

## Dott.ssa De Benedittis Caterina

### 1. Dati personali

Nome: **CATERINA**  
Cognome: **DE BENEDITTIS**  
Data di nascita: **07/07/1983**  
Luogo di nascita: **FOGGIA (ITALY)**  
Cittadinanza: **ITALIANA**

---

### 2. Contatti

Telefono: **+39-051-6363791 / +39-051-6360401**  
Email: **caterin.debenedittis@studio.unibo.it**  
**caterina.de@unibo.it**

---

### 3. Istruzione ed esperienze professionali

- 2009-2010:

Dipartimento di Medicina Specialistica, Diagnostica e Sperimentale (DIMES), Ematologia ed Oncologia Medica "L. e A. Seràgnoli", Università degli Studi di Bologna.

→ ***Internato di Laurea*** presso il Laboratorio di Biologia Molecolare "Candida Fiorini". Utilizzo delle principali tecniche di laboratorio che spaziano dalle metodiche di diagnostica a quelle di biologia molecolare per le più importanti neoplasie ematologiche: Leucemie Philadelphia-positive e Mastocitosi.

- 2010

Dipartimento di Medicina Specialistica, Diagnostica e Sperimentale (DIMES), Ematologia ed Oncologia Medica "L. e A. Seràgnoli", Università degli Studi di Bologna.

→ ***Laurea Specialistica in Scienze Biologiche Sanitarie*** conseguita con la votazione di 109/110.

Titolo della tesi: "*Caratterizzazione di nuove alterazioni genomiche nei pazienti affetti da Leucemia Mieloide Cronica in crisi blastica mediante Snp-Arrays*". Utilizzo della tecnologia di SNP-array per l'analisi e la caratterizzazione genomica ad altissima risoluzione delle principali alterazioni molecolari responsabili della patogenesi, progressione e dei meccanismi di farmaco resistenza in pazienti affetti da Leucemia Mieloide Cronica in crisi blastica. Studio di copy number alterations (CNA) come amplificazioni e delezioni, perdita di eterozigosi (LOH), disomia uniparentale (UPD), traslocazioni cromosomiche potenzialmente coinvolte nella progressione della malattia

- 2010

Università degli Studi di Bologna.

→ **Abilitazione all'esercizio della professione di Biologo**

- 2010-2012

Dipartimento di Medicina Specialistica, Diagnostica e Sperimentale (DIMES), Ematologia ed Oncologia Medica "L. e A. Seràgnoli", Università degli Studi di Bologna.

→ **Titolare di borsa di studio** erogata dall'Università degli Studi di Bologna.

Titolo del progetto: *"Caratterizzazione delle alterazioni associate alla resistenza agli inibitori delle tirosino-chinasi e alla progressione della malattia nella Leucemia Mieloide Cronica mediante tecniche di analisi Genome-Wide"*. Utilizzo della tecnologia SNP-array per lo screening e la cariotipizzazione genomica ad altissima risoluzione di pazienti affetti da Leucemia Mieloide Cronica in crisi blastica al fine di individuare alterazioni genetiche submicroscopiche potenzialmente associate alla progressione di malattia. Studio di geni chiave coinvolti nella regolazione del ciclo cellulare, della proliferazione cellulare e dell'apoptosi.

- 2012-2014

Dipartimento di Medicina Specialistica, Diagnostica e Sperimentale (DIMES), Ematologia ed Oncologia Medica "L. e A. Seràgnoli", Università degli Studi di Bologna.

→ **Titolare di Assegno di Ricerca** erogato dall'Università degli Studi di Bologna.

Titolo del progetto: *"La tecnologia del Next-Generation Sequencing ed il suo potenziale impatto sulla gestione dei pazienti con Leucemia Philadelphia-positiva"*. Messa a punto e validazione di una strategia di amplificazione e sequenziamento ad altissima sensibilità del dominio tirosin-chinasico del gene Bcr-Abl in pazienti affetti da Leucemia Philadelphia-positiva eresistenti ai principali inibitori delle tirosino-chinasi sulla piattaforma di Next-Generation Sequencing 454 GS-Junior della Roche al fine di caratterizzarne i meccanismi di farmaco-resistenza.

- Dal 2014 ad oggi

Dipartimento di Medicina Specialistica, Diagnostica e Sperimentale (DIMES), Ematologia ed Oncologia Medica "L. e A. Seràgnoli", Università degli Studi di Bologna.

→ **Titolare di Assegno di Ricerca** erogato dall'Università degli studi di Bologna.

Titolo del progetto: *"Utilizzo del Next-Generation Sequencing per l'ottimizzazione della terapia con inibitori delle tirosinochinasi nei pazienti con Leucemia Philadelphia-positiva"*. Dopo la recente messa a punto e validazione della metodica di sequenziamento ad alta risoluzione del gene BCR-ABL questo progetto mira ad indagare se:

- Una maggiore sensibilità permetta di individuare più precocemente cloni mutati emergenti in pazienti che abbiano persistenza o ricomparsa di malattia a livello molecolare ma non ancora evidenza di ricaduta clinica;
- Una maggiore sensibilità permetta di individuare mutazioni resistenti agli inibitori di seconda generazione in una percentuale maggiore di pazienti che discontinuano imatinib per inefficacia e devono essere indirizzati ad un inibitore alternativo;
- Una maggiore sensibilità permetta di individuare mutazioni emergenti resistenti agli inibitori di seconda generazione in particolare modo durante lo switch da un inibitore ad un altro;
- Nella farmacoresistenza sono coinvolti mutazioni a carico di altri geni. Un discovery set costituito da 10 pazienti negativi per mutazioni di Bcr-Abl verrà studiato mediante wholeexome sequencing su una piattaforma Illumina

- 2015

Dipartimento di Medicina Specialistica, Diagnostica e Sperimentale (DIMES), Ematologia ed Oncologia Medica "L. e A. Seràgnoli", Università degli Studi di Bologna.

