



ALLA MAGNIFICA RETTRICE
DELL'UNIVERSITA' DEGLI STUDI DI MILANO

COD. ID: A010

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: Marco NARDINI

Cristina OLIVIERI

CURRICULUM VITAE

INFORMAZIONI PERSONALI

| | |
|---------|----------|
| Cognome | OLIVIERI |
| Nome | CRISTINA |

OCCUPAZIONE ATTUALE

| | |
|-------------------------------|---|
| Incarico | Struttura |
| Assegnista di ricerca, tipo B | Dipartimento di Chimica, Università degli Studi di Milano, Milano |

ISTRUZIONE E FORMAZIONE

| Titolo | Corso di studi | Università | anno conseguimento titolo |
|---------------------------------|-----------------------|---|---------------------------|
| Dottorato Di Ricerca | Scienze Ambientali | Università degli studi della Tuscia, Viterbo, Italy | 2013-2016 |
| Laurea Magistrale o equivalente | Biocatalisi Applicata | Università degli studi della Tuscia, Viterbo, Italy | 2011 |
| Laurea triennale | Scienze Biologivhe | Università degli studi della Tuscia, Viterbo, Italy | 2008 |



LINGUE STRANIERE CONOSCIUTE

| lingue | livello di conoscenza |
|-----------|-----------------------|
| Italiano | madrelingua |
| Inglese | professionale |
| Francesce | Scolastica |

PREMI, RICONOSCIMENTI E BORSE DI STUDIO

| anno | Descrizione premio |
|------|--------------------|
| | |
| | |
| | |

ATTIVITÀ DI FORMAZIONE O DI RICERCA

Il mio ambito di competenza è la biologia strutturale, con un focus particolare sull'utilizzo della risonanza magnetica nucleare (NMR) e di altre tecniche spettroscopiche, come la fluorescenza, nonché su metodologie biochimiche per lo studio della struttura, cinetica, dinamica e termodinamica di proteine e complessi molecolari. Complessivamente, ho contribuito a 26 pubblicazioni, di cui 23 articoli su rivista (10 come primo autore), 2 review e un capitolo su rivista, con un impact factor complessivo di 6.98, e un H-index di 10 (262 citazioni).

La mia formazione e carriera scientifica hanno avuto inizio nel 2010 con il tirocinio di tesi specialistica presso il laboratorio di Chimica Fisica del Prof. Fernando Porcelli (Dipartimento per l'Innovazione nei Sistemi Biologici, Agroalimentari e Forestali - DIBAF, Università degli Studi della Tuscia, Viterbo). Durante questa esperienza, ho studiato l'effetto inibitorio di piccoli peptidi aciclici contenenti organostagno sull' α -Amilasi pancreatica porcina (PPA), utilizzando esperimenti di spettroscopia di fluorescenza [Porcelli F, et al. J Biol Inorg Chem. 2011 Dec;16(8):1197-204].

Durante il dottorato di ricerca (XVIII ciclo, 2013-2016), ho lavorato principalmente su due progetti.

Il primo progetto riguardava la caratterizzazione biochimica e biofisica di un peptide antimicrobico (chinodracina, Chn) recentemente identificato nel sistema immunitario delle branchie di un teleosteo antartico. Questo studio ha incluso l'uso di diverse tecniche spettroscopiche per indagare i meccanismi di riconoscimento e interazione del peptide con membrane naturali (batteri) e sintetiche (sistemi modello). Inoltre, ho determinato la struttura tridimensionale del peptide in micelle mediante spettroscopia NMR [Olivieri et al. Biochim Biophys Acta. 2015 Jun;1848(6):1285-93]. Successivamente, mi sono concentrata sulla progettazione e caratterizzazione di mutanti del peptide, finalizzati al potenziamento della sua attività antimicrobica [Olivieri et al. RSC Advances. 2018 Dec; 8:41331-41346].

