

研究開発実施報告

□概要

研究開発課題名	プロテオームデータベースの機能深化と連携基盤強化
開発対象データベースの名称 (URL)	jPOST (Japan ProteOme STandard Repository/Database) (https://jpost.org/)
研究代表者氏名	石濱 泰
所属・役職	京都大学 大学院薬学研究科 教授 (2019年3月時点)

□目次

§1. 研究実施体制	2	② 招待講演	7
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等	2	③ 口頭講演	8
(1) データベース一覧	2	④ ポスター発表	8
(2) ツール等一覧	2	(4) 知的財産権の出願	8
§3. 実施内容	3	(5) 受賞・報道等	9
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標	3	① 受賞	9
(2) 進捗状況	4	② メディア報道	9
4. 成果発表等	6	③ その他の成果発表	9
(1) 原著論文発表	6	§5. 研究開発期間中に主催した活動 (ワークショップ等)	
① 論文数概要	6	9
② 論文詳細情報	6	1. 進捗ミーティング	9
(2) その他の著作物 (総説、書籍など)	6	2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリー	
(3) 国際学会および国内学会発表	6	チ活動等	10
① 概要	6		

§1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者または主たる共同研究者氏名	所属機関・役職名	研究題目
石濱グループ	石濱 泰	京都大学・薬学研究科・教授	再解析ワークフローの機能強化と新機能開発
五斗グループ	五斗 進	大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設・教授	データベースツールの深化およびオントロジーの強化
奥田グループ	奥田 修二郎	新潟大学大学院医歯学総合研究科・准教授	リポジトリの機能強化と新機能開発
松本グループ	松本 雅記	九州大学生体防御医学研究所・准教授	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
荒木グループ	荒木 令江	熊本大学・大学院生命科学部(医学系)・准教授	データベースキュレーションの深化と強化

§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

(1) データベース一覧

【主なデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	Japan Proteome Standard Repository/Database	jPOST	https://jpostdb.org
2	Japan Proteome Standard Repository	jPOSTrepo	https://repository.jpostdb.org/
3	Japan Proteome Standard Database	jPOSTdb	https://globe.jpostdb.org/

【その他のデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	jPOST repository demonstration		https://rep-demo.jpostdb.org/
2	jPOST repository development		https://rep-dev.jpostdb.org/
3	jPOST database development		https://rep-db.jpostdb.org/
4	iMPAQT		http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/

(2) ツール等一覧

No.	名称	別称・略称	URL
1	PRESTO		https://github.com/PrestoTools/
2	iMPAQTquant		http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html

§3. 実施内容

(1) 本年度の研究開発計画と達成目標

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3つの DB (Cube, Globe, Slice) から構成される。

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。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定量データ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、5 年間で 5 研究開発テーマ、30 タスクについて目標を達成する。2018 年度はその中から下記に示す 13 タスクについて実施する。

各テーマ、タスクについての主担当グループを表1に示す。

表 1 2018 年度の研究開発項目

研究開発テーマ	タスク	担当グループ	2018年度			
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	■	■	■	■
	PXCのXML対応	奥田G	■	■	■	■
	データの修正に対する対応	奥田G	■	■	■	■
再解析ワークフローの機能強化と新機能開発	jPOSTスコアの確立	石濱G	■	■	■	■
	ワークフローの全自動化	石濱G	■	■	■	■
	プロテオゲノミクスデータの再解析	石濱G	■	■	■	■
	メタゲノム配列データベースの整備	奥田G、石濱G	■	■	■	■
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	Proteoform解析ツールの開発	五斗G、松本G	■	■	■	■
	プロテオゲノミクス用スライスデータベース	五斗G、荒木G	■	■	■	■
	既知パスウェイ/新規パスウェイ解析ツールの開発	奥田G、石濱G	■	■	■	■
オントロジーの深化と強化	オントロジーの充実	五斗G	■	■	■	■
キュレーションの深化と強化	メタボロームデータ対応	荒木G、松本G	■	■	■	■
	プロテオゲノミクスデータ対応	荒木G、松本G	■	■	■	■

1) リポジトリの機能強化と新機能開発:

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、1 年間で 100 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られる。現状の機能を強化するため、Help 機能の充実、PXC の XML 対応およびデータの修正に対する対応を行う。国際的な動向、とくにアジア地区の動向を調査するため、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。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 proteogenome workshop を開催予定である。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はかる。

2) 再解析ワークフローの機能強化と新機能開発:

第1期で開発した jPOST スコアの最適化をはかり、再解析ワークフローを確立する。また、確立したワークフローの全自動化をはかる。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向け、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。

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:

jPOST のユニークさ、優位性を強調するため、proteoform にフォーカスした解析ツールとデータベース開発を行う。また、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、ゲノム変異データなどの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。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。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。

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、Metabolome Xchange とファイルフォーマットの共有を目指している。この動向調査も行う。

5) キュレーションの深化と強化:

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。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」の準備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) 進捗状況

上記 13 タスクについての進捗を表2に示す。

表 2 2018 年度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	進捗
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	■	○
	PXCのXML対応	奥田G	■	○
	データの修正に対する対応	奥田G	■	○
再解析ワークフローの機能強化と新機能開発	jPOSTスコアの確立	石濱G	■	○
	ワークフローの全自動化	石濱G	■	○
	プロテオゲノミクスデータの再解析	石濱G	■	○
	メタゲノム配列データベースの整備	奥田G、石濱G	■	○
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	Proteomeform解析ツールの開発	五斗G、松本G	■	○
	プロテオゲノミクス用スライスデータベース	五斗G、荒木G	■	○
	既知/新規パスウェイ解析ツールの開発	奥田G、石濱G	■	○
オントロジーの深化と強化	オントロジーの充実	五斗G	■	○
キュレーションの深化と強化	メタボロームデータ対応	荒木G、松本G	■	○
	プロテオゲノミクスデータ対応	荒木G、松本G	■	○
	専門論文誌の発行	荒木G、石濱G、五斗G	■	○

