

中国科学院大连化学物理研究所应聘人员登记表

申报岗位		1809 组组长		岗位类别	管理()	科研(☒)
姓 名	叶明亮	出生日期	1973. 2. 28	民 族	汉	
性 别	男	政治面貌	群众	户口所在地	大连	
毕业学校及专业		中科院大连化学物理研究所		学历/学位	研究生/博士	
工作单位及职务		中科院大连化学物理研究所，副组长				
是否有亲属在所内工作或学习，如有请说明		有，妻子董铭铭在 1809 组工作，争取半年内另外找工作				
联 系 方 式		电 话：9620 传 真：9620 电子邮箱：mingliang@dicp.ac.cn				
学习及工作经历 （从高中填起，内容包括时间、单位、学位、所学专业，担任行政职务、专业技术职务情况，时间段要连续，准确到月份，在职学习请注明）						
1989 年 9 月-1992 年 7 月 浙江省淳安县淳安中学（高中） 1992 年 9 月-1996 年 7 月 安徽师范大学， 化学系，理学学士，化学教育 1996 年 9 月-2001 年 8 月 中科院大连化学物理研究所，理学博士，分析化学 2001 年 11 月- 2003 年 3 月 美国华盛顿大学 化学系，博士后，生物分析化学 2003 年 3 月- 2004 年 10 月 美国系统生物研究所 蛋白质组中心，博士后，生物技术 2004 年 11 月- 2006 年 9 月 中国科学院大连化学物理研究所 生物技术研究部，副研究员，生物分析化学，入选百人计划 2006 年 10 月- 2012 年 11 月 中国科学院大连化学物理研究所 生物技术研究部，研究员（四级），生物分析化学，获“百人计划”择优支持。 2008 年 7 月-至今中科院大连化学物理研究所生物技术部 博士生导师 2012 年 12 月-至今 中科院大连化学物理研究所生物技术部 研究员 （三级） 2015 年 获“国家杰出青年科学基金” 2016 年 入选科技部“中青年科技创新领军人才”						

主要经验及业绩

(可根据个人情况分项填写)

长期在第一线从事蛋白质组分析新方法新技术的研究, 在 *Nat. Methods*, *Nat. Chem. Biol.*, *Nat. Protoc.*, *Angew. Chem. Int. Ed* 等 SCI 期刊上发表责任作者(第一作者和通讯作者)论文 70 余篇, 他引 2000 余次(所有 SCI 论文 170 余篇, 他引 4400 余次)。曾获中科院院长奖学金特别奖(2001 年), 辽宁省自然科学奖两次(2004 年排名第 4; 2011 年排名第 3;), 2012 年度国家自然科学二等奖 1 次(排名第 3)。先后主持基金委杰出青年基金、基金委中加健康合作项目、科技部创新方法项目、国家重大科学研究计划课题等项目。

2004 年底回国后协助邹汉法研究员建立了蛋白质组学分析平台, 发展了一系列蛋白质组学分析新技术新方法, 特别是在蛋白质翻译后修饰等方面建立了多项具有国际领先水平的分析新方法, 为 1809 组成为国际上从事蛋白质组学分析研究的知名实验室做出了贡献, 为该组承担国家重大项目、获得国家自然科学二等奖等提供了坚实的基础。主要学术成就如下:

1) 提出了以磷酸基团为螯合基团固定四价过渡金属离子的新一代磷酸肽富集固定相, 与传统的固定化金属离子亲和色谱相比较, 其对磷酸肽的富集特异性提高 2 倍以上, 从而大大提高了蛋白质磷酸化分析的灵敏度和覆盖率(4 篇论文引用过百次, *Nat. Protoc.*, 2013, 8, 461); 最近建立了基于 SH2 结构域富集酪氨酸磷酸肽的富集新方法, 使酪氨酸磷酸化蛋白质组的分析达到了国际领先水平(*Nat. Chem. Biol.*, 2016, accepted)。2) 发展了一种基于胰蛋白酶催化的 N 端稳定同位素标记相对定量蛋白质组学分析新方法(*Angew. Chem.-Int. Edit.* 2013, 52, 9205), 克服了化学方法很难特异性的对 N 端伯胺基团特异性标记而不影响侧链上伯胺基团的难题, 开创了一种肽段 N 端标记的独特方法。3) 建立了基于定量蛋白质组学技术的复杂体系酶促动力学研究方法, 发现单个蛋白质被酶解的速度(消耗速度)与其丰度基本无关, 开创了利用定量蛋白质组技术研究复杂体系中酶促动力学的先河, 将对完善米氏方程为基础的酶促动力学理论研究起到促进作用(*Nat. Methods*, 2014, 11,220)。4) 建立了多种蛋白质组翻译后修饰的规模化分析方法, 包括在糖基化蛋白质组分析方面建立多酶酶切技术(*J. Proteome Res.*, 2009, 8, 651); 在磷酸化蛋白质组分析方面发展了不连续混合策略的二维色谱分析模式(*Anal. Chem.*, 2010, 82, 53)。这些方法由于具有简单、高效的特点, 在生物学实验室获得了广泛应用。基于这些技术实现了人肝修饰谱分析的规模化鉴定, 建立了相关修饰位点的最大数据集。