

UNA QUOTIDIANA CONVERSAZIONE CON LA MERAVIGLIA

Un viaggio fra le immagini della ricerca,
nella ricerca, e di chi fa ricerca

RAFFAELLO POTESTIO, ANNA FORMILAN, ELISA VETTORI

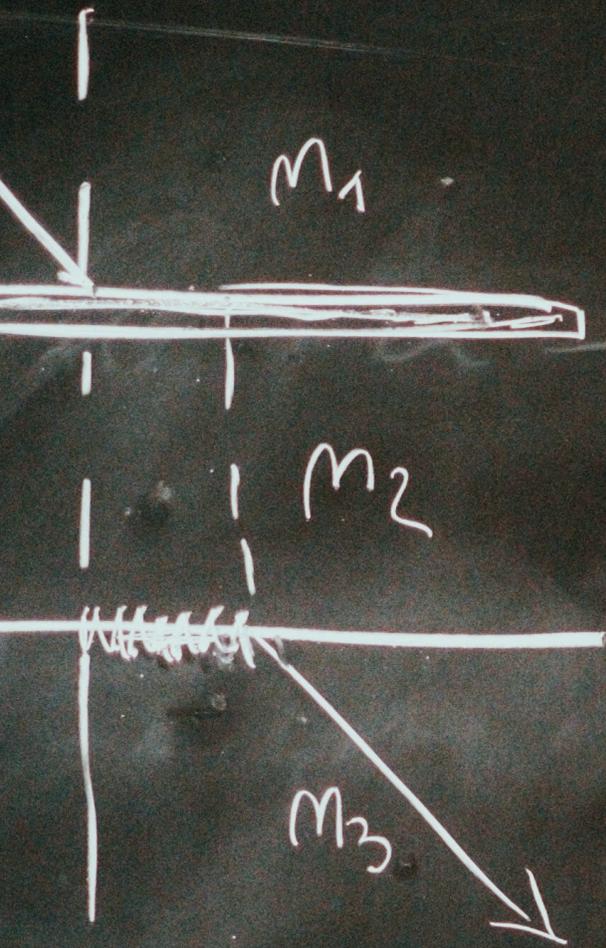
A DAILY CONVERSATION WITH WONDER

A journey through the images of research,
within research, and of those who do research



UNIVERSITÀ
DI TRENTO

Dipartimento di
Fisica



$$M_1 \theta_1 = M_2 \theta_2$$

$$M_2 \theta_2 = M_3 \theta_3$$

$$\theta_2 = \frac{M_1 \theta_1}{M_2}$$

UNA QUOTIDIANA CONVERSAZIONE CON LA MERAVIGLIA

Un viaggio fra le immagini della ricerca,
nella ricerca, e di chi fa ricerca

RAFFAELLO POTESSTIO, ANNA FORMILAN, ELISA VETTORI

A DAILY CONVERSATION WITH WONDER

A journey through the images of research,
within research, and of those who do research



UNIVERSITÀ
DI TRENTO

Dipartimento di
Fisica

Ideazione e realizzazione —
Design and realisation: **Raffaello Potestio,**
Anna Formilan, Elisa Vettori

Impaginazione libro e copertina —
Book and cover layout: **Alice Lotti**

Publicato da —
Published by: **Università degli Studi di Trento**
via Calepina, 14 - 38122 Trento
ufficioarchivieditoria@unitn.it
www.unitn.it

Volume scaricabile gratuitamente
dall'archivio IRIS — Anagrafe della ricerca
<https://iris.unitn.it/> — **This publication can**
be freely downloaded for the IRIS - Anagrafe
della ricerca archive

Questo libro è disponibile in Open Access
— **This book is available in Open Access**

Disponibile su licenza Attribution
NonCommercial 4.0 International (CC BY—NC 4.0)
— **Available under Attribution NonCommercial 4.0**
International (CC BY—NC 4.0) licence

Copyright © 2021 — **VARIAMOLS Research Group**
Tutti i diritti riservati — **All rights reserved**

Il progetto è stato realizzato con il sostegno
della Commissione Europea attraverso il fondo
Horizon 2020 dello European Research Council
(Grant 758588). —

This project received funding from
the European Research Council (ERC) under
the European Union's Horizon 2020 research
and innovation program (Grant 758588).

Si ringraziano il Dipartimento di Fisica
e la Biblioteca Universitaria Centrale dell'Università
di Trento per il supporto amministrativo
e organizzativo. —

With the administrative and organisational
support of the Department of Physics and the
Central University Library of the University of Trento.

PREFAZIONE

MASSIMO SANDAL

FOREWORD

Questo libro, come forse ogni libro, è un tentativo di mostrare qualcosa che non si vede. Partiamo dall'argomento di ricerca del laboratorio VARIAMOLS, guidato da Raffaello Potestio, ovvero le molecole della vita, quali proteine e acidi nucleici. Come quasi tutte le molecole, sono più piccole della lunghezza d'onda della luce, irraggiungibili da qualsiasi microscopio: in questo senso sono, e saranno per sempre, invisibili. Siamo costretti allora alla cecità?

Al contrario: abbiamo la libertà di infiniti punti di vista. I dati, con cui faticosamente ricostruiamo la forma e il moto di una molecola, diventano una partitura. Dalla quale possiamo decidere cosa prendere e cosa lasciare, cosa esaltare e cosa mettere sullo sfondo. Un singolo oggetto, un singolo processo biologico, allora fioriscono in un caleidoscopio di immagini e rappresentazioni.

Non è una velleità. L'enorme, aliena complessità delle molecole biologiche e in particolare delle proteine ha richiesto, fin dagli albori del loro studio, uno sforzo di semplificazione, di rimozione del superfluo. I primi modelli di queste molecole, negli anni Cinquanta e Sessanta del XX secolo, erano cespugli fitti e incomprensibili di atomi. Solo lentamente si trovarono modi per districarsi, arrivando infine, per esempio, a visualizzarle tramite i cosiddetti "nastri" introdotti nel 1985 dalla cristallografa e artista Jane Richardson, che isolò e armonizzò la geometria essenziale delle proteine con pazienti disegni a pastello (ora generati in un attimo sui nostri computer). Con questi espedienti non solo ne rendiamo comprensibile la struttura ai nostri occhi, ma ne restituiamo l'eleganza organica, vivente. Il materiale visivo prodotto dal gruppo VARIAMOLS ci porta dai dati all'oggetto-molecola e ritorno, mostrando quanto molteplici siano le prospettive con cui la scienza deve affrontare i propri soggetti.

Portato a livello della funzione e della dinamica di queste molecole, e non solo della loro forma, proprio il processo di messa a fuoco e rimozione del superfluo è al cuore della ricerca del laboratorio VARIAMOLS, come spiega Raffaello Potestio. Per comprendere

a fondo queste molecole a un certo punto diventa necessario sfrondare, semplificando dove è possibile e mantenendo il dettaglio dove è necessario. In piccolo, concentra in sé tutto il senso della ricerca scientifica: trovare il sempre cangiante equilibrio tra semplicità e accuratezza, per comprendere la complessità.

È lo stesso processo su cui si basano le arti visive come l'illustrazione, la fotografia, dove di un oggetto, una scena, un corpo noi scegliamo o creiamo un punto di vista: non a caso l'arte, come la scienza, è un metodo per comprendere il mondo. Ciò che si elimina, che si decide di lasciare fuori dalla cornice, conta come e più di quello che viene incluso. E, come le biomolecole, anche i laboratori e i processi di ricerca sono invisibili. Arrivano al pubblico, quando arrivano, i risultati del loro lavoro: asettici, cristallini. Ma se le biomolecole sono piccoli macchinari che rimettono ordine nei moti casuali degli atomi per svolgere una funzione, così i laboratori di ricerca sono guidati allo stesso modo dall'intelligenza e dagli accidenti, dal caso e dalla necessità per dirla con Jacques Monod, barcollando e sudando per strappare alla natura un nuovo barlume di significato.

E per comprendere veramente l'impresa scientifica, la sua umanità, la sua gioia e le sue contraddizioni, non c'è altro modo che confrontarsi con la sua vita quotidiana.

È quello che qui fanno, con metodi complementari, Elisa Vettori, fotografa, e Anna Formilan, illustratrice. Vettori, cogliendo attimi all'esterno e all'interno dell'ambiente di ricerca, sorta di reperti sparpagliati che, assemblati, formano un mosaico delle sfaccettature della vita di laboratorio, dai suoi tratti più umoristici a quelli più suggestivi, con immagini in bilico tra ordine e disordine, proprio come i sistemi biologici. Formilan infine, condensando la vita e la pratica della ricerca di VARIAMOLS con le tracce raccolte dall'occhio di Elisa Vettori, distilla metafore visive semplici, moderne ed eleganti, che riassumono il rapporto tra i ricercatori, i dati e i modelli in una serie di icone gentilmente surreali. —

— Il risultato di questo incontro tra prospettive è un esempio di come si possa descrivere in modo originale ma limpido il vero funzionamento della scienza. In contrasto con le facili e false narrative su singole “menti geniali” o inquietanti progetti fantascientifici, qui vediamo la concretezza di persone normali che ogni giorno si alzano e, con semplicità e rigore, cercano di comprendere qualcosa del mondo. In dialogo con la natura e con i dati, ma anche con sé stessi, con le proprie forze, le proprie debolezze, la propria immaginazione. Una quotidiana conversazione con la meraviglia, smontando e rimontando pazientemente le tessere di un mosaico sempre diverso.

MASSIMO SANDAL

ENG

— This book, like perhaps every book, is an attempt to show something that cannot be seen. Let us start with the research topic of the VARIAMOLS laboratory, led by Raffaello Potestio, namely the molecules of life, such as proteins and nucleic acids. Like almost all molecules, they are smaller than the wavelength of light, unreachable by any microscope: in this sense they are, and will always be, invisible. Are we then forced into blindness? On the contrary: we are now open to infinite points of view. The data, from which we painstakingly reconstruct the shape and motion of a molecule, become a score. From it we can decide what to keep and what to leave, what to highlight and what to discard in the background. A single object, a single biological process, blossoms then into a kaleidoscope of images and representations.

This is not wishful thinking. The enormous, alien complexity of biological molecules, and of proteins in particular, has required, from the very beginning

of their study, an effort to simplify, to remove the superfluous. The first models of these molecules, sculpted in the 1950s and 1960s, were thick, incomprehensible bushes of atoms. Only slowly ways were found to disentangle them, finally arriving, for example, at visualisation by means of so-called ‘ribbons’ introduced in 1985 by the crystallographer and artist Jane Richardson, who isolated and harmonised the essential geometry of proteins with patient pastel drawings (now generated in a flash on our computers). With these tricks, we not only make their structure comprehensible to our eyes, but we restore their organic, living elegance. The visual material produced by the VARIAMOLS group takes us from the data to the molecule-object and back again, showing how many different perspectives science has to deal with its subjects.

Taken to the level of the function and dynamics of these molecules, and not just their shape, the very process of focusing and removing the superfluous

is at the heart of the VARIAMOLS laboratory's research, as Raffaello Potestio explains. In order to fully understand these molecules it becomes necessary to prune, simplifying where possible and maintaining detail where necessary. In a nutshell, this process concentrates the whole meaning of scientific research: finding the ever-changing balance between simplicity and accuracy, in order to understand complexity.

