

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 2018 年採択課題)

## 研究開発終了報告書

「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

研究開発期間： 2018年4月～2023年3月



©2023 石濱 泰(京都大学) Licensed under CC BY 4.0 国際

## 目次

§1. 研究開発実施の概要.....	4
§2. 研究開発実施体制.....	5
1. 研究グループ.....	5
(1) 「石濱」グループ（研究代表者グループ）.....	5
(2) 「奥田」グループ（主たる共同研究者グループ(1)）.....	6
(3) 「松本」グループ（主たる共同研究者グループ(2)）.....	7
(4) 「荒木」グループ（主たる共同研究者グループ(3)）.....	8
(5) 「河野」グループ（主たる共同研究者グループ(4)）.....	9
2. 有識者会議等.....	10
(1) 会議概要.....	10
(2) 開催歴.....	10
§3. 研究開発の目的、実施内容及び成果.....	12
1. 研究開発の背景.....	12
2. 研究開発対象のデータベース・ツール.....	13
(1) データベース.....	13
(2) ツール等.....	13
3. 達成目標及び実施計画.....	14
(1) 当初の実施計画・達成目標.....	14
(2) 期間中に追加・削除・変更した実施計画・達成目標.....	18
4. 実施内容.....	19
(1) 実施内容.....	19
(2) 実施内容のうちの特項目の詳細.....	21
§4. 主要なデータベースの利活用状況.....	23
1. アクセス数.....	23
(1) 実績.....	23
(2) 分析.....	23
2. データベースの利用状況を示すアクセス数以外の指標.....	23
3. データベースの利活用により得られた研究成果（生命科学研究への波及効果）.....	25
4. データベースの利活用によりもたらされた産業への波及効果や科学技術のイノベーション（産業や科学技術への波及効果）.....	25
§5. 今後の展開.....	26
§6. 自己評価.....	27
§7. 外部発表等.....	28
1. 原著論文発表.....	28
(1) 論文数概要.....	28
(2) 論文詳細情報.....	28
2. その他の著作物（総説、書籍など）.....	30
3. 国際学会発表及び主要な国内学会発表.....	30
(1) 概要.....	30
(2) 招待講演.....	30
(3) 口頭講演.....	34
(4) ポスター発表.....	35
4. 知財出願.....	38
(1) 出願件数.....	38
(2) 一覧.....	38
5. 受賞・報道等.....	38

(1) 受賞.....	38
(2) メディア報道.....	38
(3) その他.....	38
§8. 研究開発期間中の活動.....	39
1. 進捗ミーティング.....	39
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.....	44

## §1. 研究開発実施の概要

本研究チームでは、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)の開発を行ってきた。

2015-17年の第1期開発では、ProteomeXchange Consortium(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 モード等のターゲットプロテオミクスデータ、DIA モード等の新しいノンターゲットプロテオミクスデータ、およびイオンモビリティスペクトロメトリーを組み入れた装置から取得されるデータ等)に対する対応を行った。さらには、MS データ以外のまとまったプロテオームデータベース(たとえばゲル電気泳動データ)への対応を行った。また、PXC メンバーの一員として、International Cancer Proteogenome Consortium (ICPC)等の巨大国際プロジェクト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についてのルールづくりを行い、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 システムを共同開発した。HUPO-PSI を中心にまとめられたプロテオームメタデータフォーマット MAGE-TAB-Proteomics に準拠し、再解析に必要な SDRF (Sample and Data Relationship Format) を含むメタデータをデータ投稿者から改めて収集するデータジャーナル (Journal of Proteome Data and Methods, JPDM) を創刊し、Data Descriptor 論文投稿を通じたメタデータ収集システムを構築した。それとは別に、日本プロテオーム学会との協働で、人力での論文調査によるメタデータの補完を行うコミュニティベース論文調査を試行し、学生・若手研究者の人材育成も兼ねたメタデータキュレーション体制を確立した。再解析データは、UniProt をはじめとする知識データベースとライブラリーオミクスとのデータ連携により、様々な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の構築を行った。具体的には、プロテオゲノム解析、新型コロナウイルス関連プロテオーム解析、およびメタボロミクス等とのマルチオミクス解析のためのデータベースツールを開発した。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が付随しており、これらにより、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、どのような破綻が生物の異常(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。

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)を継続的に行った。

## §2. 研究開発実施体制

### 1. 研究グループ

#### (1) 「石濱」グループ(研究代表者グループ)

##### ・ 人員構成

氏名	所属機関	役職	研究開発項目	参加時期
石濱 泰	京都大学薬学研究科	教授	総括	2018.4～ 2023.3
杉山 直幸	同上	准教授	再解析ワークフローの機能強化	2018.4～ 2023.3
張 心儀	同上	助教	再解析ワークフローの新機能開発	2018.4～ 2019.3
吉沢 明康	同上	特定助教	再解析ワークフローの新機能開発	2018.4～ 2022.3
田畑 剛	同上	技術補佐員	再解析作業	2018.4～ 2018.12
田畑 剛	同上	研究員	再解析作業	2019.1～ 2023.3
張 智翔	同上	博士後期課程	再解析作業	2019.1～ 2019.3
小形 公亮	同上	博士後期課程	再解析作業	2019.1～ 2019.3
小形 公亮	同上	助教	再解析ワークフローの新機能開発	2019.5～ 2023.3
Taechawattananant Pasrawin	同上	博士後期課程	再解析作業	2019.1～ 2019.3
Pei-Shan Wu	同上	特定研究員	再解析ワークフローの新機能開発	2020.12～ 2021.3

##### ・ 担当項目

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ノ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))

### ・ 人員構成

氏名	所属機関	役職	研究開発項目	参加時期
奥田 修二郎	新潟大学 医歯学総合研究科	准教授	総括、リポジトリ の機能強化と新 機能開発	2018.4 ~ 2021.3
奥田 修二郎	新潟大学医学部	教授	総括、リポジトリ の機能強化と新 機能開発	2021.4 ~ 2023.3
田村 元美	新潟大学 医歯学総合研究科	研究員	リポジトリの高機 能化とプロテオ ゲノミクス対応	2018.4 ~ 2019.3
渡辺 由	同上	特任助教	リポジトリの高機 能化とプロテオ ゲノミクス対応	2018.4 ~ 2021.3
凌 一葦	同上	特任助教	リポジトリの高機 能化とプロテオ ゲノミクス対応	2018.4 ~ 2021.3
高津 茉生	新潟大学医学部	学部学生	リポジトリデータ 解析補助	2020.9 ~ 2023.3
松田 伸哉	同上	学部学生	リポジトリデータ 解析補助	2020.9 ~ 2023.3
凌 一葦	同上	助教	リポジトリの高機 能化とプロテオ ゲノミクス対応	2021.4 ~ 2023.3
瀬野 瑛	新潟大学 医歯学総合研究科	研究員	リポジトリの高機 能化とプロテオ ゲノミクス対応	2021.8 ~ 2023.3
平塚 侑	新潟大学医学部	学部学生	リポジトリデータ 解析補助	2021.8 ~ 2023.3
石野 公基	同上	学部学生	リポジトリデータ 解析補助	2021.4 ~ 2023.3
小山田 雄一	同上	学部学生	リポジトリデータ 解析補助	2021.8 ~ 2023.3

### ・ 担当項目

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))

