

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Procedura di selezione per la chiamata a professore di II fascia da ricoprire ai sensi dell'art. 18, comma 1, della Legge n. 240/2010 per il settore concorsuale 05/E2 - Biologia Molecolare (settore scientifico-disciplinare BIO/11 - Biologia Molecolare) presso il Dipartimento di SCIENZE FARMACEUTICHE, (avviso bando pubblicato sulla G.U. n. 97 del 22/12/2023) - Codice concorso 5459

Rosalba Lepore

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

COGNOME	LEPORE
NOME	ROSALBA
DATA DI NASCITA	02/02/1982

TITOLI

TITOLO DI STUDIO

Laurea Specialistica in Bioinformatica conseguita presso Università degli Studi di Roma Tor Vergata il 30/09/2010 con votazione 110/110 e lode

Laurea di primo livello In Science Biologiche (L DM 509/99) ordin. 2002 presso Università degli Studi di Roma Sapienza il 15/07/2008

TITOLO DI DOTTORE DI RICERCA O EQUIVALENTI, OVVERO, PER I SETTORI INTERESSATI, DEL DIPLOMA DI SPECIALIZZAZIONE MEDICA O EQUIVALENTE, CONSEGUITO IN ITALIA O ALL'ESTERO

Dottorato di Ricerca in Scienze Pasteuriane (XXVII ciclo) conseguito il 21/01/2015 presso l'Università Sapienza di Roma.

ALTRI TITOLI CONSEGUITI

Abilitazione Scientifica Nazionale alle funzioni di professore universitario di Seconda Fascia nel Settore Concorsuale 05/E1 – Biochimica Generale. Attestato rilasciato da Ministero dell'Università e della Ricerca il 29/09/2023.

Abilitazione Scientifica Nazionale alle funzioni di professore universitario di Seconda Fascia nel Settore Concorsuale 05/E2 – Biologia Molecolare. Attestato rilasciato da Ministero dell'Università e della Ricerca il 06/12/2023.

ATTIVITÀ DIDATTICA

ATTIVITÀ DI TUTORATO DEGLI STUDENTI DI CORSI DI LAUREA E DI LAUREA MAGISTRALE E DI TUTORATO DI DOTTORANDI DI RICERCA

- Attività di tutorato di studenti di corsi di Laurea Magistrale, MSc degree in Bioinformatics for Health Sciences. Pompeu Fabra University. Barcelona (2018/2019, 2019/2020).
- Attività di tutorato di Dottorandi di Ricerca, Scuola di Dottorato in Scienze Pasteuriane ciclo XXXI. (2016/2017, 2017/2018)
- Attività di tutorato di Dottorandi di Ricerca, Universitat de Programa de Doctorat en Biomedicina Barcelona, Spain (2018-2023)
- Attività di tutorato di Dottorandi di Ricerca Faculty of Science University of Basel, Switzerland (2018-2023).

SEMINARI

- Seminario presso International Winter School of Molecular Medicine presso Sapienza Università di Roma, Dicembre 16-20 2019 . Titolo del seminario "Cancer neoantigens: finding a needle in a mutational haystack for personalised medicine".
- Seminario presso Severo Ochoa Research Seminars presso il Barcelona Supercomputing Center (Barcelona, 10 Maggio 2018). Titolo del seminario: Constraints and variability of complementarity determining regions in antibodies.
- Lecturer presso il Workshop Internazionale di Bioinformatica presso l'Institut Pasteur of Iran (Tehran) dal 14-19 Gennaio 2017. Principali attività svolte: Seminari teorici e attività pratiche sull'analisi bioinformatica dei dati NGS.

ATTIVITÀ DI RICERCA SCIENTIFICA

ESPERIENZA DI RICERCA

Universitätsspital Basel, Department of Biomedicine DBM, Basel (Switzerland)
Project Leader 2021 – present

BSC-CNS Barcelona Supercomputing Center, Barcelona (Spain)
Senior Researcher 2018-2021

University of Basel, Biozentrum, Basel (Switzerland)
Postdoc 2016 – 2018

Sapienza Università di Roma, Dipartimento di Fisica, Roma (Italia)
Postdoc 2015 – 2017

PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

† equal contribution; * corresponding author; H-index 15; Total citations: >7'500 (Scopus, 01/2024)

