

ALLEGATO A

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Procedura di valutazione per la chiamata a professore di II fascia da ricoprire ai sensi dell'art. 24, comma 6, della Legge n. 240/2010 per il settore concorsuale 05/I2 - MICROBIOLOGIA , (settore scientifico-disciplinare BIO/19 - Microbiologia Generale) presso il Dipartimento di Bioscienze, Codice concorso 3694

Federica Briani **CURRICULUM VITAE**

INFORMAZIONI PERSONALI

COGNOME	BRIANI
NOME	FEDERICA
DATA DI NASCITA	07/10/1968

Posizione attuale

Ricercatrice confermata (RU) BIO/18 presso il Dipartimento di Bioscienze, Università degli Studi di Milano (UNIMI)

Titolare dell'Abilitazione Scientifica Nazionale (2016) alla seconda fascia nei settori concorsuali:

- 05/I2 - MICROBIOLOGIA
- 05/I1 - GENETICA

Studi e formazione

1996 Dottorato di Ricerca in Genetica, UNIMI. Titolo della tesi: "Terminazione della trascrizione e maturazione di un RNA antisense nel sistema di immunità del batteriofago P4"

1992 Laurea in Scienze Biologiche, UNIMI, 110/110 e lode. Tesi sperimentale: "Analisi *in vitro* dell'immunità del batteriofago P4: terminazione della trascrizione indotta da RNA antisense"

1987 Maturità classica liceo G. Parini- Milano

Borse di studio

1996-1997 Borsa Telethon post-Dottorato, Telethon Institute of Genetics and Medicine, Milano

1997-1999 Borsa post-Dottorato UNIMI

1999 Contributo del Consiglio Nazionale delle Ricerche per soggiorno della durata di 60 giorni presso l'Institut de Biologie Physico-Chimique, Parigi

1999-2002 Assegno di collaborazione alla ricerca, UNIMI

Partecipazione a scuole e commissioni di Dottorato

2013- in corso	Membro del Collegio dei docenti del Dottorato in Biologia Molecolare e Cellulare
2014	Membro del comitato di valutazione per l'esame finale del Dottorato di Ricerca in Biotecnologie Industriali-XXVIII ciclo- Università di Milano-Bicocca
2016	Membro esterno di PhD Thesis Committee all'Università di Vienna, Doctoral Programme in RNA Biology (2016)
2016	Membro della Commissione per l'ammissione al Dottorato in Biologia Molecolare e Cellulare, XXXII ciclo

Incarichi organizzativi ed istituzionali

Membro della commissione per la procedura di valutazione comparativa per la copertura di n. 1 posto di ricercatore universitario per il settore scientifico disciplinare BIO/18 - Università degli Studi di Milano-Bicocca - indetta con d.r. n 7568 del 26 febbraio 2008.

Incarichi attualmente in corso:

Membro della Commissione Paritetica Dipartimentale del Dip. di Bioscienze (UNIMI)

Membro della Giunta del Dottorato in Biologia Molecolare e Cellulare (UNIMI)

Membro della Giunta del Dipartimento di Bioscienze (UNIMI)

Membro del Collegio Didattico del corso di laurea in Molecular biotechnology and Bioinformatics (UNIMI)

Membro del Collegio Didattico del corso di laurea in Scienze Biologiche (UNIMI)

Membro del Comitato Direttivo della Società Italiana di Microbiologia Generale e Biotecnologie Microbiche (SIMGBM)

Iscrizione a Società scientifiche

Membro della Associazione Genetica Italiana (AGI)

Membro della Società Italiana di Microbiologia Generale e Biotecnologie Microbiche (SIMGBM)

Membro dell'American Society of Microbiology (ASM)

Attività di peer-reviewing

Ad hoc reviewer per Molecular Microbiology, Nucleic Acids Research, PlosOne, Critical Reviews in Microbiology, Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, Biochimie, Journal of Biomolecular Screening, Microbial Cell Factories, Microbiology.

Organizzazione di convegni di carattere scientifico

31 Meeting SIMGBM- Microbiology 2015-Ravenna, Settembre 2015

Membro del Comitato scientifico; coordinatrice della sessione plenaria "RNA-mediated regulation in bacterial cells"

32th Meeting SIMGBM-Microbiology 2017-Palermo, Settembre 2017

Membro del Comitato scientifico; coordinatrice della sessione plenaria "Gene regulation in viruses and pathogenic bacteria"

Comunicazioni orali e poster presentati a congressi nazionali ed internazionali

Periodo: 2012-2017

Comunicazioni orali

Thomas Carzaniga, Davide Antoniani, Gianni Dehò, Paolo Landini and Federica Briani. Polynucleotide phosphorylase negatively controls biofilm formation by repressing poly-N-acetylglucosamine (PNAG) production in *Escherichia coli* C. 2012, FEBS RNA 2012, Tavira

Barbara Sciandrone, Matteo Raneri, Francesco Delvillani, Gianni Dehò and Federica Briani. Exploring pyrazinamide derivatives as novel *Pseudomonas aeruginosa* inhibitors: unexploited antibacterial molecules for a new antibiotics target. XI ITALIAN CONVENTION OF INVESTIGATOR IN CYSTIC FIBROSIS, 2013, Verona

Matteo Raneri, Barbara Sciandrone and Federica Briani. Exploring pyrazinamide derivatives as novel *Pseudomonas aeruginosa* inhibitors: unexploited antibacterial molecules for a new antibiotics target. XII CONVENTION D'AUTUNNO DEI RICERCATORI IN FIBROSI CISTICA, 2014, Garda

Barbara Sciandrone, Chiara Portugalli, Andrea Rota, Sara Perego and Federica Briani. Temperature-dependent regulation of the *lpxT* gene in *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa*. XIV FISV Congress, 2016, Roma

Federica Briani, Barbara Sciandrone, Sara Perego, Chiara Portugalli. Temperature-responsive regulation of the *Escherichia coli* *lpxT* gene. 32th SIMGBM Meeting Microbiology 2017, Palermo

Poster

Francesco Delvillani, Christian Berens, Clelia Peano, Luca Petiti, Silvia Ferrara, Gianni Dehò, Giovanni Bertoni, Federica Briani. A genetic approach to thermosensors identification in *Pseudomonas aeruginosa*. 2012, Mol Micro Meeting, Wurzburg

Silvia Ferrara, Margherita Brugnoli, Angela De Bonis, Francesco Righetti, Francesco Delvillani, Sara Carloni, Gianni Dehò, David Horner, Federica Briani and Giovanni Bertoni. Comparative Profiling of *Pseudomonas aeruginosa* Strains Reveals Differential Expression of Novel Unique and Conserved Small RNAs. 2012, Mol Micro Meeting, Wurzburg

Silvia Ferrara, Margherita Brugnoli, Angela De Bonis, Francesco Righetti, Francesco Delvillani, Sara Carloni, Gianni Dehò, David Horner, Federica Briani, Giovanni Bertoni. Evaluation of the

