

ライフサイエンスデータベース統合推進事業(統合化推進プログラム)

研究開発終了報告書

研究開発課題名:

「プロテオーム統合データベースの構築」

研究代表者:

石濱 泰

(京都大学 大学院薬学研究科 教授)

研究開発期間:

2015年4月～2018年3月



©2018 石濱 泰(京都大学) licensed under CC 表示 4.0 国際

§1. 研究開発実施の概要

近年の急速な技術革新により爆発的なサイズのプロテオームデータが産生されているが、これらのデータの共有・維持・管理を行うためのインフラ整備が世界的に著しく遅れている。我が国においても、プロテオーム情報が継続的かつ確実に蓄積されているにも関わらず、これらの生データを関連するメタデータと共に一元的に格納するリポジトリさえ未だ整備されていない。生物のプロテオーム情報は基礎科学の根幹をなすのみならず、医療や創薬に直接的に関わる最も重要な情報であり、プロテオームデータベースの整備は緊急を要する。

本プロジェクトは、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世界初の横断的統合プロテオームデータベース jPOST (Japan ProteOme STandard Repository/Database) を開発し、ライフサイエンス統合 DB に欠けている「タンパク質」という必要不可欠な生命素子情報を広く国内外に公開することを目的とする。

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。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。Slice は汎用性の高いものをプリセット DB としてあらかじめセットし、それに加えてユーザーが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 を作製できるようにする。

以上のシステムを3年間で構築すべく、次の6つの項目 ((1)サーバー管理・運用、(2)リポジトリ、(3)再解析、(4)プロジェクト別 DB (Cube) 構築、(5)集積キューブ型 DB (Globe) 構築、(6)フォーカスト DB (Slice) 構築) を設定し、システム開発を行った。その結果、2年目に世界標準であるプロテオームデータリポジトリシステム ProteomeXchange コンソーシアムにアジア・オセアニア地区初のリポジトリ拠点として加入し、リポジトリシステムを起動させることに成功した。現在、アジア地区に限らず全世界から120を超えるユーザーが登録され、20コアデータセットを含む250を超えるプロジェクトデータがデポジットされるなど、短期間で国際的な認知を得ることに成功した。また、タンパク質同定のための検索エンジンや質量分析装置の種類に依存しない独自の jPOST スコアを導入し、大規模集積データのための再解析ワークフローを確立した。データベース部の開発においては様々な異なる測定プラットフォームデータに対応したインターフェースを開発した。Globe および Slice 開発においては、RDF スキーマ、オントロジー設計を行い、データ統合に向けた基本設計をおこなった。Slice データベースについては、グローバル定量プロテオミクス、翻訳後修飾定量プロテオミクスおよびターゲット定量プロテオミクスに対応したプリセットマップを開発した。さらにユーザーがカスタマイズ可能なデータベース作成のためのツール開発もを行い、汎用性を確保した。

§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	2015.4～ 2018.3
杉山 直幸		准教授	jPOST およびデータ 標準化法の開発	2015.4～ 2018.3
若林 真樹		助教		2015.4～ 2017.3
田畑 剛		技術補佐員	データ標準化作業	2015.5～ 2018.3
吉沢 明康	京都大学 化学研究所	特定研究員	jPOST およびデータ 標準化法の開発	2015.6～ 2017.3
吉沢 明康	京都大学 薬学研究科	特任助教		2017.4～ 2018.3
高橋 知里		D4	データ標準化作業	2016.4～ 2017.3
津曲 和哉		D2		2016.4～ 2017.3
張 智翔		D2		2017.4～ 2018.3
小形 公亮		D1		2017.4～ 2018.3
岩崎 未央	京都大学 iPS 細胞研究所	特定助教		2017.10 ～2018.3

担当項目

- ・ プロジェクト全体の進行管理
- ・ キュレーションワークフロー開発(全体システム及び翻訳後修飾プロテオミクス)
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」の開発(主に翻訳後修飾プロテオミクス関連)
- ・ Cube集積データベース「Globe」の開発
- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」の開発

(2)「五斗」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
五斗 進	京都大学 化学研究所	准教授	総括、システム開発	2015.4～ 2017.3
吉沢 明康		特定研究員	jPOST のサーバー 管理運用及びプロ ジェクト別データベ ースの開発	2015.6～ 2017.3

担当項目

- ・ サーバー管理運用
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」開発
- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」開発

(3)「荒木」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
荒木令江	熊本大学 生命科学研究部 (医学系)	准教授	総括、システム開発	2015.4～ 2018.3
大槻純男	熊本大学 生命科学研究部 (薬学系)	教授	jPOST およびフォーカスト データベースの開発	2015.4～ 2018.3
小林大樹	熊本大学 生命科学研究部 (医学系)	特任助教		2015.9～ 2018.3
岡西広樹		研究員		2017.4～ 2018.3
山崎義宗		D2		2017.4～ 2018.3

担当項目

- ・ リポジトリシステム開発
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」構築(主にグローバルプロテオミクス関連)
- ・ Cube集積データベース「Globe」構築
- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」(主にヒト疾患対応)

(4)「松本」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
松本 雅記	九州大学 生体防御医学研 究所	准教授	総括、システム開発	2015.4～ 2018.3
高見 知代		学術研究 員	システム開発&検証	2016.4～ 2018.3

担当項目

- ・ キュレーションシステム構築(主にターゲット・プロテオミクス関連)
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」構築(主にターゲット・プロテオミクス関連)
- ・ 集積データベース「Globe」構築

(5)「奥田」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
奥田修二郎	新潟大学 大学院医歯学総合研究科	准教授	総括、システム開発	2015.4～ 2018.3
凌 一葦		研究員	システム開発&検証	2015.10 ～2018.3
田村元美		研究員	データのクリーンアップ	2015.4～ 2018.3
渡辺由		研究員	システム開発&検証	2015.4～ 2018.3
山本格	新潟大学 産学地域連携推進機構	特任教授	データ解析&クリーンアップ	2015.4～ 2018.3

担当項目

- ・ 集積キューブ型データベース「Globe」の開発
- ・ リポジトリシステムの開発
- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」の開発

(6)「五斗・河野」グループ(主たる共同研究者グループ(5))

人員構成

氏名	所属機関	役職	研究開発項目	参加時期
五斗 進	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構	教授	総括、システム開発	2017.4～ 2018.3
河野 信	データサイエンス共同利用基盤施設	特任准教授	jPOST のサーバー管理運用及びプロジェクト別データベースの開発	2015.10 ～2018.3
守屋 勇樹		特任助教	jPOST およびデータリポジトリシステムの開発	2015.4～ 2018.3
千葉 啓和		特任研究員	jPOST のサーバー管理運用及びプロジェクト別データベースの開発	2017.4～ 2018.3

担当項目

- ・ サーバー管理運用
- ・ プロジェクト別データベース「Cube」開発
- ・ フォーカストプロテオームデータベース「Slice」開発
- ・ リポジトリ開発
- ・ キュレーションワークフロー開発

2. 有識者会議等

(1) 会議概要

名称	プロテオームデータベース(jPOST)構築プロジェクト有識者会議
目的	プロテオームデータベース構築に関する有識者の講義と情報交換
委員数	13人

(2) 開催歴

年月日	場所	参加人数	主な議題
2015年7月22日	熊本大学医学部教育棟第3講義室	22人	大量データの高速度転送技術の現状と独自技術開発への展望
2015年10月13日	JST 東京本部別館	10人	機械学習(特に深層学習)を用いたプロテオームデータの解析について
2017年10月5-6日	東京大学アイノープ総合センター	10人	プロテオームデータベースを用いたプロテオゲノムへの展開～プロテオミクスによるエピジェネティクス

§3. 研究開発の目的、実施内容及び成果

1. 研究開発の背景

国際的なプロテオーム DB が欧米各地で構築され国際連携されつつある中、我が国には国際的に連携できるプロテオーム DB は未だ存在しない。したがって、ライフサイエンス DB 統合化推進プログラム課題においても、「プロテオーム」は完全に抜け落ちている。本研究は、生命素子として必要不可欠なタンパク質・プロテオーム DB を開発し、最終的に構築される「ライフサイエンス連邦型統合 DB」の重要な一翼を担おうとするものである。具体的には、多彩な生物種(ヒト、動物、植物、酵母、細菌など)や翻訳後修飾(リン酸化等)まで含め、絶対発現量も含めた定量情報を付加した世界初の横断的統合プロテオームデータベース jPOST (Japan ProteOme SStandard Repository /Database)の開発を企図するものである。

世界的なプロテオーム DB 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ている Human Proteome Project (HPP)の 2010 年の開始が上げられる。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の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、発足から 4 年以上たった 2014 年度末でも統一したデータは報告されていなかった。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 コンソーシアム(PXC) がほぼデータ登録の仕組みを完成させ、2014 年の時点で 821 データセットの格納に成功している。この共有データを利用し、2014 年 5 月に世界初のヒトプロテオームマップ ProteomicsDB が 2 つの独立した研究グループにより 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ている。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、適切な方法でデータの標準化を行う必要があるのは自明であり、これが適切であれば、本研究で行う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なプロテオームデータベースの構築が可能となる。

本プロジェクトは、上記の背景から、現在、日本におけるプロテオーム研究の最前線で実験系と情報系の両方に精通している研究者が中心となって、統合 DB の枠組みの構築を行うものである。今まで解析方法論が煩雑で網羅的なデータを高感度に再現性よく得ることが難しく敬遠されてきたプロテオーム研究は、昨今の質量分析計の革新的な進歩によって徐々に一般化され、あらゆる研究において必要不可欠の分野となることが再認識されつつある。したがって、我々の目指すユニークなプロテオーム DB は、生物・医学・薬学系、企業関連のすべての生命科学に関わる研究者や産業界においても活用され、世界的なサイエンスの進歩に貢献できる、信頼性の最も高いものとして大きく期待されている。

本プロジェクトでは、Uniprot や NeXtprot のような寄せ集めタイプのプロテオーム知識ベースではなく、実験データをただやみくもに集めたために安上がりだが質が悪くなってしまったヒトプロテオームマップ ProteomicsDB の教訓を活かし、国際的にもユニークな日本発の高質・高機能かつ多視点の統合プロテオームデータベース jPOST の構築を目指している。

個々のプロテオームデータは、疾患や生物などのリソース情報、データを産生解析する技術情報、得られたデータに意味付けをするアノテーションやバイオインフォマティクス等が統合されることによって初めて機能すると考えられる。今後、タンパク質解析/質量分析技術、質量分析装置の性能は次々と向上し、又、技術革新を背景にした大型プロジェクトの立案は加速的に増加することが予測され、その時代に即した情報整備計画が長期的に必要なようになってくると考えられる。実験系と情報系の先端的プロテオミクス研究者によって計画された本プロジェクトは、日本内外において現在進行形で爆発的に増加するプロテオームの情報の整備、すなわちデータを整理し、標準化された注釈をつけ、データを流通させるための枠組みを作ることによってデータの価値を高め、今後のバイオ基礎研究や創薬や疾患研究等の方向性を的確に示唆するための極めて重要な情報を提

供する DB 構築を目指している。将来的には、本 DB と DBCLS との連繫を強化して、連邦型統合ライフサイエンス DB に発展し、さらに国際連携レベルに展開することによって、世界的な生命科学の発展に大きく貢献することが期待される。