1. Barajas A, Amengual-Rigo P, Pons-Grífols A, Ortiz R, Gracia Carmona O, Urrea V, de la Iglesia N, Blanco-Heredia J, Anjos-Souza C, Varela I, Trinité B, Tarrés-Freixas F, Roviroso C; **Lepore R**, Vázquez M, de Mattos-Arruda L, Valencia A, Clotet B, Aguilar Gurrieri C, Guallar V, Carrillo J and Julià Blanco. Virus-Like Particle-mediated delivery of structure-selected neoantigens demonstrates immunogenicity and antitumoral activity in mice. *J Transl Med*. 2024 Jan 3;22(1):14. doi: 10.1186/s12967-023-04843-8.
2. Marone R†, Landmann E†, Devaux A†, **Lepore R†**, Seyres D, Zuin J, Burgold T, Engdahl C, Capoferri G, Dell'Aglio A, Larrue C, Simonetta F, Rositzka J, Rhiel M, Andrieux G, Gallagher DN, Schröder MS, Wiederkehr A, Sinopoli A, Do Sacramento V, Haydn A, Garcia-Prat L, Divsalar C, Camus A, Xu L, Bordoli L, Schwede T, Porteus M, Tamburini J, Corn JE, Cathomen T, Cornu TI, Urlinger S, Jeker LT. Epitope-engineered human hematopoietic stem cells are shielded from CD123-targeted immunotherapy. *J Exp Med*. 2023 Dec 4;220(12):e20231235. doi: 10.1084/jem.20231235. Epub 2023 Sep 29.

