



DIPARTIMENTO DI SCIENZE MEDICHE E CHIRURGICHE

Modulo richiesta assegno

TUTOR	Patrizia Brigidi	
Fascia VRA	(compilazione a cura della Giunta)	Punti
PRODUZIONE SCIENTIFICA ASSEGNISTI <u>NELL'ULTIMO QUADRIENNIO</u>		Punti
Nome e n° mesi assegnista 1	Monica Barone, mesi 39	
Max. 4 lavori in extenso su riviste indicizzate PubMed	Barone M, Garelli S, Rampelli S, Agostini A, Matysik S, D'Amico F, Krautbauer S, Mazza R, Salituro N, Fanelli F, Iozzo P, Sanz Y, Candela M, Brigidi P, Pagotto U, Turrone S. Multi-omics gut microbiome signatures in obese women: role of diet and uncontrolled eating behavior. BMC Med. 2022, 20(1):500. doi: 10.1186/s12916-022-02689-3.	
	Barone M, D'Amico F, Brigidi P, Turrone S. Gut microbiome-micronutrient interaction: The key to controlling the bioavailability of minerals and vitamins? Biofactors. 2022, 48(2):307-314. doi: 10.1002/biof.1835.	
	Beghetti I, Barone M, Turrone S, Biagi E, Sansavini A, Brigidi P, Corvaglia L, Aceti A. Early-life gut microbiota and neurodevelopment in preterm infants: any role for Bifidobacterium? Eur J Pediatr. 2022, 181(4):1773-1777. doi: 10.1007/s00431-021-04327-1.	
	Barone M, Rampelli S, Biagi E, Bertozzi SM, Falchi F, Cavalli A, Armirotti A, Brigidi P, Turrone S, Candela M. Searching for new microbiome-targeted therapeutics through a drug repurposing approach. Journal of Medicinal Chemistry. 2021, 64(23):17277-17286. doi: 10.1021/acs.jmedchem.1c01333.	
Nome e n° mesi assegnista 2	Federica D'Amico, mesi 30	
	Vandoni G, D'Amico F , Fabbrini M, Mariani L, Sieri S, Casirati A, Di Guardo L, Del Vecchio M, Anichini A, Mortarini R, Sgambelluri F, Celano G, Serale N, De	



DIPARTIMENTO DI SCIENZE MEDICHE E CHIRURGICHE

<p>Max. 4 lavori in extenso su riviste indicizzate PubMed</p>	<p>Angelis M, Brigidi P, Gavazzi C, Turrone S. Gut Microbiota, Metabolome, and Body Composition Signatures of Response to Therapy in Patients with Advanced Melanoma. <i>Int J Mol Sci.</i> 2023 Jul 18;24(14):11611. doi: 10.3390/ijms241411611.</p> <p>Masetti R, Leardini D, Muratore E, Fabbrini M, D'Amico F, Zama D, Baccelli F, Gottardi F, Belotti T, Ussowicz M, Fraczkiewicz F, Cesaro S, Zecca M, Merli P, Candela M, Pession A, Locatelli F, Prete A, Brigidi P, Turrone S. Gut microbiota diversity before allogeneic hematopoietic stem cell transplantation as predictor of mortality in children. <i>Blood.</i> 2023. doi: 10.1182/blood.2023020026.</p> <p>D'Amico F, Decembrino N, Muratore E, Turrone S, Muggeo P, Mura R, Perruccio K, Vitale V, Zecca M, Prete A, Venturelli F, Leardini D, Brigidi P, Masetti R, Cesaro S, Zama D. Oral Lactoferrin Supplementation during Induction Chemotherapy Promotes Gut Microbiome Eubiosis in Pediatric Patients with Hematologic Malignancies. <i>Pharmaceutics.</i> 2022,14:1705. doi: 10.3390/pharmaceutics14081705.</p> <p>D'Amico F, Perrone AM, Rampelli S, Coluccelli S, Barone M, Ravegnini G, Fabbrini M, Brigidi P, De Iaco P, Turrone S. Gut microbiota dynamics during chemotherapy in epithelial ovarian cancer patients are related to therapeutic outcome. <i>Cancers (Basel).</i> 2021, 13(16):3999. doi: 10.3390/cancers13163999.</p>
<p>Nome e n° mesi assegnista 3</p>	<p>Marco Fabbrini, mesi 3</p>
<p>Max. 4 lavori in extenso su riviste indicizzate PubMed</p>	<p>D'Amico F, Rinaldi M, Pascale R, Fabbrini M, Morelli MC, Siniscalchi A, Laici C, Coladonato S, Ravaioli M, Cescon M, Ambretti S, Viale P, Brigidi P, Turrone S, Giannella M. Gut microbiome dynamics and Enterobacteriales infection in liver transplant recipients: A prospective observational study. <i>JHEP Rep.</i> 2024, 6(4):101039. doi: 10.1016/j.jhepr.2024.101039.</p>