また、プロテオミクスを専門とする情報科学者が本プロジェクトを介して育成され、今後永続的なプロテオーム DB 維持のみならず、これらの情報を介して、生命科学、医薬分野における基礎および応用学の進歩に大きく貢献できる多くの人材の育成が期待される。

研究開発開始以降、PXC の果たす役割はますます大きくなっており、HUPO-HPP との関連もより密接なものになってきている。そのなかで、我々に続き、中国 iProX が 2017 年 12 月に正式に PXC に加入した。jPOST リポジトリへの登録数がどのくらい影響をうけるのかは今後注意深く見守っていく必要がある。

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	jPOSTrepo	ユーザによる質量分析の生データ、ピークリスト、解析データを登録するためのリポジトリ。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。
jPOST Japan ProteOme Standard Database	jPOSTdb	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。
jPOST 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。リポジトリパート、再解析パート、データベースパートからなり、2018 年 3 月現在はリポジトリパートおよびデータベースパートを先行させて公開している。

上記以外のもの

正式名称	略称	概要
jPOST repository demonstration		jPOST リポジトリシステムでデータ公開を気にせず試しに利用してもらうためのデモサイト。
jPOST repository development		jPOST repository の開発用サイト
jPOST database development		jPOST database の開発用サイト
iMPAQT		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。

(2) ツール等

正式名称	略称	概要
高速ファイルアップローダー		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。
iMPAQTquant		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

※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、リポジトリ機能、アキュムレーション機能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。

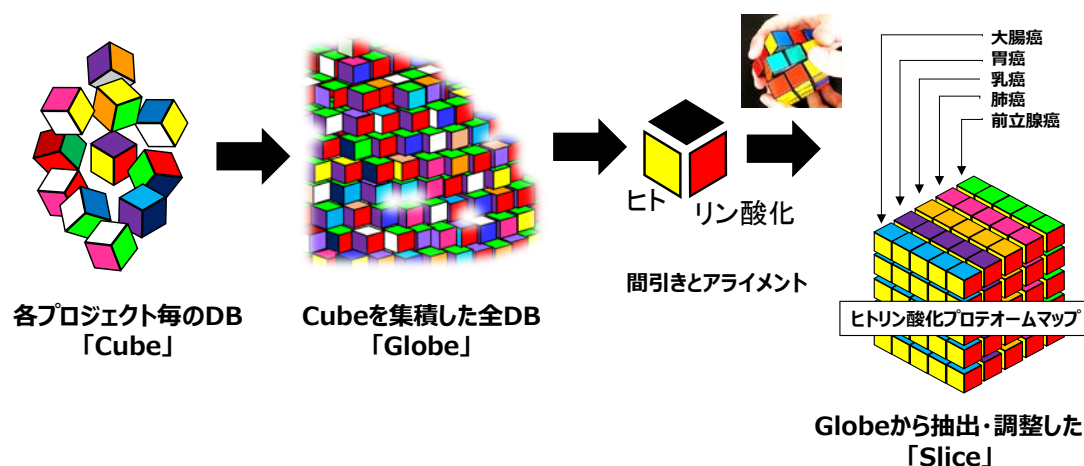


図 1 jPOST database における各データベースの構成

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。Slice は汎用性の高いものをプリセット DB としてあらかじめセットし、それに加えてユーザーが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 を作製できるようにする。

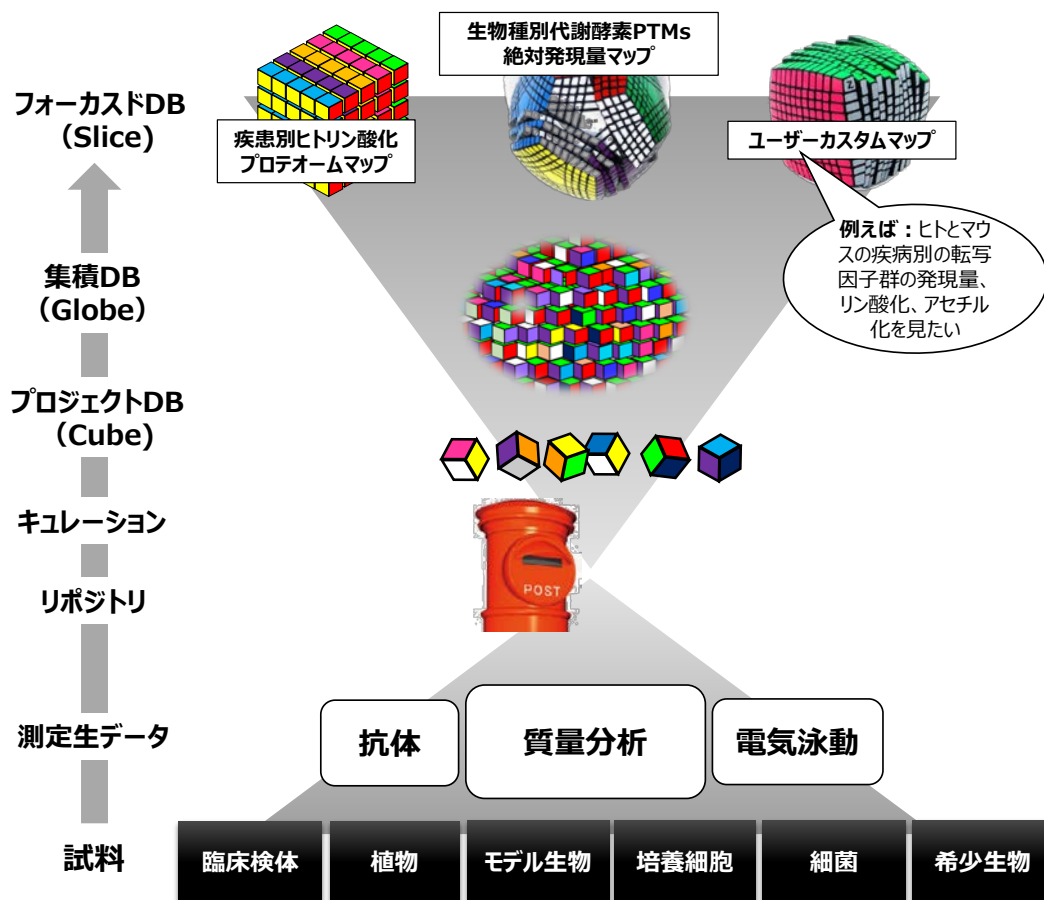


図2 試料から jPOST-SliceDB までのデータの流れ

以上のシステムを3年間で構築するため、以下の5つの項目を設定する。

- (1) サーバー管理・運用
- (2) リポジトリ
- (3) キュレーション(再解析)
- (4) プロジェクト別 DB(Cube) 構築
- (5) 集積キューブ型 DB(Globe) 構築
- (6) フォーカスト DB(Slice) 構築

なお、1年目終了時には、リポジトリシステムが稼働し、キュレーションワークフローが決定していることを達成度の目安とする。また、2年目終了時には jPOST 全体としてコアデータ(後述)を格納したプロトタイプで稼働することを達成度の目安とする。最終年に(5)のGlobeの統合・連携対策を行うとともに、全面外部公開に向けた検討を行う。なお、コアデータについてはすべて制約なく無償で利用可能(クリエイティブコモンズのCC BY-SA)とする。またヒト試料に関する機微情報についてはアクセス制限付きでの利用とする(NBDC-JGA(Japanese Genotype-phenotype Archive)へのデータ登録とアクセス制限付きの公開で対応予定)。

統合化に必要なデータフォーマットやオントロジーについてはRDF化を基本とし、NBCLS、NBDCと協力しながら統一的なインターフェースを作製する。統一性、再利用性を高める観点からMIAPE(Minimum Information About a Proteomics Experiment)に準拠したメタデータを入力するシステムもRDFと合わせて開発する。また、共通化・自動化するために、HUPO-PSI(Proteomics Standards Initiative)が提唱しているデータフォーマット(mzML等)やオントロジー(PSI-MS)などを参考に、HUPO-PSIのグループと連携しながら、統合化に適したデータフォーマット、

オントロジーを整備する。

代表研究者グループ、共同研究グループに加え、2-(2)の有識者会議メンバーが保有データをいただき、多彩な生物種(ヒト、動物、植物、細菌)、多彩な試料(臨床組織、体液、薬物処理など)、多彩な生命現象(ヒト疾病、培養細胞への各種刺激、植物環境、幹細胞分化など)、多彩な測定値(絶対定量、相対定量、スペクトルライブラリ、翻訳後修飾)など、初期インプットデータとして十分な **diversity** を確保する。

なお、これ以外にも日本プロテオーム学会データベースセンターと連携し、100 種を超えるプロジェクトをすでにリストアップしており、網羅性は十分に確保している。さらに、リポジトリシステムとして採用予定の **ProteomeXchange** コンソーシアムには全世界から 10,000 ファイルを超える **L CMS** データがすでに蓄積されており、**Molecular Cellular Proteomics** 誌(アメリカ生化学分子生物学会発行)や **Nature** グループが刊行している **Scientific Data** 誌(**Nature Publishing Group**)におけるプロテオミクス生データの標準リポジトリサイトとして指定されていることから、今後もデータの確保には問題ない。

1 年目終了時におけるリポジトリシステムの稼働を確保するため、**ProteomeXchange** コンソーシアムとの密な技術的連携を持続することが必要であり、そのために 7 月末に **EBI** から研究者を招聘する。また、4 月上旬に行われる **HUPO-proteome standard initiative** および 9 月末に行われる **HUPO** バンクーバー大会にチームから人を派遣し、**ProteomeXchange** コンソーシアムに参加することを正式表明する。キュレーションワークフローの確定に向け、**HUPO** バンクーバー大会にエントリーするとともに、2015 年度秋～冬にワークショップを開催し、関連研究者との密接な意見交換等を行う。また、2016 年度後半にもワークショップを開催し、コアデータを格納した **jPOST** プロトタイプを限定的に公開するとともに、問題点の抽出を行う。この際に余力があれば、更なるデータの格納にもチャレンジするとともに、プリセット **SliceDB** に対する外部からのニーズの収集を行う。

(2) 期間中に追加・削除・変更した実施計画・達成目標

1 年目終了時に予定していたリポジトリ **PXC** への加入に際し、予想以上に多くの条件が追加されたため、正式加入が 2 年目の 7 月にずれ込んだ。またメンバー所属先の異動により、京大化研チームが **DBCLS** チームと京大薬チームにそれぞれ分離した。それに伴い、開発サーバーを京大化研から京大薬に移設した。20 コアデータのうち、ガン血漿プロテオーム試料について、倫理委員会での追加審議が必要となったことから、乳がんプロテオーム試料データセットに差し換えて登録することとした。

4. 実施内容

(1) 実施内容

研究開発の全体スケジュールを以下に示す。

項目	担当者	H27	H28	H29
サーバー管理・運用	五斗、河野、石濱	開発サーバー立ち上げ	定期的なデータ移行（開発→運用サーバー、定期的なシステム増設）	
		運用サーバー導入		
リポジトリ	河野、荒木、奥田	リポジトリシステム（PXC）導入	コアデータを用いたカスタマイズ	大規模データを用いた検証
		ストレージ導入	データ投稿システムの開発	外部公開に向けた検討
キュレーション	石濱、松本、荒木、河野	ワークフローの設計（プラットフォーム別）	プロセスシステム開発	プロセス自動化
				統合化対応
プロジェクト別DB（Cube）構築	松本、石濱、荒木、五斗	Cubeの設計	グローバルプロテオミクスDB開発	ターゲットプロテオミクス開発
			PTMプロテオミクスDB開発	抗体・電気泳動DBの開発
集積キューブ型DB（Globe）構築	奥田、荒木、石濱、松本	RDFスキーマ、オントロジー設計	Globeの設計	Globeの作製
				統合化対応
フォーカスDB（Slice）構築	荒木、河野、奥田、石濱、松本、五斗		スライスシステムの開発	アセットSliceDBの作製
				ビューワーの開発