→ **Dottorato di Ricerca in Scienze Biomediche.**

Titolo della tesi: *"Messa a punto e validazione di una strategia di sequenziamento ad altissima sensibilità del dominio tirosin-chinasico del gene Bcr-Abl mediante tecnologia di Next-Generation Sequencing in pazienti affetti da Leucemia Philadelphia-positiva in corso di trattamento con inibitori delle tirosin-chinasi".* Messa a punto e validazione di una strategia di amplificazione e sequenziamento ad altissima sensibilità del dominio-tirosinchinasico del gene Bcr-Abl in pazienti affetti da Leucemia Philadelphia-positiva e resistenti ai principali inibitori delle tirosin-chinasi sulla nuova piattaforma di Next-Generation Sequencing 454 GS-Junior della Roche. Lo scopo di questo studio è stato quello di sfruttare l'elevata sensibilità di questa metodica al fine di:

1. Individuare più precocemente quei pazienti destinati a sviluppare mutazioni responsabili della farmaco resistenza agli inibitori delle Tirosino-chinasi;
2. Identificare, molto prima del D-HPLC o del sequenziamento convenzionale, la presenza di piccoli subcloni mutati o resistenti sia durante la diagnosi che durante la terapia;
3. Dissezionare qualitativamente e quantitativamente la complessità delle popolazioni Philadelphia-positiva mutate in grado di sopravvivere alla terapia con gli inibitori delle Tirosino-chinasi,
4. Studiare la loro architettura clonale e seguirne l'evoluzione nel corso del tempo in relazione anche al tipo di terapia effettuata
5. Analizzare longitudinalmente e retrospettivamente pazienti ricaduti in seguito all'insorgenza di mutazioni puntiformi dopo una o più linee di terapia con inibitori delle tirosino-chinasi
6. Discriminare la presenza di cloni doppio-mutati dovuta a linee multiple di terapia.

Questo lavoro è stato svolto in collaborazione con 10 laboratori di 8 paesi diversi nell'ambito di un gruppo di lavoro internazionale definito IRON-II (International **R**obustnessof **N**ext-Generation Sequencing) il cui scopo è stato quello di valutare l'affidabilità, la robustezza e la riproducibilità intra- ed inter-laboratorio di questa strategia per standardizzarla nell'ottica di una futura applicazione diagnostica.

---

#### 4. Competenzetecniche e informatiche

Tecniche di biologia molecolare finalizzate alla diagnostica ed alla ricerca oncoematologica:

- Separazione di cellule mononucleate da midollo osseo o sangue periferico mediante gradiente di densità;
- Estrazione di DNA/RNA/PROTEINE da cellulee sangue intero;
- Dosaggio spettrofotometrico di proteine ed acidi nucleici;
- RT-PCR, PCR e Real Time PCR;
- Clonaggio di sequenze di DNA in vettori plasmidici;
- Tecnologie di analisi mutazionale:
  - RFLP (Digestione enzimatica),
  - Sequenziamento diretto mediante SangerSequencing,
  - Utilizzo di D-HPLC per l'analisi mutazionale,
  - Sequenziamento mediante tecnologie di Next-Generation Sequencing (454 Roche);
- Cariotipizzazione ad alta risoluzione mediante tecnologia SNP arrays (Affymetrix);
- Utilizzo di softwares per la lettura e l'analisi di sequenze nucleotidiche ottenute con sequenziamento automatico;
- Utilizzo di softwares per il disegno di primers e sonde per PCR convenzionale e quantitativa;
- Utilizzo di banche-dati online;
- Buona conoscenza di Windows;
- Ottima conoscenza del pacchetto Office: Word, Power Point, Access, Excel.

---

#### 5. Pubblicazioni

L'attività scientifica svolta presso il Laboratorio di Biologia Molecolare si compendia di 5 pubblicazioni internazionali a notevole fattore d'impatto:

1. De Matteis G, Zanotti R, Colarossi S, **De Benedittis C**, Garcia-Montero A, Bonifacio M, Sartori M, Aprili F, Caruso B, Paviati E, Carli G, Perbellini O, Zamò A, Bonadonna P, Pizzolo G, Guidi G, Martinelli G, Soverini S. *The impact of sensitive KIT D816V detection on recognition of IndolentSystemicMastocytosis*. Leuk Res. 2014
2. Machova Polakova K, Kulvait V, Benesova A, Linhartova J, Klamova H, Jaruskova M, **De Benedittis C**, Haferlach T, Baccarani M, Martinelli G, Stopka T, Ernst T, Hochhaus A, Kohlmann

