



**中国科学院大学**  
University of Chinese Academy of Sciences

## 博士学位论文评阅书

论文题目 提高蛋白质翻译后修饰鉴定灵敏度和可信度的蛋  
白质组数据处理方法研究

作者姓名 毛家维

学位类别 理学博士

学科（专业） 分析化学

研究所（院系） 大连化学物理研究所

中国科学院大学制

## 学术道德评价

(一票否决)

评价要素	评价意见 (请在相应栏内划“√”)
是否存在剽窃他人成果、伪造数据、由他人代写等严重作假行为	<input type="checkbox"/> 是 (具体说明存在的问题)
	<input checked="" type="checkbox"/> 否

## 评阅意见

评 价 要 素			权重	具体得分 (百分制)
1	论文选题	选题的理论意义、实用价值	10%	90
2	文献综述	反映该学科及相关领域的前人成果和前沿动态	15%	90
3	创新成果	论文成果创新性, 对学科发展、技术进步、经济建设、国家安全等方面产生的影响和贡献	40%	90
4	基础理论和专门知识	基础理论的宽厚度、坚实度, 专门知识的系统性、深入性	10%	90
5	科研能力	论文体现科研潜质与独立科研能力	15%	90
6	论文写作	论文结构、撰写规范性; 文字表达准确、清晰和流畅性; 引文严谨、规范性	10%	90
总体评价			总分	90

注: “分数”栏每项均按百分制整数评分, 各项满分均为 100 分。评分分为四档: 大于等于 90 分为优秀; 大于等于 75 分小于 89 分为良好; 大于等于 60 分小于 74 分为一般; 小于 60 分为差。

对学位论文的学术评语：（请对论文的学术水平、创新性做出简要评述，包括选题意义，文献资料的掌握，论文创新之处，写作规范和逻辑性等。还须明确指出论文中存在的问题和不足之处。可另附页）

论文题目：提高蛋白质翻译后修饰鉴定灵敏度和可信度的蛋白质组数据处理方法研究

作者姓名：毛家维

发展蛋白质组数据处理方法对于提高蛋白质翻译后修饰鉴定的灵敏度和可信度具有重要意义。

本论文发展了互补离子谱图策略，利用原谱图谱峰的互补离子构建新的谱图，并以原谱图和互补离子谱图匹配到相同肽段为序列作为过滤条件，提高了开放性检索的肽段鉴定灵敏度。针对蛋白质甲基化可修饰的氨基酸残基多样性和鉴定结果的假阳性，多技术结合位点定位算法的甲基化蛋白质组分析方法，实现了甲基化蛋白质组的深度覆盖分析。发展了 O-search 检索策略，提高了对 O-糖肽的鉴定能力。

论文综述系统全面，观点明确。实验设计合理，方技术路线可行，结果可信。取得了创新性成果。论文条理清楚、数据可靠、撰写规范。反映出作者具有独立从事科研的能力。

已达到博士论文要求，同意答辩，并建议授予博士学位。

是否同意组织学位论文答辩

（请在相应栏内划“√”）

☒ 同意答辩

☐ 修改后答辩

☐ 不同意答辩

## 学术道德评价

（一票否决）

评价要素	评价意见（请在相应栏内划“√”）
是否存在剽窃他人成果、伪造数据、由他人代写等严重作假行为	<input type="checkbox"/> 是（具体说明存在的问题）
	<input checked="" type="checkbox"/> 否

## 评阅意见

评 价 要 素			权重	具体得分 (百分制)
1	论文选题	选题的理论意义、实用价值	10%	90
2	文献综述	反映该学科及相关领域的前人成果和前沿动态	15%	92
3	创新成果	论文成果创新性，对学科发展、技术进步、经济建设、国家安全等方面产生的影响和贡献	40%	92
4	基础理论和专门知识	基础理论的宽厚度、坚实度，专门知识的系统性、深入性	10%	95
5	科研能力	论文体现科研潜质与独立科研能力	15%	90
6	论文写作	论文结构、撰写规范性；文字表达准确、清晰和流畅性；引文严谨、规范性	10%	90
总体评价			总分	91.6

