

Pracovný životopis

doc. Mgr. Tomáš Vinař, PhD.

Katedra aplikovanej informatiky
Fakulta matematiky, fyziky a informatiky
Univerzita Komenského v Bratislave

E-mail: tomas.vinar@fmph.uniba.sk

Telefón: +421 2 60295207

ORCID ID: 0000-0003-3898-3447

Google Scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=nBBj5AAAAAJ>

Vzdelanie:

1999-2006: Ph.D., informatika, School of Computer Science,
University of Waterloo, Waterloo, ON, Canada

1994-1999: Mgr., informatika, Fakulta matematiky, fyziky a informatiky
Univerzita Komenského v Bratislave

Pracovné pozície:

od 2009: profesor (od 2026), docent (2017-2026), vedecký pracovník VKS IIa (2009-2017)

Fakulta matematiky, fyziky a informatiky, Univerzita Komenského v Bratislave

2006-2008: postdoktorandský výskumný pracovník

Dept. of Biological Statistics and Computational Biology, Cornell University, USA

2005-2006: research assistant professor

School of Computer Science, University of Waterloo, Canada

Dlhodobé pracovné pobyty:

2022-2024: pracovné pobyty na Dept. of Mathematics, Simon Fraser University (spolu 9 mesiacov)

Ďalšie aktivity a ocenenia:

2019-doteraz: člen Vedeckej rady FMFI UK

2020-doteraz: garant medziodborového študijného programu Dátová veda za odbor informatika

2021-doteraz: člen komisie VEGA pre elektrotechniku, automatizáciu a riadiace systémy
a príbuzné odbory informačných a komunikačných technológií

2022-2026: člen Akademického senátu FMFI UK, 2023-2026 predseda Koncepčnej a právnej komisie

2019-2023: zástupca vedúceho Katedry aplikovanej informatiky

2010-2021: spoluorganizátor Študentskej vedeckej konferencie FMFI UK

2019: ocenenie ESET Science Award, výnimočný vysokoškolský pedagóg

2011-2019: prodekan pre informačné technológie FMFI UK

2010: ocenenie Osobnosť vedy a techniky do 35 rokov

predseda programového výboru konferencie RECOMB-CG 2023, člen programových výborov
konferencií WABI, RECOMB-CG, ISBRA, PSB, BCB

zakladateľ Študentského vývojového tímu na FMFI UK (koordinácia vývoja softvérových nástrojov ako Candle, VOTR, študentská anketa od roku 2010, elektronická prihláška, informačné obrazovky, podporné nástroje pre komplexnú akreditáciu 2014)

1994-1999: spoluzakladateľ občianskeho združenia TROJSTEN (občianske združenie zastrešuje korešpondenčné semináre z matematiky, fyziky a informatiky organizované na FMFI UK)

Vedecké zameranie: bioinformatika, algoritmy na analýzu sekvencií, strojové učenie

Grantová podpora:

2027-2031: Multiscale PANgenomics for Data-driven Applications (MULTIPANDA), Horizon Europe / MSCA Staff Exchange, konzorcium 15 organizácií, spoluriešiteľ

2024-2026: Algorithms for Structural Variation Analysis in Challenging Genomic Regions (ASVA-CGR), Horizon Europe / ERA Fellowship, školiteľ

2020-2025: Pan-genome Graph Algorithms and Data Integration (PANGAIA), Horizon 2020 / MSCA Research Innovation and Staff Exchange, konzorcium 15 organizácií, zodpovedný riešiteľ za organizáciu

2021-2024: ALgorithms for PAngenome Computational Analysis (ALPACA), Horizon 2020 / MSCA Innovative Training Networks, konzorcium 13 organizácií, zodpovedný riešiteľ za organizáciu

2009-2012: Algorithms for Analysis of Genes and Genomes, Framework Program 7 / MSCA International Reintegration Grant, zodpovedný riešiteľ

2009-doteraz: kontinuálne financovanie z domácich zdrojov prostredníctvom grantov VEGA, KEGA a APVV (spolupráca s Prírodovedeckou fakultou UK)

Vybrané publikácie: viac ako 90 publikácií, 5600 citácií, h-index 23 (WoS)

1. Bróna Brejová, Viktoria Hodorová, Hana Licháčová, Askar Gafurov, Dominik Bujna, Filip Brazdovic, Filip Cervenak, Tomas Petrik, Eva Hegedusová, Michaela Forgáčová Jakubková, Martina Nebaháčová, Lubomir Tomáška, Matthias Sipiczki, Tomas Vinar, Jozef Nosek. Noncanonical chromosomal-end-specific telomeric repeat arrays in naturally telomerase-negative yeasts. *Nucleic Acids Research*, 54(10). 2026.
2. Janik Sielemann, Katharina Sielemann, Bróna Brejová, Tomáš Vinař, Cedric Chauve. plASgraph2: using graph neural networks to detect plasmid contigs from an assembly graph. *Frontiers in Microbiology*, 14:fmicb.2023.1267695. 2023.
3. Peter Peresini, Vladimir Boza, Bróna Brejová, Tomas Vinar. Nanopore Base Calling on the Edge. *Bioinformatics*, 37(24):4661-4667. 2021.
4. Vladimír Boža, Bróna Brejová, Tomáš Vinař. DeepNano: Deep recurrent neural networks for base calling in MinION nanopore reads. *PLoS One*, 12(6):e0178751. 2017.
5. Andrew D. Foote*, Yue Liu*, Gregg W. C. Thomas*, Tomas Vinar*, Jessica Alfoldi, Jixin Deng, Shannon Dugan, Cornelis E. van Elk, Margaret E. Hunter, Vandita Joshi, Ziad Khan, Christie Kovar, Sandra L. Lee, Kerstin Lindblad-Toh, Annalaura Mancina, Rasmus Nielsen, Xiang Qin, Jiaxin Qu, Brian J. Raney, Nagarjun Vijay, Jochen B. W. Wolf, Matthew W. Hahn, Donna M. Muzny, Kim C. Worley, M. Thomas P. Gilbert, Richard A. Gibbs. Convergent evolution of the genomes of marine mammals. *Nature Genetics*, 47(3):272-275. 2015.
6. Marmoset Genome Sequencing and Analysis Consortium. The common marmoset genome provides insight into primate biology and evolution. *Nature Genetics*, 46(8):850-857. 2014.

7. M. Valach, Z. Farkas, D. Fricova, J. Kovac, B. Brejova, T. Vinar, I. Pfeiffer, J. Kucsera, L. Tomaska, B. F. Lang, J. Nosek. Evolution of linear chromosomes and multipartite genomes in yeast mitochondria. *Nucleic Acids Research*, 39(10):4202-4219. 2011.
8. Carolin Kosiol, Tomas Vinar, Rute R. da Fonseca, Melissa J. Hubisz, Carlos D. Bustamante, Rasmus Nielsen, Adam Siepel. Patterns of positive selection in six Mammalian genomes. *PLoS Genetics*, 4(8):e1000144. 2008.
9. Rhesus Macaque Genome Sequencing and Analysis Consortium. Evolutionary and biomedical insights from the rhesus macaque genome. *Science*, 316(5822):222-234. April 2007.
10. Brona Brejova, Daniel G. Brown, Tomas Vinar. Optimal Spaced Seeds for Homologous Coding Regions. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 1(4):595-610. 2004.

V Bratislave, 19.10.2026