

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 (2020年3月時点)

□目次

§1. 研究実施体制.....	2	① 概要.....	8
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等.....	3	② 招待講演.....	8
(1) データベース一覧.....	3	③ 口頭講演.....	9
(2) ツール等一覧.....	3	④ ポスター発表.....	10
§3. 実施内容.....	4	(4) 知的財産権の出願.....	11
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標.....	4	特になし.....	11
(2) 進捗状況.....	5	(5) 受賞・報道等.....	11
§4. 成果発表等.....	8	§5. 研究開発期間中に主催した活動 (ワークショップ等).....	12
(1) 原著論文発表.....	8	1. 進捗ミーティング.....	12
① 論文数概要.....	8	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.....	13
② 論文詳細情報.....	8		
(2) その他の著作物 (総説、書籍など).....	8		
(3) 国際学会および国内学会発表.....	8		



§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	新潟大学大学院医歯学 総合研究科・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 研究部(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
	Japan Proteome Standard Repository	jPOSTrepo	https://repository.jpostdb.org/
	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、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。以下に示すように、本年度は前年度から引き続き行う 11 タスクに加え、新たに 5 タスクについて開発を進める。

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 2019 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	2019
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	■	■
	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	■	■
	SRM, PRM, DIAデータ対応	奥田G, 松本G	■	■
	グライコプロテオミクスデータ対応	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	■	■
	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の深化	松本G, 五斗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/新規バス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	■	■
	プロテオゲノミクスデータに対する対応	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	■	■

(1) リポジトリの機能強化と新機能開発：

当初の目標であった年間 100 プロジェクト登録をはるかに上回る 149 プロジェクトが 2018 年度で登録されており、引き続きリポジトリの機能強化を図る。高速アップローダーPRESTO システムに加え、高速ダウンロードのためのシステム開発に取り組む。また、大規模メタデータ一括インポートシステムの開発、SRM, PRM, DIA データ対応、およびグライコプロテオミクスデータ対応に着手する。PXC のデータの修正に対する対応を引き続き行うとともに、国際的な動向、とくにアジア地区の動向を調査するため、HUP02019 (豪・アデレード、9 月開催) やアジアオセアニア質量分析学会 (2020.1 香港) への参加や国内学会 (JProS2019 (7 月、宮崎)、日本生化学会 (9 月、横浜)) での jP

OST セッションなどを積極的に行う。さらに HUPPO Proteomics Standards Initiative (PSI)のハッカソンが日本で開催される予定(8月、柏)であり、これらの機会を利用して、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。開発は奥田 G が中心となっており、メタデータについては荒木 G、SRM 等の新モードについては松本 G と協力して進める。

(2) 再解析ワークフローの機能強化と新機能開発 :

引き続き 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。特にリン酸化ペプチドに焦点をあて、修飾位置同定のためのワークフローを確立し、全自動化をはかる。プロテオゲノミクスでは、データベース部の開発と連動しながら jPOST スコアを用いた高精度解析フローを最適化する。さらに、引き続き、多生物種を含むメタプロテオーム解析について、複数生物由来のゲノムデータベースからカスタマイズ配列を作成し、実験データとの照合を行うシステムを開発する。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 :

前年度に引き続き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。主として台湾の Cancer Moonshot プロジェクトと連動しながら、そのデータをモデルとして未知パスウェイに対する解析ツールを新たに開発する。本年度からあらたに、スプライスバリエーションやタンパク質絶対量に対するスライスデータベースの可視化に取り組む。これらは五斗 G を中心に、パスウェイツールについては奥田 G と、バリエーションや絶対量については松本 G と協力しながらすすめる。

(4) オントロジーの深化と強化 :

前年度に引き続き、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、MetabolomeXchange とファイルフォーマットの共有を目指している。本年度の HUPPO-PSI は 2019.3 に前倒しで行われるので、ここでの動向調査も行う。特に本年度はプロテオゲノミクスに対応したオントロジーの整備を行う。これらは五斗 G が中心になって行う。

(5) キュレーションの深化と強化 :

前年度に引き続き、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。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「Journal of Proteome Data & Methods (JPDM)」の J-Stage 掲載に向けた準備を日本プロテオーム学会と協力しながら鋭意すすめる。JPDM は河野(五斗 G)、小林(荒木 G)、奥田、石濱が中心になって進め、その他の項目については荒木 G を中心に進める。

(2)進捗状況

上記 16 タスクについての進捗状況を表 2 に示す。

表 2 2019 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	2019	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	■		2018終了
	PXCのXML対応	奥田G	■		2018終了
	データの修正に対する対応	奥田G		■	○
	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		■	○
	SRM, PRM, DIAデータ対応	奥田G、松本G		■	○
	グライコプロテオミクスデータ対応	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	ProteomeXchangeの深化	五斗G、松本G	■		2018終了
	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、五斗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	■	■	○
	プロテオゲノミクスデータに対する対応	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、2018 年度から引き続きデータ修正対応や 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、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、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。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。これは次年度に持ち越す予定である。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。

