UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI TORINO

ALLEGATO 1 / *ANNEX 1*

Corso di Dottorato in Sistemi Complessi per la Biomedicina Quantitativa

PhD Programme in Complex Systems for Quantitative Biomedicine

Coordinatore / Coordinator	Prof. Enzo MEDICO
Email Coordinatore/*Coordinator's email*	enzo.medico@unito.it
Dipartimento / *Department*	Oncologia / *Oncology*
Durata Corso di Dottorato / *Programme Length*	3 anni / 3 *years*
Sito web Corso di Dottorato / Programme website	https://phd-csqb.campusnet.unito.it/do/home.pl
Data inizio attività / *Programme start date*	1° Novembre 2022 / *1st November 2022*
Strutture / *Departments involved in the PhD programme*	Dipartimento di Fisica, Dipartimento di Oncologia, Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Dipartimento di Scienze Cliniche e Biologiche, Dipartimento di Informatica, Dipartimento di Biotecnologie Molecolari e Scienze per la Salute, Dipartimento di Scienza e Tecnologia del Farmaco, Dipartimento di Scienze Mediche, Dipartimento di Neuroscienze "Rita Levi Montalcini", Dipartimento di Matematica "Giuseppe Peano", Politecnico di Torino. / *Department of Physics, Department of Oncology, Department of Life Science and Systems Biology, Department of Clinical and Biological Science, Department of Computer Science, Department of Molecular Biotechnology and Health Science, Department of Pharmaceutical Science and Technology, Department of Clinical Science, Department of Neuroscience "Rita Levi Montalcini", Department of Mathematics "Giuseppe Peano", Polytechnic of Turin*

Posti disponibili / *Positions offered by the PhD Programme*[1]	
n. 9 posti con borsa, di cui 1 riservato ai laureati all'estero / *9 PhD scholarships, of which 1 reserved to candidates holding a foreign degree.*	di cui: / *of which:* - n. 9 borse finanziate dall'Università di Torino/ *n. 9 scholarships funded by the University of Torino.*
n. 4 posti riservati a studenti selezionati nell'ambito di specifici programmi di mobilità internazionale o banditi nell'ambito di accordi specifici a cui partecipa l'Università di Torino: bando CSC (Chinese Scholarship Council) / *n. 4 positions reserved to students selected within the CSC (China Scholarship Council)*	

I documenti richiesti possono essere prodotti in inglese o italiano/ The required documents can be provided in English or Italian ***MODALITA' DI AMMISSIONE SELEZIONE (titoli incluso progetto di ricerca + colloquio) /*** ***ADMISSION PROCEDURE (qualifications, including research project + interview)***		
	Punteggio massimo / Score max	***Informazioni/ Documentazione per la candidatura*** ***Information/ Application documents***
TITOLI / *QUALIFICATIONS*	***40***	
CV	15	**CV** redatto come da modello (allegato 2) / / ***CV*** *as per template (annex 2)* Incluse le **pubblicazioni** da caricare su piattaforma domanda (massimo 2) / *Including* ***publications*** *to be uploaded on application platform (max 2)* Incluse eventuali **lettere di referenza** (massimo 2)/ *Including any* ***reference letters*** *(max. 2)*

[1] Eventuali borse aggiuntive e contratti di Apprendistato di Alta Formazione e Ricerca (Art. 45 D.lgs 81/2015), finanziati in tempi successivi alla pubblicazione del presente bando, saranno resi noti mediante pubblicazione sul sito della Scuola di Dottorato: Bando XXXVIII entro la data di scadenza del bando/*Any additional scholarships and apprenticeship contracts (Legislative Decree no. 81/2015 art.45), which may become available after the publication of this Call, will be announced on the Doctoral School website: Bando XXXVIII/Submitting your application until the Call's deadline.*

Progetto di Ricerca / *Research Project*	25	Il **Progetto di Ricerca** deve essere scelto tra quelli proposti dal Dottorato / *The **research project** should refer to one of the research fields listed* *Va allegato documento **in inglese** di massimo 8000 caratteri spazi inclusi, contenente le seguenti sezioni:* *I. (4000 caratteri): Progetto, con stato dell'arte, obiettivi, piano sperimentale, metodi, risultati attesi, bibliografia;* *II. (3000 caratteri): una breve lettera motivazionale;* *III. (1000 caratteri): un breve riassunto della tesi magistrale.* *Please provide a document **in English** of maximum 8000 characters including spaces, containing the following sections:* *I. (4000 characters): The project, with: state of the art, objectives, plan, methods, expected results, bibliography;* *II. (3000 characters): a short motivational letter;* *III. (1000 characters): a short summary of the master thesis.*
Soglia minima per l'accesso alla prova successiva */ Threshold to be admitted to the next examination*	*25*	
COLLOQUIO / *INTERVIEW*	**60**	Il colloquio verterà sugli argomenti del progetto di ricerca / *The interview will focus on the research project*
Soglia minima per il superamento del colloquio */ Threshold to pass the interview*	*40*	