3. Tarrés-Freixas F, Trinité B, Pons-Grífols A, Romero-Durana M, Riveira-Muñoz E, Ávila-Nieto C, Pérez M, Garcia-Vidal E, Perez-Zsolt D, Muñoz-Basagoiti J, Raïch-Regué D, Izquierdo-Useros N, Andrés C, Antón A, Pumarola T, Blanco I, Noguera-Julián M, Guallar V, **Lepore R**, Valencia A, Urrea V, Vergara-Alert J, Clotet B, Ballana E, Carrillo J, Segalés J, Blanco J. Heterogeneous Infectivity and Pathogenesis of SARS-CoV-2 Variants Beta, Delta and Omicron in Transgenic K18-hACE2 and Wildtype Mice. *Front Microbiol.* 2022 May 4;13:840757. doi: 10.3389/fmicb.2022.840757.
4. Di Rienzo L, Milanetti E, Ruocco G, **Lepore R***. Quantitative Description of Surface Complementarity of Antibody-Antigen Interfaces. *Front Mol Biosci.* 2021 Sep 30;8:749-784. doi: 10.3389/fmolb.2021.749784.
5. Ruiz-Serra V, Pontes C, Milanetti E, Kryshtafovych A, **Lepore R***†, Valencia A*†. Assessing the accuracy of contact and distance predictions in CASP14. *Proteins.* 2021 Dec;89(12):1888-1900. doi: 10.1002/prot.26248.
6. Alexander LT, **Lepore R**, Kryshtafovych A, Adamopoulos A, Alahuhta M, Arvin AM, Bomble YJ, Böttcher B, Breyton C, Chiarini V, Chinnam NB, Chiu W, Fidelis K, Grinter R, Gupta GD, Hartmann MD, Hayes CS, Heidebrecht T, Ilari A, Joachimiak A, Kim Y, Linares R, Lovering AL, Lunin VV, Lupas AN, Makbul C, Michalska K, Moulton J, Mukherjee PK, Nutt WS, Oliver SL, Perrakis A, Stols L, Tainer JA, Topf M, Tsutakawa SE, Valdivia-Delgado M, Schwede T. Target highlights in CASP14: Analysis of models by structure providers. *Proteins.* 2021 Dec;89(12):1647-1672. doi: 10.1002/prot.26247.
7. Trinité B, Pradenas E, Marfil S, Roviroso C, Urrea V, Tarrés-Freixas F, Ortiz R, Rodon J, Vergara-Alert J, Segalés J, Guallar V, **Lepore R**, Izquierdo-Useros N, Trujillo G, Trapé J, González-Fernández C, Flor A, Pérez-Vidal R, Toledo R, Chamorro A, Paredes R, Blanco I, Grau E, Massanella M, Carrillo J, Clotet B, Blanco J. Previous SARS-CoV-2 Infection Increases B.1.1.7 Cross-Neutralization by Vaccinated Individuals. *Viruses.* 2021 Jun 12;13(6):1135. doi: 10.3390/v13061135.
8. Hu J†, **Lepore R†**, Dobson RJB, Al-Chalabi A, M Bean D, Iacoangeli A. DGLinker: flexible knowledge-graph prediction of disease-gene associations. *Nucleic Acids Res.* 2021 Jul 2;49(W1):W153-W161. doi: 10.1093/nar/gkab449.
9. Pontes C, Ruiz-Serra V, **Lepore R***†, Valencia A*†. Unraveling the molecular basis of host cell receptor usage in SARS-CoV-2 and other human pathogenic β -CoVs. *Comput Struct Biotechnol J.* 2021;19:759-766. doi: 10.1016/j.csbj.2021.01.006.
10. De Mattos-Arruda L, Vazquez M, Finotello F, **Lepore R**, Porta E, Hundal J, Amengual-Rigo P, Ng CKY, Valencia A, Carrillo J, Chan TA, Guallar V, McGranahan N, Blanco J, Griffith M. Neoantigen prediction and computational perspectives towards clinical benefit: recommendations from the ESMO Precision Medicine Working Group. *Ann Oncol.* 2020 Aug;31(8):978-990. doi: 10.1016/j.annonc.2020.05.008.
11. Abriata LA, **Lepore R**, Dal Peraro M. About the need to make computational models of biological macromolecules available and discoverable. *Bioinformatics.* 2020 May 1;36(9):2952-2954. doi: 10.1093/bioinformatics/btaa086.
12. **Lepore R***, Kryshtafovych A, Alahuhta M, Veraszto HA, Bomble YJ, Bufton JC, Bullock AN, Caba C, Cao H, Davies OR, Desfosses A, Dunne M, Fidelis K, Goulding CW, Gurusaran M, Gutsche I, Harding CJ, Hartmann MD, Hayes CS, Joachimiak A, Leiman PG, Loppnau P, Lovering AL, Lunin VV, Michalska K, Mir-Sanchis I, Mitra AK, Moulton J, Phillips GN Jr, Pinkas DM, Rice PA, Tong Y, Topf M, Walton JD, Schwede T. Target highlights in CASP13: Experimental target structures through the eyes of their authors. *Proteins.* 2019 Dec;87(12):1037-1057. doi: 10.1002/prot.25805.
13. Miotto M, Olimpieri PP, Di Rienzo L, Ambrosetti F, Corsi P, **Lepore R**, Tartaglia GG, Milanetti E. Insights on protein thermal stability: a graph representation of molecular interactions. *Bioinformatics.* 2019 Aug 1;35(15):2569-2577. doi: 10.1093/bioinformatics/bty1011.
14. Lorrai R, Gandolfi F, Boccaccini A, Ruta V, Possenti M, Tramontano A, Costantino P, **Lepore R***, Vittorioso P*. Genome-wide RNA-seq analysis indicates that the DAG1 transcription factor promotes hypocotyl elongation acting on ABA, ethylene and auxin signaling. *Sci Rep.* 2018 Oct 26;8(1):15895. doi: 10.1038/s41598-018-34256-3.
15. Waterhouse A, Bertoni M, Bienert S, Studer G, Tauriello G, Gumienny R, Heer FT, de Beer TAP, Rempfer C, Bordoli L, **Lepore R**, Schwede T. SWISS-MODEL: homology modelling of protein structures and complexes. *Nucleic Acids Res.* 2018 Jul 2;46(W1):W296-W303. doi: 10.1093/nar/gky427.
16. **Lepore R***†, Olimpieri PP†, Messih MA, Tramontano A. PIGSPro: prediction of immunoGlobulin structures v2. *Nucleic Acids Res.* 2017 Jul 3;45(W1):W17-W23. doi: 10.1093/nar/gkx334.
17. Di Rienzo L, Milanetti E, **Lepore R**, Olimpieri PP, Tramontano A. Superposition-free comparison and

clustering of antibody binding sites: implications for the prediction of the nature of their antigen. **Sci Rep**. 2017 Mar 24;7:45053. doi: 10.1038/srep45053.