#### ・ 人員構成

氏名	所属機関	役職	研究開発項目	参加時期
松本 雅記	新潟大学 医歯学総合研究科	教授	総括、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	2018.4 ~ 2023.3
高見 知代	同上	特任助手	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	2018.7 ~ 2023.3
小林 大樹	同上	助教	データ精査とデ ータベースへの 登録	2020.4 ~ 2023.3
幡野 敦	同上	助教	ターゲットプロテ オミクスデータの 特性解析	2020.4 ~ 2023.3
小林 良美	同上	特任助手	データ精査とデ ータベースへの 登録	2020.4 ~ 2020.8
浅井 孝仁	新潟大学 医学部保健学科	学部学生	コロナデータキュ レーション補助	2020.12 ~ 2023.3
田邊ひかる	新潟大学 医歯学総合研究科	大学院生	コロナデータキュ レーション補助	2021.3 ~ 2023.3

#### ・ 担当項目

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))

##### ・ 人員構成

氏名	所属機関	役職	研究開発項目	参加時期
荒木 令江	熊本大学生命科学研究部 (医学系)	准教授	総括、データベースキュレーションの深化と強化	2018.4 ~ 2023.3
大槻 純男	同上	教授	メタデータのキュレーション・半自動化、定量的インタラクティブネットワークデータベースの構築	2018.4 ~ 2023.3
小林 大樹	熊本大学生命科学研究部 (医学系)	特任助教	メタデータのキュレーション・半自動化・マルチオミクス、ネットワークデータベースの構築	2018.4 ~ 2019.12
小林 大樹	熊本大学生命科学研究部 (医学系)	特任助教	メタデータのキュレーション・半自動化・マルチオミクス、ネットワークデータベースの構築	2018.4 ~ 2019.12
山ノ内 祥訓	熊本大学医学部附属病院 総合臨床研究部	特任助教	プロテオゲノムによる定量データとメタデータとの統合	2018.4 ~ 2023.3
張 智翔	熊本大学生命科学研究部 (医学系)	博士研究員	マルチオミクス、ネットワークデータベースの構築	2020.6 ~ 2021.12
張 智翔	熊本大学生命科学研究部 (医学系)	博士研究員	マルチオミクス、ネットワークデータベースの構築	2020.6 ~ 2022.7
常見 結希	熊本大学医学部医学科	学生	コロナデータを含むメタデータの抽出補助	2020.10 ~ 2023.3
佐藤 亮	熊本大学医学部医学科	学生	コロナデータを含むメタデータの抽出補助	2020.10 ~ 2023.3

##### ・ 担当項目

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おう仕組みをつくる。

## (5)「河野」グループ(主たる共同研究者グループ(4))

### ・ 人員構成

氏名	所属機関	役職	研究開発項目	参加時期
河野 信	富山国際大学 現代社会学部	教授	総括、データベースツールの深化およびオントロジーの強化	2022.4 ~ 2023.3
河野 信	富山国際大学 現代社会学部	准教授	総括、データベースツールの深化およびオントロジーの強化	2020.4 ~ 2022.3
河野 信	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	客員准教授	jPOST サーバー 管理・運用 オントロジー、 RDF 化担当	2018.10 ~ 2020.3
河野 信	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	特任准教授	jPOST サーバー 管理・運用 オントロジー、 RDF 化担当	2018.4 ~ 2018.9
福島 敦史	理化学研究所 環境資源科学研究センター	研究員	サーバ管理、メタ ボロームチームと の連携	2020.4 ~ 2023.3
武藤 英佳	富山国際大学 現代社会学部	研究補助員	データ入力補助	2020.4 ~ 2022.3
中西 浩一	同上	研究員	データベース開 発	2021.11 ~ 2022.3
五斗 進	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	総括、データベースツールの深化およびオントロジーの強化	2018.4 ~ 2020.3
守屋 勇樹	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	特任助教	jPOST サーバー 管理・運用 フォーカストデー タベースの開発	2018.4 ~ 2020.3
千葉 啓和	同上	特任助教	フォーカストデー タベースの開発	2018.4 ~ 2020.3
有馬 佳奈美	富山国際大学 現代社会学部	RA	コロナデータベ ース作成補助	2020.10 ~ 2022.3
岡本 瑠璃	同上	RA	コロナデータベ ース作成補助	2020.10 ~ 2022.3
瀧山 鷹	同上	RA	コロナデータベ ース作成補助	2020.10 ~ 2022.3
上田 和希	同上	RA	コロナデータベ	2021.4 ~

			ース作成補助	2022.3
小沼 朋世	同上	RA	コロナデータベ ース作成補助	2021.4 ~ 2022.3
上松 幸太	同上	RA	コロナデータベ ース作成補助	2021.4 ~ 2022.3
吉沢 明康	同上	研究員	再解析ワークフロ ーの新機能開発	2022.4 ~ 2023.3

#### ・ 担当項目

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（2021.1に一部の委員は交代）

### (2) 開催歴

年月日	場所	参加人数	主な議題
2018.5.16	ホテル阪急エキスポパーク	15人	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
2019.1.8	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	18人	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
2019.7.25	宮崎シーガイアコンベンションセンター クリスタル	17人	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。
2020.1.31	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	15人	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。
2020.10.24	オンライン開催	23人	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。

2021.1.27	オンライン開催	34 人	新旧委員引継ぎ。JPrOSとの関係の確認、現状報告など。
2021.7.7	オンライン開催	20 人	jPOST 開発, JPDM の進捗報告と委員からのご意見聴取
2022.1.27	オンライン開催	20 人	jPOST 開発, JPDM の進捗報告と委員からのご意見聴取: メタデータ人海戦術-JPrOSとの連携
2022.8.9	北里大学相模原キャンパス理学部会議室	19 人	今後の国際展開について

### §3. 研究開発の目的、実施内容及び成果

#### 1. 研究開発の背景

タンパク質は、生命機能を紐解くうえで欠かすことのできない生命素子であり、したがってその異常はただちに疾病へとつながり、その機能を薬剤によって回復させることにより、疾病治療が可能となる。タンパク質の総体であるプロテオームのプロファイルは、ゲノムのように一定ではなく、時間、年齢、体組織、臓器、個人、疾病状態、環境刺激等によりダイナミックに変化する。したがって、これらの情報を世界的な規模で、より網羅的に、より系統的に集積し解析することにより、今まで見えなかった新しい生命原理が見えてくる可能性がある。

近年の爆発的な技術革新により、大規模プロテオームデータが容易に得られる時代になり、2010年前後にプロテオームデータベースが欧米各地で構築され、国際連携されつつあった。世界的なプロテオームデータベース開発の背景としては、国際ヒトプロテオーム機構(HUPO)が中心となって推進した Human Proteome Project (HPP)の2010年の開始が大きい。これはヒト全タンパク質のデータベースを国際連携で構築することを目指すもので、そのコンセプトは、ヒト全タンパク質が人体のどこに、いつ、どれだけ発現するのか、それらが疾患においてどのように変化するかなどの情報を集めた統合データベース、ヒトプロテオームマップを提供しようというものである。世界各国が染色体ごとに分担するシステムのため、異なるデータ解析法やフォーマットが存在し、統一したデータは数年たっても報告されなかった。一方、世界的に最も信頼性における大規模プロテオームデータリポジトリとして ProteomeXchange Consortium(PXC)がデータ登録の仕組みを2014年までにほぼ完成させ、この共有データを利用したヒトプロテオームマップが2014年5月に Nature 誌で発表された。しかし、網羅性を上げるためにデータをひたすら寄せ集めたために多くの偽陽性情報が混じり、HUPOをはじめとするプロテオームコミュニティから論文や公式の場で「公開すべきではない」という強い批判が繰り返し出された。プロジェクトや研究機関の枠を超えて、プロテオームデータを統合するためには、適切な方法論によるデータの標準化が必要不可欠であり、これによって、異なる生物種や翻訳後修飾情報、タンパク質絶対発現量まで含んだ統合的かつ有用なプロテオームデータベースの構築が可能となることが改めて認識されることとなった。

