



Corso di dottorato in Scienze Biomolecolari
PhD in Biomolecular Sciences
Ciclo 41 / Cycle 41
A.Y. 2025-2026

Borse a tematica vincolata / Reserved scholarships and fellowships

B	Analisi metagenomica estesa a livello di ceppo per esplorare le relazioni tra microbiomi alimentari, umani e animali / <i>Extensive strain-level metagenomic analysis to explore the relationships between food, human, and animal microbiomes</i>
C	Metagenomica computazionale ad alta risoluzione per lo studio della trasmissione del microbioma umano / <i>High-resolution computational metagenomics for the study of the transmission of the human microbiome</i>
D	Studiare il Medulloblastoma usando organoidi umani / <i>Studying Medulloblastoma using human organoids</i>
E	Analisi computazionale della regolazione post-trascrizionale in cancro / <i>Computational analysis of posttranscriptional regulation in cancer</i>
F	Meccanismi epigenetici coinvolti nella progressione dei tumori epatici e nella metastatizzazione / <i>Epigenetic mechanisms involved in liver tumour progression and metastasis formation</i>
G	Ruolo dei complessi Polycomb nel mantenimento della staminalità e nella progressione dei tumori / <i>Role of Polycomb complexes in stem cell maintenance and tumour formation</i>
H	Metodologie bioinformatiche per comprendere il ruolo dei granuli di RNA nel cancro / <i>Bioinformatics approaches to understanding RNA granule function in cancer</i>



Scholarship B

Extensive strain-level metagenomic analysis to explore the relationships between food, human, and animal microbiomes
Analisi metagenomica estesa a livello di ceppo per esplorare le relazioni tra microbiomi alimentari, umani e animali
Funded by: University of Trento – Department CIBIO Laboratory of Computational Metagenomics (https://www.cibio.unitn.it/147/laboratory-of-computational-metagenomics)
Principal Investigator: Nicola Segata (nicola.segata@unitn.it)
Synthetic description of the activity and expected research outcome The project is part of the "UE HE DOMINO Segata" GA n. 101060218 CUP E63C22003040006 and will focus on the analysis of metagenomic data obtained from fermented foods and from human gut samples. The overall aim of DOMINO is to attribute health benefits to traditional fermented food, whilst developing novel fermented foods which address the changing societal demands. The researcher will conduct a detailed, strain-level analysis of food microbiomes with the aim to investigate the relationships between food-associated microbes and human/animal microbiomes to understand their potential impact on health.
Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi Il progetto fa parte del "UE HE DOMINO Segata" GA n. 101060218 CUP E63C22003040006 e si concentrerà sull'analisi dei dati metagenomici ottenuti da alimenti fermentati e da campioni di intestino umano. L'obiettivo generale di DOMINO è attribuire benefici per la salute agli alimenti fermentati tradizionali, sviluppando al contempo nuovi alimenti fermentati che rispondano alle mutevoli esigenze della società. Il ricercatore condurrà un'analisi dettagliata a livello di ceppo dei microbiomi alimentari con l'obiettivo di indagare le relazioni tra microbi associati agli alimenti e microbiomi umani/animali per comprendere il loro potenziale impatto sulla salute.
Candidate's profile (skills and competencies) Master of Science degree in Bioinformatics, Computer Science, Computational Biology, Biotechnology, or Microbiology.
Profilo del/la candidato/a Laurea Magistrale in Bioinformatica, Informatica, Biologia Computazionale, Biotecnologia o Microbiologia.