Il secondo progetto verteva sulla caratterizzazione strutturale e biofisica di un peptide di 75 amminoacidi (PKI), inibitore endogeno della subunità catalitica della proteina chinasi A (PKA-C). Questi studi sono stati condotti presso il laboratorio di Chimica Fisica e Biologia Strutturale del Prof. Gianluigi Veglia (University of Minnesota, Stati Uniti), dove ho trascorso 16 mesi (gennaio 2015 - giugno 2016) come PhD visiting student.

Nel dicembre 2016, mi sono unita al gruppo del Prof. Veglia come post-doctoral fellow, continuando la ricerca avviata durante il periodo di visita. Il mio progetto principale si concentrava sulla caratterizzazione strutturale e sull'interazione tra PKI e PKA-C. Tramite esperimenti NMR, ho monitorato i cambiamenti conformazionali del peptide in presenza e assenza della chinasi, evidenziando che, anche quando legato alla proteina, il peptide manteneva una natura prevalentemente disordinata. Questo mi ha permesso di



identificare un meccanismo di double conformational selection che favoriva l'interazione [inserire citazione eLife].

Il progetto si inseriva in un'iniziativa di ricerca più ampia, "Mapping allosteric cooperativity in protein kinase A" (R01GM100310-02), alla quale ho contribuito fino a ottobre 2022. Durante i sette anni trascorsi nel laboratorio del Prof. Veglia, il mio lavoro si è focalizzato sui meccanismi allosterici che regolano l'attività e le interazioni della PKA, sia a livello della subunità catalitica che dell'oloenzima. Ho approfondito l'uso dell'NMR per lo studio di questi meccanismi a livello atomico, acquisendo inoltre competenze sulle principali tecniche per l'analisi delle interazioni proteina-proteina, della cinetica e del binding enzimatico.

Ho collaborato attivamente con diversi gruppi di ricerca, sia all'interno della University of Minnesota che in altre università statunitensi, come esperta in espressione eterologa di proteine e spettroscopia NMR applicata. Ho contribuito alla stesura di articoli scientifici pubblicati su riviste internazionali e supportato il Prof. Veglia nell'acquisizione di dati preliminari e nella scrittura di progetti di ricerca finanziati da enti come NIH, American Heart Association (AHA), National Science Foundation (NSF) ed European Research Council (ERC).

A partire da novembre 2022, sono entrata a far parte del gruppo di ricerca della Prof.ssa Sara Sattin come borsista post-dottorato presso il Dipartimento di Chimica dell'Università degli Studi di Milano. Il mio progetto attuale riguarda la caratterizzazione biofisica, mediante spettroscopia NMR, di enzimi batterici appartenenti alla superfamiglia Rel/SpoT (RSH), coinvolti nella regolazione cellulare dell'ormone (p)ppGpp. L'obiettivo è identificare i meccanismi conformazionali e allosterici che regolano tali enzimi, nonché individuare nuovi hot-spot strutturali per la progettazione di inibitori.

ATTIVITÀ PROGETTUALE

| Anno | Progetto |
|-----------|---|
| 2015-2022 | Mapping allosteric cooperativity in protein kinase A - National Health Institute Grant R01GM100310-02 |
| 2022-2024 | Eradicating Chronic Infections - ERC-StG-2017 ERACHRON, progetto H2020_ERC17SSATT_01 |

TITOLARITÀ DI BREVETTI

| Brevetto |
|----------|
| |
| |

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 | American Society for Biochemistry and Molecular Biology (ASBMB) special symposia: kinases and pseudokinases: spine, scaffolds and molecular switches, San Diego, CA, USA |
| 2017 | Conformational landscaper of protein kinase A inhibitor PKI studied by fluorescence and NMR spectroscopy | Experimental Biology (E.B.), ASBMB annual meeting, Chicago, IL, USA |



| | | |
|------|---|--|
| 2018 | 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, CA, USA |
| 2023 | Preliminary studies on the biophysical characterization of RelP through nuclear magnetic resonance spectroscopy | International Center for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB) course: "NMR for combatting diseases: from cancer to SARS-CoV-2", 2023, Sesto Fiorentino, Italy |

