

研究開発実施報告

□概要

研究開発課題名	プロテオームデータベースの機能深化と連携基盤強化
開発対象データベースの名称(URL)	jPOST (Japan ProteOme SStandard Repository/Database) (https://jpostdb.org/)
研究代表者氏名	石濱 泰
所属・役職	京都大学 大学院薬学研究科 教授 (2022 年 3 月時点)

□目次

§1. 研究実施体制	2	④ ポスター発表	10
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等	3	(4) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開) 10	
(1) データベース一覧	3	① 出願件数	10
(2) ツール等一覧	3	② 一覧	10
§3. 実施内容	4	(5) 受賞・報道等	11
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標	4	① 受賞	11
(2) 進捗状況	6	② メディア報道	11
§4. 成果発表等	9	③ その他の成果発表	11
(1) 原著論文発表	9	§5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)	12
① 論文数概要	9	(1) 進捗ミーティング	12
② 論文詳細情報	9	(2) 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等	13
(2) その他の著作物(総説、書籍など)	9		
(3) 国際学会および国内学会発表	9		
① 概要	9		
② 招待講演	9		
③ 口頭講演	10		



§1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者または主たる共同研究者氏名	所属機関・役職名	研究題目
石濱グループ	石濱 泰	京都大学・薬学研究科・教授	再解析ワークフローの機能強化と新機能開発
河野グループ (旧五斗グループ)	河野 信	富山国際大学・現代社会学部・教授	データベースツールの深化およびオントロジーの強化
奥田グループ	奥田 修二郎	新潟大学大学院医歯学総合研究科・教授	リポジトリの機能強化と新機能開発
松本グループ	松本 雅記	新潟大学大学院医歯学総合研究科・教授	定量プロテオミクスデータベースおよびスペクトルライブラリ検索ツールの開発
荒木グループ	荒木 令江	熊本大学・大学院生命科学研究部(医学系)・准教授	データベースキュレーションの深化と強化

§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

(1) データベース一覧

【主なデータベース】

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

【その他のデータベース】

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

(2) ツール等一覧

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

§3. 実施内容

(1) 本年度の研究開発計画と達成目標

本研究で提案するプロテオーム統合データベース jPOST は、リポジトリ部、再解析部およびデータベース部からなる。このうちデータベースは3つの DB (Cube, Globe, Slice) から構成される。

ある生物種の、ある生命現象に注目して、ある研究機関で取得されたプロテオーム情報は標準化されたのち、それぞれの Cube に格納される。それぞれの Cube は集積・統合され、Globe となる。それぞれの Cube には様々なタグ (例えば生物種タグや翻訳後修飾タグ) が付与されている。Globe 中から、あるタグの組み合わせを持った Cube を抽出し、再構成し、調べたいプロテオーム情報を調整したものが Slice である。ユーザーは、自由にプロジェクト横断的に Globe をスライスし、目的情報 DB を作製できる。また、ユーザーは、これらのスライスしたデータを外部にエクスポートすることも可能であり、手持ちのデータと組み合わせで解析できる。第 1 期の開発では、リン酸化データおよび絶対量定量データの解析にフォーカスしたデータ可視化ツールを開発し、2018 年 3 月に一般公開した。第 2 期となる本研究では、5 年間で 5 研究開発テーマ、30 タスクについて目標を達成する。以下に示すように、本年度は前年度の中間評価から引き続き行う 8 タスクに加え、新たに 8 タスクについて開発を進める。各テーマ、タスクについての主担当グループを表 1 に示す。

表 1 2021 年度の研究開発項目 (赤四角は中間評価時まで修正したもの)

