



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 5259

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
Data Di Nascita	25/02/1991

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

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

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:Cholesterol-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 chetoreduktasica 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; iil) 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.

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

Giugno 2017-Maggio 2018

Ente finanziatore: Fondazione Italiana Sclerosi Multipla (FISM)

Titolo del progetto: *Deciphering and modelling remyelinating mechanisms induced by clinically-used azole antifungals with exploitable repurposing properties*

Importo: 75.000 €

Ruolo: partecipante

Dicembre 2019-Gennaio 2025

Ente Finanziatore: AIRC

Titolo del progetto: *Dissecting the role and druggability of NEAT1 and discovery of novel deregulated long noncoding RNAs in multiple myeloma*

Importo: 710.000 €

Ruolo: partecipante

Gennaio 2022-Dicembre 2023

Ente Finanziatore: European Food Safety Authority (EFSA)

Titolo del Progetto: *Investigating in silico and in vitro tools supporting the toxicological assessment of novel proteins in food and feed risk assessment (Lot 1)*

Importo: 185.000 €

Ruolo: WP leader

Grant richiesti e non ancora valutati:

Ente Finanziatore: Cariplo - Ricerca Biomedica Condotta da giovani ricercatori 2022

Titolo del Progetto: *Druggable membrane transporters of the OCTN family: in silico approaches to unravel their structure/function relationships*

Importo: 230.000 €

Ruolo: partecipante

Ente Finanziatore: Ministero della Salute - Bando Ricerca Finalizzata 2022

Titolo del Progetto: *Targeting the DNA helicase HELLS as novel therapeutic target in T-cell Lymphomas*

Importo: 450.000 €

Ruolo: partecipante

Ente Finanziatore: Cariplo-Telethon

Titolo del Progetto: *Molecular characterization of SLC45A1 and its involvement in the intellectual developmental disorder with neuropsychiatric features*

Importo: 230.000 €

Ruolo: partecipante



CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Organizzazione di Congressi:

1. IUBMB Advanced School in *Protein Structure Solution, Prediction and Validation*, Spetzes (Grecia), 2019. Membro del comitato organizzatore.

Presentazioni Orali:

1. *Supramolecular modelling of an LCAT-rHDL assembly and cholesterol trans-esterification 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.
2. *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.
3. *Supramolecular modelling of an LCAT-rHDL assembly and cholesterol trans-esterification mechanism*. **T. Laurenzi**, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini. 9. convegno Next Step, Milano, 2018.
4. *Modellng 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, 2018.
5. *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.
6. *Computational modelling of the LCAT::rHDL molecular recognition mechanism*. **T. Laurenzi**, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, L. Calabresi, I. Eberini. Spring School III edition, Val Malenco, 2019.
7. *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. *New perspectives in pharmacology: from genetics to real life*, Spring School IV edition, Val Malenco, 2020.

Sono stato inoltre coautore di un totale di 11 presentazioni orali e poster a congressi nazionali ed internazionali (fonte: AIR).

PUBBLICAZIONI

Numero delle pubblicazioni: 7

Numero degli articoli: 6

Numero di reviews: 1

Pubblicazioni con impact factor: 7

Primo, ultimo o corresponding author in: 1

Numero delle citazioni: 32



H-index: 4

Articoli su riviste

1. 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 *Virgibacillus* Sp. in Soluble Form." *Scientific Reports* 8 (1). doi:10.1038/s41598-018-34434-3.
2. 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." *Frontiers in Chemistry* 6 (AUG). doi:10.3389/fchem.2018.00350.
3. Gianazza, E., I. Miller, U. Guerrini, L. Palazzolo, **T. Laurenzi**, C. Parravicini, and I. Eberini. 2019. "What if? Mouse Proteomics After Gene Inactivation." *Journal of Proteomics* 199: 102-122. doi:10.1016/j.jprot.2019.03.008.
4. 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." *SLAS Discovery* 24 (9): 928-938. doi:10.1177/2472555219867317.
5. 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." *Journal of Pharmacology and Experimental Therapeutics* 375 (3): 463-468. doi:10.1124/JPET.120.000159.
6. **T. Laurenzi**, C. Parravicini, L. Palazzolo, U. Guerrini, E. Gianazza, L. Calabresi, I. Eberini. 2020. "rHDL modelling and the anchoring mechanism of LCAT activation." *Journal of Lipid Research*. 62:100006. doi.org/10.1194/jlr.RA120000843.
7. 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." *Bioorganic Chemistry* 108. doi:10.1016/j.bioorg.2021.10464.

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 e 2019-2020. 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

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.



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, 11/03/2022