一方、我が国においてはヒトゲノムプロジェクトが終了した2003年にHUPOの日本組織(JHUPO)が構築され、これを前身として全ての生物のプロテオームを研究対象とする日本プロテオーム学会(JProS)が2010年に発足した。わずか数年で会員数が800人を超えるなど、研究分野として大きく注目され、2014年には学会主導でデータベースセンターが設立された。これをベースとして、データ統合・共有のための基盤作りが開始され、2015年にJST-NBDC 統合化推進プログラムに採択され、jPOST repository/databaseの開発が本格的に始まった。

本研究で開発するプロテオームデータベース jPOST repository/database は、「国際的に中核的な立場にある生命科学系データベース」である。jPOSTは、現在、公開されている公共プロテオームデータリポジトリとして世界中で最も利用されている PXC のアジアオセアニア地区で初めて登録されたメンバーリポジトリであり、世界共通フォーマットでのデータ蓄積が可能である。2016年7月の正式加入以降、ユーザー数、データ登録数、および国別ユーザー分布は指数関数的に広がっており、今後を着実に拡大することが見込まれる。また、jPOST および代表研究者の石濱は HUPO 主導の Human Proteome Project のメンバーでもあり、2018年時点の HUPO 理事、アジアオセアニア HUPO(AOHUPO)の理事役員でもある。さらに jPOST 分担研究者の河野が日本唯一のメンバーでもある HUPO-Proteomics Standard Initiative(PSI)とも連携し、データ標準化にも積極的に関与してきた。

2015-17年度の第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年度の第2期には、現在の機能を深化させ、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標にして、研究を行ってきた。2018年の開始以降の大きな状況の変化はやはり新型コロナウイルスの世界的流行であり、対面での国際活動が停滞したことによる影響が心配されたがその影響は限定的であった。むしろ、学术论文投稿数が増加したことによるデータ登録数の増加が予想以上に大きく、最終年度にサーバーのストレージ容量の増強が必要となっている。

## 2. 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	<a href="https://jpostdb.org">https://jpostdb.org</a>

#### ・ 上記以外のもの

正式名称	略称	概要
Japan Proteome Standard Repository	jPOSTrepo	<a href="https://repository.jpostdb.org/">https://repository.jpostdb.org/</a>
Japan Proteome Standard Database	jPOSTdb	<a href="https://globe.jpostdb.org/">https://globe.jpostdb.org/</a>
iMPAQT		<a href="http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/">http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/</a>

### (2) ツール等

正式名称	略称	概要
PRESTO		<a href="https://github.com/PrestoTools/">https://github.com/PrestoTools/</a>
iMPAQTquant		<a href="http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html">http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html</a>

※データベース、ツールの詳細は別紙参照。

### 3. 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。

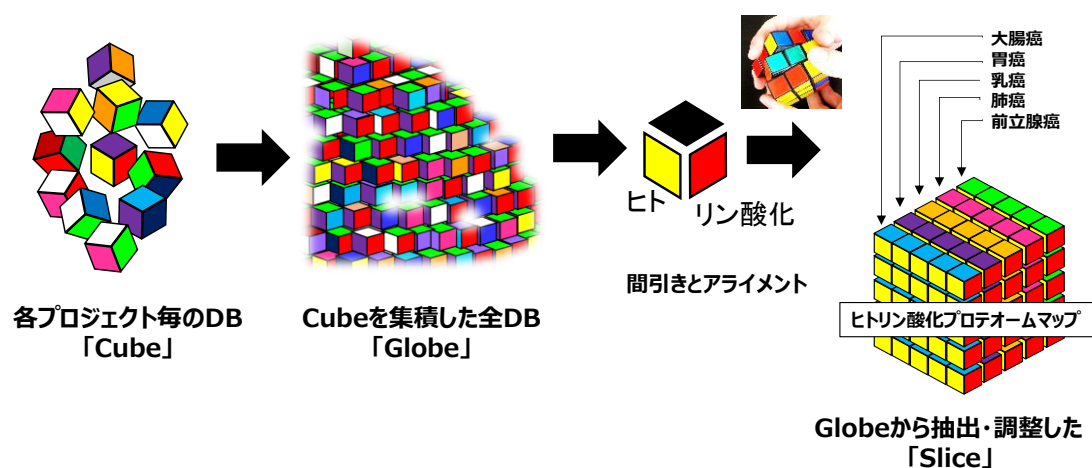


図 1 jPOST database における各データベースの構成

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) がそろうようにすると、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 項目について開発を行い、その後 2 年間で 10 項目の目標を達成する。表 1 に、項目、担当グループを 5 年間のスケジュールにまとめたものを示す。

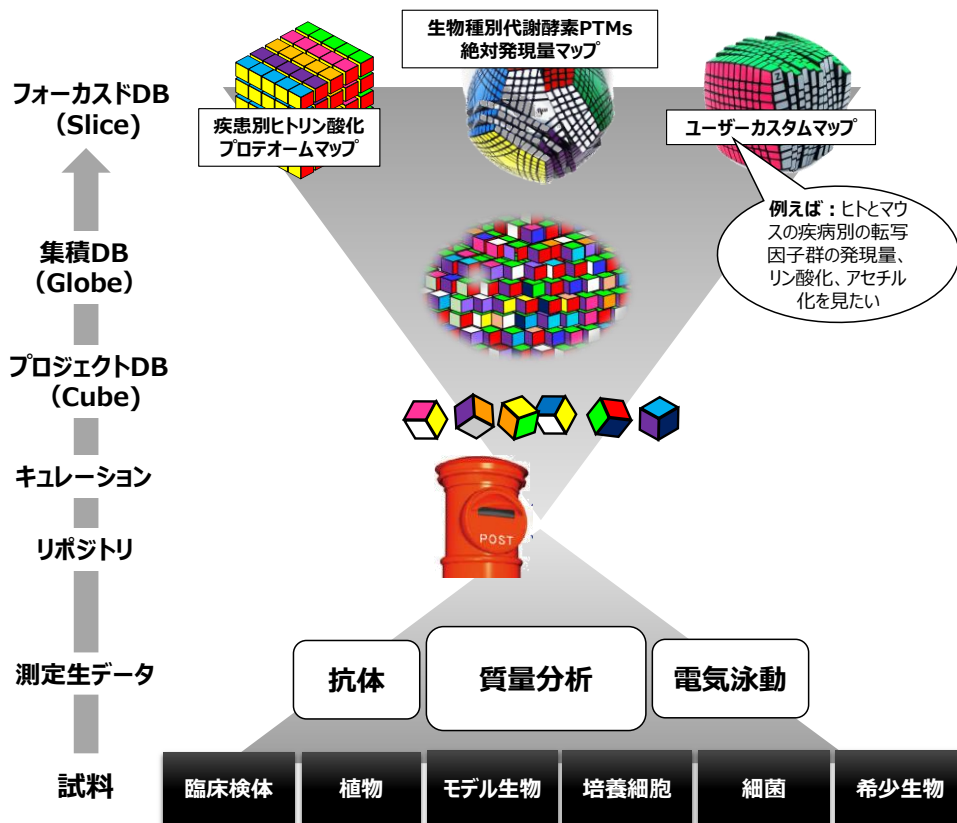


図2 試料から jPOST-SliceDB までのデータの流れ

表1 5年間の研究開発テーマ及び達成項目

研究開発テーマ	タスク	担当グループ	2018	2019	2020	2021	2022
リポジット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、		■	■		
	NBDCアーカイブとの連携構築	奥田G、河野G (旧五斗G)				■	■
	サーバーのクラウド化検討	奥田G、河野G (旧五斗G)、石濱G				■	■
	PXC間ミラーリング対応	奥田G、五斗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	■	■			
	グライ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		■	■		
	メタゲノム配列データベースの整備	奥田G、石濱G		■	■		
	メタプロテオゲノミクスデータの再解析	石濱G		■	■		
スペクトルのクラスター化とライブラリー検索ツールの開発	松本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	Proteform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		■	■		
	既知/新規パスウェイ解析ツールの開発	奥田G、石濱G	■	■			
	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の整備	松本G、河野G (旧五斗G)			■	■	■
オントロジーの深化と強化	メタプロテオゲノミクスデータのタクソノミー解析ツールの開発	奥田G、石濱G、河野G (旧五斗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)		■	■		
	マルチオ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)			■	■	■
	論文からのメタデータ自動取得	荒木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