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 Help 機能の大幅な見直しを行い、ウェブ上で公開した。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、2018.2~2019.2 の 1 年間で 149 プロジェクトが登録された。アジア地区の動向調査を目的とし、HUPO 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。

2) 再解析ワークフローの機能強化と新機能開発:

第 1 期で開発した jPOST スコアの最適化をはかった。ICPC プロジェクトの進行に伴い、リン酸化部位決定に関してさらに展開する必要が出てきたため、一部、次年度に持ち越す予定であるが、基本的な再解析ワークフローは確立することができた。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の両方、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始まり、次年度も引き続き検討を行う予定である。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、リポドミクス)に対応したオントロジーの整備を行った。HUPO Proteomics Standards Initiative meeting に参加し、MetabolomeXchange や、Universal Spectrum ID の動向調査を行った。

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、メタデータ取得に向けて、新規データジャーナル Journal of Proteome Data and Methods の準備を進めた。すでに J-Stage への掲載が決定しており、必要なドキュメント、ルール等を整備した。

4. 成果発表等

(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)	1 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内 (和文)	0 件
	国際 (欧文)	0 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](https://doi.org/10.1093/nar/gky899)).

(2) その他の著作物(総説、書籍など)

該当なし

(3) 国際学会および国内学会発表

① 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	13 件
	国際	6 件
口頭発表	国内	2 件
	国際	1 件
ポスター発表	国内	2 件
	国際	2 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 (神奈川圏相模原)
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 (神奈川圏相模原)

〈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 T

- okyo, 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

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-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

〈国際〉

1. Norie Araki, Akiko Niibori-Nambu, Atit Silsirivanit, Daiki Kobayashi, Takuichiro Hide, 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, jPOST 統合環境の開発, トーゴ-の日 2018 シンポジウム, 日本科学未来館, 2018年10月5日

〈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

(4) 知的財産権の出願

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 その他の成果発表

該当なし

§5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)

1. 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2018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
2018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
2018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
2018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
2018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)
2018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
2018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
2018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
2018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
2018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
2018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
2018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
2018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
2018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
2019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
2018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
2018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
2019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 宿柳川	15人	開発方針打ち合わせ及び ChIP-Atlas と の連携について、九州大学・沖講師との 打ち合わせを合宿形式で実施
2018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
2019年 3月10~1 3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
2019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

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 Re search Academic Semi nar	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 ~12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 8月10日	電気泳動学会プロテオ ミクス・タンパク分析 基礎講座	北里大学	50人	大規模なプロテオミクスデータをいかに 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

以上

別紙1 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	正式名称	別称・略称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文
1	Japan Proteome Standard Repository/Database	jPOST	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、現在はリポジトリパートとデータベースパートを公開しています（2018年3月）。 データベースにはプロジェクトの名称、説明、サンプル情報や、関連タンパク質のパスウェイマップによる絞り込みリストをまとめた「Dataset」と、タンパク質のID、アミノ酸配列、ペプチド情報へのリンクをまとめた「Protein」の一覧があります。生物種、サンプルタイプ、疾患名などによる検索が可能です。	https://jpostdb.org		維持・発展	データベース等	
2	jPOSTrepo	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	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)
3	jPOST repository demonstration		jPOSTリポジトリシステムでデータ公開を気にせず試しに利用してもらうためのデモサイト。	https://rep-demo.jpostdb.org/	2016/5/2	維持・発展	データベース等	
4	PRESTO		登録ファイルを高速にサーバーに転送するために、ファイルをチャンクに分割し、並列転送を実行するツール	https://github.com/PrestoTools/	2018/8/19	維持・発展	ツール等	
5	jPOSTdb	Japan ProteOme STandard Database	本DBは、再解析後のデータ（Cubeと呼ぶ）を一元化しデータベース化したもので（Globeと呼ぶ）、様々なフィルターによりプロジェクトを串刺しにして目的データセット（Sliceと呼ぶ）を抽出し、解析するものである。	http://globe.jpostdb.org/	2018/3/26	維持・発展	データベース等	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.
6	iMPAQT	in vitro proteome-assisted MRM for Protein Absolute	in vitroにおいて網羅的に合成した組換えタンパク質を用いて、MS/MSスペクトルを取得しデータベースを構築。 Description、GeneID、Pathway、GOなどで検索したタンパク質のMRMtransitionファイルをダウンロード可能。	http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/	2016/12/25	維持・発展	データベース等	Matsumoto, M., Matsuzaki, F., Oshikawa, K., Goshima, N., Mori, M., et al. (2016). A large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome. Nature Methods. 14, 251-258.
7	iMPAQTquant	iMPAQT-quant is a tool for analysis of MRM	多重反応モニタリング法による計測に必要な情報を格納したデータベースと定量解析のためのツール	http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html	2016/12/25	維持・発展	ツール等	Matsumoto, M., Matsuzaki, F., Oshikawa, K., Goshima, N., Mori, M., et al. (2016). A large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome. Nature Methods. 14, 251-258.