

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

selezione pubblica per n.1 posto di Ricercatore a tempo determinato in tenure track (RTT) per il settore concorsuale 05/E2 - Biologia Molecolare, settore scientifico-disciplinare BIO/11 - Biologia Molecolare presso il Dipartimento di ONCOLOGIA ED EMATO-ONCOLOGIA, (avviso bando pubblicato sulla G.U. n. 35 del 30/04/2024) Codice concorso 5541

Yinxiu Zhan

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

COGNOME	ZHAN
NOME	YINXIU
DATA DI NASCITA	30/04/1989

AFFILIAZIONI ATTUALI

- Direttore dell'unità di Data Science presso il Dipartimento di Oncologia Sperimentale dell'Istituto Europeo di Oncologia, Milano
- Guest scientist presso il gruppo del Dr. Nicola Iovino, Max Planck Institute of Immunology and Epigenetics, Freiburg, Germany
- Faculty member dell'European School of Molecular Medicine (SEMM) PhD Program, Milano

TITOLO DI STUDIO

- **Laurea magistrale in Fisica**, Università degli studi di Milano
Data di conseguimento: 30/09/2014
Voto di laurea 110/110 con lode.
Titolo della tesi: *"COMPUTATIONAL STUDY OF CONFORMATIONAL FLUCTUATIONS OF CHROMATIN BASED ON HI-C DATA"*
Relatori: Prof. Guido Tiana.
- **Laurea triennale in Fisica**, Università degli Studi di Milano
Data di conseguimento: 19/10/2012
Voto di laurea 110/110 con lode.
Titolo della tesi: *"THE PROBLEM OF DISCRIMINATING QUANTUM ENSEMBLES"*
Relatori: Prof. Matteo Paris.

TITOLO DI DOTTORE DI RICERCA O EQUIVALENTI, OVVERO, PER I SETTORI INTERESSATI, DEL DIPLOMA DI SPECIALIZZAZIONE MEDICA O EQUIVALENTE, CONSEGUITO IN ITALIA O ALL'ESTERO

- **Dottorato di ricerca in Biofisica**, Università di Basilea, Svizzera
Data di conseguimento: 22/10/2019
Titolo della tesi: *"CaTCHing the functional and structural properties of chromosome folding"*
Relatori: Dott. Luca Giorgetti.

CONTRATTI DI RICERCA, ASSEGNI DI RICERCA O EQUIVALENTI

- Dal 22/10/2019 al 29/02/2022
Post-doctoral Scientist, Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research, Basilea, Svizzera, presso il gruppo del Dott. Luca Giorgetti. La mia attività di ricerca era focalizzata sull'uso di tecniche di deep learning (computer vision) per lo studio della dinamica della cromatina in living cells.

ATTIVITÀ DIDATTICA A LIVELLO UNIVERSITARIO IN ITALIA O ALL'ESTERO

- Tutor (12 ore) per il corso di “High Throught Screening”, responsabile Prof. Stefano Santaguida, Corso di Studio di Biomedical Omics, Università degli Studi di Milano, a.a. 2023/2024.
- Tutor (12 ore) per il corso di “High Throught Screening”, responsabile Prof. Stefano Santaguida, Corso di Studio di Biomedical Omics, Università degli Studi di Milano, a.a. 2022/2023.
- Tutor (12 ore) per il corso di “Experimental Design”, responsabile Prof. Stefano Santaguida, Corso di Studio di Biomedical Omics, Università degli Studi di Milano, a.a. 2021/2022.
- Correlatore di 1 tesi di laurea magistrale in Fisica:
 1. Filippo Donarini (a.a. 2023/2024), titolo della tesi: *“Predicting patient response to hypopharynx and larynx cancer tratment using machine learning techniques”*.
- Correlatore di 1 tesi di laurea magistrale in Biomedical Omics:
 1. Enrico Bono (a.a. 2023/2024), titolo della tesi: *“DECONVOLVING THE HETEROGENEITY OF PEDIATRIC ACUTE MYELOID LEUKAEMIA THROUGH A SINGLE-CELL MULTI-OMICS APPROACH”*.
- Relatore di 1 studente di dottorato:
 1. Annamaria Piva (da 09-2023), PhD PROGRAM IN SYSTEMS MEDICINE, Curriculum in Computational Biology, European School of Molecular Medicine.

