Nicolás Bellora Pereyra

Fecha de Nacimiento: 1 de Diciembre de 1968
Nacionalidad: Argentina
Correo electrónico: nbellora@comahue-conicet.gob.ar
ORCID: 0000-0001-6637-3465

Situación laboral actual

Organismo: IPATEC – CONICET
Dpto./Centro: Departamento de Microbiología – Universidad del Comahue
Dirección: Quintral 1250, 8400 Bariloche, Argentina
Teléfono: +54 294 4521224
Categoría profesional: Investigador asistente
Fecha inicio: Septiembre del 2013
Espec. cód. UNESCO: 2409 Genética
Palabras clave: Bioinformática – Genómica

Estudios

Licenciatura en Biología, especialidad en Biotecnología.
Universidad de Barcelona (UB), España. 09/2003

Advanced Study Diploma (DEA).
Universitat Pompeu Fabra (UPF), España. 07/2006

Doctorado en Biología, especialización en Bioinformática.
Universitat Pompeu Fabra (UPF), España. 03/2010

Trayectoria Profesional

Doctorando en el grupo Evolutionary Genomics del laboratorio de Genómica Computacional de la Universitat Pompeu Fabra a cargo de la Dra. Mar Alba.

Postdoc en el grupo Regulatory Genomics del laboratorio de Genómica Computacional de la Universitat Pompeu Fabra a cargo del Dr. Eduardo Eyras.

Investigador del CONICET (INIBIOMA - IPATEC) en el Laboratorio de Microbiología Aplicada y Biotecnología de la Universidad Nacional del Comahue, Bariloche, Argentina.

Principales líneas de investigación

Caracterización de regiones reguladoras de expresión génica en organismos eucariotas. Predicción de sitios de unión de factores transcripción en relación con grupos de genes co-regulados. Identificación de factores implicados en la regulación transcripcional de herpesvirus y genes del sistema inmunitario humano. Caracterización de la arquitectura de promotores de genes de expresión ubicua (housekeeping genes) y de expresión restrictiva en tejidos de ratón. Determinación de las dependencias en la estructura secundaria de elementos IRES (Internal Ribosome Entry Site). Ensamblaje genómico de reads de DNA en levadura obtenidos por técnicas de Next-generation sequencing. Análisis de expresión y splicing diferencial utilizando RNA-seq de diferentes condiciones de cultivo, compartimientos o tipos celulares. Inferencia de isoformas y splicing alternativo basada en RNA-seq. Aplicación de técnicas no-supervisadas de machine learning en experimentos de ChIP-seq para obtener modelos predictivos. Determinación de motivos de unión de proteínas a ARN utilizando datos de secuenciación de CLIP-seq. Ensamblaje y anotación de genomas de levaduras ascomicetes y basidiomicetes aisladas de ambientes naturales y con potenciales aplicaciones biotecnologicas. Anáĺisis metagenómicos de muestras de suelo. Integración de experimentos de DNA-seq, RNA-seq y ChIP-seq para modelizar circuitos de regulación génica y sus determinar sus variantes en el proyecto de Ritmos Circadianos en Levaduras: bases genéticas, valor adaptativo y su aplicación en procesos biotecnológicos.

Publicaciones relevantes

Llorian M.*, Gooding C.*, Bellora N.*, Hallegger M.*, Buckroyd A., Wang X., Rajgor D., Kayikci M., Feltham J., Ule J., Eyras E., Smith, C.W.J.
The alternative splicing program of differentiated smooth muscle cells involves concerted non-productive splicing of post-transcriptional regulators. *Nucleic Acids Research,* Gkw560 (2016).

Agirre, E.*, Bellora, N.*, Alló, M.*, Pagès, A., Bertucci, P., Kornblihtt, A. R., Eyras, E.
A chromatin code for alternative splicing involving a putative association between CTCF and HP1α proteins. *BMC biology*, *13*(1), 31 (2015).

Baker, E., Wang, B., Bellora, N., Peris, D., Hulfachor, A. B., Koshalek, J. A., Adams M, Libkind D, Hittinger, C. T.
The genome sequence of Saccharomyces eubayanus and the domestication of lager-brewing yeasts.
Molecular biology and evolution, *32*(11), 2818-2831 (2015).

Trilling M*, Bellora N*, Rutkowski AJ, de Graaf M, Dickinson P, Robertson K, Prazeres da Costa O, Ghazal P, Friedel CC, Albà MM, Dölken L.
Deciphering the modulation of gene expression by type I and II interferons combining 4sU-tagging, translational arrest and in silico promoter analysis.
Nucleic Acids Research, 41(17):8107-25 (2013).

Toll-Riera, M., Castelo, R., Bellora, N., and Alba, M. M.
Evolution of primate orphan proteins.
Biochem Soc Trans, 37(Pt 4):778–782 (2009).

Bellora, N., Farré, D., Albà, M.M.
Positional bias of general and tissue-specific regulatory motifs in mouse gene promoters.
BMC Genomics, 8:459 (2007).

Participación en proyectos actuales

Título del proyecto: Levaduras poli-extremófilas en Argentina: Conservación y Aplicaciones Biotecnológicas
Entidad financiadora: PIP 2014-2016 GI
Duración: 2016-2019
Cuantía de la subvención: 465.000$
Director: Diego Libkind.

Título del proyecto: Genómica poblacional y transcriptómica de levaduras nativas de alto valor biotecnológico (Phaffia y Saccharomyces)
Entidad financiadora: PICT-2014-2542
Duración: 2015-2018
Cuantía de la subvención: 600.000$
Investigador responsable: Diego Libkind.
Grupo Responsable: Nicolás Bellora.