Scholarship C

High-resolution computational metagenomics for the study of the transmission of the human microbiome
Metagenomica computazionale ad alta risoluzione per lo studio della trasmissione del microbioma umano
Funded by: University of Trento – Department CIBIO Laboratory of Computational Metagenomics (https://www.cibio.unitn.it/147/laboratory-of-computational-metagenomics)
Principal Investigator: Nicola Segata (nicola.segata@unitn.it)
Synthetic description of the activity and expected research outcome The research program is part of the project "UE HE ERC microTOUCH Segata" GA n. 101045015 CUP E63C22001400006. The researcher will develop computational methods for the characterization of the human microbiome from metagenomic data. The developed method will need to reach the resolution of single microbial strains and will involve the bacteria, fungal, and viral components of the microbiome. The methods will be applied on metagenomic data from several datasets and cohorts to investigate the person-to-person horizontal transmission of microbial strains and how such transmission could be associated with noncommunicable diseases. The developed methods will be released open source for the community and the data analysis part will involve new cohorts generated within the microTOUCH project as well as from external projects and public repositories.
Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi Il programma di ricerca fa parte del progetto "UE HE ERC MICROTOUCH Segata" GA n. 101045015 CUP E63C22001400006. Il ricercatore svilupperà metodi computazionali per la caratterizzazione del microbioma umano da dati metagenomici. Il metodo sviluppato dovrà ottenere la risoluzione dei singoli ceppi microbici e coinvolgerà i componenti batterici, fungini e virali del microbioma. I metodi saranno applicati su



dati metagenomici provenienti da diversi dataset e coorti per investigare la trasmissione orizzontale da persona a persona di ceppi microbici e come tale trasmissione potrebbe essere associata a malattie non trasmissibili. I metodi sviluppati saranno resi open source per la comunità e la parte di analisi dei dati coinvolgerà nuove coorti generate all'interno del progetto MICROTOUCH così come da progetti esterni e repository pubblici.

Candidate's profile (skills and competencies)

Master of Science degree in Bioinformatics, Computer Science, Computational Biology, Biotechnology, or Microbiology.

Profilo del/la candidato/a

Possesso di Laurea magistrale in Bioinformatica, Informatica, Biologia computazionale e Biotecnologie, Microbiologia.

Scholarship D

Studying Medulloblastoma using human organoids

Funded by: University of Trento – Department CIBIO

Armenise-Harvard Laboratory of Brain Disorders and Cancer (<https://www.cibio.unitn.it/495/armenise-harvard-laboratory-of-brain-disorders-and-cancer>)

Principal Investigator: Luca Tiberi (luca.tiberi@unitn.it)

Synthetic description of the activity and expected research outcome

Brain tumors currently kill more children than any other type of cancer. Among children/infant brain tumors, Medulloblastoma (MB) is the most common and stands as a cause for a high percentage of morbidity and mortality among cancer patients. During the past few years, studies on human MB have uncovered the existence of four major MB groups, with specific pathological and molecular features: WNT, SHH, Group3 and Group4. Patients with Group4 MB represent the 40-45% of all MBs patients and nearly 40% are metastatic at the time of diagnosis. Our laboratory and several other groups have created mouse models for WNT, SHH and Group3 MB, but there is only one putative mouse model of Group4 MB. Recently, thanks to NGS data of human MB samples, it was possible to unmask (only in silico) novel putative oncosuppressors and oncogenes in Group4 MB. Human and mouse cerebellum are evolutionary different in fact, certain human progenitors are not present in mouse brain. Therefore, it is essential to recapitulate the Medulloblastoma not only in mouse models but also in human cerebellar neural stem cells. However, an organoid model for Group4 MB is still lacking. Therefore, the pediatric oncology field urgently requires novel Group4 MB human organoids models to study the possible human specific features of this tumor.

Candidate's profile (skills and competencies)

Previous experience with human iPSC and brain organoid production.

Scholarship E

Computational analysis of posttranscriptional regulation in cancer

Analisi computazionale della regolazione post-trascrizionale in cancro

Funded by: University of Trento – Department CIBIO

Laboratory of RNA Regulatory Networks (<https://www.cibio.unitn.it/1096/rna-regulatory-networks>)

Laboratory of Transcriptional Networks (<https://www.cibio.unitn.it/85/laboratory-of-transcriptional-networks>)

Principal Investigator: Erik Dassi (erik.dassi@unitn.it) & Alberto Inga (alberto.inga@unitn.it)

Synthetic description of the activity and expected research outcome

societal demands.