It is the same process on which visual arts such as illustration and photography are based, where we choose or create a point of view of an object, a scene, a body: it is not by chance that art, like science, is a method for understanding the world. What we eliminate, what we decide to leave out of the frame, matters as much or more than what is included. And, just like biomolecules, laboratories and research processes are invisible. The results of their work reach the public, sometimes: dry, crystalline. But if biomolecules are tiny machines that put order into the random motions of atoms so as to perform a function, then research

laboratories are driven in the same way by intelligence and accidents, by chance and necessity, as Jacques Monod put it, staggering and sweating to wrest a new glimmer of meaning from nature. And to truly understand the scientific enterprise, its humanity, its joy and its contradictions, there is no other way than to confront its daily life.

This is what Elisa Vettori, photographer, and Anna Formilan, illustrator, do here with complementary methods. Vettori, capturing moments outside and inside the research environment, sort of scattered finds that, assembled, form a mosaic of the facets of laboratory life, from its most humorous to its most suggestive features, with images poised between order and disorder, just like biological systems. Finally, Formilan condenses the life and practice of VARIAMOLS research with the traces collected by Elisa Vettori's eye, distilling simple, modern and elegant visual metaphors that summarise the relationship between researchers, data and models in a series of gently surreal icons. —

— The result of this meeting of perspectives is an example of how the true workings of science can be described in an original but clear way. In contrast to the facile and false narratives about individual 'masterminds' or disturbing science fiction projects, here we see the concreteness of ordinary people who get up every day and, with simplicity and rigour, try to understand something of the world. In dialogue with nature and data, but also with themselves, with their own strengths, weaknesses and imagination. A daily conversation with wonder, patiently disassembling and reassembling the pieces of an ever-changing mosaic.

L'INFORMAZIONE È NELL'OCCHIO
DI CHI GUARDA

RAFFAELLO POTESIO

—

INFORMATION IS IN THE EYE
OF THE BEHOLDER

La comprensione dei fenomeni naturali da parte degli esseri umani inizia con l'osservazione. Pochi millimetri quadri di retina interfacciano il mondo esterno e il nostro cervello, il quale processa le immagini che riceve e ricostruisce al proprio interno il loro soggetto, lo proietta nel futuro e nel passato, lo manipola e lo trasforma, estrapolandone proprietà e implicazioni in contesti e situazioni diverse da quelle in cui lo ha visto per la prima volta. Capire qualcosa è dunque un processo in (almeno) due tempi: il primo consiste nell'accogliere in sé l'immagine dell'oggetto di studio, il secondo nel darne una rappresentazione, un modello.

Lo studio della materia vivente, dalle molecole più piccole a interi ecosistemi, segue questo percorso di osservazione e modellizzazione, e spesso lo itera mettendo al centro dell'osservazione il comportamento del modello stesso, con l'obiettivo di raffinarlo e renderlo sempre più aderente all'immagine che si ha dell'oggetto reale.

Il gruppo di ricerca VARIAMOLS (Variable resolution algorithms for macromolecular simulations) ha come obiettivo lo studio delle macromolecole biologiche che stanno alla base della materia vivente, quali proteine e DNA. Lo strumento centrale di questa attività è il computer, che viene impiegato sia per effettuare simulazioni del comportamento dei sistemi molecolari sia per indagarne le proprietà strutturali, energetiche, dinamiche e funzionali. Anche in questo caso visione e modellizzazione vanno di pari passo, in un circolo virtuoso: le simulazioni non sono il sistema, sono una rappresentazione del sistema; ciononostante, il prodotto di tali simulazioni è oggetto di analisi viva e quantitativa, che a sua volta contribuisce alla costruzione di modelli del sistema.

I modelli in questione possono differire per un aspetto fondamentale: la risoluzione. Diversi gradi di dettaglio forniscono del sistema una rappresentazione più o meno accurata, più o meno fedele alla realtà. Per contro, un livello basso di risoluzione consente uno sfruttamento più efficace delle risorse computazionali a disposizione, e dunque lo studio di sistemi più grandi, e su tempi più

lunghi. Il bilanciamento ottimale fra livello di dettaglio e sforzo di calcolo richiesto è uno dei temi centrali del progetto VARIAMOLS, che affronta il problema modulando la risoluzione dei modelli molecolari sulla base delle loro proprietà fisiche e biologiche: maggiore dettaglio viene posto laddove necessario, minore dettaglio dove possibile. Questo approccio consente il mantenimento di un alto grado di accuratezza ad un minor costo in termini di risorse di calcolo.

C'è però un altro aspetto legato alla relazione fra il sistema e la risoluzione del suo modello: la comprensione del sistema stesso. L'analisi della simulazione di una proteina rappresentata al massimo grado di dettaglio - a livello atomistico - ci fornisce l'immagine esterna da studiare, ma la costruzione di un modello mette alla prova la nostra comprensione di quell'immagine, la nostra capacità di distinguere l'essenziale dal marginale, la nostra intuizione del rapporto fra causa ed effetto. Il celebre fisico Richard Feynman lasciò scritta sulla propria lavagna una frase che raccoglie lo spirito costruttivo dell'indagine scientifica: Ciò che non posso creare, non lo capisco. La necessità di riprodurre ciò che si studia - ricostruirlo con le proprie mani, con il proprio cervello, o con un modello al computer - è essenziale nel percorso di comprensione. La visione di qualcosa e la sua riproduzione sono componenti imprescindibili del nostro percorso di relazione consapevole con la realtà.

E così come la modellizzazione richiede un atto consapevole, parziale e partigiano, nella scelta degli elementi da impiegare e delle relazioni da imporre fra di essi, allo stesso modo l'analisi non è mai oggettiva e onnicomprensiva, ma riverbera il punto di vista, le parti tenute nel campo visivo e quelle che ne restano fuori, il filtro che modula la visione dell'oggetto. È talmente limitato il rivolo di dati che possiamo accogliere e processare, ed è talmente immenso il mare di proprietà, quantità, aspetti, posizioni, tempi e forme che caratterizzano ciò che studiamo, che anche la più dettagliata delle simulazioni sarà per noi incomprensibile se non siamo in grado di trasformare i dati in informazioni.

— Questo progetto si pone l'obiettivo di raccontare al pubblico come viene vissuto e implementato questo sforzo di analisi e modellizzazione all'interno del gruppo di ricerca VARIAMOLS. La centralità dell'immagine nell'attività scientifica risiede nel suo doppio ruolo, come strumento principe per l'analisi dell'oggetto di studio e come prodotto di un processo di modellizzazione. In questo progetto è il gruppo stesso, con le sue persone, le sue attività e i suoi spazi, a divenire oggetto di studio. La fotografia analizza le ricercatrici e i ricercatori nel loro ambiente, ne scruta i comportamenti, ne fissa i gesti, racconta il loro environment, gli strumenti, le attività. L'illustrazione (ri)costruisce l'immagine delle persone, la fonde con il loro lavoro e gli ambienti che attraversano, ne dà una rappresentazione, un modello. Infine, l'immagine scientifica restituisce il prodotto più grafico, più visuale del lavoro di ricerca, mettendo in mostra il frutto dell'abbraccio che unisce immagine grafica e indagine scientifica da Leonardo da Vinci a oggi.

RAFFAELLO POTESSTIO

ENG

— The comprehension of natural phenomena by human beings starts with observation. A few squared millimetres of retina interface the external world and our brain, which processes the images it receives and reconstructs their subject internally, projects it into the future and the past, manipulates it and transforms it, extrapolating its properties and implications to contexts and situations other than those in which it was first seen. Understanding something is therefore a process in (at least) two stages: the first consists in acquiring the image of the object of study, the second in providing a representation, a model of it.

The study of living matter, from the smallest molecules to entire ecosystems, follows this path of observation and modelling, and often iterates it by placing the behaviour of the model itself at the centre of observation, with the aim of refining it and making it ever closer to the image one has of the real object. The VARIAMOLS (Variable resolution algorithms for macromolecular

simulations) research group focuses on the study of biological macromolecules that form the basis of living matter, such as proteins and DNA. The central tool in this activity is the computer, which is used to simulate the behaviour of molecular systems as well as to investigate their structural, energetic, dynamic, and functional properties. Also in this case, vision and modelling go hand in hand, in a virtuous circle: the computational simulations are not the system, they are a representation of the system; nevertheless, the product of these simulations (the trajectory of the molecule and its atoms in time and space) is the subject of visual and quantitative analysis, which in turn contributes to the construction of models of the system.

These models may differ in one fundamental respect: resolution. Different degrees of detail provide a more or less accurate representation of the system, more or less faithful to reality. On the other hand, a low level of resolution allows a more efficient use of the available

computational resources, and therefore the study of larger, more numerous systems over longer periods of time. The optimal balance between the level of detail and the computational effort required is one of the central themes of the VARIAMOLS project, which tackles this problem by modulating the resolution of molecular models on the basis of their physical and biological properties: more detail is applied where necessary, less detail where possible. This approach allows a high degree of accuracy to be maintained at a lower cost in terms of computing resources.

However, there is another aspect to the relationship between the system and the resolution of its model: the comprehension of the system itself. The analysis of the simulation of a protein represented to the highest degree of detail - at an atomistic level - provides us with the external image to be studied, but the construction of a model tests our understanding of that image, our ability to distinguish the essential from the marginal, our intuition of the relationship between cause and effect. The famous physicist Richard Feynman

left written on his blackboard a phrase that encapsulates the constructive spirit of scientific investigation: "What I cannot create, I do not understand". The need to reproduce what is being studied - to reconstruct it with one's own hands, with one's own brain, or with a computer model - is central for our understanding. The vision of something and its reproduction are essential components of our path to a conscious relationship with reality.

And just as modelling requires a conscious, partial, and partisan act in the choice of elements to be used and the relations to be imposed among them, so analysis is never objective and all-encompassing, but reverberates the point of view, the parts kept in the field of vision and those that remain outside of it, the filter that modulates the vision of the object. So limited is the trickle of data that we can take in and process, and so immense is the sea of properties, quantities, aspects, positions, times, and forms that characterise what we study, that even the most detailed simulations will be incomprehensible to us if we are unable to transform data into information.

— This project aims to recount to the public how this effort of analysis and modelling is experienced and implemented within the VARIAMOLS research group. The centrality of the image in scientific activity lies in its dual role, as the main tool for analysing the object of study and as the product of a modelling process. In this project, it is the group itself, with its people, activities, and spaces, that becomes the object of study. The photograph analyses the researchers in their environment, scrutinises their behaviour, fixes their gestures, and describes their environment, tools, and activities. Illustration (re)constructs the image of people, merges it with their work and the environments they cross, and returns a representation, a model. Finally, the scientific image shows the most graphic, most visual product of the research work, displaying the fruit of the embrace that unites graphic image and scientific investigation since Leonardo da Vinci to the present day.

DI FORME,
DATI E COLORI

ANNA FORMILAN

—

OF SHAPES,
DATA AND COLORS

Cosa hanno in comune la biofisica computazionale e il lavoro di illustrazione? Quali elementi si trovano sia nel processo di ricerca scientifica che in quello della comunicazione visiva? Come è possibile rendere in maniera visivamente accattivante ed efficace i dati e il lavoro di un team di ricerca?

