**附件1：授课教师简介**

**周欣教授（中国农业大学）**

主要从事昆虫生物多样性及演化生物学研究，涵盖宏观尺度的昆虫大支系演化开始、到生态系统中生物多样性的分布与分化、直至物种的形态及遗传多样性等多个层面的研究，曾在Science、Nature Communications、Genome Biology、Nucleic Acids Research、GigaScience、Methods in Ecology andEvolution等杂志发表文章。

**张爱兵教授（首都师范大学）**

主要研究方向为物种起源进化、生态、生物多样性评估、昆虫群落建成机制、外来种入侵与生态安全等。主要研究成果在进化、生态学TOP国际期刊发表，包括SystematicBiology、Molecular Biology and Evolution、MolecularEcology、Molecular Ecology Resources、Proceedingsof the Royal Society B等。

**白明副研究员（中国科学院动物研究所）**

主要从事推动经典分类学向现代形态分类学转化方面的工作，主要研究成果在数据获取的现代化、性状模拟的现代化、数据分析的现代化、物种鉴定的现代化等方向。曾在Current Biology、Gondwana Research、NatureCommunications、Frontiers in Zoology、Journal of SystematicPalaeontology等杂志发表文章。

**Douglas Chesters副研究员（中国科学院动物研究所）**

主要从事昆虫分子系统学研究工作。主要利用生物信息技术，建立数据整合和分析流程，对分子数据进行分析处理。曾经在Systematic Biology（3篇）、Methods in Ecology andEvolution（2篇）等杂志上发表研究论文。目前主要针对蜜蜂总科物种比较丰富的属，开展物种水平的研究。

**谢强教授（南开大学）**

主要从事半翅目分子系统学研究工作，但也涉及界、门、纲、目、科等高级阶元分子系统发育研究。曾在Molecular Biology andEvolution、Cladistics、BMC Genomics、Bioinformatics等杂志上发表研究论文。目前主要以生物大分子高级结构多样性、基因组直同源基因注释、微并行计算等生物信息学方法，在数据规模、数据质量、数据分析三个层面探索造成分子系统发育假阳性或假阴性结果的影响因素。

**朱天琪博士（中国科学院应用数学研究所）**

主要从事进化和遗传相关理论和算法研究工作。主要利用统计工具，建立数学模型，设计算法和软件，分析包括基因组数据在内的分子数据进行分析处理。曾经在Systematic Biology（3篇）等杂志上发表研究论文。

**Dr. Paul Frandsen（美国史密斯研究所）**

Dr. Paul is a research data scientist at the SmithsonianInstitution. His research is focused on deriving evolutionary insights from theanalysis and visualization of large genomic datasets. He is particularlyinterested in the evolution and historical diversification of insects. He is amember of the 1,000 Insect TranscriptomeEvolution (1KITE) data analysis team where he is focused on model selectionfor phylogenomics and working on methods to integrate diverse data sets togenerate a comprehensive insect tree of life. Paul received his PhD fromRutgers University where he worked on the phylogenetics of caddisflies(Insecta: Trichoptera) and algorithms to automatically select phylogeneticmodels for large datasets.