

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)

研究開発中間報告書

「プロテオームデータベースの機能深化と連携基盤強化」

石濱 泰 | 京都大学 大学院薬学研究科 教授



©2019 石濱 泰(京都大学) Licensed under CC BY 4.0

§1. 研究開発実施の概要

日本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、多彩な生物種・翻訳後修飾・絶対発現量も含めた横断的統合プロテオームデータベース jPOST (Japan ProteOme Standard Repository/Database)を開発する。

2015-17年の第1期の開発では、PXC 加入をはじめとする国際的に通用するリポジトリおよびデータベースとしての足場を築くとともに、再解析部における jPOST スコアの開発により、他のプロテオームデータ基盤にはない精度の高いデータ標準化機能を付与することに成功した。これにより、世界各国より、続々とデポジットされるデータについて必要なもののみを選別して高精度解析することが可能となった。2018-22年の第2期には、第1期の機能を深化させ、より幅広いプロテオームデータの受け皿となる機能を開発することを目的とした。具体的には、より多様な LC-MS データ(例えば、SRM モード、DIA モードで取得したデータ)や、今後開発されてくる LC-ion mobility-MS データに対する対応を行う。さらには、MS データ以外のプロテオームデータ、特にシグナル伝達研究で汎用性の高い PhosTag などを用いた電気泳動データのデータベース化を行う。また、今後巨大なデータが産出されるであろう国際プロジェクト International Cancer Proteogenome Consortium (ICPC)のデータ取り込みや再解析、PXC メンバー間のデータミラーリング、スペクトルライブラリー検索を下支えする世界共通スペクトル ID システム(PXC を中心にして開発中)に対する対応などを行う。それとともに、他のオミクスとのデータ連携により、シグナル伝達ネットワークや代謝ネットワーク等へのマッピングを通じ、生体分子による細胞機能、生命機能の解明に直接結びつくような解析基盤データベースの構築を目指す。具体的には、ゲノム変異情報を積極的に利用したプロテオゲノム解析、腸内細菌叢等の多生物がおりなすメタプロテオームについて、メタゲノム情報を利用したメタプロテオゲノム解析を行うとともに、メタボロミクス、グライコミクス、リポミクス等についてもその情報を取り込みながら、様々な生化学反応ネットワーク上にマッピングするデータベースツールを開発する。これらのデータには常に詳細/有用なアノテーションとメタデータを応用可能な状態で付随させる。これらの試みによって、生物が異なっても、共通の生命メカニズムを理解することに役立ち、そのいかなる破綻が生物の異常(病態)状態を惹起するのかということをも詳らかにすることができる。

開発終了後に創出されたデータベースは、全ての生命科学分野、情報科学分野、創薬や臨床分野、工学および食品分野などへ応用可能であり、様々な研究や開発が分野を跨いで学際的に展開される可能性がある。「タンパク質」および「プロテオーム」情報は、生命を分子レベルで理解する上で必須の素子であることには疑問の余地はない。より精度の高い、高質なプロテオーム情報を、より網羅的に、よりエンドユーザーフレンドリーに提供することにより、開発者が想像しえないレベルでの革新的な利用が期待できる。そのためには、開発期間を通じて常に幅広いユーザーの声を聴くことが重要であり、そのために必要な積極的な広報や情報交換のためのアクション(異分野の学会でのブース出展や出張ワークショップの開催など)を行っている。

§2. 研究開発実施体制

1. 各グループの担当項目

(1) 「石濱」グループ(研究代表者グループ)

再解析ワークフローの機能強化と新機能開発を主として担う。具体的には jPOST スコアの確立、ワークフローの全自動化、グライコプロテオミクス・プロテオゲノミクスデータの再解析、メタゲノム配列データベースの整備を行い、他のグループと協力してスペクトルライブラリ検索ツール、新規パスウェイ解析ツール、メタプロテオゲノミクスデータのタキソミー解析ツールの開発およびサーバーのクラウド化検討を行う。

(2) 「奥田」グループ(主たる共同研究者グループ(1))

リポジトリの機能強化と新機能開発を主として担う。具体的には、Help 機能の充実、PXC の XML 対応、データの修正に対する対応、大規模メタデータ一括インポートシステムの開発を行う。さらに、ターゲット定量プロテオミクスデータ対応、グライコプロテオミクスデータ対応を行い、他のグループと協力して NBDC アーカイブとの連携模索、サーバーのクラウド化を検討する。メタゲノム配列データベースの整備、新規パスウェイ解析ツールの開発も行う。

(3) 「松本」グループ(主たる共同研究者グループ(2))

定量プロテオミクスデータベースおよびスペクトルライブラリ検索ツールの開発を主として担う。具体的には、スペクトルのクラスター化とライブラリー検索ツールを開発し、他のグループと協力して Proteoform 解析ツール、絶対量やバリエーション選択的なスライスデータベースを開発する。メタボロームや他のオミクスデータの取込とマルチオミクススライスデータベースを整備し、さらに奥田 G と協力して、ターゲット定量プロテオミクスデータに対応したリポジトリを作成する。

(4) 「荒木」グループ(主たる共同研究者グループ(3))

データベースキュレーションの深化と強化を主として担う。具体的には、メタボローム・プロテオゲノミクス等の他のオミクスデータに対応する。他のグループと協力して、プロテオゲノミクス用スライスデータベース、大規模メタデータ一括インポートシステム等の開発を行う。メタデータや実験プロトコルを発表するための論文誌を発行し、リポジトリに登録されたデータに基づく論文とペアになる実験条件に関する論文をデータ取得者に発表してもらう仕組みをつくる。

(5) 「河野」グループ(2020 年～、2019 年度までは「五斗」グループ)(主たる共同研究者グループ(4))

データベースツールの深化およびオントロジーの強化を主として担う。具体的には、オントロジーを充実させ、プロテオゲノミクスデータ・マルチオミクスデータに対して対応する。また、他のグループと協力して Proteoform 解析ツール、タンパク質間相互作用スライスデータベース、パスウェイ解析ツール等の開発を行う。他のオミクスデータの取込とマルチオミクスデータベースの整備をおこない、NBDC アーカイブ DB との連携を模索する。

2. 有識者会議等

(1) 会議概要

名称	外部有識者会議
目的	様々なニーズを把握するため、外部有識者会議として、日本プロテオーム学会の理事の先生方を中心として、20名(アカデミア、製薬企業研究者、機器メーカー研究者を含む)に委員を委嘱し、年2回程度会議を行い、開発状況を報告し、意見をうかがうこと。
委員数	20人

(2) 開催歴

年月日	場所	主な議題・指摘事項等
2018年5月16日	ホテル阪急エキスポパーク	jPOST 開発の進捗報告と委員からのご意見聴取: jPOST への学会からの財政サポートの困難さの指摘
2019年1月8日	東京工業大学キャンパスイノベーションセンター東京501会議室	jPOST 開発の進捗報告と委員からのご意見聴取: JPDM 創刊についての問題点指摘
2019年7月25日	宮崎シーガイアコンベンションセンター クリスタル	jPOST 開発、JPDM の進捗報告と委員からのご意見聴取: JPDM の意義についての質疑多数。
2020年1月31日	東京工業大学キャンパスイノベーションセンター東京501会議室	jPOST 開発, JPDM の進捗報告と委員からのご意見聴取: 国際展開についての現状についての議論。
2020年10月24日	オンライン開催	jPOST 開発, JPDM の進捗報告と委員からのご意見聴取: 主として報告のみ。

§3. 研究開発の目的、実施内容及び成果

1. 研究開発対象のデータベース・ツール

(1) データベース

主要なもの

正式名称	略称	概要
Japan Proteome Standard Repository/Database	jPOST	https://jpostdb.org

上記以外のもの

正式名称	略称	概要
Japan Proteome Standard Repository	jPOSTrepo	https://repository.jpostdb.org/
Japan Proteome Standard Database	jPOSTdb	https://globe.jpostdb.org/
jPOST repository demonstration		https://rep-demo.jpostdb.org/
jPOST repository development		https://rep-dev.jpostdb.org/
jPOST database development		https://rep-db.jpostdb.org/
iMPAQT		http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/

(2) ツール等

正式名称	略称	概要
PRESTO		https://github.com/PrestoTools/
iMPAQTquant		http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html

※データベース、ツールの詳細は別紙参照。

2. 達成目標及び実施計画

(1) 当初の実実施計画・達成目標

本研究で提案するプロテオーム統合データベース jPOST は、リポジトリ部、再解析部およびデータベース部からなる。このうちデータベースは図 1 に示す3つの DB (Cube, Globe, Slice) から構成される。