A, Soverini S. *Next-generation deep sequencing improves detection of BCR-ABL1 kinase domain mutations emerging under tyrosine kinase inhibitor treatment of chronic myeloid leukemia patients in chronic phase.* J Cancer Res ClinOncol. 2014

3. Baccarani M, Soverini S, **De Benedittis C.** *Molecular monitoring and mutations in chronic myeloid leukemia: how to get the most out of your tyrosine kinase inhibitor.* Am SocClinOncol Educational Book. 2014
4. Soverini S, **De Benedittis C,** Papayannidis C, Paolini S, Venturi C, Iacobucci I, Luppi M, Bresciani P, Salvucci M, Russo D, Sica S, Orlandi E, Intermesoli T, Gozzini A, Bonifacio M, Rigolin GM, Pane F, Baccarani M, Cavo M, Martinelli G. *Drug resistance and BCR-ABL kinase domain mutations in Philadelphia chromosome-positive acute lymphoblastic leukemia from the imatinib to the second-generation tyrosine kinase inhibitor era: The main changes are in the type of mutations, but not in the frequency of mutation involvement.* Cancer. 2014
5. Soverini S, **De Benedittis C,** Machova Polakova K, Brouckova A, Horner D, Iacono M, Castagnetti F, Gugliotta G, Palandri F, Papayannidis C, Iacobucci I, Venturi C, Bochicchio MT, Klamova H, Cattina F, Russo D, Bresciani P, Binotto G, Giannini B, Kohlmann A, Haferlach T, Roller A, Rosti G, Cavo M, Baccarani M, Martinelli G. *Unraveling the complexity of tyrosine kinase inhibitor-resistant populations by ultra-deep sequencing of the BCR-ABL kinase domain.* Blood 2013
6. Soverini S, Gnani A, **De Benedittis C,** Castagnetti F, Gugliotta G, Iacobucci I, Palandri F; Rosti G, Testoni N, Luatti S, Marzocchi G, Baccarani M, Martinelli G. *Low-level Bcr-Abl mutations are very rare in chronic myeloid leukemia patients who are in major molecular response on first-line nilotinib.* Leuk Res 2011

## 6. Attività scientifica e partecipazione a congressi e seminari

1. Soverini S, Poerio A, **De Benedittis C,** Iacobucci I, Colarossi S, Gnani A, Castagnetti F, Palandri F, Gugliotta G, Amabile M, Rosti G, Baccarani M, Martinelli G. *In chronic myeloid leukemia patients who are in major molecular response after 12 months of first-line nilotinib therapy, low level bcr-abl kinase domain mutations are very rare.* (SIES 11<sup>th</sup>, Torino). Haematologica 2010; 95(s3). Poster 129
2. Simona S, Poerio A, Ferrarini A, Iacobucci I, **De Benedittis C,** Sazzini M, Giacomelli E, Xumerle L, Colarossi S, Gnani A, Castagnetti F, Palandri F, Gugliotta G, Amabile M, Baccarani M,

Delledonne M, and Martinelli G. Whole-transcriptome sequencing in chronic myeloid leukemia reveals novel gene mutations that may be associated with disease pathogenesis and progression. *Cancer Research*. April 15, 2011; Volume 71, Issue 8, Supplement 1. Abstract 309(AACR 102nd Annual Meeting 2011- Orlando, FL)

3. Soverini S, Gnani A, **De Benedittis C**, Castagnetti F, Gugliotta G, Breccia M, Abruzzese E, Sorà F, Pregno P, Baratè C, Orlandi E, Merante S, Gangemi D, Specchia G, Capucci A, Russo D, Giannini B, Iacobucci I, Amabile M, Bochicchio MT, Palandri F; Pane F, Saglio G, Rosti G, Baccarani M, Martinelli G. Bcr-Abl kinase domain mutations in Imatinib and in second-generation tyrosine kinase inhibitor eras: a review of seven years of mutation analysis by the Gimema CML working party. *Haematologica (EHA 16<sup>th</sup>, London)*. June 2011. 96(s2) Abstract 0486.
4. Soverini S, Gnani A, **De Benedittis C**, Castagnetti F, Gugliotta G, Breccia M, Pregno P, Abruzzese E, Sorà F, Baratè C, Gangemi D, Capucci A, Girasoli M, Orlandi E, Specchia G, Russo D, Giannini B, Poletti G, Iacobucci I, Bochicchio MT, Pane F, Saglio G, Rosti G, Baccarani M, Martinelli G. Seven year-experience of Bcr-Abl mutation analysis in Philadelphia-Chromosome positive (PH+) patients on Imatinib (IM) or 2nd-generation tyrosine kinase inhibitors (TKIS): by the GIMEMA CML working party. (43<sup>o</sup> SIE, Napoli). *Haematologica* 2011 96(s3) Abstract C083.
5. Soverini S, **De Benedittis C**, Gnani A, Iacobucci I, Russo D, Cattina F, Castagnetti F, Gugliotta G, Papayannidis C, Vitale A, Elia L, Foà R, Calandri F, Lonetti A, Bochicchio MT, Durante S, Rosti G, Baccarani M, Martinelli G. Ultra-Deep Amplicon Sequencing using Roche 454 Technology allows high sensitivity Bcr-Abl Kinase Domain Mutation screening and anticipates emerging mutations leading to resistance to Tyrosine Kinase Inhibitors in Philadelphia-Positive leukemia patients. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2011; 118:3775.
6. Soverini S, Gnani A, **De Benedittis C**, Castagnetti F, Gugliotta G, Bochicchio MT, Calandri F, Arpinati M, Bonifazi F, Abruzzese E, Sorà F, Alimena G, Pregno P, Specchia G, Russo D, Pane F, Saglio G, Salvucci M, Zaccaria A, Poletti G, Giannini B, Iacobucci I, Lonetti A, Durante S, Rosti G, Baccarani M, and Martinelli G. Validation of the New European LeukemiaNet (ELN) Recommendations for Bcr-Abl Kinase Domain Mutation Analysis In Chronic Myeloid Leukemia: An Analysis of the GIMEMA CML Working Party Studies. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2011; 118:112.
7. Soverini S, Gnani A, **De Benedittis C**, Iacobucci I, Lonetti A, Papayannidis C, Potenza L, Luppi M, Merante S, Malagola M, Russo D, Tiribelli M, Salvucci M, Zaccaria A, Giannini B, Poletti G,

