

LORENZO DI RIENZO

ESPERIENZE PROFESSIONALI

Professore Associato (Biochimica)

UniCamillus-Saint Camillus International University of Health Sciences, Rome, Italy

📅 Iniziato a Settembre 2025

📍 Roma, Italia

Ricercatore Post-Doc

Center for Life Nano and Neuro Science, Istituto Italiano di Tecnologia

📅 Marzo 2020 - Agosto 2025

📍 Roma, Italia

Assegno di Ricerca Post-Doc

Dipartimento di Fisica, Sapienza Università di Roma

📅 Novembre 2018 - Marzo 2020

📍 Roma, Italia

FORMAZIONE

Ph.D. in Scienze della Vita - Bioinformatica e Biologia Computazionale

2015-2019

📅 Sapienza Università di Roma

📍 Roma, Italia

Laurea magistrale in Fisica - Curriculum: Fisica dei biosistemi. (cum laude)

2012-2015

📅 Sapienza Università di Roma

📍 Roma, Italia

Laurea Triennale in Fisica

2008-2012

📅 Sapienza Università di Roma

📍 Roma, Italia

INTERESSI SCIENTIFICI

La mia attività di ricerca è principalmente incentrata sull'indagine in-silico delle interazioni fondamentali tra le molecole biologiche. L'obiettivo è sviluppare protocolli computazionali per affrontare compiti complessi nella biologia computazionale. In particolare, il mio lavoro si concentra sulla caratterizzazione quantitativa dei meccanismi fisici alla base del riconoscimento molecolare, ottenuta attraverso l'analisi delle caratteristiche strutturali e dinamiche delle biomolecole. I risultati di questa ricerca sono destinati a supportare lo sviluppo di algoritmi e metodi predittivi con rilevante importanza biomedica.

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

Grassmann, G., Di Rienzo, L., Ruocco, G., Milanetti, E., & Miotto, M.

Exploring neural networks to uncover information-rich features for protein interaction prediction.

European Biophysics Journal, 2025

Miotto, M., Di Rienzo, L., Bo', L., Ruocco, G., & Milanetti, E.

Zepyros: a webserver to evaluate the shape complementarity of protein-protein interfaces.

Bioinformatics Advances, 2025

Di Rienzo, L., Miotto, M., Milanetti, E., & Ruocco, G.

*Ligand specificity in *Saccharomyces cerevisiae* G-Protein coupled receptor binding site design.*

Philosophical Magazine, 2025

Testi, C., Piacentini, R., Perrone, A., Bartoli, C., Leso, D., Pavia, D., ... & Di Rienzo, L.

Exploring the NANOG-TET2 interaction interface. Effects of a selected mutation and hypothesis on the clinical correlation with anemias.

Frontiers in Chemical Biology, 2025

Grassmann, G., Di Rienzo, L., Ruocco, G., Miotto, M., & Milanetti, E.

Compact assessment of molecular surface complementarities enhances neural network-aided prediction of key binding residues.

Journal of Chemical Information and Modeling, 2025

Panei, F. P., Di Rienzo, L., Zacco, E., Armaos, A., Tartaglia, G. G., Ruocco, G., & Milanetti, E.

Synchronized motion of interface residues for evaluating protein-RNA complex binding affinity: Application to aptamer-mediated inhibition of TDP-43 aggregates.

Protein Science, 2024

Grassmann, G., Miotto, M., Desantis, F., Di Rienzo, L., Tartaglia, G. G., Pastore, A., ... & Milanetti, E.

Computational Approaches to Predict Protein-Protein Interactions in Crowded Cellular Environments.

Chemical Reviews, 2024

Desantis, F., Miotto, M., Milanetti, E., Ruocco, G., & Di Rienzo, L.

Computational evidences of a misfolding event in an aggregation-prone light chain preceding the formation of the non-native pathogenic dimer.

Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics, 2024

Monti, M., Milanetti, E., Frans, M. T., Miotto, M., Di Rienzo, L., Baranov, M. V., ... & Roeters, S. J.

Two Receptor Binding Strategy of SARS-CoV-2 Is Mediated by Both the N-Terminal and Receptor-Binding Spike Domain.

The Journal of Physical Chemistry B, 2024

Parisi, G., Piacentini, R., Incocciati, A., Bonamore, A., Macone, A., Rupert, J., ... & Di Rienzo, L.

Design of protein-binding peptides with controlled binding affinity: the case of SARS-CoV-2 receptor binding domain and angiotensin-converting enzyme 2 derived peptides.

Frontiers in Molecular Biosciences, 2024

Grassmann, G., Di Rienzo, L., Gosti, G., Leonetti, M., Ruocco, G., Miotto, M., & Milanetti, E.

Electrostatic complementarity at the interface drives transient protein-protein interactions.

Scientific reports, 2023

Di Rienzo, L., Miotto, M., Desantis, F., Grassmann, G., Ruocco, G., & Milanetti, E.

Dynamical Changes of SARS-Cov-2 Spike Variants in the Highly Immunogenic Regions Impact the Viral Antibodies Escaping.

Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics, 2023

Milanetti, E., Miotto, M., Di Rienzo, L., & Ruocco, G.

Investigating the competition between ACE2 natural molecular interactors and SARS-CoV-2 candidate inhibitors.

Chemico-Biological Interactions, 2023

Kalia, M., Miotto, M., Ness, D., Opie-Martin, S., Spargo, T. P., Di Rienzo, L., ... & Project MinE ALS Sequencing Consortium.

Molecular dynamics analysis of superoxide dismutase 1 mutations suggests decoupling between mechanisms underlying ALS on-set and progression.

Computational and Structural Biotechnology Journal, 2023

Di Rienzo, L., Miotto, M., Milanetti, E., & Ruocco, G.

Computational structural-based GPCR optimization for user-defined ligand: Implications for the development of biosensors.

Computational and Structural Biotechnology Journal, 2023

Miotto, M., Di Rienzo, L., Grassmann, G., Desantis, F., Cidonio, G., Gosti, G., ... & Milanetti, E.

Differences in the organization of interface residues tunes the stability of the SARS-CoV-2 spike-ACE2 complex.

Frontiers in Molecular Biosciences, 2023

Desantis, F., Miotto, M., Di Rienzo, L., Milanetti, E., & Ruocco, G.

Spatial organization of hydrophobic and charged residues affects protein thermal stability and binding affinity.

Scientific Reports, 2022

De Lauro, A., Di Rienzo, L., Miotto, M., Olimpieri, P. P., Milanetti, E., & Ruocco, G.

Shape complementarity optimization of antibody-antigen interfaces: the application to SARS-CoV-2 spike protein.

Frontiers in Molecular Biosciences, 2022

Piacentini, R., Centi, L., Miotto, M., Milanetti, E., Di Rienzo, L., Pitea, M., ... & Parisi, G.

Lactoferrin inhibition of the complex formation between ACE2 receptor and SARS CoV-2 recognition binding domain.

International Journal of Molecular Sciences, 2022

Grassmann, G., Miotto, M., Di Rienzo, L., Gosti, G., Ruocco, G., & Milanetti, E.

A novel computational strategy for defining the minimal protein molecular surface representation

Plos one, 2022

Miotto, M., Armaos, A., Di Rienzo, L., Ruocco, G., Milanetti, E., & Tartaglia, G. G.

Thermometer: a webserver to predict protein thermal stability.

Bioinformatics, 2022

Miotto, M., Di Rienzo, L., Gosti, G., Bo', L., Parisi, G., Piacentini, R., ... & Milanetti, E.

Inferring the stabilization effects of SARS-CoV-2 variants on the binding with ACE2 receptor.