*2017年度に、五斗博士のDBCLSへの異動に伴い、五斗グループと河野グループはマージ。運用サーバー担当者に石濱を追加した以外は初年度からの役割変更は無し。

上記表の各項目における詳細を以下に示す。表中の担当者は初年度計画時に設定したものであるが、当初より、各項目に対して全グループが密接に連携しながら関わっていくこととした。研究参加者の関わりも含めて記述する。

- A) サーバーについては、開発サーバーは当初、五斗グループが担当していたが、DBCLSへの異動にともない、石濱グループが担当した。運用サーバーはDBCLS 五斗・河野グループが管理した。2年目、3年目にストレージを追加した。定期的にデータを運用サーバーに移行し、本年度終了時には全面公開する予定である。DBCLSに全データを置くことで将来にわたる継続性、共用性を確保した。システム全体のマネジメントを五斗が担当した。
- B) リポジトリについては、奥田グループの渡辺が中心となりシステム構築を行った。一方、国際標準となりつつあるProteomeXchangeコンソーシアム加入にあたっては、河野、奥田、石濱が交渉窓口となって対応した。これにより、将来にわたって開発コストを抑制することが可能となるだけでなく、データが散失するリスクを回避することができたと考えている。また奥田グループによって開発された高速アップローダーはPXCで使われている有料のアスペラシステムの数倍～数十倍高速であり、全世界からデータデポジットに際して威力を発揮している。リポジトリ部の利活用の詳細については(2)以降に詳述する。運用にあたっては、荒木グループの小林がマニュアルキュレーターとなり、質の良いメタデータの入力システム開発をサポートするとともに、ユーザー入力のチュートリアルを行った。コアデータのjPOST登録については、石濱、松本、荒木が担当した(表1)。リポジトリ部の詳細については、奥田、石濱を中心に論文化した²⁾。
- C) キュレーションワークフローではリポジトリから吸い上げた異なる様式のデータを標準化し、プロジェクト間の串刺し検索、横断的DB作製を可能とする。マルチピークピッキングツール、マルチ検索エンジンの使用により、生データからの情報抽出を最大化、不偏化し、さら

に jPOST スコアの開発・導入により、検索エンジンや MS 装置に依存しないユニバーサルなスペクトル評価スコアシステムを確立し、さらに偽陽性を除去するための新規クライテリア設定ワークフローも確立した。これは、主として石濱グループで行ったもので、田畑、吉沢、石濱が中心となって行った。さらに、河野グループの守屋、石濱グループの岩崎と協働しながら、プロテオゲノミクスのための予備的検討を行った。

- D) プロジェクト別 **Cube** 開発においては様々な異なる測定プラットフォームデータ(具体的には、グローバル定量プロテオミクス、翻訳後修飾定量プロテオミクスおよびターゲット定量プロテオミクス)に適した情報の抽出・格納法を検討した。主として松本グループの松本・高見が中心となって定量プロテオミクスに対応したシステム構築を行った。絶対定量法 **IMPAQT**⁴⁾に対応したサブデータベースおよびそのツールを高見が中心となって構築し、公開した。また石濱グループも加わり、リポジトリ部ヘフィードバックし、必要なメタデータ入力について繰り返し修正を行った。
- E) 集積キューブ型 **Globe** およびフォーカスド **DB Slice** 開発においては、河野らのグループによって **RDF** スキーマ、オントロジー設計を行い、データ統合に向けた基本設計をおこなった。**Globe** の設計では、**Cube** からどこまでの情報をもってくるのかを検討した。さらに **Slice** 開発ではプリセットマップに加え、カスタムマップのためのツール開発も行い、汎用性を確保した。**Repository DB** の **web user interface** の開発は河野グループの守谷が担当した。さらに国際的なデータベースである **UniprotKB**, **neXtProt** 等とのリンクを利用したデータベースの設計を行った。2018年3月26日に、他のライフサイエンスデータベースである糖鎖データベース、メタボロームデータベース、パスウェイデータベース(KEGG)、などとの連携を見据えたプロトタイプを公開した。

表1 jPOST デポジット用コアデータベース

No.	名称	担当	データ ID
1	ヒト腎臓・尿プロテオーム DB	荒木・山本	JPST000352 腎臓糸球体 PXD002620 尿データ
2	統合失調症患者の前頭葉プロテオーム DB	大槻・荒木	JPST000348
3	乳がんプロテオーム DB	荒木	JPST000312 (PXD007602)
4	ヒト大腸癌プロテオーム, 膜プロテオームおよびリン酸化プロテオーム DB	石濱、田畑	JPST000201、203、204、205、206、207、208、210
5	HeLa 細胞におけるパスウェイ構成タンパク質絶対量 DB	松本	JPST000350 (PXD008236)
6	ヒト各種ヒト細胞におけるコア代謝酵素の絶対量 DB	松本	PXD4829-PXD4841 (jPOST), PXD004845-004857 (jPOST)
7	ヒト全タンパク質 MS/MS スペクトルライブラリ	松本	DDA:PXD001392 MRM: PXD004902 (jPOST)
8	各種刺激依存的リン酸化定量プロテオーム DB	松本	JPST000146, JPST000145, JPST000144
9	植物リン酸化プロテオーム DB	杉山	JPST000354, 358
10	植物プロテオーム DB	杉山	JPST000156 (PXD004603)

11	ヒトリン酸化プロテオーム DB	若林	JPST000084, 90, 91, 92, 96, 97
12	バクテリアリン酸化プロテオーム D B	杉山	JPST000099, 100, 101
13	ヒト iPS 細胞プロテオーム DB	若林、田畑	JSPT000081, 82, 83, 85, 86, 87, 88, 89
14	ヒトキナーゼ-基質 DB	杉山	JPST000149, 150, 151, PXD005922, PXD005925
15	ヒト Glioma 抗がん剤感受性/非感受性組織 融合プロテオーム DB	荒木、小林	JPST000361 PXD008332 JPST000355 PXD008331
16	ラット肝臓毒性融合プロテオーム D B	大槻	JPST000258
17	イモリ精巣分化特異的プロテオーム	荒木、小林	JPST000368 PXD008342
18	ヒト肝臓マイクロソームプロテオーム解析 SWATH/MRM	大槻	JPST000360(PASS00769)
19	ラット神経系幹細胞 PC12 の分化特異的融合プロテオーム解析 DB	荒木、小林	JPST000067
20	ヒト正常二倍体線維芽細胞の二次元電気泳動解析データ	荒木	JPST000345

(2) データベースの利便性に関する利用者ニーズと具体的な対応

jPOST リポジトリを公開後、ユーザーからの質問や改善要求に対してその都度対応してきた。リポジトリへのメタ情報の登録方法に関するニーズが比較的多く、直接質問してきたユーザーへの対応に加え、ヘルプページの充実・学会へのブース出展・チュートリアル開催等で対応してきた。また、システムのバグ報告についてもその都度迅速に修正・改良を続けてきている。E-mail によるものとして、現在までに、計 40 件のコメントに対応してきた。

(3) 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

PXC の中で、データのミラーリングについて議論を開始しており、将来的には PDB のようなシステムの構築を目指している。プロテオミクス論文ではデータの PXC へのデポジットが今後完全に義務化されていく方向で動いているので、データ確保についての心配はないが、データの質を保つためには、マニュアルキュレーションは必須で、今後もこのステップをどこまで自動化できるかを見極めながらシステム開発を行う必要がある。利用者からは、jPOST 再解析ワークフローに対する期待は大きく、ローカルパッケージとして入手できないか、との問い合わせは多かった。これについては、それを運用できる人材育成とともに考えていく必要がある。

(4) 統合化推進プログラムの他のチームや DBCLS との連携

糖鎖統合プロジェクトグループとグライコプロテオームリポジトリデータベース構築のために連携している。糖鎖構造部分の質量分析データ用リポジトリを jPOST リポジトリの仕組みを応用するよう仕様設計について糖鎖グループとの協議を進めてきており、一部システムの開発がすでに始まっている。

また、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。

jPOST の次の開発項目の主なものとして、プロテオゲノミクスが挙げられる。これにはヒトゲノ

ム多型・変異 DB が必須であり、菅野・鈴木 G(東大新領域)との連携を進めている。

DBCLS が開催するバイオハッカソン、国際バイオハッカソンには積極的かつ継続的に参加しており、本年 11 月に開催した質量分析ハッカソン(吉沢・河野が主体)と合同開催するなど、連携を通じた研究開発の推進に努めた。

(5) データ産出を行う研究組織や研究室、プロジェクトとの連携

jPOST プロジェクトは、日本プロテオーム学会の強力なサポートの元、遂行してきた。学会内のプロジェクトとして位置付けており、年 1 回の大会では無料でのブース出展や特別セッションの設置などのサポートを受けている。学会通信を通じての学会員へのアピールも行っている。また、有識者会議メンバーには、学会理事が名前を連ねており、産出したデータ登録だけではなく、様々な角度からの助言をいただいている。さらには、日本バイオインフォマティクス学会の質量分析インフォマティクス研究会と連携し、共催でワークショップを開催するなどして、外部との連携および外部への宣伝を行い、データ産出機関に所属するインフォ系研究者への認知をはかった。

(6) 人材の育成

jPOST プロジェクトの各チームにはそれぞれ若手研究者が雇用されており、人材の育成という観点から、チームミーティングには積極的に関与してもらうとともに、学会や外部打ち合わせにも参画を促し、大局的な視点からの自身の立ち位置の確認に基づくセルフモチベーションの向上を目指した。さらに対外的に行ったトレーニングコース、チュートリアルにおける講師や、学会に出展したブースでの責任者を務めてもらうことにより、外部からのフィードバックを直接経験してもらった。その結果、多くのメンバーがその能力を認められ、ポジションを獲得したり、昇進したりとキャリアステップアップにつながっている。以下、詳細を記す。

熊本大学の小林大樹研究員は、様々な質量分析装置を用いて、多彩な生物種のプロテオーム解析の経験と知識を活かして本プロジェクトに関わり、主にドライ研究者へウェット系の実情や要望の説明や、ウェット研究者へのデータ入力チュートリアル、およびキュレーションの方法論の開発などに関わる事によって、ドライ系とウェット系の架け橋となる重要な人材となっている。これらの実績等から、熊本大学生命科学研究部の特任助教へと昇格した。

京都大学の吉沢博士は、当初特定研究員としてチームに加入したが、その再解析ワークフロー開発において、チーム内連携に基づく開発チームの先導役を果たし、著しい成果を上げた。さらに学会等において教育セミナーでの講師等を数回行い、本分野における先導的な役割を果たした。これらにより、2017 年に特任助教への昇格を果たした。

DBCLS の守屋博士は、当初特任研究員としてチームに加入し、河野リーダーや五斗リーダーの元、Slice データベース構築のためのシステムを開発し、著しい成果を上げた。さらに学会等におけるブース出展時にも積極的に関与し、データベース部における先導的な役割を果たした。これらにより、2017 年に特任助教への昇格を果たした。

