



AL MAGNIFICO RETTORE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: 4804

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 Bioscienze

Responsabile scientifico: Prof. Carlo Camilloni

Cristina Paissoni

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

Cognome	Paissoni
Nome	Cristina
Data Di Nascita	04/07/1987

OCCUPAZIONE ATTUALE

Incarico	Struttura
Post-Doc (Assegno di ricerca di tipo A)	Università degli Studi di Milano, Dipartimento di Bioscienze

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

Titolo	Corso di studi	Università	anno conseguimento titolo
Laurea Magistrale o equivalente	Fisica (LM-17)	Università degli Studi di Milano	2012
Dottorato Di Ricerca	Chimica Industriale	Università degli Studi di Milano	2017

LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

lingue	livello di conoscenza
inglese	fluente

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

anno	Descrizione premio
2018	70,000 ore calcolo (senza fondi) come PI del progetto IscraC CINECA "Conformational sampling of the free and bound states of a cancer associated epitope", Ottobre 2018- Luglio 2019
2017	Vincitrice di una borsa FEBS per visite short-term (Utrecht University, Computational Structural Biology group, Netherlands, Ottobre-Novembre 2017)



ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

<p>2018-ora: Post-Doc. Università degli Studi di Milano, dipartimento di Bioscienze. Supervisor: Prof. Carlo Camilloni.</p> <p>2017 (Ott-Nov): Short-Term Visiting Post-Doc. Utrecht University, Computational Structural Biology group, Netherlands. Supervisor: Prof. Alexandre Bonvin.</p> <p>2017: Post-Doc. Ospedale San Raffaele, Biomolecular NMR lab. Supervisor: Dr. Giovanna Musco.</p> <p>2014-2016: Dottorato di ricerca in Chimica Industriale (Università degli Studi di Milano, Dipartimento di Chimica), svolto presso Ospedale San Raffaele, Biomolecular NMR lab. Supervisor: Prof. Laura Belvisi e Dr. Giovanna Musco.</p> <p>2013: Borsa di studio pre-dottorato. Ospedale San Raffaele, Biomolecular NMR lab. Supervisor: Dr. Giovanna Musco.</p> <p><i>Partecipazione a scuole:</i></p> <p>4-9 Luglio 2016. EMBO Practical Course: Integrative modelling of biomolecular interactions, Barcellona (Spagna).</p> <p>28 Maggio-2 Giugno 2014. Enhancing molecular simulations with PLUMED, Belfast (UK).</p>

CONGRESSI, CONVEGNI E SEMINARI

Data	Titolo	Sede
2020, Feb 5-8	<i>Oral Presentation:</i> "Combining SAXS data and Molecular Dynamics to determine protein structural ensembles."	Physics of biomolecules: Structure, Dynamics and Function. Bressanone (Italy).
2019, Sept 23-26	<i>Oral Presentation:</i> "Conformational ensembles."	School: Intrinsically Disordered Proteins (IDPs): From Physical Chemistry To Pathogenic Mechanisms. Como (Italy).
2019, May 28	<i>Oral Presentation:</i> "Using SAXS data to drive Molecular Dynamics simulations."	Biophysics mini- symposium: From Physics to Diseases. Taipei (Taiwan).
2019, May 29-1		The 24th Biophysics Conference, Ilan (Taiwan).
2019, Feb 3-6	<i>Poster:</i> "MD simulations driven by SAXS experimental data."	Multiscale Modeling from Macromolecules to Cell: Opportunities and Challenges of Biomolecular Simulations, Lausanne (Switzerland).
2018, May 27-1	<i>Poster:</i> "Integrating SAXS data and MD simulations through Metainference."	Les Houches TSRC Protein Dynamics Workshop, Les Houches (France).
2016, Feb 14-16	<i>Oral Presentation:</i> "Computational techniques predict the effects induced by N-methylation of RGD-cyclopeptides on integrin affinity."	Synthesis and biomedical applications of tumor-tartrting peptidomimetics, Bologna (Italy).
2015, Sep 22-25	<i>Poster:</i> "MetaD simulations rationalize the conformational effects induced by N-methylation of RGD cyclo- hexapeptides."	SBDD: Computational Advances in Drug Discovery, Lausanne (Switzerland).
2015, May 20-25	<i>Poster:</i> "MetaD simula- tions rationalize the conformational effects induced by N-methylation of RGD cyclohexapeptides."	Instruct Biennial Structural Biology Meeting, Firenze (Italy).
2014, Mar 4-6	<i>Oral Presentation:</i> "A combination of computational approaches to study integrin binding selectivity."	3rd Computationally Driven Drug Discovery, Verona (Italy).
2014, Feb 6-8		Protein Physics: Structure, Dynamics and Function, Bressanone (Italy).