- infection-relevant role of small RNA-based regulatory systems in the opportunistic pathogen *Pseudomonas aeruginosa*. 2012, FEBS RNA 2012, Tavira
- Francesco Delvillani, Christian Berens, Clelia Peano, Luca Petiti, Silvia Ferrara, Gianni Dehò, Giovanni Bertoni, Federica Briani. A genetic approach to thermosensors identification in *Pseudomonas aeruginosa*. 2012, FEBS RNA 2012, Tavira
- S. Carloni, F. Delvillani, J. Georg, W.R. Hess, F. Briani, G. Bertoni, S. Ferrara. Evaluation of the infection-relevant role of small RNA-based regulatory systems in the opportunistic pathogen *Pseudomonas aeruginosa*, 12th FISV meeting, Rome 2012
- Barbara Sciandrone, Andrea Rota and Federica Briani. Temperature-dependent regulation of the *lpxT* gene in *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa*. 31th SIMGBM Meeting, 2015, Ravenna
- Francesca Forti, Federica Briani, David Horner and Daniela Ghisotti. Phage Therapy against *Pseudomonas aeruginosa* Infections in Cystic Fibrosis Patients. XIV CONVENTION D'AUTUNNO DEI RICERCATORI IN FIBROSI CISTICA, 2016, Garda
- Daniela Ghisotti, Francesca Forti, Federica Briani. Phage therapy against *Pseudomonas aeruginosa* infections in cystic fibrosis patients. Phage Therapy World Congress 2016, Paris
- Barbara Sciandrone, Andrea Rota, Chiara Portugalli, Federica Briani. Temperature-dependent regulation of the *lpxT* gene in *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa*. Meeting RNA: Structure, Dynamics, and Function 2016, Trieste
- Barbara Sciandrone, Sara Perego, Chiara Portugalli and Federica Briani. Temperature-responsive regulation of the *lpxT* gene in *Escherichia coli*. EMBO/EMBL Symposium: New Approaches and Concepts in Microbiology. 2017, EMBL Heidelberg, Germany
- Matteo Raneri, Chiara Dalmasio, Palma Ferrante, Dario De Vita and Federica Briani. Role of the glucose uptake pathway in *Pseudomonas aeruginosa* virulence. 32th SIMGBM Meeting Microbiology 2017, Palermo

Attività scientifica

Il mio principale interesse di ricerca è lo studio della regolazione post-trascrizionale dell'espressione genica in batteri Gram-negativi. I sistemi di modello che ho usato nella mia ricerca sono *Escherichia coli* e il suo batteriofago P4 e, più recentemente, *Pseudomonas aeruginosa*. Ho iniziato la mia attività di ricerca come membro del gruppo del prof. G. Dehò presso l'Università degli Studi di Milano, lavorando principalmente su due linee: regolazione dello stato lisogenico del fago P4 e attività e regolazione della polinucleotide fosforilasi (PNPasi) di *Escherichia coli*. Negli ultimi anni ho coordinato alcuni aspetti della ricerca sulla PNPasi, in particolare per quanto riguarda la regolazione post-trascrizionale della sua espressione e il suo coinvolgimento nella formazione di biofilm. Inoltre ho sviluppato nuove linee di ricerca sulla proteina ribosomale S1 di *E. coli* e sul controllo della traduzione in *E. coli* e *P. aeruginosa*.

REGOLAZIONE DELLO STATO LISOGENICO DEL FAGO P4

Come studente di dottorato e post-doc nel laboratorio del Prof. G. Dehò, ho studiato la regolazione dello stato lisogenico del batteriofago P4 di *E. coli*. Il meccanismo di immunità alla superinfezione del profago P4 ha alcuni aspetti che lo rendono molto peculiare. Infatti, l'immunità di P4 non viene esercitata attraverso la repressione dell'inizio di trascrizione di geni litici, ma mediante terminazione prematura della trascrizione dell'operone contenente questi geni. Inoltre, il fattore di immunità non è una proteina, ma un piccolo RNA con funzione regolativa (RNA CI), prodotto da maturazione di un RNA più lungo da parte di RNasi P e polinucleotide fosforilasi (PNPasi). Il mio lavoro inizialmente si è concentrato sullo studio della terminazione della trascrizione del profago con approcci *in vivo* e *in vitro* e ha portato all'identificazione di tre terminatori la cui attività è regolata dall'RNA CI e da elementi della regione leader non tradotta dell'operone litico (Briani *et al.*, 2000; Briani *et al.*, 1996); inoltre ho identificato sia gli elementi strutturali richiesti in *cis* per la produzione di CI, sia fattori dell'ospite *E. coli* (RNasi E e poliadenilpolimerasi I) che, insieme alla PNPasi, sono coinvolti in questo processo (Briani *et al.*, 2002; Forti *et al.*, 2002; Piazza *et al.*, 1996). Parte del lavoro su questo argomento è stato effettuato durante il mio soggiorno nel laboratorio del Prof. P. Régnier presso l'Institut de Biologie Physico-Chimique di Parigi. In particolare, durante quel soggiorno, il mio lavoro si è concentrato sul ruolo della poliadenilazione nella maturazione dell'RNA CI e sulla modulazione della poliadenilpolimerasi I da parte della proteina RNA chaperone Hfq. I risultati sono presentati in due pubblicazioni prodotte in collaborazione con il gruppo del Prof. Régnier (Briani *et al.*, 2002; Le Derout *et al.*, 2003).

PNPASI DI *E. coli*

Lo studio della PNPasi, inizialmente focalizzato sul ruolo che questa proteina gioca nella maturazione dell'RNA CI, si è poi allargato all'analisi che la PNPasi svolge nella regolazione post-trascrizionale dell'espressione genica in *E. coli*. La PNPasi, che è essenziale in *E. coli* per la crescita al freddo, catalizza la degradazione fosforolitica dell'RNA in direzione 3'-5'. L'enzima è costituito da tre subunità identiche codificate dal gene *pnp* e interagisce con altre proteine (RNasi E, RhlB ed enolasi) formando un complesso ad alto peso molecolare, l'RNA degradosome (degradosoma). Il ruolo fisiologico di questa interessante proteina è stato analizzato da diversi punti di vista, come descritto di seguito.

1. PNPasi e adattamento a freddo

Questa ricerca (coordinata dal Prof. G. Dehò) ha mostrato che durante l'adattamento al freddo, la regolazione autogena del gene *pnp* viene temporaneamente soppressa e che la PNPasi è coinvolta nella terminazione della trascrizione ad un sito Rho-dipendente interno a *pnp* (Marchi et al., 2007; Zangrossi et al., 2000). Questo ci ha portato a studiare il meccanismo di autoregolazione del gene *pnp* (Carzaniga et al., 2009) e il ruolo di *pnp* nell'adattamento alla bassa temperatura. A questo scopo, abbiamo analizzato il trascrittoma di ceppi *pnp*⁺ e di mutanti di *pnp* durante l'acclimatazione al freddo. I risultati di questa analisi, condotta in collaborazione con la Prof.ssa A. Polissi, sono riportati in Polissi et al., 2003 (Polissi et al., 2003). Inoltre, in collaborazione con i gruppi del Prof. P. Tortora (Università di Milano-Bicocca) e del Dr. P. Mauri (CNR-ITB), abbiamo sviluppato una procedura per l'analisi della composizione del degradosoma mediante spettrometria di massa che ci ha consentito di analizzare il degradosoma in diversi mutanti *pnp* e in cellule adattate a basse temperature (Regonesi et al., 2004).