九州大学の高見研究員は、その情報学、プログラミングのバックグラウンドをいかし、絶対定量プロテオーム Slice に必須なツールおよびデータベースの開発を行った。これにより、技術補佐員から学術研究員へステップアップした。

新潟大学の渡辺研究員は、その情報学、プログラミングのバックグラウンドをいかし、jPOSTrepo 開発に最も重要な高速アップローダーを開発するとともに、奥田リーダーの元、システム全体の構築を行った。これにより、技術補佐員から研究員へステップアップを果たした。

新潟グループ代表の奥田博士は、本プロジェクト開始時には新潟大学におけるテニユアトラック准教授として参画していた。本プロジェクトへの参画による外部資金獲得と、jPOST リポジトリの論文業績などの成果が評価されたことにより、テニユアの権利を獲得し、2017 年度からは新潟大学の正規准教授となるに至った。

京大化研の五斗博士は、jPOST プロジェクトのドライ分野における指導的な役割を果たすと同時に、本分野における長年の大きな業績が認められ、2017 年 2 月に DBCLS 教授として異

動した。

(7) その他

来年度 5 月に日本プロテオーム学会、日本質量分析学会およびアジアオセアニアヒトプロテオーム機構(AOHUPO)の合同学会があり、石濱が実行委員長ということもあってjPOSTを中心とするセッションを奥田・吉沢を中心に企画している。また、石濱は、HUPO 理事、AOHUPO 理事でもあり、HPP プロジェクトの PI 研究者でもあることから、HUPO 年会、AOHUPO 年会においても、その国際認知度を高める活動を継続的に行っている。

その他、EBI-EMBL のグループと共同で、イギリス BBSRC のトラベルグラントを獲得し、来年 5 月にプロテオゲノミクスワークショップを開催予定である。また JSPS2 国間事業に応募し、スウェーデンの MS 機械学習のグループとの共同研究を計画している。

§4. 主要なデータベースの利活用状況

1. アクセス数

(1) 実績

表 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	2014 (平成 26) 年度	2015 (平成 27) 年度	2016 (平成 28) 年度	2017 (平成 29) 年度 (11月時点)
jPOSTrepo (2016年5月公開)	訪問者数	(公開前)	(公開前)	195	320
	訪問数	650	715	444	627
	ページ数	1,000	1,100	393,025	633,332

(2) 分析

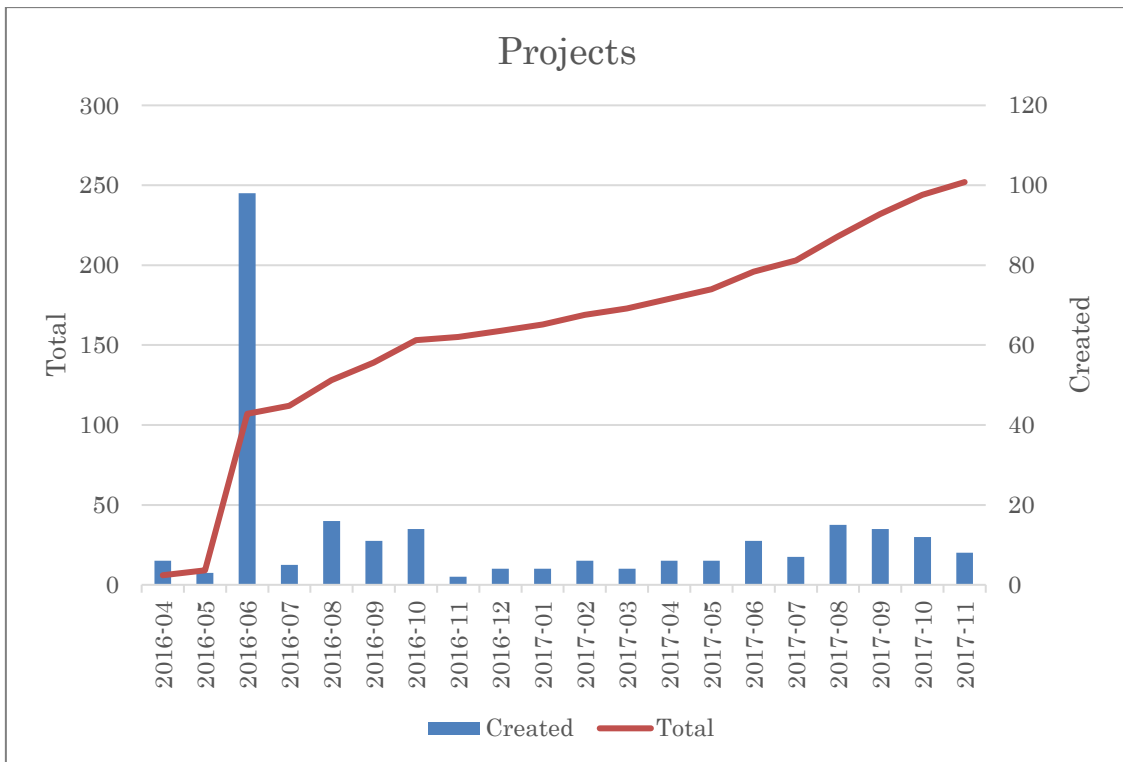
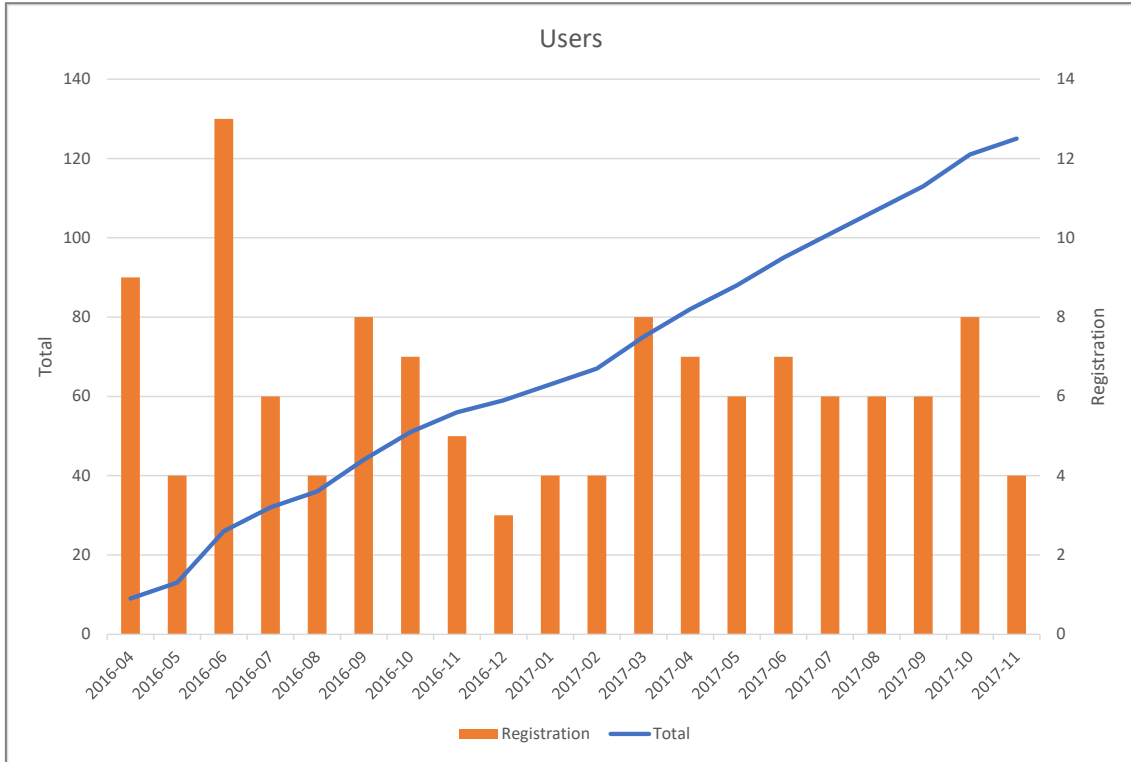
jPOSTrepoリポジトリデータベースは、2016年度5月に公開して以降、順調にアクセス数を伸ばしてきた。翌2017年度には、訪問者数、ページ数ともに前年度比60%アップを実現した。また、jPOSTリポジトリは公開後順調に登録ユーザー数も増やしている。公開当初より月平均6名の登録があり、11月20日現在125名がユーザー登録してjPOSTリポジトリを利用している。この傾向は安定しており今後も継続してこのペースで増加していくことが予測される。このように登録ユーザー数の増加と連動して、登録プロジェクト数も増加している。月平均9件のプロジェクトが登録されているが、直近3ヶ月に関しては、月平均14プロジェクトが登録されており、登録数の増加傾向が確認できる。

2. データベースを利用して得られた研究成果事例

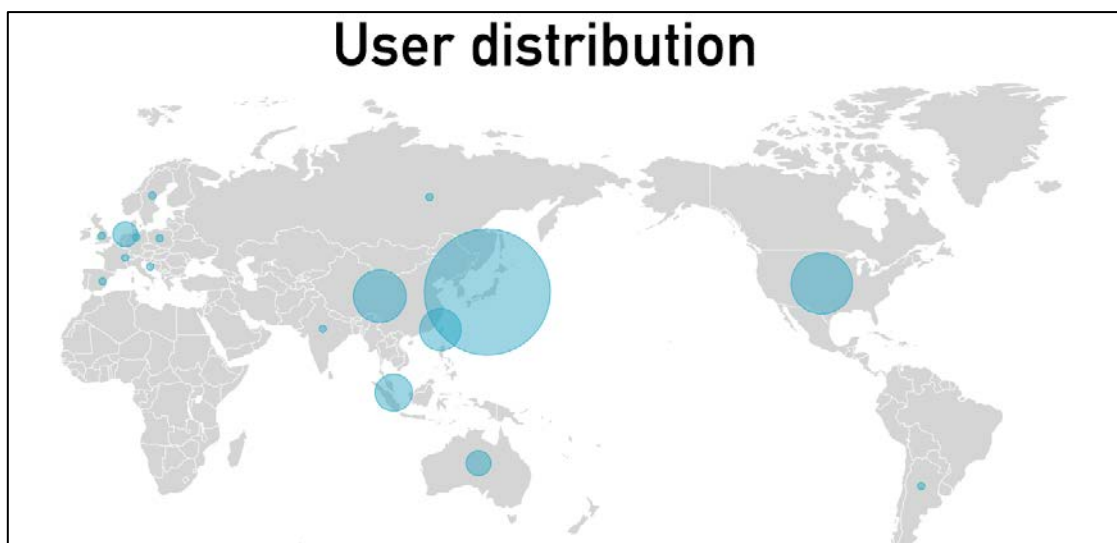
以下の18篇の論文は生データ公開先としてjPOSTリポジトリを利用しており、その旨が論文中に記載されているものである。

