

许亮

Dept. Global Ecology, Carnegie Institute for Science at Stanford University

✉ xl0418@gmail.com · 🌐 <https://xl0418.github.io> · in LiangXu

个人信息

出生日期: 1986 年 4 月

性别: 男

籍贯: 中国重庆

目前工作单位: 卡耐基研究所 (Carnegie Institution for Science at Stanford University)

教育背景

格罗宁根大学, 荷兰 (排名: Times 80, US News 88, QS 128, ARWU 64) 2015 – 2020

博士研究生 进化与生态模型, 2020 年 6 月毕业

香港大学, 香港, 中国 (排名: Times 30, US News 76, QS 22, ARWU 101) 2008 – 2010

硕士研究生 病毒传播模型

北京师范大学, 北京, 中国 2004 – 2008

学士 数学与应用数学

工作经历

卡耐基研究所 @ 斯坦福大学, 美国 2022 年 8 月 – 至今

博士后 研究助理

课题: 海洋微生物生态与碳循环的交互关系。

牛津大学, 英国 2021 年 1 月 – 2022 年 7 月

博士后 研究助理

课题: 研究现有测量物种竞争强度方法的系统性偏差。

重庆科技学院, 重庆 2010 年 7 月 – 2015 年 9 月

讲师 数理与大数据学院

负责数学基础课程的授课, 本科学生毕业指导, 数学模型竞赛组织。

主要研究项目

1. 海洋微生物生态与碳循环的交互关系 2022 年 8 月 – 至今

研究海洋微生物在洋流循环下的分布。结合微生物种群间的生态关系, 探索微生物种群与碳循环的交互作用。

- 建立数学模型描述微生物种群间的生态关系
- 通过计算机模拟验证数学模型
- 比对数学模型与实地数据, 验证假设并解释实地数据。

2. 研究现有测量物种竞争强度方法的系统性偏差 2021 年 1 月 – 2022 年 7 月

探索如何准确测量种群间的竞争强度; 研究现有测量方法的系统性偏差; 探讨竞争强度与物种多样性之间的关系。

- 建立数学模型对现有测量方法的误差进行研究
- 通过计算机模拟验证数学模型

- 将数学模型应用到实际采集的数据中研究实地物种间的竞争机制

3. 研究区域性物种数量的兴衰

2015 年 10 月 – 2018 年 2 月

自然界中物种数量是否有上限是生物进化及生态学里重要的课题。一个重要的假设是物种数量的变化受现有种群数影响。现有的种群模型在大尺度地域数据上成功验证了该机制，然而却忽略了小尺度地域上不同地区物种迁徙的影响。因此，我们建立了区域物种迁徙模型用来验证大尺度模型在小尺度数据上测量物种数量变化的准确性。

- 建立区域性的迁徙数学模型
- 通过计算机模拟生成物种数据，验证大尺度模型对物种变化的预测的准确性

4. 研究物种竞争关系对物种特征变化的影响

2016 年 10 月 – 2020 年 6 月

因为时间尺度的巨大差异，生态学跟进化学上的物种竞争机制及现象常常被区分开研究。然而，越来越多的研究表明物种的特征进化在两种尺度上的受到的影响同等重要。因此，我们建立了进化生态模型用来研究物种的种群规模对特征进化的影响。

- 建立特征进化模型，将种群规模作为影响物种竞争强度的因子，从而把特征进化跟种群规模联系起来。
- 通过计算机模拟生成物种数据，验证基于该模型测量物种竞争强度方法的准确性。
- 将模型应用到须鲸类分支，将须鲸各物种的体长作为特征来测量须鲸物种间的竞争强度。并研究其体长跟种群规模是否跟物种间竞争相关。

5. 研究区域性物种聚集在密度制约机制下的系统进化树特征及大尺度生态特征

2019 年 5 月 – 2021 年 2 月

在解释物种多样性的多种理论中，密度制约假设被广泛地接受。因为该假设解释了种群规模受自身密度制约，因而使得更多稀有濒危物种得以保留。然而最近的研究表明常规的测量密度制约强度的方法含有系统性偏差。该偏差高估了密度制约机制的作用，甚至有时在没有密度制约机制的数据里也能错误的探测到密度制约。如果该偏差广泛地存在于传统探测方法里，该理论将受到严重的质疑。因此，为了研究这一问题，我们绕过了传统测量方法，建立了一个进化生态模型并研究在密度制约机制下区域物种聚集所产生的系统进化树特征及大尺度的生态特征。

- 建立基于个体生长，个体及物种间竞争，密度制约的模拟模型。
- 通过计算机模拟物种进化，竞争，迁徙，生成物种数据，种群规模。
- 对模拟数据进行分析，比较在密度制约机制下与没有该机制下的系统进化树特征及大尺度生态特征。

6. 研究不同物种进化假设与模型的共通特性（国际合作项目）

2020 年 5 月 – 至今

与美国，德国，荷兰等多国科学家合作研究物种进化模式。通过对多种进化模型产生的生态特征，系统发育树特征及种群数量特征的研究，总结比较同类型模型下是否产生相同生态与进化性状。本人负责提供一种进化模型，并定期参与在线分析讨论。

