



ALMA MATER STUDIORUM  
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

DIPARTIMENTO  
DI SCIENZE MEDICHE  
E CHIRURGICHE

*Modulo richiesta borsa di studio per attività di ricerca post-laurea*

## **TUTOR**

**Prof.ssa Manuela Ferracin**

## **TITOLO DEL PROGETTO**

**Integrazione di dati single-cell e trascrittoma spaziale mediante approcci di machine learning per lo studio del microambiente tumorale**

*Integrating single-cell and spatial transcriptomics through machine learning to study the tumor microenvironment*

## **DESCRIZIONE DEL PROGETTO DI RICERCA**

La trascrittoma spaziale rappresenta una tecnologia emergente che consente di analizzare l'espressione genica mantenendo l'informazione sulla localizzazione cellulare all'interno dei tessuti. Tuttavia, la limitata risoluzione di alcune piattaforme e la complessità dei dati richiedono lo sviluppo di nuovi approcci computazionali.

Il presente progetto si propone di sviluppare e applicare metodi bioinformatici per l'integrazione di dati di trascrittoma spaziale e single-cell RNA sequencing, con l'obiettivo di caratterizzare l'eterogeneità del microambiente tumorale. In particolare, verranno implementati modelli basati su machine learning per identificare pattern spaziali, inferire la composizione cellulare e studiare le interazioni tra cellule tumorali e cellule del sistema immunitario.

I risultati attesi contribuiranno a una migliore comprensione dell'organizzazione spaziale dei tumori e potranno fornire strumenti utili per applicazioni in oncologia di precisione.

### **Obiettivi**

Obiettivo generale:

Sviluppare un framework computazionale per l'analisi integrata di dati trascrittomici spaziali e single-cell in contesti tumorali.

Obiettivi specifici:

### **SETTORE PERSONALE**

#### **UFFICIO PERSONALE NON STRUTTURATO**

c/o Policlinico di Sant'Orsola, via Massarenti 9 – Pad. 11 | 40138 Bologna | Italia

Responsabile del procedimento: Luisa Romagnoli | [sam.nonstrutturati@unibo.it](mailto:sam.nonstrutturati@unibo.it)



ALMA MATER STUDIORUM  
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

DIPARTIMENTO  
DI SCIENZE MEDICHE  
E CHIRURGICHE

1. Integrare dati di single-cell RNA-seq con dati di trascrittoma spaziale per migliorare l'annotazione cellulare
2. Identificare domini spaziali e nicchie cellulari nel microambiente tumorale
3. Applicare modelli di machine learning per il riconoscimento di pattern spaziali complessi
4. Analizzare interazioni cellula-cellula basate su segnali ligando-recettore

### **Metodologia**

Il progetto prevede un approccio principalmente computazionale articolato nelle seguenti fasi:

- Raccolta dati: utilizzo di dataset pubblici
- Pre-processing: normalizzazione, controllo qualità e integrazione dati tramite tool consolidati (Seurat, Scanpy)
- Integrazione multi-omica: metodi di deconvoluzione
- Machine learning: applicazione di modelli di clustering e modelli basati su grafi
- Analisi biologica: interpretazione dei risultati con focus sul microambiente tumorale

**SETTORE PERSONALE**

**UFFICIO PERSONALE NON STRUTTURATO**

c/o Policlinico di Sant'Orsola, via Massarenti 9 – Pad. 11 | 40138 Bologna | Italia

Responsabile del procedimento: Luisa Romagnoli | [sam.nonstrutturati@unibo.it](mailto:sam.nonstrutturati@unibo.it)



ALMA MATER STUDIORUM  
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

DIPARTIMENTO  
DI SCIENZE MEDICHE  
E CHIRURGICHE

## DESCRIZIONE DELLE ATTIVITÀ DEL BORSISTA DI RICERCA

### Attività

- Utilizzo di pipeline bioinformatica per l'integrazione di dati spatial e single-cell
- Identificazione di pattern spaziali rilevanti nei tessuti tumorali
- Caratterizzazione di nicchie cellulari e interazioni nel microambiente tumorale

### Competenze da sviluppare

- Analisi dati di trascrittoma spaziale
- Integrazione multi-omica
- Machine learning applicato alla biologia
- Programmazione in Python/R

### Competenze richieste

Il/la candidato/a ideale possiede competenze di base nell'utilizzo dei linguaggi R e Bash in ambiente Linux, nonché familiarità con il pacchetto Seurat per l'analisi di dati di single-cell e trascrittoma spaziale. Ha familiarità con la biologia tumorale e comprende le procedure e i protocolli di laboratorio richiesti per la generazione di dati di trascrittoma spaziale. Possiede un'attitudine multidisciplinare, con capacità di integrare conoscenze di biologia molecolare e bioinformatica.

