

## 2024 年度 研究開発実施報告

### 概要

研究開発課題名	jPOST prime:コミュニティ連携を基盤とするプロテオームデータベース環境の実現
開発対象データベースの名称(URL)	jPOST (Japan Proteome Standard Repository/Database) ( <a href="https://jpostdb.org/">https://jpostdb.org/</a> )
研究代表者氏名	石濱 泰 (30439244)
所属・役職	京都大学大学院 薬学研究科 教授 (2025 年 3 月時点)



©2024 石濱 泰(京都大学) licensed under CC表示4.0国際

## □目次

概要 .....	1
§1. 研究実施体制 .....	4
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等 .....	5
(1) データベース一覧 .....	5
(2) ツール等一覧 .....	5
§3. 実施内容 .....	6
(1) 本年度に計画されていた研究開発項目・タスク .....	6
① リポジトリ部の開発概要: .....	6
② 再解析部の開発概要: .....	6
③ データベース部の開発概要: .....	6
(2) 進捗状況 .....	9
1) リポジトリの開発 .....	9
2) 再解析部の開発 .....	10
3) データベース部の開発 .....	11
§4. 成果発表等 .....	12
(1) 原著論文発表 .....	12
① 論文数概要 .....	12
② 論文詳細情報 .....	12
(2) その他の著作物(総説、書籍など) .....	12
(3) 国際学会および国内学会発表 .....	12
① 概要 .....	12
② 招待講演 .....	13
③ 口頭講演 .....	13
④ ポスター発表 .....	13
(4) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開) .....	14
① 出願件数 .....	14
② 一覧 .....	14
(5) 受賞・報道等 .....	14
① 受賞 .....	14
② メディア報道 .....	14
③ その他の成果発表 .....	14
§5. 主要なデータベースの利活用状況 .....	15
1. アクセス数 .....	15
① 実績 .....	15
② 分析 .....	15
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 .....	15
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) .....	16
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) .....	16
§6. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等) .....	17
(1) 進捗ミーティング .....	17
(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 .....	17

## §1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者・ 研究分担者 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・教授	再解析部の開発
奥田グループ	奥田修二郎	新潟大学・教授	リポジトリ部の開発
河野グループ	河野 信	北里大学・教授	データベース部の開発

## §2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

### (1) データベース一覧

#### 【主なデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	Japan Proteome Standard Repository/ Database	jPOST	<a href="https://jpostdb.org">https://jpostdb.org</a>
	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>

#### 【その他のデータベース】

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

### (2) ツール等一覧

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

### §3. 実施内容

#### (1) 本年度に計画されていた研究開発項目・タスク

本研究で開発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。各部の開発概要は以下のとおりである。

##### ① リポジトリ部の開発概要：

欧米のリポジトリデータベースではデータの登録の際に、FTP を利用することや別途ソフトウェアをインストールすることが要求されるが、jPOST リポジトリでは、ユーザーがデータの登録の際に、すべての操作をブラウザ内で完結出来るように設計されており、登録開始から終了までの一連の操作がスムーズに進行するように構築されている。実際に利用したユーザーからもこの点について非常に使いやすい、という評価を得ている。また、登録データのアップロードを高速化するための独自技術 PRESTO により、FTP を使う場合に比べ数倍以上高速にアップロード出来るため、この点もユーザーの登録作業におけるストレス軽減に役立っている。本システムはすでに糖鎖 DB チームに水平展開され GlycoPOST として運用されているが、これをメタボロームチームの MB-POST に展開する。質量分析データを対象とするこれら 3 つのデータベースに共通するオミクス MS リポジトリ UniPOST コンセプトを3つのデータベース開発プロジェクトで共有化することにより、マルチオミクス研究を行うユーザーの利便性を向上させるだけではなく、開発資金の効率的運用にもつながる。生データストレージ、ピークピッキングモジュールやメタデータ収集システムを共有・共用できる可能性があり、またマルチオミクス研究を行うユーザーにとってもオミクス対象分子群が異なっていても入り口が一つで、試料情報等のメタデータ串刺し検索ができる、というメリットは大きい。