Vitale A, Elia L, Vignetti M, Foà R, Bacarani M, Martinelli G. Drug resistance and Bcr-Abl kinase domain mutations in Philadelphia-positive Acute Lymphoblastic Leukemia from the Imatinib to the 2nd-generation tyrosine kinase inhibitor era: the main changes are in the type of mutations, but not in the frequency of mutation involvement. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2011; 118:575.

8. Bonifacio M, De Matteis G, **De Benedittis C**, Perbellini O, Zamò A, Bonadonna P, Paviati E, Artuso A, Soverini S, Pizzolo G, Martinelli G, Zanotti R. Improved Detection of the KIT D816V Mutation Using a Real-Time PCR Assay Allows a Finer Recognition of Patients with Indolent Systemic Mastocytosis. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2011; 118: Abstract 5163.
9. Soverini S, Gnani A, **De Benedittis C**, Iacobucci I, Venturi C, Papayannidis C, Luppi M, Merante S, Malagola M, Russo D, Tiribelli M, Salvucci M, Vitale A, Elia L, Vignetti M, Foà R, Bacarani M, Martinelli G. Bcr-abl kinase domain mutations and resistance in Ph+ acute lymphoblastic leukemia from the imatinib to the 2nd-generation TKI era. *J ClinOncol* 30, 2012 (suppl; abstr 6531) ([ASCO Annual Meeting](#) 2012, Chicago)
10. Soverini S, **De Benedittis C**, Gnani A, Iacobucci I, Castagnetti F, Gugliotta G, Papayannidis C, Cattina F, Russo D, Pantaleo MA, Rosti G, Bacarani M, Martinelli G. Resistance to second-line tyrosine kinase inhibitor treatment in Imatinib-resistant Philadelphia-positive leukemia patients can be anticipated by ultra-deep sequencing of the Bcr-Abl kinase domain using Roche 454 technology. *Cancer Research*: April 15, 2012; Volume 72, Issue 8, Supplement 1. Abstract 1884 (AACR 103rd Annual Meeting 2012, Chicago, IL)
11. Soverini S, **De Benedittis C**, Cattina F, Broučková A, MachováPoláková K, Russo D, Gnani A, Iacobucci I, Bochicchio MT, Castagnetti F, Gugliotta G, Palandri F, Papayannidis C, Klamová H, Vitale A, Vignetti M, Foà R, Rosti G, Bacarani M, Martinelli G. High sensitivity mutation screening and clonal analysis allowed by ultra-deep amplicon sequencing uncover the complexity of Bcr-Abl mutation status in patients treated with tyrosine kinase inhibitors. *Haematologica*, (EHA 17<sup>th</sup>, Amsterdam) June 2012. Abstract 1103
12. Soverini S, **De Benedittis C**, Machova Polakova K, Brouckova A, Castagnetti F, Papayannidis C, Gugliotta G, Palandri F, Klamova H, Iacobucci I, Venturi C, Cattina F, Bresciani P, Coluccio V, Salvucci M, Tiribelli M, Bionotto G, Intermesoli T, Luppi M, Bochicchio MT, Ottaviani E, Russo D, Rosti G, Bacarani M, Martinelli G. Dissecting the complexity of Philadelphia-Positive mutated populations by Ultra-Deep Sequencing of the Bcr-Abl Kinase Domain: biological and clinical implications. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2012; 120: 692.