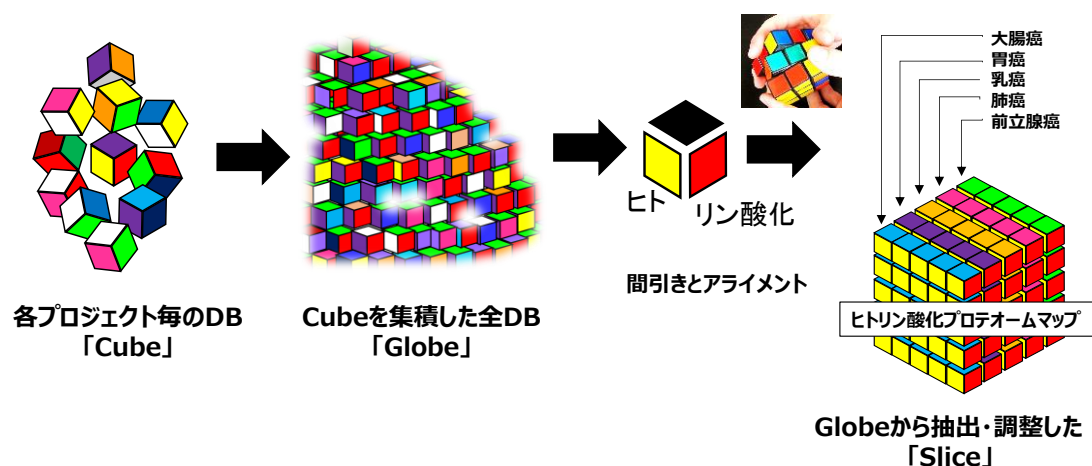


図1 jPOST database における各データベースの構成

ある生物種の、ある生命現象に注目して、ある研究機関で取得されたプロテオーム情報は標準化されたのち、それぞれの Cube に格納される。それぞれの Cube は集積・統合され、Globe となる。それぞれの Cube には様々なタグ(例えば生物種タグや翻訳後修飾タグ)が付与されている。Globe 中から、あるタグの組み合わせを持った Cube を抽出し、再構成し、調べたいプロテオーム情報を調整したものが Slice である。一例として、生物種タグとしてヒト、翻訳後修飾タグとしてリン酸化を選び、それを有する Cube を Globe から抽出し、ルービックキューブのように「ヒト」面(黄色)と「リン酸化」面(赤)がそろそろようになると、研究機関や測定プラットフォームの違いを横断して、がん種別にそのリン酸化プロテオーム情報をヒトがんリン酸化プロテオーム Slice として抜き出すことが可能となる。

次に、プロテオーム試料から jPOST 格納までの流れを図 2 に示す。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再解析ワークフローに則って標準化され、上述の通りプロジェクト毎に Cube に格納され、Globe に集積され、Slice に抽出される。ユーザーは、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。また、ユーザーは、これらのスライスしたデータを外部にエクスポートすることも可能であり、手持ちのデータと組み合わせで解析できる。第 1 期の開発では、リン酸化データおよび絶対量定量データの解析にフォーカスしたデータ可視化ツールを開発し、2018 年 3 月に一般公開した。

第 2 期となる本研究では、最初の 3 年間で 5 研究開発テーマ、21 タスクについて目標を達成する。

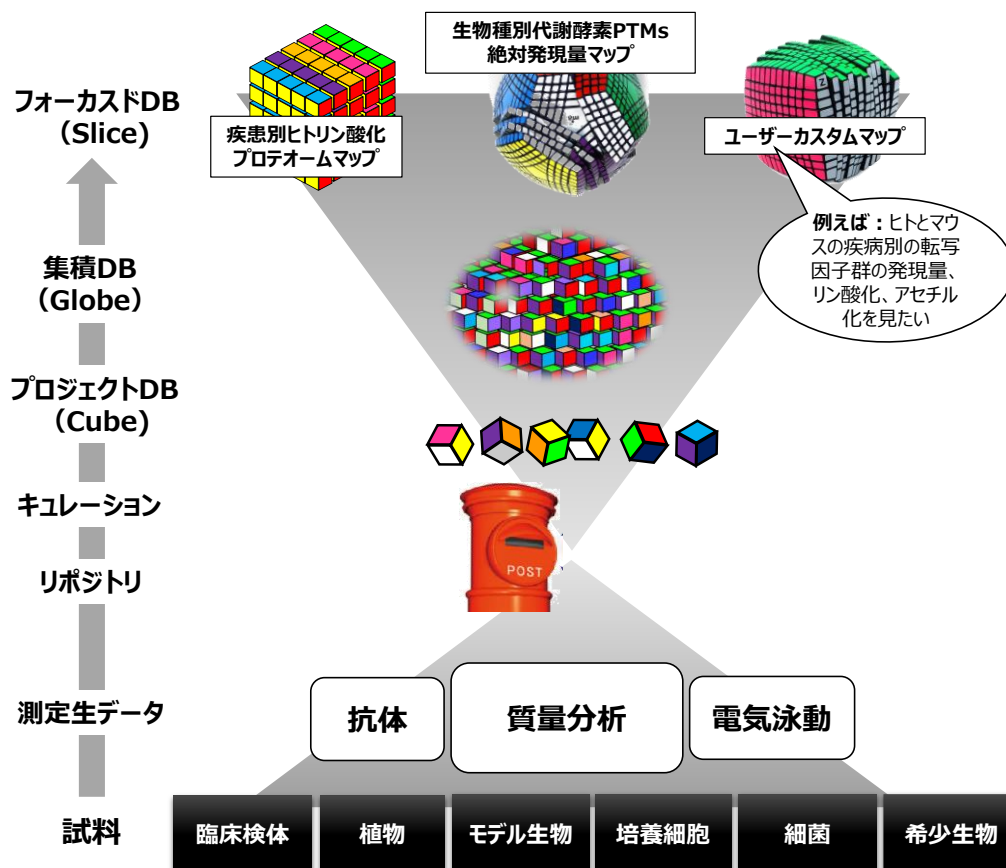


図2 試料から jPOST-SliceDB までのデータの流れ

(1) リポジトリの機能強化と新機能開発

達成目標:リポジトリの現機能を深化させ、登録数 100 プロジェクト/年を達成するとともに、新たな形式のデータセットに対する機能を付加させる。

PXC メンバーである jPOST リポジトリは、その国際的な知名度や高速アップローダー PRESTO システムにより、毎月 8-10 プロジェクト程度のデータデポジットが見込める。したがって、3 年間で 300、5 年間で 500 プロジェクトという目標は十分に達成可能であると考ええる。国際的にアピールするため、HUPO 国際大会への参加や国際学会(2018 年 5 月に大阪でアジアオセアニア HUPO が開催予定:実行委員長:石濱(代表研究者))での jPOST セッションなどを積極的に行う。また、MS データだけではなく、PhosTag 電気泳動データのようなウェット研究者のニーズに合ったリポジトリを設計し、ユーザー層の拡大を検討する。リポジトリの管理は奥田 G が行う。

すでに糖鎖統合データベースプロジェクト(代表:木下聖子)において開発中の複合糖鎖リポジトリデータベース GlyComb において、糖鎖プロテオミクスの質量分析データのリポジトリ部分を GlycoPOST という名称で開発している。この GlycoPOST は、すでに開発されている質量分析データのリポジトリである jPOST リポジトリの機能を流用することで、質量分析データリポジトリ開発におけるノウハウを共有でき、開発期間の短縮が可能となる。同時に、登録される糖ペ

プチドの ID やメタ情報を API で参照し、共有することで糖ペプチドにおけるペプチド情報と糖鎖構造との対応をはかるようにする。奥田 G が中心となって行う。

現在、世界各国で臨床検体を用いた大型プロテオミクスプロジェクトが立ち上がっている。これらは、それぞれ独自の生データリポジトリおよび解析結果に関するデータベースを作っているところが多いが、プロジェクト間でのデータ共有の必要性から PXC にデータを蓄積することが検討されている。これらの巨大データを一度にデポジットするためのシステムが必要である。さらに、PXC リポジトリ間でのデータ共有 (ミラーリング) も検討課題となっており、少なくとも重要なプロジェクトデータについては、ミラーリングが進むと考えられる。これらに対応したリポジトリシステムを奥田 G が中心となって構築する。サーバーのクラウド化や NBDC アーカイブとの連携も模索し、長期的に維持可能なシステムへの移行を図る。

現在 jPOST リポジトリはデータ依存性取得 (DDA) モードのデータ形式にしか対応しておらず、他のモードで測定されたデータについては、ただ保管しているだけという状態である。データ非依存性取得 (DIA) モードでの測定データは増加傾向にあり、SRM データとともに PXC-complete submission に対応したフォーマットでのリポジトリシステムを構築する。これについては松本 G を中心に、奥田 G が協力して開発する。

(2) 再解析ワークフローの機能強化と新機能開発

達成目標: jPOST スコアを用いた再解析ワークフローの確立と自動化を行うとともに新たなオミクスデータに対する機能を開発する。

グライコミクスに関連し、糖ペプチドのペプチド部を解析する再解析ワークフローを確立する。糖鎖修飾サイト情報を高精度で同定するため、jPOST スコアの最適化を行う。また、プロテオゲノミクスでは、その試料のゲノム情報が同時に利用可能な場合と一般的なゲノム情報を用いる場合にわけ、ゲノム配列に対して MSMS スペクトルの照合を行うプロテオゲノミクス解析を行う。サーチ空間が広がるため、一般的に偽陽性率が上昇するが、jPOST スコアを用いた高精度解析を組み合わせることにより、偽陽性率を厳密にコントロールする。さらに、多生物種を含むプロテオーム解析を行うにあたっては、複数生物のゲノムデータベースを効率的に組み合わせることにより、メタプロテオーム解析を行う。これについても偽陽性ヒットをいかに抑制するかがキーとなるため、jPOST スコアを中心に複数の手法を組み合わせながら最適化をはかる。これらについては、石濱 G が中心となり、ゲノムデータ解析については奥田 G と協力しながらすすめる。

