

Curriculum Vitae (abreviado)

Leandro R. Jones

17 de mayo de 2018

Formación

- 2003-2005. Post-Doc, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Lugar de trabajo: INTA-Castelar.
- 1999-2003. Doctor en Ciencias Naturales, Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo.
- 1993-1997. Licenciado en Biología, Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo.

Cargos en Investigación

- Investigador Independiente. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Continúa.
- Research Scholar. New England Primate Research Center; Harvard University. 2008.

Cargos docentes

- Profesor Adjunto Regular por concurso. Asignatura *Genética y Evolución*, Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud (FCNyCS), Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB). Desde 6/7/09.
- Profesor Adjunto Interino. Asignatura *Virología General*, FCNyCS, UNPSJB. Desde 1/1/17.

Publicaciones (últimos 5 años)

- Calvo AY, Manrique JM & Jones LR. 2018. *Rare unclassified 16S rRNA OTUs from the uncharted Engaño Bay (Argentinean Patagonia)*. Canadian Journal of Microbiology 64:91-96.
- Manrique JM, Uyua NM, Bauer GA, Santinelli NH, Ayestarán MG, Sala SE, Sastre AV, Jones LR & Whitton BA. 2017. *Nuisance Didymosphenia geminata blooms in the Argentinean Patagonia: status and current research trends*. Aquatic Ecosystem Health & Management 20:361-368.

- Parra M, Laufer N, Manrique JM, Jones LR & Quarleri J. 2017. *Phylogenetic diversity in Core region of hepatitis C virus genotype 1a as a factor associated with fibrosis severity in HIV-1-coinfected patients* BioMed Research International, Article ID 1728456, doi:10.1155/2017/1728456.
- Manrique JM & Jones LR. 2017. *Are ocean currents too slow to counteract SAR11 evolution? A next-generation sequencing, phylogeographic analysis.* Molecular Phylogenetics and Evolution 107:324-337.
- Jones LR, Sede M, Manrique JM & Quarleri J. 2016. *Hepatitis B virus resistance substitutions: long-term analysis by next generation sequencing.* Archives of Virology 161:2885-2891.
- Sede M, Parra M, Manrique JM, Laufer N, Jones LR & Quarleri J. 2016. *Evolution of hepatitis C virus in HIV coinfecting patients under antiretroviral therapy.* Infection Genetics and Evolution 43:186-196.
- Verna AE, Pérez SE, Manrique JM, Leunda MR, Odeón AC, Jones LR. 2016. *Comparative study on the in vitro replication and genomic variability of Argentinean field isolates of bovine herpesvirus type 4 (BoHV-4)* Virus Genes 52:372-378.
- Jones LR, Sede M, Manrique JM & Quarleri J. 2016. *Virus evolution during chronic hepatitis B virus infection as revealed by ultra-deep sequencing data.* Journal of General Virology 97:435-444.
- González Altamiranda E, Manrique JM, Pérez SE, Ríos GL, Odeón A, Leunda MR, Jones LR & Verna A. 2015. *Molecular Characterization of the First Bovine Herpesvirus 4 (BoHV-4) Strains Isolated from In Vitro Bovine Embryos production in Argentina.* PLoS One 10:e0132212.
- Jones LR, Uyua NM & Manrique JM. 2015. *The peril of PCR inhibitors in environmental samples: the case of Didymosphenia geminata.* Biodiversity and Conservation 24:1541-1548.
- Sede MM*, Jones LR*, Moretti F, Laufer N, Quarleri J. 2014. *Inter and intra-host variability of hepatitis C virus genotype 1a hypervariable envelope coding domains followed for a 4-11 year of human immunodeficiency virus coinfection and highly active antiretroviral therapy.* Virology 471-473:19-28. * Contribución equivalente.
- Sede MM, Moretti FA, Laufer NL, Jones LR*, Quarleri JF*. 2014. *HIV-1 Tropism Dynamics and Phylogenetic Analysis from Longitudinal Ultra-Deep Sequencing Data of CCR5- and CXCR4-Using Variants.* PLoS One 9(7):e102857. * Contribución equivalente.
- Uyua NM, Manrique JM, Jones LR. 2014. *An optimized DNA extraction protocol for benthic Didymosphenia geminata.* Journal of Microbiological Methods 104:12-18.
- Manrique JM, & Jones LR. 2014. *Genetic data generated from virus-host complexes obtained by Membrane Co-Immobilization are equivalent to data obtained from tangential filtrate virus concentrates and virus cultures.* Virus Genes 48:160-167.
- D'Alessandro CP, Jones LR, Humber RA, López-Lastra CC, & Sosa-Gomez DR. 2014. *Characterization and phylogeny of Isaria spp. strains (Ascomycota: Hypocreales) using ITS1-5.8S-ITS2 and elongation factor 1-alpha sequences.* Journal of Basic Microbiology 54:S21-S31.

Participación en Reuniones Científicas

64 presentaciones a Congesos y Reuniones Científicas nacionales e internacionales.

Participación en Proyectos como Investigador Responsable

- PICT 2014-3345 Dispersión de la microalga invasora *Didymosphenia geminata*: un enfoque molecular.
- UNPSJB 10/C319. Enterovirus y Ficodnavirus del Valle Inferior del Río Chubut.
- PIP 11220130100255CO CONICET. El Valle Inferior del Río Chubut como modelo para el estudio de los virus acuáticos: enterovirus y ficodnavirus.
- PICT-PRH 2008-126. Agencia Nacional de Promociones Científicas. Aproximación al metagenoma viral de la desembocadura del Río Chubut.
- PIP 11420090100254. CONICET. Evaluación virológica de las aguas del Río Chubut: virus de la hepatitis E, enterovirus y poliomavirus.