



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 5392

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
Chimica

Responsabile scientifico: Prof.ssa Sara Sattin

[Nome e cognome]

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Olivieri
Nome	Cristina

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Post-doctoral associate	BMBB Department, University of Minnesota, Minneapolis, MN, USA

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Biocatalisi Applicata	Università degli studi della Toscana	2011
Specializzazione			
Dottorato Di Ricerca	Scienze Ambientali	Università degli studi della Toscana	2016

ISCRIZIONE AD ORDINI PROFESSIONALI

LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
Italiano	madrelingua
Inglese	professionale
Francese	base

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO



ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

descrizione dell'attività

Il mio ramo di competenza è principalmente la biologia strutturale, in particolare l'utilizzo della risonanza magnetica nucleare (NMR) e spettroscopia di fluorescenza per lo studio della struttura, cinetica e dinamica di proteine e altre macromolecole biologiche coinvolte in processi oncogenici e in malattie cardiache. Mentre il progetto di ricerca durante il Dottorato era orientato alla caratterizzazione biofisica di peptidi antimicrobici e allo sviluppo di nuovi peptidi dalla potenziata attività battericida; negli ultimi anni la mia ricerca si è focalizzata sulla caratterizzazione biofisica dei meccanismi allosterici che regolano l'attività della proteina chinasi A (PKA). Il fine ultimo della mia ricerca era quello di comprendere i meccanismi allosterici che sono alla base della regolazione enzimatica, sia a livello oloenzimatico che delle singole subunità catalitiche (PKA-C) e regolatorie (R). Questi studi hanno il fine di comprendere (i) come mutanti oncogenici della PKA-C by-passino la regolazione cellulare e generino forme tumorali; (ii) come PKA-C risponde, sia da un punto di vista strutturale che dinamico all'interazione con inibitori; e (iii) quale sia il ruolo dell'entropia conformazionale nella regolazione enzimatica.

ATTIVITÀ PROGETTUALE

Anno	Progetto
2016-2018	Biophysical, biochemical, and structural characterization of protein kinase A inhibitor (PKI) interaction with protein kinase A catalytic subunit (PKA-C)
2017-2022	Mapping allosteric cooperativity in protein kinase A

TITOLARITÀ DI BREVETTI

CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
2015	Conformational landscape of protein kinase A inhibitor from free to the bound form to protein kinase A catalytic subunit	San Diego, CA, USA
2017	Conformational landscape of protein kinase A inhibitor PKI studied by fluorescence and NMR spectroscopy	Chicago, IL, USA
2018	Protein kinase A C-subunit binds the intrinsically disordered PKI via a multi-state pathway	San Diego, CA, USA

PUBBLICAZIONI

Libri
Manu VS, Olivieri C, Veglia G. Triply Compensated RF Pulses in High-Resolution NMR Spectroscopy. eMagRes. 2019 December; 8 (4). doi: https://doi.org/10.1002/9780470034590.emrstm1617 .
Olivieri C, Walker C, Manu VS, Porcelli F, Bernlohr Veglia G. An NMR portrait of functional and



dysfunctional allosteric cooperativity in cAMP-dependent protein kinase A. Royal Society of Chemistry - book chapter (in publication)

Articoli su riviste

Manu VS, **Olivieri C**, Pavuluri K, Veglia G. High fidelity control of spin ensemble dynamics via artificial intelligence: from quantum computing to NMR spectroscopy and imaging. *Proc Natl Acad Sci Nexus* 2022 Aug 05; pgac133. doi: [10.1093/pnasnexus/pgac133](https://doi.org/10.1093/pnasnexus/pgac133)

Manu VS, **Olivieri C**, Pavuluri K, Veglia G. Design and applications of water irradiation devoid RF pulses for ultra-high field biomolecular NMR spectroscopy. *Phys Chem Chem Phys*. 2022 Aug 10;24(31):18477-18481. doi: [10.1039/d2cp01744j](https://doi.org/10.1039/d2cp01744j). PMID: 35895081.

Olivieri C, Li GC, Wang Y, Manu VS, Walker C, Kim J, Camilloni C, De Simone A, Vendruscolo M, Bernlohr DA, Taylor SS, Veglia G. ATP-competitive inhibitors modulate the substrate binding cooperativity of a kinase by altering its conformational entropy. *Sci Adv*. 2022 Jul 29;8(30):eabo0696. doi: [10.1126/sciadv.abo0696](https://doi.org/10.1126/sciadv.abo0696). Epub 2022 Jul 29. PMID: 35905186; PMCID: PMC9337769.