All'apparenza distanti e difficilmente conciliabili, biofisica computazionale e illustrazione condividono un'affinità inaspettata. L'essere umano non riesce a concepire sistemi troppo complessi. Per scoprirne il comportamento, il modus operandi, le tendenze e le tipologie, questi sistemi vanno semplificati e ridotti ad una scala maneggiabile. Il concetto che descrive questa operazione è quello di coarse-graining, o semplificazione. È proprio questo concetto che sta alla base sia del lavoro di ricerca del team VARIAMOLS che della produzione di queste illustrazioni. L'illustrazione procede infatti in maniera analoga al processo di modellizzazione della biofisica computazionale: crea una

sintesi visiva di una realtà complessa concentrandola in pochi tratti, usando pochi colori, eliminando dettagli superflui, ma senza snaturarne l'essenza e assicurando che questa sia comunque riconoscibile, comunicativa e informativa.

Dagli incontri che ho avuto con VARIAMOLS e da una serie di questionari esplorativi, sono emersi un insieme di informazioni complesse, una fotografia dettagliata dei membri del team, delle loro personalità, dei dati della loro ricerca, dell'ambiente lavorativo. Impossibili da gestire nella loro interezza, queste informazioni sono state l'oggetto di un lavoro di coarse-graining: il sistema complesso "VARIAMOLS" e le sue componenti sono stati progressivamente ridotti e rielaborati, isolando una serie di elementi distintivi e caratterizzanti.

Il risultato è una narrazione visiva del team VARIAMOLS che va oltre i dati biofisici per raccontare la quotidianità della ricerca scientifica attraverso una reinterpretazione di concetti, colori, forme, suoni e parole dei suoi addetti ai lavori.

ENG

What do computational biophysics and illustration work have in common? What elements are found in both the scientific research process and the visual communication process? How can data and the work of a research team be made visually appealing and effective?

Apparently distant and difficult to reconcile, computational biophysics and illustration share an unexpected affinity. Human beings cannot conceive of systems that are too complex. To discover their behaviour, modus operandi, tendencies and typologies, these systems must be simplified and reduced to a manageable scale. The concept that describes this operation is that of "coarse-graining", or simplification. It is this concept that underlies both the research work of the VARIAMOLS team and the production of the present illustrations. In fact, illustration proceeds in a similar way to the modelling process of computational biophysics: it creates a visual synthesis of a complex

reality by concentrating it in a few strokes, using few colours, eliminating superfluous details, but without distorting its essence and ensuring that it is still recognisable, communicative and informative.

From the meetings I had with VARIAMOLS and a series of exploratory questionnaires, a complex set of information emerged, a detailed snapshot of the team members, their personalities, their research data, their working environment. Impossible to manage in their entirety, this information was the object of a coarse-graining work: the complex system "VARIAMOLS" and its components were progressively reduced and reworked, isolating a series of distinctive and characterising elements.

The result is a visual narrative of the VARIAMOLS team that goes beyond biophysical data to tell the story of everyday scientific research through a reinterpretation of the concepts, colours, shapes, sounds and words of its members.

SIMULANDO
NEL VUOTO

ELISA VETTORI

—

SIMULATING
IN THE VOID

Sono arrivata per la prima volta al distretto universitario di Povo Zero in una giornata di primavera. Credevo di essermi preparata per interpretare il mondo col quale stavo per entrare in relazione, ma - come spesso accade - non era affatto così. Si apriva davanti a me un universo di persone dialogiche e alla mano, che appena iniziavano a parlare del loro lavoro formulavano ragionamenti e frasi impossibili da comprendere per una profana come me. Ricorderò sempre quella volta che Elio, lavorando su un'equazione, sbottò ad alta voce: "Sto simulando nel vuoto".

Lo stupore non è diminuito con la frequentazione, anche informale, del team Variamols e della sede delle loro ricerche. Il mio punto di vista sulla ricerca era, in partenza, quello di un'osservatrice esterna che usa l'immagine come strumento di comprensione della realtà. La modalità che esercito per fare reportage è strettamente improntata sulla relazione. Ha quindi come parte fondamentale il tempo che

trascorro con i soggetti. Insieme ai ragazzi del team sono stata negli uffici, in aula, a pranzo fuori, a fare picnic nel giardino del dipartimento, a fumare e - soprattutto - a bere tanti, tantissimi caffè alle macchinette automatiche. L'ultima volta che li ho visti è stato all'interno del cluster nel distretto di Povo Zero, che conserva l'enorme mole di dati prodotti dai dipartimenti universitari, un luogo celato anche a molti addetti ai lavori.

Mi sono concentrata anche sulle riflessioni di vetri e delle pareti specchianti, che ben si prestano a suggerire visioni metaforiche di una disciplina che lavora quotidianamente proprio su quello che non si può vedere. Le architetture stesse, nei volumi e nelle geometrie, sono dei buoni narratori dei loro abitanti; Gibrán diceva "La casa è il nostro corpo più grande" e anche se un dipartimento può essere facilmente avvicinato ad un'idea di "non-luogo" ha, nella scelta dei colori, dei punti di verde o di luce, moltissimo da dire.

ENG

I arrived for the first time at the university district of Povo Zero on a spring day. I thought I had prepared myself to interpret the world with which I was about to enter into a relationship, but - as often happens - this was not the case at all. I was faced with a universe of easy-going, conversational people who, as soon as they started talking about their work, formulated reasoning and phrases that were impossible for a layperson like me to understand. I will always remember the time when Elio, working on an equation, said out loud: 'I am simulating in a vacuum'.

My amazement did not diminish as I frequented, even informally, the Variamols team and the location of their research. My point of view on the research was, from the start, that of an external observer who uses the image as a tool to understand reality. The way I practice reportage is strictly based on relationships. The time I spend with

the subjects is therefore a fundamental part of it. Together with the guys in the team, I have been in the offices, in the classroom, out to lunch, picnicking in the department's garden, smoking and - above all - drinking lots and lots of coffee from the vending machines. The last time I saw them was inside the cluster in the Povo Zero district, which stores the enormous amount of data produced by university departments, a place hidden even from many insiders.

I have also focused on the reflections in the glass and mirrored walls, which lend themselves well to suggesting metaphorical visions of a discipline that works daily on what cannot be seen. The architectures themselves, in their volumes and geometries, are good narrators of their inhabitants; Gibrán said "The house is our largest body" and even if a department can easily be approached as a "non-place" it has, in the choice of colours, points of green or light, a lot to say.

1 Il primo passo per eseguire una simulazione consiste nel fornire al programma un input file, che contiene le istruzioni necessarie a costruire il modello del sistema, a calcolare le forze fra i suoi elementi, e a evolverne la struttura nel tempo.

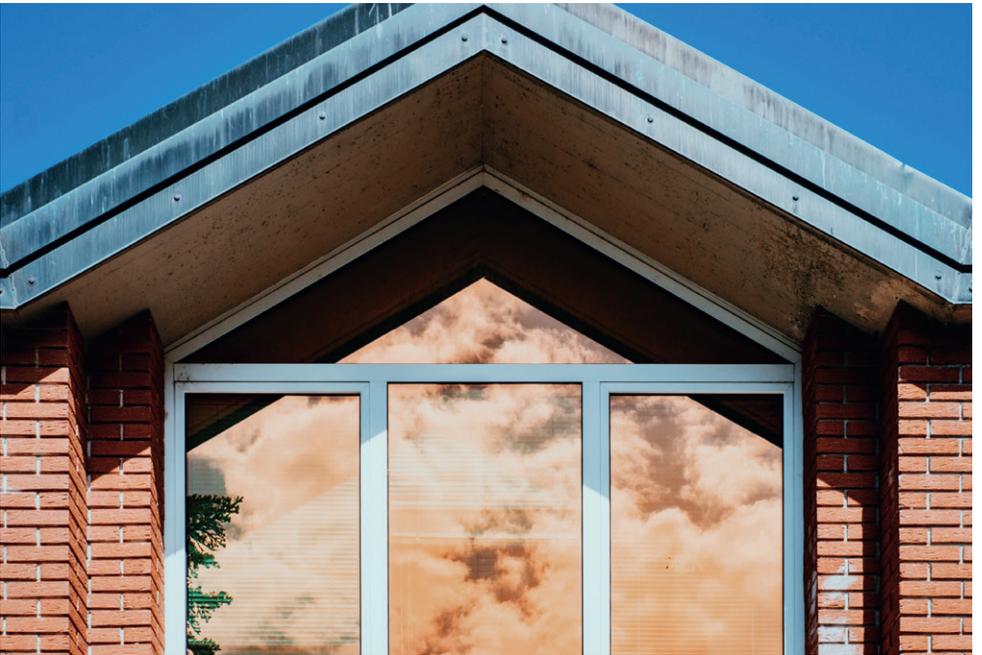
2 La facciata d'ingresso del distretto universitario di Povo Zero.

3 Ogni giorno, salgo in collina e raggiungo PovoZero. Penso già al lavoro e inizio ad eliminare le informazioni superflue, concentrandomi solo sulla casa che anche oggi accoglierà la mia ricerca.

The first step in running a simulation is to provide the program with an input file, which contains the instructions needed to build the model of the system, to calculate the forces between its elements, and to evolve its structure over time.

The entrance of the Povo Zero university building.

Every day, I walk up the hill to PovoZero. I already think about work and start to eliminate superfluous information, focusing only on the house that will once again host my research today.





POVOZERO — POVOZERO

1 Riprodurre con il computer l'ambiente cellulare in cui agiscono le molecole di interesse biologico (come la caffeina, in figura) non è sempre facile. Per questo ci avvaliamo di tecniche a risoluzione variabile, in cui le particelle di acqua che stanno vicine alla molecola sono descritte in modo dettagliato (palline arancioni), mentre allontanandosi la descrizione si fa sempre più semplificata.

2 Marta e Marco in un momento di pausa, in uno dei giardini interni al distretto.

3 Ogni mattina, come un meticoloso rituale, preparo i miei strumenti di lavoro.

It is not always easy to reproduce in computer models the cellular environment in which molecules of biological interest (such as caffeine, shown in the figure) act by computer. This is why we use variable-resolution techniques, in which the water particles that are close to the molecule are described in detail (orange balls), while as they move away, the description becomes increasingly simplified.

Marta and Marco taking a break in one of the district's gardens.

Every morning, like a meticulous ritual, I prepare my working tools.