3. その他

以下に、登録ユーザー数および登録プロジェクト数の推移を示す。2016年4月末のリポジトリ公開以降、ユーザー並びに登録データが直線的に増加していることが分かる。



また、2017年9月末でのユーザー分布を示す。アジアだけではなく、広く世界中に広まっていることがわかる。



§5. 研究開発期間中に得られた科学・技術や産業に対する波及効果

iPSに関連した再生医学分野、がんを中心とした臨床医学分野、特に、米国オバマ政権から世界的なトピックスとなった **precision medicine** の中核をなす"Moon Shot"プロジェクト等からの、国際的なプロテオームデータベースに対する期待度は非常に高い。当グループの強調すべき成果として、プロジェクトの発足から一年あまりで、jPOSTは国際的に最も権威のある **ProteomeXchange** コンソーシアムの一員として承認され(2016年5月プレス発表)、アジア/オセアニアの中心プロテオームデータベースとして、大きな共同体を形成することに成功していること、さらには、国際ヒトプロテオームプロジェクト(HPP)において、X染色体および3番染色体のプロテオームプロジェクトを担当し、多くのミッシングプロテインの発見と、疾患に関わるタンパク質機能解析への大きな貢献度が挙げられる。これらのことは、日本のみならず、国際的にも非常に高いインパクトをもたらしており、現に、国内のみならず世界各地において開催される様々な分野の国際学会において、当jPOSTメンバーが数々の招待講演を行っており、その数はプロジェクトの推進によって、大きく増加している(シンポジウム等招待講演の項参照)。それによって、医学系や製薬系のみならず、各種の生物の生命研究に関わる研究者や、食品系、工学系などの産業界からも、jPOSTの今後の方向性に関する要望がよせられ、様々な共同研究やあらたな技術開発が展開されようとしている。特に、プロテオゲノムをキーワードとしたゲノミクスとプロテオミクスの融合、さらには、エピゲノミクス、メタボロミクスとの融合的な解析を行うソフトウェア/ツールおよび融合的なデータベースの開発、それをきっかけとした、創薬や食品分野などへの応用研究などが、現実的に進行している。プロテオームを生命システムの中心的な基盤として捉えることによって、初めて生命を俯瞰することが可能となり、**precision medicine** を目標とした医療や創薬や、その他様々な分野への応用が可能となることが、国際的にも大きく認識されるようになった昨今の背景からも、我々の活動の継続的な発展は大きく期待されている。

§6. 今後の展開

上記、MoonShot プロジェクト等で注目されるプロテオゲノミクスへの対応は、すでに予備的な検討を行っており、他の DB (RNA-DB) との連携を見据えながらぜひ引き続き取り組んでいきたい。また、腸内細菌叢などで注目を集める多種生物を含むプロテオーム解析 (メタプロテオミクス) についても、今後多くのデータが取得されると考えられ、それらに対応した再解析ワークフローおよびデータベース化についても取り組みたい。さらに、積み残している課題としては、高速アップローダーに対応した高速ダウンローダーの開発である。また、更なる大規模データに対する高精度再解析に対応するため、機械学習の積極的な利用を行う。

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、ヘピゲノミクス、メタ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。これらの試みによって、生物が異なっても、共通の生命メカニズムを理解することに役立ち、そのいかなる破綻が生物の異常(病態)状態を惹起するのかということをも詳らかにすることができる。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。

§7. 自己評価

jPOST は、今期から始まったものであり、まったくの「ゼロ」からのスタートであったにも関わらず、必要機能を備えたシステムとして公開できたことは大いに評価している。さらに、リポジトリ部の国際コンソーシアム加盟を機に、論文化や積極的な対外発表(国内・国際)を行ったこともあり、すでに国際的な認知度は高く、アジア・オセアニア地区だけではなく、欧米からも多くのデータ登録・ユーザー登録が続いていることは、期待以上の成果である。また、開発チームは国内5か所に分かれ、その専門性もバラバラであるにもかかわらず、チーム内ミーティングを頻繁に行ったこともあって、連絡・連携は綿密であり、チーム内の士気も高い。多くのメンバーがアカデミックポジションを得たり、昇進するなどしており、若手人材育成への寄与も大きかったのでは、と自負している。リポジトリ部における高速データアップローダーの開発、再解析部における jPOST score を用いた評価システムの確立およびデータベース部におけるカスタマイズ機能など、学術的・技術的にも大きな進歩があり、まだ数字には見えてこないが、期待以上の大きな成果のタネを着実に生み出したのではないかと考えている。

jPOSTは他の多くのデータベースと違ってデータ・リポジトリ部を持っているため、本プログラム(第二期)の趣旨「生物種や個々の目的やプロジェクトを超えて幅広い統合化を実現する」を実現するには、どのくらい登録データを幅広く確保できるか、またそれらのデータ価値を最大化するためにはどのくらい高質で均質なデータをそろえられるかが重要となってくる。その意味では、世界標準プロテオームデータリポジトリシステムである ProteomeXchange に加入したこと、および再解析のためのワークフローを確立できたことの意味は大きく、jPOST が次の段階(他のデータベースとの連携、データの統合)に進んでいくための基盤をしっかりと作り上げることができた。多くの分野の研究者、開発者、技術者に使ってもらうためのデータベース部についても、その基盤を作り上げ、今期終了時の完全公開についても目途が立っている。今期から始まった jPOST は第1期から始まっている他のプロジェクトと比べると1周遅れているが、ライフサイエンス統合データベースにおける必要不可欠な「タンパク質・プロテオーム」という素子を担っているという自覚を持ち、RDF化をはかりながらシステム構築を進めてきた。他のデータベースとのデータの共有、統合が可能なところまで来ているので、次期の開発課題として、データベース間連携を積極的に進めていきたいと考えている。

§8. 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)	1 件
	国際(欧文)	4 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. 小林大樹, 荒木令江: “プロテオミクスデータの細胞生物学的な検証法”, *Proteome Letters*, 1(1), 37-43, 2016
2. 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. Deutsch EW, Csordas A, Sun Z, Jarnuczak A, Perez-Riverol Y, Ternent T, Campbell DS, Bernal-Llinares M, Okuda S, Kawano S, Moritz RL, Carver JJ, Wang M, Ishihama Y, Bandeira N, Hermjakob H, Vizcaíno JA.: “The ProteomeXchange Consortium in 2017: supporting the cultural change in proteomics public data deposition”, *Nucleic Acid Research, Database Issue*, 45 (D1): D1100-D1106, 2017 (DOI: 10.1093/nar/gkw936)
4. Matsumoto M, Matsuzaki F, Oshikawa K, Goshima N, Mori M, Kawamura Y, Oga wa K, Fukuda E, Nakatsumi H, Natsume T, Fukui K, Horimoto H, Nagashima T, Funayama R, Nakayama K, Nakayama KI.: “Development of large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome”, *Nature Methods* 14, 251-258 2017 (DOI: 10.1038/nmeth.4116)
5. Deutsch EW, Orchard S, Binz PA, Bittremieux W, Eisenacher M, Hermjakob H, Kawano S, Lam H, Mayer G, Menschaert G, Perez-Riverol Y, Salek RM, Tabb DL, Tenzer S, Vizcaíno JA, Walzer M, Jones AR: “The Proteomics Standards Initiative: Fifteen Years of Progress and Future Work”, *Journal of Proteome Research*, DOI: 10.1021/acs.jproteome.7b00370.

2. その他の著作物（総説、書籍など）

1. 荒木令江, 小林大樹 編, *プロテオミクストレーニングコース 2015* (日本プロテオーム学会), 全 89 頁
2. 荒木令江 他, *タンパク質がおりなす生命システムの全体像を理解する The frontier of proteomics-based life science and its clinical application* 第 13 回日本プロテオーム学会, 全 260 頁, 2 日本プロテオーム学会編
3. 荒木令江 小林大樹 「プロテオーム解析を基盤とした融合的オミクス解析による脳神経系腫瘍の解析～神経線維腫症の解析から学ぶ」 *臨床プロテオミクス 医学のあゆみ別冊* 医歯薬出版 2015 全 136 頁
4. 吉沢明康, *どのデータベースを使うか ～データベース検索と配列解析・誤解と難題～*, *Proteome Letters*, 1(2), 63-80, 2016
5. 荒木令江, *融合プロテオミクスの腫瘍研究への応用*, *Proteome Letters*, 2017, in press

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	59 件
	国際	14 件
口頭発表	国内	6 件
	国際	2 件
ポスター発表	国内	27 件
	国際	14 件

(2) 招待講演

(国内)

1. 荒木 令江、融合プロテオミクスによるがん幹細胞とニッチ標的分子群の解析
第 11 回日本臨床プロテオーム研究会、国立がん研究センター(東京都)、2015 年 5 月 23 日
2. 石濱 泰、ヒトプロテオーム完全解析への挑戦、第 33 回 内分泌代謝学サマーセミナー、柳川藩主立花邸(福岡県柳川市)、2015 年 07 月 09-11 日
3. 吉沢明康、データベースを使ったタンパク質同定、JHUP02015 プロテオミクストレーニングコース、熊本大学医学部(熊本市)、2015 年 7 月 22 日
4. 石濱 泰、Challenges to illuminate Human Proteome and Phosphoproteome、日本プロテオーム学会 2015 年会、くまもと森都心プラザ、熊本市、2015 年 07 月 23-24 日
5. 吉沢明康、どのデータベースを使うか、～データベース検索と配列解析・誤解と難題～、日本プロテオーム学会 2015 年会 (JHUP0 第 13 回大会)教育セミナー「プロテオミクス熊の巻 2015」、くまもと森都心プラザ(熊本市)、2015 年 7 月 23 日
6. 荒木 令江、融合プロテオミクスによるがん幹細胞の異常シグナルネットワークの解析、日本プロテオーム学会 2015 年会、熊本森都市プラザ(熊本市)、2015 年 07 月 23-24 日
7. 小林大樹、プロテオミクスデータの細胞生物学的な検証法、日本プロテオーム学会 2015 年会プロテオミクストレーニングコース、熊本大学医学部(熊本市)、2015 年 7 月 22 日
8. 矢部 公彦、西村 宗徳、後藤 真一、松永 貴輝、木下 英樹、笹尾 明、荒木 令江全自動 2 次元電気泳動装置システムの開発と医療への応用、日本プロテオーム学会 2015 年会、熊本森都市プラザ(熊本市)、2015 年 7 月 23 日～24 日
9. 石濱 泰、プロテオーム統合データベース jPOST の構築、トーゴの日シンポジウム 2015、東京大学弥生講堂(東京)、2015 年 10 月 5-6 日
10. 吉沢 明康、タンパク質同定とデータベース、第 1 回 jPOST ワークショップ、JST 東京本部別館(東京)、2015 年 10 月 13 日
11. 五斗 進、ゲノム・メタゲノムデータベースからプロテオームデータベースへ、第 1 回 jPOST ワークショップ、JST 東京本部別館(東京)、2015 年 10 月 13 日
12. 杉山 直幸、大規模プロテオミクスのための解析ワークフローと統合データベース (jPOST)、生命医薬情報学連合大会 2015 年大会、京都大学宇治キャンパスおうばくプラザ(京都府宇治市)2015 年 10 月 29-31 日
13. 石濱 泰、Proteomic Challenges to Complete the Human Proteome and Phosphoproteome、BMB2015 第 38 回日本分子生物学会年会 第 88 回日本生化学会大会 合同大会、神戸ポートピアホテル(神戸)、2015 年 12 月 1-4 日
14. 荒木令江、南部-新堀 晶子、シルシリバニト アチト、小林 大樹 プロテオミクスを基盤とし