注：“分数”栏每项均按百分制整数评分，各项满分均为 100 分。评分分为四档：大于等于 90 分为优秀；大于等于 75 分小于 89 分为良好；大于等于 60 分小于 74 分为一般；小于 60 分为差。

对学位论文的学术评语：（请对论文的学术水平、创新性做出简要评述，包括选题意义，文献资料的掌握，论文创新之处，写作规范和逻辑性等。还须明确指出论文中存在的问题和不足之处。可另附页）

论文题目：提高蛋白质翻译后修饰鉴定灵敏度和可信度的蛋白质组数据处理方法研究

作者姓名：毛家维

质谱数据处理对于蛋白质组学，尤其是翻译后修饰蛋白质组学研究具有重要意义，也是目前蛋白质组学研究中的热点和难点之一。本论文针对当前蛋白质组学数据处理过程中存在的若干问题，包括修饰肽段的匹配、甲基化修饰鉴定的假阳性、以及 O-连接糖肽的鉴定，在结合原有分析技术的基础上进行了进一步的发展和优化，取得了较好的结果。具体来说，在修饰肽段的匹配方面，发展了互补离子谱图策略，通过互补离子构建新的谱图，并结合原有谱图对肽段序列进行匹配，显著提高了肽段鉴定的灵敏度。在甲基化修饰研究中，通过综合使用一系列标记、分析和数据处理方法，发展了适合规模化甲基化蛋白质组学分析的新技术。在 O-糖基化分析中，发展 O-Search 技术，有效提高了 O-糖肽谱图的鉴定灵敏度和效率。

作者完整、系统地总结了相关领域的前人成果和前沿动态，归纳总结正确，反映了作者扎实的专业基础知识。论文实验设计合理，数据详实，达到博士论文的要求，同意进行答辩。

是否同意组织学位论文答辩

（请在相应栏内划“√”）

☒ 同意答辩

☐ 修改后答辩

☐ 不同意答辩

## 学术道德评价

(一票否决)

评价要素	评价意见 (请在相应栏内划“√”)
是否存在剽窃他人成果、伪造数据、由他人代写等严重作假行为	<input type="checkbox"/> 是 (具体说明存在的问题)
	<input checked="" type="checkbox"/> 否

## 评阅意见

评 价 要 素			权重	具体得分 (百分制)
1	论文选题	选题的理论意义、实用价值	10%	90
2	文献综述	反映该学科及相关领域的前人成果和前沿动态	15%	95
3	创新成果	论文成果创新性, 对学科发展、技术进步、经济建设、国家安全等方面产生的影响和贡献	40%	90
4	基础理论和专门知识	基础理论的宽厚度、坚实度, 专门知识的系统性、深入性	10%	95
5	科研能力	论文体现科研潜质与独立科研能力	15%	90
6	论文写作	论文结构、撰写规范性; 文字表达准确、清晰和流畅性; 引文严谨、规范性	10%	90
总体评价			总分	91.25

注: “分数”栏每项均按百分制整数评分, 各项满分均为 100 分。评分分为四档: 大于等于 90 分为优秀; 大于等于 75 分小于 89 分为良好; 大于等于 60 分小于 74 分为一般; 小于 60 分为差。

对学位论文的学术评语：(请对论文的学术水平、创新性做出简要评述，包括选题意义，

大规模、高灵敏和高准确地鉴定蛋白质翻译后修饰形式是蛋白质组学研究的热点。毛家维的博士学位论文研究了提高蛋白质翻译后修饰鉴定灵敏度和可信度的蛋白质组数据处理新方法，取得如下主要结果：

(1) 开发了开放性检索鉴定灵敏度的互补离子谱图策略，实现在 0.5Da 子离子精度下，图谱鉴定量和肽段序列鉴定量分别提高了 116%和 97%；

(2) 开发了结合甲硫氨酸稳定同位素代谢标记技术等技术的甲基化蛋白质组的综合分析方法，实现了甲基化蛋白质组的全面大规模分析；

(3) 针对 O-糖肽的 HCD 谱图发展了 O-Search 检索策略，应用于人血清样品的 O-糖基化分析，糖肽谱图、糖肽和肽段序列分析灵敏度分别提高了 96%、86%和 79%。

