



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

COD. ID: 4706

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

Simona Saporiti

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Saporiti
Nome	Simona
Data Di Nascita	21/12/1991

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Dottoranda in Scienze Biochimiche	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

LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

Lingue	Livello di conoscenza
Inglese	B2-TOEFL certificate

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

Anno	Descrizione premio
2016	Vincitrice di una Borsa di soggiorno per partecipare alla V edizione di "Trieste Next: Salone europeo della ricerca scientifica" tenutasi a Trieste dal 25 al 27 settembre 2016
2018	Vincitrice del "Premio miglior poster" presentato alla Quarta Riunione dei Giovani Biochimici dell'Area Lombarda tenutasi presso Palazzo Feltrinelli in Gargnano (BS) dal 15 al 17 aprile 2018



ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

01/10/2017-in corso: Dottorato di Ricerca in Scienze Biochimiche presso il laboratorio di Biochimica e Biofisica computazionale del Dipartimento di Scienze Farmacologiche e Biomolecolari dell'Università degli Studi di Milano

Il mio percorso nell'ambito della ricerca scientifica è iniziato con lo svolgimento della tesi magistrale, durante la quale è stato possibile partecipare alla realizzazione di tre diversi progetti di ricerca. Il primo progetto riguarda la caratterizzazione strutturale e funzionale del recettore GPR17, un recettore accoppiato a proteine G (GPCR) e riconosciuto come bersaglio farmacologico per la terapia (ri)mielinizzante nella sclerosi multipla. Durante lo svolgimento di questo progetto sono stati utilizzati sia approcci *in silico*, quali *homology modeling* e dinamica molecolare, che approcci *in vitro*, come clonaggio, trasformazione di *E.Coli*, purificazione di DNA plasmidico, colture cellulari e saggi farmacologici, isolamento di membrane cellulari e gel elettroforesi, dosaggio delle proteine e *western blotting*, che mi hanno consentito di acquisire non solo una conoscenza più completa dell'argomento, ma anche la capacità di integrare e confrontare i dati originati da studi computazionali con quelli sperimentali. Gli altri due progetti svolti durante il tirocinio sono stati incentrati sull'identificazione di nuovi ligandi ad azione farmacologica per il recettore TNFR2, coinvolto nella riparazione nervosa e nella (ri)mielinizzazione in malattie demielinizzanti, e per l'inibizione dell'interazione tra il recettore NOTCH2 e il suo ligando Jag2, responsabili dell'attivazione di *pathway* oncogenici. In questo caso il lavoro è stato principalmente svolto utilizzando le tecniche di biochimica computazionale precedentemente menzionate e il docking molecolare applicato a campagne di *virtual screening*.

Durante il percorso di dottorato di ricerca in Scienze Biochimiche, attualmente in corso, l'attenzione è stata focalizzata su un progetto interamente svolto *in silico* e in collaborazione con Merck Serono S.p.A. Il progetto riguarda lo studio del ruolo della N-glicosilazione nel modulare la struttura e la funzione degli anticorpi monoclonali. In particolare, lo scopo del progetto è quello di definire il comportamento strutturale e funzionale delle immunoglobuline G1 (IgG1), spesso utilizzate come bioterapeutici, in seguito a cambiamenti nel *pattern* di glicosilazione. Considerando adalimumab come caso di studio e utilizzando tecniche di *homology modeling* e dinamica molecolare, sono state studiate tre forme di questo anticorpo, differenti per la composizione dei glicani. Simulazioni di dinamica molecolare delle tre specie nella forma "apo" hanno consentito di definire il comportamento strutturale dell'anticorpo in presenza di diversi *pattern* di glicosilazione. Allo stesso modo, simulazioni delle diverse specie in complesso con il recettore FcγRIIIa, coinvolto nell'attivazione del sistema immunitario e in risposte farmacologiche secondarie, sono state eseguite per caratterizzare l'impatto della glicosilazione sull'attivazione della risposta immunitaria e quindi sulla funzione dell'anticorpo stesso.

Parallelamente all'attività di ricerca, in una collaborazione aziendale (Merck Serono S.p.A.) ho potuto occuparmi di diversi progetti che riguardano farmaci biotecnologici in sviluppo, come anticorpi monoclonali, proteine di fusione, coniugati farmaco-anticorpo e *nanobodies*. Principalmente, lo scopo dell'attività aziendale è stato quello di applicare approcci computazionali, quali *homology modeling*, *docking* molecolare e simulazioni di dinamica molecolare, alla caratterizzazione fisico-chimica e strutturale dei prodotti in sviluppo per identificare i cosiddetti attributi critici di qualità (CQAs). In particolare, ho avuto la possibilità di interfacciarmi con laboratori di caratterizzazione biologica e fisico-chimica, di sfruttare le competenze acquisite durante il tirocinio magistrale per integrare dati *in silico* con dati sperimentali e di partecipare attivamente alla stesura di report interni finalizzati alla valutazione dei CQAs.

