



**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>B</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><br>UE Horizon Europe DOMINO - GA n. 101060218 - CUP n. E63C22003040006                                                                                                                                               |
| <b>C</b> | 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><br>UE HE ERC MICROTOUCH Segata" GA n. 101045015 CUP E63C22001400006                                                                                                                                                                                 |
| <b>D</b> | Studiare il Medulloblastoma usando organoidi umani / <i>Studying Medulloblastoma using human organoids</i><br>AIRC IG 2022, CUP n. E63C22003170007                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| <b>E</b> | Analisi computazionale della regolazione post-trascrizionale in cancro / <i>Computational analysis of posttranscriptional regulation in cancer</i><br>UE H2020 MSCA ITN ROPES Dassi – G.A. 956810 – CUP E62F20000270005 e AIRC IG 2021 – IG 25849 – CUP E65F21004520007                                                                                                                                                                                                 |
| <b>F</b> | Meccanismi epigenetici coinvolti nella progressione dei tumori epatici e nella metastatizzazione / <i>Epigenetic mechanisms involved in liver tumour progression and metastasis formation</i><br>AIRC IG 2024, CUP E63C24002140007                                                                                                                                                                                                                                      |
| <b>G</b> | 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><br>AIRC IG 2024, CUP E63C24002140007                                                                                                                                                                                                                                                  |
| <b>H</b> | Metodologie bioinformatiche per comprendere il ruolo dei granuli di RNA nel cancro / <i>Bioinformatics approaches to understanding RNA granule function in cancer</i>                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| <b>I</b> | Sviluppo di una dieta sana per il microbioma per migliorare l'invecchiamento cognitivo e la salute del cervello / <i>Development of a microbiome-healthy diet to improve cognitive ageing and brain health</i><br>ERA4Health Joint Transnational – NutriBrain "Development of a microbiome-healthy diet to improve cognitive ageing and brain health-MIHEALTHYDIET" CUP E63C24002600006                                                                                 |
| <b>J</b> | In vivo study of the ribosome-associated quality control and its role in neurodegeneration                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| <b>K</b> | Sintesi di una protocellula in evoluzione / <i>Synthesis of an evolving protocell</i>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| <b>L</b> | Analisi filogenetiche su larga scala per lo studio dell'evoluzione delle specie del microbioma umano / <i>Large-scale phylogenetic analysis to study the evolution of human microbiome species</i><br>MicroPENCD "Large-scale phylogenetic analysis to study the evolution of human microbiome species / Analisi filogenetiche su larga scala per lo studio dell'evoluzione delle specie del microbioma umano" - CUP: E53C25000400001 - Codice Progetto: FIS-2023-03427 |
| <b>M</b> | The CHRIS Microbiome                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |



## Scholarship B

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Extensive strain-level metagenomic analysis to explore the relationships between food, human, and animal microbiomes</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| <b>Analisi metagenomica estesa a livello di ceppo per esplorare le relazioni tra microbiomi alimentari, umani e animali</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| <b>Funded by:</b> University of Trento – Department CIBIO<br>Laboratory of Computational Metagenomics ( <a href="https://www.cibio.unitn.it/147/laboratory-of-computational-metagenomics">https://www.cibio.unitn.it/147/laboratory-of-computational-metagenomics</a> )<br>UE Horizon Europe DOMINO - GA n. 101060218 - CUP n. E63C22003040006                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| <b>Principal Investigator:</b> Nicola Segata ( <a href="mailto:nicola.segata@unitn.it">nicola.segata@unitn.it</a> )                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Synthetic description of the activity and expected research outcome</b><br>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.<br>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.                                                 |
| <b>Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi</b><br>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.<br>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. |
| <b>Candidate's profile (skills and competencies)</b><br>Master of Science degree in Bioinformatics, Computer Science, Computational Biology, Biotechnology, or Microbiology.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| <b>Profilo del/la candidato/a</b><br>Laurea Magistrale in Bioinformatica, Informatica, Biologia Computazionale, Biotecnologia o Microbiologia.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |

## Scholarship C

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>High-resolution computational metagenomics for the study of the transmission of the human microbiome</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| <b>Metagenomica computazionale ad alta risoluzione per lo studio della trasmissione del microbioma umano</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| <b>Funded by:</b> University of Trento – Department CIBIO<br>Laboratory of Computational Metagenomics ( <a href="https://www.cibio.unitn.it/147/laboratory-of-computational-metagenomics">https://www.cibio.unitn.it/147/laboratory-of-computational-metagenomics</a> )<br>UE HE ERC MICROTOUCH Segata" GA n. 101045015 CUP E63C22001400006                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| <b>Principal Investigator:</b> Nicola Segata ( <a href="mailto:nicola.segata@unitn.it">nicola.segata@unitn.it</a> )                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| <b>Synthetic description of the activity and expected research outcome</b><br>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. |
| <b>Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |



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>) – AIRC IG 2022, CUP n. E63C22003170007

**Principal Investigator:** Luca Tiberi ([luca.tiberi@unitn.it](mailto: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>)

UE H2020 MSCA ITN ROPES Dessi – G.A. 956810 – CUP E62F20000270005 e AIRC IG 2021 – IG 25849 – CUP E65F21004520007

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

**Synthetic description of the activity and expected research outcome**



The candidate will develop bioinformatic tools and machine learning models to analyze biological data, with the aim of studying the role of post-transcriptional regulation and translation in the onset and progression of cancer. The candidate will also analyze omics datasets (transcriptome, translome, protein-RNA interactions, etc.) to enable the identification and characterization of molecular mechanisms able to alter the fate of tumor cells at the post-transcriptional level, with the ultimate aim of feeding the development of new pre-clinical therapeutic strategies.

#### **Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi**

Il candidato svilupperà strumenti bioinformatici e modelli di machine learning per analizzare dati biologici, con l'obiettivo di studiare il ruolo della regolazione post-trascrizionale e della traduzione nell'insorgenza e nella progressione del cancro. Il candidato analizzerà inoltre set di dati omici (trascrittoma, traslatoma, interazioni proteina-RNA, ecc.) per consentire l'identificazione e la caratterizzazione di meccanismi molecolari in grado di alterare il destino delle cellule tumorali a livello post-trascrizionale, con l'obiettivo finale di permettere lo sviluppo di nuove strategie terapeutiche precliniche.

#### **Candidate's profile (skills and competencies)**

The candidate will have experience in bioinformatics approaches to the solution of biological problems and related tools, with knowledge of at least one programming language and a Master degree in a related discipline.

#### **Profilo del/la candidato/a**

Il candidato dovrà avere esperienza negli approcci bioinformatici alla soluzione di problemi biologici e tool correlati, conoscere almeno un linguaggio di programmazione e avere una laurea magistrale in una disciplina correlata.

## **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>)

AIRC IG 2024, CUP E63C24002140007

**Principal Investigator:** Fulvio Chiacchiera ([fulvio.chiacchiera@unitn.it](mailto: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>)

AIRC IG 2024, CUP E63C24002140007

**Principal Investigator:** Fulvio Chiacchiera ([fulvio.chiacchiera@unitn.it](mailto: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](mailto: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-mentori 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.



## Scholarship I

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Development of a microbiome-healthy diet to improve cognitive ageing and brain health</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| <b>Sviluppo di una dieta sana per il microbioma per migliorare l'invecchiamento cognitivo e la salute del cervello</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| <b>Funded by:</b> University of Trento – Department CIBIO<br>Laboratory of Computational Metagenomics ( <a href="https://www.cibio.unitn.it/147/laboratory-of-computational-metagenomics">https://www.cibio.unitn.it/147/laboratory-of-computational-metagenomics</a> )<br>ERA4Health Joint Transnational – NutriBrain “Development of a microbiome-healthy diet to improve cognitive ageing and brain health-MIHEALTHYDIET” CUP E63C24002600006                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| <b>Principal Investigator:</b> Nicola Segata ( <a href="mailto:nicola.segata@unitn.it">nicola.segata@unitn.it</a> )                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| <b>Synthetic description of the activity and expected research outcome</b><br>The research program is part of the project ERA4Health Joint Transnational – NutriBrain “Development of a microbiome-healthy diet to improve cognitive ageing and brain health-MIHEALTHYDIET” CUP E63C24002600006. 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 the project datasets with the aims of: i) study how the microbiome-changing diets affect markers of neuroinflammation and brain ageing and ii) decipher targets and pathways of the diet-microbiota-neuroinflammation-brain axis across ageing.                                    |
| <b>Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi</b><br>Il programma di ricerca fa parte del progetto ERA4Health Joint Transnational – NutriBrain “Development of a microbiome-healthy diet to improve cognitive ageing and brain health-MIHEALTHYDIET” CUP E63C24002600006. 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 ai dati metagenomici provenienti dai dataset del progetto con gli obiettivi di: i) studiare come le diete che modificano il microbioma influenzano i marcatori di neuroinfiammazione e invecchiamento cerebrale e ii) decifrare i target e i pathway dell'asse dieta-microbiota-neuroinfiammazione-cervello durante l'invecchiamento. |
| <b>Candidate's profile (skills and competencies)</b><br>Master of Science degree in Bioinformatics, Computer Science, Computational Biology, Biotechnology, or Microbiology.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| <b>Profilo del/la candidato/a</b><br>Laurea Magistrale in Bioinformatica, Informatica, Biologia Computazionale, Biotecnologia o Microbiologia.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |