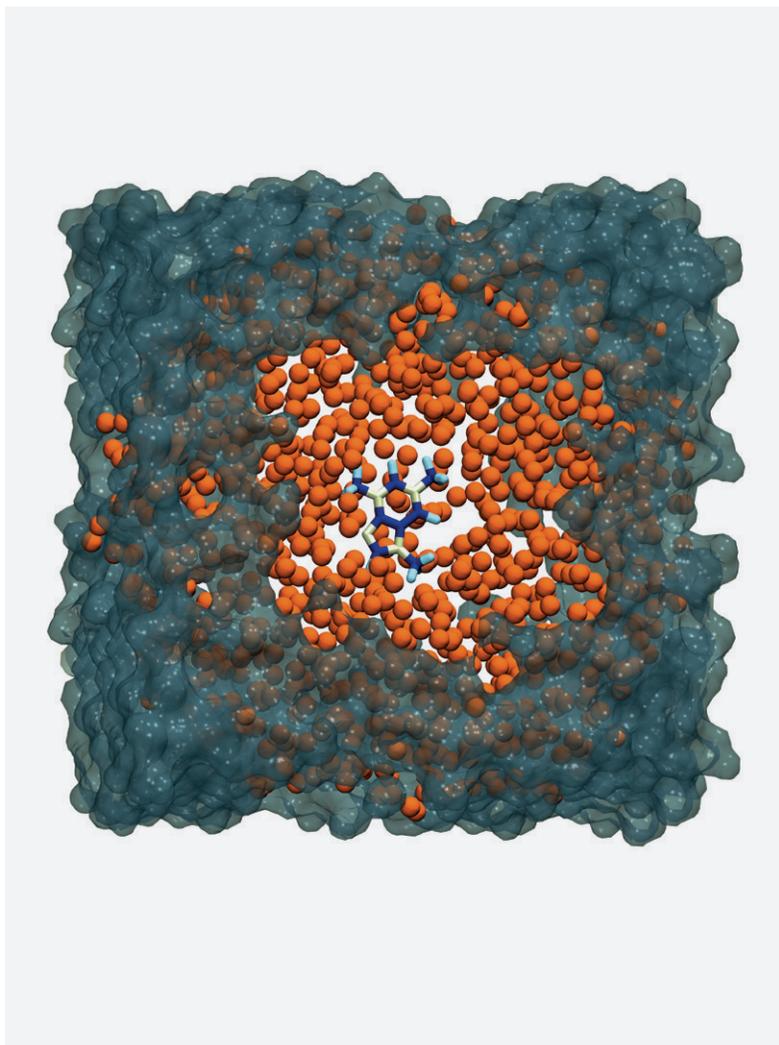


FIG — 02



RITUALE — RITUAL



1 Una molecola biologica è un sistema profondamente complesso, composto da un enorme numero di atomi disposti in modo irregolare ma al contempo organizzati in una struttura globale molto precisa. Nell'analisi del suo comportamento si rende quindi spesso necessario ricorrere a diversi livelli di rappresentazione. A seconda del fenomeno di interesse, tali livelli possono includere rappresentazioni molto dettagliate, che consentono di seguire lo spostamento dei singoli atomi, così come rappresentazioni estremamente semplici, che descrivono l'intera molecola come un filo che si muove nello spazio.

2 Le zone ricreative all'aperto sono largamente utilizzate da studenti e ricercatori.

3 Parto sempre dalla domanda-chiave della mia ricerca: qual è il livello di semplificazione ottimale per rappresentare quello che studio? Che mi permetta di comprenderlo, senza tenere informazioni inutili, ma anche senza perderne di importanti?

A biological molecule is a profoundly complex system consisting of a huge number of atoms arranged in an irregular manner, but at the same time organised in a very precise overall structure. It is therefore often necessary to use different levels of representation when analysing its behaviour. Depending on the phenomenon of interest, these levels can include very detailed representations, which allow the movement of individual atoms to be followed, as well as extremely simple representations, which describe the entire molecule as a thread moving through space.

Open air leisure areas are largely enjoyed by students and researchers.

I always start from the key-question of my research: what is the optimal level of simplification to represent what I study? Which allows me to understand it, without keeping useless information, but also without losing important one?

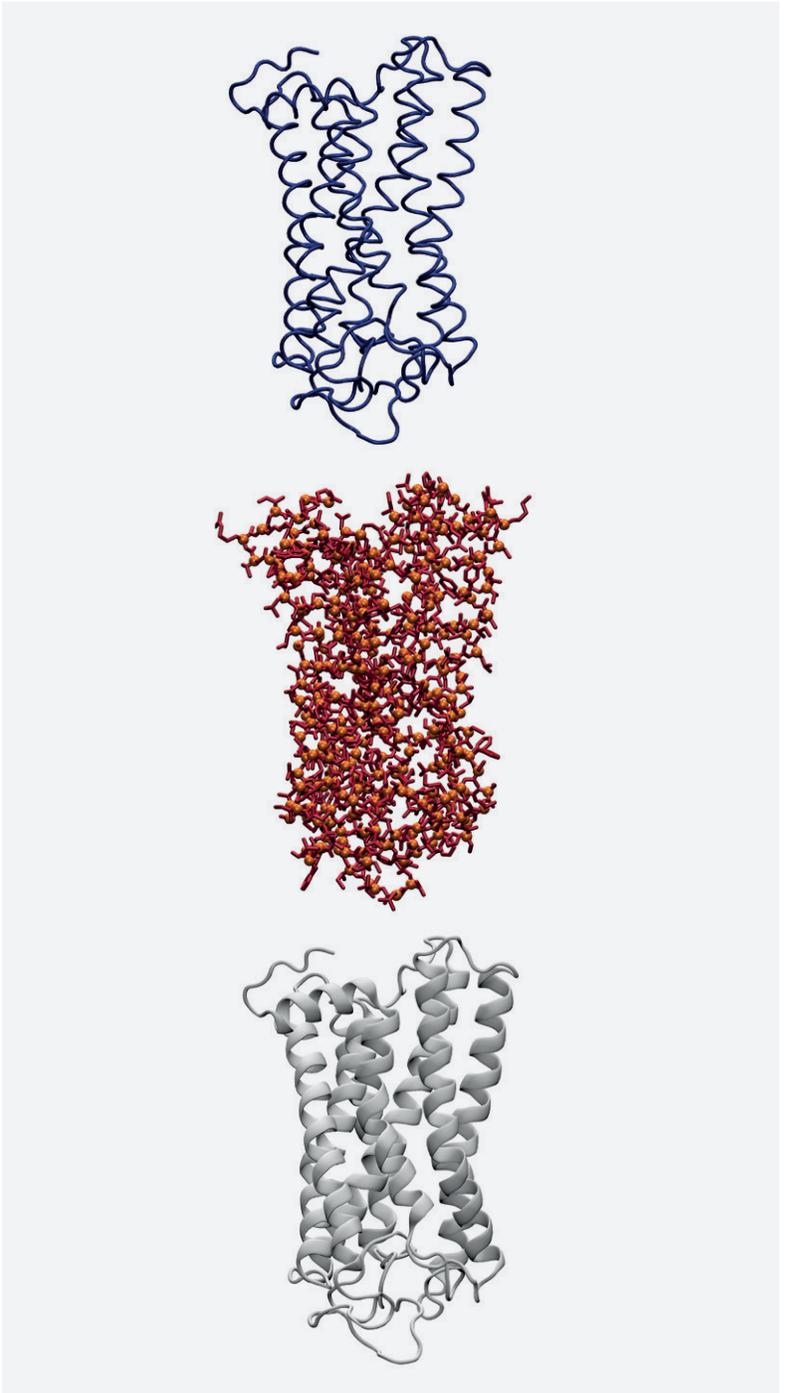
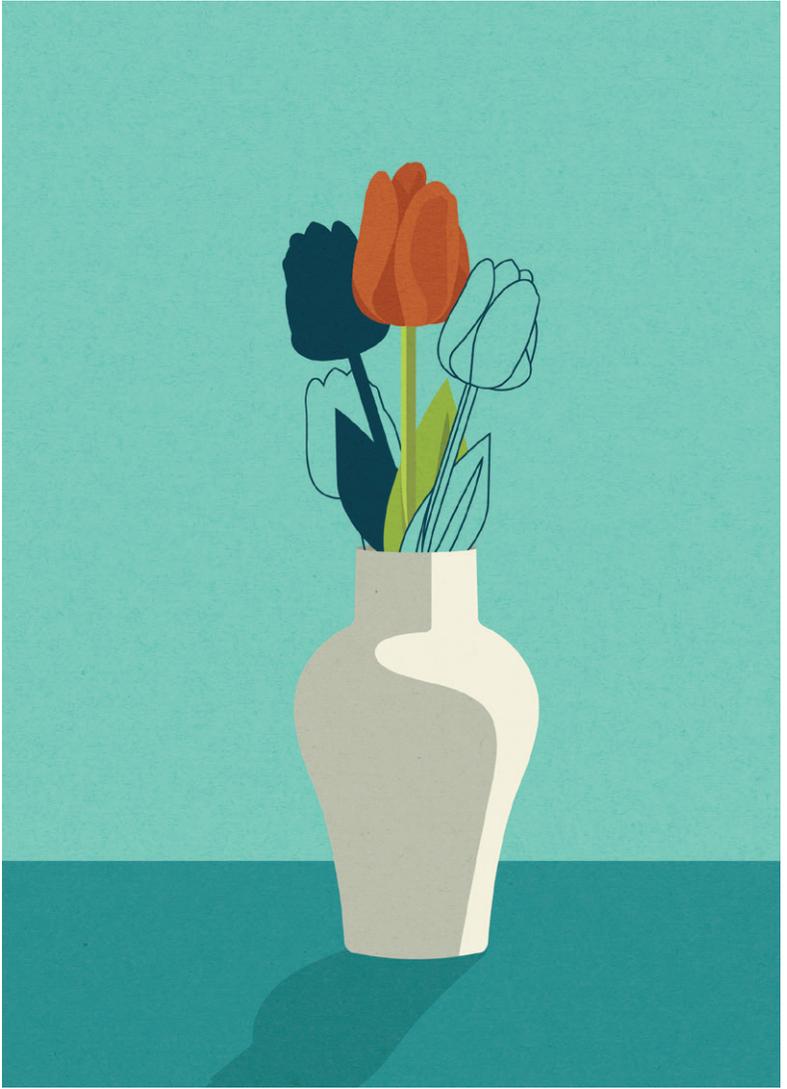


FIG — 03





DILEMMA — DILEMMA

1 Il force field è l'insieme di equazioni e parametri utilizzati per descrivere le proprietà relazionali degli atomi durante la simulazione di strutture biologiche. Il biofisico computazionale impiega il force field per comprendere come differenti gruppi di atomi interagiscono tra loro.

2 Esiste un progetto per rinnovare il campus di Povo Zero nel prossimo futuro.

3 Di solito simulo proteine in acqua e, siccome esse tendono a cambiare conformazione, sembra quasi che siano dei piccoli invertebrati che si muovono, si accartocciano, si allungano.

The force field is the set of equations and parameters used to describe the relational properties of atoms when simulating biological structures. Computational biophysicists use the force field to understand how different groups of atoms interact with each other.

Renovations of the Povo Zero campus are planned for the near future.