2. Relazione struttura-funzione della PNPasi e regolazione del gene *pnp*

Al fine di identificare i domini coinvolti nelle varie attività della PNPasi, ho coordinato un progetto mirato alla mutagenesi sistematica del gene *pnp* e alla caratterizzazione funzionale dei mutanti ottenuti. In collaborazione con il gruppo del Prof. P. Tortora (Università di Milano-Bicocca), abbiamo caratterizzato i mutanti relativamente al livello di espressione della proteina, all'attività enzimatica, allo stato di aggregazione, alla capacità di legare l'RNA e al profilo trascrizionale a diverse temperature. I risultati di questa ricerca hanno dimostrato che sia l'attività di legame all'RNA che l'attività fosforolitica dell'enzima sono necessarie per la crescita al freddo e hanno implicato nell'attività catalitica della PNPasi il dominio "tutto alfa-eliche", la cui funzione era sconosciuta (Briani et al., 2007). Un mutante puntiforme, *pnp*-G454D, è stato analizzato più finemente. La PNPasi è stata purificata da questo ceppo e le attività di legame all'RNA e fosforolitica e lo stato di aggregazione sono stati testati, come descritto in Regonesi & Briani et al., 2004. In particolare, il mio contributo in questo lavoro ha dimostrato che altre regioni di PNPasi, oltre ai due domini "RNA-binding" S1 e KH, localizzati al C-terminale, contribuiscono al legame all'RNA.

La PNPasi regola la propria espressione a livello post-trascrizionale. Abbiamo fornito evidenze a favore di un nuovo pathway per la regolazione autogena della PNPasi, in cui la PNPasi funge da repressore traduzionale del proprio trascritto (Carzaniga et al., 2015). I nostri dati hanno contribuito alla comprensione del meccanismo di regolazione dell'mRNA di *pnp*, un processo che è considerato un esempio paradigmatico della regolazione post-trascrizionale a livello di stabilità dell'mRNA (Briani et al., 2016).

3. Formazione di biofilm e PNPasi

Abbiamo osservato che la formazione di biofilm è notevolmente stimolata nei mutanti che non esprimono la PNPasi. Lo studio di questo fenomeno, che ho coordinato in collaborazione con il Prof. P. Landini (UNIMI), ha dimostrato che la PNPasi regola negativamente la produzione di poli-N-acetil glucosamina (PNAG), un esopolisaccaride che rappresenta un importante fattore di adesione in *E. coli* e altri batteri. Abbiamo chiarito che la PNPasi regola a livello post-trascrizionale l'espressione dell'operone *pgaABCD*, che comprende i geni per la biosintesi del PNAG (Carzaniga et al., 2012).

4. Altre linee di ricerca relative ad altri aspetti della PNPasi

Abbiamo dimostrato che la PNPasi lega l'ATP e tale legame regola negativamente l'attività catalitica dell'enzima *in vitro*, suggerendo che l'attività della PNPasi possa essere modulata in risposta allo stato fisiologico della cellula e in particolare alla carica energetica (Del Favero *et al.*, 2008; Carzaniga *et al.*, 2014).

Un'altra attività inaspettata della PNPasi che abbiamo studiato è la sua implicazione in eventi di ricombinazione omologa e di riparazione dei danni al DNA, e in particolare delle rotture a doppio filamento, come suggerito dai dati ottenuti dal nostro collaboratore Dr. J. Alonso (Madrid, Centro Nacional de Biotecnologie) su *Bacillus subtilis* e dai nostri dati su *E. coli* (Cardenas *et al.*, 2011; Carzaniga *et al.*, 2017).

PROTEINA RIBOSOMALE S1 DI *Escherichia coli*

Una linea di ricerca che ho sviluppato e coordinato ha dimostrato che la sovraespressione della proteina ribosomale S1 (una proteina ribosomale atipica debolmente associata alla subunità 30S del ribosoma) provoca l'inibizione della traduzione e una notevole stabilizzazione dell'mRNA *pnp* (Briani *et al.*, 2008). In studi successivi ho dimostrato che questo fenomeno non è limitato all'mRNA *pnp*, poiché anche mRNA differenti vengano stabilizzati grazie all'inibizione delle vie degradative RNasi E-dipendenti. Questo fenomeno può rappresentare una strategia regolativa per modulare l'espressione genica in risposta a fluttuazioni fisiologiche dell'efficienza di traduzione dell'mRNA (Delvillani *et al.*, 2011).

Ho applicato i miei studi teorici sulla proteina S1 allo sviluppo di un saggio finalizzato all'identificazione di nuovi antibiotici che inibiscono l'inizio della traduzione (Raneri *et al.*, 2015; Briani, 2016). Questo mi ha permesso di partecipare al Fast Track Discovery Challenge di GlaxoSmithKline, un programma destinato a selezionare concetti innovativi per lo sviluppo di nuovi farmaci. La mia proposta è stata selezionata tra le vincitrici del concorso (<https://openinnovation.gsk.com/previous-winners-2014.html>) e ho avuto la possibilità di coordinare un progetto con il Dr. S. Huet (GSK) per l'applicazione del mio saggio all'analisi High-throughput della libreria di composti chimici di GSK. Più di 1,8 milioni di composti sono stati sottoposti a screening nel laboratorio GSK di Tres-Cantos (Spagna). Purtroppo nessun composto ha soddisfatto i criteri di potenza, selettività e mancanza di citotossicità richiesti da GSK.

ANALISI DI SISTEMI DI REGOLAZIONE RNA-DIPENDENTI NEL PATOGENO OPPORTUNISTA *Pseudomonas aeruginosa*

Un progetto di ricerca che ho recentemente avviato è l'analisi di sistemi controllati da RNA non codificanti come piccoli RNA (sRNA) e termometri a RNA (RNAT) in *P. aeruginosa*. Questo potrebbe aprire la strada all'identificazione di nuove funzioni coinvolte nella virulenza, dal momento che è stato dimostrato che entrambe le classi di regolatori svolgono un ruolo chiave in diversi batteri in processi legati alla patogenesi.

sRNA. In collaborazione con il gruppo del Prof. G. Berton (UNIMI), abbiamo individuato circa 150 nuovi sRNA di *P. aeruginosa* mediante sRNA-Seq e validato l'espressione di 55 di questi mediante Northern blotting, aumentando sostanzialmente il numero di sRNA identificati in *P. aeruginosa* (Ferrara *et al.*, 2012). Abbiamo anche analizzato l'espressione di alcuni nuovi sRNA in risposta a diversi stimoli (cambiamento di temperatura, aerobica, crescita anaerobica, fase di crescita, mezzo di coltura).

