

## 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) ( <a href="https://jpostdb.org/">https://jpostdb.org/</a> )
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 (2021年3月時点)

### □目次

§ 1. 研究実施体制.....	2	③ 口頭講演.....	9
§ 2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等.....	3	④ ポスター発表.....	10
(1) データベース一覧.....	3	(4) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開) ....	10
(2) ツール等一覧.....	3	① 出願件数.....	10
§ 3. 実施内容.....	4	② 一覧.....	10
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標.....	4	(5) 受賞・報道等.....	10
(2) 進捗状況.....	6	① 受賞.....	10
§ 4. 成果発表等.....	8	② メディア報道.....	10
(1) 原著論文発表.....	8	③ その他の成果発表.....	10
① 論文数概要.....	8	§ 5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等) ...	11
② 論文詳細情報.....	8	1. 進捗ミーティング.....	11
(2) その他の著作物(総説、書籍など).....	9	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.....	12
(3) 国際学会および国内学会発表.....	9		
① 概要.....	9		
② 招待講演.....	9		



## §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
河野グループ(旧五斗グループ)	河野 信	富山国際大学・現代社会学部・准教授	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	<a href="https://jpostdb.org">https://jpostdb.org</a>
2	Japan Proteome Standard Repository	jPOSTrepo	<a href="https://repository.jpostdb.org/">https://repository.jpostdb.org/</a>
3	Japan Proteome Standard Database	jPOSTdb	<a href="https://globe.jpostdb.org/">https://globe.jpostdb.org/</a>

#### 【その他のデータベース】

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

### (2) ツール等一覧

No.	名称	別称・略称	URL
1	PRESTO		<a href="https://github.com/PrestoTools/">https://github.com/PrestoTools/</a>
2	iMPAQTquant		<a href="http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html">http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html</a>
3			

### §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、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2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 2020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	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	■		
	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		■	■
再解析ワークフローの機能強化と新機能開発	グリコプロテオミクスデータ対応	奥田G、		■	■
	jPOSTスコアの確立	石濱G	■	■	
	ワークフローの全自動化	石濱G	■	■	■
	グリコプロテオミクスデータの再解析	石濱G	■	■	■
	プロテオゲノミクスデータの再解析	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	メタゲノム配列データベースの整備	奥田G、石濱G	■	■	■
	Proteofom解析ツールの開発	河野G (旧五斗G)、松本G	■	■	
	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			■
	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、河野G (旧五斗G)		■	■
	プロテオゲノミクス用スライスデータベース	河野G (旧五斗G)、荒木G		■	■
オントロジーの深化と強化	既知/新規バスキュー解析ツールの開発	奥田G、石濱G	■	■	■
	オントロジーの充実	河野G (旧五斗G)	■	■	■
	プロテオゲノミクスデータに対する対応	河野G (旧五斗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、河野G (旧五斗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プロジェクトが登録されており(152(2018), 202(2019))、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、NBDC アーカイブに対応した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、およびグリコプロテオミクスデータ対応に取り組む。国際的な動向、とくにアジア地区の動向を調査するため、HUPO2020 (ストックホルム、10月開催) やアジアオセアニア HUPO (2020.7 釜山) への参加や国内学会 (JPrOS2020 (9月、東京)、日本分子生物学会 (12月、神戸)) での jPOST セッションなどを積極的に行う。さらに HUPO Proteomics Standards Initiative (PSI) 等の機会を利用して、ウェット研究者のニーズに合ったり

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 が中心となってい、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 スコアを中心に据えた再解析ワークフローの全自動化を確立する。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する。また公募型で再解析プロジェクトを募集することを検討する。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。スプライズ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。これらは河野 G (旧五斗 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 HUPO-PSI は 2020.3 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。これらは河野 G (旧五斗 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)」の展開について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 G (旧五斗 G)、荒木 G、奥田 G、石濱 G 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。

(6) 追加実施：COVID-19 関連プロテオームデータ再解析とデータベース化

世界中で活発に行われている COVID-19 関連プロテオーム研究について、ProteomeXchange コンソーシアムのリポジトリに登録された生データを集積し、jPOST チームで開発したデータ標準化手法を用いて再解析して一元化することにより、用いた手法やデータ解析方法のバイアスをできるだけ除去し、多くの研究者に利用可能な形にしてデータを公開し共有することを目的とする。これにより、それぞれの研究単独ではわからなかったプロテオームに関する様々な特徴量と抽出することが可能となり、人類共通の喫緊の課題である COVID-19 克服にむけた様々な研究活動を加速させる。

実際に再解析を行う石濱 G に加え、ウェブサイト開発を担う河野 G、再解析に必要な SARS-CoV2 proteins の配列データベースの整備を行う奥田 G、各研究プロジェクトからメタデータの抽出を担う荒木 G およびマニュアルキュレーションを行う松本 G の参加により、総力戦でできるだけ短期間で研究の完遂を目指す。