上述结果，实现了翻译后甲基化修饰和 O-糖基化修饰蛋白的高灵敏度和较大规模的鉴定分析，具有创新性；在蛋白质组学分析领域，具有应用前景。

该论文实验设计合理严谨，逻辑性强，方法先进，结果翔实可信；写作层次分明，反映出作者具有扎实的理论基础、丰富的实验经验和独立开展科研工作的能力。

论文达到了博士学位论文的水平，建议安排答辩。

是否同意组织学位论文答辩

(请在相应栏内划“√”)

☒ 同意答辩

☐ 修改后答辩

☐ 不同意答辩

## 学术道德评价

（一票否决）

评价要素	评价意见（请在相应栏内划“√”）
是否存在剽窃他人成果、伪造数据、由他人代写等严重作假行为	<input type="checkbox"/> 是（具体说明存在的问题）
	<input checked="" type="checkbox"/> 否

## 评阅意见

评 价 要 素			权重	具体得分 (百分制)
1	论文选题	选题的理论意义、实用价值	10%	10
2	文献综述	反映该学科及相关领域的前人成果和前沿动态	15%	15
3	创新成果	论文成果创新性，对学科发展、技术进步、经济建设、国家安全等方面产生的影响和贡献	40%	35
4	基础理论和专门知识	基础理论的宽厚度、坚实度，专门知识的系统性、深入性	10%	10
5	科研能力	论文体现科研潜质与独立科研能力	15%	15
6	论文写作	论文结构、撰写规范性；文字表达准确、清晰和流畅性；引文严谨、规范性	10%	10
总体评价			总分	95

注：“分数”栏每项均按百分制整数评分，各项满分均为 100 分。评分分为四档：大于等于 90 分为优秀；大于等于 75 分小于 89 分为良好；大于等于 60 分小于 74 分为一般；小于 60 分为差。



对学位论文的学术评语：（请对论文的学术水平、创新性做出简要评述，包括选题意义，文献资料的掌握，论文创新之处，写作规范和逻辑性等。还须明确指出论文中存在的问题和不足之处。可另附页）

论文题目：提高蛋白质翻译后修饰鉴定灵敏度和可信度的蛋白质组数据处理方法研究

作者姓名：毛家维

毛家维的博士论文致力蛋白质组中蛋白质的翻译后修饰鉴定，O-糖基化分析与鉴定研究，选题具有重要的理论意义与应用价值。

论文发展了蛋白质组学策略，在0.5 Da 离子精度下搜索的蛋白质鉴定和肽段序列鉴定大幅度提高；开发的甲硫氨酸稳定同位素标记技术与其技术相结合的综合分析方法，从细胞样品中鉴定甲硫氨酸位点，实现了规模化分析；发展的D-search搜索策略用于人血清样品的O-糖基化分析中，相比传统方法鉴定提高达80%以上。研究结果具有创新性。

论文结构层次清晰，数据充实，撰写规范、逻辑性强，表明作者具有扎实的理论知识基础和独立从事科学研究能力，达到博士学位论文要求。

论文中可以加强深度分析，如：发展的D-search搜索策略待鉴定O-糖基化肽段识别O-糖基肽段同位素标记糖基化处理的充分程度与随机匹配度降低其灵敏度。

是否同意组织学位论文答辩

（请在相应栏内划“√”）

☒ 同意答辩

☐ 修改后答辩

☐ 不同意答辩

## 学术道德评价

(一票否决)

评价要素	评价意见 (请在相应栏内划“√”)
是否存在剽窃他人成果、伪造数据、由他人代写等严重作假行为	<input type="checkbox"/> 是 (具体说明存在的问题)
	<input checked="" type="checkbox"/> 否