研究開発テーマ	タスク	担当グループ	2018	2019	2020	2021
リポジトリの機能強化と新機能開発	Help機能の充実	奥田G				
	PXCのXML対応	奥田G				
	データの修正に対する対応	奥田G				
	大規模メタデータ一括インポートシステムの開発	奥田G、荒木G				
	SRM, PRM, DIAデータ対応	奥田G、松本G				
	グライコプロテオミクスデータ対応	奥田G				
	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				
	jPOSTスコアの確立	石濱G				
再解析ワークフローの機能強化と新機能開発	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				
	Proteomeform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				
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	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)				
	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/スウェーデン解析ツールの開発	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)				
	メタプロテオゲノミクスデータのタキソ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)				
オントロジーの深化と強化	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)				
	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				
キュレーションの深化と強化	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:

当初の目標であった年間 100 プロジェクト登録を大きく上回るペース (2020 年度で 247 プロジェクト) で登録されており、引き続きリポジトリの機能強化を図る。イオンモビリティに対応した新しい SRM, PRM, DIA 測定データ対応に取り組む。国際的な動向、とくにアジア地区の動向を調査するため、HUPO2021 (ストックホルム、10 月開催) やアジアオセアニア HUPO (2021.7 釜山) への参加や国内学会 (JPrOS2021 (7 月、徳島)) 等での発表を積極的に行う。さらに HUPO Proteomics Standards Initiative (PSI) 等の機会を利用して、ウェット研究者のニーズに合ったリポジトリを設計し、ユーザー層の拡大をはかる。開発は奥田 G が中心となっており、メタデータについては荒木 G、SRM 等の新モードについては松本 G と協力して進める。

2) 再解析ワークフローの機能強化と新機能開発：

引き続き UniScore の論文化とそれを中心に据えた再解析ワークフローの全自動化を確立する。特にリン酸化ペプチドに焦点をあて、修飾位置同定のためのワークフローを確立する。また外部ユーザーと組んで再解析プロジェクトを行うことを検討する。プロテオゲノミクスでは、データベース部の開発と連動しながら UniScore を用いた高精度解析フローを最適化する。さらに、引き続き、多生物種を含むメタプロテオーム解析について、複数生物由来のゲノムデータベースからカスタマイズ配列を作成し、実験データとの照合を行うシステムを開発する。また、スペクトルライブラリ検索ツールについても開発を進める。これらについては、石濱 G が中心となり、ゲノムデータ解析については奥田 G と協力しながらすすめる。

3) データベース・ツールの深化とプロテオゲノミクスデータの可視化およびネットワーク解析ツールの開発：

前年度に引き続きプロテオゲノミクスに対応したスライスデータベースを作成する。スライスデータベースについて、シグナル伝達パスウェイや代謝ネットワークなどの生化学反応マップにデータを貼り付けるツール開発を行う。これについては、ゲノム変異データなどのマルチオミクスに対応したデータ入力ができるようにする。主として台湾の Cancer Moonshot プロジェクトと連動しながら、そのデータをモデルとして未知パスウェイに対する解析ツールを新たに開発する。スプライスバリエントやタンパク質絶対量に対するスライスデータベースの可視化に取り組む。これらは河野 G (旧五斗 G) を中心に、パスウェイツールについては奥田 G と、バリエントや絶対量については松本 G と協力しながらすすめる。

追加計画として、国の大型プロジェクト(例えば科研費・学術変革領域「マルチファセット・プロテインズ:拡大し変容するタンパク質の世界」および AMED-CREST「プロテオスタシスの理解と革新的医療の創出」など)と連携し、今まで見つかっていなかった新規タンパク質群を系統的に同定、整理し、その由来とともに系統的にデータベース化し、公開する。

4) オントロジーの深化と強化：

前年度に引き続き、プロテオゲノミクス、マルチオミクス(メタボロミクス、リポドミクス)に対応したオントロジーの整備を行い、他の生命科学データベースとの連携を図る。PXC はメタボローム分野との連携を開始しており、MetabolomeXchange とファイルフォーマットの共有を目指している。本年度の HUPO-PSI で動向調査も行う。特に本年度はマルチオミクスに対応したオントロジーの整備を行う。これらは河野 G (旧五斗 G) が中心になって行う。