DOCUMENTATA ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA PRESSO QUALIFICATI ISTITUTI ITALIANI O STRANIERI

- Dal 01/03/2022 ad oggi: coordinatore dell'unità di Data Science presso l'Istituto Europeo di Oncologia. Le mie responsabilità includono la supervisione e co-supervisione di dottorandi e scienziati nello sviluppo di strumenti per l'analisi di dati omici derivati da pazienti. L'obiettivo è identificare biomarcatori utili per prevedere la risposta alle terapie e la tossicità dei trattamenti nei pazienti con tumore. Inoltre, supporto i gruppi di ricerca all'Istituto Europeo di Oncologia per lo sviluppo di metodi di analisi e interpretazione di dati omici.
- Dal 2023 ad oggi: Faculty member dell'European School of Molecular Medicine (SEMM), Milano, Italia.
- Dal 01/06/2022 ad oggi: guest scientist presso il gruppo del dott. Nicola Iovino, Max Planck Institute of Immunology and Epigenetics, Freiburg, Germany.
- Dal 01/04/2015 al 22/10/2019: Pre-doctoral scientist, Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research, Basilea, Svizzera, presso il gruppo del Dott. Luca Giorgetti. La mia attività di ricerca era focalizzata sullo sviluppo e utilizzo di tecniche di bioinformatica per lo studio del folding della cromatina e come questo influenzi l'espressione dei geni.
- Dal 21/07/2019 al 26/07/2019: Partecipazione alla Summer School: “CSAMA 2019 - Statistical Data Analysis for Genome-Scale Biology”, Bressanone.
- Dal 08/07/2013 al 26/07/2013: Summer School on Atomistic Simulation Techniques for Material Science, Nanotechnology and Biophysics, International School for Advanced Studies (SISSA), Trieste, Italy

ORGANIZZAZIONE, DIREZIONE E COORDINAMENTO DI GRUPPI DI RICERCA NAZIONALI E INTERNAZIONALI, O PARTECIPAZIONE AGLI STESSI

- Dal 01/03/2022 ad oggi
Coordinatore del gruppo di Data Science presso l'Istituto Europeo di Oncologia. Durante questo periodo ho supervisionato o co-supervisionato studenti di dottorato (2 studenti), studenti di master

(2 studenti) e scientists (4 persone). Inoltre, ho partecipato attivamente a collaborazioni nazionali e internazionali:

- Prof. Guido Tiana, Università degli Studi di Milano, Milano
 - Dott. Nicola Iovino, Max Planck Institute of Immunology and Epigenetics, Freiburg, Germany
 - Dott. Luca Giorgetti, Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research, Basel, Switzerland
 - Prof. Anne Corcoran, Babraham Institute, Cambridge, UK).
- Dal 01/04/2015 al 29/02/2022
Membro del gruppo di ricerca del dott. Luca Giorgetti presso Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research, Basel, Switzerland. Durante il periodo come doctoral e post doctoral scientist, le mie attività principali consistevano nello sviluppo di tools per analisi dati multi-omici e di imaging per capire il ruolo della cromatina nel controllo dell'espressione genica. Durante questo periodo supervisionato studenti di master e di dottorato. Ho inoltre collaborato con molti gruppi di ricerca nazionali ed internazionali
 - Dott. Nicola Iovino, Max Planck Institute of Immunology and Epigenetics, Freiburg, Germany
 - Prof. Guido Tiana, Università degli Studi di Milano, Milano
 - Prof. Edith Heard, Institut Curie, Paris, France
 - Prof. Wouter de Laat, Hubrecht Institute-KNAW, Utrecht, the Netherlands
 - Dott. Jeffrey Chao e Michael Stadler, Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research
 - Prof. Nils Blüthgen, Charité Universitätsmedizin Berlin, Berlin, Germany

ATTIVITÀ DI RELATORE A CONGRESSI E CONVEGNI NAZIONALI E INTERNAZIONALI

Seminari:

- 17/04/2024
Seminario *"DIMA: A multidisciplinary center for precision oncology"* Milan Meeting on Next Generation Sequencing - MMNGS, Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione, Università degli studi di Milano Bicocca
- 26/03/2019
Seminario *"DamC reveals principles of chromatin folding in vivo without crosslinking and ligation"*, TriRhena transcription and chromatin club, IGBMC, Strasbourg, France.
- 18/11/2016
Seminario *"Reciprocal insulation analysis of Hi-C data shows that TADs represent a functionally but not structurally privileged scale in the hierarchical folding of chromosomes"*, TriRhena transcription and chromatin club, FMI, Basel, Switzerland.

Posters:

- 04/06/2019-07/06/2019
Evolution, Structure and Function of Chromosomes High Order Structure, Institut Pasteur, Paris
- 23/03/2018-26/03/2018
Keystone Symposia, Chromatin Architecture and Chromosome Organization, Whistler, Canada
- 20/06/2016-24/06/2016
Genome architecture in Space and Time, ICTP, Trieste
- 2016
EpiGeneSwiss kick-off meeting Weggis, Switzerland

ABILITAZIONI SCIENTIFICHE NAZIONALI CONSEGUITE

- Dal 02/02/2023 al 02/02/2034
Abilitazione scientifica nazionale al ruolo di professore di II fascia in **BIOLOGIA MOLECOLARE** (SC 05/E2, SSD BIO/11).

- Dal 06/02/2023 al 06/02/2034
Abilitazione scientifica nazionale al ruolo di professore di II fascia in **Genetica** (SC 05/I1).

ATTIVITÀ DI REVISORE PER RIVISTE E PROGETTI FINANZIATI

Revisore per riviste: Journal for ImmunoTherapy of Cancer, Genome Research

GRANTS

- AIRC: Investigator Grant - IG 2023: Unraveling oncogene-induced dependencies in MYC-driven tumors. Applicant: Bruno Amati. Amount: euro 2'082'000. Periodo: 01/01/2024-31/12/2028. **Ruolo di collaboratore.**
- Swiss National Science Foundation: SNSF Starting Grants 2023 (numero 218299): Tracking and resolving chromatin dynamics in human brain organoid development and disease. Applicant: Fides Zenk. Amount: CHF 1'799'930. Periodo: 01/01/2024-31/12/2028. **Ruolo di collaboratore**
- Ministero della Salute: Piano Nazionale Complementare (PNC): Network Terapia Avanzata (LHS-TA). Periodo 01/04/2023-30/09/2026. **Ruolo di collaboratore**

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

Indici Bibliometrici (al 09/05/2024):

-Scopus: H-index 11, numero di citazioni 796.

-Google Scholar: H-index 13, numero di citazioni 1212.

Lista delle pubblicazioni

Co-autore di 22 pubblicazioni di cui 12 come first/co-first/corresponding/co-corresponding. (1 Nature, 1 Nature Genetics, 1 Nature Structural and Molecular Biology come co-first; 1 Nature come second author)

(†indica il corresponding author, *indica un contributo equivalente)

