



**AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO**

COD. ID: 6432

Il sottoscritto chiede di essere ammesso a partecipare alla selezione pubblica, per titoli ed esami, per il conferimento di un assegno di ricerca presso il Dipartimento di **Scienze Farmacologiche e Biomolecolari** Responsabile scientifico: **Prof. Ivano Eberini**

Tommaso Laurenzi

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Laurenzi
Nome	Tommaso

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Assegnista	Università degli Studi di Milano

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Biotechnologie del Farmaco	Università degli Studi di Milano	2017
Dottorato Di Ricerca	Scienze Farmacologiche Sperimentali e Cliniche	Università degli Studi di Milano	2021



LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Inglese	Ottimo, C1

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2018	Titolare di Borsa di studio della durata di 36 mesi per la realizzazione del progetto "MEAP: MONITORAGGIO DEGLI EVENTI AVVERSI NELLE POPOLAZIONI FRAGILI" erogata da ASST Fatebenefratelli Sacco
2023	Titolare Borsa di Studio per attività di ricerca da svolgere presso il Laboratorio di Ricerca Traslazionale dell'Azienda USL-IRCCS di Reggio Emilia, nell'ambito del progetto "Analizzare il ruolo della proteina NEAT1 e della potenziale capacità di essere "agganciata" da un farmaco e la scoperta di nuovi RNAs deregolati non codificanti nel Mieloma Multiplo" (progetto di ricerca AIRC IG-2020, ID 24365).

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

descrizione dell'attività

Inizio l'attività di ricerca in ambito della bioinformatica strutturale nel 2016, conseguendo la Laurea Magistrale in Biotecnologie del Farmaco con una tesi dal titolo "An Integrated Computational Approach To Depict Retinoic Acid Physiology and Teratology". In questo progetto abbiamo studiato i meccanismi teratogenici di molecole in grado di interferire con il metabolismo dell'acido retinoico durante lo sviluppo neurale, impiegando tecniche di previsione della struttura di proteine attraverso modelli per omologia, docking molecolare e modelli matematici di biologia dei sistemi.

Dal 2017 al 2021, nell'ambito del mio progetto di Dottorato in Scienze Farmacologiche Sperimentali e Cliniche, ho studiato il meccanismo di attivazione e di reazione di Lecitina: Colesterolo-Acyl-Transferasi (LCAT) e la sua interazione con lipoproteine ad alta densità con l'obiettivo finale di sviluppare nuove molecole che fungano da attivatori allosterici di LCAT da impiegare come farmaci nel trattamento delle patologie da deficienza di LCAT. Il progetto, che ha portato a una pubblicazione, ha richiesto l'impiego di diverse tecniche di bioinformatica strutturale, tra cui: previsione della struttura tridimensionale di proteine attraverso modelli per omologia, studio delle interazioni, riconoscimento e stabilità dei complessi proteina::proteina attraverso docking e tecniche avanzate di dinamica molecolare, identificazione di attivatori allosterici attraverso l'analisi di grandi librerie di composti chimici con tecniche di virtual screening.

Durante il corso del mio dottorato ho inoltre seguito collaborazioni nelle quali mi sono occupato delle seguenti tematiche: i) studio del meccanismo di reazione di enzimi ad azione chetoreduccasica e previsione dell'affinità e metabolismo dei substrati attraverso metodi di quantomeccanica; ii) studio del meccanismo di riconoscimento e trasporto dei soluti nella superfamiglia di trasportatori transmembrana SLC; iii) Riposizionamento di farmaci in commercio e identificazione di nuovi composti da impiegare nel trattamento di infezioni dovute a SARS-CoV-2.

In questo periodo prosegue la mia attività di formazione in tecniche computazionali e studio l'applicazione e implementazione di metodi basati sull'intelligenza artificiale, ottenendo l'attestato per il superamento del corso telematico "Reti Neurali e Deep Learning" presso deeplearning.AI.

