

CRISTIAN ROHR

Data Scientist | Bioinformatician

@ cristianrohr768@gmail.com - cristianrohr@correo.ugr.es +34 667283297
Barrichuelo de Cartuja 15 - Piso 1 Puerta 1 Granada, ESPAÑA cristianrohr.github.io
in linkedin.com/in/cristianrohrbio github.com/cristianrohr



RESUMEN

Más de 8 años de experiencia en el análisis de datos, tanto en la industria donde formé parte de equipos interdisciplinarios en el área de medicina translacional liderando dos productos disponibles comercialmente, como así también en el ámbito de la investigación donde tengo un buen registro de publicaciones, presentaciones en congreso y experiencia docente.

Mis intereses se centran en la aplicación de técnicas de obtención, procesamiento y modelado de datos con aplicación en problemas prácticos.

EXPERIENCIA

Especialista Data Science / Líder Bioinformática

Héritas

Octubre 2018 - Actualidad Rosario, Argentina

Coordinación a distancia de dos personas que se desempeñan como Analistas en la Plataforma de Ciencia de Datos.

Data Scientist / Bioinformático

Héritas/INDEAR

Abril 2016 - Sept. 2018 Rosario, Argentina

- Desarrollo, implementación y puesta en producción de los algoritmos y modelos predictivos del test prenatal no invasivo Héritas VISION, y del test de microbioma intestinal Héritas MicroXplora.
- Desarrollo de herramientas y paquetes 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 pipelines de análisis genómicos en entornos de computo de alto rendimiento diversas aplicaciones de I+D internas de la empresa: metagenómica 16S, RNAseq, ensamblado de genomas bacterianos, genotipado por secuenciación.
- Análisis de secuencias de inserción en eventos transgénicos para su desregulación en mercados internacionales.

EXPERIENCIA ACADÉMICA

Asistente Investigación

Laboratorio de Genómica Médica y Evolución, FCEyN - UBA

Abril 2013 - Abril 2016 Buenos Aires, Argentina

Asistente de Investigación

Laboratorio de Agrobiotecnología - FCEyN, UBA

Septiembre 2011 - Marzo 2013 Buenos Aires, Argentina

EDUCACIÓN

MSc. Ciencia de Datos e Ingeniería de Computadores

Universidad de Granada, España

Octubre 2018 - Julio 2019 (Estimado)

- Programación para Ciencia de Datos
- Introducción a la Ciencia de Datos
- Minería de Datos Preprocesamiento y Clasificación
- Minería de Datos Aprendizaje no Supervisado y Detección de Anomalías
- Big Data 1
- Big Data 2
- Extracción de Características en Imágenes
- Minería de Datos Aspectos Avanzados
- Minería de Medios Sociales
- Técnicas de Soft Computing
- Sistemas de Recuperación de Información y Recomendación
- Aplicaciones de Ciencia de Datos
- Emprendimiento y Transferencia de Conocimiento

Lic. Bioinformática

Universidad Nacional de Entre Ríos, Argentina

Marzo 2006 - Diciembre 2010

HABILIDADES

R / Python / Perl / Bash / javascript

Machine learning / Big data

SQL / MongoDB

spark (scala) / pig / impala

SGE clusters / Amazon webservices

Liderazgo

Manejo de Presión

Resolución de problemas

IDIOMAS

Español



Inglés



DOCENCIA

Jefe de Trabajos Prácticos

Universidad de Buenos Aires

📅 2015

📍 Buenos Aires, Argentina

Curso de posgrado: "Genómica de poblaciones y enfermedades". Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN

Jefe de Trabajos Prácticos

Universidad de Buenos Aires

📅 2014

📍 Buenos Aires, Argentina

Curso de posgrado: "Genómica humana: variación, adaptación y poblaciones". Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN

Docente Invitado

RSG Argentina

📅 2012

Curso "Perl y Bioperl aplicado en bioinformática"

PRESENTACIONES EN CONGRESOS

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 Noviembre de 2017

📍 Posadas, Argentina

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 Noviembre de 2016

📍 Buenos Aires, Argentina

INSECT: Una herramienta para descomponer redes complejas de regulación génica

1er Encuentro de estudiantes de bioinformática y biología computacional

📅 25-26 Noviembre de 2014

📍 Buenos Aires, Argentina

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

📅 29-31 Octubre de 2013

📍 Rosario, Argentina

Bioinformatics annotation of *Pycnopus sanguineus* BAFC 2126 transcriptome

IV Argentinean Conference on Computational Biology and Bioinformatics & the IV Conference of the Iberoamerican Society for Bioinformatics

📅 29-31 Octubre de 2013

📍 Rosario, Argentina

DISTINCIONES



Diploma de Honor - Concejo Municipal de Rosario (2018)

Reconocimiento tarea para acelerar la detección de distintas enfermedades a partir de métodos bioquímicos, biotecnológicos y genéticos



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

BECAS OBTENIDAS

Programa BEC.AR

Financiada por Ministerio de Educación

📅 2018

Beca de Maestría en Ciencia y Tecnología para profesionales argentinos en el Reino de España.