1. Fides Zenk[†], Francesco Cardamone, Dafne Andrea Ibarra Morales, Nazerke Atinbayeva, **Yinxu Zhan**[†], Nicola Iovino[†], "Analyzing the Genome-Wide Distribution of Histone Marks by CUT&Tag in *Drosophila Embryos*", Polycomb Group Proteins: Methods and Protocols, 2023, DOI: 10.1007/978-1-0716-3143-0_1
2. Francesco Cardamone, **Yinxu Zhan**[†], Nicola Iovino[†], Fides Zenk[†], "Chromosome Conformation Capture Followed by Genome-Wide Sequencing (Hi-C) in *Drosophila Embryos*", Polycomb Group Proteins: Methods and Protocols, 2023, DOI: 10.1007/978-1-0716-3143-0_4
3. Edoardo Marchi, **Yinxu Zhan**, and Guido Tiana, "Locality of contacts determines the subdiffusion exponents in polymeric models of chromatin", Physical Review E, 2023, DOI: 10.1103/PhysRevE.107.064406
4. Olga Mielczarek*, Carolyn H. Rogers*, **Yinxu Zhan***, Louise S. Matheson, Michael J.T. Stubbington, Stefan Schoenfelder, Daniel J. Bolland, Biola M. Javierre, Steven W. Wingett, Csilla Várnai, Anne Segonds-Pichon, Simon J. Conn, Felix Krueger, Simon Andrews, Peter Fraser, Luca Giorgetti, Anne E. Corcoran, "Intra-and interchromosomal contact mapping reveals the *Igh* locus has extensive conformational heterogeneity and interacts with *B-lineage* genes", Cell Reports, 2023, doi: 10.1016/j.celrep.2023.113074
5. Jessica Zuin*, Gregory Roth*, **Yinxu Zhan**, Julie Cramard, Josef Redolfi, Ewa Piskadlo, Pia Mach, Mariya Kryzhanovska, Gergely Tihanyi, Hubertus Kohler, Mathias Eder, Christ Leemans, Bas van Steensel, Peter Meister, Sebastien Smallwood, Luca Giorgetti, "Nonlinear control of transcription through enhancer-promoter interactions", Nature, 2022, DOI: 10.1038/s41586-022-04570-y
6. **Yinxu Zhan**, Luca Giorgetti, Guido Tiana, "Polymer Folding Simulations from Hi-C Data", Hi-C Data Analysis: Methods and Protocols, 2022, DOI: 10.1007/978-1-0716-1390-0_13
7. Rafael Galupa, Christel Picard, Nicolas Servant, Elphège P Nora, **Yinxu Zhan**, Joke G van Bemmelen, Fatima El Marjou, Colin Johanneau, Maud Borensztein, Katia Ancelin, Luca Giorgetti, Edith Heard, "Inversion of a topological domain leads to restricted changes in its gene expression and affects interdomain communication", Development, 2022, DOI: 10.1242/dev.200568
8. Pia Mach*, Pavel I. Kos*, **Yinxu Zhan***, Julie Cramard, Simon Gaudin, Jana Tünnermann, Edoardo Marchi, Jan Eglinger, Jessica Zuin, Mariya Kryzhanovska, Sebastien Smallwood, Laurent Gelman, Gregory Roth, Elphège P. Nora, Guido Tiana, Luca Giorgetti, "Cohesin and CTCF control the dynamics of chromosome folding", Nature genetics, 2022, DOI: 10.1038/s41588-022-01232-7