Communications biology, 2022

Di Rienzo, L., De Flaviis, L., Ruocco, G., Folli, V., & Milanetti, E.

Binding site identification of G protein-coupled receptors through a 3D Zernike polynomials-based method: Application to C. elegans olfactory receptors.

Grassmann, G., Miotto, M., Di Rienzo, L., Salaris, F., Silvestri, B., Zacco, E., ... & Milanetti, E.

A computational approach to investigate tdp-43 rna-recognition motif 2 c-terminal fragments aggregation in amyotrophic lateral sclerosis.

Biomolecules, 2021

Di Rienzo, L., Milanetti, E., Ruocco, G., & Lepore, R.

Quantitative description of surface complementarity of antibody-antigen interfaces

Frontiers in Molecular Biosciences, 2021

Calvo Galve, N., Abrishamkar, A., Sorrenti, A., Di Rienzo, L., Satta, M., D'Abramo, M., ... & Puigmartí-Luis, J.

Exploiting reaction-diffusion conditions to trigger pathway complexity in the growth of a MOF.

Angewandte Chemie, 2021

Milanetti, E., Miotto, M., Di Rienzo, L., Nagaraj, M., Monti, M., Golbek, T. W., ... & Ruocco, G.

In-silico evidence for a two receptor based strategy of SARS-CoV-2

Frontiers in molecular biosciences, 2021

Miotto, M., Di Rienzo, L., Gosti, G., Milanetti, E., & Ruocco, G.

Does blood type affect the COVID-19 infection pattern?

Plos one, 2021

Di Rienzo, L., Miotto, M., Bò, L., Ruocco, G., Raimondo, D., & Milanetti, E.

Characterizing hydropathy of amino acid side chain in a protein environment by investigating the structural changes of water molecules network

Frontiers in molecular biosciences, 2021

Miotto, M., Di Rienzo, L., Bò, L., Boffi, A., Ruocco, G., & Milanetti, E.

Molecular mechanisms behind anti SARS-CoV-2 action of lactoferrin

Frontiers in molecular biosciences, 2021

Bò, L., Miotto, M., Di Rienzo, L., Milanetti, E., & Ruocco, G.

Exploring the association between sialic acid and SARS-CoV-2 spike protein through a molecular dynamics-based approach

Frontiers in medical technology, 2021

Di Rienzo, L., Monti, M., Milanetti, E., Miotto, M., Boffi, A., Tartaglia, G. G., & Ruocco, G.

Computational optimization of angiotensin-converting enzyme 2 for SARS-CoV-2 Spike molecular recognition

Computational and Structural Biotechnology Journal, 2021

Milanetti, E., Miotto, M., Di Rienzo, L., Monti, M., Gosti, G., & Ruocco, G.

2D Zernike polynomial expansion: Finding the protein-protein binding regions

Computational and Structural Biotechnology Journal, 2021

Sandomenico, A., Di Rienzo, L., Calvanese, L., Iaccarino, E., D'Auria, G., Falcigno, L., ... & Raimondo, D.
Insights into the Interaction Mechanism of DTP3 with MKK7 by Using STD-NMR and Computational Approaches
Biomedicines, 2020

Alba, J., Di Rienzo, L., Milanetti, E., Acuto, O., & D'Abramo, M.
Molecular dynamics simulations reveal canonical conformations in different pMHC/TCR interactions
Cells, 2020

Di Rienzo, L., Milanetti, E., Alba, J., & D'Abramo, M.
Quantitative characterization of binding pockets and binding complementarity by means of zernike descriptors
Journal of chemical information and modeling, 2020

Miotto, M., Di Rienzo, L., Corsi, P., Ruocco, G., Raimondo, D., & Milanetti, E.
Simulated epidemics in 3d protein structures to detect functional properties
Journal of chemical information and modeling, 2020