## 评阅意见

评 价 要 素			权重	具体得分 (百分制)
1	论文选题	选题的理论意义、实用价值	10%	9
2	文献综述	反映该学科及相关领域的前人成果和前沿动态	15%	13
3	创新成果	论文成果创新性, 对学科发展、技术进步、经济建设、国家安全等方面产生的影响和贡献	40%	37
4	基础理论和专门知识	基础理论的宽厚度、坚实度, 专门知识的系统性、深入性	10%	9
5	科研能力	论文体现科研潜质与独立科研能力	15%	13
6	论文写作	论文结构、撰写规范性; 文字表达准确、清晰和流畅性; 引文严谨、规范性	10%	9
总体评价			总分	90

注: “分数”栏每项均按百分制整数评分, 各项满分均为 100 分。评分分为四档: 大于等于 90 分为优秀; 大于等于 75 分小于 89 分为良好; 大于等于 60 分小于 74 分为一般; 小于 60 分为差。

对学位论文的学术评语：（请对论文的学术水平、创新性做出简要评述，包括选题意义，文献资料的掌握，论文创新之处，写作规范和逻辑性等。还须明确指出论文中存在的问题和不足之处。可另附页）

论文题目：提高蛋白质翻译后修饰鉴定灵敏度和可信度的蛋白质组数据处理方法研究

作者姓名：毛家维

蛋白质翻译后修饰的鉴定，高性能的数据分析方法至关重要。本论文致力于发展蛋白质组数据处理平台；选题具有较好的学术意义。主要结果如下：

1. 发展了互补离子谱图策略，利用原谱图谱峰的互补离子构造新的谱图，以原谱图和互补离子谱图匹配到相同肽段序列作为过滤条件，显著地提高开放性检索的肽段鉴定灵敏度，在 0.5 Da 子离子精度下开放性检索的谱图鉴定量和肽段序列鉴定量分别提高 116%和 97%。

2. 开发了结合甲硫氨酸稳定同位素代谢标记技术、蛋白质组的质谱分析、甲基化肽段谱图识别、谱图去甲基化以及位点定位算法的甲基化蛋白质组的综合分析方法，适合于甲基化蛋白质组的全面大规模分析。

3. 针对 O-糖肽的 HCD 谱图发展了 O-Search 检索策略。对人血清样品的 O-糖基化进行分析，相比传统的数据库检索方法鉴定的糖肽谱图、糖肽和肽段序列分别提高了 96%、86%、79%。

论文文献综述观点明确，数据可信。研究结果有创新，表明作者有较好的独立从事科研的能力，达到博士学位论文的要求，同意组织答辩。

是否同意组织学位论文答辩 (请在相应栏内划“√”)	<input checked="" type="checkbox"/> 同意答辩	<input type="checkbox"/> 修改后答辩	<input type="checkbox"/> 不同意答辩

## 学术道德评价

(一票否决)

评价要素	评价意见 (请在相应栏内划“√”)
是否存在剽窃他人成果、伪造数据、由他人代写等严重作假行为	<input type="checkbox"/> 是 (具体说明存在的问题)
	<input checked="" type="checkbox"/> 否

## 评阅意见

评 价 要 素			权重	具体得分 (百分制)
1	论文选题	选题的理论意义、实用价值	10%	95
2	文献综述	反映该学科及相关领域的前人成果和前沿动态	15%	92
3	创新成果	论文成果创新性, 对学科发展、技术进步、经济建设、国家安全等方面产生的影响和贡献	40%	93
4	基础理论和专门知识	基础理论的宽厚度、坚实度, 专门知识的系统性、深入性	10%	95
5	科研能力	论文体现科研潜质与独立科研能力	15%	92
6	论文写作	论文结构、撰写规范性; 文字表达准确、清晰和流畅性; 引文严谨、规范性	10%	90
总体评价			总分	92.8

注: “分数”栏每项均按百分制整数评分, 各项满分均为 100 分。评分分为四档: 大于等于 90 分为优秀; 大于等于 75 分小于 89 分为良好; 大于等于 60 分小于 74 分为一般; 小于 60 分为差。