- た統合オミクスによるがん組織細胞の異常シグナルネットワークの抽出と検証、BMB2015 第 38 回日本分子生物学会年会、第 88 回日本生化学会大会 合同大会、神戸ポートアイランド(神戸市)、2015 年 12 月 1 日-4 日
15. 石濱泰、リン酸化プロテオミクスを駆使した創薬キノームプロファイリング、第 371 回 CBI 学会講演会、グランフロント大阪ナレッジキャピタル(大阪)、2016 年 4 月 22 日
 16. 石濱泰、プロテオーム間引き解析と SWATH、第 64 回質量分析総合討論会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪府吹田市)、2016 年 5 月 19 日
 17. 石濱泰、高分離能 LC と高分解能 MS のハイファネーションによる超高分離分析システムの実現とその応用、第 76 回分析化学討論会、岐阜大学(岐阜市)、2016 年 5 月 28 日
 18. 吉沢明康、ポストだけれど葉書じゃない、タンパクだけれど淡泊じゃない、第 2 回バイオインフォマティクスアゴラ、東京工業大学くらまえホール(東京)、2016 年 7 月 15 日
 19. 小林大樹、jPOST リポジトリデータの登録、jPOST workshop 2016、北里大学 (東京)、2016 年 7 月 27 日
 20. 五斗進、奥田修二郎、渡邊由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、プロテオームデータベース jPOST の開発、日本プロテオーム学会 2016 年大会、北里大学(東京)、2016 年 7 月 29 日
 21. 荒木 令江、融合プロテオミクスを基盤としたシステムズバイオロジーの腫瘍研究への応用、日本プロテオーム学会 2016 年会、北里大学薬学部 白金キャンパス(東京)、2016 年 7 月 28 日-29 日
 22. 石濱泰、キナーゼ収斂型リン酸化プロテオミクスを用いたシグナルネットワーク解析と分子標的創薬、第 31 回京都在がん研究会、京都教育文化センター(京都)、2016 年 9 月 16 日
 23. 石濱泰、キナーゼ収斂型リン酸化プロテオミクスによるシグナルネットワーク解析、第 89 回日本生化学会大会、仙台国際センター(仙台)、2016 年 9 月 27 日
 24. 吉沢明康、実はタンパク質は測定していない ～ プロテオミクスと質量分析法 ～、第 5 回生命医薬情報学連合大会、東京国際交流館(東京)、2016 年 9 月 30 日
 25. 松本雅記、定量プロテオミクスプラットフォームのためのインフォマティクス、質量分析インフォマティクス研究会・第 1 回ワークショップ、JST サイエンスプラザ、(東京)、2016 年 10 月 7 日
 26. 奥田修二郎、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST:リポジトリの開発と今後、質量分析インフォマティクス研究会・第 1 回ワークショップ、JST サイエンスプラザ、2016 年 10 月 7 日
 27. 荒木令江、病態プロテオミクスの基礎と応用、口腔ブレインサイエンスセミナー2016、九州大学(福岡)、2016 年 10 月 19 日
 28. 石濱泰、ヒトプロテオーム解明に向けたプロテオーム 解析法の開発、第 36 回キャピラリー電気泳動シンポジウム、徳島大学常三島キャンパス工業会館(徳島)、2016 年 11 月 11 日
 29. 石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST の構築、第 39 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜(横浜市)、2016 年 11 月 30 日
 30. 松本雅記、iMPAQT: 組換えタンパク質を利用したタンパク質絶対定量プラットフォーム～がん代謝研究への応用～、第 4 回次世代がんインフォマティクス研究会、岡山大学工学部(岡山)、2016 年 12 月 16 日
 31. Masaki Matsumoto, iMPAQT: A platform for large scale targeted proteomics based on in vitro human proteome. 1st-International Symposium of the Kyoto Biomolecular Mass Spectrometry Society. 京都大学(京都)、2017 年 2 月 7 日
 32. Akiyasu C. Yoshizawa, Challenges in standardization of database search: development of the jPOST repository and the re-analysis protocol. 1st-International Symposium of the Kyoto Biomolecular Mass Spectrometry Society. 京都大学芝蘭会館(京都)、2017 年 2 月 7 日

33. 荒木令江、プロテオミクスを基盤とした統合オミクスによる新規腫瘍マーカーと治療標的の同定、熊本震災復興フォーラム、富士ソフトアキバプラザ (東京)、2017年3月2日
34. 石濱泰、分離分析の最新技術—high resolution LC-MS/MS をもちいたプロテオーム解析、日本農芸化学会 2017 年度大会、京都女子大学(京都)、2017年3月18日
35. 石濱泰、鞠小路プロテオミクスでつなぐゲノムと疾病、第 2 回臨床薬学懇話会、京都大学医学部附属病院先端医療機器開発・臨床研究センター(京都)、2017年3月21日
36. 石濱泰、Technology-Driven Proteomics、第二回京都皮膚基礎研究会、京都大学医学部臨床研究棟(京都)、2017年3月31日
37. 松本雅記、iMPAQT: A platform for large-scale targeted proteomics based on an *in vitro* human proteome、質量分析討論会、つくば国際会議場、2017年5月18日
38. 石濱泰、プロテオミクスデータ解析1「間違いだらけのデータ解析」、第 44 回 BMS コンファレンス(日本質量分析学会 BMS 研究会)、長浜ロイヤルホテル(滋賀県)、2017年7月11日
39. 吉沢明康、プロテオミクスデータ解析 2「Computational Proteomics から Proteome Informatics へ」/プロテオミクス演習、第 44 回 BMS コンファレンス(日本質量分析学会 BMS 研究会)、長浜ロイヤルホテル(滋賀県)、2017年7月11日
40. 小林大樹、プロテオミクス解説・演習「融合プロテオミクス:マルチオミクス解析とデータマイニングの標準化を目指して」、第 44 回 BMS コンファレンス(日本質量分析学会 BMS 研究会)、長浜ロイヤルホテル(滋賀県)、2017年7月11日
41. 荒木 令江、多彩な質量分析方法論の融合による癌の悪性化・薬剤耐性メカニズムの解析、質量分析フォーラム 2017 (東京)、2017年7月19日
42. 荒木 令江、多彩な質量分析方法論の融合による癌のメカニズムの解析、質量分析フォーラム 2017 (大阪)、2017年7月19日
43. 吉沢 明康、同定結果はどこまで信頼できるか —データベース検索の落とし穴—、日本プロテオーム学会 2017 年大会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪)、2017年7月26日
44. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、jPOST 再解析プロトコル:偽陽性と偽陰性の同時減少を目指す、日本プロテオーム学会 2017 年大会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪)、2017年7月26-28日
45. 小林 大樹、荒木 令江、プロテオームデータにある生物学的な重要性を見出すための“Computational”ツール、日本プロテオーム学会 2017 年会 (JHUPO201、ホテル阪急エキスポパーク(大阪府吹田市)、2017年7月26日-28日
46. 河野信、プロテオームデータの標準化とデータベースの世界動向、日本プロテオーム学会 2017 年大会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪)、2017年7月26-28日
47. 吉沢明康、質量から配列へ、同定結果からデータベースへ、JASIS シンポジウム 2017、幕張メッセ国際会議場(千葉)、2017年9月7日
48. 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 2017、東京大学弥生講堂(東京)、2017年10月4-5日
49. 荒木令江、Basics and Application of Disease Proteomics, 歯科口腔ブレインサイエンスセミナー2017, 九州大学 (福岡), 2017年11月16日
50. 五斗進、統合データベース概要、第 1 回・質量分析インフォマティクス・ハッカソン 2017 年、菊南ユウベルホテル(熊本県熊本市、)2017年11月26日-12月1日
51. 守屋勇樹、TogoGenome など、第 1 回・質量分析インフォマティクス・ハッカソン 2017 年、菊南ユウベルホテル(熊本県熊本市、)2017年11月26日-12月1日
52. 河野信 TogoTable など、第 1 回・質量分析インフォマティクス・ハッカソン 2017 年、菊南ユウベルホテル(熊本県熊本市、)2017年11月26日-12月1日
53. 小林大樹、質量分析・プロテオーム、第 1 回・質量分析インフォマティクス・ハッカソン 2017 年、菊南ユウベルホテル(熊本県熊本市、)2017年11月26日-12月1日

54. 渡辺由、データベース関連技術、第1回・質量分析インフォマティクス・ハッカソン 2017年、菊南ユウベルホテル(熊本県熊本市、)2017年11月26日-12月1日
55. 田畑剛、解析ツール、第1回・質量分析インフォマティクス・ハッカソン 2017年、菊南ユウベルホテル(熊本県熊本市、)2017年11月26日-12月1日
56. 石濱泰、プロテオミクスを用いて暗黒キノーム世界を照らす、第37回キャピラリー電気泳動シンポジウム(SCE2017)、東北大学環境科学研究科(宮城県仙台市)、2017年11月28-30日
57. 石濱泰、プロテオミクスを用いたキノーム活性プロファイリング、2017年度生命科学系学会合同年次大会(Conbio2017)、神戸ポートアイランド(兵庫県神戸市)、2017年12月6日-9日
58. 松本 雅記、中山 敬一、次世代定量プロテオミクスによる生命システム理解への挑戦、2017年度生命科学系学会合同年次大会(Conbio2017)、神戸ポートアイランド(兵庫県神戸市)、2017年12月6日-9日
59. 石濱泰、jPOST (Japan ProteOme STandard Repository/Database)、2017年度生命科学系学会合同年次大会(Conbio2017)、神戸ポートアイランド(兵庫県神戸市)、2017年12月6日-9日

〈国際〉

1. Yasushi Ishihama, Slicing the Human Proteome: Chromatographic Challenges Facing Complete Human Proteome & Phosphoproteome Analysis, Keystone Symposia meeting on "The Human Proteome", Clarion Hotel Sign (Stockholm, Sweden), 2015/4/24-29
2. Yasushi Ishihama, High resolution shotgun proteomics for illuminating human proteome and phosphoproteome, 1st Symposium of the Center of Toxins, Immune-Response and Cell Signaling "From Proteomics to Systems Biology", Instituto Butantan (Sao Paulo, Brazil) 2015/5/21
3. Yasushi Ishihama, High resolution shotgun proteomics for illuminating human proteome and phosphoproteome, Advances in Human Proteome and Phosphoproteome Analysis using Meter-scale Monolithic Silica Columns, Breakfast seminar in 63rd ASMS Conference on Mass Spectrometry and Allied Topics, St. Louis, Missouri, USA, 2015/5/31-6/4
4. Yasushi Ishihama, Slicing Proteome to illuminate the Human Proteome and Phosphoproteome, 2015 IUPAC 48th General Assembly and 45th World Chemistry Congress, Busan, Korea 2015/8/7-14
5. Yasushi Ishihama, Illumination of Kinase-mediated Phosphoproteomes by High Resolution LC-MS, 15th Asia-Pacific International Symposium on Microscale Separations and Analysis (APCE2015), National Cheng Kung University (Tainan, Taiwan), 2015/11/15-18
6. Norie Araki, Construction of Japan Proteome Standard Repository/Database: jPOST, Bioinformatics Conference, Siriraj Hospital, Mahidol University, (Bangkok, Thailand)、2016年2月12日
7. Yasushi Ishihama, High Resolution Shotgun Proteomics for Kinome Profiling, 44th international symposium on high performance liquid phase separations and related techniques, Marriott San Francisco Marquis (San Francisco, USA), 2016/6/22
8. Yasushi Ishihama, Slicing Proteomics to Unveil the Human Proteome, 21st International Mass Spec Conference, Metro Toronto Convention Centre (Toronto, Canada), 2016/8/22
9. Yasushi Ishihama, Kinase-centric pharmacoproteomics for molecular-targeting drug discovery, HUPO2016, TICC (Taipei, Taiwan), 2016/9/21
10. Norie Araki, Akiko Niibori-Nambu, Atit Silsirivanit, Yoshimune Yamasaki, Hiroka zu Toubou, Hiroki Okanishi, Daiki Kobayashi, Systems biology of cancer stem c

ells by integrated proteomics and glycomics, the 5th Asia Pacific Protein Association Conference and 12th International Symposium of the Protein Society of Thailand (Bangsaen, Thailand), 2017/7/11-14.

