

研究開発課題 中間評価結果

➤ 課題情報

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」

研究代表名 石濱 泰（京都大学 大学院薬学研究科 教授）

➤ 中間評価結果：

本研究開発課題は、多種多様な生物種、翻訳後修飾なども含むプロテオームの生データリポジトリと発現解析が可能な再解析データのデータベースからなる統合プロテオームデータベース jPOST のデータ拡充と機能の強化を行うとともに、データベース開発チームとユーザーが一体となってデータサイエンスに取り組む jPOST prime を立ち上げ、生命科学、情報科学、臨床、工学、食品分野などに貢献するものである。

リポジトリ部の開発においては、プロテオミクス以外のオミクス質量分析データリポジトリとの連携を視野にいれた UniPOST 基盤として、共通メタデータ入力システムを開発中であり、2025 年度末までにプロトタイプを完成させる計画となっている。DIA データへの対応では、質量分析計メーカー各社の DIA データに対応した再解析フローの開発を開始しており、イオンモビリティ等の次世代機器への対応を含め、メタデータ取得システムの開発を進めた。リポジトリに登録するデータの品質保証に関しては、データジャーナル Journal of Proteome Data and Methods (JPDM) との連携で jeSDRF フォーマットでのメタデータ収集を開始し、生データ/メタデータ閾値設定による再解析クライテリアの確立を目指し進めた。リポジトリへの登録件数は、当初計画で目標としていた 3,000 件を上回る 3,654 プロジェクトのデータを登録した（うち 2,734 プロジェクトのデータが公開済）。3 拠点サーバ体制構築では、新潟大サーバの設置が完了し、遺伝研に設置された旧サーバから新潟大の新サーバへの移植作業が順調に進められた。

再解析部の開発については、翻訳後修飾に関する国際プロジェクト PTMeXchange が一時中断後再始動したことから、Site localization に対する FDR 設定を進めた。Peptide-centric DIA (DIA-NN 等評価) については、既知法の評価を継続し、一部は完了した。Isobaric tag 定量については、バッチ間での標準化対応を完了し、現在、プロジェクト間での標準化対応を進めた。単一生物種の検索用リファレンス DB の構築では、ヒトとマウスのリファレンス DB の構築を進めた。Microbiome との連携については、森チームと連携しながら、MAG を利用した基盤技術の開発を進めた。コミュニティ連携によるメタデータ収集については、jeSDRF フォーマットを中核に応募システムを確立し、5 年目までの年 100 報からのメタデータ抽出体制の構築を目指している。

データベース部の開発については、複数生物種に対応したメタプロテオームについて、要件収集および DBCLS と協力して技術基盤の整備を進めた。非典型翻訳プロテオームへの対応については、非典型翻訳対応を含むタンパク質末端データベースである EdgeProt 等の開発を進め、再解析と連動してデータ蓄積システムを確立した。2025 年度中にプロトタイプの可視化ツールを公開する予定である。大型国プロとの連携による prime ユーザー対応では、大型国プロおよび Human Proteome Project (HUPO) の協力の下で、データ蓄積と連携を開始した。

上述の通り、進捗状況と今後の成果見込みは非常に優れている。jPOST の認知度と注目度が増大し、国際標準化や再解析データの整備も進んで、海外からの登録も含め、登録プロジェクト数が目標を大きく上回ったほか、ウェブアクセス数が、リポジトリ・データベースとも増加してきている点を高く評価する。再解析評価指標 UniScore に関する論文 (Mol Cell Proteomics 2025) や jPOST のアップデートに関する論文 (Nucleic Acids Res. 2025) が公表された点も高く評価する。

以上