13. Soverini S, **De Benedittis C**, Machova Polakova K, Brouckova A, Papayannidis C, Bresciani P, Coluccio V, Iacobucci I, Venturi C, Luppi M, Ottaviani E, Cattina F, Foà R, Vitale A, Russo D, Baccarani M, Martinelli G. Ultra-deep sequencing of the Bcr-Abl Kinase Domain allows earlier detection and more accurate characterization of resistant subclones in Philadelphia-Positive Acute Lymphoblastic Leukemia patients receiving tyrosine kinase inhibitor-based therapies. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2012; 120: 284.
14. Papayannidis C, Fazi P, Piciocchi A, Di Raimondo F, Pizzolo G, Carella AM, Cazzola M, Cuneo A, Iaconi P, Luppi M, Morra E, Specchia G, Angelucci E, Bocchia M, Fanin R, Saglio G, Vallisa D, De Simone S, Vitale A, Iacobucci I, Soverini S, Ferrari A, Venturi C, **De Benedittis C**, Testoni N, Curti A, Paolini S, Fogli M, Martinelli G, Baccarani M. Treating Ph+ Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) in the elderly: the sequence of two Tyrosine Kinase Inhibitors (TKI) (Nilotinib and Imatinib) does not prevent mutations and relapse. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2012; 120: 2601
15. Papayannidis C, Abbenante MC, Parisi S, Paolini S, Iacobucci I, Frabetti F, Ottaviani E, Ferrari A, Guadagnuolo V, Sartor C, Soverini S, **De Benedittis C**, Baldazzi C, Testoni N, Baccarani M, Martinelli G. PKC412 (Midostaurin) Is Safe and Highly Effective in Systemic Mastocytosis Patients: The Bologna Experience. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2012; 120: 1749.
16. Brouckova A, Soverini S, **DeBenedittis C**, Klamova H, Salek C, Trneny M, Baccarani M, Martinelli G, Machova Polakova K. Ultradeep-AmpliconPyrosequencing for Mutation Detection in the Kinase Domain of BCR-ABL Revealed Artificial Low-Level Variants That Need to Be Avoided for Relevant Mutational Data Interpretation. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts)*, Nov 2012; 120:1396.
17. Soverini S, **De Benedittis C**, Castagnetti F, Papayannidis C, Gugliotta G, Iacobucci I, Venturi C, Bochicchio MT, Cattina F, Russo D, Rosti G, Baccarani M, Martinelli G. High sensitivity mutation monitoring and clonal analysis by ultra-deep amplicon sequencing uncover the complexity of Bcr-Abl mutation status in Philadelphia-positive patients treated with Tyrosine Kinase Inhibitors. XII Congress of the Italian Society of Experimental Hematology, Roma, October 17-19, 2012. *Haematologica*. 2012; 97(s2). Oral communications BEST-04
18. Soverini S, **De Benedittis C**, Papayannidis C, Vitale A, Iacobucci I, Venturi C, Luppi M, Bresciani P, Coluccio V, Vignetti M, Foà R, Baccarani M, Martinelli G. Bcr-Abl kinase domain mutation monitoring by Ultra-Deep Amplicon sequencing may anticipate emerging inhibitor-resistant mutations in Philadelphia-positive Acute Lymphoblastic leukemia patients. XII

Congress of the Italian Society of Experimental Hematology, Roma, October 17-19, 2012. Haematologica 2012; 97(s2). Oral Communications. CO-007

19. Cattina F, Iacobucci I, Ottaviani E, Soverini S, Carella G, Malagoli A, Malagola M, Skert C, Bergonzi C, Fili C, Turra A, Bernardi S, **De Benedittis C**, Bochicchio MT, Guadagnuolo V, Martinelli G, Russo D. HLA-typing by pyrosequencing technology: a new promising quickly and accurate approach without phase ambiguities. XII Congress of the Italian Society of Experimental Hematology, Roma, October 17-19, 2012. Haematologica 2012; 97(s2) PO-039
  
20. Papayannidis C, Abbenante MC, Parisi S, Paolini S, Iacobucci I, Ottaviani E, Ferrari A, Guadagnuolo V, Sartor C, Curti A, Soverini S, **De Benedittis C**, Baldazzi C, Testoni N, Baccarani M, Martinelli G. PKC412 (MIDOSTAURIN) is safe and highly effective in systemic mastocytosis patients: the Bologna experience. XII Congress of the Italian Society of Experimental Hematology, Roma, October 17-19, 2012. Haematologica 2012; 97(s2) CO-094
  
21. Leo E, Mancini M, Luatti S, Castagnetti F, Borsi E, Iacobucci I, Soverini S, **De Benedittis C**, Santucci MA, Martinelli G. Reduced expression of chibby is a component of beta-catenin inactivation in chronic myeloid leukemia stem cells. Haematologica 2013; 98(s1). EHA 18<sup>th</sup> Stockholm, Sweden, June 13-16, 2013. P118
  
22. **De Benedittis C**, Soverini S, Machova Polakova K, Brouckova A, Castagnetti F, Gugliotta G, Palandri F, Papayannidis C, Klamova H, Bresciani P, Coluccio V, Salvucci M, Tiribelli M, Binotto G, Intermesoli T, Iacobucci I, Venturi C, Luppi M, Ottaviani E, Bochicchio MT, Cattina F, Manuela M, Elisa L, Haferlach T, Kohlmann A, Russo D, Rosti G, Baccarani M, Cavo M, Martinelli G. Deep sequencing of the BCR-ABL kinase domain reveals a frequency of 35INS insertion/truncation higher than expected. Haematologica 2013; 98(s1). EHA 18<sup>th</sup> Stockholm, Sweden, June 13-16, 2013. Poster P122
  