18. Jiang Y, Oron TR, Clark WT, Bankapur AR, D'Andrea D, **Lepore R**, Funk CS, Kahanda I, Verspoor KM, Ben-Hur A, Koo da CE, Penfold-Brown D, Shasha D, Youngs N, Bonneau R, Lin A, Sahraeian SM, Martelli PL, Profiti G, Casadio R, Cao R, Zhong Z, Cheng J, Altenhoff A, Skunca N, Dessimoz C, Dogan T, Hakala K, Kaewphan S, Mehryary F, Salakoski T, Ginter F, Fang H, Smithers B, Oates M, Gough J, Törönen P, Koskinen P, Holm L, Chen CT, Hsu WL, Bryson K, Cozzetto D, Minneci F, Jones DT, Chapman S, Bkc D, Khan IK, Kihara D, Ofer D, Rappoport N, Stern A, Cibrian-Uhalte E, Denny P, Foulger RE, Hieta R, Legge D, Lovering RC, Magrane M, Melidoni AN, Mutowo-Meullenet P, Pichler K, Shypitsyna A, Li B, Zakeri P, ElShal S, Tranchevent LC, Das S, Dawson NL, Lee D, Lees JG, Sillitoe I, Bhat P, Nepusz T, Romero AE, Sasidharan R, Yang H, Paccanaro A, Gillis J, Sedeño-Cortés AE, Pavlidis P, Feng S, Cejuela JM, Goldberg T, Hamp T, Richter L, Salamov A, Gabaldon T, Marcet-Houben M, Supek F, Gong Q, Ning W, Zhou Y, Tian W, Falda M, Fontana P, Lavezzo E, Toppo S, Ferrari C, Giollo M, Piovesan D, Tosatto SC, Del Pozo A, Fernández JM, Maietta P, Valencia A, Tress ML, Benso A, Di Carlo S, Politano G, Savino A, Rehman HU, Re M, Mesiti M, Valentini G, Bargsten JW, van Dijk AD, Gemovic B, Glisic S, Perovic V, Veljkovic V, Veljkovic N, Almeida-E-Silva DC, Vencio RZ, Sharan M, Vogel J, Kansakar L, Zhang S, Vucetic S, Wang Z, Sternberg MJ, Wass MN, Huntley RP, Martin MJ, O'Donovan C, Robinson PN, Moreau Y, Tramontano A, Babbitt PC, Brenner SE, Linial M, Orengo CA, Rost B, Greene CS, Mooney SD, Friedberg I, Radivojac P. An expanded evaluation of protein function prediction methods shows an improvement in accuracy. **Genome Biol**. 2016 Sep 7;17(1):184. doi: 10.1186/s13059-016-1037-6.
19. Obarska-Kosinska A, Iacoangeli A, **Lepore R***, Tramontano A*. PepComposer: computational design of peptides binding to a given protein surface. **Nucleic Acids Res**. 2016 Jul 8;44(W1):W522-8. doi: 10.1093/nar/gkw366.
20. Messih MA, **Lepore R**, Tramontano A. LoopIng: a template-based tool for predicting the structure of protein loops. **Bioinformatics**. 2015 Dec 1;31(23):3767-72. doi: 10.1093/bioinformatics/btv438.
21. Bonome EL, **Lepore R**, Raimondo D, Cecconi F, Tramontano A, Chinappi M. Multistep current signal in protein translocation through graphene nanopores. **J Phys Chem B**. 2015 May 7;119(18):5815-23. doi: 10.1021/acs.jpcc.5b02172.
22. Messih MA†, **Lepore R†**, Marcatili P†, Tramontano A. Improving the accuracy of the structure prediction of the third hypervariable loop of the heavy chains of antibodies. **Bioinformatics**. 2014 Oct;30(19):2733-40. doi: 10.1093/bioinformatics/btu194.
23. **Lepore R**, Tramontano A, Via A. TiPs: a database of therapeutic targets in pathogens and associated tools. **Bioinformatics**. 2013 Jul 15;29(14):1821-2. doi: 10.1093/bioinformatics/btt289.
24. Pillai DR, Lau R, Khairnar K, **Lepore R**, Via A, Staines HM, Krishna S. Artemether resistance in vitro is linked to mutations in PfATP6 that also interact with mutations in PfMDR1 in travellers returning with Plasmodium falciparum infections. **Malar J**. 2012 Apr 27;11:131. doi: 10.1186/1475-2875-11-131.
25. Caroli A, Simeoni S, **Lepore R**, Tramontano A, Via A. Investigation of a potential mechanism for the inhibition of SmTGR by Auranofin and its implications for Plasmodium falciparum inhibition. **Biochem Biophys Res Commun**. 2012 Jan 6;417(1):576-81. doi: 10.1016/j.bbrc.2011.12.009.
26. **Lepore R**, Simeoni S, Raimondo D, Caroli A, Tramontano A, Via A. Identification of the Schistosoma mansoni molecular target for the antimalarial drug artemether. **J Chem Inf Model**. 2011 Nov 28;51(11):3005-16. doi: 10.1021/ci2001764.