## Scholarship J

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>In vivo study of the ribosome-associated quality control and its role in neurodegeneration</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Funded by:</b> EURAC Research - Bolzano                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| <b>Principal Investigator:</b> Roman Vozdek ( <a href="mailto:roman.vozdek@eurac.edu">roman.vozdek@eurac.edu</a> ) & Toma Tebaldi ( <a href="mailto:toma.tebaldi@unitn.it">toma.tebaldi@unitn.it</a> )                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| <b>Synthetic description of the activity and expected research outcome</b><br>Ribosome-associated quality control (RQC) represents an essential cellular mechanism responsible for the elimination of incompletely synthesized polypeptides during translation due to ribosome stalling. How point mutations in RQC factors lead to neurodegeneration remains unclear. In this project we will use the <i>C. elegans</i> model organism, whose RQC components are highly evolutionary conserved, and its biological complexity should reveal novel aspects of RQC biology. The selected PhD student will determine the temporal and spatial distribution of RQC components in neurons compared to other tissues and the effect of RQC deficiency on cellular proteostasis and neurodegeneration. In addition, newly generated <i>C. elegans</i> models of RQC activity will be used in genetic screens seeking new regulators of RQC activity. These in vivo studies should elucidate a role of newly identified components of the RQC complex in RQC activity and test our hypothesis of limited RQC activity in neuropils as a cause of neurodegeneration. |
| <b>Candidate's profile (skills and competencies)</b><br>The candidate for this PhD position should meet the following criteria:                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |



- A degree in Molecular Biology, Genetics, Biochemistry, or a related field.
- Preferably hands-on experience with model organisms (e.g., *C. elegans*) and skills in molecular cloning, PCR, microscopy, and data analysis.
- Responsibilities include designing and executing experiments, analyzing data, conducting literature reviews, and preparing manuscripts.
- Proficiency in English.

## Scholarship K

### Synthesis of an evolving protocell

#### Sintesi di una protocellula in evoluzione

**Funded by:** University of Trento – Department CIBIO

The Armenise-Harvard laboratory of synthetic and reconstructive biology (<https://www.cibio.unitn.it/145/the-armenise-harvard-laboratory-of-synthetic-and-reconstructive-biology>)

**Principal Investigator:** Sheref S. Mansy ([sheref.mansy@unitn.it](mailto:sheref.mansy@unitn.it))

#### Synthetic description of the activity and expected research outcome

The project is to build a mimic of a cell capable of Darwinian evolution with prebiotically plausible components. To better probe the supporting chemistry, these systems will be designed to maintain an out-of-equilibrium state. The project will make use of standard spectroscopic techniques and may require simple organic and inorganic chemistry. This project exists within a larger collaboration, providing opportunities to work with colleagues abroad.

#### Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi

Il progetto mira a costruire un prototipo di una cellula capace di evoluzione darwiniana con componenti plausibili dal punto di vista prebiotico. Per indagare meglio la chimica di supporto, questi sistemi saranno progettati per mantenere uno stato di non-equilibrio. Il progetto si avvarrà di tecniche spettroscopiche standard e potrebbe richiedere semplici conoscenze di chimica organica e inorganica. Questo progetto si inserisce in una più ampia collaborazione internazionale, offrendo opportunità di lavoro con colleghi all'estero.

#### Candidate's profile (skills and competencies)

The candidate should have a MS or combined BS-MS or equivalent in biology, chemistry, chemical and pharmaceutical technologies, pharmacy, or physics. The ideal candidate would have experience in prebiotic chemistry or astrobiology and experience in conducting research. Experience working outside of home country is preferred.

#### Profilo del/la candidato/a

Il candidato ideale deve possedere una laurea magistrale (MS) o una laurea del tipo vecchio ordinamento (programma BS-MS combinato) o un titolo equivalente in biologia, chimica, chimica e tecnologie farmaceutiche, farmacia o fisica. Il candidato ideale dovrebbe avere pregressa esperienza di ricerca, preferibilmente in chimica prebiotica o astrobiologia. Verranno valutate positivamente precedenti esperienze lavorative o di ricerca all'estero.