Termometri a RNA. Ho progettato e sviluppato un sistema genetico, il Tet-Trap, applicabile all'identificazione di mRNA regolati a livello post-trascrizionale da diverse classi di regolatori, sia “*trans-acting*”, come sRNA e proteine che legano l'RNA, che “*cis-acting*”, come RNAT. Questi ultimi sono costituiti da strutture secondarie termolabili che coinvolgono la regione d'inizio della traduzione di alcuni mRNA e che tipicamente, in batteri mesofili, inibiscono il legame dei ribosomi a tali mRNA a temperature sotto i 28/30°C. L'applicazione del Tet-Trap ha permesso l'identificazione di quattro geni di *P. aeruginosa* regolati a livello post-trascrizionale da putativi RNAT. Due di essi, che controllano l'espressione dei geni *lpxT* e *ptxS*, sono stati caratterizzati (Delvillani *et al.*, 2014).

Le linee di ricerca attualmente in corso nel mio laboratorio derivano dai risultati sopra riportati sugli RNAT dei geni *lpxT* e *ptxS* di *P. aeruginosa*. Abbiamo osservato che un RNAT regola anche l'espressione del gene ortologo *lpxT* di *E. coli* e abbiamo chiarito il complesso meccanismo molecolare attraverso il quale tale RNAT modula l'espressione della proteina LpxT (Sciandrone *et al.*, manoscritto in preparazione).

D'altro canto, per quanto riguarda *ptxS*, poiché la proteina PtxS è il repressore non solo di operoni che codificano enzimi per il catabolismo del glucosio, ma anche dell'esotossina A, stiamo ora esplorando il legame tra risposta al glucosio e la modulazione di fattori di virulenza in *P. aeruginosa* (Raneri *et al.*, manoscritto in preparazione).

Riferimenti bibliografici

Le pubblicazioni allegate per esteso alla domanda sono indicate.

Briani, F., Carzaniga, T., and Dehò, G. (2016). Regulation and functions of bacterial PNPase. *Wiley interdisciplinary reviews. RNA* **7**, 241-258. **Pubblicazione 2**

Briani, F. (2016). Cell-Based Fluorescent Screen to Identify Inhibitors of Bacterial Translation Initiation. Peter Sass (Ed.) Antibiotics. Series: Methods in Molecular Biology 1520: 237-245, Springer New York. Series ISSN: 1064-3745; ISBN: 978-1-4939-6634-9, doi: 10.1007/978-1-4939-6634-9_14

Briani, F., Curti, S., Rossi, F., Carzaniga, T., Mauri, P., and Dehò, G. (2008). Polynucleotide phosphorylase hinders mRNA degradation upon ribosomal protein S1 overexpression in *Escherichia coli*. *RNA* **14**, 2417-2429. **Pubblicazione 10**

Briani, F., Del Favero, M., Capizzuto, R., Consonni, C., Zangrossi, S., Greco, C., De Gioia, L., Tortora, P., and Dehò, G. (2007). Genetic analysis of polynucleotide phosphorylase structure and functions. *Biochimie* **89**, 145-157. **Pubblicazione 12**

Briani, F., Del Vecchio, E., Migliorini, D., Hajnsdorf, E., Régnier, P., Ghisotti, D., and Dehò, G. (2002). RNase E and polyadenyl polymerase I are involved in maturation of CI RNA, the P4 phage immunity factor. *Journal of molecular biology* **318**, 321-331. **Pubblicazione 15**

Briani, F., Ghisotti, D., and Dehò, G. (2000). Antisense RNA-dependent transcription termination sites that modulate lysogenic development of satellite phage P4. *Mol Microbiol* **36**, 1124-1134.

Briani, F., Zangrossi, S., Ghisotti, D., and Dehò, G. (1996). A Rho-dependent transcription termination site regulated by bacteriophage P4 RNA immunity factor. *Virology* **223**, 57-67.

- Cardenas, P.P., Carzaniga, T., Zangrossi, S., Briani, F., Garcia-Tirado, E., Dehò, G., and Alonso, J.C. (2011). Polynucleotide phosphorylase exonuclease and polymerase activities on single-stranded DNA ends are modulated by RecN, SsbA and RecA proteins. *Nucl Acids Res* **39**, 9250-9261.
- Carzaniga, T., Sbarufatti, G., Briani, F., Dehò, G. (2017). Polynucleotide phosphorylase is implicated in homologous recombination and DNA repair in *Escherichia coli*. *BMC microbiology*, **17**: 81. **Pubblicazione 1**
- Carzaniga, T., Mazzantini, E., Nardini, M., Regonesi, ME., Greco, C., Briani, F., De Gioia, L., Dehò, G., Tortora, P. (2014). A conserved loop in polynucleotide phosphorylase (PNPase) essential for both RNA and ADP/phosphate binding. *Biochimie*. **97**:49-59.
- Carzaniga, T., Dehò, G., and Briani, F. (2015). RNase III-Independent Autogenous Regulation of *Escherichia coli* Polynucleotide Phosphorylase via Translational Repression. *J Bacteriol* **197**, 1931-1938. **Pubblicazione 3**
- Carzaniga, T., Antoniani, D., Dehò, G., Briani, F., and Landini, P. (2012). The RNA processing enzyme polynucleotide phosphorylase negatively controls biofilm formation by repressing poly-N-acetylglucosamine (PNAG) production in *Escherichia coli* C. *BMC microbiology* **12**, 270. **Pubblicazione 6**
- Carzaniga, T., Briani, F., Zangrossi, S., Merlino, G., Marchi, P., and Dehò, G. (2009). Autogenous regulation of *Escherichia coli* polynucleotide phosphorylase expression revisited. *J Bacteriol* **191**, 1738-1748. **Pubblicazione 9**
- Del Favero, M., Mazzantini, E., Briani, F., Zangrossi, S., Tortora, P., and Dehò, G. (2008). Regulation of *Escherichia coli* polynucleotide phosphorylase by ATP. *J Biol Chem* **283**, 27355-27359. **Pubblicazione 11**
- Delvillani, F., Papiani, G., Dehò, G., and Briani, F. (2011). S1 ribosomal protein and the interplay between translation and mRNA decay. *Nucl Acids Res* **39**, 7702-7715. **Pubblicazione 8**
- Delvillani, F., Sciandrone, B., Peano, C., Petiti, L., Berens, C., Georgi, C., Ferrara, S., Bertoni, G., Pasini, M.E., Dehò, G., *et al.* (2014). Tet-Trap, a genetic approach to the identification of bacterial RNA thermometers: application to *Pseudomonas aeruginosa*. *RNA* **20**, 1963-1976. **Pubblicazione 5**
- Ferrara, S., Brugnoli, M., De Bonis, A., Righetti, F., Delvillani, F., Dehò, G., Horner, D., Briani, F., and Bertoni, G. (2012). Comparative profiling of *Pseudomonas aeruginosa* strains reveals differential expression of novel unique and conserved small RNAs. *PloS one* **7**, e36553. **Pubblicazione 7**
- Forti, F., Dragoni, I., Briani, F., Dehò, G., and Ghisotti, D. (2002). Characterization of the small antisense CI RNA that regulates bacteriophage P4 immunity. *Journal of molecular biology* **315**, 541-549.
- Le Derout, J., Folichon, M., Briani, F., Dehò, G., Régnier, P., and Hajnsdorf, E. (2003). Hfq affects the length and the frequency of short oligo(A) tails at the 3' end of *Escherichia coli* *rpsO* mRNAs. *Nucl Acids Res* **31**, 4017-4023. **Pubblicazione 14**
- Marchi, P., Longhi, V., Zangrossi, S., Gaetani, E., Briani, F., and Dehò, G. (2007). Autogenous regulation of *Escherichia coli* polynucleotide phosphorylase during cold acclimation by transcription termination and antitermination. *Molecular genetics and genomics: MGG* **278**, 75-84.
- Piazza, F., Zappone, M., Sana, M., Briani, F., and Dehò, G. (1996). Polynucleotide phosphorylase of *Escherichia coli* is required for the establishment of bacteriophage P4 immunity. *J Bacteriol* **178**, 5513-5521.