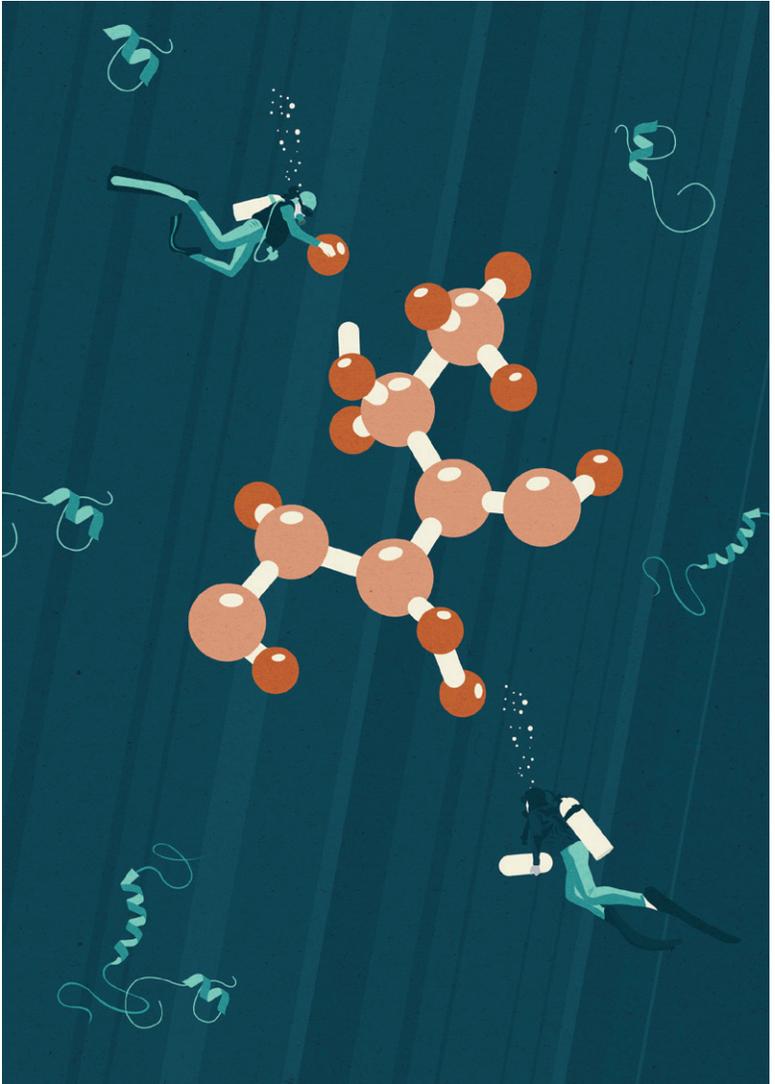
I usually simulate proteins in water, and, because they tend to change their shape, they look like little invertebrates that move, curl up, stretch.

$$\begin{aligned}
V &= \sum_{bonds} k_b (b - b_0)^2 + \sum_{angles} k_\theta (\theta - \theta_0)^2 + \\
&+ \sum_{dihedrals} k_\phi [1 + \cos(n\phi - \delta)] + \\
&+ \sum_{impr} k_\omega (\omega - \omega_0)^2 + \sum_{ij} \frac{q_i q_j}{4\pi\epsilon_0 r_{ij}} \\
&+ \sum_{ij} 4\epsilon_{ij} \left[\left(\frac{\sigma_{ij}}{r_{ij}} \right)^{12} - \left(\frac{\sigma_{ij}}{r_{ij}} \right)^6 \right]
\end{aligned}$$

FIG — 04



FORMA — SHAPE



1 Le proteine possono contenere migliaia di atomi, ma alcuni di essi (in blu in questa figura) sono particolarmente rilevanti per il corretto svolgimento della funzione biologica. L'identificazione di questi atomi è cruciale per comprendere le proprietà strutturali e dinamiche del sistema considerato e ha notevoli applicazioni nel design di nuovi farmaci.

2 Nella "malga", un'aula per le esercitazioni di laboratorio.

3 Se le proteine fossero delle vasche di palline per bambini, io sarei il bambino che prova a capire quali sono più belle delle altre.

Proteins may contain thousands of atoms, but some of them (in blue in this figure) are particularly relevant to the proper performance of biological function. Identifying these atoms is crucial to understanding the structural and dynamic properties of the system in question and has considerable applications in the design of new drugs.

In the "cottage", a laboratory course training room.

If proteins were pools of balls for children, I would be the child trying to figure out which ones are more beautiful than others.

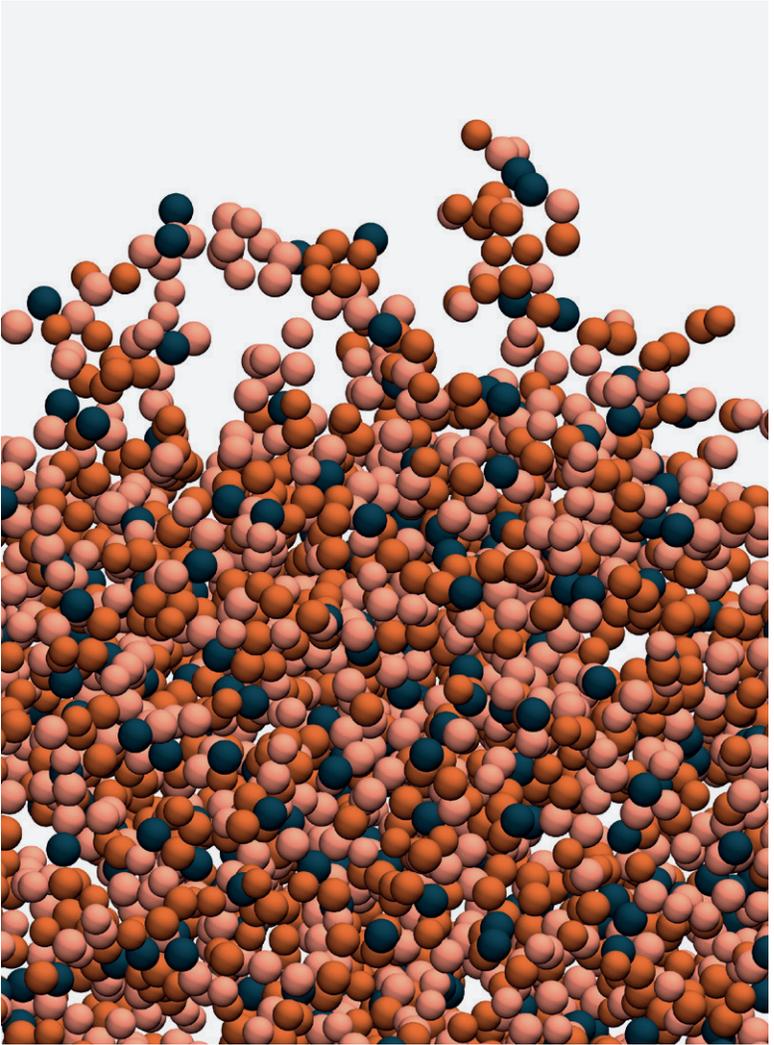


FIG — 05





BELLEZZA — BEAUTY

1 Molte proteine presentano regioni flessibili, la cui dinamica è governata dalle interazioni tra gli atomi costituenti (a). Identificare i siti di contatto mi consente di razionalizzare l'ampio spettro di conformazioni che emergono dalla simulazione (b); queste configurazioni vengono descritte in maniera quantitativa attraverso il calcolo numerico di appropriate grandezze (c). Adattata da: Tarenzi, Rigoli, Potestio, **Communication pathways bridge local and global conformations in an IgG4 antibody**, Scientific Reports, 2021.

2 Le bacheche sono tra le poche zone disordinate.

3 Mi occupo di fisica biologica computazionale. Studio sistemi che provengono dalla biologia con gli occhi di un fisico ma mediante l'uso di computer e potenti calcolatori senza i quali servirebbero millenni.

Many proteins have flexible regions, whose dynamics are governed by the interactions between the constituent atoms (a). Identifying the contact sites allows me to rationalise the wide spectrum of conformations that emerge from the simulation (b); these configurations are described quantitatively through the numerical calculation of appropriate quantities (c). Adapted from: Tarenzi, Rigoli, Potestio, **Communication pathways bridge local and global conformations in an IgG4 antibody**, Scientific Reports, 2021.

Notice boards are among the few disordered areas.

I work in computational biological physics. I study systems from biology with the eyes of a physicist but through the use of computers and powerful calculators without which it would take millennia.

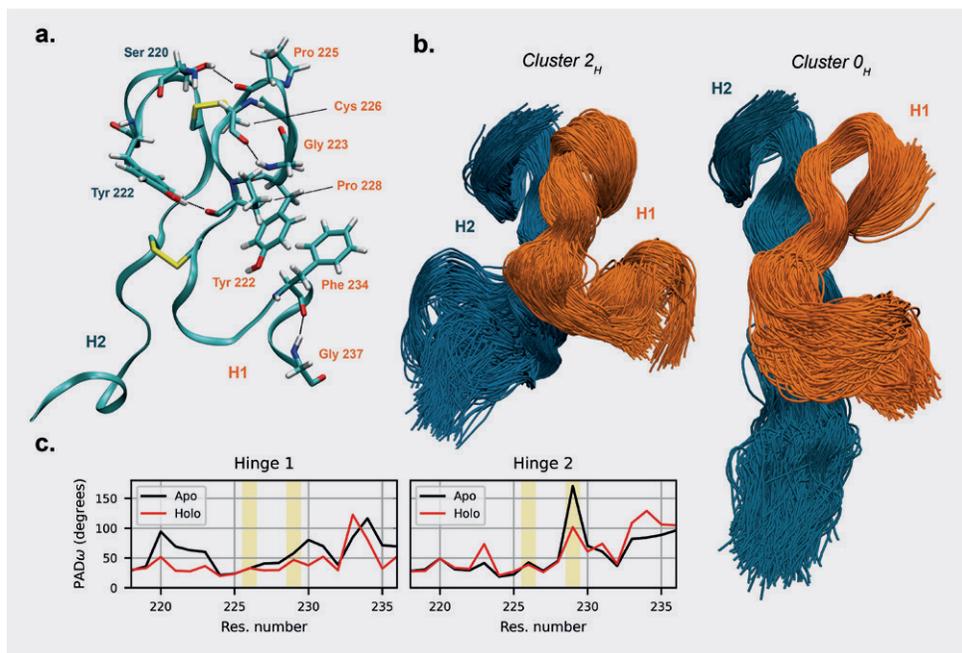
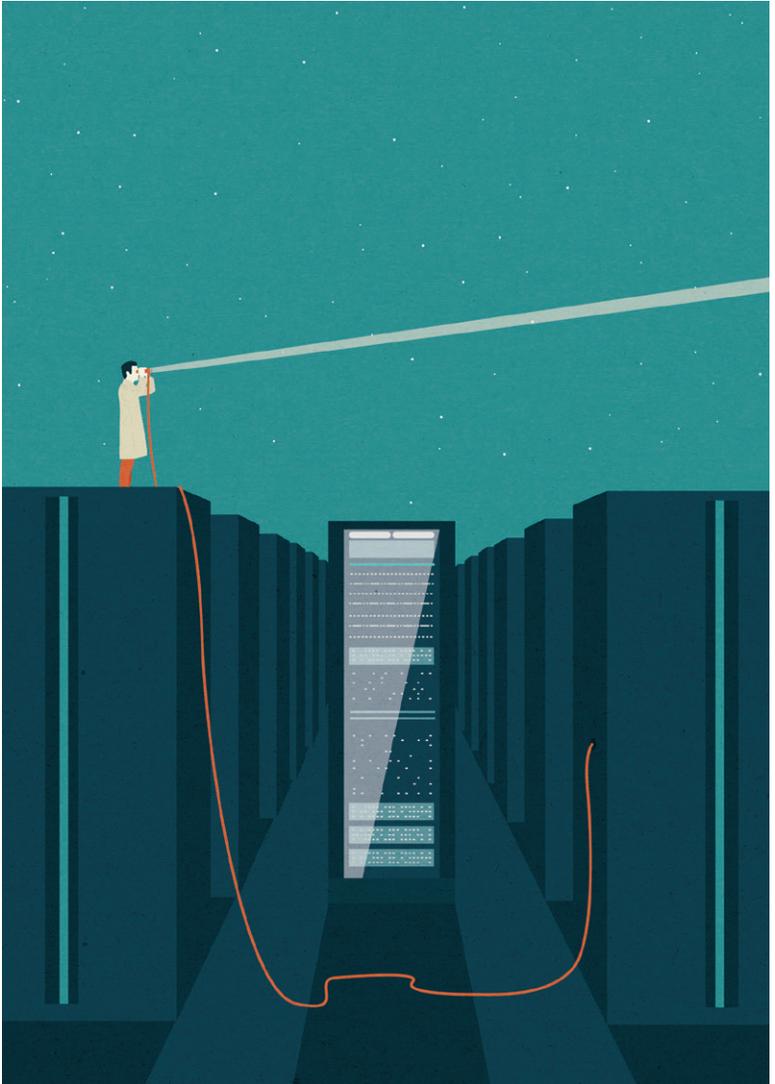


FIG — 06



1 Come ci si può aspettare, non sempre tutte le nostre simulazioni vanno per il verso giusto. Nel caso raffigurato, una scelta errata delle unità di misura ha portato il modello di una proteina a crollare su se stesso, rendendo il suo movimento molto più simile a quello delle particelle che vivono nel mondo della fisica nucleare.