タンパク質配列データベースに対して、MSMS スペクトルを照合する従来のタンパク質同定法に加えて、あらかじめ配列の分かっているペプチドの MSMS スペクトルを取得し、それをライブラリ化したのち、実測の MSMS スペクトルと照合することによりペプチドを同定する方法 (スペクトルライブラリー検索) が発展しつつある。この手法では、良質なスペクトルをいかに集積するかがキーであり、jPOST リポジトリのような大規模なスペクトルライブラリーを有するシステムに適している。PXC では、すべてのスペクトルにユニークな ID を付与し、世界規模のスペクトルライブラリーの構築を検討している。これに対応したシステムを開発し、jPOST が有するゲノム規模の組換えタンパク質由来スペクトルや合成ペプチドライブラリー由来のスペクトルを用いたライブラリー検索システムを構築する。スペクトル照合には jPOST スコアを用いて、偽陽性含有率をコントロールする。これについては、松本 G が中心となり、石濱 G が協力して進める。

ワークフローの自動化・一般化について、複数のサーチエンジン、複数のピーク抽出アルゴ

リズムを組み合わせ、jPOST スコアで偽陽性率のコントロールを行う手法を完全に自動化するワークフローを確立し、jPOST サーバー内で稼働させる。一方、このシステムを外部に向けて無償公開し、自由に DL 可能にするとともに、ファイルサイズに上限を設けたウェブ検索システムを立ち上げる。これについては石濱 G が中心となり進める。

(3) データベースツールの深化とプロテオゲノミクスデータの可視化およびネットワーク解析ツールの開発

達成目標: データベースツールの深化とプロテオゲノミクスデータの可視化およびネットワーク解析ツールの開発を行う。

ネットワーク解析ツール開発に加え、マルチオミクス解析、プロテオゲノミクス、メタプロテオゲノミクスに対応したスライスデータベースを作成する。スライスデータベースについて、シグナル伝達パスウェイや代謝ネットワークなどの生化学反応マップにデータを貼り付けるツール開発を行う。これについては、ゲノム変異データやメタボロームの変動データなど、マルチオミクスに対応したデータ入力ができるようにする。さらに、多生物に対応した各種マップについても用意する。既知パスウェイ情報のみでは限界があるため、タンパク質相互作用マップ等を利用した未知パスウェイに対する解析ツールを新たに開発する(奥田 G が中心)。ユーザーのニーズ調査が重要であるため、関連学会やキーパーソンへのインタビューなどを行いながら、より多くのニーズに対応した解析ツールの開発をおこなう。これについては河野 G (旧五斗 G) が中心になって検討する。

jPOST のユニークさ、優位性を強調するため、絶対量やバリエーション選択的なスライスデータベースを作成する。さらにタンパク質相互作用データベースや proteoform にフォーカスしたツールとデータベース開発を行う。これは河野 G (旧五斗 G) および松本 G が中心となりすすめる。

(4) オントロジーの深化と強化

達成目標: HUPO-PSI と連携しながらオントロジーの更なる整備とプロテオゲノミクス対応を行う。

プロテオゲノミクス、マルチオミクス(メタボロミクス、リピドミクス)に対応したオントロジーの整備を行い、他の生命科学データベースとの連携を図る。PXC はメタボローム分野との連携を開始しており、MetabolomeXchange とファイルフォーマットの共有を目指している。この動向もみながら、河野 G (旧五斗 G) が中心になって検討する。

(5) キュレーションの深化と強化

達成目標: プロテオゲノミクス・マルチオミクスに対応したメタデータキュレーションを検討する。

プロテオゲノミクス・マルチオミクス対応およびキュレーション半自動化ワークフローの開発を行う。リポジトリユーザーによるメタ情報入力について、プロテオゲノミクスやマルチオミクスに対応したシステムの構築を行う。同時に再解析対象データセットに対し、マニュアルキュレーションによりメタデータの整理をおこなう。3年目以降、蓄積した経験知を元にして、マニュアルキュレーションを最大限自動化するシステム構築をおこなう。これについては荒木 G が中心となり行う。リポジトリ部については奥田 G と協力しながら進める。さらには、登録データセットが

公開になったタイミングで、用いた手法(プロトコル)とデータを論文として公開するための学術誌「Proteome Data & Methods」の創刊を日本プロテオーム学会と協力しながらすすめる。これにより、良質なメタデータが自動的に付与されるシステムを構築でき、jPOST の持続的な維持体制構築に貢献できる。

(2) 期間中に追加・削除・変更した実施計画・達成目標

4年目以降に計画していた NBDC アーカイブとの連携について、NBDC のご協力により、定期的なデータ移行が 2019 年度から始まり、計画の前倒しにつながった。jPOST プロジェクトの定期的なサーバー更新の呪縛から逃れることが可能となり、システムの永続性へ大きなステップとなった。また 4 年目以降に計画していたデータジャーナル創刊についても、JST-J-Stage のジャーナルコンサルティング対象として 2018, 2019 年度採択していただき、こちらについても 2019 年 9 月に創刊を達成した。

2020 年度から五斗 G (DBCLS) を河野 G (富山国際大) に変更した。これは、本プロジェクトの資金提供元である NBDC とその提供を受けて研究を行っている DBCLS の関係がある中で、DBCLS が重複して NBDC から jPOST のための資金を受け取ることが利益相反になる可能性があるとの指摘を受けたためである。第 1 期開始時には五斗 G は京都大学化学研究所所属だったため、採択時には特に問題にならなかった、その後、五斗教授が DBCLS に異動され、さらに昨年度、副センター長に就任されるなど、DBCLS 内での立場・責務が増してきたことから、今回、利益相反の可能性を除外するため、もともと DBCLS 所属で五斗 G 所属であった河野信博士の富山国際大学への異動にともない、G の機能はそのままに五斗 G を河野 G に変更した。国立遺伝学研究所内の DBCLS エリアのサーバー管理については、新たにメンバーを追加することにより対応した。

3. 実施内容

(1) 実施内容

当初計画したタスクについての進捗状況および担当 G を表 1 に示す。

表 1 2020 年度までの研究開発項目と進捗状況

研究開発テーマ	タスク	担当グループ	2018	2019	2020	
リポジトリの機能強化 と新機能開発	Help機能の充実	奥田G	■			終了
	PXCのXML対応	奥田G	■			終了
	データの修正に対する対応	奥田G	■	■		終了
	大規模メタデータ一括インポートシステムの開発	奥田G、荒木G		■	■	終了
再解析ワークフローの 機能強化と新機能開 発	SRM, PRM, DIAデータ対応	奥田G、松本G		■	■	進行中
	グライコプロテオミクスデータ対応	奥田G		■	■	終了
	jPOSTスコアの確立	石濱G	■	■	■	終了
	ワークフローの全自動化	石濱G	■	■	■	進行中
データベースツールの 深化とプロテオゲミク スデータの可視化およ びネットワーク解析ツ ールの開発	グライコプロテオミクスデータの再解析	石濱G		■	■	進行中
	プロテオゲミクスデータの再解析	石濱G	■	■	■	進行中
	メタゲム配列データベースの整備	奥田G、石濱G	■	■	■	進行中
	Proteomeform解析ツールの開発	河野G (旧五斗G)、松本G	■	■		終了
オントロジーの深化と 強化	タンパク質間相互作用スライスデータベースの開発	河野G (旧五斗G)、松本G		■	■	進行中
	絶対量やバリエーション選択的スライスデータベースの深化	松本G、河野G (旧五斗G)		■	■	進行中
	プロテオゲミクス用スライスデータベース	河野G (旧五斗G)、荒木G	■	■	■	進行中
	既知/新規パスウェイ解析ツールの開発	奥田G、石濱G	■	■	■	進行中
キュレーションの深化と 強化	オントロジーの充実	河野G (旧五斗G)	■	■	■	終了
	プロテオゲミクスデータに対する対応	河野G (旧五斗G)	■	■	■	進行中
	メタボロームデータ対応	荒木G、松本G	■	■	■	進行中
	プロテオゲミクスデータ対応	荒木G、松本G	■	■	■	進行中
	専門論文誌の発行	荒木G、石濱G、河野G (旧五斗G)	■	■	■	進行中

基本的にはすべてのタスクについて開発は順調に進行している。以下、詳細を述べる。

(1)リポジトリの機能強化と新機能開発:

リポジトリでは ProteomeXchange での共通ルール化に伴って、データ修正対応や XML 対応を行った。また大規模メタデータの一括処理機能を開発し、公開した。リポジトリ登録数は目標としていた年間 100 プロジェクトを大きく上回り、2019 年度は 163 プロジェクト(日本 104, アジア 17, アメリカ 17, 欧州 24)が登録された。2017 年度 108 プロジェクト, 2018 年度 148 プロジェクトなので、順調に知名度は上がってきていると思われる。国際的な動向調査を目的とし、HUPO2018 国際大会へ参加し、国際学会(2018 年 5 月に大阪でアジアオセアニア HUPO を開催:実行委員長:石濱(代表研究者))での jPOST セッションを企画、開催した。さらにサテライトイベントとして、PXC パートナーである EBI-PRIDE とジョイントで International proteogenome workshop in Kyoto を開催した。HUPO2019(豪・アデレード、9 月開催)、アジアオセアニア質量分析学会(2020.1 マカオ)へ参加し、またユーザー層の拡大を目的とし、国内学会(JPrOS2019 (7 月、宮崎))での jPOST セッションなどを積極的に行った。さらに HUPO Proteomics Standards Initiative (PSI)のハッカソンが日本で開催され(8 月、柏)、メタデータ関連の国際調和をはかった。計画を前倒しし、2019 年度に NBDC アーカイブへの定期的なデータ移行を行い、さらに三島 DBCLS の jPOST サーバーを遺伝研管理下に移行した。