Titoli dei progetti di ricerca
Dottorato di Ricerca in Sistemi Complessi per la Biomedicina Quantitativa

Research Topics
PhD Programme in Complex Systems for Quantitative Biomedicine

Per maggiori informazioni, contattare il referente scientifico / *For any further information concerning examinations, please, contact the Scientific Director.*

Numero Titolo/ *Topic number*	**Referente scientifico / *Scientific director***	**Titolo del progetto / *Research Topic***
1	Raffaele A Calogero (raffaele.calogero@unito.it)	1. Computation methods for the analysis of single cell RNAseq data based on shRNA or CRISPR/Cas9-mediated perturbations. *(Metodi computazionali per l'analisi di dati prodotti da RNAseq a singola cellula basati su perturbazioni mediate da shRNA o CRISPR/Cas9)*
2	Piero Fariselli (piero.fariselli@unito.it) co-supervisor Daniele Raimondi Leuven, BE (daniele.raimondi@kuleuven.be)	2. Development of AI-based methods for genome interpretation and variant evaluation. More specifically, by focusing on predicting variant impact in coding and non-coding regions, predicting phenotypes from genome-encoded information (gene or network-aware neural networks), and predicting time-to-event outcomes based on different sources of information (omics, medical and sensor data). A further method evaluation will be performed on neurodegenerative and haematological diseases with data from BRAINTEASER and GenoMed4All EU projects. *(Sviluppo di metodi basati sull'AI per l'interpretazione del genoma e la valutazione delle varianti. Più specificamente, concentrandosi sulla previsione dell'impatto delle varianti nelle regioni codificanti e non codificanti, sulla previsione dei fenotipi dalle informazioni codificate dal genoma (reti neurali gene o network-aware), e sulla previsione dei risultati time-to-time basati su diverse fonti di informazioni (dati omici, medici e sensoristici). Un'ulteriore valutazione del metodo verrà effettuata su malattie neurodegenerative e ematologiche con i dati dei progetti europei BRAINTEASER e GenoMed4All)*

3	Ferdinando Di Cunto (ferdinando.dicunto@unito.it)	3. Analysis of the molecular networks of microcephaly-related genes in high grade brain tumors. *(Analisi delle reti molecolari dei geni legati alla microcefalia nei tumori cerebrali di alto grado)*
4	Caterina Guiot (caterina.guiot@unito.it)	4. AI applied to Nanomedicine for designing new theranostic carriers. *(AI applicata alla nanomedicina per la progettazione di nuovi carrier teranostici.)*
5	Guido Serini (guido.serini@unito.it) Francesca Cordero (francesca.cordero@unito.it)	5. Dissecting the molecular pathways governing the conformational activation of vascular integrins by cellomics and high-throughput gene silencing. *(Analisi dei pathway molecolari che controllano l'attivazione conformazionale delle integrine vascolari attraverso cellomics e silenziamento genico high-throughput.)*
6	Salvatore Oliviero (salvatore.oliviero@unito.it) Francesca Cordero (francesca.cordero@unito.it)	6. Multi-omics analysis to dissect the epigenetic control of differentiation in human colon organoids and in colorectal cancer. *(Analisi multi-omica per analizzare il controllo epigenetico del differenziamento in organoidi del colon umano e nel cancro del colon-retto.)*
7	Luca Munaron (luca.munaron@unito.it)	7. Transcriptional profiling of transportome in cancer: toward a multiomics approach *(Profilo trascrizionale del trasportoma nel cancro: verso un approccio multi-omico)*
8	Francesca Cordero (francesca.cordero@unito.it) Roberta Sirovich (roberta.sirovich@unito.it)	8. New computational and mathematical approaches to study the cancer evolution in patients. Specifically, the study of evolutionary dynamics in cancer disease will take advantage by the exploration of branching processes. *(Nuovi approcci computazionali e matematici per studiare l'evoluzione del cancro nei pazienti. In particolare, lo studio delle dinamiche evolutive nel cancro trarrà vantaggio dall'esplorazione dei processi di ramificazione.)*