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られる。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目指す。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: HUPPO-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。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 年目、4 年目にそれぞれ追加予算をいただき、新型コロナウイルス関連プロテオームデータベース構築およびプロテオゲノム関連データベース構築を計画に追加した。また、最終年度に、予想

以上の急激な登録データ増加に対応するため、追加予算をいただきメインサーバーおよびミラーサイトサーバーのストレージ容量を増加させる計画を追加した。

## 4. 実施内容

### (1) 実施内容

当初計画したタスクに中間評価時までには修正した部分を赤で追記したものを表 2 に示す。

表 2 5 年間の研究開発項目と状況

研究開発テーマ	タスク	担当グループ	2018	2019	2020	2021	2022		
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		■	■	■	■	■	終了
	グライコプロテオミクスデータ対応	奥田G、		■	■				終了
	NBDCアーカイブとの連携構築	奥田G、河野G (旧五斗G)	■	■	■				終了
	サーバーのクラウド化検討	奥田G、河野G (旧五斗G)、石濱G				■	■	■	終了
	PXC間ミラーリング対応	奥田G、五斗G				■	■	■	終了
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	■	■	■	■	■	■	終了
	ワークフローの全自動化	石濱G	■	■	■	■	■	■	終了
	グライコプロテオミクスデータの再解析	石濱G		■	■	■	■	■	終了
	プロテオゲノミクスデータの再解析	石濱G		■	■	■	■	■	終了
	メタゲノム配列データベースの整備	奥田G、石濱G		■	■	■	■	■	終了
	メタプロテオゲノミクスデータの再解析	石濱G		■	■	■	■	■	終了
	スペクトルのクラスター化とライブラリー検索ツールの開発	松本G、石濱G				■	■	■	終了
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	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)		■	■	■	■	■	終了
	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		■	■	■	■	■	終了
	既知/新規バスキュー解析ツールの開発	奥田G、石濱G	■	■	■	■	■	■	終了
	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の整備	松本G、河野G (旧五斗G)		■	■	■	■	■	終了
	メタプロテオゲノミクスデータのタキソノミー解析ツールの開発	奥田G、石濱G、河野G (旧五斗G)		■	■	■	■	■	終了
オントロジーの深化と強化	オントロジーの充実	河野G (旧五斗G)	■	■	■	■	■	■	終了
	プロテオゲノミクスデータに対する対応	河野G (旧五斗G)		■	■	■	■	■	終了
	マルチオ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	■	■	■	■	■	■	終了
	プロテオゲノミクスデータ対応	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)	■	■	■	■	■	■	終了
	論文からのメタデータ自動取得	荒木G、河野G (旧五斗G)		■	■	■	■	■	終了

いくつかのタスクについては上記表中に赤で示すような遅れもあったが、基本的にはすべてのタスクについて開発は終了した。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 PXC 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、2017 年度 108 プロジェクト、2018 年度 152 プロジェクト、2019 年度 202 プロジェクト、2020 年度 250 プロジェクト、2021 年度 376 プロジェクト、2022 年度は 9 月末時点ですでに 253 プロジェクトとなっており、年間 500 プロジェクトペースで進行している。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。残念ながら新型コロナウイルスの影響で 2020,2021 年度は、HUPO 大会はオンライン、アジアオセアニア HUPO（2021.7 釜山）、国内学会（JPrOS2021（7月、徳島））もオンラインとなったが発表は積極的に行った。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 サーバー担当を河野 G 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（UniScore と改名）を含めほぼ完成し、大規模再解析プランのための半自動システム開発を行った。一部、自動化がすすまない部分があり、アドバイザーの瀬々先生の協力を得ながら、全自動化を検討したが現状では難しいことが判明した。日本プロテオーム学会の協力を得ながら、人力での論文からのメタデータ抽出する仕組みを確立し、年間 200 プロジェクト程度の再解析が可能となった（約 5 倍の高速化）。PXC の再解析データ登録第一号として jPOST データを登録し、また COVID-19 関連プロテオームプロジェクトの再解析およびデータベース化を行った。プロテオゲノミクスでは、DBKERO との連携を模索し、KERO の標準試料の解析を行い、DBKERO チームとの共著論文を発表した。新規翻訳開始点や翻訳後プロセッシング産物のプロテオームデータの再解析を行い、プロテオゲノムブラウザを整備した。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プロテオゲノム解析の検討を行った。2022 年 9 月末現在で公開されている再解析データのプロジェクト数は 40 であるが、よりユーザーフレンドリーなウェブを検討中である。第 2 期が終了する 2023.3 には 800 プロジェクトを完全公開させる予定である。

#### （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：

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、KERO のコアデータを用いた検討を行い、バリエーション選択的なプロテオームデータやプロテオゲノミクスデータの可視化ツール開発を行った。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。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を開発した。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) に対面参加し、その後はオンライン参加となったが Universal Spectrum ID 等の開発を国際協働で行った。

#### (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 論文として公開した。PSI-PXC のメタデータ標準化フォーマットにも対応した。それとは別に、(2) に記述したようにメタデータを人力で収集するためのコミュニティベース論文調査システムを確立した。

## (2) 実施内容のうちの特定項目の詳細

### ① 研究コミュニティを含むデータ提供者との連携・協業

日本プロテオーム学会とはタイトな協力関係にあり、会員からのリポジトリへのデータ登録に加え、JPDM—Data Descriptor 論文への投稿からメタデータ抽出—jPOST 再解析という流れを積極的に行っている。これに関するセミナーの開催を 2022.11 に予定中。

大型国プロとの連携として、タンパク質の関わる JST-CREST, AMED-CREST, 学術変革 A の研究総括、研究代表者と連絡をとり、領域会議等への参加をすでに承諾していただいている。残念ながら、新型コロナの影響で、まだ実現できていない。分担研究者の松本 G を通じて、実務者会議の設置を模索しているところである。

### ② データベース利用者への周知、利用者との連携・協業

関連国内学会(日本プロテオーム学会、日本電気泳動学会、日本質量分析学会、日本分子生物学会など)におけるブースの出展、セッションオーガナイズ、セミナー開催を行ってきた。国際学会としては、HUPO, ASMS, AOHUPO, AOMSC などでの発表を積極的に行ってきた。リポジトリ利用者から頻繁に来る使い方への質問などに対応するため、オンラインマニュアル、動画などを作成してきた。年 2 回の外部有識者会議からの意見も聞き、使い勝手の良いデータベース構築を心がけてきた。

### ③ 利用者にとって有用なデータ基盤の構築

タンパク質知識データベースとしては世界で最も使われている UniProt と相互連携することが可能となっており、UniProt をハブにして他の生命科学 DB と連携が取りやすいシステムになっている。さらに RDF ベースで整理されているので他の DB とのデータ統合が容易になっている。他のオミクスとの連携例を SliceDB としてプリセットすることにより、再解析データの利活用を促進している。