PUBBLICAZIONI

| Articoli su riviste | | |
|---------------------|--|--|
| 25 | Wu J, Jonniya NA, Hirakis SP, Olivieri C , Veglia G, Kornev AP, Taylor SS. Role of the α C-B4 loop in protein kinase structure and dynamics. <i>Elife</i> . 2024 Dec 4;12:RP91980. doi: 10.7554/eLife.91980. | |
| 24 | Olivieri C* , Wang Y, Walker C, Subrahmanian MV, Ha KN, Bernlohr D, Gao J, Camilloni C, Vendruscolo M, Taylor SS, Veglia G. The α C-B4 loop controls the allosteric cooperativity between nucleotide and substrate in the catalytic subunit of protein kinase A. <i>Elife</i> . 2024 Jun 24;12:RP91506. doi: 10.7554/eLife.91506. | |
| 23 | Manu VS, Olivieri C , Veglia G. AI-designed NMR spectroscopy RF pulses for fast acquisition at high and ultra-high magnetic fields. <i>Nat Commun</i> . 2023 Jul 12;14(1):4144. doi: 10.1038/s41467-023-39581-4. | |
| 22 | Olivieri C* , Walker C, Veliparambil Subrahmanian M, Porcelli F, Taylor SS, Bernlohr DA, Veglia G. An NMR portrait of functional and dysfunctional allosteric cooperativity in cAMP-dependent protein kinase A. <i>FEBS Lett</i> . 2023 Apr;597(8):1055-1072. doi: 10.1002/1873-3468.14610. Epub 2023 Mar 26. Review | |
| 21 | Manu VS, Olivieri C , Veglia G. Water Irradiation Devoid Pulses Enhance the Sensitivity of ^1H , ^1H Nuclear Overhauser Effects. <i>J Biomol NMR</i> (under review) https://assets.researchsquare.com/files/rs-2010749/v1/ed4661b6-8b51-4a20-83a3-2707e9b2d8de.pdf?c=1662051706 | |
| 20 | Happ JT*, Arveseth CD*, Bruystens J*, Bertinetti D*, Nelson IB*, Olivieri C* , Zhang J, Hedeem DS, Zhu JF, Capener JL, Bröckel JW, Vu L, King CC, Ruiz-Perez VL, Ge X, Veglia G, Herberg FW, Taylor SS, Myers BR. A PKA inhibitor motif within SMOOTHENED controls Hedgehog signal transduction. <i>Nat Struct Mol Biol</i> (2022). https://doi.org/10.1038/s41594-022-00838-z | |
| 19 | 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. <i>Proc Natl Acad Sci Nexus</i> 2022 Aug 05: pgac133. doi.org/10.1093/pnasnexus/pgac133 | |
| 18 | Manu VS, Olivieri C , Pavuluri K, Veglia G. Design and applications of water irradiation devoid RF pulses for ultra-high field biomolecular NMR spectroscopy. <i>Phys Chem Chem Phys</i> . 2022 Aug 10;24(31):18477-18481. https://doi.org/10.1039/D2CP01744J | |
| 17 | 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. <i>Sci Adv</i> . 2022 Jul 29;8(30):eabo0696. DOI: 10.1126/sciadv.abo0696. Epub 2022 Jul 29. | |
| 16 | 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. <i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> . 2022 Jun 21;119(25):e2121867119. https://doi.org/10.1073/pnas.2121867119 . Epub 2022 Jun 13. PMID: 35696587. | |
| 15 | 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? <i>J Mol Biol</i> . 2021 Sep 3;433(18):167123. https://doi.org/10.1016/j.jmb.2021.167123 . Epub 2021 Jul 3. PubMed PMID: 34224748; PubMed | |