##### ② 再解析部の開発概要：

第 2 期 jPOST では対応しきれなった発展著しいデータ非依存性取得 (DIA) モードや、イオンモビリティ分離による多次元化に対応した再解析法を開発する。特に MSMS スペクトルではなく、プロダクトイオンの溶出プロファイルからペプチドを同定する DIA 解析法に対応した再解析法に UniScore を適用する。また、翻訳後修飾解析について、修飾サイト同定のあいまいさに対応した HUPO-PSI における PTMeXchange プロジェクトに積極的にコミットし、再解析法の確立を目指す。また、データジャーナル Journal of Proteome Data and Methods との連携に加えて、コミュニティー連携によるメタデータ取得システムをさらに大規模展開し、若手研究者育成にも寄与するとともに、半自動化フローの実現に向けて開発を継続する。

##### ③ データベース部の開発概要：

再解析部とも連動させながら、様々なユーザーコミュニティとの連携を強化し、jPOST チームと協働でデータサイエンスを行う連携ユーザーの掘り起こしを積極的に行う。これにより、jPOST チームと連携ユーザーが一体となった双方向利活用環境 ”jPOST prime” を実現させ、プロテオームデータサイエンスリソースとしての有用性を向上させる。データベース部では、すでにオントロジーによって整理されたメタデータに基づいた、生物種や組織、疾患などのカテゴリーによる絞り込み検索を入り口とし、ユーザーによる任意のデータセットの切り出しを可能としている。本データベースでは、ユーザーによりデータが自由に切り出される。このような可変情報を表示するために、新たに開発したプロテイン・ブラウザでは、同定されたペプチドのマッピングデータ・リン酸化等翻訳後修飾データ・修飾の共起データ・UniProt における既知データなどの表示・非表示を選択することで、必要なデータのみを可視化することが可能になっている。また、プロテオフォーム間に於ける複雑な共有ペプチドの関係性を表示するためのビューワーを実装することで、アイソフォームを含めたタンパク質ファミリーにおける各配列の発現の推定に利用することも可能である。さらに、2つの切り出したデータセット間を比較するためのインターフェースを準備したことで、容易にタンパク質の発現変動を調べることができる。これらはいずれも、独自性の極めて高いインターフェースである。これら各データの可視化は、DBCLS で開発された Javascript 版

TogoStanza を用いて開発を進めている。今期も引き続き DBCLS の協力を得ながら、ユーザーの利便性の高いデータベース開発を継続する。

第3期となる本研究では、表1で示すように、開発項目を大項目3、中項目15、小項目20に分け、3グループで分担・協力しながら5年間で目標を達成する。各テーマ、タスクについては、リポジトリ部、再解析部、データベース部に対し、奥田グループ、石濱グループ、河野グループがそれぞれ主担当グループとして対応するが、独立して開発するのではなく、複数のグループ間で情報を共有しながら共同して開発を行う。

表1 プロジェクト全体計画(大中小項目別)

実施する研究開発項目	2023 年度	2024 年度	2025 年度	2026 年度	2027 年度
リポジトリ部の開発（大項目）	●	●	●	●	●
UniPOST 基盤の開発（中項目）	●	●	●	●	●
共通ピークピッキングツールの開発（小項目）			●	●	●
オミクス MS リポジトリへの展開（小項目）					●
DIA データ対応（中項目）				●	●
投稿データの品質保証（中項目）	●	●	●	●	
リポジトリ登録数の確保（中項目）	●	●	●	●	●
サーバー体制の確立（中項目）	●	●	●	●	●
新潟サーバーの設置（小項目）	●	●			
3 拠点体制の確立（小項目）			●	●	●
再解析部の開発（大項目）	●	●	●	●	●
PTMeXchange 対応（中項目）	●	●	●	●	●
Site localization に対する FDR 設定（小項目）	●	●	●	●	●
UniScore による信頼性評価（小項目）					●
Peptide-centric DIA 対応（中項目）	●	●	●	●	
既知法の評価（小項目）	●	●	●	●	●
UniScore の適用（小項目）					●
Isobaric tag 定量対応（中項目）	●	●	●	●	●
バッチ間標準化対応（小項目）	●	●	●		
プロジェクト間対応（小項目）				●	●
検索用リファレンスデータベース（中項目）	●	●	●	●	●
単一生物種対応（小項目）	●	●	●	●	●
メタプロテオーム対応（小項目）					●
コミュニティ連携メタデータ収集（中項目）	●	●	●	●	●
応募システムの確立（小項目）	●	●	●	●	●
年間 100 報の収集（小項目）					●
データベース部（大項目）	●	●	●	●	●
メタプロテオームデータ対応（中項目）	●	●	●	●	●
複数生物種対応（小項目）	●	●	●	●	
可視化ツール開発（小項目）					●
非典型翻訳対応（中項目）	●	●	●	●	
連携プライムユーザー対応（中項目）	●	●	●	●	●
大型国家プロジェクト対応（小項目）	●	●	●	●	
公募型（小項目）					●

