

Intelligent Information Mining



AUTORI

Dario Aragona, Damiano Distante, Stefano Faralli, Andrea Lenzi, Lorenzo Madeddu, Massimiliano Pappa, Luca Podo, Bardh Prenkaj, Paola Velardi

COLLABORAZIONI

Harvard Medical School, Network Medicine Alliance, Sapienza Information-Based Technology Innovation Center (STITCH), Regione Lazio, Università degli Studi dell'Aquila



PUBBLICAZIONI RECENTI

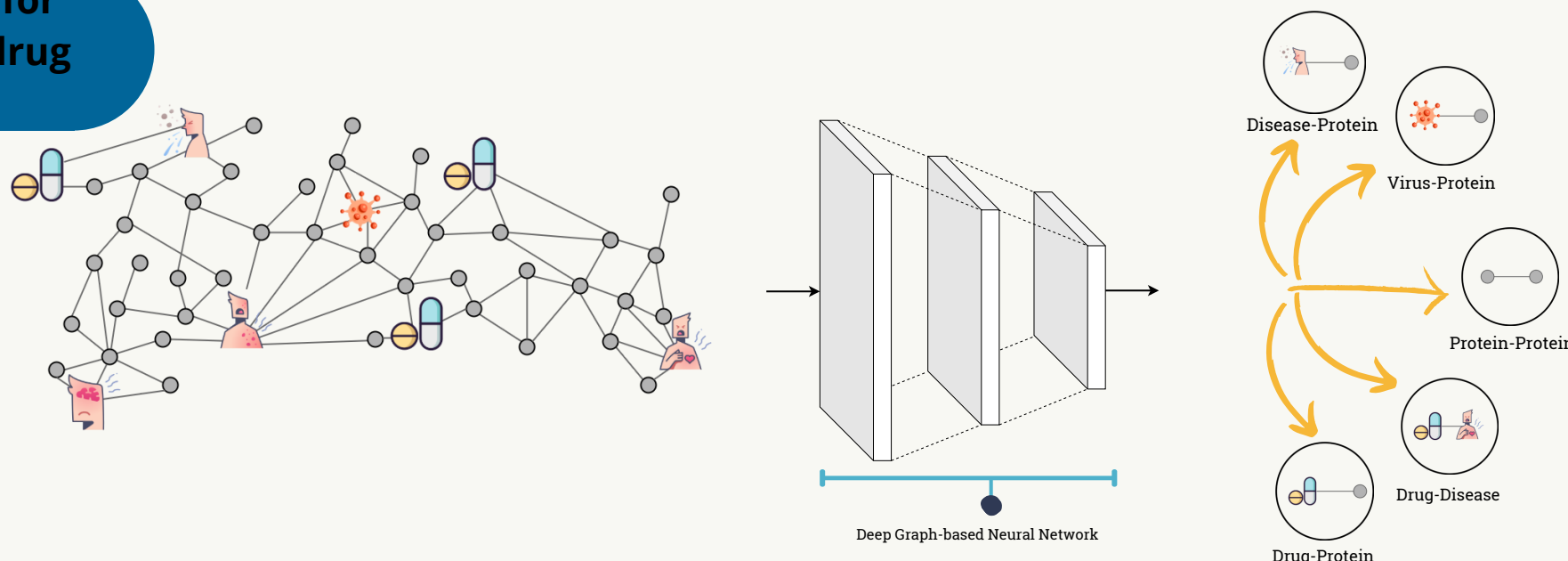
- [1] Lorenzo Madeddu, Giovanni Stilo, e Paola Velardi. A feature-learning-based method for the disease-gene prediction problem. *International Journal of Data Mining and Bioinformatics*, 24(1):16–37, 2020.
- [2] Paola Velardi, Lorenzo Madeddu, e Giorgio Grani. A network-based analysis of disease modules from a taxonomic perspective. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, pages 1–1, 2021.
- [3] Paola Velardi e Lorenzo Madeddu. *Aim in Genomics*, pages 1–15. Springer International Publishing, Cham, 2020.
- [4] Madeddu, Lorenzo, and Giovanni Stilo. "Deep Learning Methods for Network Biology." *DEEP LEARNING IN BIOLOGY AND MEDICINE*. 2022. 197-246.
- [5] Giorgio Grani, Andrea Lenzi, e Paola Velardi. Supporting personalized health care with social media analytics: An application to hypothyroidism. *ACM Trans. Comput. Healthcare*, 3(1), oct 2021.
- [6] Paola Velardi e Andrea Lenzi. *AIM in Health Blogs*, pages 1–18. Springer International Publishing, Cham, 2020.
- [7] Bardh Prenkaj, Dario Aragona, Alessandro Flaborea, Fabio Galasso, Saverio Gravina, Luca Podo, Emilia Reda, e Paola Velardi. Trustworthy detection of social isolation in the elderly from multi-device sequences of daily activities. submitted, 2022
- [8] Dario Aragona, Luca Podo, Bardh Prenkaj, e Paola Velardi. CoRoNNa: A Deep Sequential Framework to Predict Epidemic Spread, page 10–17. Association for Computing Machinery, New York, NY, USA, 2021.
- [9] Dario Aragona, Luca Podo, Bardh Prenkaj, e Paola Velardi. Latent and sequential prediction of the novel coronavirus epidemiological spread. *SIGAPP Appl. Comput. Rev.*, 21(3):5–18, oct 2021