5) キュレーションの深化と強化：

前年度に引き続き、プロテオゲノミクス・マルチオミクス対応およびキュレーション半自動化ワークフローの開発を行う。リポジトリユーザーによるメタ情報入力について、プロテオゲノミクスやマルチオミクスに対応したシステムの構築を行う。登録データセットが公開になったタイミングで、用いた手法(プロトコル)とデータを論文として公開するための学術誌「Journal of Proteome Data & Methods (JPDM)」の展開について日本プロテオーム学会と協力しながら鋭意すすめる。JPDM は河野 G (旧五斗 G)、荒木 G、奥田 G、石濱 G が中心になって進め、その他の項目については荒木 G を中心に進める。

6) COVID-19 関連プロテオームデータ再解析とデータベース化

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

(2) 進捗状況

上記 16 タスクについての進捗状況を表 2 に示す。

表 2 2021 年度の研究開発項目と進捗状況

研究開発テーマ	タスク	担当グループ	2018	2019	2020	2021	
リポジトリの機能強化と新機能開発	Help機能の充実	奥田G					終了
	PXCのXML対応	奥田G					終了
	データの修正に対する対応	奥田G					終了
	大規模メタデータ一括インポートシステムの開発	奥田G、荒木G					終了
	SRM, PRM, DIAデータ対応	奥田G、松本G					継続
	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模索	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					継続
	PXC間ミラーリング対応	奥田G、五斗G					継続
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					継続
	ワークフローの全自動化	石濱G					継続
	グライコプロテオミクスデータの再解析	石濱G					終了
	プロテオゲ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					継続
	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					継続
データベースツールの深化とプロテオゲノミクスデータの可視化およびネットワーク解析ツールの開発	ProteomeXchange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データベースの開発	河野G (旧五斗G)、松本G					終了
	絶対量/リリアント選択的なスライデータベースの深化	松本G、河野G (旧五斗G)					継続
	プロテオゲノミクス用スライデータベース	河野G (旧五斗G)、荒木G					終了
	既知/新規バスクイ解析ツールの開発	奥田G、石濱G					継続
	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データベースの整備	松本G、河野G (旧五斗G)					継続
	メタプロテオゲノミクスデータのタキソミー解析ツールの開発	奥田G、石濱G、河野G (旧五斗G)					継続
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)					継続
キュレーションの深化と強化	メタボロームデータ対応	荒木G、松本G					継続
	プロテオゲ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)					継続

赤四角は中間評価時までに修正したもの

基本的にはすべてのタスクについて開発は順調に進行している。以下、詳細を述べる。

1) リポジトリの機能強化と新機能開発:

リポジトリでは ProteomeXchange での共通ルール化に伴って、種々の修正を行った。リポジトリ登録数は目標としていた年間 100 プロジェクトを大きく上回り、2017 年度 108 プロジェクト、2018 年度 153 プロジェクト、2019 年度は 202 プロジェクト、2020 年度は 253 プロジェクトが登録された。2021 年度は更に登録数は伸びており、8 月の時点で総登録数は 1000 を超え、最終的に新規登録数 377、公開プロジェクト数 268 と増加率も年々上昇し、順調に知名度は上がってきていると思われる。SRM, PRM, DIA などではイオンモビリティを備え

た MS 装置の新モデルが続々登場してきており、今後もその対応が必要になる。

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) を含めほぼ完成した。現在はコロナ再解析データを含める形で論文化をすすめている。大規模再解析プランのための自動システムの開発を行った。一部、自動化がすすまない部分があり、アドバイザーの瀬々先生の協力を得ながら、検討を継続している。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の試みも開始した。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、DBKERO 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開始した。国の大型プロジェクトとの連携に基づき、これらのデータベース化を行うための基盤整備を行った。コロナ禍で大型プロジェクトの領域会議がすべてオンラインとなっており、なかなか周知が進まないが、松本 G を中心に国プロでの MS コアメンバーの研究 G が立ち上がる動きがあり、そこと連携しながら系統的なデータベース化を進める。さらに、多生物種を含むプロテオーム解析を行うにあたり、ゲノム情報が十分でない生物に対して、石濱 G と奥田 G が検討を継続している。