The researcher will perform a comprehensive examination of the microbiome present in various food sources, delving deeply into the them with the data from other projects and from public sources. Furthermore, the researcher will explore the connections between food-associated



microbial communities and the microbiomes of humans and animals with the final goal of understanding the potential impact on human and animal health.

Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi

Il progetto rientra nel progetto "UE HE DOMINO Segata" GA n. 101060218 CUP E63C22003040006 e si concentrerà sull'analisi dei dati di esseri umani e animali con l'obiettivo finale di comprendere il potenziale impatto sulla salute umana e animale.

Candidate's profile (skills and competencies)

Master of Science degree in Bioinformatics, Computer Science, Computational Biology, Biotechnology, or Microbiology.

Profilo del/la candidato/a

Possesso di Laurea magistrale in Bioinformatica, Informatica, Biologia computazionale e Biotecnologie, Microbiologia.

Scholarship F

Epigenetic mechanisms involved in liver tumour progression and metastasis formation

Meccanismi epigenetici coinvolti nella progressione dei tumori epatici e nella metastatizzazione

Funded by: University of Trento – Department CIBIO

Laboratory of Stem Cells and Cancer Genomics (<https://www.cibio.unitn.it/956/laboratory-of-stem-cells-and-cancer-genomics>)

Principal Investigator: Fulvio Chiacchiera (fulvio.chiacchiera@unitn.it)

Synthetic description of the activity and expected research outcome

Liver tumours are among the most frequent and deadliest malignancies worldwide. For early-stage patients, surgical resection and liver transplantation are the only curative options while no curative pharmacological approaches exist for advanced-stage diseases. Intrahepatic and extrahepatic metastasis are frequently observed. Lungs are the most frequently observed distal site that can be colonized by liver tumor cells. For most of the tumors, metastasis dissemination is an early event indicating that gradual accumulation of mutations during tumor growth is largely insufficient to explain cell dissemination and metastasis formation. These data suggest that metastatic potential is the result of an adaptive response to specific local or systemic environmental pressures largely driven by epigenetics mechanisms. The possibility to identify potentially metastatic clones already present in the primary tumors and understand which epigenetic modifications promote the distal spreading of these cells, or activation of dormant lesions, would be a turning point for prognosis and therapy.

Aim

The goal of this project is to characterize the epigenetic alterations that involved in metastasis formation during the entire dissemination process, from primary tumors to lung metastasis, including circulating tumour cells.

Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi

Mentre per i pazienti con tumori a stadi iniziali la terapia chirurgica o il trapianto d'organo possono rivelarsi risolutivi, per pazienti con tumori a stadi avanzati non esiste attualmente una terapia farmacologica curativa. Metastasi intra- ed extra-epatiche sono spesso osservate. Il sito di metastatizzazione preferenziale è rappresentato dai polmoni. Per molti tumori, la formazione di metastasi è un evento relativamente precoce e ciò dimostra come il progressivo accumulo di mutazioni osservato durante la progressione tumorale non sia sufficiente a spiegare il processo di metastatizzazione. Ciò suggerisce che la capacità di metastatizzare è una caratteristica già presente nel tumore primario che si sviluppa a seguito dell'attivazione di risposte adattative a specifiche pressioni selettive esercitate localmente o a livello sistemico, le quali sono largamente dipendenti da alterazioni nel profilo epigenetico. Da un punto di vista prognostico e terapeutico, la possibilità di identificare cloni potenzialmente metastatizzanti quando ancora nel tumore primario e comprendere quali meccanismi epigenetici sono coinvolti nel processo di metastatizzazione rappresenterebbe una vera e propria svolta.

Scopo del progetto

Lo scopo di questo progetto è caratterizzare i meccanismi epigenetici coinvolti durante l'intero processo di formazione delle metastasi, dal tumore primario al sito di metastatizzazione e le cellule tumorali circolanti.

