

研究会・地域部会の報告書

提出者：山本 博之 / 提出日：2022.5.24

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7回公開ワークショップ
日時	2022年4月22日
場所	オンライン開催(zoom webinar)
共催団体	理化学研究所 環境資源科学研究センター (協賛)
後援団体	
参加人数	221名(うちJSBi会員：28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であり、特に分析化学や生物系の実験研究者から、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」へ大きな期待が寄せられている。これらの研究者が相互に交流し、現状の問題点とその解決方法について議論がなされることを期待し、公開ワークショップを開催した。</p> <p>概要：招待講演を4件、一般講演1件に加え、データ解析セッション「プロテオミクスデータ解析」を開催した。また、招待講演者と参加者の交流のためのパネルディスカッションと意見交換会を実施した。</p> <p><u>招待講演 (敬称略)</u> 岩崎 未央 (京都大) 『多能性維持に必要な転写後制御を受けた遺伝子群の同定』 金澤 慎司 (島津製作所/大阪大) 『熟練作業者に匹敵する自動ピークピッキング法の開発』 草野 博彰 (京都大) 『生データの目視でメタボロミクスをするためのツール GrassHopper のご紹介』 金谷 重彦(奈良先端大) 『KNApSAcK Family DB：閉鎖まであと6年、それでも頑張るDB構築!』</p> <p><u>データ解析セッション「プロテオミクスデータ解析」</u> 早川 英介 (沖縄科技大) 『プロテオミクスデータの素性と扱い方 -RAW から始まるデータ解析-』 吉沢 明康 (富山国際大/京都大) 『質量情報から配列情報へ — どこまで信頼できるのか』</p>	

三浦 信明 (新潟大)

『大規模データベースサーチの憂鬱 –メタプロテオミクス–』

岩崎 未央 (京都大)

『2022年現状のプロテオーム定量解析手法 -single cell 解析から bulk 解析まで-』

奥田 修二郎 (新潟大)

『プロテオームデータの登録・公開』

成果および感想：当日は 158 名(参加登録 221 名)の方にご参加頂いた。招待講演は、質量分析を用いたプロテオミクスでの細胞分画法などの分析化学、自動的に質量分析データを処理するための AI、質量分析データを可視化するためのソフトウェア開発、二次代謝物データベースの開発と、それぞれが最先端のご講演であり、質疑応答に関してもそれぞれ専門性の高い内容であったことが印象的であった。データ解析セッション「プロテオミクスデータ解析」では、質量分析の生データの取り扱い方から、データベース検索を用いたタンパク質の同定、メタプロテオミクスにおけるデータベース検索や、解析ソフトウェアの紹介、データのリポジトリへの登録と公開の注意点など、プロテオミクスにおける質量分析インフォマティクスに関する非常に幅広い内容であった。パネルディスカッションでは、招待講演者の金谷先生より、データベース研究はデータの収集が大変である一方で、収集されたデータベースから見えてくる全体的な体系図とその理解が、データベース研究の醍醐味であることが語られた。その他にも、プロテオミクス・メタボロミクス研究におけるデータ解析の難しさなど、様々な話題について活発に議論された。最後に、本ワークショップの内容は DBCLS の小野浩雅氏の協力により TogoTV で公開予定である。