

INFORMAZIONI PERSONALI **Lorenzo Di Rienzo**

Sesso Maschio | Data di nascita 22/02/1990 | Nazionalità Italiana

ESPERIENZA PROFESSIONALE

- Mar 2020 - In corso **Post-Doc**
Center for life Nano & Neuro Science, Italian Institute of Technology

- Dec 2018 - Mar 2020 **Post-Doc**
Dipartimento di Fisica, Università Sapienza di Roma

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

- 2015-2019 **Dottorato di ricerca**
Scienze della Vita (Bioinformatica e biologia computazionale). Dipartimento di Biochimica, Università Sapienza di Roma.

- 2013-2015 **Laurea magistrale**
Fisica (curriculum "Fisica dei sistemi biologici"), con lode. Dipartimento di Fisica, Università Sapienza di Roma.

- 2008-2012 **Laurea triennale**
Fisica. Dipartimento di Fisica, Università Sapienza di Roma.

COMPETENZE PERSONALI

Lingua madre Italiano

Altre lingue

COMPRESIONE		PARLATO		PRODUZIONE SCRITTA	
Ascolto	Lettura	Interazione	Produzione orale		
Inglese	Ottimo	Eccellente	Ottimo	Ottimo	Eccellente

Interessi scientifici La mia attività di ricerca è orientata allo studio *in-silico* delle interazioni fondamentali che avvengono tra molecole biologiche. Il focus della mia ricerca è la caratterizzazione quantitativa

Attività di insegnamento

dei meccanismi fisici e chimici alla base del riconoscimento molecolare, attraverso l'analisi delle caratteristiche strutturali e dinamiche della bio-molecole. Lo scopo di questa ricerca è l'ideazione di algoritmi predittivi applicati su aspetti di importante rilevanza biomedica.

Co-relatore di studente di tesi magistrale: A. De Lauro, Laurea magistrale in Fisica, Sapienza Università di Roma. Relatore: Prof. Giancarlo Ruocco. Titolo: "Antibody Design through geometric optimization based on Zernike Polynomials and Monte Carlo Simulations".

ULTERIORI INFORMAZIONI

Pubblicazioni Scientifiche

- Di Rienzo L, Milanetti E, Lepore R, Olimpieri PP and Tramontano A. (2017). Superposition-free comparison and clustering of antibody binding sites: implications for the prediction of the nature of their antigen. *Scientific Reports* 7, 45053
- Miotto, M., Olimpieri, P. P., Di Rienzo, L., Ambrosetti, F., Corsi, P., Lepore, R., ... & Milanetti, E. (2019). Insights on protein thermal stability: a graph representation of molecular interactions. *Bioinformatics*, 35(15), 2569-2577.
- Di Rienzo, L., Milanetti, E., Testi, C., Montemiglio, L. C., Baiocco, P., Boffi, A., & Ruocco, G. (2020). A novel strategy for molecular interfaces optimization: The case of Ferritin-Transferrin receptor interaction. *Computational and structural biotechnology journal*, 18, 2678-2686.
- Bò, L., Miotto, M., Di Rienzo, L., Milanetti, E., & Ruocco, G. (2020). Exploring the association between sialic acid and SARS-CoV-2 spike protein through a molecular dynamics-based approach. *Frontiers in Medical Technology*, 2, 24.
- Miotto, M., Di Rienzo, L., Corsi, P., Ruocco, G., Raimondo, D., & Milanetti, E. (2020). Simulated epidemics in 3d protein structures to detect functional properties. *Journal of chemical information and modeling*, 60(3), 1884-1891.
- Di Rienzo, L., Milanetti, E., Alba, J., & D'Abramo, M. (2020). Quantitative characterization of binding pockets and binding complementarity by means of zernike descriptors. *Journal of chemical information and modeling*, 60(3), 1390-1398.
- Alba, J., Di Rienzo, L., Milanetti, E., Acuto, O., & D'Abramo, M. (2020). Molecular dynamics simulations reveal canonical conformations in different pMHC/TCR interactions. *Cells*, 9(4), 942.
- Miotto, M., Di Rienzo, L., Bò, L., Boffi, A., Ruocco, G., & Milanetti, E. (2021). Molecular mechanisms behind anti SARS-CoV-2 action of lactoferrin. *Frontiers in molecular biosciences*, 8.
- Milanetti, E., Miotto, M., Di Rienzo, L., Monti, M., Gosti, G., & Ruocco, G. (2021). 2D Zernike polynomial expansion: Finding the protein-protein binding regions. *Computational and structural biotechnology journal*, 19, 29-36
- Sandomenico, A., Di Rienzo, L., Calvanese, L., Iaccarino, E., D'Auria, G., Falcigno, L., ... & Raimondo, D. (2021). Insights into the Interaction Mechanism of DTP3 with MKK7 by Using STD-NMR and Computational Approaches. *Biomedicines*, 9(1), 20.
- Di Rienzo, L., Miotto, M., Bò, L., Ruocco, G., Raimondo, D., & Milanetti, E. (2021). Characterizing hydrophobicity of amino acid side chain in a protein environment by investigating the structural changes of water molecules network. *Frontiers in molecular biosciences*, 8.
- Puigmartí-Luis, J., Galve, N. C., Abrishamkar, A., Sorrenti, A., Di Rienzo, L., Satta, M., ... & Espallargas, G. M. (2021). Exploiting reaction-diffusion conditions to trigger pathway complexity in the growth of a MOF. *Angewandte Chemie International Edition*.
- Miotto, M., Di Rienzo, L., Gosti, G., Milanetti, E., & Ruocco, G. (2021). Does blood type affect the COVID-19 infection pattern?. *Plos one*, 16(5), e0251535.

