|  |  |
| --- | --- |
|  | **姓名 吕 萌**  **系所 大数据研究院 职称 讲师**  **办公电话：**  **电子邮件：lvmeng0502@gmail.com**  **研究方向：大数据建模与分析，机器学习及其在电子商务领域中的应用** |

**【教育与工作经历】**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **时间** | **单位专业** | **学位/职务** |
| 2016. 9-至今 | 天津大学大数据研究中心 | 讲师 |
| 2013-2015 | 德州农工大学 计算机工程 | 博士 |
| 2010-2013 | 南佛罗里达大学 计算机科学与工程 | 硕士 |
| 2003-2007 | 中国矿业大学(北京) 计算机科学与技术 | 学士 |

**【学术兼职】**

[1] 《Pattern Recognition Letters》审稿人

[2] IEEE会员

[3] ACM会员

**【代表学术论文】**

[1] Meng Lu, Jianhua Z. Huang and Xiaoning Qian. Sparse Exponential Family Principal Component Analysis. Pattern Recognition, 60: 681–691, 2016.

[2] Meng Lu, Hye-Seung Lee, David Hadley, Jianhua Z. Huang and Xiaoning Qian. Logistic Principal Component Analysis for Rare Variants in Gene-Environment Interaction Analysis. IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, 11(6): 1020-1028, 2014.

[3] Meng Lu, Hye-Seung Lee, David Hadley, Jianhua Z. Huang and Xiaoning Qian. Supervised Categorical Principal Component Analysis for Genome-wide Association Analyses. BMC Genomics , 15:S10, 2014.

[4] Meng Lu, Shuai Huang, Jared Odegard, Cate Speake, Jianhua Z. Huang and Xiaoning Qian. A Model for Scoring Candidate Biomarker Utility in High-Dimensional Datasets with Replicate Tests. NIPS Workshop on Machine Learning in Computational Biology, Montreal, Dec 2015.

[5] Meng Lu, Shuai Huang, Jared Odegard, Cate Speake, Jianhua Z. Huang and Xiaoning Qian. EigenBiomarker: A Method for Composite Biomarker Detection with Applications in Type 1 Diabetes (T1D). 14th International Workshop on Data Mining in Bioinformatics (BIOKDD'15, In conjunction with ACM KDD'15), Sydney, Aug 2015.

[6] Meng Lu, Hye-Seung Lee, David Hadley, Jianhua Z. Huang and Xiaoning Qian. Logistic Principal Component Analysis for Rare Variants in Gene-Environment Interaction Analysis. IEEE International Workshop on Genomic Signal Processing and Statistics (GENSIPS'12), 122-125, 2012.

[7] Meng Lu, Jianhua Z. Huang and Xiaoning Qian. Supervised Logistic Principal Component Analysis for Pathway Based Genome-Wide Association Studies. ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Biomedicine (ACM BCB), 52-59, 2012.

**【承担科研项目】**

[1] 作为主要参与人完成美国卫生部项目：Identifying Risk Factors and Interactions for Type 1 Diabetes in Large Studies (2011年9月 至 2015年12月)。

[2] 参与美国国家自然科学基金NSF项目：Predicting and Mining Phenome-genome Association across Species (2012年8月 至 2017年7月)。

[3] 作为项目主持人之一完成南佛罗里达大学研究生挑战项目：Multivariate Nonlinear Modeling of Beach-profile Evolution: A Case Study along Pinellas County Coast, Florida (2013年1月 至 2013年12月)。

**【专著】**

[1] 《Advances in Principal Component Analysis – Research and Development》, Springer 出版社，upcoming in 2016.

**【所获奖项】**

[1] 2015年悉尼KDD student travel award

[2] 2013年南佛罗里达大学研究生科研挑战奖

[3] 2012年华盛顿GENSIPS国际会议美国国家自然科学基金travel award

[4] 2012年奥兰多ACM BCB国际会议美国国家自然科学基金travel award

[5] 2007年中国矿业大学(北京)本科毕业论文优秀奖