DIPARTIMENTO DI SCIENZE MEDICHE E CHIRURGICHE

	Candela M, Henry A. The gut microbiome of Baka forager-horticulturalists from Cameroon is optimized for wild plant foods. <i>iScience</i> . 2024, 27(3):109211. doi: 10.1016/j.isci.2024.109211.
Nome e n° mesi assegnista 4	
Max. 4 lavori in extenso su riviste indicizzate PubMed	

Commissione proposta 3 commissari + 1 supplente	Patrizia Brigidi
	Igor Diemberger
	Silvia Turrone
	Supplente: Marco Candela

TITOLO DEL PROGETTO			
La traiettoria del microbiota respiratorio nel contesto del climate change (TRIGGER HE project)			
ASSEGNO FINANZIATO DA PROGETTO COMPETITIVO (barrare la casella corrispondente)	<input checked="" type="checkbox"/> SI	<input type="checkbox"/> NO	Punti
SE IL FINANZIAMENTO È COMPETITIVO L'ENTE FINANZIATORE	Horizon Europe 2021 research and innovation action (RIA) programme – Environmental and Health		



DIPARTIMENTO DI SCIENZE MEDICHE E CHIRURGICHE

PROGETTO/ATTIVITÀ A SCOPO COMMERCIALE <i>(es. sperimentazione profit)</i>	<input type="checkbox"/> SI	<input checked="" type="checkbox"/> NO
CARATTERISTICHE DEL PROGETTO <i>(biomedico/osservazionale/clinico-interventistico/multidisciplinare)</i>	osservazionale	
STATO DI APPROVAZIONE DEL PROGETTO DA PARTE DEL COMITATO ETICO <i>(se necessario per il tipo di studio barrare o evidenziare la casella corrispondente)</i>	<input checked="" type="checkbox"/> Ottenuto	<input type="checkbox"/> Da ottenere
DESCRIZIONE DEL PROGETTO <i>(max 800 parole)</i>	Punti	
Stato dell'Arte e Razionale <p>In accordo con la WHO, si stima che nel 2030 il danno diretto relativo all'impatto del climate change sulla salute globale sarà compreso tra 1.7 e 4 bilioni di euro. In questo contesto, lo scopo del progetto TRIGGER (Solution for Mitigating Climate-Induced Health Treaths, GA n°101057739) è quello di comprendere il legame tra cambiamento climatico, salute umana e la correlazione con i diversi ecosistemi microbici con l'obiettivo di contrastare le conseguenze drammatiche del climate change. A tal fine, TRIGGER coinvolge un consorzio internazionale di 22 partners in 15 paesi diversi che si occuperà di sviluppare uno studio clinico caratterizzato da un approccio multidisciplinare. In particolare, lo scopo del WP4 del progetto sarà quello di analizzare il microbiota respiratorio in soggetti sani in relazione agli effetti del climate change. Per questo studio verranno arruolati volontari sani sia adulti che bambini insieme alle loro famiglie, che saranno seguiti nel tempo dal momento dell'arruolamento nei 6 e 12 mesi successivi. In aggiunta, verranno arruolati pazienti ospedalizzati con sintomi dovuti a eventi climatici estremi che possono potenzialmente portare allo sviluppo di patologie acute.</p>		
Obiettivi <ol style="list-style-type: none">1. Caratterizzare il microbiota respiratorio nel tempo di volontari sani e pazienti ospedalizzati a causa dell'esposizione ad eventi climatici estremi. Tale analisi sarà condotta mediante approcci molecolari di 16S rRNA gene sequencing e metagenomica shotgun, per ottenere una descrizione il più possibile completa del microbiota respiratorio di questi soggetti, inclusi batteri, funghi e virus, e potenziale funzionale.2. Integrare i dati di sequenziamento con i metadati raccolti nel corso dello studio, come parametri dell'aria ed eventuali inquinanti presenti, e sviluppo di eventi patologici acuti. I dati di microbiota saranno altresì integrati con i dati genetici ed epigenetici, così come con i dati relativi al DNA mitocondriale.		
Metodologia <i>(descrizione del campione, principali tecniche utilizzate, aspetti biostatistici, fattibilità...)</i> <p>Nell'ambito di TRIGGER (WP4) saranno raccolti diversi tipi di campioni biologici allo scopo di identificare i marcatori genetici umani e microbici indicativi dell'effetto del cambiamento climatico sull'ambiente e sulla salute umana. Con specifico riguardo al microbiota respiratorio, verranno raccolti campioni nasofaringei da soggetti sani sia adulti che bambini, incluse le loro famiglie, al fine di studiare gli effetti sia a breve che a lungo termine di eventi climatici estremi.</p> <p>La caratterizzazione del microbiota respiratorio sarà effettuata mediante impiego di 16S rRNA gene sequencing, metagenomica e metatrascrittomica shotgun su piattaforma Illumina, per ottenere informazioni composizionali e funzionali, anche inerentemente a eucarioti e virus. Le specie metagenomiche saranno caratterizzate con procedure di assemblaggio, metodi di assegnazione funzionale e strumenti di taxa binning. I network di co-occorrenza/co-inibizione e le dinamiche temporali saranno ricostruiti. L'effetto dei metadati dell'ospite sul microbiota sarà modellato mediante analisi di regressione. Le correlazioni tra taxa/geni microbici e parametri dell'ospite saranno ricercate con metodi uni/multivariati, inclusi semplici test di correlazione, tecniche di</p>		