2年目に当たる本年度は、以下に示す大項目3、中項目14、小項目10について計画を実施する。

### 1) リポジトリの開発

- UniPOST 基盤の開発:
- リポジトリ登録数の確保:
- サーバー体制の確立—3 拠点体制の確立:
- 再解析フローの半自動化

### 2) 再解析部の開発

- PTMeXchange 対応—Site localization に対する FDR 設定
- Peptide-centric DIA 対応—既知法の評価
- Isobaric tag 定量対応—バッチ間・プロジェクト間標準化対応
- 検索用リファレンスデータベース—单一生物種対応
- コミュニティ連携メタデータ収集—応募システムの確立
- 再解析フローの半自動化

### 3) データベース部の開発

- メタプロテオームデータ対応—複数生物種対応
- 非典型翻訳対応
- 連携 prime ユーザー対応—大型国家プロジェクト対応
- 再解析フローの半自動化

## (2) 進捗状況

### 1) リポジトリの開発

#### • UniPOST 基盤の開発:

2年目となる本年度は、共通メタデータ入力システムの開発を中心に行った。APIの開発を継続中である。

#### • リポジトリ登録数の確保:

前年度に引き続き、国内外の各種学会や研究者コミュニティを通じて jPOST の宣伝活動を継続するとともに高品質な再解析データをタイムリーに公開することにより、データ投稿数をコンスタントに増加させる試みを継続した。結果として、数値目標としていた累計 2,500 projects を大きく上回る 3,252 プロジェクト(3月 17 日時点)を達成した。

#### • サーバー体制の確立—3 拠点体制の確立:

前年度の新潟サーバーの設置をベースに、来年度の遺伝研サーバーのリプレイス後の 3 拠点体制確立を目指し、追加予算も利用したデータバックアップ体制を強化した。

#### • 再解析フローの半自動化

前年度に引き続き、再解析を担当する石濱グループと協力して、再解析に必要なメタデータをオリジナル登録データ、JPDM 登録データおよびコミュニティ連携で取得する論文抽出データの統一フォーマットによる半自動化エクスポートツールを開発するとともに、再解析データをデータベース部に登録するにあたって河野グループと協力して半自動化ツールの開発をおこなった。これらについては来年度も継続して開発を行う。

## 2) 再解析部の開発

### ・PTMeXchange 対応－Site localization に対する FDR 設定

昨年度の HUPO-PSI における動向から、一旦開発を中断した。UniScore による評価法の検討に入った。

### ・Peptide-centric DIA 対応－既知法の評価

前年度に引き続き、DIA-NN 等の既知法の情報収集を継続するとともに、MS 装置の新モデル対応を行いつつ、再解析フローのために、FDR の設定および UniScore のりようについての 検討を開始した。来年度も継続して開発を行う。

### ・Isobaric tag 定量対応－バッチ間・プロジェクト間標準化対応

定量法として今後も汎用的に使われるには、DIA 法および isobaric tag 法であると考えられる。そこで Isobaric tag 定量において、大規模データ、多試料データを取得した際に問題となるバッチ間効果、プロジェクト間効果に対して行う補正法に対する標準化を検討した。国際プロジェクトである ICPC で NCI-7 試料を用いた大規模他施設間データ取得を行っており、HUPO2024 にてワシントン大学のグループが取りまとめを行うことになっていたが、解析が間に合わず、ペンドイングとなった。一方、MaxQuant において、新しいバッチ間補正法が発表された。これを用いた検討を行うとともに、来年度にむけた、施設間補正についての検討も行った。

### ・検索用リファレンスデータベース－单一生物種対応

様々な大規模データが登録されているリポジトリからは、ペプチドの同定・定量のためのデータベース検索で用いることができるリファレンスデータベースを生成することが可能である。さらにこのリファレンスデータは DIA においてもライブラリとして使用が可能である。とくに複数生物種が混在するメタプロテオーム解析ではリファレンスデータライブラリが威力を発揮すると考えられる。本年度は、主たる单一生物種(ヒト、マウスなど)に対応したリファレンスデータベースについて検討した。HUPO-PSI において標準リファレンスライブラリフォーマットが公開されるとともに、ピーカアナリティクスについてもフォーマットが定まった。UniScore の高いスペクトルの USI リスト生成を目指し、検討を開始した。さらに、Microbiome Datahub の森チームと連携し、MAGs をメタプロテオミクス再解析用データベースとして用いるための基盤技術の開発を行った。これは来年度も継続して行う。