BOOK CHAPTERS

1. Durairaj L, Alexander LT, Studer G, Tauriello G, Guarnetti Prandi I, **Lepore R**, Chillemi G, Schwede T. From Genomes to Variant Interpretations Through Protein Structures. **SpringerBriefs in Applied Sciences and Technology**, 2023, pp. 41–50. doi: 10.1007/978-3-031-30691-4_6.
2. Studer G, Tauriello G, Bienert S, Waterhouse AM, Bertoni M, Bordoli L, Schwede T, **Lepore R***. Modeling of Protein Tertiary and Quaternary Structures Based on Evolutionary Information. **Methods Mol Biol**. 2019;1851:301-316. doi: 10.1007/978-1-4939-8736-8_17.

FINANZIAMENTI PER ATTIVITA' DI RICERCA

- Finanziamento per progetto di ricerca (ID: IJC2019-040617-I, €93K) Ministerio De Ciencia e Innovacion (Spain) bando di concorso nazionale Juan de la Cierva 2019. Titolo del Progetto: "Computational identification of bona fide immunogenic neoantigens for personalized cancer therapy", presso il Barcelona Supercomputing Center (BSC - Barcelona, Spain).
- Borsa di studio post-doc per ricerche all'estero. Istituto Pasteur Italia - Fondazione Cenci Bolognietti, bando di concorso nazionale 2016. Laboratorio estero ospitante: Prof. Torsten Schwede, Biozentrum University of Basel & SIB Swiss Institute of Bioinformatics (Basel, Switzerland). Titolo del Progetto: Development of a computational method for predicting antibody-antigen complexes starting from the amino acid sequences of the binding partners.
- ECCB 2016 (15th European Conference on Computational Biology) Travel Fellowship by International Society for Computational Biology (ISCB).

ORGANIZZAZIONE, DIREZIONE E COORDINAMENTO DI CENTRI O GRUPPI DI RICERCA NAZIONALI E INTERNAZIONALI O PARTECIPAZIONE AGLI STESSI

