



## 个人资料

## PERSONAL

姓名：李新  
性别：男  
出生年月：1994.01  
民族：汉族  
籍贯：山西大同  
政治面貌：党员  
邮箱：xinli\_0111@126.com  
电话：17810266110



## 教育经历

## EDUCATION

**博士**  
2018年9月–2023年6月  
中国农业大学  
植物保护学院·昆虫学系

**硕士**  
2015年9月–2018年6月  
沈阳师范大学  
生命科学学院·昆虫学系

**本科**  
2011年9月–2015年6月  
沈阳大学  
生命科学学院·生物科学系

## 所获荣誉

## AWARD

中国农业大学·大北农励志奖学金	2021–2022 学年
中国农业大学·学业二等奖学金	2019–2020 学年
中国农业大学·学业一等奖学金	2018–2019 学年
中国教育部·研究生国家奖学金	2017 年
沈阳师范大学·学业二等奖学金	2016–2017 学年
沈阳师范大学·学业三等奖学金	2015–2016 学年

## 学术经历

## ACADEMIC EXPERIENCE

### 研究方向

#### 博士阶段

双翅目家蝇科 Muscidae 系统分类（形态分类与系统发育）

导师：杨 定 教授

鉴定家蝇科 Muscidae 标本并提取线粒体全基因组数据重建家蝇科的亚科间系统发育关系，并基于新的系统发育树重新估计家蝇科及其亚科的分歧时间。

与国外导师 John J. Wiens (University of Arizona) 合作。基于谱系地理研究中昆虫隐存种的比例，结合动植物、线虫、细菌和昆虫之间的关系，估计全球生物多样性。降低了由于相关研究准入条件造成的偏差且通过不同的数据处理方式验证了数据的稳定性和合理性。



## 硕士阶段

双翅目寄蝇科 Tachinidae 分类（形态分类和分子鉴定）

导师：张春田 教授

使用全部经过形态鉴定的寄蝇科 Tachinidae 标本提取 DNA 条形码序列，然后通过 DNA 条形码技术鉴定，探究现有形态种中是否存在隐存种，并且通过对比不同分子鉴定方法中的鉴定结果和形态种一致的比例来寻找最适合寄蝇科昆虫的分子鉴定方法。

## 学术活动（4 次）

生物系统学论坛	2016、2017、2018
中国昆虫学会分类与区系学术会议	2015

## 参与项目（6 项）

1. 国家自然科学基金重点项目 32130012，脉翅总目昆虫的系统演化：争议节点类群系统地位的确立及多样性的演化格局 2022–2026
2. 科技部科技基础资源调查专项课题 2019FY1004002，双翅目半翅目草原有害昆虫多样性调查 2020–2024
3. 国家自然科学基金面上项目 31970444，中国驼舞虻亚科分类和系统发育研究 2020–2023
4. 国家自然科学基金应急管理项目 31750002，中国动物志 双翅目寄蝇科突颜寄蝇亚科 2018–2022
5. 科技部国家重点研发计划-重点专项子课题 2017YFD0201001-1，双翅目及脉翅目天敌资源挖掘与信息/数据库构建 2017–2020
6. 国家科技基础条件平台工作重点项目，动物标本标准化整理与数字化表达 2005DKA21402 2017、2018、2019

## 野外采集经历（7 省）

青海门源、互助	2019
陕西秦岭山脉，北京门头沟灵山	2018
云南绿春黄连山	2016、2017、2018
广西金秀猫儿山，湖北十堰，辽宁抚顺、清源	2015