### ・コミュニティ連携メタデータ収集－応募システムの確立

JPDM の Data Descriptor 論文へのメタデータ投稿を目指して、熊本大、京都大、新潟大、北里大の学生の協力を得ながら、約 80 報の学術論文からメタデータ抽出を行った。この作業に伴う様々な問題点を抽出し、半自動化で行えるシステムの来年度における完成を目指し、種々の開発を行った。

### ・再解析フローの半自動化

半自動化は、JPDM 形式のメタデータを出発点に、再解析用フォーマットへの変換については開発が終了した。再解析に必要な質量許容値の自動設定法についてもほぼ開発が終わり、データベース検索の実行処理の自動化及び結果ファイルのアップロードについて、来年度に向けて継続的に検討中である。

### 3) データベース部の開発

- ・メタプロテオームデータ対応－複数生物種対応

第2期からの積み残し課題のひとつとして、複数生物種データをどのようにデータベースに中に入れ可視化するか、があり、どのような機能が必要とされるかについて、基本方針を策定した。今の既存のものではなく、新たに別の可視化ツールを作ることと年、来年度以降、具体的な作業を行うこととした。

- ・非典型翻訳対応

非典型翻訳に対応したタンパク質末端に関するデータベースの作成を奥田グループの松本研究室と石濱グループで開始し、Ensemble データベースをベースに、まずは石濱研、松本研のデータを載せて Web サイトを構築することとした。また、河野グループの小寺研究室のネイティブペプチドについても同じコンセプトのデータベース構築を目指して検討を開始した。

- ・連携 prime ユーザー対応－大型国家プロジェクト対応

理研全体のプロテオームデータについて、JPDM メタデータ入りの解析データを Repository へ自動登録するシステムや、再解析して jPOST-DB へそのまま登録するシステムの共同開発を開始した。

- ・再解析フローの半自動化

HUPO-PSI における SDRF プロジェクトと連携して、データのオリジナル投稿者のインセンティブを JPDM 投稿を通じて確保する仕組みの開発を開始した。すでに PXC-PRIDE で集められている SDRF フォーマットのメタデータを JPDM フォーマットに自動変換するツールの開発を始めた。来年度も継続して行う予定である。

## §4. 成果発表等

### (1) 原著論文発表

#### ① 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	2 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. Shujiro Okuda, Akiyasu?C Yoshizawa, Daiki Kobayashi, Yushi Takahashi, Yu Watanabe, Yuki Moriya, Atsushi Hatano, Tomoyo Takami, Masaki Matsumoto, Norie Araki, Tuyoshi Tabata, Mio Iwasaki, Naoyuki Sugiyama, Yoshio Kodera, Satoshi Tanaka, Susumu Goto, Shin Kawano, Yasushi Ishihama. jPOST environment accelerates the reuse and reanalysis of public proteome mass spectrometry data. *Nucleic Acids Research*, Vol. 53 D1, D462-D467, 2024 (DOI: 10.1093/nar/gkae1032)
2. Joshua Klein, Henry Lam, Tytus D. Mak, Wout Bittremieux, Yasset Perez-Riverol, Ralf Gabriels, Jim Shofstahl, Helge Hecht, Pierre-Alain Binz, Shin Kawano, Tim Van Den Bossche, Jeremy Carver, Benjamin A. Neely, Luis Mendoza, Tomi Suomi, Tine Claeys, Thomas Payne, Douwe Schulte, Zhi Sun, Nils Hoffmann, Yunping Zhu, Steffen Neumann, Andrew R. Jones, Nuno Bandeira, Juan Antonio Vizca?no, Eric W. Deutsch. The Proteomics Standards Initiative Standardized Formats for Spectral Libraries and Fragment Ion Peak Annotations: mzSpecLib and mzPAF. *Analytical Chemistry*, Vol. 96, 18491-18501, 2024 (DOI: 10.1021/acs.analchem.4c04091)