- Milanetti, E., Miotto, M., Di Rienzo, L., Nagaraj, M., Monti, M., Golbek, T. W., ... & Ruocco, G. (2021). In-Silico evidence for a two receptor based strategy of SARS-CoV-2. *Frontiers in molecular biosciences*, 8.
- Di Rienzo, L., Monti, M., Milanetti, E., Miotto, M., Boffi, A., Tartaglia, G. G., & Ruocco, G. (2021). Computational optimization of angiotensin-converting enzyme 2 for SARS-CoV-2 Spike molecular recognition. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 19, 3006-3014.
- Di Rienzo, L., Milanetti, E., Ruocco, G., & Lepore, R. (2021). Quantitative Description of Surface Complementarity of Antibody-Antigen Interfaces. *Frontiers in molecular biosciences*, 933.
- Grassmann, G., Miotto, M., Di Rienzo, L., Salaris, F., Silvestri, B., Zacco, E., ... & Milanetti, E. (2021). A Computational Approach to Investigate TDP-43 RNA-Recognition Motif 2 C-Terminal Fragments Aggregation in Amyotrophic Lateral Sclerosis. *Biomolecules*, 11(12), 1905.
- Di Rienzo, L., De Flaviis, L., Ruocco, G., Folli, V., & Milanetti, E. (2022). Binding site identification of G protein-coupled receptors through a 3D Zernike polynomials-based method: application to *C. elegans* olfactory receptors. *Journal of Computer-Aided Molecular Design*, 1-14.
- Miotto, M., Di Rienzo, L., Gosti, G., Bo, L., Parisi, G., Piacentini, R., ... & Milanetti, E. (2022). Inferring the stabilization effects of SARS-CoV-2 variants on the binding with ACE2 receptor. *Communications Biology*, 5(1), 1-13.
- Miotto, M., Armaos, A., Di Rienzo, L., Ruocco, G., Milanetti, E., & Tartaglia, G. G. (2022). Thermometer: a webserver to predict protein thermal stability. *Bioinformatics (Oxford, England)*, btab868.

i

Conferenze

- CASP 12 - Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction – Dicembre 10 – 13, 2016, Gaeta, Italy
- VII BeMM Symposium - Biology and Molecular Medicine PhD Schools – Sapienza, Università di Roma – Novembre 18, 2016
- BC2 – XIII Basel Computational Biology Conference – Settembre 12-15, 2017, Basel Congress Center – Oral Presentation
- Physics of biomolecules: structure, dynamics, function - 5th workshop – Febbraio 7-10, 2018, Bressanone
- ISCB-LA SOIBIO - EMBnet 2018 – Novembre 5-9, 2018, Viña del Mar, Chile – Oral and poster presentation
- IX BeMM Symposium - Biology and Molecular Medicine PhD Schools – Sapienza, University of Rome – Novembre 13, 2018 – Poster presentation
- BITS 2019 - 16th Annual Meeting of the Bioinformatics Italian Society – Giugno 26-28, 2019, Palermo, Italy – Oral presentation
- Physics of biomolecules: structure, dynamics, function - 6h workshop – Febbraio 5-8 2020, Bressanone
- From Information to Function: a system biology view of the processes of life – A tribute to Anna Tramontano – Aprile 20, 2021, Online – Oral presentation

Riconoscimenti e premi

- NVIDIA Academic Hardware Grant Program – Assegnazione su base di merito di una scheda grafica TITAN V (valore ~ 3000 euro) (2019)

Roma 10/02/2022

ai fini della pubblicazione in ottemperanza all'art.15 del D.Lgs. 33/2013