Articoli su riviste
Karlsson E., Paissoni C., Erkelens A. M., Tehranizadeh Z. A., Sorgenfrei F. A., Andersson E., Ye W., Camilloni C. & Jemth P. (2020). Mapping the transition state for a binding reaction between ancient intrinsically disordered proteins. <i>J. Biol. Chem.</i> , doi:10.1074/jbc.RA120.015645
Jussupow A., Messias A. C., Stehle R., Geerlof A., Solbak S. M., Paissoni C., Bach A., Sattler M. & Camilloni C. (2020). The dynamics of linear polyubiquitin. <i>Science Advances</i> , 6, eabc3786. doi:10.1126/sciadv.abc3786
Paissoni C., Jussupow A., & Camilloni C. (2020). Determination of protein structural ensembles by hybrid-resolution SAXS restrained Molecular Dynamics. <i>J. Chem. Theory Comput.</i> , 16, 2825-2834. doi:10.1021/acs.jctc.9b01181
The PLUMED consortium (2019). Promoting transparency and reproducibility in enhanced molecular simulations. <i>Nat. methods</i> , 16, 670-673. doi:10.1038/s41592-019-0506-8
Paissoni C., Jussupow A. & Camilloni C. (2019). Martini bead form factors for nucleic-acids and their application in the refinement of protein/nucleic- acid complexes against SAXS data. <i>J. Applied Cryst.</i> , 52, 394-402. doi:10.1107/S1600576719002450
Swuec P., Lavatelli F., Tasaki M., Paissoni C., Rognoni P., Maritan M., Brambilla F., Milani P., Mauri P., Camilloni C., Palladini G., Merlini G., Ricagno S. & Bolognesi M. (2019). Cryo-EM structure of cardiac amyloid fibrils from an immunoglobulin light chain (AL) amyloidosis patient. <i>Nat. Commun.</i> , 10, 1269. doi:10.1038/s41467-019-09133-w
Nardelli F., Paissoni C., Quilici G., Gori A., Traversari C., Valentini B., Sacchi A., Corti A., Curnis F., Ghitti M. & Musco G. (2018). Succinimide-based conjugates improve isoDGR cyclopeptide affinity to $\alpha\beta3$ without promoting integrin allosteric activation. <i>J. Med. Chem.</i> , 61, 7474. doi:10.1021/acs.jmedchem.8b00745
Paissoni C., Nardelli F., Zanella S., Curnis F., Belvisi L., Musco G. & Ghitti M. (2018). Critical assessment of force fields accuracy against NMR data for cyclic peptides containing β amino acids. <i>Phys. Chem. Chem. Phys.</i> , 20, 15807. doi:10.1039/c8cp00234g
Paissoni C., Spiliotopoulos D., Musco G. & Spitaleri A. (2015). GMXPBSA 2.1: A GROMACS tool to perform MM/PBSA and computational alanine scanning. <i>Comp. Phys. Comm.</i> , 186, 105-107. doi:10.1016/j.cpc.2014.09.010
Paissoni C., Ghitti M., Belvisi L., Spitaleri A. & Musco G. (2015). Metadynamics simulations rationalize the conformational effects induced by N- Methylation of RGD cyclic hexapeptides. <i>Chem.-Eur. J.</i> , 21, 14165-14170. doi:10.1002/chem.201501196
Tiana G., Villa F., Zhan Y., Capelli R., Paissoni C., Sormanni P., Heard E., Giorgetti L. & Meloni R. (2015). Montegrappa: an iterative Monte Carlo program to optimize biomolecular potentials in simplified models. <i>Comp. Phys. Comm.</i> , 186, 93-104. doi:10.1016/j.cpc.2014.09.012
Paissoni C., Spiliotopoulos D., Musco G. & Spitaleri A. (2014). GMXPBSA 2.0: a GROMACS tool to perform MM/PBSA and computational alanine scanning. <i>Comp. Phys. Comm.</i> , 185, 2920-2929. doi:10.1016/j.cpc.2014.06.019
Capelli R., Paissoni C., Sormanni P. & Tiana G. (2014). Iterative derivation of effective potentials to sample the conformational space of proteins at atomistic scale. <i>J. Chem. Phys.</i> , 140, 195101. doi:10.1063/1.4876219



ALTRE INFORMAZIONI

2017-2020: Attività di tutorato per il corso: “Fisica e laboratorio di fisica”, presso il dipartimento di Bioscienze, Università degli Studi di Milano. A.A. 2017/2018, 2018/2019, 2019/2020.

2018-2020: Ho co-supervisionato le attività di tesi di 4 studenti di laurea magistrale. Dipartimento di Bioscienze, Università degli Studi di Milano.

Le dichiarazioni rese nel presente curriculum sono da ritenersi rilasciate ai sensi degli artt. 46 e 47 del DPR n. 445/2000.

Il presente curriculum, non contiene dati sensibili e dati giudiziari di cui all’art. 4, comma 1, lettere d) ed e) del D.Lgs. 30.6.2003 n. 196.

Luogo e data: Predore, 03/12/2020

FIRMA *Cristina Passou*