## Scholarship L

### Large-scale phylogenetic analysis to study the evolution of human microbiome species

#### Analisi filogenetici su larga scala per lo studio dell'evoluzione delle specie del microbioma umano

**Funded by:** University of Trento – Department CIBIO

MicroPENCD "Large-scale phylogenetic analysis to study the evolution of human microbiome species / Analisi filogenetiche su larga scala per lo studio dell'evoluzione delle specie del microbioma umano" - CUP: E53C25000400001 - Codice Progetto: FIS-2023-03427

**Principal Investigator:** Francesco Asnicar ([f.asnicar@unitn.it](mailto:f.asnicar@unitn.it)) & Nicola Segata ([nicola.segata@unitn.it](mailto:nicola.segata@unitn.it))

#### Synthetic description of the activity and expected research outcome



The research program of the PhD project is part of the "MicroPENCD" project. The researcher will develop computational methods for the next generation of phylogenetic analyses to characterize microbiome data obtained from shotgun metagenomic sequencing. The project will identify new universal phylogenetic markers to accurately represent the unknown microbial diversity, and develop a new phylogenetic framework for very large-scale phylogenetic analysis, overcoming partial genomic data challenges of computationally reconstructed genomes. The project aims to unveil robust phylogenetic biomarkers for known and unknown microbial species, associated with nutrition, cardiometabolic health, and human disease. The findings will provide insights into microbial evolutionary trajectories. The developed methods and data will be released open source to maximize reusability by the research community.

#### Descrizione sintetica dell'attività e dei risultati attesi

Il programma di ricerca del progetto di dottorato fa parte del progetto "MicroPENCD". Il ricercatore svilupperà metodi computazionali per la prossima generazione di analisi filogenetiche al fine di caratterizzare i dati del microbioma ottenuti tramite sequenziamento metagenomico shotgun. Il progetto identificherà nuovi marcatori filogenetici universali per rappresentare con precisione la diversità microbica ancora sconosciuta e svilupperà un nuovo framework filogenetico per analisi su larga scala, superando le sfide legate ai dati genomici parziali di genomi ricostruiti computazionalmente. L'obiettivo del progetto è individuare biomarcatori filogenetici robusti per specie microbiche note e sconosciute, in relazione alla nutrizione, alla salute cardiometabolica e alle malattie umane. I risultati forniranno nuove prospettive sulle traiettorie evolutive microbiche. I metodi e i dati sviluppati saranno rilasciati in open source per massimizzarne la riutilizzabilità da parte della comunità scientifica.

#### 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 M

#### The CHRIS Microbiome

**Funded by:** EURAC Research - Bolzano

**Principal Investigator:** Christian Fuchsberger ([christian.fuchsberger@eurac.edu](mailto:christian.fuchsberger@eurac.edu)) & Nicola Segata ([nicola.segata@unitn.it](mailto:nicola.segata@unitn.it))

#### Synthetic description of the activity and expected research outcome

The oral microbiome forms a crucial interface between the human body and its environment, significantly impacting both oral and systemic health. Despite its established importance, much remains to be explored to harness this knowledge for the development of innovative diagnostics and targeted therapies. The CHRIS study offers a unique resource, combining human genomic data, serum metabolomic and proteomic profiles, comprehensive clinical assessments, and detailed lifestyle surveys. Within this framework, a subset of participants has undergone oral microbiome profiling using shotgun metagenomic sequencing.

This PhD project aims to investigate the complex interactions between the human genome and the oral microbiome (microbiome-GWAS), as well as associations between the microbiome and metabolic health indicators. A key objective is to generate an extensive oral microbiome catalog for CHRIS participants, encompassing bacterial, fungal, and viral genomes and genes. By focusing on individuals from shared households, the project will also explore microbiome transmission and strain sharing, considering the influence of host genetics and environmental factors. Comparative analyses with regional and global datasets will contextualize the findings. Ultimately, this research is expected to contribute to the development of novel diagnostic tools for metabolic diseases and advance our understanding of microbiome-mediated health.

#### Candidate's profile (skills and competencies)

P- Bioinformatics and statistical analysis skills.

- General biology background is recommended.
- Mastering of at least one programming language, such as Python, Perl, Java, or C++.
- Experience in workflow managers, e.g., Snakemake or NextFlow is highly recommended.
- Very good English skills.