### ④ 持続的なデータベース運用体制の構築に向けた取り組み

プロテオームデータジャーナル JPDM の創刊により、データ生産者にとってもインセンティブがある形で再解析用の高品質メタデータ収集が可能となった。さらに、日本プロテオーム学会を通じて、論文からのメタデータ抽出を人海戦術で行うアプローチが確立できた。ただし、いずれも公的機関からの研究資金サポートがあって成立しているので、このコストをできるだけ下げよう工夫がさらに必要と思われる。

### ⑤ 人材の育成

上記のコミュニティベースのメタデータキュレーションにより、学生や若手研究者の研究力強化につながる事が期待できる。また当初は情報系プロジェクト参画者の多くはゲノム研究者であったが、本開発を通じてウェット研究者と協働することにより、MS データ、プロテオームデータにも精通した

人材を生み出すことができ、そのコミュニティが広がることにより、我が国にはほとんど存在しなかった MS インフォマティシャンが増えつつあると実感している。

#### ⑥ 国際連携・国際貢献

PXC、PSI-HUPO を通じた国際連携により、海外からの利用者は激増している。2019 年度は日本、アメリカからの投稿がそれぞれ 64%、10%だったが、2022 年度にはそれぞれ 13%、34%となり、急激に国際化が進んでいることがわかる。2022 年度の Top 5 はアメリカ 34%、日本 14%、中国 12%、ドイツ 5%、インド 3%となっている。利用者のお話をきくと、他の PXC リポジトリと比べ、画面がわかりやすく、入力項目にも無駄がないとのことであった。

#### ⑦ その他

特になし。

## §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 1 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)

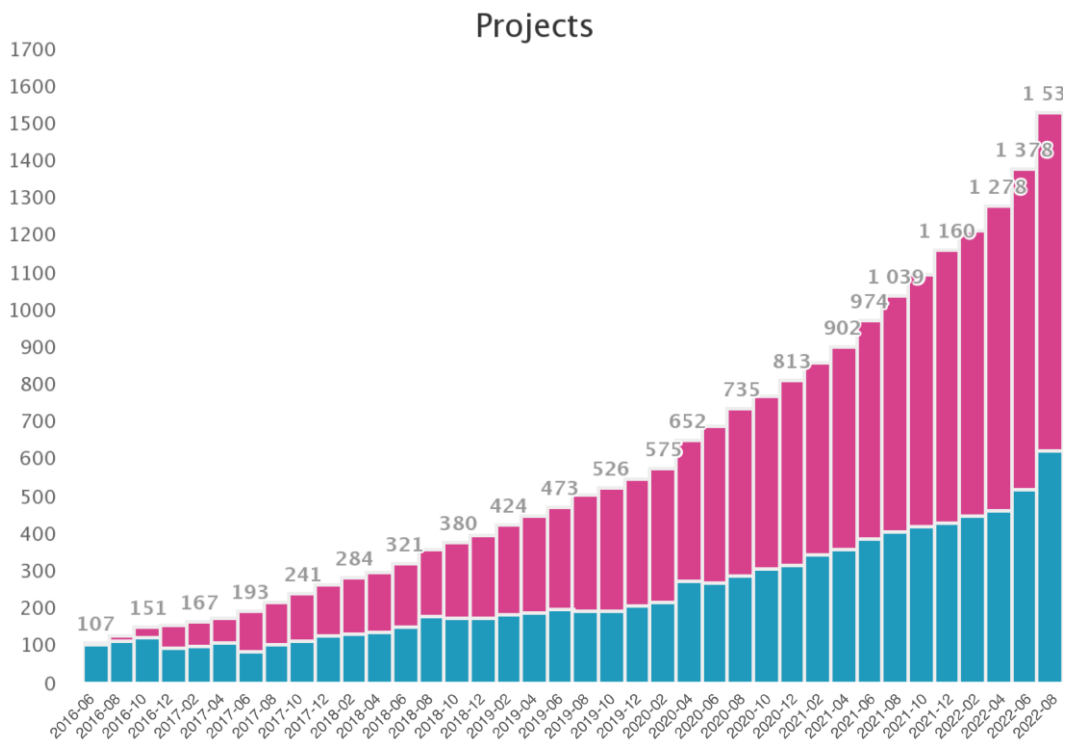
名称	種別	2018年度	2019年度	2020年度	2021年度	2022年度
jPOST repository	訪問者数	—	953	907	1027	1415
	訪問数	456	459	552	655	2147
	ページ数	673000	445000	1098000	1390000	2160000

#### (2) 分析

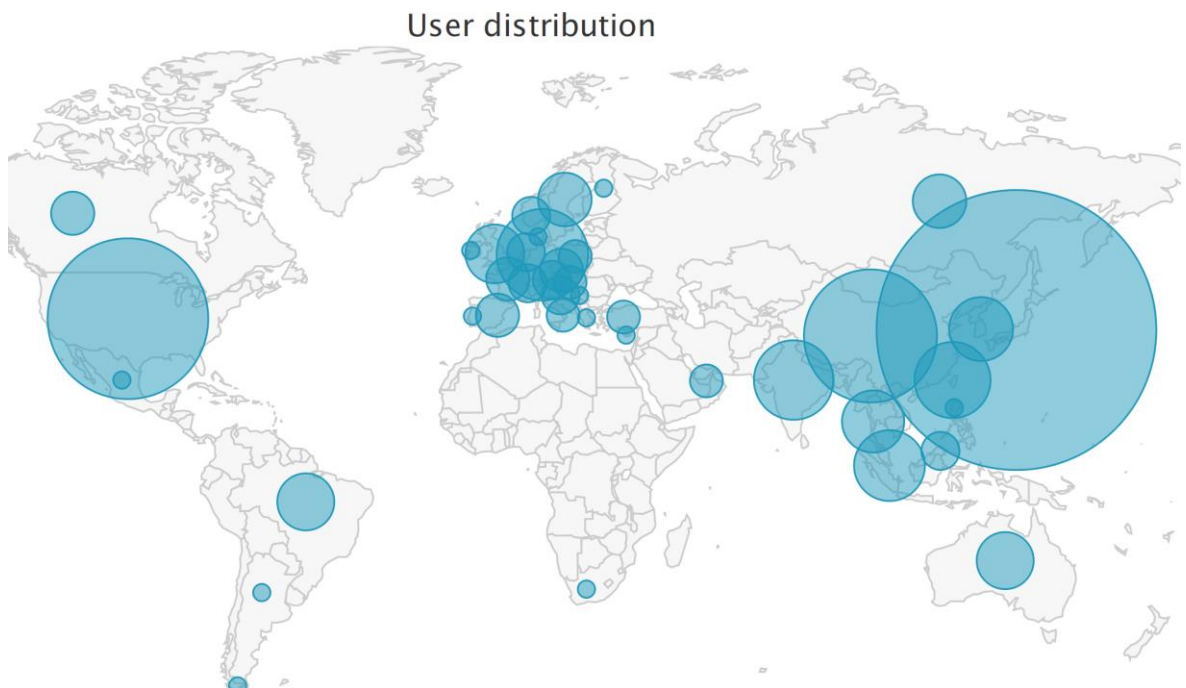
下記の図 3, 4 でも示すように、jPOST の利用者、登録者は年々増加しており、これが訪問者数、ページ数にも反映されていると思われる。さらに今年度に入って、データ登録数の増加の傾向はますます顕著になってきている。これは、COVID-19 の感染拡大にともない、研究活動が制限されたことにより、論文投稿が増え、それに伴って生データ登録数が増えたと考えられる。さらには、地道な活動により、jPOST の知名度が国際的に広がってきていることも影響したと思われる。

