

Cristian Rohr

■ Bioinformático ■

Barrichuelo de Cartuja N°15, Granada - España | ☎ +34 667283297

✉ cristianrohr768@gmail.com - cristian.rohr@heritas.com.ar | in cristianrohrbio | 🌐 cristianrohr.github.io

Experiencia Profesional

Líder Bioinformática | Héritas, Rosario, Argentina

Oct. 2018 - Actualidad

Analista Bioinformático | Héritas, Rosario, Argentina

May 2016 - Sep. 2018

- En Héritas mi tarea principal como analista bioinformático fue el desarrollo e implementación de los algoritmos y modelos predictivos del test prenatal no invasivo [Héritas VISION](#), y del test de microbioma intestinal [Héritas MicroXplora](#). Además de estar fuertemente involucrado en el desarrollo de herramientas en Shiny/R para automatizar tareas y asistir a los analistas genéticos, en diversos productos como el test de biopsias líquidas [Héritas OncoSens](#), [Héritas Focus](#), [Héritas CLEAR](#)
- Diseño, desarrollo, implementación y mantenimiento de los pipelines de análisis en un entorno de computo de alto rendimiento para la entrega de resultados en tiempo y forma.

Analista Bioinformático | INDEAR/Héritas, Rosario, Argentina

May 2016 - Sep. 2018

- Desarrollo y mantenimiento de pipelines bioinformáticos para diversas aplicaciones de I+D internas de la empresa. Entre ellos: metagenómica 16S, RNAseq, ensamblado de genomas bacterianos, genotipado por secuenciación.
- Asesoramiento y análisis de datos para usuarios de la plataforma de Genómica y Bioinformática de INDEAR.
- Análisis de secuencias de inserción en eventos transgénicos para su desregulación en mercados internacionales.

Educación

M.Sc. Ciencia de Datos e Ingeniería de Computadores | Universidad de Granada (España)

2018 - En curso

- Especialidad: Ciencia de Datos y Tecnologías Inteligentes.

Licenciado en Bioinformática | Universidad de Entre Ríos (Argentina)

2006 - 2010

- Promedio: 7.93
- Tesis: "Identificación de genes candidatos implicados en la mantención del estado de pluripotencialidad de células madre embrionarias usando métodos bioinformáticos". Calificación: 10 (Sobresaliente)

Experiencia Académica

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales | Universidad de Buenos Aires, Argentina

Abril 2013 - Abril 2016

- **Laboratorio de Genómica Médica y Evolución.**
- Colaboración en proyectos de investigación e I+D con diversas instituciones del ámbito público y privado.
- Desarrollo e implementación de bases de datos y servidores web para el análisis/visualización de datos obtenidos con paneles de secuenciación de tecnologías Ion Torrent de Life Technologies.
- Desarrollo de paneles personalizados para el screening de enfermedades humanas.

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales | Universidad de Buenos Aires, Argentina

Sept. 2011 - Marzo 2013

- **Laboratorio de Agrobiotecnología.**
- Participo en diversos proyectos del laboratorio como ser RNAseq y creación de bases de datos.
- Implementación de soluciones bioinformáticas para actividades rutinarias desarrolladas en el laboratorio.

Docencia

Jefe de Trabajos Prácticos. Universidad de Buenos Aires, Argentina. *Curso de posgrado: "Genómica de poblaciones y enfermedades".* Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN. 2015.

Jefe de Trabajos Prácticos. Universidad de Buenos Aires, Argentina. Curso de posgrado "Genómica humana: variación, adaptación y poblaciones". Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN. 2014.

Docente Invitado. RSG Argentina. Curso "Perl y Bioperl aplicado en Bioinformática". 2012.

Becas obtenidas

Programa BEC.AR. Ministerio de Educación.. Beca de Maestría en Ciencia y Tecnología para profesionales argentinos en el Reino de España. 2018.

Beca interna doctoral para temas estratégicos. CONICET. Laboratorio de Genómica Médica y Evolución - Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires. Director: Dr. Hernan Dopazo. 2013.

Beca Inicial en el Área de Bioinformática. MINCyT-CYTED. En el marco del Proyecto Genoma (MINCyT-CYTED). "Determinación del genoma del frijol, *Phaseolus vulgaris* L., para el aprovechamiento de los recursos naturales de Iberoamérica". Director: Dr. Alejandro Mentaberry. Laboratorio de Agrobiotecnología. FCEyN - UBA. 2011.