(2)再解析ワークフローの機能強化と新機能開発:

再解析ワークフローも jPOST スコアを含めほぼ完成し、大規模再解析プランのための完全自動システムの開発を行った。これは 2020 年度中に終了予定である。PXC の再解析データ登録第一号として jPOST データを登録した。プロテオゲノミクスでは、その試料のゲノム情報が同時に利用可能な場合と一般的なゲノム情報を用いる場合にわけ、ゲノム配列に対して MSMS スペクトルの照合を行うプロテオゲノミクス解析を行うこととした。DB-KERO との連携を模索し、KERO の標準試料(肺がん細胞 26 株)についてのプロテオーム測定を行い(これは本プロジェクト以外の予算で行った)、このデータセットを用いて、種々の検討を行うこととした。今期は 6 細胞株のゲノミクス及びプロテオミクスのデータを用いて jPOST スコアを用いた検討を開始した。さらに、多生物種を含むプロテオーム解析を行うにあたり、ゲノム情報が十分でない生物に対する検討として、石濱 G と奥田 G が協力し、複数の魚プロテオームをモデルとした検討を開始した。

(3)データベースツールの深化とプロテオゲノミクスデータの可視化およびネットワーク解析ツールの開発:

ChipAtlas との連携を積極的に行い、双方向の解析が可能なツールの開発を行った。特にデータベースのプロテオゲノミクス対応については、再解析、キュレーションも含めて本格的に着手した。KERO のコアデータを用いた連携も継続中である。実験技術の進歩もあり、バリエーション選択的なプロテオームデータのデータベース化およびプロテオゲノミクスデータのデータベース化は、引き続き検討を行う。スライスデータベースについて、シグナル伝達パスウェイや代謝ネットワーク解析ツール開発を行った。台湾 ICPC チームと連携し、ゲノム変異データなどに対応した。さらに既知パスウェイ情報のみでは限界があるため、タンパク質相互作用マップ等を利用した未知パスウェイに対する解析ツールの開発に着手した。UniProt との相互リンク

が確立したため、新しいユーザーの獲得が期待できる。

(4) オントロジーの深化と強化:

プロテオゲノミクス、マルチオミクス(メタボロミクス、リポミクス)に対応したオントロジーの整備を行い、他の生命科学データベースとの連携を図った。PXC はメタボローム分野との連携を開始しており、MetabolomeXchange とファイルフォーマットの共有を目指している。HUPO Proteomics Standard Initiative meeting (2018, 2019 年度)に参加し、Universal Spectrum ID 等の情報収集・動向調査を行った。

(5) キュレーションの深化と強化:

キュレーションについては、新規データジャーナル Journal of Proteome Data and Methods(JPDM)との連携を目的に、様々なツールの開発を行った。特に jPOST 登録時の情報をそのまま JPDM にエクスポートできるツールを開発し、JPDM の Data Processing Note 論文として投稿した。さらに開発を進めていく予定である。

(2) 「対象とするデータベース条件」のうち採択時に未達成であった項目の対応状況

該当なし。

(3) 統合化推進プログラムの他のチームや DBCLS との連携

3. (1) 実施内容に記載のとおり、プロテオームデータと深く関連する ChIP-Atlas、DB-KERO とは共同して開発をすすめている。また、糖鎖 DB チームとも連携し、GlycoPost 開発に協力し、論文も近く掲載予定である(Y Watanabe, K F. Aoki-Kinoshita, Y Ishihama and S Okuda , GlycoPOST realizes FAIR principles for glycomics mass spectrometry data, Nucleic Acids Research, in press)。また、昨年度までの主要メンバーであった DBCLS 五斗教授からは常に助言等をうけている。

§4. 主要なデータベースの利活用状況

1. アクセス数

(1) 実績

表 研究開発対象の主要なデータベースの利用状況(月間平均)

種別	2018年度	2019年度	2020年度 (9月末時点)
ユニーク IP 数	456	472	545
ページ数	673,042	413,430	1,593,270

jPOST repository <https://repository.jpostdb.org/> に対するもの。

(2) 分析

- ・下記の図 3,4 でも示すように、jPOST の利用者、登録者は年々増加しており、これが訪問者数、ページ数にも反映されていると思われる。さらに今年度に入って、増加の傾向はますます顕著になってきている。これは、COVID-19 の感染拡大にともない、研究活動が制限されたことにより、論文投稿が増え、それに伴って生データ登録数が増えたと考えられる。さらには、地道な活動により、jPOST の知名度が国際的に広がってきていることも影響したと思われる。

2. その他

jPOST repository へのデータ登録数の推移データおよび登録ユーザーの国・地域別分布を示す。データ登録数は年ごとに増えてきており、特に 2020 年度の増加率が高くなっている。また、登録ユーザーの国別分布をみても、国際的な知名度が確実に広がっていることを示している。