### 2. データベースの利用状況を示すアクセス数以外の指標

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、2017年度 108 プロジェクト、2018年度 152 プロジェクト、2019年度 202 プロジェクト、2020年度 250 プロジェクト、2021年度 376 プロジェクトであった。2022年度は9月末時点で 253 プロジェクト、3月末では最終的に年間 567 プロジェクトとなった。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**  
2021年9月時点で520人37カ国  
2022年9月時点で682人43カ国



### 3. データベースの利活用により得られた研究成果(生命科学研究への波及効果)

1. jPOST からの月間データダウンロード数は以下の通りとなっている。

Average monthly downloads in...	2019	2020	2021
Hits / Requests per month	20634	47812	47990
Unique IP addresses / Hosts per month	12	191	207
Data transfer per month (GB)	66.81	226.68	875.11

Please state technology used to provide and log these downloads (e.g. FTP, APIs): https and ftp

2. jPOST・ProteomeXchange が学術雑誌に引用されている頻度は以下の通りである。

Annual totals:	2019	2020	2021
Resource name mentioned in PubMed/EuropePMC/Google Scholar (citation of biodata resource by name)	1,673	2,488	3,215

3. 下記の ProteomeXchange 論文の被引用回数は以下の通りである。

Article	Year of publication	Link/URL	Citation count (Google Scholar)
Deutsch EW, et al (2017). The ProteomeXchange Consortium in 2017: supporting the cultural change in proteomics public data deposition. <i>Nucleic Acids Res</i> 54(D1):D1100-D1106 (PubMed ID: 27924013).	2017	<a href="https://academic.oup.com/nar/article/45/D1/D1100/2290897">https://academic.oup.com/nar/article/45/D1/D1100/2290897</a>	684
Vizcaíno JA, et al (2014). ProteomeXchange provides globally co-ordinated proteomics data submission and dissemination. <i>Nat Biotechnol</i> 32(3): 223-226 (PubMed ID: 24727771).	2014	<a href="https://www.nature.com/articles/nbt.2839">https://www.nature.com/articles/nbt.2839</a>	2380

### 4. データベースの利活用によりもたらされた産業への波及効果や科学技術のイノベーション(産業や科学技術への波及効果)

特になし。

## §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ようやく 8 年が経過したところであり、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デン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。

最後に、質量分析を用いるオミクス解析に共通するところは、ぜひ統合すべきであると考えている。具体的には、生データを貯蔵するリポジトリの入口を共有し、更には、スペクトルのピークピッキングまでは同じデータ処理プロセスで行うことができるので、jPOST と GlycoPost で行っている協働部分をメタボロミクス、リポミクス等にも拡大し、データストレージとピークピッキングは共有しながらメタデータ等は独自のアプローチで標準化する“UniPost”コンセプトをぜひ提案したい。

これらの試みによって、生物が異なっても、対象分子群が異なっても、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。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 8 年間で、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, DBKERO, 糖鎖チームとはすでに成果がつつある。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 PXC 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、本プログラムによるサポートの意義を研究者コミュニティ全体にさらにアピールしていくのが最も重要であると考えられる。ライフサイエンスデータベース間で共通している機能は共有し、より効率的でユーザー first な運用を目指すとともに、現在 PXC でグループ申請中の Global Biodata Coalition (GBC) に加入することで、安定運用への道が国内外でより広がることを期待したい。なお、現在最終審査コメントが返ってきて、高評価をいただいていることから今年度中に GBC 加入は認められると思われる。

## §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)	18 件
未発行論文	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).
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).
3. Kito Y, Matsumoto M, Hatano A, Takami T, Oshikawa K, Matsumoto A, Nakayama KI. Cell cycle-dependent localization of the proteasome to chromatin. *Sci Rep.* 2020 Apr 2;10(1):5801. doi: 10.1038/s41598-020-62697-2.
4. Watanabe Y, Okuda S., 2019 annual report of the jPOST repository. *Journal of Proteome Data and Methods* 2020 2:1 2020 June 29 doi: 10.14889/jpdm.2020.0001
5. 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, Netze 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.
6. Y Watanabe, K F Aoki-Kinoshita, Y Ishihama and S Okuda. GlycoPOST realizes F AIR principles for glycomics mass spectrometry data, *Nucleic Acids Res.* 49(D1): D1523-D1528 (2021). (DOI:10.1093/nar/gkz984).
7. Silsirivanit, A, Matsuda A, Kuno A, Tsuruno C, Yamaguchi T, Seubwai W, Angata K, Teeravirote K, Wongkham C, Araki N, SWongkham S, Narimatsu H., Multi-serum glycobiomarkers improves the diagnosis and prognostic prediction of cholangiocarcinoma. *Clinica Chimica Acta*, 2020, 510, 142 - 149, 2020 Nov. doi; 10.10

16/j.cca.2020.07.017

8. Tabata T, Yoshizawa AC, Ishihama Y. jPOST Tools (I): Utilities for Peak List Processing. *Journal of Proteome Data and Methods*, 2020 2: 4, 2020 Dec 16, doi: 10.14889/jpdm.2020.0004
9. 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*, 2020, 2:5 2020 Dec 23, doi: 10.14889/jpdm.2020.0005
10. 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 Proteome Data and Methods*, 2020:1(2)2-5, 2020 Dec. doi: 10.14889/jpdm.2020.0002
11. Oka M, Xu L, Suzuki T, Yoshikawa T, Sakamoto H, Uemura H, Yoshizawa AC, Suzuki Y, Nakatsura T, Ishihama Y, Suzuki A, Seki M., Aberrant splicing isoforms detected by full-length transcriptome sequencing as transcripts of potential neoantigens in non-small cell lung cancer. *Genome Biol.*, 2021, 22(1), 9, 2021 Jan 4, doi: 10.1186/s13059-020-02240-8.
12. Johmura Y, Yamanaka T, Omori S, Wang T, Sugiura Y, Matsumoto M, Suzuki N, Kumamoto S, Yamaguchi K, Hatakeyama S, Takami T, Yamaguchi R, Shimizu E, Ikeda K, Okahashi N, Mikawa R, Suematsu M, Arita M, Sugimoto M, Nakayama KI, Furukawa Y, Imoto S, Nakanishi M., Senolysis by glutaminolysis inhibition ameliorates various age-associated disorders. *Science* 371(6526): 265-70, 2021. Jan. 15 doi: 10.1126/science.abb5916.
13. Taechawattananant P, Yoshii K, Ishihama Y, Peak identification and quantification by proteomic mass spectrogram decomposition, *J Proteome Res.* 2021 20(5) 2291-2298 2021/3/4, 10.1021/acs.jproteome.0c00819
14. Watanabe Y, Yoshizawa AC, Ishihama Y, Okuda S., The jPOST Repository as a Public Data Repository for Shotgun Proteomics., *Methods Mol Biol.* 2021, 2259,309-322 First Online: 10 March 2021. 10.1007/978-1-0716-1178-4\_20
15. Eric W Deutsch, Yasset Perez-Riverol, Jeremy Carver, Shin Kawano, Luis Mendoza, Tim Van Den Bossche, Ralf Gabriels, Pierre-Alain Binz, Benjamin Pullman, Zhi Sun, Jim Shofstahl, Wout Bittremieux, Tytus D Mak, Joshua Klein, Yunping Zhu, Henry Lam, Juan Antonio Vizcaíno, Nuno Bandeira, Universal Spectrum Identifier for mass spectra, *Nat Methods.* 2021 Jul;18(7):768-770. doi: 10.1038/s41592-021-01184-6.
16. LeDuc RD, Deutsch EW, Binz PA, Fellers RT, Cesnik AJ, Klein JA, Van Den Bossche T, Gabriels R, Yalavarthi A, Perez-Riverol Y, Carver J, Bittremieux W, Kawano S, Pullman B, Bandeira N, Kelleher NL, Thomas PM, Vizcaíno JA., Proteomics Standards Initiative's ProForma 2.0: Unifying the Encoding of Proteoforms and Peptidofoms., *J Proteome Res.* 2022 Apr 1;21(4):1189-1195. doi: 10.1021/acs.jproteome.1c00771.
17. Eric W Deutsch, Nuno Bandeira, Yasset Perez-Riverol, Vagisha Sharma, Jeremy J Carver, Luis Mendoza, Deepti J Kundu, Shengbo Wang, Chakradhar Bandla, Selvakumar Kamatchinathan, Suresh Hewapathirana, Benjamin S Pullman, Julie Wertz, Zhi Sun, Shin Kawano, Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Brendan MacLean, Michael J MacCoss, Yunping Zhu, Yasushi Ishihama, Juan Antonio Vizcaíno. The ProteomeXchange consortium at 10 years: 2023 update. *Nucleic Acids Research* 2022 Nov. doi: 10.1093/nar/gkac1040.