Nel 2021 sono titolare di un assegno di ricerca di 12 mesi per lo studio dei meccanismi molecolari di interazione tra le proteine nucleari NONO e SFPQ, proteine necessarie per la formazione delle paraspecole e implicate in patologie emato-oncologiche. Durante il progetto, mi occupo di simulazioni di



dinamica molecolare volte all'analisi della stabilità delle interazioni proteina-proteina e proteina-RNA con l'obiettivo di individuare regioni fondamentali per la formazione dei complessi omo- ed eterodimerici e individuare molecole in grado di impedirne l'associazione.

Nel 2022 sono titolare di un assegno di ricerca della durata di 12 mesi per lo studio della caratterizzazione termodinamica dei meccanismi di trasporto operati dai trasportatori transmembrana. Durante il progetto mi occupo di simulazioni di dinamica molecolare ad altro campionamento, con particolare attenzione alla metadinamica.

Nel 2023 sono titolare di una Borsa di Studio per attività di ricerca nell'ambito del progetto "Analizzare il ruolo della proteina NEAT1 e della potenziale capacità di essere "agganciata" da un farmaco e la scoperta di nuovi RNAs deregolati non codificanti nel Mieloma Multiplo" (progetto di ricerca AIRC IG-2020, ID 24365). Durante questo periodo mi occupo di drug design e docking molecolare per l'identificazione e l'ottimizzazione di molecole attive atte a disregolare la formazione delle paraspecole nelle cellule di mieloma multiplo.

Dalle sopracitate attività, ritengo di aver acquisito le competenze necessarie di biochimica computazionale e bioinformatica strutturale per svolgere con profitto il lavoro richiesto dal presente bando di concorso.

ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2017-2018	Ente finanziatore: Fondazione Italiana Sclerosi Multipla (FISM) Titolo del progetto: <i>Deciphering and modelling remyelinating mechanisms induced by clinically-used azole antifungals with exploitable repurposing properties</i> Importo: 75.000 € Ruolo: partecipante
2019-2025	Ente Finanziatore: AIRC Titolo del progetto: <i>Dissecting the role and druggability of NEAT1 and discovery of novel deregulated long noncoding RNAs in multiple myeloma</i> Importo: 710.000 € Ruolo: partecipante
2022-2023	Ente Finanziatore: European Food Safety Authority (EFSA) Titolo del Progetto: <i>Investigating in silico and in vitro tools supporting the toxicological assessment of novel proteins in food and feed risk assessment (Lot 1)</i> Importo: 185.000 € Ruolo: WP leader
2023	Ente Finanziatore: INDACO Titolo del Progetto: <i>Deciphering LAT1 molecular transport mechanism at an atomistic level</i> Importo: 40.000 ore di calcolo su Galileo100 (CINECA) Ruolo: Partecipante
2023-2024	Ente Finanziatore: PSR 2022 - Azione A Titolo del Progetto: <i>Description of transport mechanism of OCTNs and drug design via bioinformatics</i> Importo: 4.000 € Ruolo: Partecipante



CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
2019	IUBMB Advanced School in Protein Structure Solution, Prediction and Validation. Membro del comitato organizzatore	Spetzes (Grecia)
2018	Supramolecular modelling of an LCAT-rHDL assembly and cholesterol transesterification mechanism. T. Laurenzi, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini. New perspectives in pharmacology: from genetics to real life	Val Malenco
2018	Deciphering and modelling remyelinating mechanisms induced by clinically-used azole antifungals with exploitable repurposing properties. C. Parravicini, L. Palazzolo, E. Bonfanti, S. Raffaele, T. Laurenzi, M. Fumagalli, U. Guerrini, F. Di Renzo, R. Bacchetta, E. Menegola, I. Eberini. Congresso scientifico di AISM e della sua Fondazione	Roma
2018	Supramolecular modelling of an LCAT-rHDL assembly and cholesterol transesterification mechanism. T. Laurenzi, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini. 9. convegno Next Step	Milano
2018	Modelling Molecolare e meccanismo di interazione del complesso LCAT-rHDL. T. Laurenzi, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini. 12. convegno Congresso Nazionale Società Italiana di Terapia Clinica e Sperimentale	Milano
2019	Supramolecular modeling of an LCAT-rHDL assembly and cholesterol transesterification mechanism. T. Laurenzi, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini. WorkshopBio	Milano
2019	Computational modelling of the LCAT::rHDL molecular recognition	Val Malenco