11. Yasushi Ishihama, jPOST meets Chromosome X: hunting missing proteins, HUPO2017 pre-conference HPP workshop, Univ College Dublin (Dublin, Ireland), 2017/09/17.
12. Yasushi Ishihama, Chromatography-Driven Proteomics for Unveiling Human Proteome, 46th International Symposium on High Performance Liquid Phase Separations and Related Techniques (HPLC2017 Jeju), International Conference Center (ICC), Jeju, Korea, 2017/11/5-9.
13. Yasushi Ishihama, Kinome Activity Profiling Based on Large-Scale Kinase-Substrate Relationships, 7th Asia Oceania Mass Spectrometry Conference (AOMSC 2017), Biopolice (Singapore), 2017/12/11-13.
14. Norie Araki, Cancer systems biology by integrated proteomics, The 3th e-Asia Glyco Biomarker Workshop, Khon Kaen (Thailand), 2018/1/4.

(3) 口頭講演

〈国内〉

1. 吉沢明康, 田畑剛, 守屋勇樹, 河野信, 奥田修二郎, 山本格, 松本雅記, 小林大樹, 荒木令江, 杉山直幸, 五斗進, 石濱泰、質量スペクトルはデータベース検索“グレーゾーン”を明瞭化するか、第 64 回質量分析総合討論会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪) 2016 年 5 月 18 日
2. 奥田修二郎、渡辺由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、五斗進、石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST: 質量分析データ・リポジトリの公開、第 39 回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016 年 11 月 30 日
3. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、データベース検索エンジンを用いたタンパク質同定における特異性向上、第 65 回質量分析総合討論会、つくば国際会議場(茨城)、2017 年 5 月 18 日
4. 松本雅記、中山敬一、iMPAQ: ヒト *in vitro* プロテオームに基づく大規模ターゲットプロテオミクス解析基盤、日本プロテオーム学会 2017 年大会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪)、2017 年 7 月 26-28 日
5. 奥田修二郎、渡辺由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、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 jPOST: 質量分析データ・リポジトリ、日本プロテオーム学会 2017 年大会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪)、2017 年 7 月 26-28 日
6. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、jPOST: プロテオーム統合データベースの開発、日本プロテオーム学会 2017 年大会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪)、2017 年 7 月 26-28 日

〈国際〉

1. Okuda, S., Watanabe, Y., Moriya, Y., Kawano, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Sugiyama, N., Goto, S., Ishihama, Y., jPOST for Asia and Oceania: Repository Opened, The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization Congress、雲品温泉酒店日月潭(Fleur De Chine Hotel)(日月潭、台湾)、2016 年 9 月 22-23 日
2. Ishihama, Y., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watan

abe, Y., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., Controlling false discovery rates on large-scale proteome datasets in jPOST, 16th Human Proteome Organization World Congress, Convention Centre Dublin (ダブリン、アイルランド)、2017年9月17-21日

(4) ポスター発表

(国内)

1. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、日本発の高品質プロテオームデータベース:jPOST、日本プロテオーム学会 2015 年会、くまもと森都心プラザ、熊本市、2015 年 07 月 23-24 日
2. 河野 信、渡辺 敦、水口 惣平、荒木 令江、片山 俊明、山口 敦子 TogoTable: 表形式データにアノテーションを付加するウェブツール 日本プロテオーム学会 2015 年会、熊本森都市プラザ(熊本市)、2015 年 7 月 22 日~23 日
3. 山崎 義宗、南部 晶子、吉沢 明康、水口 惣平、小林 大樹、長山 慈、永井 美奈子、Atit Silsirivanit、河野 信、佛淵 尚人、荒木 令江 融合プロテオミクスのデータ統合ツール iPEACH によるグリオーマ幹細胞の維持と分化に関わるネットワーク解析、日本プロテオーム学会 2015 年会、熊本森都市プラザ(熊本市)、2015 年 7 月 22 日~23 日
4. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、jPOST (Japan Proteome Standard Repository/Database): プロテオーム・データの標準化と統合、トーゴの日シンポジウム 2015、東京大学弥生講堂、2015 年 10 月 5-6 日
5. Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Goto, S., Tabata, T., Sugiyama, N., and Ishihama, Y., jPOST: Development of a high-quality proteome database、生命医薬情報学連合大会 2015 年大会、京都大学宇治キャンパスおうばくプラザ(京都府宇治市)2015 年 10 月 29-31 日
6. Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Moriya, Y., Kawano, S., Goto, S., and Ishihama, Y., Search space reduction by utilizing known modification information for proteomic database search、生命医薬情報学連合大会 2015 年大会、京都大学宇治キャンパスおうばくプラザ(京都府宇治市)2015 年 10 月 29-31 日
7. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、山本格、松本雅記、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、五斗進、田畑剛、杉山直幸、石濱泰、jPOST: プロテオーム解析ワークフローの標準化、BMB2015 第 38 回日本分子生物学会年会 第 88 回日本生化学会大会 合同大会、神戸ポートピアホテル(神戸)、2015 年 12 月 1-4 日
8. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、五斗進、石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST: 再解析プロトコルの開発、日本プロテオーム学会 2016 年大会、北里大学(東京)、2016 年 7 月 28-29 日
9. Moriya, Y., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Kawano, S., Watanabe, Y., Okuda, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Sugiyama, N., Goto, S., and Ishihama, Y., jPOST: repository and re-analysis protocol、第 5 回生命医薬情報学連合大会、東京国際交流館(東京)、2016 年 9 月 30 日
10. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、五斗進、石濱泰、jPOST: 今こんな感じです、トーゴの日シンポジウム 2016、東京大学弥生講堂(東京)、2016 年 10 月 5-6 日
11. 奥田修二郎、渡辺由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒

- 木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、五斗進、石濱泰、jPOST: リポジトリ始めました、トーゴの日シンポジウム 2016、東京大学弥生講堂(東京)、2016年10月5-6日
12. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、五斗進、石濱泰、jPOST: 再解析考え中です、トーゴの日シンポジウム 2016、東京大学弥生講堂(東京)、2016年10月5-6日
 13. 奥田修二郎、渡辺由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、五斗進、石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST: 質量分析データ・リポジトリの公開、第39回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016年12月2日
 14. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、五斗進、石濱泰、プロテオーム統合データベース jPOST: 再解析プロトコルの開発第39回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016年12月2日
 15. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、五斗進、石濱泰 jPOST: プロテオームデータベースプロジェクト、第39回日本分子生物学会年会、パシフィコ横浜、2016年12月2日
 16. 奥田修二郎、渡辺由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、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 jPOST: 質量分析データ・リポジトリ、日本プロテオーム学会 2017年大会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪)、2017年7月28日
 17. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、jPOST: プロテオーム統合データベースの開発、日本プロテオーム学会 2017年大会、ホテル阪急エキスポパーク(大阪)、2017年7月28日
 18. Shujiro Okuda, Yu Watanabe, Yuki Moriya, Shin Kawano, Tadashi Yamamoto, Masaki Matsumoto, Tomoyo Takami, Daiki Kobayashi, Norie Araki, Akiyasu C. Yoshizawa, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Satoshi Tanaka, Susumu Goto and Yasushi Ishihama, jPOST: Integrated database for proteomes、第6回生命医薬情報学連合大会、北海道大学情報科学研究科(札幌)、2017年9月27-29日
 19. 奥田修二郎、渡辺由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、jPOST: プロテオーム統合データベースプロジェクト、トーゴの日シンポジウム 2017、東京大学弥生講堂(東京)、2017年10月4-5日
 20. 小林大樹、荒木令江、奥田修二郎、渡辺由、守屋勇樹、河野信、山本格、松本雅記、高見知代、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、jPOST: メタデータのキュレーション、トーゴの日シンポジウム 2017、東京大学弥生講堂(東京)、2017年10月4-5日
 21. 吉沢明康、田畑剛、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、jPOST: 再解析プロトコルによる同定結果の質的向上、トーゴの日シンポジウム 2017、東京大学弥生講堂(東京)、2017年10月4-5日
 22. 守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、松本雅記、高見知代、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、jPOST データベースの開発、トーゴの日シンポジウム 2017、東京大学弥生講堂(東京)、2017年10月4-5日
 23. 松本雅記、高見知代、守屋勇樹、河野信、奥田修二郎、渡辺由、山本格、小林大樹、荒木令江、吉沢明康、田畑剛、杉山直幸、田中聡、五斗進、石濱泰、jPOST: タンパク質発現絶対量 slice の開発、トーゴの日シンポジウム 2017、東京大学弥生講堂(東京)、2017年10月4-5日

017年10月4-5日

24. 河野信、Yasset Perez Riverol、Tobias Ternent、守屋勇樹、Eric Deutsch、Michel Dumontier、Juan Antonio Vizcaino、Henning Hermjakob、五斗進、各種レポジトリに登録されたメタデータを収集した OmicsDI の RDF 化、トーゴの日シンポジウム 2017、東京大学弥生講堂(東京)、2017年10月4-5日
25. 奥田 修二郎、渡辺 由、守屋 勇樹、河野 信、山本 格、松本 雅記、高見 知代、小林 大樹、荒木 令江、吉沢 明康、田畑 剛、杉山 直幸、田中 聡、五斗 進、石濱 泰、jPOST: プロテオーム統合データベースプロジェクト、2017 年度生命科学系学会合同年次大会(Conbio2017)、神戸ポートアイランド(兵庫県神戸市)、2017年12月6日-9日
26. 守屋 勇樹、河野 信、奥田 修二郎、渡辺 由、山本 格、松本 雅記、高見 知代、小林 大樹、荒木 令江、吉沢 明康、田畑 剛、杉山 直幸、田中 聡、五斗 進、石濱 泰、jPOST: プロテオームデータベースの開発、2017 年度生命科学系学会合同年次大会(Conbio2017)、神戸ポートアイランド(兵庫県神戸市)、2017年12月6日-9日
27. 吉沢 明康、田畑 剛、守屋 勇樹、河野 信、奥田 修二郎、渡辺 由、山本 格、松本 雅記、高見 知代、小林 大樹、荒木 令江、杉山 直幸、田中 聡、五斗 進、石濱 泰、jPOST: 同定結果の FDR 改善を目指す再解析プロトコルの開発、2017 年度生命科学系学会合同年次大会(Conbio2017)、神戸ポートアイランド(兵庫県神戸市)、2017年12月6日-9日