- Polissi, A., De Laurentis, W., Zangrossi, S., Briani, F., Longhi, V., Pesole, G., and Dehò, G. (2003). Changes in *Escherichia coli* transcriptome during acclimatization at low temperature. *Research in microbiology* **154**, 573-580.
- Raneri, M., Sciandrone, B., and Briani, F. (2015). A whole-cell assay for specific inhibitors of translation initiation in bacteria. *Journal of biomolecular screening* **20**, 627-633. **Pubblicazione 4**
- Regonesi, M.E., Briani, F., Ghetta, A., Zangrossi, S., Ghisotti, D., Tortora, P., and Dehò, G. (2004). A mutation in polynucleotide phosphorylase from *Escherichia coli* impairing RNA binding and degradosome stability. *Nucl Acids Res* **32**, 1006-1017. **Pubblicazione 13**
- Zangrossi, S., Briani, F., Ghisotti, D., Regonesi, M.E., Tortora, P., and Dehò, G. (2000). Transcriptional and post-transcriptional control of polynucleotide phosphorylase during cold acclimation in *Escherichia coli*. *Mol Microbiol* **36**, 1470-1480.

Collaborazioni nazionali ed internazionali

Progetti di ricerca svolti in collaborazione

Ruolo nel progetto: Principal Investigator o coordinatrice di unità di ricerca

1. Ruolo di S1 nella degradazione dell'RNA

Collaboratori:

Pierluigi Mauri, ITB-CNR, Milano.

Pubblicazioni:

Briani, F.^{a*}, Curti, S.^a, Rossi, F.^a, Carzaniga, T.^a, Mauri P.^b, and Dehò, G.^{a*} (2008) Polynucleotide phosphorylase hinders mRNA degradation upon ribosomal protein S1 overexpression in *Escherichia coli*. RNA 14:2417-29

*Corresponding authors

Affiliation:

^aUniversità degli Studi di Milano

^bIstituto di Tecnologie Biomediche, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Segrate (Milan)

2. La proteina S1 come bersaglio per farmaci anti-batterici

<https://openinnovation.gsk.com/previous-winners-2014.html>

Collaboratori:

Stephane Huet, DPAC Leader, GSK Europe

Dr. Emilio Alvarez Ruiz, High throughput screening coordinator, GSK, Spain

3. Identificazione di sRNA di *Pseudomonas aeruginosa*

Collaboratori:

Giovanni Bertoni, Università degli Studi di Milano

David Horner, Università degli Studi di Milano

Pubblicazioni::

Ferrara, S., Brugnoli, M., De Bonis, A., Righetti, F., Delvillani, F., Dehò, G., Horner, D., Briani, F.^{*}, & Bertoni, G.^{*} (2012) Comparative Profiling of *Pseudomonas aeruginosa* Strains Reveals Differential Expression of Novel Unique and Conserved Small RNAs. PlosOne 7(5):e36553

*Corresponding authors

4. Regolazione mediante termometri a RNA

Collaboratori:

Christian Berens, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg, Germany; present address: Friedrich-Loeffler-Institut, Jena, Germany

Maria E. Pasini, Università degli Studi di Milano

Clelia Peano, ITB-CNR, Milano

Pubblicazioni:

Delvillani, F.^a, Sciandrone, B.^a, Peano, C.^b, Petiti, L.^b, Berens, C.^c, Georgi, C.^c, Ferrara, S.^a, Bertoni, G.^a, Pasini, ME^a, Dehò, G.^a, Briani, F.^{a*} (2014) Tet-Trap, a genetic approach to the identification of bacterial RNA thermometers: application to *Pseudomonas aeruginosa*. RNA. 20: 1963-1976

Affiliation:

^a Università degli Studi di Milano

^b Istituto di Tecnologie Biomediche, CNR, Segrate (Milan)

^c Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg, Erlangen, Germany

*Corresponding author

5. PNPasi e biofilm

Collaboratori:

Paolo Landini, Università degli Studi di Milano

Pubblicazioni:

T. Carzaniga, D. Antoniani, G. Dehò, F. Briani* & P. Landini*. (2012) The RNA processing enzyme polynucleotide phosphorylase negatively controls biofilm formation by repressing poly-N-acetylglucosamine (PNAG) production in *Escherichia coli* C. BMC Microbiology. 12, 270

*Corresponding authors

Ruolo nel progetto: membro di unità di ricerca

1. Analisi della poliadenilazione di mRNA di *Escherichia coli* e del fago P4

Collaboratori

Philippe Régnier and Eliane Hajnsdorf, CNRS, Paris, France

Pubblicazioni:

Briani, F.^a, Del Vecchio, E. ^a, Migliorini, D. ^a, Hajnsdorf, E. ^b, Régnier, P. ^b, Ghisotti, D. ^a, and Dehò, G. ^a (2002) RNase E and polyadenylpolymerase I are involved in maturation of CI RNA, the P4 phage immunity factor. J. Mol. Biol. 318: 321-331.

Le Derout, J. ^b, Folichon, M. ^b, Briani, F.^a, Dehò, G. ^a, Régnier, P. ^b, and Hajnsdorf, E. ^b (2003) Hfq affects the length and the frequency of short oligo(A) tails at the 3' end of *Escherichia coli rpsO* mRNAs. Nucl. Acids Res. 31: 4017-4023.

Affiliation:

^aUniversità degli Studi di Milano

^bUPR 9073 du CNRS, Institut de Biologie Physico-Chimique, Paris, France

2. Studi sulla PNPasi di *Escherichia coli*

Collaboratori:

Juan C. Alonso, Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Madrid, Spain

Luca De Gioia, Università di Milano Bicocca

Pierluigi Mauri, ITB-CNR, Milano

Alessandra Polissi, Glaxo Wellcome, Verona (present affiliation: Università degli Studi di Milano)

Paolo Tortora, Università di Milano Bicocca

Pubblicazioni:

Briani, F.^{a*}, Del Favero, M.^b, Capizzuto, R.^a, Consonni, C.^a, Zangrossi, S.^c, Greco, C.^b, De Gioia, L.^b, Tortora, P.^b, Dehò, G.^a (2007) Genetic Analysis of Polynucleotide Phosphorylase Structure and Functions. *Biochimie* 89:145-157

* Corresponding author

Cardenas P.P.^d, Carzaniga T.^a, Zangrossi S.^c, Briani F.^a, Garcia-Tirado E.^d, Dehò G.^a, Alonso J.C.^d (2011) Polynucleotide phosphorylase exonuclease and polymerase activities on single-stranded DNA ends are modulated by RecN, SsbA and RecA proteins. *Nucl. Acids Res.* 39:9250-926123.