	<p>mechanism. T. Laurenzi, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini.</p> <p>Spring School III edition</p>	
2019	<p>Deciphering remyelinating mechanisms induced by clinically-used azole antifungals with exploitable repurposing properties : An in silico approach / U. Guerrini, C. Parravicini, L. Palazzolo, E. Bonfanti, S. Raffaele, T. Laurenzi, M. Fumagalli, F. Di Renzo, R. Bacchetta, E. Menegola, I. Eberini.</p> <p>convegno CCG UGM and Conference</p>	Oxford
2019	<p>Mechanism of LAT1 amino acid antiporter: a molecular dynamics simulation of the behaviour of a solute and of an inhibitor / L. Palazzolo, C. Parravicini, T. Laurenzi, D. Polla, B. Guastella, U. Guerrini, C. Indiveri, E. Gianazza, I. Eberini.</p> <p>WorkshopBio</p>	Milano
2020	<p>Computational modelling of the LCAT::rHDL complex and bases of LCAT pharmacological activation. T. Laurenzi, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini.</p> <p>New perspectives in pharmacology: from genetics to real life, Spring School IV edition</p>	Val Malenco
2021	<p><i>Computational modelling of the LCAT::rHDL complex and bases of LCAT pharmacological activation</i> / T. Laurenzi, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini. ((Intervento presentato al convegno</p> <p>From Information to Function: a system biology view of the processes of life - A tribute to Anna Tramontano</p>	Online
2021	<p><i>Stereoselective monoreduction of bulky 1,2-dicarbonyls catalyzed by a benzyl reductase from Pichia glucozyma (KRED1-Pglu)</i> / M. Rabuffetti, P. Cannazza, M.L. Contente, A. Pinto, D. Romano, P. Hoyos,</p>	Online



	A.R. Alcántara, I. Eberini, T. Laurenzi, L.J. Gourlay, F. DI PISA, F.E. Molinari. 15. convegno International Symposium on Biocatalysis and Biotransformations: BIOTRANS	
2023	Valutazione in silico dell'attività tossica di beta-insect depressant toxin LqhIT2 prodotta da <i>Leiurus hebraeus</i> sui canali voltaggio- dipendenti del sodio di <i>Homo Sapiens</i> / L. Palazzolo, B. Rassati, S. Saporiti, L. Montavoci, T. Laurenzi, O. Ben Mariem, U. Guerrini, I. Eberini. 21. convegno Congresso Nazionale SITOX	Bologna