对学位论文的学术评语：（请对论文的学术水平、创新性做出简要评述，包括选题意义，文献资料的掌握，论文创新之处，写作规范和逻辑性等。还须明确指出论文中存在的问题和不足之处。可另附页）

论文题目：提高蛋白质翻译后修饰鉴定灵敏度和可信度的蛋白质组数据处理方法研究

作者姓名：毛家维

论文致力于发展蛋白质组数据处理方法和分析平台。开发了提高开放性检索鉴定灵敏度的互补离子谱图策略；发展了一种提高甲基化位点鉴定可信度和灵敏度的甲基化全面分析方法；发展了针对 O-糖基化 HCD 谱图的 O-Search 检索方法，实现了 O-糖基化的高灵敏度分析。

蛋白质组学的高灵敏、高准确鉴定，除了开发新的样品前处理技术和质谱技术，发展高性能的数据分析方法至关重要。该论文具有很好的创新性，综述观点明确；实验设计合理，数据翔实充分；论文写作层次清楚，体现出了较高的学术水平，达到了博士论文的要求，同意提交答辩。

是否同意组织学位论文答辩

（请在相应栏内划“√”）

☒ 同意答辩

☐ 修改后答辩

☐ 不同意答辩

## 学术道德评价

(一票否决)

评价要素	评价意见 (请在相应栏内划“√”)
是否存在剽窃他人成果、伪造数据、由他人代写等严重作假行为	<input type="checkbox"/> 是 (具体说明存在的问题)
	<input checked="" type="checkbox"/> 否

## 评阅意见

评 价 要 素			权重	具体得分 (百分制)
1	论文选题	选题的理论意义、实用价值	10%	90
2	文献综述	反映该学科及相关领域的前人成果和前沿动态	15%	80
3	创新成果	论文成果创新性, 对学科发展、技术进步、经济建设、国家安全等方面产生的影响和贡献	40%	75
4	基础理论和专门知识	基础理论的宽厚度、坚实度, 专门知识的系统性、深入性	10%	75
5	科研能力	论文体现科研潜质与独立科研能力	15%	75
6	论文写作	论文结构、撰写规范性; 文字表达准确、清晰和流畅性; 引文严谨、规范性	10%	75
总体评价			总分	77

注: “分数”栏每项均按百分制整数评分, 各项满分均为 100 分。评分分为四档: 大于等于 90 分为优秀; 大于等于 75 分小于 89 分为良好; 大于等于 60 分小于 74 分为一般; 小于 60 分为差。

对学位论文的学术评语：（请对论文的学术水平、创新性做出简要评述；包括选题意义，文献资料的掌握，论文创新之处，写作规范和逻辑性等。还须明确指出论文中存在的问题和不足之处。可另附页）

论文题目：提高蛋白质翻译后修饰鉴定灵敏度和可信度的蛋白质组数据处理方法研究

作者姓名：毛家维

蛋白质翻译后修饰鉴定中的质谱数据处理方法对于从实验结果中得出准确有用的信息起着关键的作用。该博士学位论文从蛋白质组测定中的质谱数据鉴定方法入手，发展了几种可提高鉴定灵敏度的检索新方法。论文选题对于发展蛋白质组质谱测定结果的鉴定方法具有一定的理论与实际意义。

该学位论文在以下几方面做出了具有创新性的研究工作：

（1）通过利用原谱图谱峰的互补离子构造新的谱图，发展了一种互补离子谱图策略用于提高开放性检索的肽段鉴定灵敏度。

（2）针对蛋白质甲基化修饰质谱测定中的问题，发展了一种甲基化蛋白质组的综合分析新方法，适用于甲基化蛋白质组的全面大规模分析。

（3）针对 O-糖肽的 HCD 谱图发展了一种 O-Search 检索策略，可以用于多种类型 O-糖基化肽段的同时鉴定。

论文文献综述观点明确，写作规范，逻辑性强，达到了博士论文的要求，同意组织学位论文答辩。

是否同意组织学位论文答辩

（请在相应栏内划“√”）

☒ 同意答辩

☐ 修改后答辩

☐ 不同意答辩