DIPARTIMENTO DI SCIENZE MEDICHE E CHIRURGICHE

riduzione dimensionale e metodi di correlazione multivariata. Metodi di apprendimento automatico, come Random Forest, saranno utilizzati per identificare taxa/geni discriminanti. I dati composizionali e funzionali del microbiota respiratorio saranno inoltre correlati con i dati genetici ed ambientali.

Risultati attesi

Ricostruzione delle dinamiche del microbiota respiratorio durante eventi climatici estremi, così come la loro relazione con dati ambientali, ed identificazione dei principali taxa/geni coinvolti ed associati al climate change.

DESCRIZIONE DELLE ATTIVITÀ DELL'ASSEGNISTA

(per i **nuovi** assegni: max 400 parole; competenze richieste, scansione temporale della formazione, scansione temporale dell'attività, obiettivi primari e secondari)

(per i **rinnovi**: max 600 parole – da integrare con la relazione dell'assegnista; formazione raggiunta, attività effettuata, obiettivi raggiunti/competenze acquisite, formazione ancora da acquisire (se pertinente), scansione temporale dell'attività durante il rinnovo)

Punti

Il candidato sarà coinvolto in un network di ricerca internazionale e dovrà dimostrare capacità nel collaborare alla gestione (raccolta e gestione dei dati) di progetti di ricerca in contesti multidisciplinari che coinvolgano network di ricercatori. Il candidato dovrà analizzare campioni nasofaringei raccolti in relazione ai dati ambientali e genetici. In particolare, dovrà occuparsi di tutte le procedure molecolari richieste per la caratterizzazione di comunità microbiche complesse (incluse componenti batteriche, fungine e virali, potenziale funzionale e geni/pathway attivamente trascritti) mediante 16S rRNA gene sequencing e metagenomica shotgun. Il candidato dovrà, inoltre, occuparsi dell'analisi bioinformatica delle sequenze così come dell'elaborazione statistica dei dati derivanti dal sequenziamento. Dovrà altresì integrare tali dati con i parametri dell'ospite, al fine di identificare i principali taxa/geni associati ad eventi climatici estremi.

Il candidato dovrà possedere una profonda conoscenza dell'ecologia microbica umana, e degli approcci bioinformatici e biostatistici applicati alla ricerca sul microbioma.

SE RINNOVO, SI RICORDA DI ALLEGARE ANCHE LA RELAZIONE DELL'ASSEGNISTA CON LA SUA PRODUZIONE SCIENTIFICA.

Scheda attività assistenziale (se prevista)

ATTIVITÀ ASSISTENZIALI DELL'ASSEGNISTA/ N. ORE SETTIMANA

AZIENDA SANITARIA PRESSO CUI SI SVOLGERÀ L'ATTIVITÀ

Si ricorda che, come previsto dagli Accordi sull'impiego nell'attività assistenziale dei Titolari di assegni di ricerca, sottoscritti tra l'Università di Bologna e le Aziende Ospedaliere di riferimento, una volta stipulato il contratto con il vincitore della selezione, il tutor deve consegnare alla Direzione Medica Ospedaliera la relativa modulistica, nella quale andranno riportate le attività qui segnalate.