23. Cattina F, Skert C, Bernardi S, Ottaviani E, Bochicchio MT, Iacobucci I, Soverini S, Bonifazi F, Arpinati M, Motta MR, Toffoletti E, Damiani D, Santoro A, Fabbiano F, Pastore D, Specchia G, Console G, Martino B, Guadagnuolo V, **De Benedittis C**, Malagola M, Bergonzi C, Fili C, Turra A, Ribolla R, Cancelli V, Alghisi E, Perucca S, Di Palma A, Martinelli G, Russo D. Multi-genotype of minor histocompatibility antigens (MHAGS) to study graft versus host disease (GVHD) and graft versus leukemia (GVL) effects in allogeneic stem cell transplantation. Haematologica 2013; 98(s1). EHA 18<sup>th</sup> Stockholm, Sweden, June 13-16, 2013. S1183

24. Cattina F, Bernardi S, Iacobucci I, Soverini S, Ottaviani E, Carella G, Malagoli A, Malagola M, Skert C, Bergonzi C, Fili C, Alghisi E, Perucca S, Di Palma A, **De Benedittis C**, Bochicchio MT, Guadagnuolo V, Martinelli G, Russo D. Pyrosequencing is a new promising approach to perform HLA typing in a quickly, simple and accurate way. *Haematologica* 2013; 98(s1). EHA 18<sup>th</sup> Stockholm, Sweden, June 13-16, 2013. P876
25. Brouckova A, Soverini S, Kulvait V, Kohlmann A, Jaruskova M, **De Benedittis C**, Klamova H, Trnny M, Haferlach T, Bacarani M, Martinelli G, Machova Polakova K. Ultra-deep sequencing with computed thresholds for sensitive mutation analysis in the kinase domain of BCR-ABL: focused on deep mutation detection in chronic myeloid leukemia in chronic phase. *Haematologica* 2013; 98(s1). EHA 18<sup>th</sup> Stockholm, Sweden, June 13-16, 2013. S1 101
26. **De Benedittis C**, Soverini S, Machova Polakova K, Brouckova A, Alikian M, Feroni L, Ozbek U, Erbilgin Y, Lion T, Preuner S, Hernandez JM, Abáigar M, Hochhaus A, Ernst T, Pane F, Kohlmann A, Haferlach T, Rosti G, Bacarani M, Martinelli G. Robustness, precision and reproducibility of ultra-deep sequencing for BCR-ABL KD mutations screening in Ph<sup>+</sup> leukemia TKIs-resistant patients: results from the IRON II (InterlaboratoryRObustness of Next-generation sequencing) International study. 15th International Conference on Chronic Myeloid Leukemia: Biology and Therapy. Estoril, Portugal, September 26 – 29, 2013. Oral presentation
27. **De Benedittis C**, Soverini S, Machova Polakova K, Brouckova A, Castagnetti F, Gugliotta G, Palandri F, Papayannidis C, Klamova H, Bresciani P, Salvucci M, Binotto G, Intermesoli T, Iacobucci I, Venturi C, Luppi M, Ottaviani E, Bochicchio MT, Mancini M, Leo E, Haferlach T, Kohlmann A, Russo D, Rosti G, Bacarani M, Cavo M, Martinelli G. Minor subclones harbouring small insertions and deletions probably due to aberrant splicing can frequently be detected by Deep Sequencing of The BCR-ABL Kinase Domain. European Leukemia Net Frontiers Meeting 2013: New Frontiers of myeloid neoplasias. Praga, Czech Republic, October 11-13 2013. Poster presentation.
28. **De Benedittis C**, Soverini S, Ernst T, Kohlmann A, Alikian M, Feroni L, Machova Polakova K, Brouckova A, Erbilgin, Hatirnaz O, Ozbek U, Robledo C, Maria Hernandez J, Musilova M, Barrio S, Martinez-Lopez J, Kastner R, Lion T, Haferlach T, Hochhaus A, Martinelli G. Sensitivity, Reproducibility and Clinical utility of Next-Generation Sequencing (NGS) for BCR-ABL1 Kinase domain Mutation screening: results from the CML Work Package of the IRON-II (InterlaboratoryRObustness Of Next-Generation Sequencing) International study. (ELN) European Leukemia Net Frontiers Meeting 2013: New Frontiers of myeloid neoplasias. Praga, Czech Republic, October 11-13 2013. Oral Communications and poster presentation.