Carzaniga, T. ^a, Mazzantini, E.^b, Nardini, M. ^a, Regonesi, M.E. ^b, Greco, C. ^b, Briani, F. ^a, De Gioia, L. ^b, Dehò, G. ^a, Tortora, P. ^b (2014) A conserved loop in polynucleotide phosphorylase (PNPase) essential for both RNA and ADP/phosphate binding. *Biochimie.* 97:49-59.

Del Favero, M. ^b, Mazzantini, E. ^b, Briani, F. ^a, Zangrossi, S. ^c, Tortora, P. ^b, and Dehò, G. ^a (2008) Regulation of *Escherichia coli* polynucleotide phosphorylase by ATP. *J. Biol. Chem.* 283: 27355-27359.

Polissi, A.^e, De Laurentis, W. ^e, Zangrossi, S. ^c, Briani, F.^a, Longhi, V.^a, Pesole, G.^a, and Dehò, G.^a (2003) Changes in the transcriptome of *Escherichia coli* during adaptation to low temperature. *Res. Microbiol.* 154: 573-580.

Regonesi, M.E.^{b*}, & Briani, F.^{a*}, Ghetta, A.^b, Zangrossi, S.^c, Ghisotti, D.^a, Tortora, P.^b, and Dehò, G.^a (2004) A mutation in polynucleotide phosphorylase from *Escherichia coli* impairing RNA binding and degradosome stability. *Nucl. Acids Res.* 32: 1006-1017.

*Equal contributors

Regonesi, M.E. ^{a,b}, Del Favero, M. ^b, Basilico, F. ^{a,f}, Briani, F. ^a, Benazzi, L. ^f, Tortora, P.^a, Mauri, P. ^f, and Dehò, G.^a (2006) Analysis of the *Escherichia coli* RNA degradosome composition by a proteomic approach. *Biochimie* 88:151-161.

Zangrossi, S.^c, Briani, F.^a, Ghisotti, D.^a, Regonesi, M.E.^b, Tortora, P.^b, and Dehò, G.^a (2000). Transcriptional and post-transcriptional control of polynucleotide phosphorylase during cold acclimation in *Escherichia coli*. *Mol Microbiol* 36, 1470-1480.

Affiliation:

^aUniversità degli Studi di Milano

^bUniversità degli Studi di Milano-Bicocca

^cIstituto di Biofisica, Sezione di Milano, Consiglio Nazionale delle Ricerche

^dCentro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Madrid, Spain

^eDepartment of Microbiology, Glaxo Wellcome S.p.A., Verona

^fConsiglio Nazionale delle Ricerche, Istituto di Tecnologie Biomediche, Segrate (Mi)

3. Identificazione e analisi di espressione di geni di insetti codificanti β -esosaminidasi

Collaboratori:

Maria Enrica Pasini

Pubblicazioni:

Cattaneo, F.^a, Pasini, M. E.^a, Matsumoto, M.^b, Intra, J. ^a, Briani, F. ^a, Hoshi, M. ^b and Perotti, M. E.^a (2006) Identification and expression analysis of *Drosophila melanogaster* genes encoding beta-hexosaminidases of the sperm plasma membrane. *Glycobiology* 16:786-800

Pasini M.E.^a, Intra J.^a, Gomulski L.M.^c, Calvenzani V.^a, Petroni K.^a, Briani F.^a and Perotti M.E.^a (2011) Identification and expression profiling of *Ceratitis capitata* genes coding for β -hexosaminidases. *Gene*. 473: 44-56

Affiliation:

^aUniversità degli Studi di Milano

^bKeio University, Japan

Pubblicazioni

Ghisotti, D., Briani, F., Forti, F., Piazza, F., Polo, S., Sabbattini, P., Sturniolo, T., Terzano, S., Zangrossi, S., Zappone, M., Sironi, G., and Dehò, G. (1995) Multiple regulatory mechanisms controlling phage-plasmid P4 propagation. *FEMS Microbiol. Rev.* 17: 127-134

Briani, F., Zangrossi, S., Ghisotti, D., and Dehò, G. (1996) A Rho-dependent transcription termination site regulated by bacteriophage P4 RNA immunity factor. *Virology* 223: 57-67.

Piazza, F., Zappone, M., Sana, M., Briani, F., and Dehò, G. (1996) Polynucleotide phosphorylase of *Escherichia coli* is required for the establishment of bacteriophage P4 immunity. *J. Bacteriol.* 178: 5513-5521.

Sabbattini, P., Six, E., Zangrossi, S., Briani, F., Ghisotti, D., and Dehò, G. (1996) Immunity specificity determinants in the P4-like retronphage Φ R73. *Virology* 216: 389-396.

Briani, F., Ghisotti, D., and Dehò, G. (2000) Antisense RNA-dependent transcription termination sites that modulate lysogenic development of satellite phage P4. *Mol. Microbiol.* 36:1124-1134.

Zangrossi, S., Briani, F., Ghisotti, D., Regonesi, M.E., Tortora, P., and Dehò, G. (2000) Transcriptional and post-transcriptional control of polynucleotide phosphorylase during cold acclimation in *Escherichia coli*. *Mol. Microbiol.* 36: 1470-1480.

Briani, F., Dehò, G., Forti, F., and Ghisotti, D. (2001) The plasmid status of satellite bacteriophage P4. *Plasmid* 45:1-17.

Forti, F., Dragoni, I., Briani, F., Dehò, G., and Ghisotti, D. (2002) Characterization of the small antisense CI RNA that regulates bacteriophage P4 immunity. *J. Mol. Biol.* 315: 541-549.

Briani, F., Del Vecchio, E., Migliorini, D., Hajnsdorf, E., Régnier, P., Ghisotti, D., and Dehò, G. (2002) RNase E and polyadenylpolymerase I are involved in maturation of CI RNA, the P4 phage immunity factor. *J. Mol. Biol.* 318: 321-331.

Le Derout, J., Folichon, M., Briani, F., Dehò, G., Régnier, P., and Hajnsdorf, E. (2003) Hfq affects the length and the frequency of short oligo(A) tails at the 3' end of *Escherichia coli* rpsO mRNAs. *Nucl. Acids Res.* 31: 4017-4023.

Polissi, A., De Laurentis, W., Zangrossi, S., Briani, F., Longhi, V., Pesole, G., and Dehò, G. (2003) Changes in the transcriptome of *Escherichia coli* during adaptation to low temperature. *Res. Microbiol.* 154: 573-580.