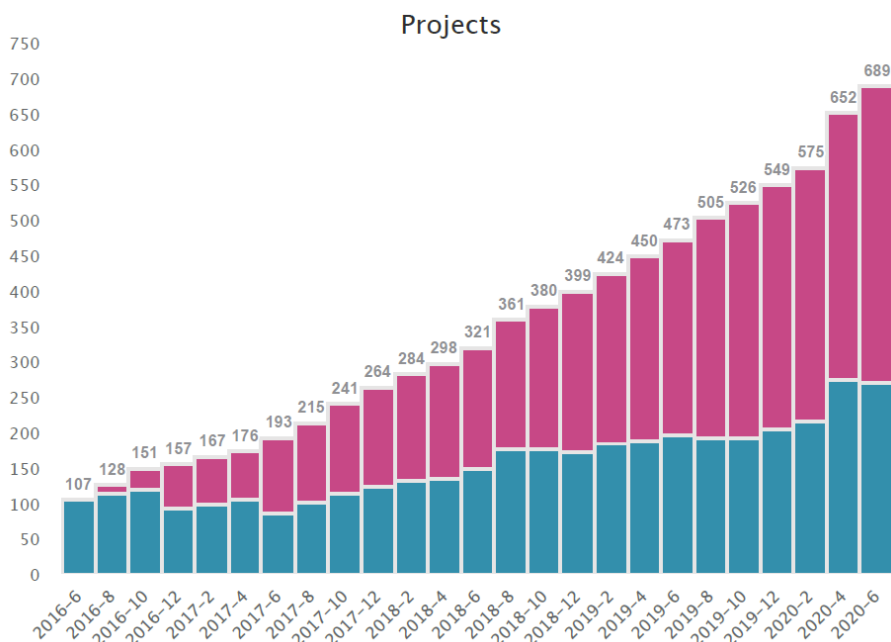


図 3 jPOST repository への登録プロジェクト数の推移

赤：公開プロジェクト数、青：公開前プロジェクト数

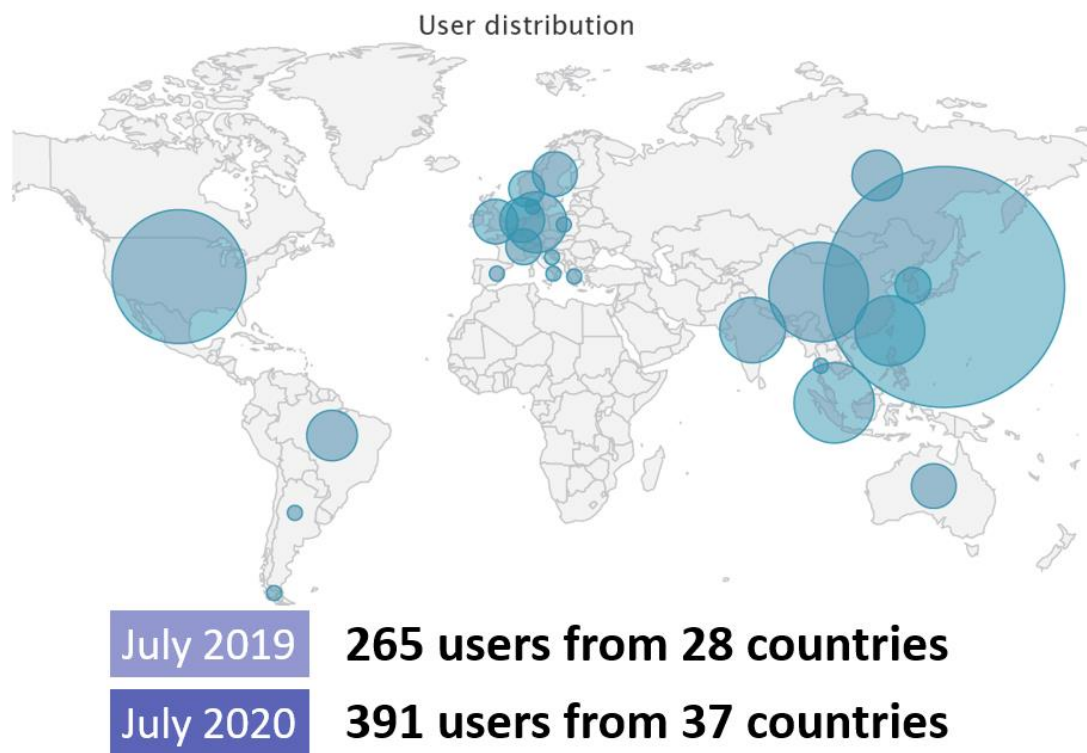


図4 jPOST repository への登録ユーザーの国・地域別分布

§5. 今後の展開

様々な生物のプロテオームデータベースは、生物の本質を理解するための基盤となる情報を提供し、これを用いて初めて、細胞分化、増殖、死、そして、病態状態という生命のダイナミクスを解明することができる。疾患に関わるプロテオームデータベースはそのメタデータを含む詳細な情報をもって、メタアナリシスを可能とし、新規の疾患ターゲットやマーカーを創出することが期待される。プロテオゲノミクス、エピゲノミクス、メタプロテオミクス、糖鎖およびグライコプロテオミクスなどの融合的な分野は、プロテオミクスの詳細な情報によって成立する分野であり、今後連携が期待されている分野である。そのためには、高質かつ正確な情報を有し、データとして標準化されている情報を有するプロテオームデータベースが必要となるが、世界的にも、未だこのような信頼性のあるデータベースは存在しない。そういう観点から、本プロジェクトでは、広い分野で生物の高質なプロテオームデータを収集し、再解析とキュレーションによって詳細／有用なアノテーションとメタデータを付随させた、ユニークなデータベースの構築を目標としている。

jPOST は、他の統合 DB プロジェクトとは異なり開発開始から 5 年半しかたっておらず、まだまだ基本的な機能の開発が必要である。それとともに、外部ユーザー、特にデータサイエンティストとの協働を積極的に行い、jPOST の有用性を宣伝していくことが重要と思われる。ゲノムデータとは違い、計測に関する知識なしにプロテオーム解析生データから大規模解析を行うのは難しく、そこが新規参入者に対する障壁になっている。jPOST チームとの協働を行うことで、そこに対するバリアを下げ、大規模公共データ解析から仮設の産生、検証まで至るサイクルを恒常的に回すシステムを構築したい。

さらには、計測技術に対する知識がなくても、誰もが自分たちで再解析が可能となるワークフローを開発し、将来的にはデータサイエンティストが自在に jPOST を使いまわせるような環境を構築していきたい。

正確なメタデータの収集も大きな課題である。昨年創刊したプロテオームデータ専門のデータジャーナル *Journal of Proteome Data and Methods (JPDM)* との相乗効果を狙った jPOST の開発が強く望まれる。JPDM がプロテオームデータジャーナルのゴールドスタンダードになるように、国際的な活動を継続しながら、この領域自体を広げていくような成果を継続的に出していくことが重要かと思われる。

これらの試みによって、生物が異なっても、共通の生命メカニズムを理解することに役たち、そのいかなる破綻が生物の異常(病態)状態を惹起するののかということをも詳らかにすることができる。当プロジェクトの試みによって創出されたデータベースは、全ての生命科学分野、情報科学分野、創薬や臨床分野、工学および食品分野などへ応用可能であり、様々な研究や開発が分野を跨いで学際的に展開される可能性がある。

§6. 自己評価

jPOST 開発を始めてから5年半の間で、国際的にも知られたプロテオームデータベースを構築できたことは大いに評価している。それには、国内5か所からなる各開発グループの多様性を活かしながら、ミーティングや合宿を繰り返し、コミュニケーションを切らさずにチームとしての開発を進めてきた代表者のマネージメントによるところも少なからずあったと自負している。また、統合化推進プログラムに参加している他のデータベースとの連携も積極的に行い、ChIP-Atlas, DB-KERO, 糖鎖チームとはすでに成果がでつつある。また、jPOST は国内の関連学会(日本プロテオーム学会や日本質量分析学会など)を通じて研究者コミュニティ、産業コミュニティなどともつながっており、さらには、国際コンソーシアム ProtoemExchange のコアメンバーとして、HUPO のヒトプロテオームプロジェクトの一員としても国外研究者コミュニティともつながっている。これらの活動についても代表者自身が国内、国外の団体代表、役員を積極的に努めることによって維持されてきた(日本プロテオーム学会・会長、日本質量分析学会国際担当委員、アジアオセアニア HUPO の執行役員、HUPO の Publication 委員会委員、日本分析化学副会長など)。さらに、jPOST に登録されるデータのメタ情報収集を目的とした Journal of Proteome Data and Methods 創刊も大きな成果である。こちらはさらなる継続的な努力が必要であり、jPOST チームのみでは限界があるため、次のステップへの改革が必要であると考えている。

統合化推進プログラムに求められている「わが国の生命科学研究等によって産出された研究データを広く収集するデータベースを対象とし、より多くの多様な研究者にとってより価値のあるものへと発展させる研究開発を推進します。具体的には、研究データの収集・標準化・品質管理・公開・共有・安定運用に関する体制の構築や、他に開発されているデータベースとの連携・統合化とそれに必要な技術開発、研究効率化のためのインターフェース設計・開発、ツール開発などを含みます。」については、十分に達成していると考えている。ただし、データサイエンティストによる大規模データ解析に供するためのデータ標準化については専門家によるサポートが必要であり、今後も開発を続けていく必要がある。安定運用に関する体制の構築については、2015-2017 の第一期では NBDC の方針により、JST 以外からのサポートや自助努力による自走体制の構築はむしろ禁じられており、将来における自走体制の構築にはまだまだ時間がかかると思われる。他の国際リポジトリが EU や NIH のサポートをうけてユーザー負担なしで運用されている以上、課金システムは非現実的であり、また学協会によるサポートは、日本全体で研究者人口が減少し、各学会の会員も減少傾向が続き、どこも財政上の問題をかかえる中、こちらも現実的ではない。KEGG の有料化による国際競争力低下の現状をみていると、統合 DB によるコミュニティ全体に対する有用性をさらにアピールしていくのが最も重要であると考ええる。

§7. 外部発表等

1. 原著論文発表

(1) 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	3 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	1 件

(2) 論文詳細情報

1. Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watanabe, Y., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Yamanouchi, Y., Araki, N., Yoshizawa, A. C., Tabata, T., Iwasaki, M., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., and Ishihama, Y. "The jPOST environment: an integrated proteomics data repository and database" *Nucleic Acids Res.* 47(D1):D1218-D1224 (2019). (DOI:10.1093/nar/gky899).
jPOST データベース部を中心に jPOST 全体について詳細に記述したもの。
2. Deutsch EW, Bandeira N, Sharma V, Perez-Riverol Y, Carver JJ, Kundu DJ, García-Seisdedos D, Jarnuczak AF, Hewapathirana S, Pullman BS, Wertz J, Sun Z, Kawano S, Okuda S, Watanabe Y, Hermjakob H, MacLean B, MacCoss MJ, Zhu Y, Ishihama Y, Vizcaíno JA. The ProteomeXchange consortium in 2020: enabling 'big data' approaches in proteomics. *Nucleic Acids Res.* 48(D1):D1145-D1152 (2020). (DOI:10.1093/nar/gkz984).
jPOST レポジトリもコアメンバーとして参加している ProteomeXchange コンソーシアムの現状についての論文。新しい機能などについても紹介している。
3. Leitner A, Bonvin AMJJ, Borchers CH, Chalkley RJ, Chamot-Rooke J, Combe CW, Cox J, Dong MQ, Fischer L, Götze M, Gozzo FC, Heck AJR, Hoopmann MR, Huang L, Ishihama Y, Jones AR, Kalisman N, Kohlbacher O, Mechtler K, Moritz RL, Netzer E, Novak P, Petrotchenko E, Sali A, Scheltema RA, Schmidt C, Schriemer D, Sinz A, Sobott F, Stengel F, Thalassinou K, Urlaub H, Viner R, Vizcaíno JA, Wilkins MR, Rappsilber J. Toward Increased Reliability, Transparency, and Accessibility in Cross-linking Mass Spectrometry. *Structure.* 2020 Nov 3;28(11):1259-1268. doi: 10.1016/j.str.2020.09.011. Epub 2020 Oct 15.
タンパク質の化学架橋—質量分析データ標準化についての white paper。jPOST もこのデータの受け皿として積極的に参加している。
4. Y Watanabe, K F Aoki-Kinoshita, Y Ishihama and S Okuda. GlycoPOST realizes F AIR principles for glycomics mass spectrometry data, *Nucleic Acids Res.* (in press).
GlycoPost についての最初の論文。jPOST との関連についても記載されている。

2. その他の著作物（総説、書籍など）

1. 著者名、発表論文タイトル、掲載誌(誌名、巻、号、発表年)

3. 国際学会発表及び主要な国内学会発表

(1) 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	26 件
	国際	14 件
口頭発表	国内	5 件
	国際	1 件
ポスター発表	国内	10 件
	国際	11 件

