

Cristian Rohr

· LICENCIADO EN BIOINFORMÁTICA ·

Rodríguez 1235 1° A, Rosario - Argentina. CP 2000.

☎ (+54) 9 343 154164989 | ✉ cristianrohr768@gmail.com · cristian.rohr@indear.com | 🌐 <https://www.linkedin.com/in/cristianrohrbio> | 🛂 Pasaporte: AAA868902

Resumen

Lic. en Bioinformática especializado en genómica y aplicaciones de next generation sequencing (NGS) en el ámbito de la genómica clínica humana y biotecnología vegetal. Más de 7 años de experiencia asociados a la extracción, análisis y visualización de datos NGS. Experimentado en R, Shiny, Unix, Bash, Perl, Python, desarrollo de bases de datos, servidores web y pipelines integradores en entornos de computación de alto rendimiento. Fui profesor de diversos cursos de posgrado y poseo un fuerte registro de publicaciones en revistas científicas peer reviewed a nivel internacional.

Principales áreas de interés:

- Análisis de datos genómicos aplicados a medicina humana personalizada y biotecnología vegetal.
- Desarrollo e implementación de herramientas y bases de datos para la integración de datos y extracción de información.
- Extracción, análisis y visualización de datos masivos.
- Desarrollo y mantenimiento de pipelines de análisis en entornos de cómputo de alto rendimiento.

Títulos Universitarios

Licenciado en Bioinformática

FACULTAD DE INGENIERÍA, UNIVERSIDAD NACIONAL DE ENTRE RÍOS (ARGENTINA)

2006 - 2010

Nota media del Expediente: 7,93. Tesis: "Identificación de genes candidatos implicados en la mantención del estado de pluripotencialidad de células madre embrionarias usando métodos bioinformáticos". Director: Dr. Patricio Yankilevich. Co-directora: Dra. Carolina Perez Castro.

Calificación: 10 (sobresaliente).

Experiencia Profesional

HERITAS / INDEAR

Rosario, Argentina

ANALISTA BIOINFORMÁTICO SENIOR

Octubre. 2016 - ACTUALIDAD

- Líder bioinformático de Héritas VISION, Test Prenatal No Invasivo (NIPT) (<http://heritas.com.ar/vision/>). Desarrollo e implementación de un paquete en R con un algoritmo de 4 puntajes para la determinación del riesgo de aneuploidías fetales, desarrollo e implementación de un modelo de machine learning para predicción de sexo fetal, implementación metodología para screening de variantes en el número de copias maternas y fetales.
- Líder Bioinformático de Héritas MicroXplora. Implementación de una base de datos de referencia de la composición microbiana del intestino humano de la región centro de Argentina. Desarrollo de un paquete de R llamado MicroXplora que realiza la comparación a modo de screening de una muestra de composición microbiana con la base de datos de referencia para la determinación de organismos fuera de los niveles normales en la base de datos referencia.
- Desarrollo e implementación de una aplicación R/Shiny con módulos para anotación y visualización de mutaciones somáticas para el test Héritas OncoSens (<http://heritas.com.ar/genomica-clinica/oncosens/>), el cual es una prueba para biopsias líquidas en etapa de desarrollo y validación.
- Desarrollo e implementación de un algoritmo novel embebido en una web app shiny para la determinación de amplificaciones focales.
- Desarrollo e implementación de un algoritmo corriendo sobre una web app shiny para el screening de variaciones en el número de copias (CNV's) para su uso con paneles de captura Illumina.
- Implementación y mantenimiento de pipelines de análisis bioinformáticos para diversos test de genómica clínica. Participación en múltiples proyectos de I+D principalmente con hospitales privados y públicos.

INDEAR / HERITAS

Rosario, Argentina

ANALISTA BIOINFORMÁTICO

Mayo. 2016 - Septiembre. 2016

- 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.

Experiencia Académica

Laboratorio de Genómica Médica y Evolución, EGE - Facultad Ciencias Exactas y Naturales - Universidad de Buenos Aires

Buenos Aires, Argentina

ASISTENTE DE INVESTIGACIÓN

Abril. 2013 - Abril. 2016

- Colaboración en proyectos de investigación e I+D con diversas instituciones del ámbito público y privado. Ver sección publicaciones.
- 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.

Laboratorio de Agrobiotecnología - Facultad Ciencias Exactas y Naturales - Universidad de Buenos Aires

Buenos Aires, Argentina

ASISTENTE DE INVESTIGACIÓN

Septiembre. 2011 - Marzo. 2013

- Participe 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.