## (2)進捗状況

上記 13 タスクについての進捗状況を表 2 に示す。

表 2 2020 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	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
	SRM, PRM, DIAデータ対応	奥田G、松本G		■	■	■	継続
再解析ワークフローの機能強化と新機能開発	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	■	■	■		論文文化継続
	ワークフローの全自動化	石濱G		■	■	■	継続
	グライコプロテオミクスデータの再解析	石濱G		■	■	■	終了
	プロテオゲミクスデータの再解析	石濱G		■	■	■	終了
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	メタゲノム配列データベースの整備	奥田G、石濱G		■	■		継続
	Proteoform解析ツールの開発	河野G (旧五斗G)、松本G	■	■			終了
	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			■	■	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、河野G (旧五斗G)		■	■	■	継続
	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		■	■	■	終了
オントロジーの深化と強化	既知/新規パスウェイ解析ツールの開発	奥田G、石濱G		■	■		継続
	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)		■	■	■	終了
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	■	■	■		継続
	プロテオゲミクスデータ対応	荒木G、松本G	■	■	■		終了
	専門論文誌の発行	荒木G、石濱G、河野G (旧五斗G)	■	■	■		運営継続

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、種々の修正を行った。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、2020 年度は 253 プロジェクト (2017 年度 122 プロジェクト、2018 年度 152 プロジェクト、2019 年度は 202 プロジェクト) が登録された。順調に知名度は上がってきていると思われる。SRM, PRM, DIA などではイオンモビリティを備えた MS 装置の新モデルが続々登場してきており、今後もその対応が必要になる。国際的な動向、とくにアジア地区の動向を調査するために参加を予定していた HUPO2020 (ストックホルム、10 月開催) はオンラインでの開催となり、十分な情報収集ができなかった。またアジアオセアニア HUPO (2020.7 釜山) および JPrOS2020 (9 月、東京) は延期となった。日本分子生物学会 (12 月、神戸) もオンライン開催となりブース出展などは中止となったが jPOST セッションはオンラインで行い、UniProt 開発者との情報交換を行った。

(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た。現在は論文をすすめている。大規模再解析プランのための自動システムの開発を行った。一部、自動化がすすまない部分があり、これについては検討を継続する。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、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）、このデータセットの解析を行い、DB-KERO チームとの共著論文を発表した。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して、石濱 G と奥田 G が検討を開始した。

(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：

ChIP-Atlas 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可視化を行った。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。これについても継続的に検討する。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 (2020 年度)はオンライン開催となったが、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。

(6) 追加実施：COVID-19 関連プロテオームデータ再解析とデータベース化

世界中で活発に行われている COVID-19 関連プロテオーム研究について、ProteomeXchange コンソーシアムのリポジトリに登録された 20 プロジェクトについて再解析を開始した。10 プロジェクトについては、プロテオームデータが不備であったり、メタデータが入力されていなかったりしたため、対象を残り 10 プロジェクトに絞り、5 プロジェクトについては再解析を完了した。残りのものについても現在進行中である。

## §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）	11 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

(直接的な成果論文のほかに開発対象データベースを利用した間接的な成果論文を含む場合があります)