18. Eric W Deutsch, Juan Antonio Vizcaíno, Andrew R Jones, Pierre-Alain Binz, Henry Lam, Joshua Klein, Wout Bittremieux, Yasset Perez-Riverol, David L Tabb, Mathias Walzer, Sylvie Ricard-Blum, Henning Hermjakob, Steffen Neumann, Tytus D Mak, Shin Kawano, Luis Mendoza, Tim Van Den Bossche, Ralf Gabriels, Nuno Bandeira, Jeremy Carver, Benjamin Pullman, Zhi Sun, Nils Hoffmann, Jim Shofstahl, Yunping Zhu, Luana Licata, Federica Quaglia, Silvio CE Tosatto, Sandra E Orchard. The Proteomics Standards Initiative at Twenty Years: Current Activities and Future Work. *Journal of Proteome Research* 2023 Jan. 22(2):287-301. doi: 10.1021/acs.jproteome.2c00637.

## 2. その他の著作物(総説、書籍など)

該当なし。

## 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	44 件
	国際	19 件
口頭発表	国内	9 件
	国際	1 件
ポスター発表	国内	14 件
	国際	14 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?, 日本環境化学会一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)
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 7 8 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, ヒトキノーム収斂型細胞内シグナルの解明, 第45回日本医用マスメクトル学会年会, 同志社大・良心館, 京都市, 2020/9/19
27. 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
28. 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
29. 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
30. 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
31. 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
32. 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
33. 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
34. 河野 信, jPOST の現状とプロテオミクスデータの標準化に向けた国際連携, 日本プロテオーム学会 2021年大会, オンライン, 2021/07/21
35. 奥田 修二郎, jPOST リポジトリと JPDM データジャーナルの活用, 日本プロテオーム学会 2021年大会, オンライン, 2021/07/19
36. 松本 雅記, "ペプチドセントリックな定量プロテオミクスを用いた未開拓プロテオームの実体解明への挑戦", 第94回日本生化学会大会, オンライン, 2021/11/3
37. 吉沢明康, 質量情報から配列情報へどこまで信頼できるのか, 質量分析インフォマティクス研究会 (日本バイオインフォマティクス学会) 第7回公開ワークショップ, オンライン, 2022/04/22
38. 石濱泰, プロテオミクスの最前線, 生体機能関連化学部会若手の会第33回サマースク



ール, 神戸セミナーハウス, 2022/07/13

39. 石濱泰, 精密化プロテオミクスへの挑戦, 第 8 回がんと代謝研究会, あいぼーと佐渡, 2022/07/20
40. 石濱泰, 未開拓プロテオミクスへの挑戦, 第 16 回日本分析化学会近畿支部若手夏季セミナー, 島津製作所三条本社, 2022/08/04
41. 吉沢明康, jPOST にまつわる五つの疑問, 日本プロテオーム学会 2022 年大会, 北里大学相模原キャンパス, 2022/08/08
42. 荒木令江, ヒストリア~日本プロテオームの 20 年の歩み, 日本プロテオーム学会 2022 年大会, 北里大学相模原キャンパス, 2022/08/08
43. 石濱泰, log P からはじまる創薬プロテオミクス, 第 37 回藤田カンファレンス, YIC 京都, 2022/09/24
44. 荒木令江, マルチオミクスによる癌幹細胞の治療標的ネットワークの解析, 第 45 回日本分子生物学会, 千葉幕張メッセ, 2022/11/30

〈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, I

- taly, 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.
  15. Masaki Matsumoto, iMPAQT ver. 2: New platform for absolute quantification of proteins of interest, 10th Asia-Oceania Human Proteome Organization Congress, ハイブリッド (釜山、韓国) , 2021/07/02.
  16. Shujiro Okuda, The jPOST project promoting FAIR data principles in proteomics, 10th Asia-Oceania Human Proteome Organization Congress, ハイブリッド (釜山、韓国) , 2021/07/01.
  17. Yasushi Ishihama, Peak Identification and Quantification by Proteomic Mass Spectrogram Decomposition, 10th Asia-Oceania Human Proteome Organization Congress, ハイブリッド (釜山、韓国) , 2021/07/01.
  18. Yasushi Ishihama, Protein terminome-centric proteoform analysis, JProS 2022 pre-congress webinar, on-line, 2022/08/07
  19. Norie Araki, Analysis of therapeutic target networks of cancer stem cells by multi-omics, 17th International Symposium of the Protein Society of Thailand Khum Kham International Convention Centre, Chiang Mai, 2022/11/9.

### (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.

6. 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 Online 2021/03/29
7. 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 Online 2021/03/30
8. 石濱泰、プロテオームデータベース jPOST の挑戦、第 44 回日本分子生物学会年会、ハイブリッド (横浜)、2021.12.02
9. 石濱泰、プロテオームデータベース jPOST の新たな挑戦、第 45 回日本分子生物学会年会、幕張メッセ、2022.11.30

〈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 78<sup>th</sup> 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, トーゴーの日シンポジウム 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&マリンメッセ, 福岡市, 2019/12/3.
11. 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リポジトリーの機能強化 トーゴーの日シンポジウム 2020 Online 2020/10/5
12. 有馬 佳奈美、岡本 瑠璃、小林 大樹、吉沢 明康、河野 信、jPOSTrepo メタデータの SD RF 化、トーゴーの日シンポジウム 2021、オンライン、2021/10/5
13. 吉沢明康、守屋勇樹、小林大樹、張智翔、奥田修二郎、田畑剛、河野信、幡野敦、高見知代、松本雅記、山ノ内祥訓、荒木令江、岩崎未央、杉山直幸、福島敦史、田中聡、五斗進、石濱泰、 jPOSTdb: COVID-19 データベースの構築、トーゴーの日シンポジウム 2021、オンライン、2021/10/5
14. 吉沢明康、守屋勇樹、小林大樹、張智翔、奥田修二郎、田畑剛、河野信、幡野敦、高見知代、松本雅記、山ノ内祥訓、荒木令江、岩崎未央、杉山直幸、福島敦史、田中聡、五斗進、石濱泰 jPOST:「コミュニティ・ベース論文調査」によるメタデータキュレーションの加速 トーゴーの日シンポジウム 2022、オンライン、2022/10/05

〈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 Menneschaert, Nuno Bandeira, Proteomics Standards Initiative (PSI) Universal Spectrum Identifier (USI), 67th American Society for Mass Spectrometry (ASMS) Conferen