Experiencia Docente

Jefe de Trabajos Prácticos

Universidad de Buenos Aires

CURSO DE POSGRADO "GENÓMICA DE POBLACIONES Y ENFERMEDADES".

2015

Departamento de Ecología Genética y Evolución – Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Jefe de Trabajos Prácticos

Universidad de Buenos Aires

CURSO DE POSGRADO "GENÓMICA HUMANA: VARIACIÓN, ADAPTACIÓN Y POBLACIONES".

2014

Departamento de Ecología Genética y Evolución – Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Docente

Universidad de Entre Ríos

CURSO "PERL Y BIOPERL APLICADO EN BIOINFORMÁTICA"

Septiembre 2012

Workshop organizado por el RSG-Argentina. Facultad de Ingeniería.

Cursos

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

Publicaciones

REVISTAS INTERNACIONALES CON REFERATO

- 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 Martín, 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 amino-transferases 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.

PREPRINTS

- Piñero F, Vazquez MP, Bare P, **Rohr C**, Mendizabal M, Sciara M, Alonso C, Fay F, Silva M. Case-control study highlights a different gut microbiome in cirrhotic patients with and without hepatocellular carcinoma. bioRxiv 125575; doi: <https://doi.org/10.1101/125575>.

CONFERENCE PROCEEDINGS

- Sookoian, S. C., Gianotti, T. F., Dopazo, H., **Rohr, C. O.**, Castano, G. O., Pirola, C. J. (2017, October). Search for Rare Mutations in Metabolic Pathways Associated with Nonalcoholic Fatty Liver Disease: The role of Glucokinase regulator (GCKR) Sequence Variation. In HEPATOLOGY (Vol. 66, pp. 1141A-1142A). 111 RIVER ST, HOBOKEN 07030-5774, NJ USA: WILEY.
- Mitochondrial Mutator-Phenotype May Be Related to Pathogenesis of Nonalcoholic Fatty Liver Disease: Insights from Deep Sequencing of Liver Mitochondrial Genomes. Pirola, C. J., Scian, R., **Rohr, C. O.**, Dopazo, H., Castano, G. O., Sookoian, S. (2015, October). Hepatology (Vol. 62, pp. 1288A-1288A)
- A Novel Epigenetic Landscape in the Biology of Nonalcoholic Fatty Liver Disease: The role of 5 Hydroxymethylcytosine and Sequence Variation in Ten-Eleven Translocation Family of Proteins. Carlos J. Pirola, Tomas Fernández Gianotti, Hernán Dopazo, **Cristian Rohr**, Gustavo O. Castaño, Silvia Sookoian. Hepatology 60-4-(SUPPL)-306A, 2014. Online ISSN: 1527-3350. DOI:10.1002/hep.27414.
- Variants in Long non-Coding RNAs (lncRNAs)-Genomic Regions may Contribute to Nonalcoholic Fatty Liver Disease Severity. Carlos J. Pirola, Tomas Fernández Gianotti, Hernán Dopazo, **Cristian Rohr**, Gustavo O. Castaño, Silvia Sookoian., Hepatology 60-4-(SUPPL)-305A 2014 Online ISSN: 1527-3350. DOI: 10.1002/hep.27414.

Presentaciones en Congresos

CHARLAS

- | | | |
|------|--|-----------------------------|
| 2017 | Héritas VISION: The challenge to develop the first Non Invasive Prenatal Testing (NIPT) Platform in Argentina , 8vo Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional (8CA2BC). 26-29 de Noviembre de 2017. | Posadas-Misiones, Argentina |
| 2014 | INSECT: Una herramienta para descomponer redes complejas de regulación génica , 1er ENCuentro DE ESTUDIANTES DE BIOINFORMATICA Y BIOLOGIA COMPUTACIONAL. 25 y 26 de Noviembre de 2014. Fundación Instituto Leloir | Buenos Aires, Argentina |
| 2013 | Bioinformatics annotation of Pycnoporus sanguineus BAFC 2126 transcriptome , 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 |