Di Rienzo, L., Milanetti, E., Testi, C., Montemiglio, L. C., Baiocco, P., Boffi, A., & Ruocco, G.
A novel strategy for molecular interfaces optimization: the case of ferritin-transferrin receptor interaction
Computational and structural biotechnology journal, 2020

Miotto, M., Olimpieri, P. P., Di Rienzo, L., Ambrosetti, F., Corsi, P., Lepore, R., ... & Milanetti, E.
Insights on protein thermal stability: a graph representation of molecular interactions
Bioinformatics, 2019

Di Rienzo, L., Milanetti, E., Lepore, R., Olimpieri, P. P., & Tramontano, A
Superposition-free comparison and clustering of antibody binding sites: implications for the prediction of the nature of their antigen
Scientific reports, 2017

CONFERENZE SCIENTIFICHE E WORKSHOPS

Membro della commissione scientifica

V DiSVA-MaSBiC Symposium Advances in Biomolecular Sciences: Perspectives on Structure, Function and Dynamics

📅 Settembre 2025

📍 Università Politecnica delle Marche, Ancona, Italia

Computational approaches to assess biomolecular interfaces compatibility: exploring its implications in molecular design
15th European Biophysics Congress

📅 Presentazione orale, Luglio 2025

📍 Roma, Italia

Local Organizer

IV DiSVA-MaSBiC Symposium, Advances in Biomolecular Science: Perspectives on Structure, Function and Complexity

📅 Settembre 2024

📍 Università Politecnica delle Marche, Ancona, Italia

A computational strategy to describe biomolecular interfaces and assess their compatibility: implications for protein design

VIII Workshop in Physics of Biomolecules: Structure, Dynamics and Function

📅 Presentazione orale, Febbraio 2024

📍 Bressanone (BZ), Italia

Sessione 2: Protein folding and function

III DiSVA-MaSBiC Symposium, advances in Protein Science: Exploring Structure, Function, and Beyond

📅 Chairman, Settembre 2023

📍 Università Politecnica delle Marche, Ancona, Italia

A computational strategy to modulate the compatibility of biomolecular interfaces: the importance in protein design

XVI International Workshop on Complex Systems

📅 Presentazione orale, Marzo 2023

📍 Andalo (TN), Italia

Modulating the transmembrane communication: characterization and modeling of the interaction between G protein-coupled receptors and putative ligands

II DiSVA-MaSBiC Symposium, Protein structure and function in Biology, Medicine and Nanotechnology

📅 Presentazione orale, Settembre 2022

📍 Università Politecnica delle Marche, Ancona, Italia

Modulating communication at the synapse: biophysical characterization of the interaction between G protein-coupled receptors and putative ligands

XVIII annual meeting of Italian Society of Bioinformatics

📅 Presentazione orale, Giugno 2022

📍 Verona, Italy

A novel strategy for molecular interfaces optimization: the case of Ferritin-Transferrin receptor interaction

From Information to Function: a system biology view of the processes of life – A tribute to Anna Tramontano

📅 Presentazione orale, Aprile 2021

📍 Online

A moments-based analysis of shape and electrostatics in molecular recognition: the case of antibodies

XVI annual meeting of Italian Society of Bioinformatics

📅 Presentazione orale, Giugno 2019

📍 Palermo, Italy

Structural aspects of antibody recognition: a moments-based approach to shape and electrostatics

V annual meeting of International Society of Computational Biology - LatinoAmerica

📅 Presentazione orale e poster, Novembre 2018

📍 Vina del Mar, Chile

Comparing Antibody Binding Sites by using shape descriptors: implications for predicting the nature of the bound antigen

XIII Basel Computational Biology Conference

📅 Presentazione orale, Settembre 2017

📍 Basilea, Svizzera

ATTIVITÀ DI INSEGNAMENTO

Docente di "Computational methods in Protein Structural Biophysics" (3 CFU)

Dottorato di Ricerca in Scienze Matematiche e Fisiche

📅 Luglio 2025

📍 Università di Udine

Docente di Fisica (60 hours)