PUBBLICAZIONI

Articoli su riviste
Guidi, B., M. Planchestainer, M. L. Contente, T. Laurenzi , I. Eberini, L. J. Gourlay, D. Romano, F. Paradisi, and F. Molinari. 2018. "Strategic Single Point Mutation Yields a Solvent- and Salt-Stable Transaminase from <i>Virgibacillus</i> Sp. in Soluble Form." <i>Scientific Reports</i> 8 (1). doi:10.1038/s41598-018-34434-3.
Palazzolo, L., C. Parravicini, T. Laurenzi , U. Guerrini, C. Indiveri, E. Gianazza, and I. Eberini. 2018. "In Silico Description of LAT1 Transport Mechanism at an Atomistic Level." <i>Frontiers in Chemistry</i> 6 (AUG). doi:10.3389/fchem.2018.00350.
Gianazza, E., I. Miller, U. Guerrini, L. Palazzolo, T. Laurenzi , C. Parravicini, and I. Eberini. 2019. "What if? Mouse Proteomics After Gene Inactivation." <i>Journal of Proteomics</i> 199: 102-122. doi:10.1016/j.jprot.2019.03.008.
Palazzolo, L., C. Paravicini, T. Laurenzi , S. Adobati, S. Saporiti, U. Guerrini, E. Gianazza, et al. 2019. "SLC6A14, a Pivotal Actor on Cancer Stage: When Function Meets Structure." <i>SLAS Discovery</i> 24 (9): 928-938. doi:10.1177/2472555219867317.
Pavanello, C., A. Ossoli, M. Turri, A. Strazzella, S. Simonelli, T. Laurenzi , K. Kono, et al. 2020. "Activation of Naturally Occurring Lecithin: Cholesterol Acyltransferase Mutants by a Novel Activator Compound." <i>Journal of Pharmacology and Experimental Therapeutics</i> 375 (3): 463-468. doi:10.1124/JPET.120.000159.
T. Laurenzi , C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, E. Gianazza, L. Calabresi, I. Eberini. 2020. "rHDL modelling and the anchoring mechanism of LCAT activation." <i>Journal of Lipid Research</i> . 62:100006. doi.org/10.1194/jlr.RA120000843.
Rabuffetti, M., P. Cannazza, M. L. Contente, A. Pinto, D. Romano, P. Hoyos, A. R. Alcantara, I. Eberini, T. Laurenzi , L. Gourlay, F. Di Pisa, F. Molinari. 2021. "Structural Insights into the Desymmetrization of Bulky 1,2-Dicarbonyls through Enzymatic Monoreduction." <i>Bioorganic Chemistry</i> 108.



doi:10.1016/j.bioorg.2021.10464.
Laurenzi T. , Palazzolo L., Taiana E., Saporiti S., Ben Mariem O., Guerrini U., Neri A., Eberini I. Molecular Modelling of NONO and SFPQ Dimerization Process and RNA Recognition Mechanism. Int. J. Mol.Sci. 2022, 23, 7626. https://doi.org/10.3390/ijms23147626
Daniele S, Saporiti S, Capaldi S, Pietrobono D, Russo L, Guerrini U, Laurenzi T , Ataie Kachoie E, Palazzolo L, Russo V, Abbracchio MP, Eberini I, Trincavelli ML. Functional Heterodimerization between the G Protein-Coupled Receptor GPR17 and the Chemokine Receptors 2 and 4: New Evidence. Int J Mol Sci. 2022 Dec 23;24(1):261. doi: 10.3390/ijms24010261
Ben Mariem O., Saporiti S., Guerrini U., Laurenzi T. , Palazzolo L., Indiveri C., Barile M., De Fabiani E., Eberini I. In silico investigation on structure-function relationship of members belonging to the human SLC52 transporter family. Proteins. 2022; 1- 15. doi:10.1002/prot.26453
Pinna C. and Laurenzi T. , Forlani F., Palazzolo L., Nolan C. B., Christodoulou M. S., Cortesi P., Pinto A., Eberini I., Kunova A. and Dallavalle S. Exploration of Novel Scaffolds Targeting Cytochrome b of Pyricularia oryzae. Int. J. Mol. Sci. 2023, 24(3), 2705
V. De Vitis, P. Cannazza, L. Mattio, D. Romano, A. Pinto, F. Molinari, T. Laurenzi , I. Eberini, M.L. Contente. Caulobacter segnis dioxygenase CsO2: a practical biocatalyst for stilbenoid ozonolysis. CHEMBIOCHEM. - ISSN 1439-4227. - (2023), pp. e202300477.1-e202300477.6. [Epub ahead of print] [10.1002/cbic.202300477]
S. Saporiti, T. Laurenzi , U. Guerrini, C. Coppa, W. Palinsky, G. Benigno, L. Palazzolo, O. Ben Mariem, L. Montavoci, M. Rossi, F. Centola, I. Eberini. Effect of Fc core fucosylation and light chain isotype on IgG1 flexibility. COMMUNICATIONS BIOLOGY. - ISSN 2399-3642. - 6:1(2023 Mar 03), pp. 237.1-237.10. [10.1038/s42003-023-04622-7]
B. Tedesco, L. Vendredy, E. Adriaenssens, M. Cozzi, B. Asselbergh, V. Crippa, R. Cristofani, P. Rusmini, V. Ferrari, E. Casarotto, M. Chierichetti, F. Mina, P. Pramaggiore, M. Galbiati, M. Piccolella, J. Baets, F. Baeke, R. De Rycke, V. Mouly, T. Laurenzi , I. Eberini, A. Vihola, B. Udd, L. Weiss, V. Kimonis, V. Timmerman, A. Poletti. SHSPB8 frameshift mutant aggregates weaken chaperone-assisted selective autophagy in neuromyopathies. AUTOPHAGY. - ISSN 1554-8627. - (2023), pp. 1-23. [Epub ahead of print] [10.1080/15548627.2023.2179780]