(2) 招待講演

〈国内〉

1. 松本 雅記、情報/仮説駆動型プロテオミクス、第 16 回北里疾患プロテオーム研究会、北里大学相模原キャンパス L1 号館 4 階 41 番教室、2019 年 3 月 15 日
2. 奥田修二郎、「がんゲノムインフォマティクスからプロテオゲノミクスへ」、Meta-Omics Workshop in Kyoto 2019、京都大学薬学部藤多記念ホール、2019 年 3 月 9 日
3. 荒木令江 プロテオミクスを基盤としたプロテオゲノム情報の疾患研究への応用、口腔ブレインサイエンスセミナー、九州大学、2019 年 2 月 22 日
4. 石濱 泰、キナーゼ収斂型リン酸化プロテオミクス、次世代脳プロジェクト冬のシンポジウム若手ワークショップ「トランスオミクスによる精神疾患の分子基盤解明に向けて」、学術総合センター、2018 年 12 月 12 日
5. 石濱 泰、液相および気相分離を駆使した次世代ショットガンプロテオゲノミクス、ワークショップ「プロテオゲノミクスが解き明かす新たな分子ネットワークと次世代創薬研究への応用」、第 41 回日本分子生物学会、パシフィコ横浜、2018 年 11 月 28 日
6. 荒木令江、南部新堀 晶子、山崎義宗、山ノ内祥訓、當房浩一、小林大樹、プロテオミクスを基盤としたプロテオゲノム情報の疾患研究への橋渡しとその応用、ワークショップ「プロテオゲノミクスが解き明かす新たな分子ネットワークと次世代創薬研究への応用」、第 41 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2018 年 11 月 28 日
7. 五斗進、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、松本雅記、高見知代、小林大樹、山ノ内祥訓、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、岩崎未央、杉山直幸、田中聡、石濱 泰、「jPOST プロジェクトが提供するプロテオミクスデータとその解析ツール」、ワークショップ「プロテオゲノミクスが解き明かす新たな分子ネットワークと次世代創薬研究への応用」、第 41 回日本分子生物学会年会、横浜、2018 年 11 月 28 日
8. 吉沢明康、プロテオーム質量分析データの解析、臨床質量分析共用プラットフォーム (JST 先端研究基盤共用促進事業)・第 3 回トレーニングコース、横浜新都市ビル、2018 年 11 月 12 日
9. 松本 雅記、中山 敬一、iMPAQT: a scalable and flexible platform for the

- quantification of proteins of interest、第 91 回日本生化学会 京都国際会館、2018 年 10 月
10. 吉沢明康, 質量分析法 meets ゲノム情報, BoF「質量情報から生物情報へ」, 第 7 回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2018), 鶴岡アートフォーラム, 2018 年 9 月 21 日
 11. 荒木令江 プロテオミクスを基盤とした融合オミクスによる腫瘍特異的ネットワーク解析, 第 69 回日本電気泳動学会 30 年 08 月 09 日 北里大学相模原キャンパス (神奈川県相模原)
 12. 吉沢明康, プロテオミクスは環境化学に貢献できるか?, 日本環境化学会—質量分析インフォマティクス研究会共催企画 I「環境化学を加速する質量分析インフォマティクス」, 第 27 回環境化学討論会, 沖縄県市町村自治会館, 2018 年 5 月 25 日
 13. 荒木令江 ショットガンプロテオミクスとネットワーク解析〜大規模に同定された分子群から如何に注目すべきネットワークを抽出するか〜, 電気泳動学会プロテオミクス・タンパク分析基礎講座 30 年 08 月 10 日北里大学相模原キャンパス (神奈川県相模原)
 14. 石濱泰, プロテオゲノミクス解析に向けた jPOST environment の開発, 日本臨床プロテオゲノミクス研究会, アルカディア市ヶ谷, 東京都, 2019/5/11.
 15. 石濱泰, 創薬プロテオミクス研究の最前線, 第 59 回日本臨床化学会年次学術集会, 仙台国際センター, 仙台市, 2019/9/28.
 16. 五斗進, jPOST プロテオームデータベースとオミクスデータ連携, 第 42 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場&マリンメッセ, 福岡市, 2019/12/3.
 17. 石濱泰, プロテオーム計測技術の最前線, 第 67 回日本生態学会大会, 名城大学天白キャンパス名古屋市, 2020/3/5.
 18. 石濱泰, 質量分析と統計解析の融合による次世代プロテオミクス, 日本化学会第 100 春季年会 東京理科大学野田キャンパス, 千葉県野田市, 2020/3/23.
 19. 荒木令江, Functional integrated-omics coupled with interactome analyses identified a novel target signaling of the NF1-associated tumor. 特別シンポジウム第 6 回がん研究における女性研究者第 78 回日本癌学会学術総会, 京都国際会館, 京都市, 2019/9/27.
 20. 小林 大樹・荒木 令江, 「インフォマティクスに支えられるプロテオーム解析」日本プロテオーム学会 2019 年大会 第 70 回日本電気泳動学会総会, フェニックスシーガイアリゾート, 宮崎市, 2019/7/25.
 21. 荒木令江, 「プロテオミクスを基盤とした統合的システムズバイオロジーの腫瘍研究への応用」第 43 回 蛋白質と酵素の構造と機能に関する九州シンポジウム, 国民宿舎マリンテラスあしや, 福岡市, 2019/9/6.
 22. 荒木令江, NF1 の融合プロテオシステムズバイオロジーによる病態メカニズム治療標的の解析, 第 11 回フォンレックリングハウゼン病学会 教育講演, 慶應義塾大学, 東京都新宿区, 2020/2/9.
 23. 石濱 泰, イオンモビリティ質量分析を用いたプロテオーム解析, Bruker オンデマンド MS フォーラム 2020, Online, 2020/08/12.
 24. 石濱 泰, プロテオームデータのインテリジェント解析とデータベース化, 質量分析インフォマティクス研究会・第 5 回ワークショップ in 京都(2020 年), Online, 2020/8/7.
 25. 石濱 泰, バイオデータベース 使いかたと使われかた:使ってください jPOST, 第 9 回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2020), Online, 2020/9/3
 26. 石濱 泰, ヒトキヌーム収斂型細胞内シグナルの解明, 第 45 回日本医用マスペクトル学会年会, 同志社大・良心館, 京都市, 2020/9/19

〈国際〉

1. M. Matsumoto “New platform for protein absolute quantification: a tool for pathway structure determination” 1st International symposium on Interdisciplinary Approaches to Integrative Understanding of Biological Signaling Networks, The Auditorium The Institute of Medical Science, The University of Tokyo, Feb. 02, 2019
2. N. Araki, A lesson of integrated proteomics. Cancer Research Academic Seminar 2019, Khon Kaen University, Jan. 22th 2019, Khon Kaen Thailand
3. Yasushi Ishihama “Human Kinome and Phosphatome Profiling”, The 9th International Forum on Chemistry of Functional Organic Chemicals (IFOC-9), Yayoi Hall, The University of Tokyo, 2018/11/19.
4. Yasushi Ishihama “Human Kinome Profiling by Quantitative Phosphoproteomics”, 2018 Annual meeting of Taiwan Proteomics Society, China Medical University (Taichung, Taiwan) 2018/11/17
5. Shujiro Okuda, “Computational approaches towards understanding human genome, proteome, and proteogenome data”, 2018 Taiwan-Japan Joint Conference for Genomics and Proteogenomics and Annual Retreat of Taiwan Genomics and Genetics Society, DoubleTree by Hilton Hotel Naha Shuri Castle, Japan (2018/8/31)
6. Y. Ishihama, Proteomic Data Integration and Sharing by jPOST Repository/Database. International Proteogenome Workshop in Kyoto, Fujita Memorial Hall, Kyoto University, May 19, 2018
7. Yasushi Ishihama, Toolbox for Phosphoproteomics in Cancer Signaling, Keystone Symposia Proteomics and its Application to Translational and Precision Medicine, Clarion Hotel Sign, Stockholm, Sweden, 2019/4/9.
8. Norie Araki, Integrated proteomics for hereditary neural tumors, Cancer Research Academic Seminar 2019 in Khon Kaen University, Khon Kaen Thailand, 2019/4/18-22.
9. Yasushi Ishihama, Multidimensional liquid and gas phase separation to illuminate human proteomes, 48th International Symposium on High-Performance Liquid Phase Separations and Related Techniques, University of Milano-Bicocca, Milan, Italy, 2019/6/19.
10. Yasushi Ishihama, Challenges in the jPOST framework towards proteogenome analysis, Tokyo Cancer Moonshot Workshop, National Cancer Research Center, Tokyo, Japan, 2019/6/24.
11. Yasushi Ishihama, Challenges to Illuminate Human Proteome and Proteoform, 18th Beijing Conference and Exhibition on Instrumental Analysis (BCEIA 2019), China National Convention Center, Beijing, People's Republic of China, 2019/10/25.
12. Yasushi Ishihama, Challenges in Exploring Human Proteoform Analysis, 49th International Symposium on High Performance Liquid Phase Separations and Related Techniques (HPLC2019 Kyoto), Kyoto University Katsura Campus, Kyoto, Japan, 2019/12/2.
13. Masaki Matsumoto, “iMPAQT ver.2: New platform for absolute quantification of proteins of interest”, 2020, The 29th Hot Spring Harbor International Symposium, Collaborative Research Station Kyushu University, Japan, 2020/2/6.

14. Yasushi Ishihama, Challenges to unveil human proteoform landscape by shotgun proteomics approaches, HUPO Connect 2020, On-line, 2020/10/21.