INTRODUZIONE

Il gruppo di ricerca Intelligent Information Mining nodo CINI di Roma, tra i vari interessi, svolge attività di ricerca nel settore AI for Health and Medicine.

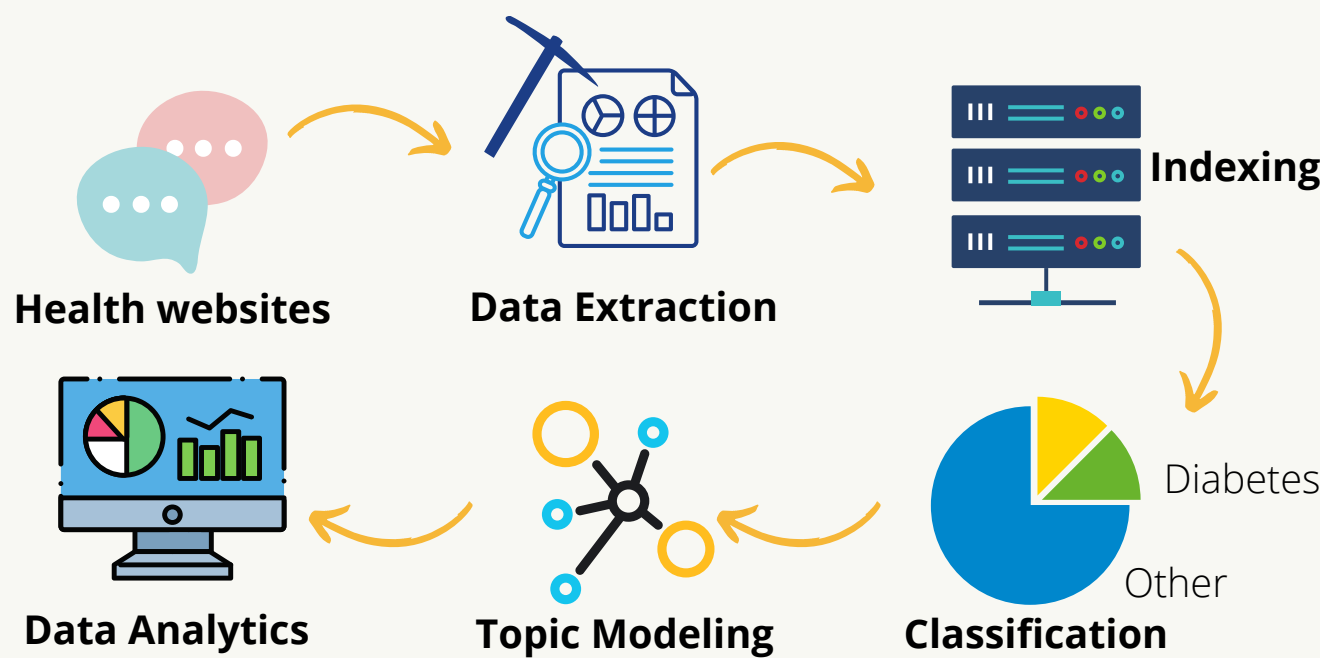
Network Medicine methods for disease-gene prediction and drug repurposing

Nell'ultima decade, il campo della ricerca biomedica si è focalizzato sull'analisi delle complesse relazioni fra geni e malattie. Approcci basati su una rete di proteine, si sono dimostrati efficaci per la scoperta di relazioni, ancora sconosciute, fra geni e malattie. Il gruppo sta lavorando ad un approccio di deep learning capace di sfruttare le caratteristiche latenti presenti nell'Interattoma umano, per identificare nuovi disease genes e interazioni farmaco-malattia.