2 L'ufficio di Raffaello.

3 Nel processo butto via la maggioranza degli atomi, cerco di tenere solo quelli che servono davvero. Ciò permette di studiare strutture anche molto grandi e complicate, che sarebbero impossibili da analizzare qualora si considerassero tutti gli atomi.

As one might expect, not all our simulations go right. In the case shown, an incorrect choice of units has led to the model of a protein collapsing on itself, making its movement much more similar to that of particles living in the world of nuclear physics.

Raffaello's office.

In the process I throw away most of the atoms, trying to keep only those that are really needed. This makes it possible to study even very large and complicated structures, which would be impossible to analyse if all the atoms were taken into account.

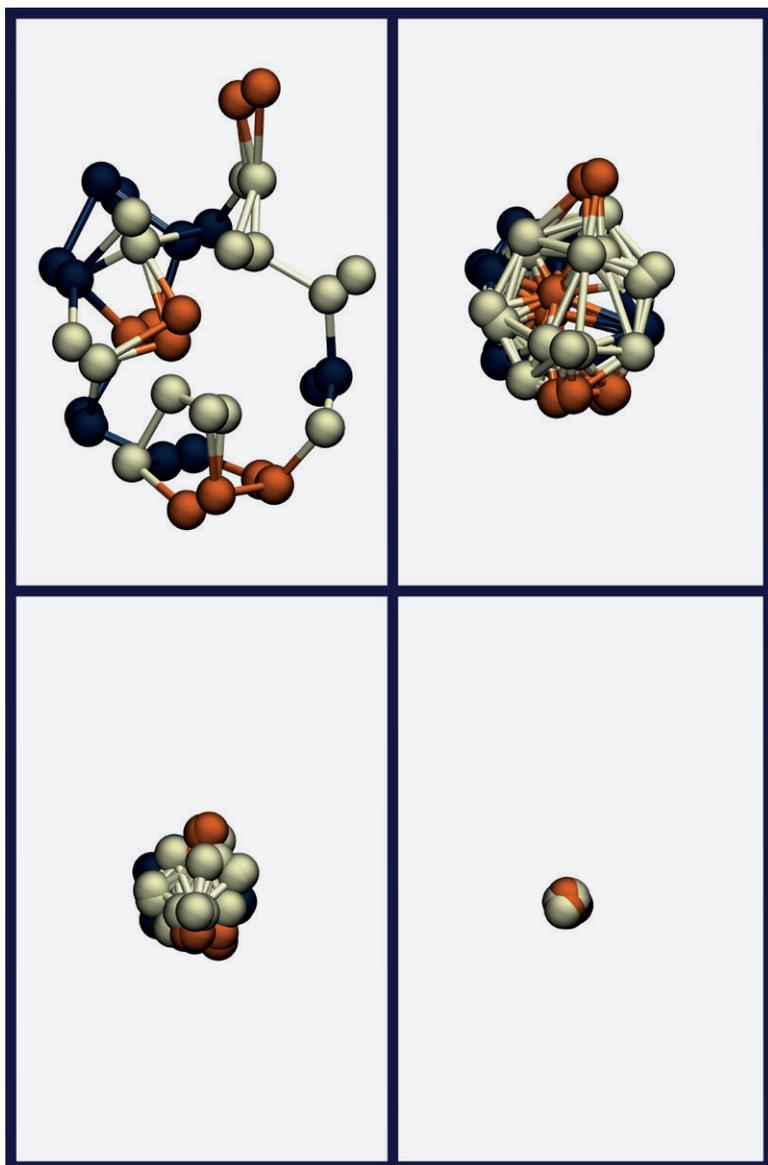
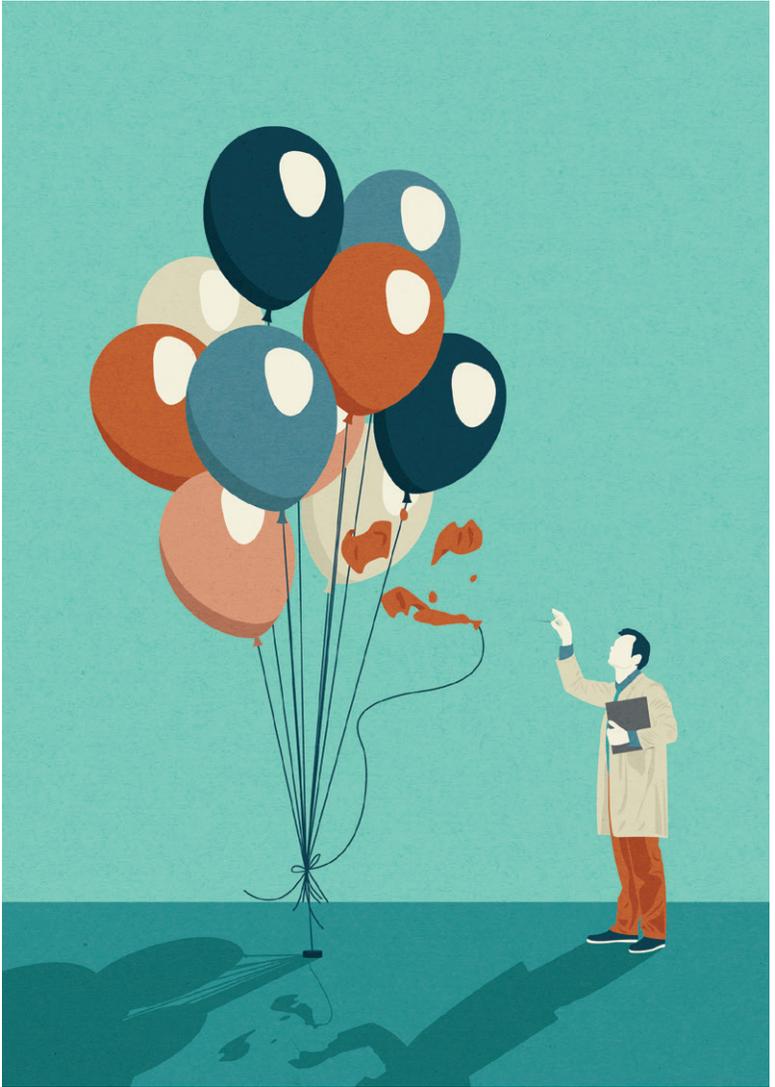


FIG — 07



SELEZIONE — SELECTION

1 Nell'immagine è raffigurata parte di una proteina cui è legato uno ione di zinco. La descrizione utilizzata è quella atomistica: si possono notare in rosso gli atomi di ossigeno, in blu quelli di azoto e in giallo gli atomi di carbonio. Lo zinco è l'atomo posto nel centro dell'immagine, in arancione.

2 Elio lavora a un'equazione.

3 Mi immagino di diventare un essere nanoscopico che si infila in una cellula e va a spiare quello che succede lì dentro.

The picture shows part of a protein to which a zinc ion is bound. The description used is atomistic: the oxygen atoms are shown in red, the nitrogen atoms in blue and the carbon atoms in yellow. Zinc is the atom in the centre of the image, in orange.

Elio works on an equation.

I imagine myself becoming a nanoscopic being that slips into a cell and goes to spy on what's going on in there.

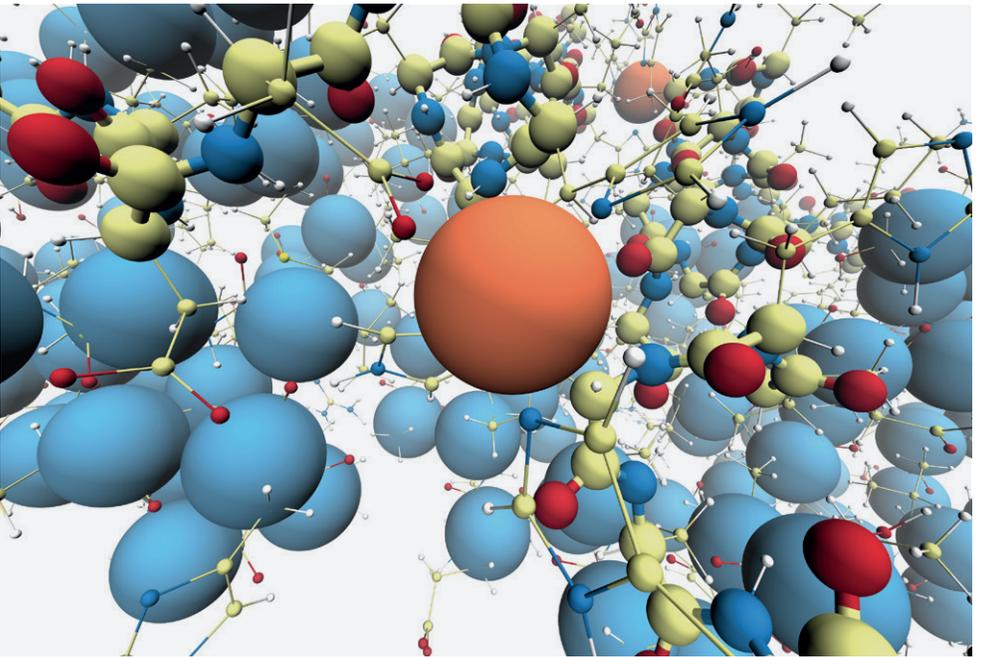


FIG — 08





$$\begin{aligned} \mathbf{A}^{-1} &= \frac{1}{\det(\mathbf{A})} \text{adj}(\mathbf{A}) = \frac{1}{-1} \begin{bmatrix} 2 & 10 \\ 1 & 10 \end{bmatrix} \\ &= -\frac{1}{1} \begin{bmatrix} 2 & 10 \\ 1 & 10 \end{bmatrix} \\ \mathbf{A}^{-1} &= \begin{bmatrix} -2 & -10 \\ -1 & -10 \end{bmatrix} \end{aligned}$$

1 Alcune proteine batteriche esercitano la propria azione tossica legandosi alla membrana che avvolge le nostre cellule; monitorando la distanza tra la proteina e la superficie della membrana nel corso di molte simulazioni, posso vedere come tossine distinte abbiano una diversa tendenza ad ancorarsi alla cellula, risultando in vari livelli di tossicità.