论文

1. **L. Xu**, A. Clark, M. Rees and L. Turnbull. Dispersal causes bias in estimating the strength of competition in plant communities. **Methods in Ecology and Evolution**. 2022. DOI: 10.1111/2041-210X.14022 (IF:8.33; 一区 TOP)
2. **L. Xu**, S. Van Doorn, H. Hildenbrandt, R.S. Etienne, Inferring the Effect of Species Interactions on Trait Evolution, **Systematic Biology**, 2020 Sep; doi: 10.1093/sysbio/syaa072 (IF:9.16; 一区 TOP)
3. **L. Xu** & R. S. Etienne. Detecting local diversity-dependence in diversification. **Evolution**, 2018 Jun;72(6):1294-1305. doi: 10.1111/evo.13482. (IF:4.17; 一区 TOP)
4. **L. Xu**, H. Hildenbrandt and R. S. Etienne. The phylogenetic Janzen-Connell effect can explain multiple macroecological and macroevolutionary patterns. To be submitted.

5. L. Xu. "A Functional Analytic Approach to the Power Series Solutions of an Nonlinear Differential Equations," Asia-Pacific Power and Energy Engineering Conference, 2012, pp. 1-4, doi: 10.1109/APPEEC.2012.6307563.

获奖情况

- 中国留学基金委 CSC 高水平研究生奖学金: 赴海外攻读博士学位全额奖学金, 2015 - 2019。
- 香港大学奖学金: 研究生全额奖学金, 2008 - 2010。

小研究项目

1. 珊瑚物种 DNA 大数据分析

2021 年 5 月

参与珊瑚 DNA 数据分析项目: 2021 年 5 月, 本人参与英国牛津大学植物研究院珊瑚 DNA 数据项目。本人负责数据分析的程序编写, 分析了 241 个个体的超过 120 万 DNA 片段 (80GB 数据), 对数据分析程序进行并行化处理, 并上载计算机集群进行分析。

2. COVID-19 疫情程度与政府措施的关系研究

2020 年 3 月

Kaggle 人工智能竞赛 - 新冠疫情一周建模竞赛: 2020 年 3 月, 新冠疫情肆虐全球, 影响着每一个人的工作, 生活。作为科研人员, 本人积极参与全球公共事件的研究与分析。该竞赛旨在提供各国新冠疫情影响数据, 寻求科研人员参与并帮助分析研究数据, 并得出合理有效对抗疫情的方法策略。本人建立了基于个体的病毒传播模型, 并模拟分析了病毒传播速度与国家政府采取限制措施的反应速度间的关系。

网址: https://xl0418.github.io/Kaggle_corona/

3. COVID-19 病毒传播模型及各国感染数据可视化

2020 年 4 月 - 2020 年 6 月

Shiny 应用 - 全球病毒感染数据可视化利用 Johns Hopkins University 的全球病毒感染数据, 本人开发了数据可视化应用程序。同时, 本人与格罗宁根大学理论生态研究组合作开发病毒传播模型, 研究并预测病毒感染。

网址: https://liangxu-shinyapps.shinyapps.io/corona_shiny/

学术活动

- 2022 年 12 月受邀于德国奥登堡大学 (Complex Systems Colloquium), University of Oldenburg, 德国: 报告
- 2021 年 6 月受邀于德国生物多样性研究中心 (German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv)), Halle-Jena-Leipzig, 德国: 报告
- 2018 年首届荷兰进化生物学会会议 (The First Conference of the Netherlands Society for Evolutionary Biology (NLSEB)), Akoesticum, 荷兰: 报告
- 2018 年进化生物学联合会议 (Joint Congress on Evolutionary Biology), Montpellier, 法国: 报告
- 2017 年欧洲进化生物学会会议 (The 2017 Congress of the European Society for Evolutionary Biology), Groningen, 荷兰: 报告

教学经验

- 2021 年 1 月 - 7 月, 助教, 牛津大学植物研究所; 动物研究所。
课程: 科学研究技能 (一年级/二年级/四年级学生); 计算机技巧 (三年级学生); 高等生态与进化学 (Advanced ecology and evolution - Stability, stationarity and perturbation in ecological and evolutionary systems) (三年级学生); 生态与进化学 (Ecology and Evolution) (二年级学生)。
- 01/10/2015 - 31/12/2019, 助教, 格罗宁根大学进化生命研究所。
课程: 生态学上的物种竞争 (Ecological interactions - Competition & response); 生命科学模型 (Models in Life Sciences)。
- 01/07/2010 - 31/09/2015, 讲师, 重庆科技学院数理学院。
课程: 高等微积分; 线性代数; 矩阵; 微分方程; 数学模型; 运筹学等。

编程技能

- **R:** 熟练 程序包开发: SDDD; ggradar2; 数据可视化 ShinyApps; 模型模拟。
- **Python:** 熟练 机器学习: 贝叶斯算法; 深度学习算法; 仿真模拟。
- **Julia:** 熟练 仿真模拟; 各类算法。
- **Batch:** 数据处理。
- 熟练运用计算机集群进行并行化模拟, 计算, 数据分析处理。