29. Papayannidis C, Sartor C, Iacobucci I, Abbenante MC, Soverini S, **De Benedittis C**, Conficoni A, Bochicchio MT, Ferrari A, Guadagnuolo V, Ottaviani E, Testoni N, Baldazzi C, Luatti S, Parisi S, Paolini S, Clissa C, Di Bartolomeo P, Di Lorenzo R, Fanin R, Cimino G, Martinelli G. Ponatinib is safe and active in patients with relapsed/refractory Philadelphia positive acute lymphoblastic leukemia (PH+ ALL) harbouring T315I mutation: the Bologna experience. *Haematologica* 2013; 98(s3). (SIE 44<sup>th</sup>, Verona) October 20-23 2013. CO032
30. Bernardi S, Cattina F, Iacobucci I, Soverini S, Ottaviani E, Carella G, Malagoli A, Malagola M, Skert C, Bergonzi C, Fili C, Alghisi E, Perucca S, Di Palma A, **De Benedittis C**, Bochicchio MT, Guadagnuolo V, Martinelli G, Russo D. A new promising approach to perform HLA typing in a quick, simple and accurate way: the pyrosequencing. *Haematologica* 2013; 98(s3). (SIE 44<sup>th</sup>, Verona) October 20-23 2013. P083
31. De Matteis G, Zanotti R, Colarossi S, **De Benedittis C**, Benati M, Paviati E, Bonifacio M, Perbellini O, Bonadonna P, Martinelli G, Pizzolo G, Soverini S. Improved detection of the c-kit D816V mutation using allele-specific ARMS real time PCR assay allows a finer recognition of patients with indolent systemic mastocytosis. *Haematologica* 2013; 98(s3). (SIE 44<sup>th</sup>, Verona) October 20-23 2013. P087
32. Cattina F, Skert C, Bernardi S, Malagola M, Ottaviani E, Bochicchio MT, Iacobucci I, Soverini S, Bonifazi F, Bandini G, Arpinati M, Motta MR, Toffoletti E, Damiani D, Santoro A, Fabbiano F, Pastore D, Specchia G, Console G, Martino B, Carella G, Malagoli A, Guadagnuolo V, **De Benedittis C**, Bergonzi C, Fili C, Turra A, Ribolla R, Cancelli V, Alghisi E, Perucca A, Di Palma A, Martinelli G, Russo D. Multi-genotyping of minor histocompatibility antigens (MHAGS) to evaluate their role in determining graft versus host disease (GVHD) and graft versus leukemia (GVL) effects in allogeneic stem cell transplantation. *Haematologica* 2013; 98(s3). (SIE 44<sup>th</sup>, Verona) October 20-23 2013 **P105**
33. **De Benedittis C**, Soverini S, Machova Polakova K, Brouckova A, Castagnetti F, Gugliotta G, Palandri F, Papayannidis C, Klamova H, Bresciani P, Coluccio V, Salvucci M, Tiribelli M, Binotto G, Intermesoli T, Iacobucci I, Venturi C, Luppi M, Ottaviani E, Bochicchio MT, Cattina F, Mancini M, Leo E, Haferlach T, Kohlmann A, Russo D, Rosti G, Baccarani M, Cavo M, Martinelli G. High frequency of small insertions and deletions in the BCR-ABL Kinase Domain revealed by ultra-deep sequencing. *Haematologica* 2013; 98(s3). (SIE 44<sup>th</sup>, Verona) October 20-23 2013. Poster P183
34. Soverini S, **De Benedittis C**, Machova Polakova K, Brouckova A, Alikian M, Foroni L, Ozbek U, Lion T, Hernandez JM, Hochhaus A, Pane F, Kohlmann A, Haferlach T, Castagnetti F, Rosti G,

- Papayannidis C, Iacobucci I, Cattina F, Russo D, Baccarani M, Martinelli G. Sensitivity, reproducibility and clinical utility of ultra-deep sequencing for Bcr-Abl kinase domain mutation screening: results from the IRON (InterlaboratoryRObustness of next-generation sequencing ) international study. *Haematologica* 2013; 98(s3). (SIE 44<sup>th</sup>,Verona) October 20-23 2013 P187
35. Leo E, Mancini M, Luatti S, Castagnetti F, Gugliotta G, Borsi E, Soverini S, **De Benedittis C**, Santucci MA, Martinelli G. Reduced expression of Chibby is a component of Beta-catenin activation in Chronic Myeloid Leukemia stem cells. *Haematologica* 2013; 98(s3). (SIE 44<sup>th</sup>,Verona) October 20-23 2013 P315
36. Mancini M, Leo E, Castagnetti F, Gugliotta G, Luatti S, Borsi E, Soverini S, **De Benedittis C**, Santucci MA, Martinelli G. Reduced expression of Chibby in Chronic Myeloid Leukemia arises from the Bcr-Abl effects on its stability. *Haematologica* 2013; 98(s3). (SIE 44<sup>th</sup>,Verona) October 20-23 2013 P323
37. **De Benedittis C**, Soverini S, Machova Polakova K, Brouckova A, Castagnetti F, Gugliotta G, Palandri F, Papayannidis C, Klamova H, Bresciani P, Coluccio V, Salvucci M, Tiribelli M, Binotto G, Intermesoli T, Iacobucci I, Venturi C, Luppi M, Ottaviani E, Bochicchio MT, Cattina F, Manuela M, Leo E, Haferlach T, Kohlmann A, Russo D, Rosti G, Baccarani M, Cavo M, Martinelli G. Minor subclones harboring small insertions and deletions probably due to aberrant splicing can frequently be detected by Deep Sequencing of The BCR-ABL Kinase Domain. (ASH Annual Meeting Abstracts) *Blood* November 15, 2013 vol. 122 no. 21 3986
38. Soverini S, Ernst T, Kohlmann A, **De Benedittis C**, Alikian M, Foroni L, Machova Polakova K, Brouckova A, Erbilgin Y, Hatirnaz O, Ozbek U, Robledo C, Hernandez JM, Musilova M, Barrio S, Martinez-Lopez J, Kastner R, Lion T, Haferlach T, Hochhaus A, Martinelli G. Sensitivity, Reproducibility and Clinical Utility Of Next-Generation Sequencing (NGS) for BCR-ABL1 Kinase Domain Mutation Screening: Results From The CML Work Package Of The IRON-II (InterlaboratoryRObustness Of Next-Generation Sequencing) International Study. *Blood* (ASH Annual Meeting Abstracts) *Blood* November 15, 2013 vol. 122 no. 21 3824
39. Soverini S, **De Benedittis C**, Machova Polakova K, Brouckova A, Castagnetti F, Gugliotta G, Palandri F, Papayannidis C, Iacobucci I, Venturi C, Mancini M, Leo E, Klamova H, Paolini S, Russo D, Rosti G, Baccarani M, Cavo M, Martinelli G. Ultra Deep Sequencing (UDS) Allows More Sensitive Detection Of Tyrosine Kinase Inhibitor (TKI)-Resistant BCR-ABL Mutations That Would Influence Therapeutic Decision At The Time Of Switchover To Second- Or Third-Line Therapy *Blood* (ASH Annual Meeting Abstracts) *Blood* November 15, 2013 vol. 122 no. 21 380

