

# 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 Gazzi, 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.