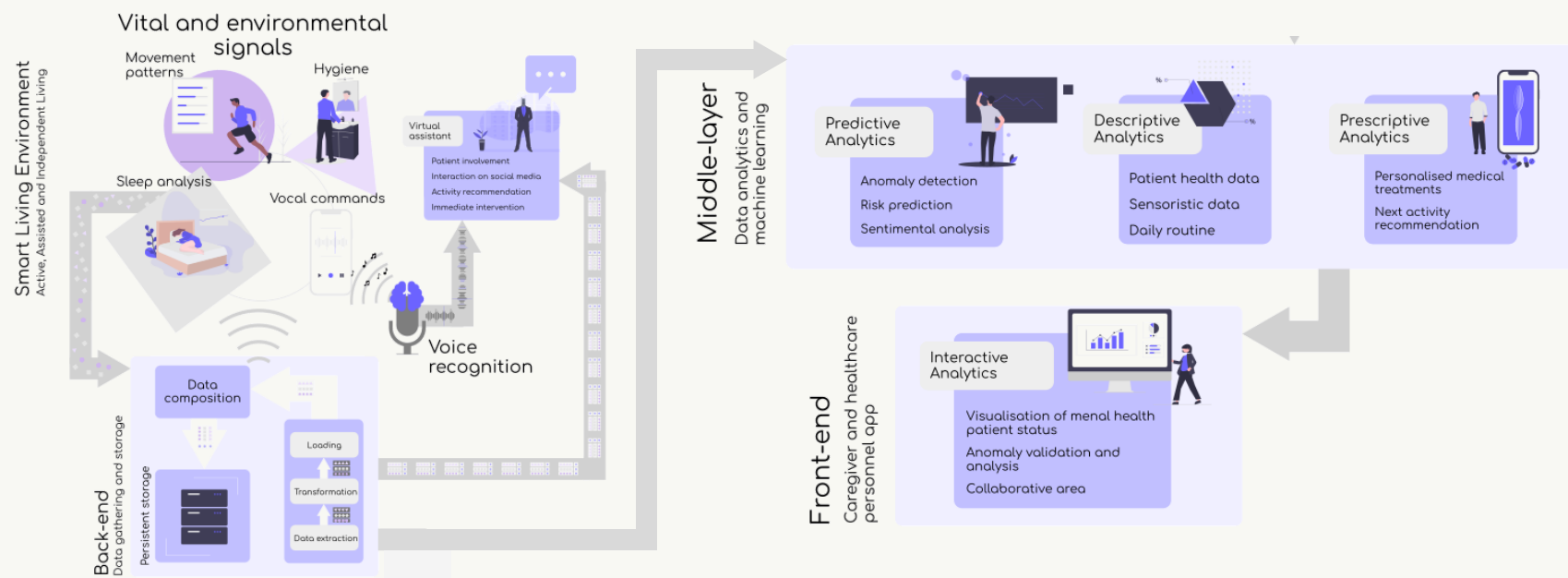
Social Analytics for Syndromic Surveillance

Vivere nell'era digitale ha alterato la nostra visione dell'assistenza sanitaria. In questo contesto, l'analisi delle comunicazioni sociali rappresenta un'importante opportunità per la sorveglianza sindromica, l'analisi della qualità della vita dei pazienti, l'identificazione di effetti avversi dei farmaci. Per questa tematica, il laboratorio ha l'obiettivo di studiare lo stato di salute di utenti affetti da patologie ad alta diffusione, quali il diabete e i disturbi della tiroide attraverso l'analisi di forum online su temi di salute.



Ambient Assisted Living for the Elderly

L'isolamento sociale è un'importante causa di malattia per gli anziani: solitudine e mancanza di interazioni sociali possono facilmente portarli a soffrire di depressione o altri gravi problemi di salute, come l'Alzheimer. In questo ambito di ricerca, il gruppo ha lavorato alla progettazione di algoritmi di anomaly detection da sequenze di segnali provenienti da sensori e dispositivi indossabili, che monitorano le condizioni e le abitudini di vita degli anziani presso residenze per anziani.



Risk Prediction from Electronic Health Records

In ambito clinico, tradizionalmente, la domanda ("cosa potrà succedere?") può essere risolta da medici esperti che hanno visto molti pazienti, o da modelli di previsione clinica (equazioni di rischio) con fattori di rischio ben definiti e fissi. Nell'ambito di questa ricerca, il nostro gruppo si occupa di sviluppare algoritmi più efficaci dei tradizionali basandosi su tecniche di deep learning sequenziali per la predizione del rischio cardiovascolare in pazienti diabetici.