## 专业技能

## PROFESSIONAL SKILL

分 类 学	标本采集、绘图、拍照、图片处理等。
分子生物学	DNA 提取、PCR 扩增、高通量测序组装、生物信息学分析、系统发育分析以及相关分析。
计算机技能	具有 Linux 基础，在校期间维护 3 台服务器的系统安装（Ubuntu 和 CentOS 系统）及相关分析软件；编写多个简化分析的 Python 程序脚本；可以使用 R 语言进行分析和作图。
掌 握 软 件	AdobePhotoshop, Apptainer, BarcodingR, BioEdit, Clustal Ω, DNAMAN, Docker, Endnote, Geneious, Helicon Focus, IDBA_UD, iTOL, jMOTU, MAFFT, Mega 7, MitoZ, Mrbayes, Muscle, NOVOPlasty, PartitionFinder, Phylosuite, RAxML, Snakemake, Supertree, table2asn, TaxonDNA
相 关 证 书	英语 CET 四级 507/六级 519、CET 口语 C+、国家计算机二级、高级中学教师资格证、普通话二级甲等。
相 关 课 程	生物信息学、生物统计学、昆虫生物地理、昆虫分类学、专业英语、教育学、心理学、生物学教学论。

## 发表文章

## PUBLICATION

共发表 SCI 文章 11 篇，一作 7 篇（含 1 共一），二作 4 篇。其中一篇为国际高水平文章，五年影响因子 14.478。

1. Li, X., & Wiens, J. J. (2022). Estimating Global Biodiversity: the Role of Cryptic Insect Species. **Systematic Biology**, syac069. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syac069> (SCI 1 区 Top 期刊, 5yIF=14.478)
2. Li, X., Cai, X., Ding, S., Wang, L., Zhang, C. & Yang, D. The phylogeny and evolutionary timescale of house flies (Diptera: Muscidae) inferred from mitochondrial genomes. **Insects**. (SCI 2 区, 5yIF=3.286, 准备投稿)
3. Li, X., Wang, L., & Yang, D. (2022). The complete mitochondrial genome of *Ornithomya biloba* (Diptera, Hippoboscidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 7(5), 856–858. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
4. Li, X., Zhou, J., Wang, L., Hou, P., & Yang, D. (2020). The mitochondrial genome of *Prosthiochaeta* sp. (Diptera: Platystomatidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 5(3), 2557–2558. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
5. Li, X., Wang, L., Li, Z., Hou, P., & Yang, D. (2019). The mitochondrial genome of *Formicosepsis* sp. (Diptera: Cypselosomatidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 4(2), 2140–2141. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
6. Li, X., Ding, S. M., Hou, P., Liu, X. Y., Zhang, C. T., & Yang, D. (2017). Mitochondrial genome analysis of *Ectophasia rotundiventris* (Diptera, Tachinidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 2(2), 457–458. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
7. Yang, Q.<sup>#</sup>, Li, X.<sup>#</sup>, Li, Z., Pan, Z., & Yang, D. (2019). The mitochondrial genome analysis of *Trypetoptera punctulata* (Diptera: Sciomyzidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 4(1), 97–98. (共一, SCI 4 区, 5yIF=0.628)
8. Li, X., Liang, H., Li, H., Zhang, Y., & Zhang, C. (2016). Distribution Pattern of the tachinid flies (Insecta, Diptera) of China. The Biogeography of Ecology. IBS Special Meeting, Beijing. (国际会议摘要)
9. Li, M., Li, X., Gao, Y., Cai, X., & Yang, D. (2022). The complete mitochondrial genome of *Hybos grossipes* (Linnaeus, 1767) (Diptera: Empididae). **Mitochondrial DNA Part B**, 7(11), 1913–1915. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
10. Liu, J., Li, X., Cai, X., Du, B., Liu, X., & Yang, D. (2021). The complete mitochondrial genome of *Dicraeus orientalis* Becker, 1911 (Diptera: Chloropidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 6(3), 951–952. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
11. Wang, L., Li, X., & Yang, D. (2019). The complete mitochondrial genome of *Silba* sp. (Diptera: Lonchaeidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 4(2), 2694–2695. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
12. Zhang, C., Li, X., Wang, L., Dong, H., & Yang, D. (2019). The complete mitochondrial genome of *Anthomyza* sp. (Diptera: Anthomyzidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 4(2), 2813–2814. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
13. Hou, P., Li, X., Yang, D., & Zhang, C. (2018). Taxonomic study of *Gonia* Meigen (Diptera: Tachinidae) from China. **Zoological Systematics**, 43(3), 294–308. (核心期刊)
14. 智妍, 李新, 刘家宇, 葛振萍, 赵喆, & 张春田. (2016). 基于 28S rRNA 基因序列的中国寄蝇亚科部分种类分子系统发育研究 (双翅目: 寄蝇科). **基因组学与应用生物学**, 35(8), 1999–2006. (核心期刊)
15. Hou, P., Wang, L., Li, X., & Yang, D. (2020). First mitochondrial genome of *Euprosopia* sp. (Diptera: Platystomatidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 5(1), 723–724. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
16. Hou, P., Ding, S., Li, X., Yang, D., Zhang, C., & Wang, Q. (2018). The mitochondrial genome of *Drino* sp. (Diptera, Tachinidae). **Mitochondrial DNA Part B**, 3(2), 886–887. (SCI 4 区, 5yIF=0.628)
17. 张春田, 张焱森, & 李新. (2016). 中国寄蝇亚科一新纪录种 (双翅目, 寄蝇科). **沈阳师范大学学报 (自然科学版)**, 34(4), 385–388. (核心期刊)