Candidate's profile (skills and competencies)

We are looking for passionate and curious open-minded candidates able to take risks and willing to fail. A mental attitude tuned towards problem solving and to collaborative work is required. He/she should hold a master's degree in biology, biotechnology, medicine, or related fields. Experience in topics such as genomic and epigenomics, mouse genetics, or histology, is preferred but is not mandatory. Willingness to work in vivo and strong ethical values are mandatory.



Profilo del/la candidato/a

Cerchiamo persone appassionate e curiose, con una mentalità aperta ed in grado di assumersi rischi e sopportare i relativi possibili fallimenti. Un approccio mentale orientato alla capacità di risolvere problematiche di diverso genere e spiccate capacità collaborative sono caratteristiche indispensabili. Al momento dell'inizio del dottorato è necessario che il/la candidato/a abbia conseguito una laurea magistrale in scienze biologiche, biotecnologie, medicina o discipline affini. Esperienze in campi quali la genomica e l'epigenomica, mouse genetics, o analisi istologiche saranno valutate positivamente ma non sono indispensabili. La disponibilità a lavorare in vivo e un forte senso etico sono indispensabili.

Scholarship G

Role of Polycomb complexes in stem cell maintenance and tumour formation

Ruolo dei complessi Polycomb nel mantenimento della staminalità e nella progressione dei tumori

Funded by: University of Trento – Department CIBIO

Laboratory of Stem Cells and Cancer Genomics (<https://www.cibio.unitn.it/956/laboratory-of-stem-cells-and-cancer-genomics>)

Principal Investigator: Fulvio Chiacchiera (fulvio.chiacchiera@unitn.it)

Synthetic description of the activity and expected research outcome

Polycomb complexes are evolutionary-conserved, chromatin-associated, multiprotein complexes required to preserve transcriptional repression during development and differentiation. They play a fundamental role in establishing and maintaining cell identity and for this reason they can be found deregulated in different tumours. While they have been intensively studied several crucial aspects of their activities have to be still fully clarified.

Aim

The goal of this project is to characterize the role of specific Polycomb complexes in preserving stem cell identity and during tumor formation.

Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi

I complessi Polycomb sono complessi multiproteici associati alla cromatina, evolutivamente conservati, necessari per mantenere la repressione trascrizionale durante lo sviluppo e la differenziazione. Essi rivestono un ruolo fondamentale nell'instaurare e mantenere l'identità cellulare e per questa ragione possono risultare deregolati in diversi tumori. Sebbene siano stati studiati intensamente, diversi aspetti cruciali delle loro attività devono ancora essere completamente chiariti.

Scopo del progetto

Lo scopo di questo progetto è caratterizzare il ruolo di specifici complessi Polycomb nel mantenimento dell'identità di cellule staminali e durante la progressione tumorale.

Candidate's profile (skills and competencies)

We are looking for passionate and curious open-minded candidates able to take risks and willing to fail. A mental attitude tuned towards problem solving and to collaborative work is required. He/she should hold a master's degree in biology, biotechnology, medicine, or related fields. Experience in topics such as genomic and epigenomics and with cell culture biochemistry and molecular biology is preferred but is not mandatory. Strong ethical values are mandatory.

Profilo del/la candidato/a

Cerchiamo persone appassionate e curiose, con una mentalità aperta ed in grado di assumersi rischi e sopportare i relativi possibili fallimenti. Un approccio mentale orientato alla capacità di risolvere problematiche di diverso genere e spiccate capacità collaborative sono caratteristiche indispensabili. Al momento dell'inizio del dottorato è necessario che il/la candidato/a abbia conseguito una laurea magistrale in scienze biologiche, biotecnologie, medicina o discipline affini. Esperienze in campi quali la genomica e l'epigenomica, le colture cellulari e tecniche di biochimica e biologia molecolare saranno valutate positivamente ma non sono indispensabili. Un forte senso etico è indispensabile.

