lake, 22-23 September 2016
14. Hiroki Okanishi, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Kim K., Masui R., Kuramitsu, S. Lysine propionylation is a novel post-translational modification occurring on many bacterial proteins The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization (AOHUPO) Congress, Sun Moon Lake, 22-23 September 2016

(3-6) 知的財産権の出願

なし

(3-7) 受賞・報道等

① 受賞

1. *日本プロテオーム学会賞、荒木令江、2016年7月29日

② 新聞報道

1. 大学ジャーナル ONLINE、生体内全タンパク質の統合データベースを開発 世界初の横断検索システム始動 京都大学など、2016年5月10日
2. 日経産業新聞、たんぱく質のデータベース 京大など日本版作成、2016年5月11日
3. 京都新聞、生態たんぱく質データベース化 京大など開発、一元管理へ、2016年5月11日
4. 化学工業日報、日本発プロテオーム統合 DB リポジトリ公開アジア唯一の国際標準、2016年6月15日

③ その他の成果発表

1. プロテオーム統合データベースjPOSTを開発～アジア・オセアニア唯一の国際標準データリポジトリをスタート～、2016年5月2日(プレスリリース)

§4. 研究開発期間中に主催した活動(主催したワークショップ等)

年月日	名称	場所	参加人数	概要
2016年4月15日	チーム内ミーティング (非公開)	ウェブ会議	10人	研究進捗報告のためのミーティング
2016年4月17日	共同研究打ち合わせ (非公開)	Ghent 大学	5人	英国 EBI との共同研究に関する打ち合わせ
2016年5月10日	共同研究打ち合わせ (非公開)	ウェブ会議	7人	ProteomeXchange ミーティング
2016年5月23日、 24日	チーム内ミーティング (非公開)	九州大学	10人	研究進捗報告のためのミーティング
2016年5月27日	共同研究打ち合わせ (非公開)	ウェブ会議	7人	ProteomeXchange ミーティング
2016年6月23日	共同研究打ち合わせ (非公開)	ウェブ会議	7人	ProteomeXchange ミーティング
2016年6月30日	チーム内ミーティング (非公開)	ウェブ会議	10人	研究進捗報告のためのミーティング
2016年7月8日	チーム内ミーティング (非公開)	京都大学	10人	研究進捗報告のためのミーティング
2016年7月15日	チーム内ミーティング (非公開)	東工大サテライト	5人	研究進捗報告のためのミーティング
2016年7月20日	共同研究打ち合わせ	ウェブ会議	7人	ProteomeXchange ミーティング

	(非公開)			ーティング
2016年7月27日	チーム内ミーティング (非公開)	北里大学	10人	研究進捗報告のための ミーティング
2016年7月27日	jPOST シンポジウム	北里大学	40人	jPOST を中心としたオ ミクス DB についてのシ ンポジウム
2016年7月28日	Technological Advances in Proteomics	北里大学	100人	日本プロテオーム学会 でのシンポジウム
2016年7月29日	Post-Translational Modifications	北里大学	100人	日本プロテオーム学会 でのシンポジウム
2016年7月29日	Informatics and Systems Biology	北里大学	50人	日本プロテオーム学会 でのシンポジウム
2016年8月30日	チーム内ミーティング (非公開)	ウェブ会議	5人	研究進捗報告のための ミーティング
2016年9月8日	共同研究打ち合わせ (非公開)	ウェブ会議	7人	ProteomeXchange ミ ーティング
2016年10月7日	チーム内ミーティング (非公開)	JST サイエ ンスプラザ	10人	研究進捗報告のための ミーティング
2016年10月7日	質量分析データ解析 のための計算化学	JST サイエ ンスプラザ	70人	質量インフォマティクス 研究会・第1回ワークシ ョップ
2016年10月19日	チーム内ミーティング (非公開)	ウェブ会議	3人	研究進捗報告のための ミーティング
2016年11月4日	チーム内ミーティング (非公開)	ウェブ会議	10人	研究進捗報告のための ミーティング
2016年11月30日	生命システムを俯瞰 するための質量分析 解析技術とデータベ ースの活用	パシフィコ 横浜	150人	分子生物学会でのシン ポジウム
2016年12月15日	チーム内ミーティング (非公開)	ウェブ会議	10人	研究進捗報告のための ミーティング
2017年1月4日、5 日	チーム内ミーティング (非公開)	京都大学	10人	研究進捗報告のための ミーティング
2017年1月17日、 18日	チーム内ミーティング (非公開)	京都大学	10人	研究進捗報告のための ミーティング
2017年2月16日	チーム内ミーティング (非公開)	ウェブ会議	10人	研究進捗報告のための ミーティング
2017年2月24日	質量分析研究に於け る情報処理の現在と 今後	JST サイエ ンスプラザ	80人	質量インフォマティクス 研究会・第2回ワークシ ョップ
2017年2月25日	チーム内ミーティング (非公開)	東工大サテ ライト	5人	研究進捗報告のための ミーティング
2017年2月28日 ～3月2日	チーム内ミーティング (非公開)	新潟大学	10人	研究進捗報告のための ミーティング
2017年3月14日	チーム内ミーティング (非公開)	ウェブ会議	10人	研究進捗報告のための ミーティング

以上

別紙1 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	研究開発課題名	正式名称	別称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文 (本紙論文リストに記載 があれば、その番号でも)
1	プロテオーム統合データベースの構築	JPOST	Japan ProteOme STandard Repository/Database	本DBは、国内外に散在している種々のプロテオーム情報を標準化・統合・一元管理し、データベース化したもので、多彩な生物種の翻訳後修飾や絶対発現量等の情報まで網羅したプロテオーム統合データベースです。リポジトリパート、再解析パート、データベースパートからなり、2017年3月現在はリポジトリパートのみを先行させて公開しています。	http://jpostdb.org/	2015/8/24	維持・発展	データ ベース等	
2	プロテオーム統合データベースの構築	JPOSTre po	Japan ProteOme STandard Repository	ユーザによる質量分析の生データ、ピークリスト、解析データを登録するためのリポジトリ。ProtemoeXchange (PX) Consortiumに加盟し、登録ユーザが論文投稿する際に必要となるPX IDを発行する。	https://repository.jpostdb.org/	2016/5/2	維持・発展	データ ベース等	原著論文1