

NIMI	Jaak Vilo
TEADUSALA	Informaatika
UURIMISTÖÖ PEASUUNAD	Informaatika ja selle rakendused; bioinformaatika; meditsiini informaatika; andmekaeve
VALIMISAEG	2012
AKADEEMIA OSAKOND	Informaatika ja tehnikateaduste osakond
KONTAKTANDMED	TÖÖL: J. Liivi 2, 50409 TARTU Telefon: 737 5483 Faks: 737 5468 E-post: jaak.vilo@ut.ee KODUS: Kalevi 4-26, 50409 Tartu Mobiil 50 49 365
SÜNNIAEG ja –KOHT	14. november 1966, Tallinn
PEREKONNASEIS	abielus, 2 tütar, 1 poeg
TÖÖKOHT	Tartu Ülikooli arvutiteaduse instituudi juhataja (alates 2011) Tartu Ülikooli bioinformaatika professor (alates 2007)
HARIDUS	1984 Tallinna Reaalkool 1991 Tartu Ülikool, rakendusmatemaatika
TEADUSKRAAD	2002 filosoofiadoktor (arvutiteadus), Helsingi Ülikool, teema: „Pattern Discovery from Biosequences“ [Mustrite otsimine bioloogilistest sekvensidest]
TEENISTUSKÄIK	1989–1990 Helsingi Ülikooli Arvutiteaduse Instituudi õpetaja 1990–1991 Küberneetika Instituudi insener 1991–1993 Helsingi Ülikooli Arvutiteaduse Instituudi õpetaja 1993–1999 Helsingi Ülikooli assistent 1999–2002 Euroopa Bioinformaatika Instituudi vanemteadur 2002–2006 EGeen Inc informaatika direktor 2002–2006 Eesti Biokeskuse erakorraline vanemteadur 2004–2005 Tartu Ülikooli Arvutiteaduse Instituudi dotsent 2005–2007 samas vanemteadur 2006– ... OÜ Quretec juhatuse liige 2007– ... Tartu Ülikooli Arvutiteaduse instituudi bioinformaatika professor 2009– ... Tarkvara Tehnoloogiate ja Rakenduste Arendamise keskuse(Tarkvara TAK) uurimissuuna juht 2011– ... Tartu Ülikooli Arvutiteaduse Instituudi juhataja
TUNNUSTUSED	2013 Eesti Valgetähe III klassi teenetemärk 2014 Infotehnoloogia Ettevõtete Liidu (ITL) Aasta tegija 2013 2016 Tartu Ülikooli väike medal
TEADUS– ORGANISATSIOONILINE	EESTIS: 2007– 2011 Riikliku programmi "Eesti keele keeletehnoloogilone tugi 2006-2010"

ja –ADMINISTRATIIVNE
TEGEVUS

juhtkomitee esimees
2011– 2016 Riikliku programmi "Eesti keele tehnoloogia 2011-2017" juhtkomitee esimees
2008 – ...Tartu Ülikooli teadusarvutuskeskuse nõukogu liige
2011– ... Eesti Teadusarvutuste Infrastruktuuri ETAIS nõukogu esimees
2012– ... Eesti Teadusagentuur – Hindamisnõukogu liige
2012– ... Tartu Ülikooli Senati liige

MUJAL:

1991– ... Association for Computing Machinery (ACM) liige
2000– ... Rahvusvahelise Bioinformaatika Seltsi ISCB liige
2006– ... European Conference on Computational Biology (ECCB) juhtkomitee liige
2014 - ... Rahvusvahelise teadusnõukogu liige - ERASysApp - ERA-Net for Systems Biology Applications

TEGEVUS TEADUSLIKE
VÄLJAANNETE
TOIMETUSTES

EESTIS:

MUJAL:

2014-... ajakirja "Baltic Journal of Modern Computing" kaas-peatoimetaja
ajakirjade *Bioinformatics*, *NAR*, *BMC Systems Biology*, *BMC Bioinformatics*, jt
eelretsensent
Konverentside ISMB, ECCB, WABI jt programmkomitee liige

JUHENDAMISEL
KAITSTUD
VÄITEKIRJAD

DOKTORITÖÖD (nimi, aasta, töö pealkiri, kus kaitstud):

Reimand, J. 2010. Functional analysis of gene lists, networks and regulatory systems [Geenigruppide, võrgustike ja reguleerivate süsteemide funktsionaalne analüüs], Tartu Ülikool.

Kull, M. 2011. Statistical enrichment analysis in algorithms for studying gene regulation [Statistilise rikastatuse analüüs geeniregulatsiooni uurimiseks loodud algoritmides], Tartu Ülikool.

Kolde, R. 2014. Methods for re-using public gene expression data [Meetodid avalike geeniekspressiooni andmete taaskasutamiseks], Tartu Ülikool.

Adler, P. 2015. (kaasjuh. Juhan Sedman). Analysis and visualisation of large scale microarray data (Paljude mikrokiibi andmestike suuremahuline analüüsimine ja visualiseerimine). Tartu Ülikool.

Peterson, H. 2015. (kaasjuh. Juhan Sedman). Exploiting high-throughput data for establishing relationships between genes (Suuremahuliste andmete kasutamine geenidevaheliste seoste leidmiseks). Tartu Ülikool.

Ilmjärv, S. 2015. (kaasjuh. Eero Vasar, Hendrik Luuk). Estimating differential expression from multiple indicators (Diferentsiaalse geeniekspressiooni erinevuste hindamine mitmete indikaatorite alusel). Tartu Ülikool.

Metsalu, T. 2016. Statistical analysis of multivariate data in bioinformatics (Mitmemõõtmeliste andmete statistiline analüüs bioinformaatikas). Tartu Ülikool.

MAGISTRITÖÖD (ainult juhendatute arv): 15

PUBLIKATSIOONID

TEADUSARTIKLID (üldarv ja eraldi kuni viis viimase kümne aasta olulisimat): 59

Jung, M., Peterson, H., Chavez, L., Kahlem, P., Lehrach, H., Vilo, J., Adjaye, J. A data integration approach to mapping OCT4 gene regulatory networks operative in embryonic stem cells and embryonal carcinoma cells. *PLoS ONE*, 2010, 5, 5, e10709.

Adler, P., Kolde, R., Kull, M., Tkachenko, A., Peterson, H., Reimand, J., Vilo, J. Mining for coexpression across hundreds of datasets using novel rank aggregation and visualisation methods. *Genome Biology*, 2009, 10, R139.

Kull, M., Vilo, J. Fast approximate hierarchical clustering using similarity heuristics. *BioData Mining*, 2008, 1, 9.

Reimand, J., Kull, M., Peterson, H., Hansen, J., Vilo, J. g:Profiler-a web-based toolset for functional profiling of gene lists from large-scale experiments. *Nucleic Acids Research*, 2007, 35, W193-200.

Tretyakov, K., Armas-Cervantes, A., García-Bañuelos, A., Vilo, J., Dumas, M. Fast fully dynamic landmark-based estimation of shortest path distances in very large graphs. *Proceedings of the 20th ACM international conference on Information and knowledge management*, 2011.

MONOGRAAFIAD (kõik pealkirjad ja ilmumisandmed: koht, aasta, kirjastus):
Vilo, J. *Pattern Discovery from Biosequences*. PhD Thesis, University of Helsinki, 2002, Helsinki University Printing House

ÕPIKUD (kõik pealkirjad ja ilmumisandmed: koht, aasta, kirjastus):

HOBID

Suusatamine, korvpall, ujumine