Lee J, **Olivieri C**, Ong C, Masterson LR, Gomes S, Lee BS, Schaefer F, Lorenz K, Veglia G, Rosner MR. Raf Kinase Inhibitory Protein regulates the cAMP-dependent protein kinase signaling pathway through a positive feedback loop. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2022 Jun 21;119(25):e2121867119. doi: [10.1073/pnas.2121867119](https://doi.org/10.1073/pnas.2121867119). Epub 2022 Jun 13. PMID: 35696587.

Walker C, Wang Y, **Olivieri C**, V S M, Gao J, Bernlohr DA, Calebiro D, Taylor SS, Veglia G. Is Disrupted Nucleotide-Substrate Cooperativity a Common Trait for Cushing's Syndrome Driving Mutations of Protein Kinase A?. *J Mol Biol*. 2021 Sep 3;433(18):167123. doi: [10.1016/j.jmb.2021.167123](https://doi.org/10.1016/j.jmb.2021.167123). Epub 2021 Jul 3. PubMed PMID: 34224748; PubMed Central PMCID: PMC8409435.

Olivieri C, Walker C, Karamafrooz A, Wang Y, Manu VS, Porcelli F, Blumenthal DK, Thomas DD, Bernlohr DA, Simon SM, Taylor SS, Veglia G. Author Correction: Defective internal allosteric network imparts dysfunctional ATP/substrate-binding cooperativity in oncogenic chimera of protein kinase A. *Commun Biol*. 2021 Apr 6;4(1):446. doi: [10.1038/s42003-021-02006-3](https://doi.org/10.1038/s42003-021-02006-3).

Shao H, Boulton S, **Olivieri C**, Mohamed H, Akimoto M, Subrahmanian MV, Veglia G, Markley JL, Melacini G, Lee W. CHESPA/CHESCA-SPARKY: automated NMR data analysis plugins for SPARKY to map protein allostery. *Bioinformatics*. 2021 May 23;37(8):1176-1177. doi: [10.1093/bioinformatics/btaa781](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa781). PMID: 32926121; PMCID: PMC8150123

Olivieri C, Wang Y, Li GC, V S M, Kim J, Stultz BR, Neibergall M, Porcelli F, Muretta JM, Thomas DD, Gao J, Blumenthal DK, Taylor SS, Veglia G. Multi-state recognition pathway of the intrinsically disordered protein kinase inhibitor by protein kinase A. *Elife*. 2020 Apr 27;9. doi: [10.7554/eLife.55607](https://doi.org/10.7554/eLife.55607). PubMed PMID: 32338601; PubMed Central PMCID: PMC7234811.

Sternisha SM, Whittington AC, Martinez Fiesco JA, Porter C, McCray MM, Logan T, **Olivieri C**, Veglia G, Steinbach PJ, Miller BG. Nanosecond-Timescale Dynamics and Conformational Heterogeneity in Human GCK Regulation and Disease. *Biophys J*. 2020 Mar 10;118(5):1109-1118. doi: [10.1016/j.bpj.2019.12.036](https://doi.org/10.1016/j.bpj.2019.12.036). Epub 2020 Jan 14. PMID: 32023434; PMCID: PMC7063420.

Borocci S, Della Pelle G, Ceccacci F, **Olivieri C**, Buonocore F, Porcelli F. Structural Analysis and Design of Chionodracine-Derived Peptides Using Circular Dichroism and Molecular Dynamics Simulations. *Int J Mol Sci*. 2020 Feb 19;21(4). doi: [10.3390/ijms21041401](https://doi.org/10.3390/ijms21041401). PubMed PMID: 32092980; PubMed Central PMCID: PMC7073106.

Walker C, Wang Y, **Olivieri C**, Karamafrooz A, Casby J, Bathon K, Calebiro D, Gao J, Bernlohr DA, Taylor SS, Veglia G. Cushing's syndrome driver mutation disrupts protein kinase A allosteric network, altering both regulation and substrate specificity. *Sci Adv*. 2019 Aug;5(8):eaaw9298. doi: [10.1126/sciadv.aaw9298](https://doi.org/10.1126/sciadv.aaw9298). eCollection 2019 Aug. PubMed PMID: 31489371; PubMed Central PMCID: PMC6713507.