- Partecipazione alle attività di ricerca presso il Department of Biomedicine DBM dell'Università di Basilea (Basilea, Svizzera), Molecular Immune Regulation group, in qualità di Project Leader. Le attività comprendono lo sviluppo ed utilizzo di tecniche integrate per l'ingegnerizzazione, lo studio dell'espressione, interazione e funzione di varianti proteiche, marcatori cellulari delle cellule staminali ematopoietiche (HSC), e del loro impatto sulle interazioni molecolari legati alla funzione, e sviluppo del fenotipo ematopoietico. Si studia inoltre l'interazione molecolare delle varianti ed il loro riconoscimento da parte di molecole di interesse terapeutico, in particolare di anticorpi monoclonali e di cellule T con recettore chimerico per l'antigene (CAR-T). dal 03-2020 a oggi.
- Partecipazione alle attività di un gruppo di ricerca presso il Barcelona Supercomputing Center BSC (Barcelona, Spain) Computational Biology Life Sciences Group (responsabile del gruppo di ricerca Alfonso Valencia), in qualità di ricercatore, nell'ambito di una collaborazione internazionale con Department of Biostatistics and Health Informatics e Department of Basic and Clinical Neuroscience (King's College London) per l'applicazione di metodi di machine-learning e teoria dei grafi per lo studio delle interazioni tra fattori genetici e fenotipo allo scopo di studiare i meccanismi molecolari legati a malattie. dal 01-12-2020 al 30-06-2021
- Partecipazione e coordinazione del gruppo di lavoro nell'ambito della collaborazione internazionale "Critical Assessment of protein structure prediction, CASP14" per la valutazione dei metodi computazionali per la predizione della struttura delle proteine. Principali attività: coordinazione del gruppo di lavoro per la valutazione della qualità delle predizioni computazionali nella categoria "Contact and Distance prediction". dal 01-09-2020 al 01-09-2021
- Partecipazione alle attività di ricerca del Computational Biology Life Sciences Group (responsabile del gruppo di ricerca Alfonso Valencia), presso il Barcelona Supercomputing Center BSC (Barcelona, Spain) in qualità di ricercatore, nel contesto del consorzio CBIG costituito dagli istituti di ricerca IRTA-CReSA (Barcelona, Spain), BSC (Barcelona, Spain), IrsiCaixa (Barcelona, Spain). Progetto di ricerca: "Fostering prophylactic and therapeutic strategies to fight the SARS-CoV-2 pandemic - Increasing preparedness to face further human CoV diseases", finanziato da GRIFOLS S.A. dal 01-04-2020 al 28-02-2021
- Partecipazione e coordinazione del gruppo di lavoro del Computational Biology Life Sciences Group (responsabile del gruppo di ricerca Alfonso Valencia), presso il Barcelona Supercomputing Center BSC (Barcelona, Spain) nel contesto del consorzio internazionale EXaScale smArt pLatform Against paThogEns for Corona Virus (EXSCALATE4CoV - grant agreement N. 101003551), finanziato nell'ambito del programma European Union's Horizon 2020 Research and Innovation Programme: H2020-SC1-PHE-CORONAVIRUS-2020: Advancing knowledge for the clinical and public health response to the 2019-nCoV epidemic. dal 01-04-2020 al 28-02-2021
- Partecipazione alle attività di ricerca del Computational Biology Life Sciences Group (responsabile del gruppo di ricerca Alfonso Valencia), presso il Barcelona Supercomputing Center BSC (Barcelona, Spain) nel contesto di una collaborazione internazionale promossa dalla European Society for Medical Oncology (ESMO), in qualità di ricercatore. Lo studio ha coinvolto la revisione sistematica di evidenze scientifiche e cliniche e la formulazione di linee guida nell'ambito della ricerca dei neo-antigeni in cancro e loro utilizzo come bersaglio dello sviluppo di vaccini terapeutici e approcci immunoterapici mirati. dal 01-05-2019 al 01-08-2020
- Responsabile scientifico del progetto di ricerca (ID: IJC2019-040617-I, €93K) finanziato da Ministerio De Ciencia e Innovacion (Spain) nell'ambito del bando di concorso nazionale Juan de la Cierva 2019. Titolo del Progetto: "Computational identification of bona fide immunogenic neoantigens for personalized

cancer therapy”, presso il Barcelona Supercomputing Center (BSC - Barcelona, Spain). dal 01-01-2020 al 28-02-2021