2 All'interno del cluster HPC.

3 Da dentro a volte mi sembra di osservare una matassa che si sbroglia.

Some bacterial proteins exert their toxic action by binding to the membrane that surrounds our cells. By monitoring the distance between the protein and the membrane surface during many simulations, I can see how different toxins have a different tendency to anchor themselves to the cell, resulting in different levels of toxicity.

In the HPC cluster room.

From inside, I sometimes feel like I'm watching a skein unravel.

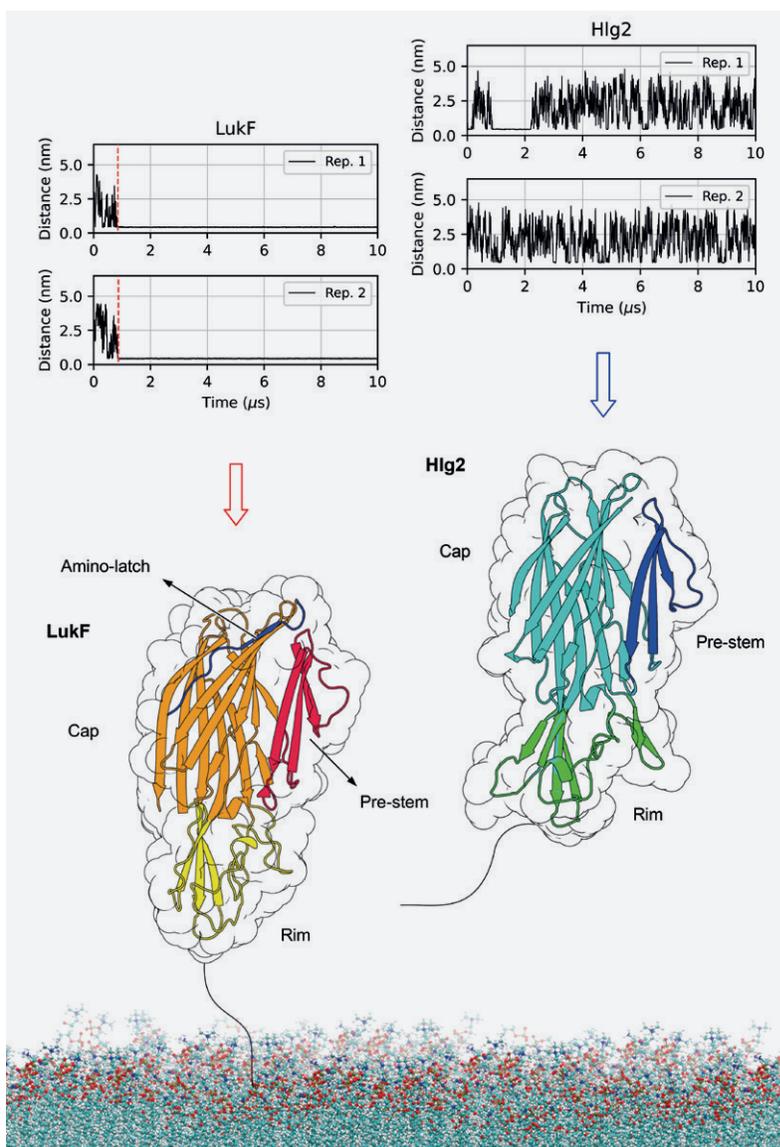


FIG — 09





TESSUTO — FABRIC

1 Questa figura mostra una schematica e intuitiva rappresentazione dell'analisi statistica di una simulazione atomistica. In questo caso, attraverso la gradazione di colore si riesce a colpo d'occhio ad individuare una correlazione alta (in arancione), media (in bianco) e bassa (in blu). I numeri nei quadratini riportano la media della grandezza osservata.

2 Il tavolo da ping pong è spesso occupato.

3 Alcuni giorni mi sembra di fare videogiochi in cui i giocatori sono le molecole che si trovano nelle cellule.

This figure shows a schematic and intuitive representation of the statistical analysis of an atomistic simulation. In this case, it is possible to identify a high correlation (in orange), a medium correlation (in white) and a low correlation (in blue) at a glance by means of colour grading. The numbers in the squares show the average of the observed quantity.

The ping pong table is often busy.

Some days I feel like I'm playing video games where the players are the molecules in the cells.

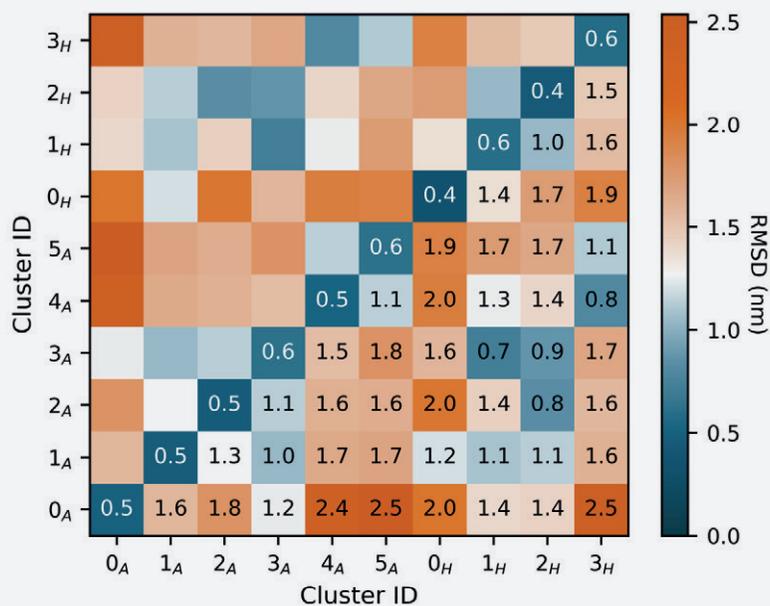


FIG — 10



VIDEOGAME — VIDEOGAME



1 La rappresentazione grafica del nostro lavoro è essenziale e rende la comunicazione fra colleghi dei risultati dei nostri lavori chiara e immediata. In questa figura sono mostrati i valori degli angoli diedri posseduti da una alanina dipeptide. L'impatto visivo appaga il senso estetico, oltre a trasmettere un'informazione utile.

2 La sagoma di Bob.

3 Spesso mi ritrovo a dover disegnare delle mappe di calore, o heat-map. Mi fermo ad osservarle e penso che possano sembrare qualunque cosa, un po' come nuvole in cielo.

Graphical representation of our work is essential and makes communication among colleagues of the results of our work clear and immediate. This figure shows the dihedral angle values possessed by an alanine dipeptide. The visual impact satisfies the aesthetic sense as well as conveying useful information.

Bob's silhouette.

I often find myself having to draw heat maps. I stop and look at them and think that they can look like anything, a bit like clouds in the sky.

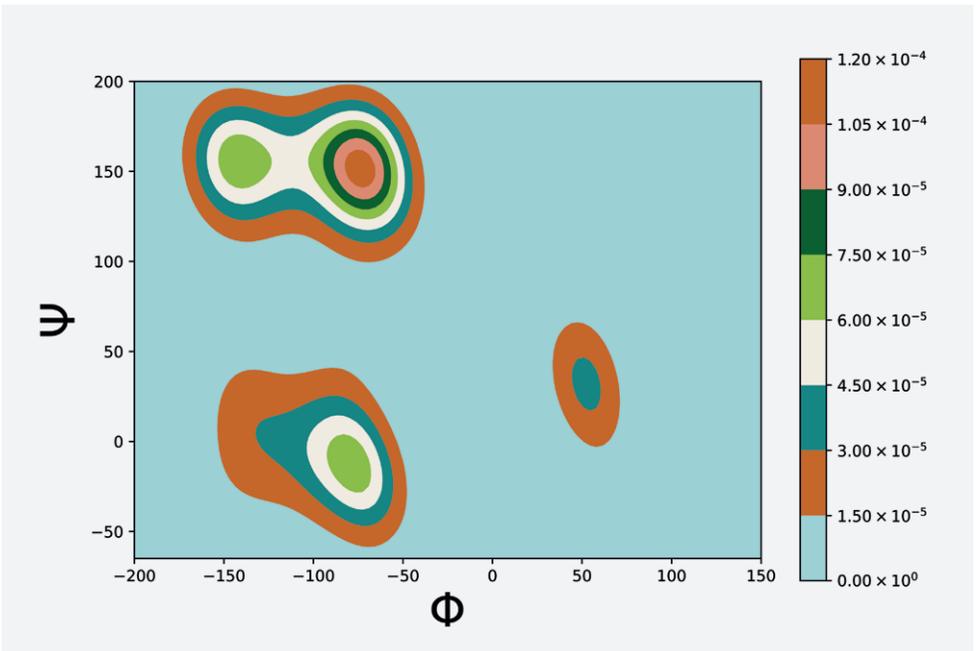


FIG — 11





NUVOLE — CLOUDS

1 La scrittura e la revisione di un articolo scientifico sono attività collettive, durante le quali più persone collaborano simultaneamente alla stesura di un testo che veicola idee, concetti e dati a chi legge.

2 Marco a un pranzo a base di gnocco fritto e tigelle.

3 Mi immagino spesso di poter lavorare all'aperto, in un giardino con molta luce, molte piante, di fronte a una spiaggia sul mare, con una lavagna e divani su cui stare comodi. Un modo per far vagare la mente sull'oceano. Per avere una vista ampia.

Writing and revising a scientific article is a collective activity in which several people collaborate simultaneously to produce a text that conveys ideas, concepts and data to the reader.

Marco having a gnocco and tigelle lunch.

I often imagine myself working outdoors, in a garden with lots of light, lots of plants, facing a beach by the sea, with a blackboard and sofas to be comfortable on. A way to let my mind wander over the ocean. To have a wide view.

* USE JOURNAL TITLERS

computer-aided

From system modelling to system analysis: the impact of resolution level and resolution distribution in the investigation of biomolecules

Marco Giulini,^{1,2} Marta Rigoli,^{1,2} Giovanni Mattiotti,^{1,2} Roberto Menichetti,^{1,2} Thomas Taroni,^{1,2} Raffaele Fiorentini,^{1,2} and Raffaele Potestio^{1,2}

¹Physics Department, University of Trento, via Sommarive, 14 I-38123 Trento, Italy
²INFN-TIFPA, Trento Institute for Fundamental Physics and Applications, I-38123 Trento, Italy

The ever increasing computer power, together with the improved accuracy of atomistic force fields, enables researchers to investigate biological systems at the molecular level with remarkable detail. However, the relevant length and time scales of many processes of interest are still hardly within reach even for state-of-the-art hardware, thus leaving important questions often unanswered. The computer-aided investigation of many biological physics problems thus largely benefits from the usage of coarse-grained models, that is, simplified representations of a molecule at a level of resolution that is lower than atomistic. A plethora of coarse-graining methods ~~has~~ been developed, which differ most notably in their granularity; this latter aspect determines one of the crucial open issues in the field, i.e. the identification of an optimal degree of coarsening, which enables the greatest simplification at the expenses of the smallest information loss. In this review, we present the problem of coarse-grained modelling in biophysics from the viewpoint of system representation and information content. In particular, we restrict our analysis to proteins and discuss two distinct yet complementary aspects of biomolecular modeling: on the one hand, the relationship between the resolution of a model and its capacity of accurately reproducing the properties of interest; on the other hand, the possibility of employing a lower resolution description of a detailed model to extract simple, useful, and intelligible information from the latter.

