

## **RECENTRE - REal-time motion CorrEctioN in magneTic REsonance**

*Benedetta Argiento, Mario Merola, Biagio Rossi, Elvira Rossi*

Il movimento del paziente durante la risonanza magnetica (MRI) è uno dei principali ostacoli per ottenere una spettroscopia di risonanza magnetica (MRS) di qualità diagnostica affidabile. Spesso, questo problema richiede la ripetizione delle scansioni o ulteriori esami, e in alcuni casi porta persino all'abbandono della MRS come strumento diagnostico. Il progetto RECENTRE (REal-time motion CorrEctioN in magneTic REsonance) propone una soluzione innovativa per la correzione del movimento nella MRS, utilizzando metodi avanzati di Intelligenza Artificiale basati su Deep Neural Network, in grado di prevedere e correggere in tempo reale movimenti complessi e non lineari durante le acquisizioni.

Ci si avvale, in particolare, delle conoscenze e dei recenti progressi nel campo della fisica sperimentale delle alte energie, che già implementano algoritmi complessi per la ricostruzione e l'inferenza dei dati a velocità significativamente superiori ai tempi tipici di acquisizione delle sequenze MR.

I dati utilizzati per l'addestramento e la validazione delle reti sono acquisiti da uno scanner Siemens 3T Prisma MR, installato presso l'IRCSS Santa Lucia di Roma. Per soddisfare i rigorosi requisiti di alta precisione e bassa latenza, saranno sviluppati metodi per la compressione e semplificazione dei modelli. Questi modelli saranno poi compilati e distribuiti su diversi co-processor in tempo reale, come Field Programmable Gate Arrays (FPGAs), MPSoC e, possibilmente, anche su sistemi Adaptive Compute Acceleration Platform (ACAPs).

### **Variant-driven early warning via unsupervised machine learning analysis of spike protein mutations for COVID-19**

*Marika D'Avanzo, Francesco Cirotto, Francesco Conventi, Francesco Sannino*

La pandemia di COVID-19 ha generato una quantità senza precedenti di dati genomici, offrendo l'opportunità di analizzare in dettaglio l'evoluzione del virus e l'impatto delle sue mutazioni. Questo studio si concentra sulla proteina Spike, cruciale per l'infezione virale grazie al suo ruolo nell'ingresso del virus nelle cellule ospiti. Utilizzando un algoritmo di machine learning non supervisionato basato sulla distanza di Levenshtein, vengono raggruppate le sequenze della proteina Spike provenienti dal database GISAID, che raccoglie dati genomici a livello globale, in catene temporali che rappresentano l'emergere di nuove varianti. L'algoritmo identifica varianti persistenti, in linea con le evidenze epidemiologiche note. Attraverso un fitting di queste catene con una funzione sigmoide combinata, siamo in grado di estrarre parametri chiave, come il tempo dal primo caso alla rilevazione della variante e il tempo di reazione, che ci forniscono strumenti per l'identificazione precoce delle varianti dominanti.

I risultati mostrano che le transizioni delle varianti presentano differenze minime tra i paesi europei studiati, ma evidenziano l'importanza di un monitoraggio genomico tempestivo. Per garantire una rilevazione precoce affidabile ( $t_{0.4}$ ), è necessario disporre di almeno  $O(5000)$  sequenze a settimana. Inoltre, il modello in via di sviluppo potrà essere in grado di distinguere tra varianti che diventeranno dominanti e quelle che non si stabilizzeranno entro 3-4 settimane.

dalla loro rilevazione, offrendo un potenziale sistema di allerta precoce a basso costo per la sorveglianza sanitaria. Questo approccio potrebbe migliorare significativamente il monitoraggio genomico e la rapida identificazione delle varianti emergenti di interesse.