POSTERS

- | | | |
|------|---|-----------------------------|
| 2017 | Héritas VISION: The challenge to develop the first Non Invasive Prenatal Testing (NIPT) Platform in Argentina , 8vo Congreso Argentino de Bioinformática y Biología Computacional (8CA2BC). 26-29 de Noviembre de 2017. | Posadas-Misiones, Argentina |
| 2016 | Using Oxford Nanopore MinION technology to deeply explore metagenome functions in the Argentine Human microbiome dataset characterised by Illumina 16s metagenomics pipeline , 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 |
| 2013 | A Web Server for the Standardization of Molecular Diagnosis of Huntington's Disease in Latin America , 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 |
| 2013 | INSECT: IN-silico SEarch for Co-occurring Transcription factors , 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 |
| 2012 | Development of a bioinformatics strategy to search for genes involved in specific metabolic Pathways: The case of ESCs , Simposio "Fronteras en Biociencias". 22 al 25 de abril 2012. Polo científico tecnológico | Buenos Aires, Argentina |
| 2011 | Development of a bioinformatics strategy to search for genes involved in specific metabolic pathways: The case of ESCs , 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. | Cordoba, Argentina |

Becas Obtenidas

Beca de MAESTRÍA EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA PARA PROFESIONALES ARGENTINOS EN EL REINO DE ESPAÑA

PROGRAMA BEC.AR - PROGRAMA DE BECAS DE FORMACIÓN EN EL EXTERIOR EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA

2018

Ministerio de Educación - Presidencia de la Nación

BECA INTERNA DOCTORAL PARA TEMAS ESTRATEGICOS (CONICET)

LABORATORIO DE GENÓMICA MÉDICA Y EVOLUCIÓN - INSTITUTO DE ECOLOGÍA, GENÉTICA Y EVOLUCIÓN DE BUENOS AIRES (IEGEB-CONICET)

Abril 2013 - Abril 2016

Director: Dr. Hernan Dopazo

Beca Inicial en el Área de Bioinformática

LABORATORIO DE AGROBIOTECNOLOGÍA (FCEyN-UBA)

Septiembre 2011 - Marzo 2013

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.

Beca de extensión

FACULTAD DE INGENIERÍA, UNIVERSIDAD NACIONAL DE ENTRE RÍOS

2009 - 2010

"Optimización del uso de los laboratorios de ciencias: Experiencia de la localidad de Villa Valle María". Director: Mg. Andres Naudi.

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, BIOTECNÓLOGOS Y GENÉTICOS

Septiembre 2018

Third position Best Poster Award ISCB - LA - 2016

Buenos Aires

USING OXFORD NANOPORE MINION TECHNOLOGY TO DEEPLY EXPLORE METAGENOME FUNCTIONS IN THE ARGENTINE HUMAN MICROBIOME DATASET CHARACTERIZED BY ILLUMINA 16S METAGENOMICS PIPELINE

Noviembre 2016

Autores: **Cristian Rohr**, Bianca Brun, Mauricio Grisola, Mariela Sciara, Fabian Fay and Martin Vazquez

Visitas Científicas

Universitat Pompeu Fabra

Barcelona, España

2 MESES EN EL DEPARTAMENTO DE CIENCIAS EXPERIMENTALES Y DE LA SALUD. REFERENCIA DR. ARCADI NAVARRO

2014

Financiada por el proyecto DEANN de la convocatoria IRSES (Programa Marie Curie PIRSES-GA-2013-612583) del Séptimo Programa Marco de la Comisión Europea

Centro de Investigación Principe Felipe

Valencia, España

1 SEMANA EN EL LABORATORIO DE GENÉTICA COMPUTACIONAL. REFERENCIA DR. JOAQUÍN DOPAZO

2014

Financiada por el proyecto DEANN de la convocatoria IRSES (Programa Marie Curie PIRSES-GA-2013-612583) del Séptimo Programa Marco de la Comisión Europea

Habilidades Técnicas

LENGUAJES DE PROGRAMACIÓN

- R
- Perl
- php
- Python
- Bash

HIGH PERFORMANCE COMPUTING

- Manejo de Clusters SGE
- Amazon webservices: EC2, EBS, Glacier

OTROS

- git
- Shiny
- html
- mysql
- apache
- css
- UNIX
- javascript
- markdown

Proyectos

CoDNas

WWW.CODNAS.COM.AR

Implementación web. CoDNas es una base de datos de conformeros de proteínas, representa una colección de conformeros obtenidos experimentalmente.

INSECT 2

HTTP://BIOINFORMATICS.IBIOBA-MPSP-CONICET.GOV.AR/INSECT2/

Diseño, desarrollo e implementación. Actualización de INSECT, con un mayor número de herramientas y un incremento en la velocidad de búsqueda.

INSECT

HTTP://BIOINFORMATICS.IBIOBA-MPSP-CONICET.GOV.AR:84/INSECT/

Diseño, desarrollo e implementación. INSECT es un servidor web de libre acceso para el estudio de la regulación génica, mediante la unión de factores de transcripción a secuencias de ADN