

## MATEMAATIKA JA MATEMAATILINE STATISTIKA

**Krista FISCHER**

## ESITAJA

Tartu ülikooli senat

SÜNDINUD 5. augustil 1970

## HARIDUS, TEADUSKRAAD

1988 – Paide 1. keskkool

1994 – Tartu ülikool, rakendusmatemaatika (matemaatiline statistika)

1994 – MSc, biostatistika, Limburgi ülikool (Belgia)

1999 – PhD, matemaatika (matemaatiline statistika) , TÜ

## TEENISTUSKÄIK

1994–1999 Tartu ülikooli matemaatilise statistika instituut, teadur; 2001–2007 TÜ tervishoiu instituut, biostatistika dotsent; alates 2010 TÜ genoomika instituut, vanemteadur, alates 2018 TÜ matemaatilise statistika instituut, matemaatilise statistika professor

## ERIALANE ENESETÄIENDAMINE VÄLISMAAL

1999–2001 Genti ülikool, järel doktor

2007–2010 MRC Biostatistics Unit, Cambridge, teadur

## PEAMISED UURIMISVALDKONNAD

Mitmemõõtmelised mudelid haigusriskide prognoosimiseks suurtes rahvastiku- ja biopangakohortides. Polügeense geneetilise riski hindamine komplekshaigustele, polügeensed riskiskoorid ja nende implementeerimine praktikas kasutatavates riski hindamise algoritmides (nt sõeluuringu või ennetusmeetmete planeerimise eesmärgil). Põhjuslikud mudelid uuringutes, kus kasutatakse klassikalist või nn Mendeli randomiseerimist, mudeleid elukestusandmetele suurtes biopankade kohortides, hindamaks geneetilise ja metaboolika-põhiste biomarkerite mõju üldsuresusele, multi-oomika andmete analüüs, ülegenoomsed uuringud.

## KÄIMASOLEVAD PROJEKTID

Machine Learning Frontiers in Precision Medicine (Horizon2020)

Geneetilised ja epidemioloogilised tegurid, mis mõjutavad üld- ja põhjus-spetsiifilist suremust Eesti rahvastikus (PUT)

## JUHENDAMINE (kaitstud väitekirjade arv)

4 doktorit, 18 magistrit

## ÜHISKONDLIK TEGEVUS

Rahvusvahelise biomeetriaühingu (International Biometric Society) juhtkomitee liige

Eesti vabariigi valitsust nõustava Covid-19 teadusnõukoja ekspert

Tartu ülikooli senati liige

Eesti statistikaseltsi liige

Eesti matemaatikaseltsi liige

## TUNNUSTUSED

Eesti vabariigi teaduspreemia keemia ja molekulaarbioloogia alal (kollektiivi liikmena) 2019

## KÜMMETÄHTSAMAT PUBLIKATSIOONI

Publikatsioonide üldarv: 153 (ETIS)

Saar, A., Läll, K., Alver, M., Marandi, T., Ainla, T., Eha, J., Metspalu, A., Fischer, K. 2020. Estimating the performance of three cardiovascular disease risk scores: the Estonian Biobank cohort study. – *Journal of Epidemiology and Community Health*, (ilmumas).

Marnetto, D., Pärna, K., Läll, K., Molinaro, L., Montinaro, F., Haller, T., Metspalu, M., Mägi, R., Fischer, K., Pangani, L. 2020. Ancestry deconvolution and partial polygenic score can improve susceptibility predictions in recently admixed individuals. – *Nature Communications*, 11 (1), 1628.

Läll, K., Lepamets, M., Palover, M., Esko, T., Metspalu, A., Tõnisson, N., Padrik, P., Mägi, R., Fischer, K. 2019. Polygenic prediction of breast cancer: comparison of genetic predictors and implications for risk stratification. – *Bmc Cancer*, 19, ARTN 557.

Saar, A., Marandi, T., Ainla, T., Fischer, K., Blöndal, M., Eha, J. 2018. The risk-treatment paradox in non-ST-elevation myocardial infarction patients according to their estimated GRACE risk. – *International Journal of Cardiology*, 272, 26–32.

Läll, K., Mägi, R., Morris, A., Metspalu, A., Fischer, K. 2017. Personalized risk prediction for type 2 diabetes: the potential of genetic risk scores. – *Genetics in Medicine*, 19, 322–329.

Tillmann, T., Vaucher, J., Okbay, A., Pikhart, H., Peasey, A., Kubinova, R., Pajak, A., Tamosiunas, A., Malyutina, S., Hartwig, F.P., Fischer, K., Veronesi, G., Palmer, T., Bowden, J., Davey Smith, G., Bobak, M., Holmes, M.V. 2017. Education and coronary heart disease: mendelian randomisation study. – *British Medical Journal*, 358, j3542.

Reisberg, S., Iljasenko, T., Läll, K., Fischer, K., Vilo, J. 2017. Comparing distributions of polygenic risk scores of type 2 diabetes and coronary heart disease within different populations. – *PLoS ONE*, 12 (7), e0179238.

Joshi, P. K., Pirastu, N., Kentistou, K. A., Fischer, K., Hofer, E., Schraut, K. E., ... , Esko, T., Kutalik, Z., Wilson, J.F. 2017. Genome-wide meta-analysis associates HLA-DQA1/DRB1 and LPA and lifestyle factors with human longevity. – *Nature Communications*, 8, 910.

Joshi, P. K., Fischer, K., Schraut, K. E., Campbell, H., Esko, T., Wilson, J. F. 2016. Variants near *CHRNA3/5* and *APOE* have age- and sex-related effects on human lifespan. – *Nature Communications*, 7, 11174.

Hägg, S., Fall, T., Ploner, A., Mägi, R., Fischer, K., Draisma, H.H., Kals, M., de Vries, P. S., Dehghan, A., Willems, S. M., Sarin, A. P., Kristiansson, K., Nuotio, M. L., Havulinna, A. S., de Bruijn, R. F., Ikram, M. A., Kuningas, M., Stricker, B. H., Franco, O. H., Benyamin, B. ... European, Network, for, Genetic, and, Genomic, Epidemiology, (ENGAGE) consortium. 2015. Adiposity as a cause of cardiovascular disease: a Mendelian randomization study. – *International Journal of Epidemiology*, 44 (2), 578–586.