

研究会・地域部会の報告書

提出者：山本 博之 / 提出日：2025.8.22

研究会・地域部会名	質量分析インフォマティクス研究会
代表者(所属機関名)	山本博之(ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ)
タイトル(イベント名)	第10回公開ワークショップ
日時	2025年8月1日
場所	東京農工大学・小金井キャンパス・工学部講義棟 L0026 教室
共催団体	日本質量分析学会スペクトルデータ部会
後援団体	
参加人数	46名
<p>目的：質量分析を用いたオミックス研究は、分析化学・生物学・情報科学の境界領域に位置し、特に質量分析におけるバイオインフォマティクスである「質量分析インフォマティクス」への期待が高まっている。本ワークショップでは、これらの分野に携わる研究者が相互に交流し、現状の課題とその解決に向けたアプローチについて議論することを目的として、第10回公開ワークショップ「生物の複雑さに挑む質量分析インフォマティクス」を開催した。</p>	
<p>概要：招待講演2件に加え、一般公募のポスターセッションには20件の応募があった。また、ポスター賞応募の中からベストプレゼンテーション賞を3件選定した。</p> <p>(以下、敬称略)</p> <p><u>シン・MassBank データリポジトリ利用講習会</u> 高橋 悠志 (新潟大学)、奥田 修二郎 (新潟大学)</p> <p><u>招待講演</u> 山本 博之 (ヒューマン・メタボローム・テクノロジーズ株式会社) 「質量分析インフォマティクスの視点からエンリッチメント解析を考える」 荒木 令江 (熊本大学) 「融合プロテオミクスによるがん幹細胞の分化ダイナミクスと治療標的の解析」</p> <p><u>ポスター発表(一般公募) 20件</u> ベストプレゼンテーション賞 松田 哲平 (愛媛大学)</p>	

「RNA 質量分析のための解析支援ツールの開発」

Bingyuan Zhang (名古屋大学)

「ML-guided mass defect-based glycopeptide classifier for next-gen glycoproteomics」

澤井 敬太 (東京農工大学)

「同位体標識と MS/MS ネットワークによる甘草代謝物の構造解析」

成果および感想：当日は 46 名の方にご参加いただきました。「シン・MassBank データリポジトリ利用講習会」では、新潟大学の奥田修二郎先生、高橋悠志先生より、メタボロミクスのリポジトリである MB-POST の利用講習会を、ハンズオンセミナー形式で行っていただきました。

招待講演では、熊本大学の荒木令江先生に「融合プロテオミクスによるがん幹細胞の分化ダイナミクスと治療標的の解析」と題してご講演いただきました。荒木先生らは、悪性グリオーマを中心にがん幹細胞 (CSC) から分化誘導細胞、成熟がん細胞へ至る三相モデルを構築し、トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームを統合した大規模解析を実施されました。その結果、脂肪・糖代謝に関連する転写因子ネットワークが CSC の分化過程で顕著に変動することを明らかにされ、治療標的候補分子の探索に向けた新たな知見をご提示いただきました。もう 1 件の招待講演は、研究会世話人の山本が「質量分析インフォマティクスの視点からエンリッチメント解析を考える」と題して、質量分析を用いたオミックス研究に特有の課題である「検出されない物質」の存在を踏まえたエンリッチメント解析について講演を行いました。

また、今回も前回に引き続き、ポスターセッション兼ミキサーを開催いたしました。ミキサーはポスターセッションのコアタイム 90 分を含めた 150 分と長時間の設定でしたが、最後まで非常に活発な議論が交わされました。ベストプレゼンテーション賞として 3 件の発表を選出いただきましたが、いずれも受賞にふさわしい内容であり、満場一致で決定されました。