ATTIVITÀ DIDATTICA

Certified Microsoft Innovative Educator con i seguenti moduli:

- Creare un ambiente di apprendimento collaborativo con i Teams di classe

Attività di tutorato (Art. 45) nel corso di Bioinformatica Strutturale tenuto dal Prof. Ivano Eberini nel CdL Biotecnologie del Farmaco (LM-9) - 16 ore - negli AA 2018-2019, 2019-2020, 2022-2023. Argomenti



trattati:

- Progettazione di farmaci basata sulla struttura
- Predizione della pKa di amminoacidi
- Homology Modelling e raffinamento di una struttura di proteina con attività enzimatica
- Docking e generazione modelli farmacoforici, QSAR

Lezione nel corso di Dottorato in Scienze Farmacologiche, Sperimentali e Cliniche (corso Structural Bioinformatics, Prof. Ivano Eberini):

1. Comparative modeling and advanced molecular dynamics - 1 ora - AA 2019-2020
2. High throughput virtual screening for the study of molecular recognition and the development of new bioactive molecules - 1 ora - AA 2020-2021

Correlatore nella tesi di laurea magistrale di:

Sara Adobati - ANALISI IN SILICO DEL MECCANISMO DI TRASPORTO DI SLC6A14: UN POTENZIALE BERSAGLIO NELLA TERAPIA DEL CANCRO - AA 2018-2019

Giorgio Induni - COMPUTATIONAL EVALUATION AND IN-SILICO TOXICOLOGICAL ANALYSIS OF NEW CANDIDATE CYTOCHROME BC1 INHIBITORS FOR THE MANAGEMENT OF RICE BLAST DISEASE- AA 2020-2021

Michele Zanni - ANALISI IN SILICO DEL MECCANISMO DI TRASPORTO DI SLC6A14: UN POTENZIALE BERSAGLIO NELLA TERAPIA DEL CANCRO - AA 2021-2022

Madalina Holbea - IDENTIFICAZIONE DI POSSIBILI INIBITORI DI SARS-CoV-2 ATTRAVERSO UN APPROCCIO DI VIRTUAL SCREENING- AA 2022-2023

ATTIVITÀ DI COMUNICAZIONE

- Condivisione e comunicazione dei risultati della ricerca tramite social network (Twitter e Facebook) in forma di brevi *post* divulgativi.
- Partecipazione a eventi di comunicazione scientifica quali MEETmeTONIGHT (Milano, 2019 e 2020) e Pint of Science (Milano, 2017)
- Pubblicazione di articoli tramite la piattaforma *RicercaMIX*, blog di comunicazione del Dipartimento di Scienze Farmacologiche e Biomolecolari (DISFeB) dell'Università degli Studi di Milano.

Le dichiarazioni rese nel presente curriculum sono da ritenersi rilasciate ai sensi degli artt. 46 e 47 del DPR n. 445/2000.

Il presente curriculum, non contiene dati sensibili e dati giudiziari di cui all'art. 4, comma 1, lettere d) ed e) del D.Lgs. 30.6.2003 n. 196.

RICORDIAMO che i curricula **SARANNO RESI PUBBLICI sul sito di Ateneo** e pertanto si prega di non inserire dati sensibili e personali. Il presente modello è già precostruito per soddisfare la necessità di pubblicazione senza dati sensibili.

Si prega pertanto di **NON FIRMARE** il presente modello.

Luogo e data: Milano, 27/02/2024