



**AL MAGNIFICO RETTORE  
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO  
COD. ID: 4721**

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 FARMACEUTICHE

Responsabile scientifico: PROF. VISTOLI

**ANDREA BAZZOLI  
CURRICULUM VITAE**

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	BAZZOLI
Nome	ANDREA
Data Di Nascita	13, 02, 1978

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
NESSUNO	NESSUNA

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno titolo	conseguimento
Laurea Magistrale o equivalente	INFORMATICA	UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO	2005	
Specializzazione				
Dottorato Di Ricerca	INFORMATICA	UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO	2009	
Master				
Diploma Specializzazione Medica	Di			
Diploma Specializzazione Europea	Di			
Altro				

ISCRIZIONE AD ORDINI PROFESSIONALI

Data iscrizione	Ordine	Città



## LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
INGLESE	BUONO
FRANCESE	SUFFICIENTE

## PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio

## ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

2018 – 2020: POSTDOC NEL LABORATORIO DEL PROF. ALESSANDRO CONTINI, PRESSO IL DIPARTIMENTO DI SCIENZE FARMACEUTICHE, UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO, DOVE HO 1) OTTIMIZZATO UNA FUNZIONE ENERGETICA PER IL RICONOSCIMENTO, IN ASSENZA DEL RECETTORE, DI CONFORMAZIONI PEPTIDICHE "BOUND"; 2) CONTRIBUITO A GENERARE, ASSIEME A STUDENTI DA ME SEGUITI, UN MODELLO PER OMOLOGIA DEL COMPLESSO PROTEICO RAC1-ARHGAP15, DEL QUALE ABBIAMO POI DISEGNATO COMPUTAZIONALMENTE UN POTENZIALE INIBITORE PEPTIDICO.

2012 – 2016: POSTDOC NEL LABORATORIO DEL PROF. JOHN KARANICOLAS, PRESSO IL CENTER FOR COMPUTATIONAL BIOLOGY, UNIVERSITY OF KANSAS, USA, DOVE HO (1) SVILUPPATO METODI COMPUTAZIONALI PER IL DISEGNO DI SENSORI PROTEICI DI PICCOLE MOLECOLE; (2) TESTATO FUNZIONI ENERGETICHE PER L'INIBIZIONE DI INTERAZIONI PROTEINA-PROTEINA DA PARTE DI PICCOLE MOLECOLE; (3) ESTESO UN NUOVO MODELLO DI SOLVATAZIONE DI MACROMOLECOLE CHE COGLIE L'ANISOTROPIA DELL'INTERAZIONE CON L'ACQUA; (4) SVILUPPATO UN METODO PER LA PREDIZIONE DELL'AFFINITÀ DI LEGAME ANTICORPO-ANTIGENE IN FAMIGLIE DI ANTICORPI A SINGOLA CATENA (VHH). TUTTI QUESTI PROGETTI SONO STATI REALIZZATI UTILIZZANDO, ED ESTENDENDO, IL SOFTWARE DI MODELLAZIONE MOLECOLARE ROSETTA.

2009 – 2011: POSTDOC NEL LABORATORIO DEL PROF. YANG ZHANG, PRESSO IL CENTER FOR COMPUTATIONAL MEDICINE AND BIOINFORMATICS, UNIVERSITY OF MICHIGAN MEDICAL SCHOOL, USA, DOVE HO SVILUPPATO METODI MONTE CARLO DI DISEGNO DI PROTEINA BASATI SU FUNZIONI ENERGETICHE FISICHE E STATISTICHE.

---

IN TUTTE E TRE LE ESPERIENZE DI POSTDOC, HO IN GENERE UTILIZZATO IL LINGUAGGIO C++ PER SVILUPPARE LE UNITÀ DI SOFTWARE INDIPENDENTI, SOPRATTUTTO SE DI UNA CERTA COMPLESSITÀ. PER LO SVILUPPO DI SCRIPT CHE COMBINASSERO TALI UNITÀ, HO INVECE SCELTO PER LO PIÙ IL LINGUAGGIO PERL. ALCUNI DI QUESTI SCRIPT VENIVANO LANCIATI IN PARALLELO SU CLUSTER HPC ATTRAVERSO SISTEMI DI LANCIO PBS O SLURM.

## ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto



## TITOLARITÀ DI BREVETTI

Brevetto

## CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
30/11/2018	Marchesini Group Meetings	Milano, Italia
31/07/2014	RosettaCon 2014	Leavenworth, Washington, USA
13/07/2009	2009 International Conference on Bioinformatics and Computational Biology (BIOCOMP 2009)	Las Vegas, Nevada, USA
07/07/2007	2007 Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO 2007; presentazione poster)	Londra, Inghilterra
05/04/2004	2nd European Workshop on Evolutionary Bioinformatics (EVOBIO 2004)	Coimbra, Portogallo

## PUBBLICAZIONI

Libri
A. Bazzoli, A. G. B. Tettamanzi: A memetic algorithm for protein structure prediction in a 3D-lattice HP model. In <i>"Applications of evolutionary computing. EvoWorkshops 2004"</i> , <i>Lecture Notes in Computer Science</i> , vol. 3005. Springer. 2004.

Articoli su riviste
J. Khowsathit, A. Bazzoli, H. Cheng, J. Karanicolas. Computational design of an allosteric antibody switch by deletion and rescue of a complex structural constellation. <i>ACS Central Science</i> , vol. 3, pp. 390–403, 2020.
A. Bazzoli, D. J. Vance, M. J. Rudolph, Y. Rong, S. K. Angalakurthi, R. T. Toth IV, C. R. Middaugh, D. B. Volkin, D. D. Weis, J. Karanicolas, N. J. Mantis: Using homology modeling to interrogate binding affinity in neutralization of ricin toxin by a family of single domain antibodies. <i>Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics</i> , vol. 85, pp. 1994–2008, 2017.
A. Bazzoli, J. Karanicolas: "Solvent hydrogen-bond occlusion": a new model of polar desolvation for biomolecular energetics. <i>Journal of Computational Chemistry</i> , vol. 38, pp. 1321–1331, 2017.
A. Bazzoli, S. P. Kelow, J. Karanicolas: Enhancements to the Rosetta energy function enable improved identification of small molecules that inhibit protein-protein interactions. <i>PLoS ONE</i> , vol. 10, e0140359, 2015.
H. Du, Z. Hu, A. Bazzoli, Y. Zhang: Prediction of inhibitory activity of epidermal growth factor receptor inhibitors using grid search–projection pursuit regression method. <i>PLoS ONE</i> , vol. 6, e22367, 2011.
A. Bazzoli, A. G. B. Tettamanzi, Y. Zhang: Computational protein design and large-scale assessment by I-TASSER structure assembly simulations. <i>Journal of Molecular Biology</i> , vol. 407, pp. 764–776, 2011.



Atti di convegni

A. Bazzoli, A. G. B. Tettamanzi: Evidence against the paradigm of energy minimization in protein design. In "BIOCOMP 2009", vol. I, pp. 43–49. CSREA Press, 2009.

A. Bazzoli, G. Colombo, A. G. B. Tettamanzi: Ab initio protein structure prediction with a dipeptide-assembly evolutionary algorithm. In "GECCO 2007", p. 424. ACM, 2007.

ALTRE INFORMAZIONI

Pubblicazioni su server di preprint:

A. Bazzoli, A. Contini. Receptor-free discrimination of peptide native bound conformations suggests limited transferability of the "cen std+score4L" Rosetta energy function from proteins to peptides. *Research Square*, DOI: 10.21203/rs.3.rs-69979/v1. 2020.

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.

Luogo e data: CASTIGLIONE D'ADDA, 29/09/2020

FIRMA