(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：

データベースツールについても着実に進行しており、データベースのプロテオゲノミクス対応についても、DB-KERO のコアデータを用いた連携を中心に開発が進行している。実験技術の進歩もあり、バリエーション選択的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次年度に持ち越し、引き続き検討を行う。

(4) オントロジーの深化と強化：

前年度に引き続き、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。2019.3 の HUPO-PSI の現地開催は中止になったが、オンラインで参加し、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。

§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)	5 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. Manabu Kodama, Kiyotaka Oshikawa, Hideyuki Shimizu, Susumu Yoshioka, Masatomo Takahashi, Yoshihiro Izumi, Takeshi Bamba, Chisa Tateishi, Takeshi Tomonaga, Masaki Matsumoto, Keiichi I Nakayama, "A shift in glutamine nitrogen metabolism contributes to the malignant progression of cancer.", Nature communications, vol. 11, No. 1, pp.1320, 2020 (DOI: 10.1038/s41467-020-15136-9).
2. Eric W Deutsch, Nuno Bandeira, Vagisha Sharma, Yasset Perez-Riverol, Jeremy J Carver, Deep ti J Kundu, David García-Seisdedos, Andrew F Jarnuczak, Suresh Hewapathirana, Benjamin S Pullman, Julie Wertz, Zhi Sun, Shin Kawano, Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Henning Hermjakob, Brendan MacLean, Michael J MacCoss, Yunping Zhu, Yasushi Ishihama, Juan A Vizcaíno, "The ProteomeXchange consortium in 2020: enabling 'big data' approaches in proteomics.", Nucleic acids research, vol. 48, D1, D1145-D1152, 2019. (DOI: 10.1093/nar/gkz984).
3. Mio Iwasaki, Yasushi Ishihama, "Proteomic analysis data of human induced pluripotent stem cells and human fibroblast cells.", Journal of Proteome Data and Methods, vol. 1, pp. 2-4, 2019. (DOI: 10.14889/jpdm.2019.0002).
4. Yasushi Ishihama, "From Bench to Internet: Sharing Proteomics Data and Methods through the Open Access Journal.", vol. 1, pp. 1, 2019. (DOI: 10.14889/jpdm.2019.0001).

(2) その他の著作物(総説、書籍など)

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	9 件
	国際	7 件
口頭発表	国内	3 件
	国際	0 件
ポスター発表	国内	8 件
	国際	5 件

② 招待講演

〈国内〉

1. 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.

2. 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.
3. 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.
4. 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.
5. 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.
6. 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.
7. 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.
8. 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.
9. 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.

〈国際〉

1. 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.
2. Norie Araki, Integrated proteomics for hereditary neural tumors, Cancer Research Academic Seminar 2019 in Khon Kaen University, Khon Kaen Thailand, 2019/4/18-22.
3. 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.
4. Yasushi Ishihama, Challenges in the jPOST framework towards proteogenome analysis, Tokyo Cancer Moonshot Workshop, National Cancer Research Center, Tokyo, Japan, 2019/6/24.
5. 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.
6. 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.
7. 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.

③ 口頭講演

〈国内〉

1. 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.

2. 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.
3. 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〉

なし

④ ポスター発表

〈国内〉

1. 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.
2. 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.
3. 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.
4. 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.
5. 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.
6. 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.
7. 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, トーゴーの日シンポジウム 2019, 日本科学未来館, 東京都, 2019/10/5.
8. 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&マリンメッセ, 福岡市, 2019/12/3.

〈国際〉

1. 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.
2. 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.
3. 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.
4. Norie Araki, Akiko Niibori-Nambu, Atit Silsirivanit, Yuki Nishiyama-Ikedat, Daiki Kobayashi In

tegrated phospho-glycomics identified the target signaling of cancer stem cells. 25th Human Proteome Organization World Congress, Adelaide convention centre, Adelaide, Australia, 2019/9/17.

5. 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.

(4) 知的財産権の出願

特になし

(5) 受賞・報道等

特になし

§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
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
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 及びポップインサイ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	チーム内ミーティング	オンライン	11人	進捗報告、2020年度計画

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
月 4 日	(非公開)			
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

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 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

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。リポトリバート、再解析バート、データベースバートからなり、現在はリポトリバートとデータベースバ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トリ。ProtomoeXchange (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リポトリシステムでデータ公開を気にせず試み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 Quantification	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 chromatogram.	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/impqtquant.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.