Regonesi, M.E.¹, & Briani, F.¹, Ghetta, A., Zangrossi, S., Ghisotti, D., Tortora, P., and Dehò, G. (2004) A mutation in polynucleotide phosphorylase from *Escherichia coli* impairing RNA binding and degradosome stability. *Nucl. Acids Res.* 32: 1006-1017.

¹Equal contributors

Regonesi, M.E., Del Favero, M., Basilico, F., Briani, F., Benazzi, L., Tortora, P., Mauri, P., and Dehò, G. (2006) Analysis of the *Escherichia coli* RNA degradosome composition by a proteomic approach. *Biochimie* 88:151-161.

Cattaneo, F., Pasini, M. E., Matsumoto, M., Intra, J., Briani, F., Hoshi, M. and Perotti, M. E. (2006) Identification and expression analysis of *Drosophila melanogaster* genes encoding beta-hexosaminidases of the sperm plasma membrane. *Glycobiology* 16:786-800.

*Briani, F., Del Favero, M., Capizzuto, R., Consonni, C., Zangrossi, S., Greco, C., De Gioia, L., Tortora, P., and Dehò, G. (2007) Genetic Analysis of Polynucleotide Phosphorylase Structure and Functions. *Biochimie* 89:145-157.

Marchi, P., Longhi, ., Zangrossi, S., Gaetani, E., Briani, F., and Dehò, G. (2007) Autogenous regulation of *Escherichia coli* polynucleotide phosphorylase during cold acclimation by transcription termination and antitermination. *Mol. Gen. Genomics* 278:75-84.

Del Favero, M., Mazzantni, E., Briani, F., Zangrossi, S., Tortora, P., and Dehò, G. (2008) Regulation of *Escherichia coli* polynucleotide phosphorylase by ATP. *J. Biol. Chem.* 283: 27355-27359.

*Briani, F., Curti, S., Rossi, F., Carzaniga, T., Mauri P., and Dehò, G. (2008) Polynucleotide phosphorylase hinders mRNA degradation upon translational stress induced by ribosomal protein S1 in *Escherichia coli*. *RNA* 14:2417-29.

Carzaniga, T., Briani, F., Zangrossi, S., Merlino, G., Marchi, P., and Dehò, G. (2009) Autogenous regulation of *Escherichia coli* polynucleotide phosphorylase expression revisited. *J. Bact.* 191: 1738-48.

Pasini M.E., Intra J., Gomulski L.M., Calvenzani V., Petroni K., Briani F., and Perotti M.E. (2011) Identification and expression profiling of *Ceratitis capitata* genes coding for β -hexosaminidases. *Gene*. 473: 44-56.

*Delvillani, F., Papiani, G., Dehò, G., and Briani, F. (2011). S1 ribosomal protein and the interplay between translation and mRNA decay. *Nucl. Acids Res.* 39(17):7702-15.

Cardenas P.P., Carzaniga T., Zangrossi S., Briani F., Garcia-Tirado E., Dehò G., Alonso J.C. (2011) Polynucleotide phosphorylase exonuclease and polymerase activities on single-stranded DNA ends are modulated by RecN, SsbA and RecA proteins. *Nucl. Acids Res.* 39:9250-926123.

*Ferrara, S., Brugnoli, M., De Bonis, A., Righetti, F., Delvillani, F., Dehò, G., Horner, D., Briani, F., and Bertoni, G. (2012) Comparative Profiling of *Pseudomonas aeruginosa* Strains Reveals Differential Expression of Novel Unique and Conserved Small RNAs. *PlosOne* 7(5):e36553.

*Carzaniga, T., Antoniani, D., Dehò, G., Briani, F., and Landini P. (2012) The RNA processing enzyme polynucleotide phosphorylase negatively controls biofilm formation by repressing poly-N-acetylglucosamine (PNAG) production in *Escherichia coli* C. *BMC Microbiology*. 12:270.

Carzaniga, T., Mazzantini, E., Nardini, M., Regonesi, ME., Greco, C., Briani, F., De Gioia, L., Dehò G., Tortora P. (2014) A conserved loop in polynucleotide phosphorylase (PNPase) essential for both RNA and ADP/phosphate binding. *Biochimie*. 97:49-59.

*Delvillani, F., Sciandrone, B., Peano, C., Petiti, L., Berens, C., Georgi, C., Ferrara, S., Bertoni, G., Pasini, ME, Dehò, G., Briani, F. (2014) Tet-Trap, a genetic approach to the identification of bacterial RNA thermometers: application to *Pseudomonas aeruginosa*. *RNA*. 20: 1963-1976

*Raneri, M., Sciandrone, B., Briani, F. (2015) A Whole-Cell Assay for Specific Inhibitors of Translation Initiation in Bacteria. *J. Biomol.Screening*. 20(5):627-33

*Carzaniga, T., Dehò, G., Briani, F. (2015) RNase III-independent autogenous regulation of *Escherichia coli* polynucleotide phosphorylase via translational repression. *J. Bact.* 197(11):1931-8.

*Briani, F., Carzaniga, T., Dehò, G. (2016) Regulation and functions of bacterial PNPase. *WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS. RNA*, vol. 7, p. 241-258

Carzaniga, T., Sbarufatti, G., Briani, F., Dehò, G. (2017) Polynucleotide phosphorylase is implicated in homologous recombination and DNA repair in *Escherichia coli*. *BMC Microbiol.* 17:81

*Briani, F. Cell-Based Fluorescent Screen to Identify Inhibitors of Bacterial Translation Initiation. Peter Sass (ed.), *Antibiotics: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology*, vol. 1520:237-245, © Springer Science+Business Media New York 2017

*Articoli di cui la candidata è corresponding o co-corresponding author

Impatto della produzione scientifica

(Fonte: Scopus 20/11/17)

689 citazioni totali; h-index= 16

Premi alla ricerca

1996 Premio SIMGBM per la miglior tesi di Dottorato discussa nel 1996 nel campo della Microbiologia

2014 Vincitrice dell'European Discovery Fast Track Challenge di GlaxoSmithKline

Finanziamenti

Periodo: 2012-2017

Linea 2-2016-Università degli Studi di Milano

durata: 1 anno

Exploring the role of the glucose uptake pathway in the virulence of *Pseudomonas aeruginosa*.

Ruolo: Principal Investigator

Linea 2-2015-Università degli Studi di Milano

durata: 1 anno

Exploring the role of the glucose uptake pathway in the virulence of *Pseudomonas aeruginosa*

Ruolo: Principal Investigator

FONDAZIONE BANCA DEL MONTE DI LOMBARDIA 2015.

Applicazione di tecnologie di rilevazione multimodale a campioni in micropiastra nelle bioscienze.