Foundation Year

📅 Nov 2024/Giugno 2025

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Docente (1 CFU) di Advanced Physics

Corso di laurea in Biomedical Engineering

📅 Set 2024 /Set 2025

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Docente (3 CFU) di General Physics 2

Corso di laurea in MedTech and Biomedical Engineering

📅 Set 2024 /Set 2025

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Docente (1 CFU) di Fisica Medica

Corso di laurea in Odontoiatria e Protesi dentaria

📅 Set 2024 /Set 2025

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Docente (1 CFU) di Advanced Physics

Corso di laurea in Biomedical Engineering

📅 Set 2023 /Set 2024

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Docente (2 CFU) di General Physics 2

Corso di laurea in MedTech and Biomedical Engineering

📅 Set 2023 /Set 2024

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Docente (2 CFU) di General Physics 2

Corso di laurea in MedTech and Biomedical Engineering

📅 Set 2022 /Set 2023

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Assistenza alla didattica di General Physics 1 e General Physics 2

Corso di laurea in MedTech and Biomedical Engineering

📅 Set 2023 /Set 2024

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Assistenza alla didattica di General Physics 1 e General Physics 2

Corso di laurea in MedTech and Biomedical Engineering

📅 Set 2022 /Set 2023

📍 Campus Bio-Medico Università di Roma

Docente di Fisica (40 hours)

Foundation Year

📅 Feb/May 2022

📍 Sapienza Università di Roma

SUPERVISIONE STUDENTI

Tutoring Studentessa Ph.D.: "Refining proteins interactions to tackle aggregation in AL amyloidosis via the computational design of inhibitory peptides"

Fausta Desantis, Doctoral School in Health, Sustainable and Human Technologies

📅 Nov 2021/ in corso

📍 The Open University

Tutoring studente laurea magistrale: "Antibody Design through geometric optimization based on Zernike Polynomials and Monte Carlo Simulations"

Alfredo De Lauro, Laurea Magistrale in Fisica

📅 Mar 2020/ Gen 2021

📍 Sapienza Università di Roma

RUOLI EDITORIALI E IN SOCIETÀ SCIENTIFICHE



Associate Editor per BMC bioinformatics

Feb 2024 - in corso



Review editor per Frontiers in Molecular Bioscience nelle sezioni Protein Biochemistry for Basic and Applied Sciences e Biological Modeling and Simulation

Gen 2021 - in corso



Membro della SIBPA (Società Italiana di Biofisica Pura ed Applicata)

2023 - in corso

PROGETTI E RICONOSCIMENTI

"Coexistence between Ordered and Disordered Regions in proteins: a multiscale overview on the mechanisms regulating aggregate-associated diseases"

CODIR

Progetti di Ricerca di Interesse Nazionale - PRIN

📅 2023

📍 Partecipante

Structure-based Assessment of Protein-Protein Human Interactome

SAPPHIR3

Italian SuperComputing Resource Allocation - ISCRA B

📅 2023

📍 960000 ore GPU - Partecipante

AntiBody Conformational changes upon binding through MOlecular DYNamics simulations

ABCMODYN

Italian SuperComputing Resource Allocation - ISCRA C

📅 2022

📍 64000 ore GPU - Principal Investigator

Investigation of antibody changes upon binding

NVIDIA Academic Hardware Grant Program

📅 2019

📍 Nvidia Titan V GPU - Principal Investigator

ABILITAZIONE SCIENTIFICA NAZIONALE

Abilitazione Scientifica Nazionale da professore universitario di II fascia nel SC 05/E1 (GSD 05/BIOS-07-BIOCHIMICA)

dal 03/07/2024 al 03/07/2035

Abilitazione Scientifica Nazionale da professore universitario di II fascia nel SC 05/E2 (GSD 05/BIOS-08-BIOLOGIA MOLECOLARE)

dal 01/07/2024 al 01/07/2035