- Partecipazione e coordinazione del gruppo di lavoro del Computational Biology Life Sciences Group (responsabile del gruppo di ricerca Alfonso Valencia), presso il Barcelona Supercomputing Center BSC (Barcelona, Spain) nell’ambito di una collaborazione con il dipartimento di Fisica, Sapienza Università di Roma, in qualità di ricercatore e coordinatore. Oggetto di studio sono le regioni molecolari determinanti la complementarità degli anticorpi (CDR) e regioni di interfaccia anticorpo-antigene attraverso lo sviluppo di nuovi descrittori molecolari di superficie. dal 01-09-2018 al 01-09-2020
- Partecipazione e coordinazione del gruppo di lavoro del Computational Structural Biology Group (responsabile del gruppo di ricerca Prof. Torsten Schwede), presso il dipartimento Biozentrum (University di Basilea, Svizzera) come membro dell’assessment team nell’ambito della collaborazione internazionale “Critical Assessment of protein structure prediction, CASP13” per la valutazione dei metodi computazionali per la predizione della struttura delle proteine. Principali attività: valutazione della qualità dei modelli tridimensionali nella categoria “Biological Relevance”. dal 01-09-2018 al 01-09-2019
- Partecipazione alle attività di un gruppo di ricerca nell’ambito di una collaborazione con il dipartimento di Biologia e Biotecnologie Charles Darwin, Sapienza Università di Roma, per lo studio dei meccanismi molecolari e dei processi coinvolti nello sviluppo dell’ipocotile in Arabidopsis attraverso analisi di dati di trascrittoma mediante RNA-seq. dal 01-09-2016 al 30-08-2018
- Responsabile del progetto di ricerca finanziato da Istituto Pasteur Italia - Fondazione Cenci Bolognetti, bando di concorso 2016 per l’assegnazione di borse di studio post-doc per ricerche all’estero. Laboratorio estero ospitante: Prof. Torsten Schwede, Biozentrum University of Basel & SIB Swiss Institute of Bioinformatics (Basel, Switzerland). Titolo del Progetto: Development of a computational method for predicting antibody-antigen complexes starting from the amino acid sequences of the binding partners. dal 01-10-2016 al 31-03-2017
- Partecipazione alle attività di ricerca del Biocomputing Group (Responsabile del gruppo Prof. Anna Tramontano) presso il Dipartimento di Fisica della Sapienza Università di Roma nell’ambito della collaborazione internazionale “Critical Assessment of protein Function Annotation algorithms (CAFA)” dove ho partecipato come membro dell’assessment team. dal 01-09-2014 al 01-01-2016.
- Partecipazione alle attività di ricerca del Biocomputing Group (Responsabile del gruppo Prof. Anna Tramontano) presso il Dipartimento di Fisica della Sapienza Università di Roma, in qualità di studente PhD, nell’ambito del progetto “Computational analysis of the human genome” finanziato da King Abdullah University of Science and Technology KAUST (KUK-I1-012-43). dal 01-01-2012 al 30-09-2016.
- Partecipazione alle attività di ricerca del Biocomputing Group (Responsabile del gruppo Prof. Anna Tramontano) presso il Dipartimento di Fisica della Sapienza Università di Roma, in qualità di studente post-laurea, nell’ambito del progetto “Rational approach to the specific inhibition of Plasmodium Falciparum and Schistosoma Mansoni” finanziato da Fondazione Roma. dal 01-09-2011 al 01-01-2013.

TITOLARITÀ DI BREVETTI

1. Brevetto WO/2024/008910. Titolo: Antibodies Targeting CD117. Inventori: Urlinger S, Camus A, Lepore R, Sinopoli A, Wiederkehr A, Wellinger L, Garcia PL, Ten BE, Hug M.
2. Brevetto WO/2023/012367. Titolo: Discernible Cell Surface Protein Variants for Use in Cell Therapy. Inventori: Lepore R, Jeker L, Urlinger S, Landmann E, Sinopoli A, Wiederkehr A, Devaux A, Camus A, Haydn A, Matter-Marone R.
3. Brevetto WO/2023/111311. Titolo: Discernible Cell Surface Protein Variants of Cd117 for Use in Cell Therapy. Inventori: Urlinger S, Lepore R, Jeker L, Wiederkehr A, Sinopoli A, Camus A, Wellinger L, Matter-Marone, R.
4. Brevetto WO/2023/118608. Titolo: Discernible Cell Surface Protein Variants of Cd45 for Use in Cell Therapy. Inventori: Urlinger S, Jeker L, Lepore R, Matter-Marone R, Camus A, Sinopoli A, Durzynska I, Haydn A, Devaux A, Garaude S.
5. Brevetto WO/2018/083071. Titolo: Immunologically Discernible Cell Surface Variants for Use in Cell Therapy. Inventori: Jeker L, Kornete M, Bordoli Schwede L, Schwede T, Lepore R, Matter-Marone R, Recher M.

PREMI E RICONOSCIMENTI NAZIONALI E INTERNAZIONALI PER ATTIVITÀ DI RICERCA

STS Award 2024. Conferito da Swiss Transplantation Society per l'attività di ricerca oggetto dell'articolo "Epitope-engineered human hematopoietic stem cells are shielded from CD123-targeted immunotherapy" (J Exp Med. 2023 Dec 4;220(12):e20231235). 09/01/2024.