40. Machova Polakova K, Kulvait V, Linhartova J, Brouckova A, Soverini S, Jaruskova M, **De Benedittis C**, Haferlach T, Baccarani M, Martinelli G, Kohlmann A, Klamova H. Algorithms and Processing Pipeline For Error Correction and Detection Of Significant Mutations In The Kinase Domain Of BCR-ABL Analyzed By Next-Generation Sequencing: Implications For Clinical Practice Of Chronic Myeloid Leukemia. *Blood (ASH Annual Meeting Abstracts) Blood* 2013 122:3987
41. Papayannidis C, **De Benedittis C**, Soverini S, Iacobucci I, Abbenante MC, Sartor C, Bochicchio MT, Ferrari A, Venturi C, Robustelli V, Ghelli Luserna Di Rorà A, Guadagnuolo V, Ottaviani E, Testoni N, Baldazzi C, Luatti S, Parisi S, Paolini S, Clissa C, Conficoni A, Frabetti F, Lani E, Piccari S, Di Bartolomeo P, Di Lorenzo R, Fanin R, Cimino G, Martinelli G. Ponatinib is well tolerated and active in patients with relapsed/refractory Philadelphia Positive Acute Lymphoblastic Leukemia (PH+ ALL) and advanced phase of Chronic Myelogenous Leukemia (CML) harbouring T315I Mutation: The Bologna Experience. (ASH Annual Meeting Abstracts). *Blood* November 15, 2013 vol. 122 no. 21. Poster 3911
42. Baccarani M, Soverini S, **De Benedittis C**. Molecular monitoring and mutations in chronic myeloid leukemia: how to get the most out of your tyrosine kinase inhibitor. *Am SocClinOncol Educational Book*. 2014:167-75. doi: 10.14694/EdBook\_AM.2014.34.167.
43. Papayannidis C, Soverini S, **De Benedittis C**, Rondoni M, Abbenante MC, Sartor C, Iacobucci I, Volpato F, Baldazzi C, Ottaviani E, Ferrari A, Guadagnuolo V, Conficoni A, Paolini S, Parisi S, Frabetti F, Piccari S, Lani E, Martinelli G. PKC412 (midostaurin) is safe and highly effective in systemic mastocytosis: Follow up of a single-center Italian compassionate use. *J ClinOncol* 32:5s, 2014 (suppl; abstr 7113)
44. **De Benedittis C**, Soverini S, Ernst T, Kohlmann A, Alikian M, Foroni L, Machova Polakova K, Brouckova A, Erbilgin Y, Hatimaz O, Ozbek U, Robledo C, Hernandez JM, Musilova M, Barrio S, Martinez-Lopez J, Kastner R, Lion T, Haferlach T, Hochhaus A, Martinelli G. Sensitivity, Reproducibility and Clinical utility of Next-Generation Sequencing (NGS) for BCR-ABL1 Kinase domain Mutation screening: results from the CML Work Package of the IRON-II (Interlaboratory Robustness Of Next-Generation Sequencing) International study. SPINETO 2014 CML ACADEMY. Sarteano (SI), 19/20 maggio 2014. Poster Presentation.
45. Papayannidis C, Soverini S, **De Benedittis C**, Abbenante MC, Sartor C, Iacobucci I, Baldazzi C, Ottaviani E, Ferrari A, Guadagnuolo V, Simonetti G, Conficoni A, Paolini S, Parisi S, Frabetti F, Piccari S, Lani E, Martinelli G. PKC412 (Midostaurin) is safe and highly effective in systemic mastocytosis patients: follow up of a single-center Italian compassionate use. EHA 19<sup>th</sup> Milan, Italy. June 12-15, 2014. Poster 1028--P.

46. **De Benedittis C**, Soverini S, Papayannidis C, Dal Pero F, Zazzeroni L, Rondoni M, Zanotti R, De Matteis G, Merante S, Elena C, Cavo M, Martinelli G. Ultra-deep sequencing allows more sensitive detection of the D816V and other kit gene mutations in systemic mastocytosis. XIII Congresso Nazionale della Società Italiana di Ematologia Sperimentale (SIES) 15-17 Ottobre 2014, Rimini, Italy. Poster PO087.

Dichiaro che le informazioni riportate nel presente Curriculum Vitae sono esatte e veritiere.  
Autorizzo il trattamento dei miei dati personali ai sensi del Decreto Legislativo 30 Giugno 2003, n. 196  
Codice in materia di protezione dei dati personali”.

22/02/2015

De Benedittis Caterina