(3) 口頭講演

〈国内〉

1. 沖 真弥、石濱 泰, **ChIP-seq とプロテオーム: 公共データをつないで使う**, トーゴーの日 2018 シンポジウム, 日本科学未来館, 2018 年 10 月 5 日
2. 松本 雅記、中山 敬一, **iMPAQT ver.2.0: 拡張性と柔軟性を備えたタンパク質絶対定量プラットフォーム**, MSP2018, ホテル阪急エキスポパーク(大阪), 2018 年 5 月
3. 田畑剛・吉沢明康・岩崎未央・杉山直幸・Kall, Lukas・石濱泰, **事後ペプチドシーケンスタグを利用する高精度タンパク質同定**, 第 67 回質量分析総合討論会, つくば国際会議場, 茨城県つくば市, 2019/5/17.
4. 松本雅記, **高度多重化内部標準タンパク質による絶対定量プロテオミクス**, 日本プロテオーム学会 2019 年大会・第 70 回日本電気泳動学会総会, フェニックスシーガイアリゾート, 宮崎市, 2019/7/25.
5. 石濱泰, **プロテオームデータベース jPOST の挑戦**, トーゴーの日シンポジウム, 日本科学未来館, 東京都, 2019/10/5.

〈国際〉

1. Norie Araki, Akiko Niibori-Nambu, Atit Silsirivanit, Daiki Kobayashi, Takuichiro Hida, Hideo Namakumra, Junichi Kuratsu. **Integrated phospho-glyco-proteogenomics identified the potential clinical target signals against glioma stem cell**. The 78th Japanese Cancer Research Meeting, International session, Sep 28, 2018, Osaka

(4) ポスター発表

〈国内〉

1. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡邊由、松本雅記、高見知代、小林大樹、山ノ内祥訓、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、岩崎未央、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱 泰、「**プロテオーム統合データベースの機能深化**」、第41回日本分子生物学会年会、横浜、(2018/11/28)
2. 奥田修二郎、渡邊由、守屋勇樹、河野信、松本雅記、高見知代、小林大樹、山ノ内祥訓、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、岩崎未央、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰, **iPOST 統合環境の開発**, トーゴーの日 2018 シンポジウム, 日本科学未来館, 2018 年 10 月 5 日
3. 吉沢明康、田畑剛、岩崎未央、杉山直幸、Lukas Käll, 石濱泰, **事後ペプチドシーケンスタグの利用によるタンパク質同定の精度向上**, 日本プロテオーム学会 2019 年大会, フェニックスシーガイアリゾート, 宮崎県宮崎市, 2019/7/25.
4. 椋木 浩太・小林 大樹・徳田 高穂・荒木 令江, **クロスリンキング質量分析(XL-MS)によるNF1 関連病態因子 TCTPと翻訳伸長因子群の相互作用形式の解明**, 日本プロテオーム学会 2019 年大会・第 70 回日本電気泳動学会総会, フェニックスシーガイアリゾート, 宮崎市, 2019/7/25.
5. Detarya Marutpong・小林 大樹・Sawanyawisuth Kanlayanee・Wongkham Sopit

- Silsirivanit Atit · Wongkham Chaisiri · 荒木 令江, Identification of the O-GalNAc glycoproteomes related to the malignancy of Cholangiocarcinoma, 日本プロテオーム学会 2019 年大会・第 70 回日本電気泳動学会総会, フェニックスシーガイアリゾート, 宮崎市, 2019/7/25.
6. Baron Byron · 小林 大樹 · 仁科 由美 · 池田(西山) 友貴 · 荒木 令江, Methyloproteomics of the maintenance and differentiation of glioma cancer stem cells, 日本プロテオーム学会 2019 年大会・第 70 回日本電気泳動学会総会, フェニックスシーガイアリゾート, 宮崎市, 2019/7/25.
 7. 吉沢明康、守屋勇樹、河野信、小林大樹、荒木令江、五斗進、石濱泰, SPARQL と配列クラスターを用いたアノテーション支援ツールの開発, 第8回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2019), 東京工業大学大岡山キャンパス, 東京都, 2019/9/9.
 8. 上村 駿人・吉沢 明康・杉山 直幸・奥田 修二郎・石濱 泰, プロテオゲノミクスのための解析プラットフォーム開発, 日本分析化学会 第 68 年会, 千葉大学西千葉キャンパス.千葉市, 2019/9/12.
 9. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、松本雅記、高見知代、小林大樹、山ノ内祥訓、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、岩崎未央、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰, jPOST 統合環境の機能深化と連携基盤強化, トーゴの日シンポジウム 2019, 日本科学未来館, 東京都, 2019/10/5.
 10. 吉沢明康, 内藤雄樹, 早川英介, 五斗進, 石濱泰, 配列タグを用いたタンパク質配列超高速検索システムの開発, 第 42 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場&マリヌメッセ, 福岡市, 2019/12/3.

〈国際〉

1. Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Mio Iwasaki, Naoyuki Sugiyama, Yasushi Ishihama, Utilizing peptide sequence tags for controlling false discovery rates in database search (ThP415), 66th ASMS (American Society for Mass Spectrometry) Conference on Mass Spectrometry and Allied Topics, San Diego Convention Center, 2018 年 6 月 7 日
2. Kobayashi, D., Araki, N., Okuda, S., Watanabe, Y., Moriya, Y., Kawano, S., Yamamoto, T., Matsumoto, T., Takami, T., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Iwasaki, M., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., Ishihama, Y., Metadata Curation for fully utilizing raw MS data in jPOST repository, Mass Spectrometry and Proteomics 2018 (MSP2018) (日本質量分析学会・日本プロテオーム学会・アジアオセアニアプロテオーム学会 2018 年合同大会), ホテル阪急エキスポパーク, 2018 年 5 月 18 日
3. Eric Deutsch, Juan Antonio Vizcaino, Yasset Perez-Riverol, Jeremy Carver, Benjamin Pullman, Shin Kawano, Zhi Sun, Luis Mendoza, Pierre-Alain Binz, Gerben Menschaert, Nuno Bandeira, Proteomics Standards Initiative (PSI) Universal Spectrum Identifier (USI), 67th American Society for Mass Spectrometry (ASMS) Conference, Atlanta, USA, 2019/6/2-6
4. Tsuyoshi Tabata, Akiyasu C. Yoshizawa, Naoyuki Sugiyama, Yasushi Ishihama, UniScore, a universal measure for annotated peptide product ion spectra, 25th Human Proteome Organization World Congress, Adelaide convention centre, Adelaide, Australia, 2019/9/16.

5. Shin Kawano, Shujiro Okuda, Masaki Matsumoto, Yasushi Ishihama, Promotion of proteomic data sharing through a specialized data journal, 25th Human Proteome Organization World Congress, Adelaide convention centre, Adelaide, Australia, 2019/9/16
6. Yu Watanabe, Yiwei Ling, Hayato Uemura, Akiyasu C. Yoshizawa, Yasushi Ishihama, Shujiro Okuda, Network analysis of proteogenomics data in lung cancer cell lines, 25th Human Proteome Organization World Congress, Adelaide convention centre, Adelaide, Australia, 2019/9/17.
7. Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Yasushi Ishihama, Peptide end sequence information in HCD spectra for protein identification, 25th Human Proteome Organization World Congress, Adelaide convention centre, Adelaide, Australia, 2019/9/17.
8. Norie Araki, Akiko Niibori-Nambu, Atit Silsirivanit, Yuki Nishiyama-Ikedat, Daiki Kobayashi Integrated phospho-glycomics identified the target signaling of cancer stem cells. 25th Human Proteome Organization World Congress, Adelaide convention centre, Adelaide, Australia, 2019/9/17.
9. Daiki Kobayashi, Kota Mukugi, Takaho tokuda, Norie Araki. Analysis of the interaction between NF1-associated factor TCTP and translationelongation factors bycross-linking mass spectrometry coupled with affinity purification. 25th Human Proteome Organization World Congress, Adelaide convention centre, Adelaide, Australia, 2019/9/17.
10. Ralf Gabriels, Nuno Bandeira, Wout Bittremieux, Jeremy Carver, Matthew Chambers, Shin Kawano, Henry Lam, Tytus Mak, Yasset Perez-Riverol, Benjamin J. Pullman, Vagisha Sharma, Jim Shofstahl, Tim Van Den Bossche, Juan Antonio Vizcaino, Yunping Zhu, Eric W. Deutsch, Spectral Library Format: A standard format to exchange/distribute spectral libraries/archives, EuBIC 2020 Developers' Meeting, Nyborg, Denmark, 2020/1/13-17
11. Eric W. Deutsch, Yasset Perez-Riverol, Jeremy Carver, Shin Kawano, Pierre-Alain Binz, Benjamin Pullman, Ralf Gabriels, Tim Van Den Bossche, Luis Mendoza, Zhi Sun, Jim Shofstahl, Wout Bittremieux, Tytus D. Mak, Joshua Klein, Yunping Zhu, Henry Lam, Juan Antonio Vizcaíno, and Nuno Bandeira, The PSI Universal Spectrum Identifier (USI), HUPO Connect 2020, Online, 2020/10/19-22