## SEDE PREVALENTE ATTIVITÀ DI RICERCA

**Patologia Generale**

**Via San Giacomo, 14**

**Non coding RNA and cancer biomarkers lab**

### SETTORE PERSONALE

#### UFFICIO PERSONALE NON STRUTTURATO

c/o Policlinico di Sant'Orsola, via Massarenti 9 – Pad. 11 | 40138 Bologna | Italia

Responsabile del procedimento: Luisa Romagnoli | [sam.nonstrutturati@unibo.it](mailto:sam.nonstrutturati@unibo.it)



ALMA MATER STUDIORUM  
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

DIPARTIMENTO  
DI SCIENZE MEDICHE  
E CHIRURGICHE

<b>Commissione proposta</b> 3 Commissari + 1 Supplente	<i>Manuela Ferracin, PO</i>
	<i>Ilaria Pace, TA</i>
	<i>Giulia Gallerani, RTDa</i>
	<i>Massimiliano Bonafè, PO</i>

**Scheda attività assistenziale (se prevista)**

<b>ATTIVITÀ ASSISTENZIALI DEL BORSISTA DI RICERCA/N. ORE SETTIMANA (max 18 ore settimanali)</b>
Non prevista
<b>AZIENDA SANITARIA PRESSO CUI SI SVOLGERÀ L'ATTIVITÀ</b>

**SETTORE PERSONALE**

**UFFICIO PERSONALE NON STRUTTURATO**

c/o Policlinico di Sant'Orsola, via Massarenti 9 – Pad. 11 | 40138 Bologna | Italia

Responsabile del procedimento: Luisa Romagnoli | [sam.nonstrutturati@unibo.it](mailto:sam.nonstrutturati@unibo.it)

## **Titolo in italiano / inglese**

**Integrazione di dati single-cell e trascrittomica spaziale mediante approcci di machine learning per lo studio del microambiente tumorale**

***Integrating single-cell and spatial transcriptomics through machine learning to study the tumor microenvironment***

## **Oggetto della ricerca**

La trascrittomica spaziale rappresenta una tecnologia emergente che consente di analizzare l'espressione genica mantenendo l'informazione sulla localizzazione cellulare all'interno dei tessuti. Tuttavia, la limitata risoluzione di alcune piattaforme e la complessità dei dati richiedono lo sviluppo di nuovi approcci computazionali.

Il presente progetto si propone di sviluppare e applicare metodi bioinformatici per l'integrazione di dati di trascrittomica spaziale e single-cell RNA sequencing, con l'obiettivo di caratterizzare l'eterogeneità del microambiente tumorale. In particolare, verranno implementati modelli basati su machine learning per identificare pattern spaziali, inferire la composizione cellulare e studiare le interazioni tra cellule tumorali e cellule del sistema immunitario.

I risultati attesi contribuiranno a una migliore comprensione dell'organizzazione spaziale dei tumori e potranno fornire strumenti utili per applicazioni in oncologia di precisione.

## **Obiettivi**

Obiettivo generale:

Sviluppare un framework computazionale per l'analisi integrata di dati trascrittomici spaziali e single-cell in contesti tumorali.

Obiettivi specifici:

1. Integrare dati di single-cell RNA-seq con dati di trascrittomica spaziale per migliorare l'annotazione cellulare
2. Identificare domini spaziali e nicchie cellulari nel microambiente tumorale
3. Applicare modelli di machine learning per il riconoscimento di pattern spaziali complessi
4. Analizzare interazioni cellula-cellula basate su segnali ligando-recettore

## **Metodologia**

Il progetto prevede un approccio principalmente computazionale articolato nelle seguenti fasi:

- Raccolta dati: utilizzo di dataset pubblici
- Pre-processing: normalizzazione, controllo qualità e integrazione dati tramite tool consolidati (Seurat, Scanpy)
- Integrazione multi-omica: metodi di deconvoluzione
- Machine learning: applicazione di modelli di clustering e modelli basati su grafi
- Analisi biologica: interpretazione dei risultati con focus sul microambiente tumorale

## **Risultati attesi**

- Pipeline bioinformatica per l'integrazione di dati spatial e single-cell
- Identificazione di pattern spaziali rilevanti nei tessuti tumorali
- Caratterizzazione di nicchie cellulari e interazioni nel microambiente tumorale
- Risultati riproducibili e potenzialmente pubblicabili

## **Competenze da sviluppare**

- Analisi dati di trascrittomica spaziale
- Integrazione multi-omica

- Machine learning applicato alla biologia
- Programmazione in Python/R

**Competenze richieste**

Il/la candidato/a ideale possiede competenze di base nell'utilizzo dei linguaggi R e Bash in ambiente Linux, nonché familiarità con il pacchetto Seurat per l'analisi di dati di single-cell e trascrittoma spaziale. Ha familiarità con la biologia tumorale e comprende le procedure e i protocolli di laboratorio richiesti per la generazione di dati di trascrittoma spaziale. Possiede un'attitudine multidisciplinare, con capacità di integrare conoscenze di biologia molecolare e bioinformatica.