Premios y Distinciones

Diploma de Honor. Concejo Municipal de Rosario. En reconocimiento a su trascendental tarea para acelerar la detección de distintas enfermedades a partir de métodos bioquímicos, biotecnológicos y genéticos. 2018.

Third position Best Poster Award. ISCB - LA - 2016.. Using oxford nanopore minion technology to deeply explore metagenome functions in the argentine human microbiome dataset characterized by illumina 16s metagenomics pipeline. 2016.

Publicaciones seleccionadas

Revistas internacionales con referato

- Carlos J Pirola, Diego Flichman, Hernán Dopazo, Tomas Fernández Gianotti, Julio San Martino, **Cristian Rohr**, Martin Garaycochea, Carla Gazzì, Gustavo O Castaño, Silvia Sookoian A Rare Nonsense Mutation in the Glucokinase Regulator Gene Is Associated With a Rapidly Progressive Clinical Form of Nonalcoholic Steatohepatitis. *Hepatol Commun.* 2018;2(9):1030-1036.
- Gosso MF, **Rohr C**, Brun B, et al. Exome-first approach identified novel INDELs and gene deletions in Mowat-Wilson Syndrome patients. *Hum Genome Var.* 2018;5:21.
- Sookoian S, **Rohr C**, Salatino A, et al. Genetic variation in long noncoding RNAs and the risk of nonalcoholic fatty liver disease. *Oncotarget.* 2017 Feb 11. doi: 10.18632/oncotarget.15286.
- Silvia Sookoian, Diego Flichman, Romina Scian, **Cristian Rohr**, Hernán Dopazo, Tomas Fernández Gianotti, Julio San Martin, Gustavo O Castaño, Carlos J Pirola. Mitochondrial genome architecture in non-alcoholic fatty liver disease. *J Pathol.* 2016;240(4):437-449.
- Monzon, A; **Rohr, C**; Formasari, MS; Parisi, G. CoDNas 2.0: a comprehensive database of protein conformational diversity in the native state. *Database (Oxford).* 2016. DOI:10.1093/database/baw038.
- Sookoian S, Castaño GO, Scian R, Fernández Gianotti T, Dopazo H, **Rohr C**, Gaj G, San Martino J, Sevic I, Flichman D, Pirola CJ. Serum aminotransferases in nonalcoholic fatty liver disease are a signature of liver metabolic perturbations at the amino acid and Krebs cycle level. *Am J Clin Nutr.* 2016 Feb;103(2):422-34. doi: 10.3945/ajcn.115.118695
- Parra RG, **Rohr CO**, Koile D, Perez-castro C, Yankilevich P. INSECT 2.0: a web-server for genome-wide cis-regulatory modules prediction. *Bioinformatics.* 2015 Dec 12. pii: btv726. * Joint first author
- Pirola CJ, Scian R, Gianotti TF, Dopazo H, **Rohr C**, Martino JS, Castaño GO, Sookoian S. Epigenetic Modifications in the Biology of Nonalcoholic Fatty Liver Disease: The Role of DNA Hydroxymethylation and TET Proteins. *Medicine (Baltimore).* 2015;94(36):e1480. doi: 10.1097/MD.0000000000001480.
- **Rohr CO**, Levin LN, Mentaberry AN, Wirth SA. A first insight into *Pycnoporus sanguineus* BAFC 2126 transcriptome. *PLoS ONE.* 2013;8(12):e81033.
- Rohr CO, Parra RG, Yankilevich P, Perez-castro C. INSECT: IN-silico SEarch for Co-occurring Transcription factors. *Bioinformatics.* 2013;29(22):2852-8. *Joint first author.

Revistas Nacionales

- Vázquez M, Rohr C, Brun B, Grisolia M, Méjico M, Gosso MF, Fay F. Desarrollo del primer Ensayo Prenatal no Invasivo (NIPT) en Argentina. Informe ALAC, Año XXII N°1 2017, páginas 5-13.

Presentaciones en congresos

Héritas VISION: The challenge to develop the first Non Invasive Prenatal Testing (NIPT) Platform in Posadas-Misiones, Argentina. Oral - Poster. 8vo Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional (8CA2BC). 26-29 de Argentina Noviembre de 2017. Posadas, Misiones, Argentina.