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継続的に行った。実験技術の進歩もあり、バリエーション選択的なプロテオームデータのデータベース化およびプロテオゲノミクスデータのデータベース化は、引き続き検討を行う(上記(2)の新規翻訳開始点や翻訳後プロセッシング産物プロジェクトとも関連)。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。特にリン酸化プロテオームデータ可視化について見直しを行い、実験データから得られる情報を最大化できるツールの開発を行った。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の開発に着手した。これについても継続的に検討する。UniProt との相互リンクが確立したため、新しいユーザーの獲得が期待できる。

4) オントロジーの深化と強化:

プロテオゲノミクス、マルチオミクス(メタボロミクス、リポドミクス)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。Metabobank の開発状況を注視しながら、可能な限り連携を模索している。HUPO Proteomics Standard Initiative meeting に参加し、情報収集・動向調査を継続的に行っている。

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)との連携ツールの開発を行った。PXC の方でメタデータの標準化が始まっており、そちらとも連携しながら、さらに開発を進めていく予定である。

6) COVID-19 関連プロテオームデータ再解析とデータベース化

世界中で活発に行われている COVID-19 関連プロテオーム研究について、前年度に引き続き、ProteomeXchange コンソーシアムのリポジトリに登録された生データを集積し、jPOST チームで開発したデータ標準化手法を用いて再解析を行った。結果の一部はトーゴの日シンポジウムおよび AJACS セミナーにて発表し、公開した。元データよりも多くのペプチド、タンパク質が同定されただけでなく、SARS-COV-2 タンパク質上のリン酸基の位置を一部修正することができた。

§4. 成果発表等

(1) 原著論文発表

① 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	1 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	0 件

② 論文詳細情報

1. 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, Wouter Bittremieux, Tytus D. Mak, Joshua Klein, Yunping Zhu, Henry Lam, Juan Antonio Vizcaíno, Nuno Bandeira, "Universal Spectrum Identifier for mass spectra", Nature Methods, vol. 18, p. 768-770, 2021 (DOI: 10.1038/s41592-021-01184-6).

(2) その他の著作物(総説、書籍など)

なし

(3) 国際学会および国内学会発表

① 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	3 件
	国際	3 件
口頭発表	国内	1 件
	国際	0 件
ポスター発表	国内	2 件
	国際	2 件

② 招待講演

〈国内〉

1. 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
2. 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
3. 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

〈国際〉

1. 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.
2. 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.
3. Yasushi Ishihama, Peak Identification and Quantification by Proteomic Mass Spectrogram Dec

omposition, 10th Asia-Oceania Human Proteome Organization Congress, ハイブリッド(釜山、韓国), 2021/07/01.

③ 口頭講演

〈国内〉

1. 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

〈国際〉

なし

④ ポスター発表

〈国内〉

1. 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 SDRF 化、トーゴの日シンポジウム 2021、オンライン、2021/10/5
2. 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、トーゴの日シンポジウム 2021、オンライン、2021/10/5

〈国際〉

1. 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.
2. 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 Vizcaíno, 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) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開)

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

なし

2) 海外出願

なし

3) その他の知的財産権

なし

(5) 受賞・報道等

① 受賞

なし

② メディア報道

なし

③ その他の成果発表

なし

§5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)

(1) 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
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

(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
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 (JST-NBDC)		◆jPOST を使ってプロテオーム解析をする◆講師: 荒木令江先生(熊大) https://doi.org/10.7875/togotv.2022.022
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! https://www.tuins.ac.jp/2021/07/4747/
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。 https://biosciencedbc.jp/news/20210706-02.html