1. Pasrawin Taechawattananant, Kazuyoshi Yoshii, Yasushi Ishihama, "Peak Identification and Quantification by Proteomic Mass Spectrogram Decomposition", *Journal of proteome research*, vol. 20, No. 5, pp. 2291-2295, 2021 (DOI: 10.1021/acs.jproteome.0c00819; PMID:33661642).
2. Yu Watanabe, Kiyoko F Aoki-Kinoshita, Yasushi Ishihama, Shujiro Okuda, "GlycoPOST realizes FAIR principles for glycomics mass spectrometry data.", *Nucleic acids research*, vol. 49, D1. pp D1523-D1528, 2021 (DOI: 10.1093/nar/gkaa1012; PMID:33174597, Web of Science ID:WOS:000608437800186)
3. Miho Oka, Liu Xu, Toshihiro Suzuki, Toshiaki Yoshikawa, Hiromi Sakamoto, Hayato Uemura, Akiyasu C Yoshizawa, Yutaka Suzuki, Tetsuya Nakatsura, Yasushi Ishihama, Ayako Suzuki, Masahide Seki, "Aberrant splicing isoforms detected by full-length transcriptome sequencing as transcripts of potential neoantigens in non-small cell lung cancer.", *Genome biology*, vol. 22, No. 1, pp 9, 2021 (DOI: 10.1186/s13059-020-02240-8, PMID:33397462, Web of Science ID:WOS:000607079200009).
4. Watanabe Y, Yoshizawa AC, Ishihama Y, Okuda S., "The jPOST Repository as a Public Data Repository for Shotgun Proteomics.", *Methods Mol Biol.*, vol. 2259, pp 309-322, 2021 (DOI: 10.1007/978-1-0716-1178-4\_20)
5. Silsirivanit, A, Matsuda A, Kuno A, Tsuruno C, Yamaguchi T, Seubwai W, Angata K, Teeravirrote K, Wongkham C, Araki N, SWongkham S, Narimatsu H., "Multi-serum glycobiomarkers improves the diagnosis and prognostic prediction of cholangiocarcinoma", *Clinica Chimica Acta*, vol. 520, pp 142-149, 2020 (DOI: 10.1016/j.cca.2020.07.017)
6. Yoshikazu Johmura, Takehiro Yamanaka, Satotaka Omori, Teh-Wei Wang, Yuki Sugiura, Masaki Matsumoto, Narumi Suzuki, Soichiro Kumamoto, Kiyoshi Yamaguchi, Seira Hatakeyama, Tomoyo Takami, Rui Yamaguchi, Eigo Shimizu, Kazutaka Ikeda, Nobuyuki Okahashi, Ryuta Mikawa, Makoto Suematsu, Makoto Arita, Masataka Sugimoto, Keiichi I Nakayama, Yoichi Furukawa, Seiya Imoto, Makoto Nakanishi, "Senolysis by glutaminolysis inhibition ameliorates various age-associated disorders.", *Science*, vol. 371, No. 6526, pp 265-270, 2021 (DOI: 10.1126/science.abb5916, PMID:33446552)
7. Yuki Kito, Masaki Matsumoto, Atsushi Hatano, Tomoyo Takami, Kiyotaka Oshikawa, Akinobu Matsumoto, Keiichi I Nakayama, "Cell cycle-dependent localization of the proteasome to chromatin.", *Scientific reports*, vol. 10, No. 1, pp 5801, (DOI: 10.1038/s41598-020-62697-2, PMID:32242037)
8. Tabata Tsuyoshi, Yoshizawa Akiyasu C., Yasushi Ishihama, "jPOST Tools (I): Utilities for Peak List Processing.", *Journal of Proteome Data and Methods*, vol. 2, pp 4, 2020 (DOI: 10.14889/jpdm.2020.0004, J-Global ID:202102214429201967)
9. Watanabe Y, Okuda S., "2019 annual report of the jPOST repository", *Journal of Proteome Data and Methods*, vol. 2, pp 1, (DOI: 10.14889/jpdm.2020.0001)
10. Yamamoto H, Hayakawa E, Tsugawa H, Moriya Y, Fukusaki E, Goto S, Hasunuma T, Miura N, Yoshizawa AC, "Japan Computational Mass Spectrometry Meeting 2020 Activity Report.", *Journal of Proteome Data and Methods*, vol. 2, pp 5, 2020 (DOI: 10.14889/jpdm.2020.0005)
11. Kobayashi D, Araki N., "Data for quantitative proteome analyses of tumor suppressor gene NF1-deficient PC12 cells during NGF induced neural differentiation using iTRAQ." *Journal of P*

(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	11 件
	国際	1 件
口頭発表	国内	2 件
	国際	0 件
ポスター発表	国内	1 件
	国際	1 件

② 招待講演

〈国内〉

- 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、オンライン、2020/8/7
- 吉沢明康、質量分析インフォマティクスの世界:どこから来て、何者で、どこに向かうのか、第9回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2020)、オンライン、2020/9/2
- 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)、オンライン、2020/9/3
- 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
- 松本雅記、多重ターゲットプロテオミクスを用いたタンパク質動態解析、第93回日本生化学会大会、オンライン、2020/8/12
- 松本雅記、ペプチド先導型プロテオミクス~精密で信頼性の高いタンパク質定量技術~、CBI学会2020、オンライン、2020/10/17
- 松本雅記、多重化内部標準タンパク質を用いた精密定量プロテオミクス、質量分析東北談話会、オンライン、2020/10/23
- 松本雅記、タンパク質の精密定量による生命システムの定量的描出、生体コモンスペース研究会、オンライン、2021/2/16
- 荒木 令江、Identification of novel target signaling and function, involved in NF1-associated tumor progression、第79回日本癌学会学術総会、広島市、2020/10/3
- 荒木 令江、プロテオミクスを基盤とするデータベースの進化と生命科学研究への横断的活用、第43回日本分子生物学会年会 ワークショップ、オンライン、2020/12/4
- 石濱 泰、プロテオームデータの統合と共有に向けた jPOST の挑戦、第43回日本分子生物学会年会 ワークショップ、オンライン、2020/12/4