4. 知財出願

(1) 出願件数

該当なし

5. 受賞・報道等

(1) 受賞

1. クロマトグラフィー科学会・学会賞、石濱 泰、2019年11月8日

(2) メディア報道

該当なし

(3) その他

該当なし

§8. 研究開発期間中の活動

1. 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
18年4月 3日	jPOST-TCMミーティング	オンライン	16人	進捗報告及び台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入のためのオンライン打ち合わせ
18年4月 9・10日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学	13人	キックオフ・ミーティング
18年5月 14日	チーム及び国外協力者ミーティング(非公開)	ホテル阪急エキスポパーク(MSP会場)	23人	IPGW 参加者を含めて、データ連携及び再解析についての国際共同研究のための打ち合わせ
18年5月 16日	チーム及び台湾 Cancer Moonshot 計画との共同ミーティング(非公開)	ホテル阪急エキスポパーク(MSP会場)	18人	jPOST でプロテオゲノミクスデータを受け入れるための打ち合わせ
18年5月 20日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学	13人	同上(前日の IPGW に連続して)
18年5月 22日	jPOST-TCMミーティング	オンライン	16人	MSP 会場での議論の補足などの打ち合わせ
18年6月 11・12日	情報系ミーティング(非公開)	京都大学	8人	再解析プロトコルの改良のための、チーム内情報系メンバーとスウェーデン王立工科大 Käll 教授との打ち合わせ、及びオンラインでの UniProt との連携打ち合わせ
18年6月 20日	jPOST-TCMミーティング	オンライン	16人	進捗報告及び台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入のためのオンライン打ち合わせ

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
18年7月 15～20日	国内版バイオハッカソン に於けるチーム内情報 系ミーティング(非公開)	かんぼの宿 徳島	8人	特にメタデータのマニュアル キュレーションと再解析の連 携のための共同開発
18年10月 6日	チーム内ミーティング(非 公開)	新潟大学東 京事務所	13人	進捗報告及び HUPO 報告
18年10月 18日	jPOST-TCM ミーティング	オンライン	18人	進捗報告及び台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入 のためのオンライン打ち合わ せ
18年11月 1日	チーム内ミーティング(非 公開)	オンライン	10人	進捗報告及び開発計画オン ライン打ち合わせ
18年11月 28日	チーム内ミーティング(非 公開)	パシフィコ横 浜(分子生物 学会会場)	11人	進捗報告・開発方針打ち合わ せ
18年12月 10日	jPOST-TCM ミーティング	オンライン	16人	進捗報告及び台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入 のためのオンライン打ち合わ せ
19年1月 8・9日	外部有識者会議	熊本大学東 京オフィス	25人	チーム内各グループ代表及 び本チームが指定した外部有 識者の意見交換による開発 方針打ち合わせ
18年1月 14日	チーム内ミーティング(非 公開)	オンライン	10人	進捗報告及び開発計画オン ライン打ち合わせ
18年1月 15日	jPOST-TCM ミーティング	オンライン	16人	進捗報告及び台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入 のためのオンライン打ち合わ せ
19年1月 29・30日	研究ミーティング(非公 開)	柳川・白柳荘 &かんぼの	15人	開発方針打ち合わせ及び Ch IP-Atlas との連携について、

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
		宿柳川		九州大学・沖講師との打ち合わせを合宿形式で実施
19年2月 12日	jPOST-TCM ミーティング	オンライン	16人	進捗報告及び台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入のためのオンライン打ち合わせ
19年3月 10～13日	研究ミーティング	京都大学	12人	特に再解析プロトコルの改良のための、スウェーデン王立工科大 Käll 教授との国際共同研究の打ち合わせ
19年3月 13日	jPOST-TCM ミーティング	オンライン	16人	台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入のためのオンライン打ち合わせ
2019年5月 4日	JPrOS・jPOST セッション準備会合	オンライン	7人	2019年度プロテオーム学会のサテライト・セッションとして「jPOST データ解析ショートコース」を行うための打ち合わせ
2019年6月 14日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	13人	進捗報告及び台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入のためのオンライン打ち合わせ
2019年6月 26日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	13人	サイトビジット準備・今年度アウトリーチ活動全般のオンライン打ち合わせ
2019年7月 4,5日	サイトビジット及びチーム内ミーティング (非公開)	京都大学	8人	サイトビジットでの指摘点の検討など・進捗報告
2019年7月 7～12日	国内版バイオハッカソンに於けるチーム内情報系ミーティング (非公開)	休暇村指宿 (鹿児島県指宿市)	6人	RDF 整備内容検討など
2019年7月 30～8月 1日	HUPO 作業部会 PSI (Proteomics Standards Initiative) meeting におけるチームミーティング	ライフサイエンス統合データベースセンター	4人	再解析、メタデータについて
2019年9月 2～6日	国際版バイオハッカソンに於けるチーム内情報系ミーティング (非公開)	ザ・ルイガンズ (福岡県福岡市)	7人	進捗報告・再解析プロトコル検討など

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
	公開)			
2019年10月23日	ユーザビリティテストについての打ち合わせ	オンライン	5人	jPOSTのユーザビリティテストについてのNBDC及びポッドポイント社との打ち合わせ
2019年11月12日	jPOST-TCM ミーティング	オンライン	14人	進捗報告及び台湾 Cancer Moonshot 計画のデータ受入のためのオンライン打ち合わせ
2019年11月19日	情報系ミーティング (非公開)	オンライン	4人	jPOST リポジトリが ProteomeXchange の示す PROXI に対応するための技術仕様検討
2019年12月10~18日	チーム内ミーティング・開発 (非公開)	熊本大学	4人	メタデータの今後の整備及び再解析の連携のための打ち合わせ及び開発
2019年12月18日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	9人	2020年度計画 (Metabobankとの協力)、新ジャーナル関係、サーバ交換関係
2019年12月24日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	11人	進捗報告、データ管理関係
2020年2月4日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	11人	進捗報告、2020年度計画
2020年3月3日	jPOST-Metabobank 合同ミーティング	国立遺伝学研究所 (静岡県三島市)	8人	サーバー管理および2020年度計画
2020年3月3~5日	チーム開発合宿 (非公開)	神代の宿別館 (静岡県修善寺市)	16人	進捗報告及び次年度以降の研究計画、一部コーディング、ユーザビリティテストの結果確認
2020年4月3日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	15人	進捗報告
2020年5月8日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	14人	進捗報告
2020年6月12日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	12人	進捗報告
2020年7月9日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	10人	今後の開発に向けたブレインストーミング
2020年7月10日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	13人	進捗報告
2020年8月4日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	15人	再解析に利用するスコアの説明
2020年8月21日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	15人	進捗報告
2020年9月4日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	14人	進捗報告
2020年10月	チーム内ミーティング	オンライン	15人	進捗報告

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
月 2 日	(非公開)			
2020 年 11 月 2 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	4 人	ジャーナルの今後について
2020 年 11 月 6 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	15 人	進捗報告
2020 年 11 月 7 日	チーム開発合宿	オンライン		開発をすすめる

2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2019 年 1 月 22 日	A lesson of integrated proteomics: Cancer Research Academic Seminar	タイ国立コンケン大学	60 人	タイの癌研究におけるプロテオーム解析技術の発展によって、プロテオームデータベースの活用が必要不可欠となっている。jPOST を含む公共のデータベースを紹介し、癌研究にこれらのデータベースをいかに応用するかに関する講義を行った。
2018 年 11 月 28 日～1 2 月 1 日	分子生物学会・jPOST ブース出展	パシフィコ横浜(分子生物学会会場)	30 人	日本最大の生命科学系学会である分子生物学会参加者に対し、jPOST の内容説明やデータ登録を補佐するためのブースを出展
2018 年 11 月 28 日	第 41 回日本分子生物学会年会 ワークショップ「プロテオゲノミクスが解き明かす新たな分子ネットワークと次世代創薬研究への応用」	パシフィコ横浜(分子生物学会会場)	100 人	jPOST の紹介と、その創薬研究への応用例を紹介するとともに、ゲノム分野との統合方法論と様々な生命科学分野への波及効果促進を目的としたワークショップを、日本分子生物学会にて企画した。
2018 年	電気泳動学会プロテオミ	北里大学	50 人	大規模なプロテオミクスデータ

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
8月10日	クス・タンパク分析基礎講座			をいかにデータベースに格納し、どのように生命科学分野に活用するかに関する基礎概念と方法論を提供した。
2018年5月15日～18日	MSP・jPOSTブース出展	ホテル阪急エキスポパーク (MSP会場)	25人	jPOSTの主力ユーザーであるプロテオーム学会・質量分析学会の参加者に対し、jPOSTの内容説明やデータ登録を補佐するためのブースを出展
2019年7月24日～26日	JPrOS2019/JES2019・jPOSTブース出展	フェニックス・シーガイア・リゾート	20人	jPOSTの主力ユーザーであるプロテオーム学会(電気泳動学会との合同大会)の参加者に対し、jPOSTの内容説明やデータ登録を補佐するためのブースを出展
2019年7月26日	JPrOS2019/JES2019 jPOSTセッション	フェニックス・シーガイア・リゾート	300人	PXC-MassIV database から Nuno Bandeira 博士を招待し、講演をしていただいた。
2019年7月27日	JPrOS2019/JES2019 サテライトイベント:jPOSTデータ解析ショートコース	フェニックス・シーガイア・リゾート	46人 (講師・事務局を含む)	プロテオーム解析のためのソフトウェアの講習及び jPOST を用いたデータ公開方法の講習
2019年8月7日	NBDC 統合データベース講習会 AJACS 番町3	JST 東京本部別館	100人	リポジトリとデータベースについてのハンズオン講習(主催ではない)
2019年12月3日～6日	分子生物学会・jPOSTブース出展	マリンメッセ福岡	30人	日本最大の生命科学系学会である分子生物学会参加者に対し、jPOSTの内容説明やデータ登録を補佐するためのブースを出展

以上