#### (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	1 件
	国際	0 件
口頭発表	国内	2 件
	国際	0 件
ポスター発表	国内	7 件
	国際	1 件

## ② 招待講演

〈国内〉

1. 石濱 泰、UniScore - ペプチド同定のための統一的かつ普遍的な指標の開発-、第 22 回 北里疾患プロテオーム研究会、相模原、2025/3/10

〈国際〉

なし。

## ③ 口頭講演

〈国内〉

1. 福本亮太、森宙史、小寺義男、河野信、「Mock community とヒトデータを用いたメタプロテオーム解析」、日本プロテオーム学会 2024 大会、青森、2024 年 6 月 26 日
2. 西崎愛花、河野信 「異なる実験条件で得られたデータの統合ネットワーク解析」、日本プロテオーム学会 2024 大会、青森、2024 年 6 月 26 日

〈国際〉

なし。

## ④ ポスター発表

〈国内〉

1. 高橋悠志、吉沢明康、小林大樹、守屋勇樹、幡野敦、高見知代、松本雅記、荒木令江、田畠剛、岩崎未央、杉山直幸、小寺義男、福島敦史、田中聰、五斗進、河野信、奥田修二郎、石濱泰、「JPDM データ論文のメタデータを用いた jPOST データ再解析の加速」、日本プロテオーム学会 2024 大会、青森、2024 年 6 月 26 日
2. 吉沢明康、高橋悠志、小林大樹、守屋勇樹、幡野敦、高見知代、松本雅記、荒木令江、田畠剛、岩崎未央、杉山直幸、小寺義男、福島敦史、田中聰、五斗進、河野信、奥田修二郎、石濱泰、「From JP DM to jPOST : データ論文を用いたデータ再解析の半自動化」、トーゴーの日シンポジウム、東京、2024 年 10 月 5 日
3. 福本亮太、小寺義男、河野信、「Mock community と日本人腸内細菌叢データを用いたメタプロテオーム解析手法の評価」、トーゴーの日シンポジウム、東京、2024 年 10 月 5 日
4. 高橋悠志、吉沢明康、松田史生、木下聖子、石濱泰、奥田修二郎、「From JPDM to jPOST : データ論文を用いたデータ再解析の半自動化」、トーゴーの日シンポジウム、東京、2024 年 10 月 5 日
5. 吉沢明康、高橋悠志、小林大樹、守屋勇樹、幡野敦、高見知代、松本雅記、荒木令江、田畠剛、岩崎未央、杉山直幸、小寺義男、福島敦史、田中聰、五斗進、河野信、奥田修二郎、石濱泰、「プロテオーム統合データベース jPOST とデータジャーナル JPDM」、第 97 回日本生化学会大会、横浜、2024 年 11 月 6 日
6. 吉沢明康、高橋悠志、小林大樹、守屋勇樹、幡野敦、高見知代、松本雅記、荒木令江、田畠剛、岩崎未央、杉山直幸、小寺義男、福島敦史、田中聰、五斗進、河野信、奥田修二郎、石濱泰、「jPOST の 10 年間: プロテオーム統合データベースの未来に向けて」、第 47 回日本分子生物学会年会、福岡、2024 年 11 月 27 日

7. 福本亮太、小寺義男、河野信、「Mock community を用いたメタプロテオームデータ解析法の検討と日本人腸内細菌叢への応用」、第 47 回日本分子生物学会年会、福岡、2024 年 11 月 27 日

〈国際〉

1. Yushi Takahashi, Akiyasu C. Yoshizawa, Fumio Matsuda, Kiyoko F. Aoki-Kinoshita, Yasushi Ishihama, Shujiro Okuda, "Mass spectrometry data repositories facilitate the multi-omics experimental data accumulation and reanalysis", APBJC2025, 2024/10/22

**(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	0 件

② 一覧

1) 国内出願

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. 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

名称	種別	2024 年度(月間平均値)
jPOSTrepo	訪問者数	2,060
	訪問数	10,353
	ページ数	3,710,626
jPOSTdb	訪問者数	1,204
	訪問数	10,448
	ページ数	25,100
jPOST	訪問者数	3,236
	訪問数	6,558
	ページ数	157,960

#### ② 分析

2023 年度の数字および 2023 年度からの増加率を下記に示す。

DB 名	種別	2023 年度	2024/2023 比
jPOSTrepo	訪問者数	1595	1.29
	訪問数	7543	1.37
	閲覧ページ数	2417238	1.54
jPOSTdb	訪問者数	1106	1.09
	訪問数	7437	1.40
	閲覧ページ数	16828	1.49
jPOST	訪問者数	890	3.64
	訪問数	1097	5.98
	閲覧ページ数	11009	14.35