〈国際〉

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

③ 口頭講演

〈国内〉

- 疋田拓也、木部航希、吉沢明康、田畑剛、吉井和佳、石濱泰、ショットガンプロテオミクスにおけるマス

ペクトログラムの階層クラスタリングによるタンパク質同定、日本薬学会第 141 年会、オンライン、2021/03/29

2. 疋田拓也、木部航希、吉沢明康、田畑剛、吉井和佳、石濱泰、ショットガンプロテオミクスにおけるマスペクトログラムの階層クラスタリングによるタンパク質同定、第 2 回生体分子分析ワークショップ、オンライン、2021/03/30

〈国際〉

該当なし。

#### ④ ポスター発表

〈国内〉

1. 渡辺由、奥田修二郎、守屋勇樹、河野信、松本雅記、高見知代、小林大樹、幡野敦、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 リポジトリの機能強化、トーゴの日シンポジウム 2020、オンライン、2020/10/5

〈国際〉

1. Satoshi Tanaka, Masaki Murase, Masaki Kato, Tsuyoshi Tabata, Maiko Kusano, Shin Kawano, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, Akiyasu C. Yoshizawa, An extension of Mass++ ver.4, a data viewer, for proteome analysis, 第 68 回アメリカ質量分析学会 (ASMS2020Reboot), Online, 2020/6/4

#### (4) 知的財産権の出願

##### ① 出願件数

種別		件数
特許出願	国内	0 件
	国外	0 件
その他の知的財産出願		0 件

##### ② 一覧

###### 1) 国内出願

該当なし。

###### 2) 海外出願

該当なし。

###### 3) その他の知的財産権

該当なし。

#### (5) 受賞・報道等

##### ① 受賞

1. 日本分析化学会電気泳動分析研究懇談会 寺部茂賞、石濱 泰、2020/11/27

##### 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
2020年 4月3日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	研究進捗報告のためのミーティング
2020年 5月8日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	同上
2020年 6月12日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	同上
2020年 7月10日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	同上
2020年 8月21日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	同上
2020年 9月4日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	同上
2020年 10月2日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	同上
2020年 11月6日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	同上
2020年 12月4日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	16人	同上
2021年 1月8日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	17人	同上
2021年 2月5日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	16人	同上
2021年 3月5日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	16人	同上
2020年 11月7日	チーム開発合宿(非公開)	オンライン	16人	メタデータ整理とデータ論文の作成
2020年 11月29日	チーム開発合宿(非公開)	オンライン	16人	メタデータ整理とデータ論文の作成
2020年 7月9日	チーム内ミーティング(非公開)	オンライン	15人	データ解析(クラスタリング)手法についての打ち合わせ
2020年 8月4日	チーム内ミーティング(非公開)	オンライン	10人	UniScore 及び jPOSTdb での FDR 計算方法についての打ち合わせ
2020年 10月21日	メタデータ聞き取り調査	オンライン	3人	再解析のためのメタデータ調査
2020年 9月30日	データベースグループミーティング(非公開)	オンライン	3人	研究進捗報告のためのミーティング
2020年 10月14日	データベースグループミーティング(非公開)	オンライン	3人	同上
2020年 10月28日	データベースグループミーティング(非公開)	オンライン	3人	同上
2020年 11月6日	データベースグループミーティング(非公開)	オンライン	3人	同上
2020年 11月20日	データベースグループミーティング(非公開)	オンライン	3人	同上
2020年	データベースグループミ	オンライン	3人	同上

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
12月4日	ーティング(非公開)			
2020年 12月18日	データベースグループミ ーティング(非公開)	柏 DBCLS	3人	同上
2021年 1月8日	データベースグループミ ーティング(非公開)	柏 DBCLS	3人	同上
2021年 1月29日	データベースグループミ ーティング(非公開)	オンライン	2人	同上
2021年 2月12日	データベースグループミ ーティング(非公開)	オンライン	3人	同上
2021年 3月3日	データベースグループミ ーティング(非公開)	オンライン	4人	同上
2021年 3月18日	データベースグループミ ーティング(非公開)	オンライン	4人	同上
2020年 10月24日	外部有識者会議(非公 開)	オンライン	23人	現状報告および科研費(研 究公開促進費)への申請に ついて
2021年 1月27日	外部有識者会議(非公 開)	オンライン	32人	JPrOSとの関係の確認、現状 報告など。

## 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
2020年 12月4日	分子生物学会・ワークシ ョップ 3AW-03「プロテオ ミクスを基盤とするデ ータベースの進化と生 命科学研究への横断的 活用」講演	オンライン		日本最大の生命科学系学会 である分子生物学会でのワー クショップで、jPOST の開発内 容について講演

以上