〈国際〉

1. Yasushi Ishihama, Tsuyoshi Tabata, Naoyuki Sugiyama, Susumu Goto, Norie Araki, Masaki Matsumoto, Shujiro Okuda, Shin Kawano, Proteomics Data Analysis Workflow for Accumulated LCMS Files in Public Database 14th Human Proteome Organization World Congress, Vancouver Convention Center(バンクーバー、カナダ)、2015年9月27-30日
2. Kawano, S., Moriya, Y., Okuda, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Sugiyama, N., Goto, S., Ishihama, Y., jPOST: Development of Japan ProteOme STandard repository/database, 14th Human Proteome Organization World Congress, Vancouver Convention Center(バンクーバー、カナダ)、2015年9月27-30日
3. Moriya, Y., Kawano, S., Watanabe, Y., Okuda, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Goto, S., Tabata, T., Sugiyama, N., Ishihama, Y., jPOST: Current status in 2016, 15th Human Proteome Organization World Congress, 台北国際会議中心(Taipei International Convention Center)(台北、台湾)、2016年9月18-20日
4. Okuda, S., Watanabe, Y., Moriya, Y., Kawano, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A., Tabata, T., Sugiyama, N., Goto, S., Ishihama, Y., jPOST: repository opened, 台北国際会議中心(Taipei International Convention Center)(台北、台湾)、2016年9月18-20日
5. Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watanabe, Y., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Sugiyama, N., Goto, S., Ishihama, Y., jPOST: Re-analysis Protocol, 台北国際会議中心(Taipei International Convention Center)(台北、台湾)、2016年9月18-20日
6. Yoshimune Yamasaki, Akiko Nambu, Atit Silsirivanit, Daiki Kobayashi, Akiyasu Yoshizawa, Shin Kawano, Norie Araki, Analysis of the specific molecular networks of cancer stem cells using a novel data integration tool iPEACH, 15th Human Proteome Organization World Congress, 台北国際会議中心(Taipei International Convention Center)(台北、台湾)、2016年9月18-20日

7. Moriya, Y., Kawano, S., Watanabe, Y., Okuda, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Goto, S., Tabata, T., Sugiyama, N., Ishihama, Y., jPOST for Asia and Oceania: Current status in 2016, The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization Congress、雲品温泉酒店日月潭(Fleur De Chine Hotel)(日月潭、台湾)、2016年9月22-23日
8. Okuda, S., Watanabe, Y., Moriya, Y., Kawano, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Sugiyama, N., Goto, S., Ishihama, Y., jPOST for Asia and Oceania: Repository Opened, The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization Congress、雲品温泉酒店日月潭(Fleur De Chine Hotel)(日月潭、台湾)、2016年9月22-23日
9. Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watanabe, Y., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Sugiyama, N., Goto, S., Ishihama, Y., jPOST for Asia and Oceania: Re-analysis Protocol, The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization Congress、雲品温泉酒店日月潭(Fleur De Chine Hotel)(日月潭、台湾)、2016年9月22-23日
10. Yoshimune Yamasaki, Akiko Nambu, Atit Silsirivanit, Daiki Kobayashi, Akiyasu Yoshizawa, Shin Kawano, Norie Araki, A Novel Data Integration Tool iPEACH Identified the Specific Molecular Networks of Cancer Stem Cells The 8th Asia Oceania Human Proteome Organization Congress、雲品温泉酒店日月潭(Fleur De Chine Hotel)(日月潭、台湾)、2016年9月22-23日
11. Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watanabe, Y., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., Ishihama, Y., Controlling false discovery rate in accumulated public proteome dataset, 65th American Society for Mass Spectrometry Conference on Mass Spectrometry and Allied Topics, Indiana Convention Center (インディアナポリス、米国)、2017年6月4-8日
12. Watanabe, Y., Okuda, S., Moriya, Y., Kawano, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., Ishihama, Y., jPOST provides a global public data repository for a wide variety of proteomics experiments, 16th Human Proteome Organization World Congress, Convention Centre Dublin (ダブリン、アイルランド)、2017年9月17-21日
13. Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watanabe, Y., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., Ishihama, Y., Reducing false positive identifications for proteome datasets accumulated in jPOST repository, 16th Human Proteome Organization World Congress, Convention Centre Dublin (ダブリン、アイルランド)、2017年9月17-21日
14. Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watanabe, Y., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A.C., Tabata, T., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., Ishihama, Y., Development of integrated proteomics database: jPOST, 16th Human Proteome Organization World Congress, Convention Centre Dublin (ダブリン、アイルランド)、2017年9月17-21日

4. 知財出願

該当なし

5. 受賞・報道等

(1) 受賞

1. 日本プロテオーム学会賞、松本雅記、2017年7月28日

- 2.日本プロテオーム学会賞、荒木令江、2016年7月27日
- 3.日本プロテオーム学会奨励賞、奥田修二郎、2017年7月28日

(2) メディア報道

1. 大学ジャーナル ONLINE、生体内全タンパク質の統合データベースを開発 世界初の横断検索システム始動 京都大学など、2016年5月10日
2. 日経産業新聞、たんぱく質のデータベース 京大など日本版作成、2016年5月11日
3. 京都新聞、生体たんぱく質データベース化 京大など開発、一元管理へ、2016年5月11日
4. 化学工業日報、日本発プロテオーム統合 DBリポジトリ公開アジア唯一の国際標準、2016年6月15日

(3) その他

1. プロテオーム統合データベースjPOSTを開発～アジア・オセアニア唯一の国際標準データリポジトリをスタート～、2016年5月2日(プレスリリース)

§9. 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
2015年4月7日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学	10人	研究進捗報告のためのミーティング
2015年4月21日	同上	ウェブ会議	10人	同上
2015年5月1日	同上	東工大サテライト	5人	同上
2015年5月8日	同上	ウェブ会議	11人	同上
2015年5月11日	同上	ウェブ会議	5人	同上
2015年5月29日	同上	京都大学	9人	同上
2015年6月18日	同上	ウェブ会議	11人	同上
2015年7月14日	同上	ウェブ会議	5人	同上
2015年7月22日	同上	熊本大学	17人	同上
2015年8月21日	同上	ウェブ会議	11人	同上
2015年9月15日	同上	ウェブ会議	11人	同上
2015年10月14日	同上	JST 東京本部別館	9人	同上
2015年11月10日	同上	ウェブ会議	11人	同上
2015年12月1日	同上	神戸国際会議場	10人	同上
2015年12月10日	同上	DBCLS	5人	同上
2016年1月15日	同上	ウェブ会議	11人	同上
2016年2月5日	同上	新潟大学	5人	同上
2016年2月19日	同上	ウェブ会議	11人	同上
2016年3月15日	同上	ウェブ会議	11人	同上
2016年4月15日	同上	ウェブ会議	10人	同上
2016年5月23日、24日	同上	九州大学	10人	同上
2016年6月30日	同上	ウェブ会議	10人	同上
2016年7月8日	同上	京都大学	10人	同上
2016年7月15日	同上	東工大サテライト	5人	同上
2016年7月27日	同上	北里大学	10人	同上
2016年8月30日	同上	ウェブ会議	5人	同上
2016年10月7日	同上	JST サイエンスプラザ	10人	同上
2016年10月19日	同上	ウェブ会議	3人	同上
2016年11月4日	同上	ウェブ会議	10人	同上
2016年12月15日	同上	ウェブ会議	10人	同上
2017年1月4日、5日	同上	京都大学	10人	同上
2017年1月17日、18日	同上	京都大学	10人	同上
2017年2月16日	同上	ウェブ会議	10人	同上
2017年2月25日	同上	東工大サテライト	5人	同上
2017年2月28日～3月2日	同上	新潟大学	10人	同上

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2017年3月14日	同上	ウェブ会議	10人	同上
2017年4月7日	同上	ウェブ会議	13人	同上
2017年5月16日	同上	DBCLS 柏	13人	同上
2017年6月21日	同上	ウェブ会議	13人	同上
2017年7月26日	同上	ホテル阪急エキスポパーク	11人	同上
2017年8月25日、26日	同上	京都大学	12人	同上
2017年9月14日	同上	ウェブ会議	13人	同上
2017年10月5日、6日	同上	東京大学	10人	同上
2017年11月18日	同上	ウェブ会議	12人	同上
2017年11月30日	同上	ウェブ会議	12人	同上

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
2015年7月24日	JHUP02015 シンポジウム	くまもと森都心プラザ	200人	JHUP02015 年大会内で開催した公開シンポジウム
2015年10月13日	jPOST ワークショップ	JST 東京本部別館	20人	プロテオーム解析ソフトウェアのチュートリアルを中心としたワークショップ
2015年10月29日	生命医薬情報学連合大会 2015 年大会企画セッション	京都大学	30人	質量分析インフォマティクスに関する企画セッションをオーガナイズ
2016年4月17日	共同研究打ち合わせ(非公開)	Ghent 大学	5人	英国 EBI との共同研究に関する打ち合わせ
2016年5月10日	共同研究打ち合わせ(非公開)	ウェブ会議	7人	ProteomeXchange ミーティング
2016年5月27日	共同研究打ち合わせ(非公開)		7人	
2016年6月23日	共同研究打ち合わせ(非公開)		7人	
2016年7月20日	共同研究打ち合わせ(非公開)		7人	
2016年7月27日	jPOST シンポジウム	北里大学	40人	jPOST を中心としたオミクスDB についてのシンポジウム
2016年7月28日	Technological Advances in Proteomics	北里大学	100人	日本プロテオーム学会でのシンポジウム
2016年7月29日	Post-Translational Modifications	北里大学	100人	
2016年7月29日	Informatics and Systems Biology	北里大学	50人	

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2016年 10月7日	質量分析データ解析のための計算化学	JST サイエンスプラザ	70人	質量インフォマティクス研究会・第1回ワークショップ
2016年 11月30日	生命システムを俯瞰するための質量分析解析技術とデータベースの活用	パシフィコ横浜	150人	分子生物学会でのシンポジウム
2017年 2月24日	質量分析研究に於ける情報処理の現在と今後	JST サイエンスプラザ	80人	質量インフォマティクス研究会・第2回ワークショップ
2017年 9月28日	BoFセッション「質量分析とケモインフォマティクスの実りある連携」、第6回生命医薬情報学連合大会	北海道大学情報科学研究科	45人	jPOSTの再解析など、質量分析データの解析の方法論や問題点について、情報系研究者に啓蒙
2017年 11月26日 ～12月1日	第1回質量分析インフォマティクス・ハッカソン	菊南温泉ユウベルホテル(熊本市)	24人(共同開催の国内版バイオハッカソンBH17.11と合計で71人)	jPOSTほか質量分析データの解析のための連携作業と、研究者・開発者養成
2017年 12月7日	ワークショップ2PW23「オミクス研究から実用的システム生物学の構築へ」、2017年度生命科学系学会合同年次大会(ConBio2017)	神戸国際会議場	(開催前)	jPOSTに蓄えられたプロテオーム・データをはじめとするオミクス・データの取得と解析、更にそれらを用いた将来的なデータ統合について展望する

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 RDFポータル	関連文献
1	jPOST	Japan ProteOme STandard Repository/Data base	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。リポジットリポート、再解析パート、データベースパートからなり、2018年3月現在はリポジットリポートおよびデータベースパートを先行させて公開しています。	http://jpostdb.org/	2015年8月24日	維持・発展	データベース等	提供前	対象外	提供前	
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。ProtemoeXchange (PX) Consortiumに加盟し、登録ユーザが論文投稿する際に必要となるPX IDを発行する。	https://repositor.y.jpostdb.org/	2016年5月2日	維持・発展	データベース等	提供前	対象外	提供前	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	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年3月26日	維持・発展	データベース等	提供前	対象外	提供前	
4	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うためのデモサイト。	https://rep-demo.jpostdb.org/	2016年5月2日	新規	データベース等	提供前	対象外	提供前	
5	高速ファイルアップローダー		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://repositor.y.jpostdb.org/	2016年5月2日	継続・発展	ツール等	対象外	対象外	対象外	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)
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.jpst.org/iMPAQT/	2016年12月25日	新規	データベース等	提供前	対象外	提供前	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.jpst.org/iMPAQT/impactquant.html	2016年12月25日	新規	ツール等	対象外	対象外	対象外	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.