すべての数字が 2023 年度よりも増加しており、とくに jPOST 全体へのアクセス数が急増している。1 月にデータベース論文を NAR 誌に出したり、昨年度 3 月に HUPO-PSI ワークショップを京都で開催したりしたことで、全体として jPOST の国際的なビジビリティが向上しているのかもしれない。

### 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

2023 年度は 414 プロジェクト(再解析を除く)、2024 年度は 662 プロジェクトが投稿された。jPOSTrepo 論文(Okuda et al. NAR 2017)は現在までに 607 回引用、jPOST env 論文(Moriya et al. NAR 2019)は 113 回引用(Google Scholar 2025.5.29 現在)された。2025.1 に発行された jPOST 再解析論文

(Okuda et al. NAR 2025)もすでに 4 回引用されている。

**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)**

2017 年以降で jPOST を含む ProteomeXchange Consortium に関連する論文数は 3 報で、その引用は 2,160 報となっていますが、具体的な研究成果については把握できていません。

**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)**

把握できていません。

## §6. 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
2024年 4月 16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
2024年 5月 16日	チーム内月例ミーティング (非公開)	オンライン	13人	研究進捗報告のためのミーティング
2024年 6月 20日	チーム内月例ミーティング (非公開)	オンライン	12人	研究進捗報告のためのミーティング
2024年 7月 19日	チーム内月例ミーティング (非公開)	オンライン	16人	研究進捗報告のためのミーティング
2024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
2024年 10月 4日	チーム内月例ミーティング (非公開)	対面	11人	研究進捗報告のためのミーティング
2024年 11月 5日	チーム内月例ミーティング (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
2024年 12月 5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
2025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
2025年 2月 10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
2025年 3月 17日	チーム内月例ミーティング (非公開)	オンライン	13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
2024年 6月 26-28日	JPrOS2024 & JSCP20th (22nd JHupo & 20th JSCP)	リンクスティーション青森	300	jPOST-JPDM の宣伝
2024年 7月 13-15日	JPDM セミナー	北里大学相模原キャンパス	15	jPOST-JPDM の宣伝
2024年 11月 5日	jPOST/JPDM seminar	京大薬	40	HUPO-HPP Chair の Charles Pineau の講演および jPSOT-JPDM についての議論

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を網羅したプロテオーム統合データベースです。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、現在はリポ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。	<a href="https://jpostdb.org">https://jpostdb.org</a>		維持・発展	データベース等	
2	jPOSTrepo	Japan Proteome Standard Repository	ユーザによる質量分析の生データ、ピークリスト、解析データを登録するためのリポジトリ。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。	<a href="https://repository.jpostdb.org/">https://repository.jpostdb.org/</a>	2016/5/2	維持・発展	データベース等	Okuda S, Watanabe Y, Moriya Y, Kawano S, Yamamoto T, Matsumoto M, Takami T, Kobayashi D, Araki N, Yoshizawa AC, Tabata T, Sugiyama N, Goto S, Ishihama Y.: "jPOSTrepo: an international standard data repository for proteomes", Nucleic Acid Research, Database Issue, 45 (D1): D1107-D1111, 2017 (DOI: 10.1093/nar/gkw1080)
3	jPOST repository demonstration		jPOSTリポ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。	<a href="https://rep-demo.jpostdb.org/">https://rep-demo.jpostdb.org/</a>	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。	<a href="https://github.com/PrestoTools/">https://github.com/PrestoTools/</a>	2018/8/19	維持・発展	データベース等	
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）、様々なファイル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>	2018/3/26	維持・発展	データベース等	Moriya, Y., Kawano, S., Okuda, S., Watanabe, Y., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Yamanouchi, Y., Araki, N., Yoshizawa, A. C., Tabata, T., Iwasaki, M., Sugiyama, N., Tanaka, S., Goto, S., and Ishihama, Y. The jPOST environment: an integrated proteomics data repository and database. Nucleic Acids Res. 47(D1):D1218-D1224 (2019). doi: 10.1093/nar/gky899.
6	iMPAQQT	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/iMPAQQT/">http://impaqt.jpost.org/iMPAQQT/</a>	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	<a href="http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html">http://impaqt.jpost.org/iMPAQT/impaqtquant.html</a>	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 <i>in vitro</i> human proteome. <i>Nature Methods</i> . 14, 251-258.
---	-------------	--	---	---	------------	-------	---------	---