18. Wang, L., Ding, S., Cameron, S. L., **Li, X.**, Liu, Y., Yao, G., & Yang, D. (2022). Middle Jurassic origin in India: a new look at evolution of Vermileonidae and time-scaled relationships of lower brachyceran flies. **Zoological Journal of the Linnean Society**, 194(3), 938–959. (SCI 2 区, 5yIF=3.461)
19. **李新** (作者): 刺股蝇科. 杨定, 姚刚等 (2022). **浙江昆虫志第九卷双翅目短角亚目**, 北京: 科学出版社, 1–402 + 24 图版.
20. **李新** (编委, 作者): 寄蝇亚科, 追寄蝇亚科部分, 总论, 图版部分. 张春田等 (2016). **东北地区寄蝇科昆虫**, 北京: 科学出版社, 1–698 + 14 图版.
21. 侯鹏, 张春田, 王强, 范宏焱, **李新**. 寄蝇科. 石福明, 王建军等 (2018). **历山昆虫与蛛形动物**, 北京: 科学出版社, 1–613 + 12 图版.
22. 梁厚灿, 李赫男, 武鹏峰, 张焱森, **李新**, 孙琦, 李冰, 张怡卓, & 张春田. (2016). 辽宁浑河源自然保护区寄蝇科昆虫区系资源. **环境昆虫学报**, 38(6), 1214–1223. (核心期刊)
23. 张春田, 许雯婧, 张焱森, 梁厚灿, **李新**, & 李赫男. (2015). 辽宁白狼山国家级自然保护区寄蝇资源调查报告. **环境昆虫学报**, 37(4), 726–734. (核心期刊)

## 自我评价

## SELF-EVALUATION

- 具备昆虫系统分类学专业基础知识以及分子系统发育分析的相关知识。已发表 11 篇 SCI 论文（一作 7 篇，二作 4 篇）。
- 熟练掌握办公、科研、编书所用的软件。在读期间参与多部著作的编写，曾深度参与《东北地区寄蝇科昆虫》（科学出版社）一书的编写和格式的建立与修改。
- 熟练掌握 Linux 系统基本操作和系统发育分析相关软件的安装和使用。在校期间，创建实验室共享知识库。编写系统发育分析相关教程 20 余篇，整理 60 余篇系统发育分析所需 Linux 系统的相关知识点。
- 具有良好的英语表达和写作能力。与国外导师 John J. Wiens（亚利桑那大学）合作两年，发表 SCI 一区文章 1 篇。
- 学习能力强，思维逻辑性强，善于接受新知识。
- 有比较强的团队沟通和组织能力。
- 本人也愿意继续学习新的其它领域的知识和技能。