Using Oxford Nanopore MinION technology to deeply explore metagenome functions in the Argentine Human microbiome dataset characterised by Illumina 16s metagenomics pipeline. Poster. Fourth International Society for Computational Biology Latin America Bioinformatics Conference (ISCB-LA) and the 7th Argentinian Congress of Bioinformatics and Computational Biology (CAB2C). 21-23 November 2016. Buenos Aires, Argentina.

INSECT: Una herramienta para descomponer redes complejas de regulación génica. Oral. 1er Encuentro de estudiantes de bioinformática y biología computacional. 25 y 26 de Noviembre de 2014. Fundación Instituto Leloir. Buenos Aires, Argentina.

A Web Server for the Standardization of Molecular Diagnosis of Huntington's Disease in Latin America. Poster. IV Argentinean Conference on Computational Biology and Bioinformatics & the IV Conference of the Iberoamerican Society for Bioinformatics (SOIBIO). 29 al 31 de Octubre de 2013, CIFASIS-CONICET. Rosario, Argentina.

INSECT: IN-silico SEarch for Co-occurring Transcription factors. Poster. IV Argentinean Conference on Computational Biology and Bioinformatics & the IV Conference of the Iberoamerican Society for Bioinformatics (SOIBIO). 29 al 31 de Octubre de 2013, CIFASIS-CONICET. Rosario, Argentina.

Bioinformatics annotation of Pycnoporus sanguineus BAFC 2126 transcriptome. Oral. IV Argentinean Conference on Computational Biology and Bioinformatics & the IV Conference of the Iberoamerican Society for Bioinformatics (SOIBIO). 29 al 31 de Octubre de 2013, CIFASIS-CONICET. Rosario, Argentina.

Development of a bioinformatics strategy to search for genes involved in specific metabolic Pathways: The case of ESCs. Poster.

- Simposio "Fronteras en Biociencias". 22 al 25 de abril 2012. Polo científico tecnológico. Buenos Aires. Argentina.
- Segundo Congreso de la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional. 11 al 13 de mayo 2011. Facultad de Ingeniería de la Universidad Católica de Córdoba. Córdoba, Argentina.

Visitas Científicas

Proyecto DEANN de la convocatoria IRSES (Programa Marie Curie PIRSES-GA-2013-612583) del Séptimo Programa Marco de la Comisión Europea.

- **Universitat Pompeu Fabra.** 2 meses en el Departamento de Ciencias Experimentales y de la Salud. Referencia Dr. Arcadi Navarro. Barcelona - España. 2014.
- **Centro de Investigación Príncipe Felipe.** 1 semana en el Laboratorio de Genética Computacional. Referencia Dr. Joaquín Dopazo. Valencia - España. 2014.

Habilidades Técnicas

- **Lenguajes de programación:** R, Python, Perl, Bash, php, javascript.
- **High performance computing:** Manejo de clusters SGE, Amazon webservices (EC2, Glacier, EBS).
- **Otros:** R/Shiny, git, mysql, apache, UNIX, markdown, css, html.

Cursos

- **Human Genome Tour 2016: From NGS Technologies to Evolutionary and medical Genomics.** *Institut Pasteur de Montevideo.* Duración: 120 horas. 2016.
- **Genética de Poblaciones Parte II: Genética Cuantitativa.** *FCEyN - UBA, Argentina.* Docente: Juan Carlos Viladardi. Duración: 119 horas. 2015.
- **Genética de Poblaciones Parte I: Caracteres Discretos.** *FCEyN - UBA, Argentina.* Docente: Juan Carlos Viladardi. Duración: 170 horas. 2015.
- **Introducción al Análisis de Datos Genéticos con R.** *FCEyN - UBA, Argentina.* Docente: Juan Carlos Viladardi. Duración: 90 horas. 2014.
- **RNAseq and functional annotation.** *FCEyN - UBA, Argentina.* Docente: Ana Conesa, Diego de Pannis. Duración: 24 horas. 2013.
- **Assembly and Assembly Validation of NGS reads.** 2013. *CIFASIS - CONICET, Argentina.* Docente: Bernardo Clavijo. Organizado por la Sociedad Iberoamericana de Bioinformática y la Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional.
- **Lenguaje R aplicado a la Bioinformática.** *CIFASIS - CONICET, Argentina.* Workshop organizado por el RSG-Argentina. Facultad de Ingeniería, Universidad de Entre Ríos. 2012.