| | |
|----|--|
| | Central PMCID: PMC8409435. |
| 14 | 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. <i>Commun Biol</i> . 2021 Apr 6;4(1):446. https://doi.org/10.1038/s42003-021-02006-3 . |
| 13 | 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. <i>Bioinformatics</i> . 2021 May 23;37(8):1176-1177. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa781 . PMID: 32926121; PMCID: PMC8150123 |
| 12 | 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. <i>Elife</i> . 2020 Apr 27;9. https://doi.org/10.7554/eLife.55607 . |
| 11 | 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. <i>Biophys J</i> . 2020 Mar 10;118(5):1109-1118. https://doi.org/10.1016/j.bpj.2019.12.036 . Epub 2020 Jan 14. |
| 10 | 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. <i>Int J Mol Sci</i> . 2020 Feb 19;21(4). https://doi.org/10.3390/ijms21041401 . |
| 9 | 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. <i>Sci Adv</i> . 2019 Aug;5(8):eaaw9298. DOI: 10.1126/sciadv.aaw9298 . eCollection 2019 Aug. |
| 8 | 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. <i>Dev Comp Immunol</i> . 2019 Jul;96:9-17. https://doi.org/10.1016/j.dci.2019.02.012 . Epub 2019 Feb 18. PubMed PMID: 30790604. |
| 7 | 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 β Hairpins. <i>J Phys Chem B</i> . 2019 Apr 4;123(13):2780-2791. https://doi.org/10.1021/acs.jpcb.8b12452 . Epub 2019 Mar 19. |
| 6 | 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. <i>RSC advances</i> . 2018 December; 8:41331-41346. DOI https://doi.org/10.1039/C8RA08065H . |
| 5 | 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. <i>Molecules</i> . 2018 Aug 3;23(8). https://doi.org/10.3390/molecules23081937 . Review |
| 4 | 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. <i>J Biomol NMR</i> . 2018 Mar;70(3):133-140. https://doi.org/10.1007/s10858-018-0165-6 . |
| 3 | 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. <i>J Biomol NMR</i> . 2017 Dec;69(4):237-243. https://doi.org/10.1007/s10858-017-0153-2 . Epub 2017 Nov 21. |
| 2 | 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 <i>Chionodraco hamatus</i> . <i>Biochim Biophys Acta</i> . 2015 Jun;1848(6):1285-93. https://doi.org/10.1016/j.bbame.2015.02.030 . Epub 2015 Mar 6. |



| | |
|---|---|
| 1 | Porcelli F, <u>Olivieri C</u> , Masterson LR, Wang Y, Veglia G. Templating α -amylase peptide inhibitors with organotin compounds. J Biol Inorg Chem. 2011 Dec;16(8):1197-204. https://doi.org/10.1007/s00775-011-0808-5 . Epub 2011 Jul 7. PubMed PMID: 21735272. |
| | *primo nome |