9. Bastian Th Eichenberger^{*†}, **Yinxu Zhan**^{*†}, Markus Rempfler, Luca Giorgetti[†], Jeffrey A Chao[†], "*deepBlink: threshold-independent detection and localization of diffraction-limited spots*", Nucleic Acids Research, 2021, DOI: 10.1093/nar/gkab546
10. Fides Zenk^{*}, **Yinxu Zhan**^{*}, Pavel Kos^{*}, Eva Löser, Nazerke Atinbayeva, Melanie Schächtle, Guido Tiana, Luca Giorgetti, Nicola Iovino, "*HP1 drives de novo 3D genome reorganization in early Drosophila embryos*", Nature, 2021, DOI: 10.1038/s41586-021-03460-z
11. Rafael Galupa, Elphège Pierre Nora, Rebecca Worsley-Hunt, Christel Picard, Chris Gard, Joke Gerarda van Bemmelen, Nicolas Servant, **Yinxu Zhan**, Fatima El Marjou, Colin Johanneau, Patricia Diabangouaya, Agnès Le Saux, Sonia Lameiras, Juliana Pipoli da Fonseca, Friedemann Loos, Joost Gribnau, Sylvain Baulande, Uwe Ohler, Luca Giorgetti, Edith Heard, "*A conserved noncoding locus regulates random monoallelic Xist expression across a topological boundary*", Molecular cell, 2020, DOI: 10.1016/j.molcel.2019.10.030
12. Simone Pigolotti, Mogens H. Jensen, **Yinxu Zhan**, and Guido Tiana, "*Bifractal nature of chromosome contact maps*", Physical Review Research, 2020, <https://doi.org/10.1103/PhysRevResearch.2.043078>
13. Martina Crippa, **Yinxu Zhan**, and Guido Tiana, "*Effective model of loop extrusion predicts chromosomal domains*", Physical Review E, 2020, DOI: 10.1103/PhysRevE.102.032414
14. Johannes H. Wilbertz, Franka Voigt, Ivana Horvathova, Gregory Roth, **Yinxu Zhan**, Jeffrey A. Chao, "*Single-molecule imaging of mRNA localization and regulation during the integrated stress response*", Molecular cell, 2019, DOI: 10.1016/j.molcel.2018.12.006
15. Josef Redolfi^{*}, **Yinxu Zhan**^{*}, Christian Valdes-Quezada^{*}, Mariya Kryzhanovska, Isabel Guerreiro, Vytautas Iesmantavicius, Tim Pollex, Ralph S. Grand, Eskeatnaf Mulugeta, Jop Kind, Guido Tiana, Sebastien A. Smallwood, Wouter de Laat, Luca Giorgetti, "*DamC reveals principles of chromatin folding in vivo without crosslinking and ligation*", Nature structural & molecular biology, 2019, DOI: 10.1038/s41594-019-0231-0
16. Joke G. van Bemmelen, Rafael Galupa, Chris Gard, Nicolas Servant, Christel Picard, James Davies, Anthony James Szempruch, **Yinxu Zhan**, Jan J. Żylicz, Elphège P. Nora, Sonia Lameiras, Elzo de Wit, David Gentien, Sylvain Baulande, Luca Giorgetti, Mitchell Guttman, Jim R. Hughes, Douglas R. Higgs, Joost Gribnau, Edith Heard, "*The bipartite TAD organization of the X-inactivation center ensures opposing developmental regulation of Tsix and Xist*", Nature genetics, 2019, DOI: 10.1038/s41588-019-0412-0
17. **Yinxu Zhan**, Luca Mariani, Iros Barozzi, Edda G. Schulz, Nils Blüthgen, Michael Stadler, Guido Tiana, Luca Giorgetti, "*Reciprocal insulation analysis of Hi-C data shows that TADs represent a functionally but not structurally privileged scale in the hierarchical folding of chromosomes*", Genome research, 2017, DOI: 10.1101/gr.212803.116
18. Ivana Horvathova, Franka Voigt, Anna V. Kotrys, **Yinxu Zhan**, Caroline G. Artus-Revel, Jan Eglinger, Michael B. Stadler, Luca Giorgetti, Jeffrey A. Chao, "*The dynamics of mRNA turnover revealed by single-molecule imaging in single cells*", Molecular cell, 2017, DOI: 10.1016/j.molcel.2017.09.030
19. **Yinxu Zhan**, Luca Giorgetti, Guido Tiana, "*Modelling genome-wide topological associating domains in mouse embryonic stem cells*", Chromosome Research, 2017, DOI: 10.1007/s10577-016-9544-6
20. **Yinxu Zhan**, Luca Giorgetti, Guido Tiana, "*Looping probability of random heteropolymers helps to understand the scaling properties of biopolymers*", Physical Review E, 2016, DOI: 10.1103/PhysRevE.94.032402

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE IN PRESS

1. Nazerke Atinbayeva, Iris Valent, Fides Zenk, Eva Loeser, Michael Rauer, Shwetha Herur, Piergiuseppe Quarato, Giorgos Pyrowolakis, Alejandro Gomez-Auli, Gerhard Mittler, Germano Cecere, Sylvia Erhardt, Guido Tiana, **Yinxu Zhan**[†], Nicola Iovino[†], "*Inheritance of H3K9 methylation regulates genome architecture in Drosophila early embryos*", The Embo Journal
2. Francesco Gualdrini, Stefano Rizzieri, Sara Polletti, Francesco Pileri, **Yinxu Zhan**, Alessandro Cuomo, Gioacchino Natoli, "*An integrative epigenome-based strategy for unbiased profiling of clinical kinase inhibitors*", Molecular Systems Biology

Data

24/05/2024

Luogo

Milano