Maybe Too long?

has

Better "trick"

Too general, not fit

More figure To section 2

I. INTRODUCTION

Among the many revolutions that have spanned the Twentieth Century, the advent and diffusion of the computer is certainly one of the most momentous. Thanks to electronic computing machines, human life today is qualitatively more different from that of the past than it has ever been in any two moments in history before them. The scientific environment is certainly one of the main leaders of this revolution, but it has been largely affected by it as well: in fact, computers have not only changed the way we do science, they also created new way of doing science that were simply unthinkable before. Besides the "obvious" usage of computers in speeding up regular calculations (that is, to carry out the job of Los Alamos' *human computers*¹ in a faster and more human-friendly manner), a novel technique arose that rapidly became pervasive of practically all scientific fields, as well as a field *per se* computer simulation.

Among the synonyms of *simulation* we can find words such as *copy*, *facsimile*, *imitation*, *counterfeit*, and *fake*. Computer simulations are indeed all these things: while aiming at reproducing, as faithfully as possible, the real object of study, its properties, and its dynamics, they necessarily are but the shadow of a dream—the fictitious dance of a projection of the object. And yet, precisely in this intangible nature lies their power.

Simulations constitute a bridge between the experimental investigation of a system and its abstract, the-

Nice!

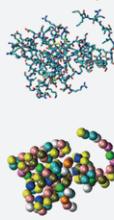


FIG. 1: The process of filtering is akin to wearing a pair of spectacles while enjoying a perfect eyesight. The loss of detail is generally considered a defect, however it does have the advantage of simplicity and parsimony - if it is done properly.

oretical study. While the former relies on direct observation, probing, and quantitative measurement, the latter describes the system or phenomenon of interest in terms of quantities and carries out the investigation making use of mathematical manipulations. The computational approach takes from both: it presupposes a representation of the system in terms of rather idealised fundamental constituents, whose nature is closer to abstract Platonic entities rather than physical, "Aristotelian" ones. Such representation enables the investigation down to a level

¹ <https://www.atomicheritage.org/history/human-computers-los-alamos>

and relations among them



POVOTRE — POVOTRE



BIOGRAFIE — BIOGRAPHIES

RAFFAELLO POTESTIO



Raffaello Potestio è nato a Roma nel 1982. Laureatosi in fisica presso l'università Sapienza, nel 2010 ha conseguito il dottorato in fisica e chimica dei sistemi biologici presso la SISSA di Trieste. Trasferitosi lo stesso anno a Mainz (Germania) per un assegno di ricerca presso il Max Planck Institute for Polymer Research, vi è rimasto in veste di group leader fino al 2017. A gennaio 2018 ha preso servizio presso il dipartimento di fisica dell'Università di Trento.

sbp.physics.unitn.it/raffaello-potestio

Raffaello Potestio was born in Rome in 1982. He graduated in physics at the Sapienza University of Rome, and in 2010 he obtained his PhD in physics and chemistry of biological systems at SISSA in Trieste, Italy. The same year he moved to Mainz, Germany, for a postdoctoral fellowship at the Max Planck Institute for Polymer Research, where he remained as group leader until 2017. In January 2018 he joined the Physics Department of the University of Trento.

ANNA FORMILAN



Anna Formilan è nata a Trento nel 1990. Durante la laurea in Studi Europei e Internazionali vive tra Italia, Germania, Francia e Marocco. Nel 2015 inizia a lavorare come illustratrice e a collaborare con aziende, musei, fondazioni e associazioni, contribuendo alla realizzazione di strategie di comunicazione, merchandising e sviluppo dell'identità visiva. I suoi lavori sono apparsi in una serie di pubblicazioni editoriali e progetti artistici.

annaformilan.com

Anna Formilan was born in Trento in 1990. During her university degree in European and International Studies she lived in Italy, Germany, France and Morocco. In 2015 she started working as an illustrator and collaborating with companies, museums, foundations and associations, contributing to the creation of communication strategies, merchandising, and visual identity development. Her work has appeared in a number of editorial publications and art projects.

ELISA VETTORI



Elisa Vettori nasce in pianura a metà degli anni '80. Si laurea sul mare, in Comunicazione visiva allo IUAV e inizia a lavorare come fotografa dal 2015, dopo essere stata ammessa in un collettivo di fotografia sociale. Si specializza in reportage e documentaristica, viaggia volentieri ma dal 2018 si è fermata sulle Alpi, dove ha aperto una libreria.

Elisa Vettori was born in the plains in the mid-1980s. She graduated on the sea, in Visual Communication at IUAV and started working as a photographer since 2015, after being admitted in a social photography collective. She specialises in reportage and documentary photography, likes to travel but since 2018 has stopped in the Alps, where she has opened a bookshop.

MARTA RIGOLI



Nasce a Roma nel 1990. Nel 2016 consegue la laurea triennale in fisica all'università Sapienza, successivamente si trasferisce a Trento per studiare Biologia computazionale. Attualmente è dottoranda in fisica nel gruppo VARIAMOLS dove si occupa di simulazioni atomistiche di proteine.

Marta Rigoli was born in Rome in 1990. She graduated in physics in 2016 at the Sapienza university and then she moved to Trento to study Quantitative and Computational Biology. Currently she is a PhD student in the VARIAMOLS group, where she focuses on all-atom Molecular Dynamics simulations of proteins.

MARCO GIULINI



Nasce a Verbania nel 1993. Dopo il liceo si trasferisce a Milano dove vive per quattro anni, laureandosi in fisica e lavorando nel settore IT. Nel 2016 si trasferisce a Trento per frequentare la laurea magistrale in biologia computazionale. Dal 2018 è parte del gruppo VARIAMOLS, prima come tesista e successivamente come studente di dottorato. Il suo interesse di ricerca è l'applicazione e lo sviluppo di metodi computazionali per l'analisi e la simulazione di strutture proteiche.

Marco Giulini was born in Verbania in 1993. After high school he moved to Milan, where he lived for four years, during which he obtained his bachelor of science in Physics and worked in an IT company. In 2016 he moved to Trento to pursue a degree in Computational Biology. He's been a member of the VARIAMOLS group since 2018, first as a master student and then as a PhD candidate. His main research interest is the development and application of computational methods for the analysis and simulation of proteins.

GIOVANNI MATTIOTTI



È nato a Desenzano del Garda (Brescia) nel 1996. Nel 2015 si iscrive al corso di laurea triennale in Fisica a Trento, dove poi proseguirà con gli studi magistrali in fisica Teorica e Computazionale. Dal Novembre 2020 è studente di dottorato in Fisica nel gruppo VARIAMOLS, dedicandosi attivamente a vari progetti che prevedono lo studio e l'analisi del comportamento di sistemi biologici complessi, con l'aiuto della fisica e dei computer.

Giovanni Mattiotti was born in Desenzano del Garda (Brescia, Italy) in 1996. In 2015 he enrolled at the University of Trento, for the bachelor's course in Physics. He then also graduated with a master in Theoretical and Computational Physics. Since November 2020 he is a PhD student in Physics, member of the VARIAMOLS group, where he directly participates in various projects, involving the study and analysis of the behaviour of complex biological systems, by taking advantage of Physics and computers.

ROBERTO MENICHETTI



È nato a Roma nel 1988. Si laurea in fisica nel 2012 all'università Sapienza di Roma, e nella stessa università consegue nel 2016 il dottorato in fisica teorica. Da marzo 2016 a dicembre 2018 è assegnista di ricerca al Max Planck Institute for Polymer Research di Mainz, Germania. Torna in Italia nel gennaio 2019 con un assegno di ricerca presso il gruppo VARIAMOLS nel Dipartimento di Fisica dell'Università di Trento, dove da luglio 2021 è ricercatore a tempo determinato.

Roberto Menichetti was born in Rome (Italy) in 1988. He graduated in physics in 2012 at the Sapienza University of Rome, and in the same university he obtained in 2016 his Ph.D. in theoretical physics. From March 2016 until December 2018 he was a postdoctoral researcher at the Max Planck Institute for Polymer Research in Mainz, Germany. He returned to Italy in January 2019 with a postdoctoral fellowship in the VARIAMOLS group, where since July 2021 he is a fixed-term assistant professor.

THOMAS TARENZI



È nato a Cremona nel 1990. Dopo aver conseguito la laurea triennale in chimica presso l'Università di Parma e la laurea magistrale in chimica delle biomolecole presso l'Università di Firenze, dal 2015 al 2019 ha vissuto tra Nicosia (Cipro) e Aquisgrana (Germania), dove ha conseguito il dottorato in fisica in qualità di MSCA fellow. Dal maggio 2019 è assegnista di ricerca presso il gruppo VARIAMOLS.

Thomas Tarenzi was born in Cremona (Italy) in 1990. He obtained his bachelor's degree in Chemistry at the University of Parma, and his master's degree in Biomolecular Chemistry at the University of Florence. From 2015 to 2019 he lived in Nicosia (Cyprus) and Aachen (Germany), where he earned his PhD in Physics as an MSCA fellow. Since May 2019, he has been working as a postdoc in the VARIAMOLS group.

RAFFAELE FIORENTINI



Nasce a Terlizzi (Bari) nel 1990. Nel 2015 consegue la laurea magistrale in fisica presso l'Università di Bari. A maggio 2016 si trasferisce a Mainz, Germania, per un dottorato presso il Max Planck Institute for Polymer Research. La sua ricerca si concentra sulle simulazioni di biomolecole a multipla risoluzione. Nel giugno 2020 consegue il dottorato in fisica. Da settembre 2020 è assegnista di ricerca presso il gruppo di ricerca VARIAMOLS nel dipartimento di Fisica dell'università di Trento.

Raffaele Fiorentini was born in Terlizzi (Italy) in 1990. In 2015 he graduated in Physics at the University of Bari. In May 2016 he moved to Mainz, Germany, as a PhD student at the Max Planck Institute for Polymer Research. His research activity focused on multiple resolution simulations of biomolecular systems. He obtained his PhD in 2020. Since September 2020 he is postdoctoral fellow in the VARIAMOLS research group in the Physics Department of the University of Trento.

— La prima esperienza che facciamo con qualcosa di nuovo avviene attraverso lo sguardo. Questo vale spesso anche per la ricerca scientifica, in cui il dato quantitativo deve essere convertito in immagine per essere compreso. In questa raccolta le molecole biologiche e le persone che le studiano si fanno osservare attraverso illustrazioni, fotografie e immagini, in un dialogo visivo fra la natura, i dati che ci fornisce e l'immagine che ne ricaviamo.

— Our first experience of something happens through vision. This often holds for scientific research as well, where quantitative data have to be rendered in images to be understood. In this collection, biological molecules and those who study them are observed through illustrations, photographs, and images, in a visual dialogue among nature, the data it provides us, and the picture we get from them.

Stampato su carta certificata FSC
Munken Lynx — Arctic Paper 120 — 240 gr
con Pantone 805u

Caratteri tipografici: Ortica,
Apfel Grotzek — Collettivo

Stampa: Publistampa s.n.c.



VIAGGIO FRA LE IMMAGINI DELLA RICERCA,
NELLA RICERCA, E DI CHI FA RICERCA

A JOURNEY THROUGH THE IMAGES OF RESEARCH,
WITHIN RESEARCH, AND OF THOSE WHO
DO RESEARCH