| | |
|--|--|
| Atti di convegni | |
| <i>"Design, synthesis and assessment of a new series of ppGpp synthetase inhibitors against bacterial persistence,"</i> Maria Gessica Ciulla, <u>Cristina Olivieri</u> , Marco Minneci, Luca Sorrentino, Lucy Spicer, Francesco Catrambone, Monica Civera, and Sara Sattin, Autumn Meeting for Young Chemists in Biomedical Sciences, 2023, Florence, Italy; | |
| <i>"Structure-based design of RelSeq inhibitors: growth of an amino benzoic acid fragment,"</i> Marco Minneci, Maria Gessica Ciulla, Lucy Spicer, Marta Randelli, Luca Sorrentino, <u>Cristina Olivieri</u> , Monica Civera, Francesca Vasile, Sara Sattin, European Workshop in Drug Synthesis (EWDSy), 2023, Siena, Italy; | |
| <i>"Preliminary studies on the biophysical characterization of RelP through nuclear magnetic resonance spectroscopy,"</i> <u>Cristina Olivieri</u> , Francesca Vasile, Sara Sattin, International Center for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB) course: "NMR for combatting diseases: from cancer to SARS-CoV-2", 2023, Sesto Fiorentino, Italy | |
| <i>"A Cushing Syndrome Mutation of Protein Kinase AC-subunit Disrupts the Internal Allosteric Network Affecting Regulation and Substrate Specificity,"</i> Caitlin Walker, Yingjie Wang, <u>Cristina Olivieri</u> , Adak Karamafrooz, Jordan Casby, Kerstin Bathon, Susan S Taylor, Davide Calebiro, David A Bernlohr, Gianluigi Veglia, Experimental Biology (EB) conference, Orlando 2019, Florida, USA | |
| <i>"Protein kinase A C-subunit binds the intrinsically disordered PKI via a multi-state pathway,"</i> ASBMB special symposia: the many faces of kinases and pseudokinases, San Diego, USA, Dicembre 2018. (poster e talk) | |
| <i>"Intrinsically Disordered HAX-1 Regulates SERCA in a Calcium-Dependent Manner,"</i> Erik K Larsen, <u>Cristina Olivieri</u> , Seth Robia, Evangelia Kranias, Gianluigi Veglia, The Biophysical Society (PBS) - Annual Meeting, San Francisco, Marzo 2018, California, USA | |
| <i>"Conformational landscaper of protein kinase A inhibitor PKI studied by fluorescence and NMR spectroscopy,"</i> Experimental Biology (EB) conference, Chicago, USA, Aprile 2017. (poster) | |
| <i>"Inactivation Mechanism of Protein Kinase a Revealed by Markov Model,"</i> Yingjie Wang, Jonggul Kim, <u>Cristina Olivieri</u> , Jiali Gao, Gianluigi Veglia, The Biophysical Society (PBS) - Annual Meeting, San Francisco, Marzo 2018, California, USA | |
| <i>"Conformational landscape of protein kinase A inhibitor from free to the bound form to protein kinase A catalytic subunit." <u>Cristina Olivieri</u>, Geoffrey Li, Jonggul Kim, Fernando Porcelli, Matthew Neibergall, Joseph M Muretta, David D Thomas, Susan S Taylor, Veglia Gianluigi, 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)</i> | |
| <i>"Spectroscopic studies of the intrinsically disordered protein kinase A inhibitor PKI,"</i> Benjamin Stultz, Geoffrey Li, <u>Cristina Olivieri</u> , Gianluigi Veglia, Matthew Neibergall, The Biophysical Society (PBS) - Annual Meeting, Los Angeles, Marzo 2016, California, USA | |
| <i>"Elucidating the Mechanism of Recognition and Binding of Protein Kinase Inhibitor by Protein Kinase a using NMR and Fluorescence Spectroscopy,"</i> Geoffrey Li, <u>Cristina Olivieri</u> , Matthew Neibergall, Jonggul Kim, Susan Taylor, Joseph Muretta, Gianluigi Veglia, The Biophysical Society (PBS) - Annual Meeting, Los Angeles, Marzo 2016, California, USA | |

ALTRE INFORMAZIONI

| |
|--|
| ORCID: https://orcid.org/0000-0001-6957-6743 |
|--|



| |
|---|
| Scopus: https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=54796775000 |
| Membro dell' ASBMB dal 2015 al 2022 |
| <p>Professional skills</p> <ul style="list-style-type: none">• Spettroscopia NMR applicata allo studio di macromolecole biologiche• Linux platform, NMR data processing e analysis (TopSpin, NMRPipe, Sparky, POKY, CHESCA, CONCISE) and calculation of the 3D structure of macromolecules (Xplor-NIH, TALOS)• Spettroscopia di fluorescenza• Spettroscopia UV-Visibile• Espressione e purificazione di proteine eterologhe espresse in ospiti batterici• Tecniche cromatografiche per la purificazione di proteine solubili e di membrana• Sintesi di peptidi e purificazione attraverso HPLC• isothermal titration calorimetry (ITC)• Software for big data analysis: GraphPad, Origin, MatLab• Microsoft Office (Words, PowerPoint, Excel) <p>Adobe Platform (illustrator and Photoshop);</p> |

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.

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: _Milano_, _19/12/2024_____