Buonocore F, Picchietti S, Porcelli F, Della Pelle G, **Olivieri C**, Poerio E, Bugli F, Menchinelli G, Sanguinetti M, Bresciani A, Gennari N, Taddei AR, Fausto AM, Scapigliati G. Fish-derived antimicrobial peptides: Activity of a chionodracine mutant against bacterial models and human bacterial pathogens. *Dev Comp Immunol*. 2019 Jul;96:9-17. doi: [10.1016/j.dci.2019.02.012](https://doi.org/10.1016/j.dci.2019.02.012). Epub 2019 Feb 18. PubMed PMID:



30790604.
McCaslin TG, Pagba CV, Chi SH, Hwang HJ, Gumbart JC, Perry JW, Olivieri C , Porcelli F, Veglia G, Guo Z, McDaniel M, Barry BA. Structure and Function of Tryptophan-Tyrosine Dyads in Biomimetic B Hairpins. J Phys Chem B. 2019 Apr 4;123(13):2780-2791. doi: 10.1021/acs.jpcc.8b12452. Epub 2019 Mar 19. PubMed PMID: 30888824; PubMed Central PMCID: PMC6463897.
Olivieri C , Bugli F, Menchinelli G, Veglia G, Buonocore F, Scapigliati G, Stocchi V, Ceccacci F, Papi M, Sanguinetti M, Porcelli F. Design and characterization of chionodracine-derived antimicrobial peptides with enhanced activity against drug-resistant human pathogens. RSC advances. 2018 December; 8:41331-41346. doi: 10.1039/C8RA08065H.
Larsen EK, Olivieri C , Walker C, V S M, Gao J, Bernlohr DA, Tonelli M, Markley JL, Veglia G. Probing Protein-Protein Interactions Using Asymmetric Labeling and Carbonyl-Carbon Selective Heteronuclear NMR Spectroscopy. Molecules. 2018 Aug 3;23(8). doi: 10.3390/molecules23081937. Review. PubMed PMID: 30081441; PubMed Central PMCID: PMC6205158.
Olivieri C , Subrahmanian MV, Xia Y, Kim J, Porcelli F, Veglia G. Simultaneous detection of intra- and inter-molecular paramagnetic relaxation enhancements in protein complexes. J Biomol NMR. 2018 Mar;70(3):133-140. doi: 10.1007/s10858-018-0165-6.
Xia Y, Rossi P, Subrahmanian MV, Huang C, Saleh T, Olivieri C , Kalodimos CG, Veglia G. Enhancing the sensitivity of multidimensional NMR experiments by using triply-compensated π pulses. J Biomol NMR. 2017 Dec;69(4):237-243. doi: 10.1007/s10858-017-0153-2. Epub 2017 Nov 21. PubMed PMID: 29164453; PubMed Central PMCID: PMC5738291.
Olivieri C , Buonocore F, Picchietti S, Taddei AR, Bernini C, Scapigliati G, Dicke AA, Vostrikov VV, Veglia G, Porcelli F. Structure and membrane interactions of chionodracine, a piscidin-like antimicrobial peptide from the icefish Chionodraco hamatus. Biochim Biophys Acta. 2015 Jun;1848(6):1285-93. doi: 10.1016/j.bbame.2015.02.030. Epub 2015 Mar 6. PubMed PMID: 25749154.
Porcelli F, Olivieri C , Masterson LR, Wang Y, Veglia G. Templating α -amylase peptide inhibitors with organotin compounds. J Biol Inorg Chem. 2011 Dec;16(8):1197-204. doi: 10.1007/s00775-011-0808-5. Epub 2011 Jul 7. PubMed PMID: 21735272.

Atti di convegni
"Conformational landscape of protein kinase A inhibitor from free to the bound form to protein kinase A catalytic subunit". American society for biochemistry and molecular biology (ASBMB) special symposia: Kinases and pseudo-kinases: spine, scaffolds and molecular switches, San Diego, USA, Dicembre 2015. (poster)
"Conformational landscaper of protein kinase A inhibitor PKI studied by fluorescence and NMR spectroscopy", Experimental Biology (EB) conference, Chicago, USA, Aprile 2017. (poster)
"Protein kinase A C-subunit binds the intrinsically disordered PKI via a multi-state pathway", ASBMB special symposia: the many faces of kinases and pseudokinases, San Diego, USA, Dicembre 2018. (poster e talk)

ALTRE INFORMAZIONI

ORCID: https://orcid.org/0000-0001-6957-6743
Scopus: https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=54796775000

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.



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

RICORDIAMO che i curricula **SARANNO RESI PUBBLICI** sul sito di Ateneo e pertanto si prega di non inserire dati sensibili e personali. Il presente modello è già precostruito per soddisfare la necessità di pubblicazione senza dati sensibili.

Si prega pertanto di **NON FIRMARE** il presente modello.

Luogo e data: Minneapolis, 01/09/2022