Scholarship H

Bioinformatics approaches to understanding RNA granule function in cancer



Metodologie bioinformatiche per comprendere il ruolo dei granuli di RNA nel cancro
Funded by: Fondazione IRCCS Ca' Granda Ospedale Maggiore Policlinico
Principal Investigator: Giulia Biancon & Toma Tebaldi (toma.tebaldi@unitn.it)
Synthetic description of the activity and expected research outcome The aim of the project is to apply multi-omics approaches to investigate and target dysregulations of ribonucleoprotein (RNP) granules, condensates of RNAs and RNA binding proteins, in the context of in blood cancer. Splicing factor mutations are a hallmark of myelodysplastic syndromes (MDS) and acute myeloid leukemia (AML). U2AF1 and SRSF2 mutations, in particular, affect binding and splicing of thousands of RNA molecules. Changes in RNP granules are the result of the collection of RNA alterations caused by splicing factor mutations and could represent a unifying oncogenic mechanism sustaining the clonal advantage of mutant cells in the bone marrow microenvironment. The PhD student will work combining multiple high resolution omics (including single-cell sequencing, proteomics and proximity labeling data) to: a) identify the key forces behind alterations in RNP granules in normal hematopoiesis and under disease-associated conditions, b) understand the link between splicing factor mutations and changes in RNP granules. This research project is part of a collaboration with the Hematology Unit of Fondazione IRCCS Ca' Granda Ospedale Maggiore Policlinico, Milan, Italy, headed by Prof Francesco Passamonti. The successful candidate will be sponsored by the AIRC Start-Up Grant with Dr Giulia Biancon as Principal Investigator and will be co-mentored by Dr Toma Tebaldi and Dr Giulia Biancon. The successful candidate will be enrolled into the University of Trento PhD program and will conduct their work at University of Trento. The PhD student will also benefit from a trans-disciplinary collaboration with the Yale School of Medicine.
Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi L'obiettivo del progetto è applicare approcci multi-omici per studiare la disregolazione dei granuli ribonucleoproteici (RNP), condensati di RNA e proteine leganti l'RNA, nel contesto del cancro del sangue. Le mutazioni dei fattori di splicing sono un segno distintivo delle sindromi mielodisplastiche (MDS) e della leucemia mieloide acuta (AML). Le mutazioni di U2AF1 e SRSF2, in particolare, influenzano il legame e lo splicing di migliaia di molecole di RNA. I cambiamenti nei granuli RNP sono il risultato dell'accumulo di alterazioni dell'RNA causate dalle mutazioni dei fattori di splicing e potrebbero rappresentare un meccanismo oncogenico unificante che sostiene il vantaggio clonale delle cellule mutate nel microambiente del midollo osseo. Lo studente di dottorato lavorerà combinando molteplici approcci omici ad alta risoluzione (inclusi il sequenziamento a singola cellula, la proteomica e i dati di "proximity labeling") per: a) identificare gli elementi chiave alla base delle alterazioni nei granuli RNP nell'emopoiesi normale e in condizioni associate alla malattia, b) comprendere il legame tra le mutazioni dei fattori di splicing e i cambiamenti nei granuli RNP. Questo progetto di ricerca fa parte di una collaborazione con l'Unità di Ematologia di Fondazione IRCCS Ca' Granda Ospedale Maggiore Policlinico, Milano, Italia, diretta dal Prof. Francesco Passamonti. Il candidato selezionato sarà sostenuto Grant AIRC Start-Up assegnato alla Dr.ssa Giulia Biancon e avrà come co-mentor il Professor Toma Tebaldi e la Dottoressa Giulia Biancon. Il candidato selezionato sarà iscritto al programma di dottorato dell'Università di Trento e condurrà il proprio lavoro presso l'Università di Trento. Lo studente di dottorato beneficerà inoltre di una collaborazione transdisciplinare con la Yale School of Medicine.
Candidate's profile (skills and competencies) The ideal candidate is a highly motivated researcher with expertise in computational biology and a proven aptitude for exploring intricate data.
Profilo del/la candidato/a Il profilo ideale è quello di un ricercatore fortemente motivato, con esperienza in biologia computazionale e una comprovata predisposizione all'analisi di dati complessi.