- ce, Atlanta, USA, 2019/6/2-6
4. Tsuyoshi Tabata, Akiyasu C. Yoshizawa, Naoyuki Sugiyama, Yasushi Ishihama, Uni Score, 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 translation elongation factors by cross-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. 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, ASMS2020Reboot, Online 2020/6/4
  12. 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 Vizcaino, and Nuno Bandeira, The PSI Universal Spectrum Identifier (USI), HUPO Connect 2020, Online, 2020/10/19-22
  13. Shin Kawano, Shujiro Okuda, Yuki Moriya, Daiki Kobayashi, Atsushi Hatano, Tomoyo Takami, Masaki Matsumoto, Yoshinori Yamanouchi, Norie Araki, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Mio Iwasaki, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Yasushi Ishihama, The Journal of Proteome Data and Methods: An Open Access Journal for Proteome Data, 10th Asia-Oceania Human Proteome Organization Congress, ハイブリッド (釜山、韓国) , 2021/06/30.
  14. Tim Van Den Bossche, Eric W. Deutsch, Yasset Perez-Riverol, Jeremy Carver, Shin Kawano, Luis Mendoza, Ralf Gabriels, Pierre-Alain Binz, Benjamin Pullman, Zhi Sun, Jim Shofstahl, Wout Bittremieux, Tytus D. Mak, Joshua Klein, Yunping Zhu, Henry Lam, Juan Antonio Vizcaino, and Nuno Bandeira, The HUPO-PSI Universal Spectrum Identifier (USI) for

mass spectra, HUPO reconnect 2021, オンライン, 2021/11/15-19.

## 4. 知財出願

### (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. \*日本分析化学会 学会賞、石濱 泰、2021/09/23
3. 日本質量分析学会 論文賞、小形公亮、張智翔、石濱泰、2022/06/23

### (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
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)	11人	進捗報告・開発方針打ち合わせ

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
		学会会場)		
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
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	ライフサイエンス統合データベースセン	4人	再解析、メタデータについて



年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
	けるチームミーティング	ター		
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	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	15人	進捗報告
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	チーム内月例ミーティング	オンライン	15人	同上

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
11月6日	グ(非公開)			
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	同上
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	メタデータ整理とデータ論文の作成
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	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 10月21日	メタデータ聞き取り調査	オンライン	3人	UniScore 及び jPOSTdb での FDR 計算方法についての打ち合わせ
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	再解析のためのメタデータ調査
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	研究進捗報告のためのミーティング
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 12月4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 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

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
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。
2021年4 月6日	島津とのユーザーミーティング(非公開)	オンライン	20人	jPOST データの利用について
2021年4 月9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
2021年5 月7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
2021年6 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	研究進捗報告のためのミーティング
2021年6 月22日	チーム内ミーティング(非公開)	オンライン	15人	Slice-DB 構築の今後の計画について
2021年7 月7日	JPrOS 理事会の外部有識者会議	オンライン	20人	jPOST/JPDM について
2021年7 月9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
2021年8 月2日	チーム内ミーティング(非公開)	オンライン	11人	Slice DB 今後の開発方針について
2021年8 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	研究進捗報告のためのミーティング
2021年8 月25日-26 日	チーム内ハイブリッド合宿(非公開)	ハイブリッド	15人	ツールその他の開発
2021年10 月1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
2021年11 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	研究進捗報告のためのミーティング
2021年12 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	研究進捗報告のためのミーティング
2022年1 月7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
2022年1 月27日	JPrOS 理事会の外部有識者会議	オンライン	20人	jPOST/JPDM について
2022年2 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	研究進捗報告のためのミーティング
2022年3 月2日-4日	チーム内ハイブリッド合宿(非公開)	ハイブリッド	15人	ツールその他の開発
2022年3 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	研究進捗報告のためのミーティング
2022年4 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	研究進捗報告のためのミーティング
2022年4 月13日	PXC midnight phone meeting	オンライン	11人	GBC への加入について
2022年5 月6日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	9人	研究進捗報告のためのミーティング
2022年6 月3日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	9人	研究進捗報告のためのミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2022年6月25日	PXC midnight phone meeting	オンライン	11人	GBCへの加入について
2022年7月1日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	10人	研究進捗報告のためのミーティング
2022年7月2日	PXC midnight phone meeting	オンライン	11人	GBCへの加入について
2022年7月9日	PXC midnight phone meeting	オンライン	11人	GBCへの加入について
2022年7月16日	PXC midnight phone meeting	オンライン	11人	GBCへの加入について
2022年7月23日	PXC midnight phone meeting	オンライン	11人	GBCへの加入について
2022年7月30日	PXC midnight phone meeting	オンライン	11人	GBCへの加入について
2022年8月6-7日	チーム内開発合宿(非公開)	ハイブリッド(	14人	研究進捗報告のためのミーティング
2022年8月7日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	14人	研究進捗報告のためのミーティング
2022年9月2日	チーム内月例ミーティング(非公開)	オンライン	11人	研究進捗報告のためのミーティング

## 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
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
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

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。
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
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
2021年7月5日	富山国際大学からのお知らせ	富山国際大学		河野准教授の論文(国際共同研究)がNature Methodsに掲載されました! <a href="https://www.tuins.ac.jp/2021/07/4747/">https://www.tuins.ac.jp/2021/07/4747/</a>
2021年7月6日	NBDC 新着情報	JST-NBDC		プロテオームの解析手法で検出されたデータのIDの国際規格となる Universal Spectrum Identifier (USI)の

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
				策定に関する論文が、2021年6月25日、Nature Methods に掲載されました。 <a href="https://biosciencedbc.jp/news/20210706-02.html">https://biosciencedbc.jp/news/20210706-02.html</a>
2021年12月2日	第44回日本分子生物学会年会 フォーラム「生命科学のデータベース活用法」	パシフィコ横浜(ハイブリッド)	80	日本最大の生命科学系学会である分子生物学会でのNBDC 主催のフォーラム企画で、jPOST の開発内容について講演
2022年1月20日	AJACS オンライン 10「タンパク質のデータベースを活用する」	オンライン		◆jPOST を使ってプロテオーム解析をする◆by 荒木令江先生(熊大) <a href="https://doi.org/10.7875/togotv.2022.022">https://doi.org/10.7875/togotv.2022.022</a>
2022年8月8日	JPrOS2022-jPOST セッション	北里大学相模原キャンパス L1 号館 (ハイブリッド)	200	日本プロテオーム学会と協働してすすめているプロテオームデータベース jPOST, 世界初のプロテオームデータジャーナル JPDM について、そのアクティビティを学会員及び大会参加者に紹介する

以上

## 別紙 研究開発対象のデータベース等

No.	正式名称	別称	概要	URL	公開日	状態	分類	生命科学系データベースアーカイブ	NBDCヒトデータベース	NBDC RDPポータル	関連文献 (論文リストに記載があれば、その番号でも可)
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。リポジットリパート、再解析リパート、データベースリパートからなり、現在はリポジットリパートとデータベースリ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。	<a href="https://jpostdb.org">https://jpostdb.org</a>		維持・発展	データベース等	<a href="https://integbio.jp/dbcatalog/record/nbdc01594">https://integbio.jp/dbcatalog/record/nbdc01594</a>			
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ット。ProteomeXchange (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。	<a href="https://repository.jpostdb.org/">https://repository.jpostdb.org/</a>	2016年5月2日	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リポジットシステムでデータ公開を気にせず試しに利用してもらったためのデモサイト。	<a href="https://rep-demo.jpostdb.org/">https://rep-demo.jpostdb.org/</a>	2016年5月2日	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。	<a href="https://github.com/PrestoTools/">https://github.com/PrestoTools/</a>	2018年8月19日	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。	<a href="http://globe.jpostdb.org/">http://globe.jpostdb.org/</a>	2018年3月26日	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。	<a href="http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/">http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/</a>	2016年12月25日	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	<a href="http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impqtquant.html">http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impqtquant.html</a>	2016年12月25日	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.