9	Luca Primo (luca.primo@unito.it) Alberto Puliafito (alberto.puliafito@unito.it)	9. Spatio-temporal cell population dynamics in colon cancer organoids. The project includes single-cell transcriptomics, use of imaging tools and development of predictive computational models. *(Dinamiche spazio-temporali di popolazioni cellulari in organoidi di cancro al colon. Il progetto include trascrittomica a singola cellula, l'uso di strumenti di imaging e lo sviluppo di modelli computazionali predittivi.)*
10	Ezio Venturino (ezio.venturino@unito.it)	10. Formulation and analysis of population models for the understanding and control of the complex systems related to the chemical and microbial processes involved in a chemostat. The project aims mainly at devising an instrument for the administration of the biodigester production, helping in the production of compost and of methane. The simulation results of the digester output will be used to improve energy production through an efficient control and an anticipation of possible operational problems arising during biodigester functioning. This will reduce the emission of gasses that contribute to the greenhouse effect, curbing their bad effects that induce climatic changes. Any other model of complex ecosystems involved in the current global warming issues will also be of interest. *(Formulazione e analisi di modelli di popolazione per la comprensione e il controllo dei sistemi complessi relativi ai processi chimici e microbici coinvolti in un chemostato. Il progetto mira principalmente a concepire uno strumento per la gestione della produzione del biodigestore, aiutando nella produzione di compost e di metano. I risultati della simulazione della produzione del digestore saranno utilizzati per migliorare la produzione di energia attraverso un controllo efficiente e un'anticipazione dei possibili problemi operativi che sorgono durante il funzionamento del biodigestore. Questo ridurrà l'emissione di gas che contribuiscono all'effetto serra, frenando i loro effetti negativi che inducono cambiamenti climatici. Sarà interessante anche qualsiasi altro modello di ecosistemi complessi coinvolti negli attuali problemi di riscaldamento globale.)*

11	Michele Caselle (michele.caselle@unito.it) Matteo Osella (matteo.osella@unito.it)	11. Inferring the Waddington's landscape from single-cell RNA sequencing data by characterising the geometry of the expression space during differentiation. *(Inferire il paesaggio di Waddington dai dati di sequenziamento dell'RNA a singola cellula caratterizzando la geometria dello spazio di espressione durante il differenziamento.)*
12	Michele Caselle (michele.caselle@unito.it) Matteo Osella (matteo.osella@unito.it) Enzo Medico (enzo.medico@unito.it)	12. Development and benchmarking of new inference methods for transcriptomics inspired by topic modelling and community detection in complex networks. *(Sviluppo e valutazione di nuovi metodi di inferenza per la trascrittomica ispirati dal topic modelling e dalla community detection nelle reti complesse.)*
13	Enrico Giraudo (enrico.giraudo@unito.it)	13. Gene reprogramming of immune cells induced by Semaphorin receptor PlexinB1: new target for immunotherapy in triple negative breast cancer and PDAC. By a multi-omics approach including Single Cell RNAseq and Spatial Transcriptomics the project is aimed to evaluate the molecular changes and cross-talk among the immune cells of triple negative breast cancer and PDAC induced by gain- or loss-of function of PlexinB1 in vivo. *(Riprogrammazione genica delle cellule immunitarie indotta dal recettore della semaforina PlexinB1: nuovo bersaglio per l'immunoterapia nel cancro al seno triplo negativo e nel PDAC. Con un approccio multi-omico che include RNAseq a singola cellula e trascrittomica spaziale, il progetto mira a valutare i cambiamenti molecolari e il cross-talk tra le cellule immunitarie del carcinoma mammario triplo negativo e del PDAC indotti dal guadagno o dalla perdita di funzione di PlexinB1 in vivo.)*
14	Michele De Bortoli (michele.debortoli@unito.it)	14. Exploring the impact of environmental factors on the physiological and disease human phenotypes: a multi-omic integrative strategy to dissect the key molecular interactions *(Esplorare l'impatto dei fattori ambientali sui fenotipi umani fisiologici e patologici: una*

		strategia integrativa multi-omica per analizzare le interazioni molecolari chiave)
15	Enzo Medico (enzo.medico@unito.it) Claudio Isella (c.isella@unito.it)	15. Systematic exploration and validation of tumour-stroma interactions by RNA-seq-based transcriptional profiling of human tumours and patient-derived xenografts, analysis of ligand-receptor interactions and experimental modulation of candidate paracrine signals. *(Esplorazione sistematica e validazione delle interazioni tumore-stroma mediante profilazione trascrizionale basata su RNA-seq di tumori umani e xenotrapianti derivati dal paziente, analisi delle interazioni ligando-recettore e modulazione sperimentale di segnali paracrini candidati.)*