以上

別紙1 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	正式名称	別称・略称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文
1	Japan Proteome Standard Repository/Database	jPOST	本DBは、国内外に散在している種々のプロテオーム情報を標準化・統合・一元管理し、データベース化したもので、多彩な生物種の翻訳後修飾や絶対発現量等の情報まで網羅したプロテオーム統合データベースです。リボジトリパート、再解析パート、データベースパートからなり、現在はリボジトリパートとデータベースパートを公開しています(2018年3月)。 データベースにはプロジェクトの名称、説明、サンプル情報や、関連タンパク質のパスウェイマップによる絞り込みリストをまとめた「Dataset」と、タンパク質のID、アミノ酸配列、ペプチド情報へのリンクをまとめた「Protein」の一覧があります。生物種、サンプルタイプ、疾患名などによる検索が可能です。	https://jpostdb.org		維持・発展	データベース等	
2	jPOSTrepo	Japan ProteOme STandard Repository	ユーザによる質量分析の生データ、ピークリスト、解析データを登録するためのリボジトリ。ProtomoeXchange (PX) Consortiumに加盟し、登録ユーザが論文投稿する際に必要となるPX IDを発行する。	https://repository.jpostdb.org/	2016/5/2	維持・発展	データベース等	Okuda S, Watanabe Y, Moriya Y, Kawano S, Yamamoto T, Matsumoto M, Takami T, Kobayashi D, Araki N, Yoshizawa AC, Tabata T, Sugiyama N, Goto S, Ishihama Y.: "jPOSTrepo: an international standard data repository for proteomes", Nucleic Acid Research, Database Issue, 45 (D1): D1107-D1111, 2017 (DOI: 10.1093/nar/gkw1080)
3	jPOST repository demonstration		jPOSTリボジトリシステムでデータ公開を気にせず試しに利用してもらうためのデモサイト。	https://rep-demo.jpostdb.org/	2016/5/2	維持・発展	データベース等	
4	PRESTO		登録ファイルを高速にサーバーに転送するために、ファイルをチャンクに分割し、並列転送を実行するツール。	https://github.com/Pres-toTools/	2018/8/19	維持・発展	ツール等	
5	jPOSTdb	Japan ProteOme STandard Database	本DBは、再解析後のデータ(Cubeと呼ぶ)を一元化しデータベース化したもので(Globeと呼ぶ)、様々なフィルターによりプロジェクトを串刺しにして目的データセット(Sliceと呼ぶ)を抽出し、解析するものである。	http://globe.jpostdb.org/	2018/3/26	維持・発展	データベース等	Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watanabe, Y., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Yamanouchi, Y., Araki, N., Yoshizawa, A. C., Tabata, T., Iwasaki, M., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., and Ishihama, Y. The jPOST environment: an integrated proteomics data repository and database. Nucleic Acids Res. 47(D1):D1218-D1224 (2019). doi:
6	iMPAQT	in vitro proteome-assisted MRM for Protein Absolute QuanTification	in vitroにおいて網羅的に合成した組換えタンパク質を用いて、MS/MSスペクトルを取得しデータベースを構築。Description、GeneID、Pathway,GOなどで検索したタンパク質のMRMtransitionファイルをダウンロード可能。	http://impaqt.jpost.org/impaqt/	2016/12/25	維持・発展	データベース等	Matsumoto, M., Matsuzaki, F., Oshikawa, K., Goshima, N., Mori, M., et al. (2016). A large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome. Nature Methods. 14, 251-258.
7	iMPAQTquant	iMPAQT-quant is a tool for analysis of MRM chromatogram.	多重反応モニタリング法による計測に必要な情報を格納したデータベースと定量解析のためのツール	http://impaqt.jpost.org/impaqt/impaqtquant.html	2016/12/25	維持・発展	ツール等	Matsumoto, M., Matsuzaki, F., Oshikawa, K., Goshima, N., Mori, M., et al. (2016). A large-scale targeted proteomics assay resource based on an in vitro human proteome. Nature Methods. 14, 251-258.
8								