PARTECIPAZIONE IN QUALITÀ DI RELATORE A CONGRESSI E CONVEGNI DI INTERESSE INTERNAZIONALE

- Relatore al convegno internazionale "Community Workshop on Computational Structural Biology 2018", 18-20 Ottobre 2018, Basilea (Svizzera).
- Relatore al congresso internazionale "Critical Assessment of Protein Structure Prediction" CASP13 (Riviera Maya, Mexico, 1-4 Dicembre, 2018).
- Relatore a International Winter School of Molecular Medicine presso Sapienza Università di Roma, Dicembre 16-20 2019. Titolo del seminario "Cancer neoantigens: finding a needle in a mutational haystack for personalised medicine".
- Relatore al congresso internazionale "Critical Assessment of Protein Structure Prediction" CASP14 (Virtual Conference, 30 Novembre - 4 Dicembre, 2020).

ATTIVITÀ GESTIONALI, ORGANIZZATIVE E DI SERVIZIO

INCARICHI DI GESTIONE E AD IMPEGNI ASSUNTI IN ORGANI COLLEGIALI E COMMISSIONI, PRESSO RILEVANTI ENTI PUBBLICI E PRIVATI E ORGANIZZAZIONI SCIENTIFICHE E CULTURALI, OVVERO PRESSO L'ATENEO O ALTRI ATENEI

- Membro del comitato locale di organizzazione del congresso internazionale di presentazione dei risultati del "Critical Assessment of Protein Structure Prediction" CASP12 (Gaeta, Italia, 10-13 Dicembre 2016).
- Membro del comitato organizzativo del convegno "An Enchanting Journey across the Boundaries of Computational Biology" in memoria di Anna Tramontano. 14 Luglio 2017, Roma. Organizzazione: Sapienza Università di Roma, Dipartimento di Fisica, in collaborazione con Istituto Pasteur - Fondazione Cenci Bolognetti.
- Membro del comitato organizzativo del convegno internazionale "[BC]2 Basel Computational Biology Conference", 12-15 Settembre 2017 (Basel, CH) - SIB Swiss Institute of Bioinformatics and Biozentrum University of Basel.
- Membro del comitato scientifico di organizzazione e relatore al convegno internazionale "Community Workshop on Computational Structural Biology 2018", 18-20 Ottobre 2018, Basilea (Svizzera). Programma: Symposium on Computational Structural Biology - 25 years of SWISS-MODEL. 18/10/2023; Workshop on Critical Assessment of Structure Prediction Techniques (CASP13, CAPRI, CAMEO). 19-20/10/2023; ELIXIR 3D Bioinformatics Community Workshop. 19/10/2023;
- Partecipazione come membro dell'assessment team e relatore al congresso internazionale "Critical Assessment of Protein Structure Prediction" CASP13 (Riviera Maya, Mexico, 1-4 Dicembre, 2018). Categoria di assessment: Biological Relevance of models.
- Consulente scientifico per Molecular Discovery Ltd. (London, UK) nell'ambito del progetto di ricerca "BioGPS for hazard assessment" finanziato da Nestle Research (Lausanne, CH). Il progetto di ricerca aveva lo scopo di valutare il rischio tossicologico di composti chimici utilizzati nel food packaging mediante metodi computazionali, chemioinformatica e machine learning. dal 01-06-2015 al 01-11-2018
- Partecipazione come membro dell'assessment team e relatore al congresso internazionale "Critical Assessment of Protein Structure Prediction" CASP14 (Virtual Conference, 30 Novembre - 4 Dicembre, 2020). Categoria di assessment: Contact and distance prediction.
- Membro del comitato di valutazione per l'assegnazione di borse post-dottorato nell'ambito del programma STARS: Supercomputing And Related applications Fellows Programme coordinato dal Barcelona Supercomputing Center (BSC) nell'ambito dell'iniziativa COFUND Marie Skłodowska Curie Actions del Programma Horizon 2020, GA 754433. Anno 2020.

- Co-fondatore scientifico di Cimeio Therapeutics, una spin-off dell'Università di Basilea con sedi a Basilea (CH) e Boston (MA), dedicata all'applicazione di una nuova tecnologia di ingegnerizzazione delle interazioni-anticorpo antigene per lo sviluppo di approcci innovativi nel campo della terapia cellulare e immunoterapia. dal 17-07-2020 a oggi.
- Expert Evaluator presso la Commissione Europea per collaborare nella valutazione delle domande di finanziamento per progetti di ricerca nell'ambito del Research and innovation programme Horizon dal 01-07-2020 a oggi.

Data

20/01/2024

Luogo

Basilea, Svizzera