Ruolo: Principal Investigator

FFC#8/2013 Italian cystic fibrosis research foundation

Durata: un anno

Exploring pyrazinamide derivatives as novel *Pseudomonas aeruginosa* inhibitors: unexploited antibacterial molecules for a new antibiotics target

Ruolo: Principal Investigator

E47111000670004 MIUR-regione Lombardia

Durata: Agosto 2012-Marzo 2015

Nuovi antibiotici mediante rational design

Ruolo: membro di unità di ricerca

Attività didattica

2016- in corso Titolare del corso di Cellular and Molecular Microbiology (6 CFU), Laurea magistrale in Molecular Biotechnology and Bioinformatics, Università degli Studi di Milano

2009-in corso Titolare del corso di Genetica dei Microrganismi (1 CFU), Scuola di specializzazione in Microbiologia e Virologia, Università degli Studi di Milano

2015-2017 Titolare del corso di Microbiologia generale (9 CFU), Laurea triennale in Scienze biologiche, Università degli Studi di Milano

2008- 2016 Titolare del corso di Microbiologia Cellulare e Molecolare (6 CFU), Laurea magistrale in Biotecnologie Molecolari e Bioinformatica, Università degli Studi di Milano

Altra attività didattica

Co-titolare del corso di Introduzione alla Biologia della Cellula (2 CFU), Laurea triennale in Scienze biologiche, Università degli Studi di Milano (2003-2004; 2005-2008)

Responsabile delle esercitazioni per il corso di Genetica del prof. G. Sironi, Laurea triennale in Scienze biologiche, Università degli Studi di Milano (1997-2004)

Istruttrice per il Laboratorio di Biologia Sperimentale II, corso di laurea in Scienze biologiche, Università degli Studi di Milano (2001-2002).

Responsabile di esercitazioni per il corso di Microbiologia generale del prof. G. Dehò, Laurea triennale in Scienze biologiche, Università degli Studi di Milano (2001-2014)

Tutoraggio di studenti di Dottorato

Francesco Delvillani, XXV ciclo, Dottorato in Scienze Biologiche e Molecolari; tesi “Post-transcriptional regulation in Gram negative bacteria”, discussa in data 16/05/2013

Barbara Sciandrone, XXIX ciclo, Dottorato in Biologia Molecolare e Cellulare, tesi “Temperature-dependent regulation of the *lpxT* gene in *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa*”; la tesi sarà discussa in data 01/12/2017

Matteo Raneri, XXXII ciclo, Dottorato in Scienze Biologiche e Molecolari, consegna della tesi prevista per settembre 2018

Assistenza alle tesi sperimentali per corsi di laurea a ciclo unico o magistrali

Sono stata relatrice delle seguenti tesi:

2003-2004. Thomas Carzaniga. Regolazione post-trascrizionale del gene *pnp* di *Escherichia coli*: PNPasi e la proteina ribosomale S1 legano in vitro la regione 5' non tradotta dell'mRNA *pnp*. Corso di laurea in Scienze biologiche (ciclo unico)

2003-2004. Serena Curti. Regolazione post-trascrizionale del gene *pnp* di *Escherichia coli*: analisi in vivo del ruolo della proteina ribosomale S1. Corso di laurea in Scienze biologiche (ciclo unico)

2006-2007. Francesca Rossi. Analisi in vivo del ruolo della proteina ribosomale S1 nella regolazione del gene *pnp* di *Escherichia coli*. Laurea magistrale in Biologia molecolare della cellula

2007-2008. Francesco Delvillani. Regolazione post-trascrizionale dell'espressione genica in *Escherichia coli*: ruolo della proteina ribosomale S1 e della polinucleotide fosforilasi nel controllo della degradazione dell'mRNA. Laurea magistrale in Biologia molecolare della cellula

2008-2009. Debora Garzetti*. Analisi molecolare delle farmaco-resistenze in *M. Tuberculosis* e applicazioni diagnostiche: la tecnologia Lab-on-Chip per la diagnosi di MDR-TB e XDR-TB. Laurea magistrale in Genomica funzionale e Bioinformatica

2009-2010. Michela Casali. Regolazione dell'adesione cellulare da parte della polinucleotide fosforilasi di *Escherichia coli*. Laurea magistrale in Genomica funzionale e Bioinformatica

2010-2011. Francesco Righetti. Analisi comparativa del corredo di piccoli RNA non codificanti (sRNA) espressi dai ceppi PAO1 e PA14 di *Pseudomonas aeruginosa*. Laurea magistrale in Biotecnologie molecolari e Bioinformatica

2012-2013. Barbara Sciandrone. Regolazione mediata da RNA non codificanti in *Pseudomonas aeruginosa*: identificazione di *phoB* come bersaglio del piccolo RNA SPA0021 e di un nuovo termometro a RNA. Laurea magistrale in Biotecnologie molecolari e Bioinformatica

2013-2014. Matteo Raneri. La proteina ribosomale S1 come potenziale bersaglio per lo sviluppo di nuovi farmaci antibatterici. Laurea magistrale in Biotecnologie molecolari e Bioinformatica

2013-2014. Marta Ferraresso*. Construction of stable Lentiviral vector packaging cell lines with different viral envelopes. Tesi esterna. Laurea magistrale in Biologia molecolare della cellula

2015-2016. Chiara Dalmasio. Costruzione e caratterizzazione fenotipica di mutanti di *Pseudomonas aeruginosa* defettivi nel trasporto del glucosio. Laurea magistrale in Biotecnologie molecolari e Bioinformatica

2015-2016. Chiara Portugalli. Analisi del meccanismo molecolare della regolazione temperatura-dipendente del gene *lpxT* di *Escherichia coli*. Laurea magistrale in Biologia molecolare della cellula

2015-2016. Andrea Rota. Identificazione di regioni implicate nella regolazione trascrizionale e post-trascrizionale del gene *lpxT* di *Escherichia coli*. Laurea magistrale in Biotecnologie molecolari e Bioinformatica

2016-2017. Sara Perego. Il gene *lpxT* di *Escherichia coli* è soggetto ad una complessa regolazione in risposta a cambiamenti di temperatura. Laurea magistrale in Biologia applicata alla Ricerca Biomedica

*tesi esterna

Sono stata inoltre correlatrice di numerose tesi di laurea e relatrice di elaborati sia sperimentali che compilativi per lauree triennali.

Seminari su invito presso Università italiane ed estere

Periodo considerato: 2012-2017

Comparative profiling of strains of the opportunistic pathogen *Pseudomonas aeruginosa* reveals differential expression of novel unique and conserved sRNAs. 24/01/2012, Max F. Perutz Laboratories, University of Vienna, host: prof. I. Moll.

A genetic approach to the identification of post-transcriptionally regulated genes in *Pseudomonas aeruginosa*, 29/11/2012, Department Biologie Friedrich-Alexander-Universitaet Erlangen-Nuernberg, host: Dr. C. Berens

A genetic approach to the identification of post-transcriptionally regulated genes in Gram negative bacteria, 03/03/2014, Seminar for students of the Dottorato in Scienze e Tecnologie Biomediche, Università degli Studi di Roma Tre, host: prof. L. Leoni.

Temperature-dependent regulation of the *lpxT* gene in *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa*, 26/09/2016, Max F. Perutz Laboratories, University of Vienna, host: prof. I. Moll

Temperature-dependent regulation of the *lpxT* gene in *Escherichia coli*, 20/06/2017, University of Geneva, host: prof. P. Linder

Data

24/11/2017

Luogo

Milano