Beca interna doctoral para temas estratégicos

Financiada por CONICET

📅 2013

Laboratorio de Genómica Médica y Evolución - Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires. Director: Dr. Hernan Dopazo.

Beca inicial en el Área de Bioinformática

Financiada por MINCyT-CYTED

📅 2011

Proyecto Genoma (MINCyT-CYTED). Laboratorio de Agrobiotecnología. FCEyN - UBA.

VISITAS CIENTÍFICAS

Proyecto DEANN, convocatoria IRSES

Programa Marie Curie PIRSES-GA-2013-612583

📅 Abril - Junio 2014 📍 Barcelona, España

- Universitat Pompeu Fabra. Departamento de Ciencias Experimentales y de la Salud
- Centro de Investigación Príncipe Felipe (Valencia). Laboratorio de Genética Computacional

PUBLICACIONES

Revistas internacionales

- Piñero, Federico, Martin Vazquez, et al. (2019). "A different gut microbiome linked to inflammation found in cirrhotic patients with and without hepatocellular carcinoma". In: *Annals of hepatology*.
- Gosso, Maria Florencia et al. (2018). "Exome-first approach identified novel INDELs and gene deletions in Mowat-Wilson Syndrome patients". In: *Human genome variation* 5.
- Pirola, Carlos J, Diego Flichman, et al. (2018). "A rare nonsense mutation in the glucokinase regulator gene is associated with a rapidly progressive clinical form of nonalcoholic steatohepatitis". In: *Hepatology communications* 2.9, pp. 1030–1036.
- Piñero, Federico, Martin P Vazquez, et al. (2017). "Case-control study highlights a different gut microbiome in cirrhotic patients with and without hepatocellular carcinoma". In: *bioRxiv*, p. 125575.
- Sookoian, Silvia, Cristian Rohr, et al. (2017). "Genetic variation in long noncoding RNAs and the risk of nonalcoholic fatty liver disease". In: *Oncotarget* 8.14, p. 22917.
- Monzon, Alexander Miguel et al. (2016). "CoDNAs 2.0: a comprehensive database of protein conformational diversity in the native state". In: *Database* 2016.
- Sookoian, Silvia, Gustavo O Castaño, et al. (2016). "Serum amino-transferases in nonalcoholic fatty liver disease are a signature of liver metabolic perturbations at the amino acid and Krebs cycle level, 2". In: *The American journal of clinical nutrition* 103.2, pp. 422–434.
- Sookoian, Silvia, Diego Flichman, et al. (2016). "Mitochondrial genome architecture in non-alcoholic fatty liver disease". In: *The Journal of pathology* 240.4, pp. 437–449.
- "Epigenetic Modifications in the Biology of Nonalcoholic Fatty Liver Disease: The Role of DNA Hydroxymethylation and TET Proteins" (2015). In: *Medicine (Baltimore)* 94.36, e1480.
- Parra, R Gonzalo et al. (2015). "INSECT 2.0: a web-server for genome-wide cis-regulatory modules prediction". In: *Bioinformatics* 32.8, pp. 1229–1231.
- Pirola, Carlos J, Romina Scian, et al. (2015). "mitochondrial Mutator-phenotype May Be Related to Pathogenesis of Nonalcoholic Fatty Liver Disease: Insights from Deep Sequencing of Liver Mitochondrial Genomes: 2217". In: *Hepatology* 62, 1288A.
- Pirola, Carlos J, Tomas Fernández Gianotti, et al. (2014a). "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: 215". In: *Hepatology* 60, 306A–307A.
- – (2014b). "variants in Long non-coding Rnas Incrnas-genomic Regions may Contribute to Nonalcoholic Fatty Liver Disease Severity". In: *Hepatology* 60, 305A.
- Rohr, Cristian O, Laura N Levin, et al. (2013). "A first insight into *Pyrenoporus sanguineus* BAFC 2126 transcriptome". In: *PloS one* 8.12, e81033.
- Rohr, Cristian O, R Gonzalo Parra, et al. (2013). "INSECT: IN-silico SEarch for Co-occurring Transcription factors". In: *Bioinformatics* 29.22, pp. 2852–2858.

CURSOS

Human Genome Tour 2016: From NGS Technologies to Evolutionary and medical Genomics. 120 horas

[Institut Pasteur de Montevideo](#)

 2016

Genética de Poblaciones Parte II: Genética Cuantitativa. 119 horas

[FCEyN - UBA, Argentina](#)

 2015

Genética de Poblaciones Parte I: Caracteres Discretos. 170 horas

[FCEyN - UBA, Argentina](#)

 2015

Introducción al Análisis de Datos Genéticos con R. 90 horas

[FCEyN - UBA, Argentina](#)

 2014

RNAseq and functional annotation. 24 horas

[FCEyN - UBA, Argentina](#)

 2013

Assembly and Assembly Validation of NGS reads.

[CIFASIS - CONICET, Argentina](#)

 2013

Lenguaje R aplicado a la Bioinformática.

[Facultad de Ingeniería, Universidad de Entre Ríos](#)

 2012