



**UNIVERSITÀ
DI SIENA**
1240

DIPARTIMENTO DI
**MEDICINA MOLECOLARE
E DELLO SVILUPPO**
— DMMS

Università degli Studi di Siena
Dottorato di Ricerca in Medicina Molecolare

Scheda Relazione Annuale Dottorando
(da redigere in lingua inglese)

Pisa, 29/09/2025

Al Collegio Docenti del Dottorato in Medicina Molecolare

dott./dr.ssa _____Martina Magrini_____

ciclo__40°__ tutor__Prof.ssa Federica Gemignani_____

Attività scientifica svolta nel 1°/2° anno di Dottorato, Anno
Accademico__2024/2025__

(massimo 2000 caratteri totali, spazi inclusi) descrivere brevemente la propria ricerca.

Viral infections are responsible for approximately 10–15% of all human cancers worldwide. The most recognized oncogenic viruses include human papillomavirus (HPV), hepatitis B virus (HBV), hepatitis C virus (HCV), and Epstein–Barr virus (EBV). Their oncogenic mechanisms involve continuous expression of viral oncoproteins, indirect effects like chronic inflammation and tissue damage, or direct effects such as integration of the viral genome into the host DNA. Viral integration is a key mechanism driver cancer, as exemplified by HBV integration in liver cancer. Some studies suggest viral infections may also contribute to pancreatic cancer, though their role remains unclear.

To overcome the limitations of next-generation sequencing (NGS) technologies, which rely on short reads, we employed a long-read sequencing approach. We selected 10 PDAC patients (5 females and 5 male) with a mean age of 71.6 years. Genomic DNA was extracted from tumor tissue samples using the Nanobind PanDNA kit and sequenced with the PacBio Revio System. Sequencing reads were first aligned to the human reference genome using pbmm2-Mapper, followed by variant calling with pbsv-Variant Caller and DeepVariant. To assess methylation probabilities, we applied pb-CpG-tools.

We obtained an average read length of 15,126 bp and approximately 8,000,000 total reads per sample, with a mean coverage of 40X. Variant calling yielded, on average, ~4 million SNPs, 537,865 small insertions, 517,684 small deletions, 12,680 missense variants, and 4,397 stop-gained variants per sample. In addition, we identified ~25,293 larger insertions



**UNIVERSITÀ
DI SIENA**
1240

DIPARTIMENTO DI
**MEDICINA MOLECOLARE
E DELLO SVILUPPO**
— DMMS

and ~24,255 larger deletions per sample. The next analyses will focus on aligning the sequencing data to reference viral genomes to investigate the presence of potential breakpoints. This will allow us to identify putative chimeric reads resulting from the integration of viral DNA into the human genome.

Attività didattica (seguire le indicazioni [1](#) e [2](#) online per il calcolo CFU. Deve essere congruente con le schede mensili)

- CFU **totali** conseguiti per le frequenze di didattica frontale: **10.5 CFU**
- Seminari (indicare relatore e data del/i seminario/i. Aggiungere righe se necessario)
 1. *Antonio Giovanni Solimando, 16.12.2024 (1 CFU)*
 2. *Pavel Vodicka, 17.02.2025 (1 CFU)*
 3. *Dr. David Scott and Prof. Karen Vousden, 20.03.2025 (0.5 CFU)*
 4. *Prof. Piero Carninci (Human Technopole), 28.03.2025 (0.5 CFU)*
 5. *Antonio Sica, 29.05.2025 (0.5 CFU)*
 6. *Prof. Sarah Moore, 23.06.2025 (0.5 CFU)*
 7. *Ari M. Melnick, MD (Weill Cornell Medical College), 14.07.2025 (1 CFU)*
 8. *Juan Valcárcel, PhD, 15.07.2025 (1 CFU)*
 9. *Elisa Oricchio, PhD, 16.07.2025 (1 CFU)*
 10. *Beatrice Bodega, PhD, 17.07.2025 (1 CFU)*
 11. *Ana Cvejic, PhD, 18.07.2025 (1 CFU)*

CFU conseguiti per questa attività: 9 CFU (indicare CFU **totali** da Novembre '24 a Ottobre '25)

- Soft Skills (indicare nome e data del/i corso/i. Aggiungere righe se necessario)
 1. La ricerca statistica, 09.04.2025 (1 CFU)
 2. Open access and academic copyright, 11.06.2025 (0.5 CFU)
 3. Learning Technologically – Esperienze reali e artificiali per la didattica: MOODLE, 18.06.2025 (0.5 CFU)
 4. Nozioni base sulla tutela della proprietà intellettuale, 19.06.2025 (0.5 CFU)
 5. Ricerche bibliografiche, bibliometria e open access & science, 09.07.2025 (0.5 CFU)
 6. The story of the European Union and how it funds research, 09.07.2025 (0.5 CFU)
 7. Science and Society: continuity and change, 11.09.2025 (1 CFU)
 8. Ricerca, didattica, public engagement: come muoversi oggi, 25.09.2025 (1 CFU).
 9. Embase: la più grande banca dati bibliografica europea per le scienze mediche e farmaceutiche, 06.10.2025 (1 CFU).
 10. From Bench to Boardroom: My Startup Journey, 07.10.2025 (da seguire, 0.5 CFU)



**UNIVERSITÀ
DI SIENA**
1240

DIPARTIMENTO DI
**MEDICINA MOLECOLARE
E DELLO SVILUPPO**
— DMMS

CFU conseguiti per questa attività: 7.0 CFU (indicare CFU **totali** da Novembre '24 a Ottobre '25)

- Partecipazione a congressi (indicare nome e data del/i congressi/i, titolo della/e presentazione-i/poster/abstract, autori)
 1. SIMAG 2025 Genomic Integrity and Environmental Challenges: From Mechanisms to Public Health. 25.06.2025–27.06.2025, Pisa. Presentazione Poster. (1 CFU).
“Investigating lymphoid clonal haematopoiesis as a predisposing factor in the evolution of Multiple Myeloma”. Martina Magrini, Marianna Vitiello, Giulia Parri, Sara Mori, Maria Livia Del Giudice, Gabriele Buda, Fabio Marroni, Federica Gemignani, Stefano Landi.
 2. Scuola di Genetica a Cortona *“Advances and Perspectives in Cancer Genetics and Epigenetics.”* 03.10.2025–04.10.2025 (0.5 CFU).
 - 3.

CFU conseguiti per questa attività: 1,5 CFU (indicare CFU **totali** da Novembre '24 a Ottobre '25)

Nome e Cognome: Martina Magrini



**UNIVERSITÀ
DI SIENA**
1240

DIPARTIMENTO DI
**MEDICINA MOLECOLARE
E DELLO SVILUPPO**
— DMMS

Mese	Webinar - Seminari	Didattica	PhD Day / Graduation day	Congressi	Soft Skills
Dicembre 2024	1 CFU				
Gennaio 2025					
Febbraio 2025	1 CFU		1 CFU		
Marzo 2025	1 CFU				
Aprile 2025		7,5 CFU			1 CFU
Maggio 2025	0.5 CFU		1 CFU		
Giugno 2025	0.5 CFU	3 CFU		1 CFU	1,5 CFU
Luglio 2025	5 CFU				1 CFU
Agosto 2025					
Settembre 2025					2 CFU
Ottobre 2025				0.5 CFU	1,5 CFU
	Totale: 9 CFU	Totale: 10,5 CFU	Totale: 2 CFU	Totale: 1,5 CFU	Totale: 7 CFU

Numero di Matricola: 152120

- Eventuali soggiorni in altri laboratori italiani o esteri